



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2008년06월05일
(11) 등록번호 10-0834991
(24) 등록일자 2008년05월28일

(51) Int. Cl.

C12N 15/31 (2006.01)

(21) 출원번호 10-2001-7016591

(22) 출원일자 2001년12월24일

심사청구일자 2005년06월22일

번역문제출일자 2001년12월24일

(65) 공개번호 10-2003-0002296

(43) 공개일자 2003년01월08일

(86) 국제출원번호 PCT/IB2000/000923

국제출원일자 2000년06월23일

(87) 국제공개번호 WO 2001/00843

국제공개일자 2001년01월04일

(30) 우선권주장

60/141,031 1999년06월25일 미국(US)

(뒷면에 계속)

(73) 특허권자

백광산업 주식회사

전라북도 군산시 소룡동 31

(72) 발명자

폼페우스, 마르쿠스

독일데-67251프라인샤임벤엔스트라쎄21

크뢰거, 부르크하르트

독일데-67117림부르거호프임발드호프1

(뒷면에 계속)

(74) 대리인

황이남

전체 청구항 수 : 총 26 항

심사관 : 정의준

(54) 대사 경로 단백질을 코딩하는 코리네박테리움 글루타미쿰유전자

(57) 요약

본 발명은 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*)으로부터의 신규 MP 단백질을 코딩하는, MP 핵산 분자로 명명된 단리된 핵산 분자를 기재한다. 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 유전공학적 조작을 기초로 하여 상기 생물로부터 원하는 화합물의 생성을 개선시키는 방법을 제공한다.

(72) 발명자

슈뢰더, 하르트비크

독일테-69226누슬로호피테스트라쎄5

첼더, 오스카르

독일테-67346슈페이어로쓰마르크트스트라쎄27

하베르하우어, 그레고르

독일테-67117림부르거호프도펠스트라쎄42

(81) 지정국

CY 유럽특허 : 오스트리아, 벨기에, 스위스, 독일, 덴마크, 스페인, 프랑스, 영국, 그리스, 아일랜드, 이탈리아, 룩셈부르크, 모나코, 네덜란드, 포르투갈, 스웨덴, 핀란드, 사이프러스

GW OAPI특허 : 부르키나파소, 베닌, 중앙아프리카, 콩고, 코트디부아르, 카메룬, 가봉, 기니, 말리, 모리타니, 니제르, 세네갈, 차드, 토고, 기니 비사우

MZ 국내특허 : 아랍에미리트, 안티구와바부다, 알바니아, 아르메니아, 오스트리아, 오스트레일리아, 아제르바이잔, 보스니아 헤르체고비나, 바베이도스, 불가리아, 브라질, 벨라루스, 캐나다, 스위스, 중국, 코스타리카, 쿠바, 체코, 독일, 덴마크, 에스토니아, 스페인, 핀란드, 영국, 그라나다, 그루지야, 가나, 감비아, 크로아티아, 헝가리, 인도네시아, 이스라엘, 인도, 아이슬란드, 일본, 케냐, 키르기스스탄, 북한, 대한민국, 카자흐스탄, 세인트루시아, 스리랑카, 리베이라, 레소토, 리투아니아, 룩셈부르크, 라트비아, 모로코, 몰도바, 마다가스카르, 마케도니아공화국, 몽고, 말라위, 멕시코, 노르웨이, 뉴질랜드, 폴란드, 포르투갈, 루마니아, 러시아, 수단, 스웨덴, 싱가포르, 슬로베니아, 슬로바키아, 시에라리온, 타지키스탄, 투르크멘, 터키, 트리니다드토바고, 탄자니아, 우크라이나, 우간다, 우즈베키스탄, 베트남, 세르비아, 몬테네그로, 남아프리카, 짐바브웨, 도미니카, 알제리, 벨리제, 모잠비크

TM 유라시아특허 : 아르메니아, 아제르바이잔, 벨라루스, 키르기스스탄, 카자흐스탄, 몰도바, 러시아, 타지키스탄, 투르크멘

TZ ARIPO특허 : 케냐, 레소토, 말라위, 수단, 스와질랜드, 우간다, 시에라리온, 가나, 감비아, 짐바브웨, 탄자니아, 모잠비크

(30) 우선권주장

19930476.9	1999년07월01일	독일(DE)
60/142,101	1999년07월02일	미국(US)
19931415.2	1999년07월08일	독일(DE)
19931418.7	1999년07월08일	독일(DE)
19931419.5	1999년07월08일	독일(DE)
19931420.9	1999년07월08일	독일(DE)
19931424.1	1999년07월08일	독일(DE)
19931428.4	1999년07월08일	독일(DE)
19931434.9	1999년07월08일	독일(DE)
19931435.7	1999년07월08일	독일(DE)
19931443.8	1999년07월08일	독일(DE)
19931453.5	1999년07월08일	독일(DE)
19931457.8	1999년07월08일	독일(DE)
19931465.9	1999년07월08일	독일(DE)
19931478.0	1999년07월08일	독일(DE)
19931510.8	1999년07월08일	독일(DE)
19931541.8	1999년07월08일	독일(DE)
19931573.6	1999년07월08일	독일(DE)
19931592.2	1999년07월08일	독일(DE)
19931632.5	1999년07월08일	독일(DE)
19931634.1	1999년07월08일	독일(DE)
19931636.8	1999년07월08일	독일(DE)
19932125.6	1999년07월09일	독일(DE)

19932126.4	1999년07월09일	독일(DE)
19932130.2	1999년07월09일	독일(DE)
19932186.8	1999년07월09일	독일(DE)
19932206.6	1999년07월09일	독일(DE)
19932227.9	1999년07월09일	독일(DE)
19932228.7	1999년07월09일	독일(DE)
19932229.5	1999년07월09일	독일(DE)
19932230.9	1999년07월09일	독일(DE)
19932922.2	1999년07월14일	독일(DE)
19932926.5	1999년07월14일	독일(DE)
19932928.1	1999년07월14일	독일(DE)
19933004.2	1999년07월14일	독일(DE)
19933005.0	1999년07월14일	독일(DE)
19933006.9	1999년07월14일	독일(DE)
60/148,613	1999년08월12일	미국(US)
19940764.9	1999년08월27일	독일(DE)
19940765.7	1999년08월27일	독일(DE)
19940766.5	1999년08월27일	독일(DE)
19940832.7	1999년08월27일	독일(DE)
19941378.9	1999년08월31일	독일(DE)
19941379.7	1999년08월31일	독일(DE)
19941394.0	1999년08월31일	독일(DE)
19941396.7	1999년08월31일	독일(DE)
19941380.0	1999년08월31일	독일(DE)
19942077.7	1999년09월03일	독일(DE)
19942129.3	1999년09월03일	독일(DE)
19942076.9	1999년09월03일	독일(DE)
19942079.3	1999년09월03일	독일(DE)
19942086.6	1999년09월03일	독일(DE)
19942087.4	1999년09월03일	독일(DE)
19942088.2	1999년09월03일	독일(DE)
19942095.5	1999년09월03일	독일(DE)
19942124.2	1999년09월03일	독일(DE)
60/187,970	2000년03월09일	미국(US)

특허청구의 범위

청구항 1

삭제

청구항 2

삭제

청구항 3

서열 번호 1에 기재된 뉴클레오티드 서열을 갖는 단리된 핵산 분자 또는 그의 상보체.

청구항 4

서열 번호 2에 기재된 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 코딩하는 단리된 핵산 분자 또는 그의 상보체.

청구항 5

삭제

청구항 6

서열 번호 1에 기재된 뉴클레오티드 서열 또는 유전자 코드의 축퇴성으로 인한 이의 변이체를 갖고, 디아미노피테레이트 에피머라제 활성을 갖는 폴리펩티드를 코딩하는 것인 단리된 핵산 분자 또는 그의 상보체.

청구항 7

삭제

청구항 8

서열 번호 2에 기재된 아미노산 서열에서의 보존적 아미노산 치환을 포함하는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 코딩하는 단리된 핵산 분자 또는 그의 상보체.

청구항 9

삭제

청구항 10

제3항, 제4항, 제6항 및 제8항 중 어느 한 항의 핵산 분자를 포함하는 벡터.

청구항 11

제10항에 있어서, 발현 벡터인 벡터.

청구항 12

제11항의 발현 벡터로 형질감염된 숙주 세포.

청구항 13

제12항에 있어서, 상기 세포가 미생물인 숙주 세포.

청구항 14

제13항에 있어서, 상기 세포가 코리네박테리움 (*Corynebacterium*) 속 또는 브레비박테리움 (*Brevibacterium*) 속에 포함되는 것인 숙주 세포.

청구항 15

제12항에 있어서, 상기 핵산 분자의 발현으로 인해 상기 세포로부터의 유기산, 단백질생성 아미노산, 비-단백질 생성 아미노산, 퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오시드, 뉴클레오티드, 지질, 포화 및 불포화 지방산, 디올, 탄수화물, 방향족 화합물, 비타민, 보조인자, 폴리케티드 및 효소로 구성된 군에서 선택된 물질의 생산이 조절되는 숙주 세포.

청구항 16

제15항에 있어서, 상기 물질이 단백질생성 아미노산인 것인 숙주 세포.

청구항 17

적절한 배양 배지에서 제12항의 숙주 세포를 배양함으로써 폴리펩티드를 생산하는 것을 포함하는 폴리펩티드의 생산 방법.

청구항 18

삭제

청구항 19

삭제

청구항 20

서열 번호 2에 기재된 아미노산 서열을 갖는 단리된 폴리펩티드.

청구항 21

삭제

청구항 22

삭제

청구항 23

서열 번호 1에 기재된 뉴클레오티드 서열 또는 유전자 코드의 축퇴성으로 인한 이의 변이체를 갖는 핵산 분자에 의해 코딩되며, 디아미노피메레이트 에피머라제 활성을 갖는 단리된 폴리펩티드.

청구항 24

삭제

청구항 25

제12항의 세포가 유기산, 단백질생성 아미노산, 비-단백질생성 아미노산, 퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오시드, 뉴클레오티드, 지질, 포화 및 불포화 지방산, 디올, 탄수화물, 방향족 화합물, 비타민, 보조인자, 폴리케티드 및 효소로 구성된 군에서 선택된 물질을 생산하도록 상기 세포를 배양하는 것을 포함하는 상기 물질의 생산 방법.

청구항 26

제25항에 있어서, 상기 배양물로부터 상기 물질을 회수하는 단계를 추가로 포함하는 것인 방법.

청구항 27

삭제

청구항 28

제25항에 있어서, 상기 세포가 코리넨박테리움 속 또는 브레비박테리움 속에 포함되는 것인 방법.

청구항 29

제25항에 있어서, 상기 세포가 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*), 코리네박테리움 헤르쿨리스 (*Corynebacterium herculis*), 코리네박테리움 릴리움 (*Corynebacterium lilium*), 코리네박테리움 아세토아시도필룸 (*Corynebacterium acetoacidophilum*), 코리네박테리움 아세토글루타미쿰 (*Corynebacterium acetoglutamicum*), 코리네박테리움 아세토포필룸 (*Corynebacterium acetophilum*), 코리네박테리움 암모니아게네스 (*Corynebacterium ammoniagenes*), 코리네박테리움 후지오켄세 (*Corynebacterium fujiokense*), 코리네박테리움 니트리로필루스 (*Corynebacterium nitrilophilus*), 브레비박테리움 암모니아게네스 (*Brevibacterium ammoniagenes*), 브레비박테리움 부타니쿰 (*Brevibacterium butanicum*), 브레비박테리움 디바리카툼 (*Brevibacterium divaricatum*), 브레비박테리움 플라븀 (*Brevibacterium flavum*), 브레비박테리움 헤알리이 (*Brevibacterium healii*), 브레비박테리움 케토글루타미쿰 (*Brevibacterium ketoglutamicum*), 브레비박테리움 케토소레덕툼 (*Brevibacterium ketosoreductum*), 브레비박테리움 락토펠르멘툼 (*Brevibacterium lactofermentum*), 브레비박테리움 리넨스 (*Brevibacterium linens*), 브레비박테리움 파라피놀리티쿰 (*Brevibacterium paraffinolyticum*), 및 표 3에 기재된 균주들로 구성된 군에서 선택된 것인 방법.

청구항 30

제25항에 있어서, 상기 벡터로부터의 핵산 분자 발현으로 인해 상기 물질의 생산이 조절되는 방법.

청구항 31

제25항에 있어서, 상기 물질이 단백질생성 아미노산인 것인 방법.

청구항 32

제25항에 있어서, 상기 물질이 비-단백질생성 아미노산인 것인 방법.

청구항 33

제25항에 있어서, 상기 아미노산이 리신, 글루타메이트, 글루타민, 알라닌, 아스파르테이트, 글리신, 세린, 트레오닌, 메티오닌, 시스테인, 발린, 루이신, 이소루이신, 아르기닌, 프롤린, 히스티딘, 티로신, 페닐알라닌 및 트립토판으로 구성된 군에서 선택된 것인 방법.

청구항 34

세포의 게놈 DNA가 제3항, 제4항, 제6항 및 제8항 중 어느 한 항의 핵산 분자를 포함하는 변경된 세포를 배양하는 것을 포함하는 물질의 생산 방법.

청구항 35

삭제

청구항 36

서열 번호 1에 기재된 뉴클레오티드 서열을 갖는 핵산 분자를 포함하는 숙주 세포로서, 상기 핵산 분자가 파괴된 것인 숙주 세포.

청구항 37

삭제

청구항 38

삭제

청구항 39

삭제

청구항 40

서열 번호 1의 뉴클레오티드 서열을 갖는 핵산 분자에 의해 코딩되는 단리된 폴리펩티드.

청구항 41

삭제

청구항 42

서열 번호 2에 기재된 아미노산 서열에서 보존적 아미노산 치환을 포함하는 아미노산 서열을 갖는 단리된 폴리펩티드.

청구항 43

삭제

청구항 44

삭제

청구항 45

삭제

명세서

<1> 관련 출원

<2> 본 출원은 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), 및 또한 미국 임시 특허 출원 제60/187970호 (2000년 3월 9일 출원)에 대한 우선권을 청구한다. 또한, 본 출원은 독일 특허 출원 제 19930476.9호 (1999년 7월 1일 출원), 독일 특허 출원 제19931415.2호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931418.7호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931419.5호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931420.9호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931424.1호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931428.4호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931434.9호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931435.7호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931443.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931453.5호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931457.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931465.9호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931478.0호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931510.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931541.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931573.6호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931592.2호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931632.5호 (1999년 7월 8일 출원), 1999년 독일 특허 출원 제19931634.1호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931636.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19932125.6호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932126.4호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932130.2호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932186.8호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932206.6호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932227.9호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932228.7호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932229.5호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932230.9호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932922.2호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19932926.5호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19932928.1호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19933004.2호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19933005.0호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19933006.9호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19940764.9호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940765.7호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940766.5호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940832.7호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19941378.9호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941379.7호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941380.0호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941394.0호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941396.7호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19942076.9호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942077.7호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942079.3호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942086.6호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942087.4호 (1999년 9월 3일 출원), 독

일 특허 출원 제19942088.2호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942095.5호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942124.2호 (1999년 9월 3일 출원), 및 독일 특허 출원 제19942129.3호 (1999년 9월 3일 출원)에 대한 우선권을 청구한다. 상기 언급한 모든 출원의 전체 내용은 본 명세서에 명백히 포함되는 것으로 한다.

배경 기술

- <3> 세포에서의 자연 발생적 대사 과정의 특정 생성물 및 부산물은 식품, 사료, 화장품 및 제약 산업을 비롯한 다양한 산업 분야에 사용된다. 총체적으로 "정밀 화학물질"로 언급되는 이들 분자로는 유기산, 단백질생성 및 비-단백질생성 아미노산, 뉴클레오티드 및 뉴클레오시드, 지질 및 지방산, 디올, 탄수화물, 방향족 화합물, 비타민 및 보조인자, 및 효소 등이 있다. 이들의 생성은 원하는 특정 분자를 대량으로 생산하고 분비하도록 개발된 박테리아의 대규모 배양을 통해 가장 편리하게 수행된다. 이러한 목적에 특히 유용한 생물은 그람 양성 비병원성 박테리아인 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium Glutamicum*)이다. 균주 선별을 통해, 일련의 바람직한 화합물을 생산하는 다수의 돌연변이 균주가 개발되어 있다. 그러나, 특정 분자의 생산을 위해 개선된 균주의 선별은 시간 소모적이고 어려운 과정이다.
- <4> 발명의 요약
- <5> 본 발명은 다양한 용도를 갖는 신규 박테리아 핵산 분자를 제공한다. 상기 용도로는 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈을 맵핑하기 위한 기준점 및 형질전환용 마커로서 정밀 화학물질의 생산에 사용될 수 있는 미생물의 확인, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아에서의 정밀 화학물질의 생산 조절, 및 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아의 타이핑 또는 확인 등이 있다. 이들 신규 핵산 분자는 본원에서 대사 경로 (MP) 단백질로 언급되는 단백질을 코딩한다.
- <6> 코리네박테리움 글루타미쿰은 다양한 정밀 화학물질의 대량 생산, 탄화수소의 분해 (예를 들어, 광유 스피클) 및 테르페노이드의 산화를 위해 공업적으로 통상 사용되는 그람 양성 호기성 박테리아이다. 따라서, 본 발명의 MP 핵산 분자는 발효 공정 등에 의한 정밀 화학물질 생산에 이용할 수 있는 미생물 확인에 사용할 수 있다. 본 발명의 MP 핵산의 발현 조절 또는 본 발명의 MP 핵산 분자의 서열 변형을 이용하여 미생물로부터의 정밀 화학물질 하나 이상의 생산을 조절할 수 있다 (예를 들어, 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 중으로부터의 정밀 화학물질 하나 이상의 수율 또는 생산성을 개선하기 위함).
- <7> 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 배양물 중의 추출 게놈 DNA를 엄격 조건하에 코리네박테리움 글루타미쿰에 고유한 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자 영역에 걸쳐 있는 프로브를 사용하여 탐침함으로써 이 생물의 존재 여부를 확인할 수 있는 다수의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 핵산 서열을 제공한다. 코리네박테리움 글루타미쿰 그 자체는 인간에게 병원성이 아니지만, 코리네박테리움 디프테리아 (*Corynebacterium diphtheriae*) (디프테리아의 병원체)와 같, 인간에게 병원성인 종과 관련되어 있고, 이러한 생물의 검출은 임상적으로 상당히 중요하다.
- <8> 본 발명의 MP 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈 또는 관련 생물의 게놈을 맵핑하기 위한 기준점으로도 기능할 수 있다. 유사하게, 이들 분자, 그의 변이체 또는 일부는 유전공학적으로 조작된 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 종을 위한 마커로 기능할 수 있다.
- <9> 본 발명의 신규 핵산 분자에 의해 코딩되는 MP 단백질은 예를 들어, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제 (nutraceutical), 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스 등의 특정 정밀 화학물질의 대사에 관여하는 효소 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, 락토포르멘툼)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: 22372246 (1984)])을 이용하여, 본 발명의 핵산 분자로 이 생물을 유전공학적으로 조작하여, 이 생물이 1종 이상의 정밀 화학물질의 보다 효율적 생산자가 되도록 할 수 있다.
- <10> 정밀 화학물질의 생산 효율 또는 생산성 개선은 본 발명의 유전자 조작의 직접적인 효과에 기인하거나, 이러한 조작의 간접적인 효과에 기인할 수 있다. 구체적으로, 코리네박테리움 글루타미쿰에서의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드 및 트레할로스 대사 경로 변경은 이 생물에서 1종 이상의 상기 원하는 화합물의

전반적인 생산성에 직접적인 영향을 미칠 수 있다. 예를 들어, 리신 생합성 경로 단백질의 활성을 최적화시키거나 리신 분해 경로 단백질의 활성을 감소시키면, 이 유전공학적으로 조작된 생물로부터의 리신 생산 효율 또는 수율을 증가시킬 수 있다. 이러한 대사 경로에 관여하는 단백질들의 변경은 원하는 정밀 화학물질의 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, 비타민, 또는 뉴클레오타이드의 생합성 또는 분해를 조절하여, 미생물이 빠르게 성장하고 빠르게 분열할 수 있도록 이 미생물의 전반적인 능력을 증가시켜 배양물 중의 미생물 개수 및(또는) 생산력이 증가되도록 한다면, 원하는 정밀 화학물질의 가능한 수율을 증가시킬 수 있다.

<11> 본 발명의 핵산 또는 단백질 분자를 이용하여 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 1종 이상의 원하는 정밀 화학물질의 생산 효율 또는 생산성을 직접 개선시킬 수 있다. 당업계에 공지된 재조합 유전 기술을 이용하여, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 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, 지환, 결실, 또는 부가에 의해 분해 효소를 결실시키거나 변형시켜, 세포의 생존력을 손상시키지 않고 원하는 화합물에 대한 이의 분해 활성이 감소되게 할 수 있다. 각 경우에서, 원하는 정밀 화학물질 생산에 관한 전반적인 수율 또는 생산 속도가 증가될 수 있다.

<12> 또한, 본 발명의 단백질 및 핵산 분자에서의 이러한 변경은 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스 뿐 아니라, 간접 메커니즘을 통해 다른 정밀 화학물질의 생산도 개선시킬 수 있다. 임의의 화합물 대사는 세포내 다른 생합성 및 분해 경로와 반드시 얽혀있고, 한 경로에 필요한 보조인자, 중간체 또는 기질은 이러한 다른 경로에 의해 공급되거나 제한되는 것으로 보인다. 그러므로, 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성을 조절하여, 다른 정밀 화학적 생합성 또는 분해 경로의 활성 효율 또는 생산성에 영향을 줄 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 변경으로 특정 부반응이 더욱 또는 덜 일어나게 되어, 원하는 정밀 화학물질의 생산에 중간체 또는 기질로 이용되는 화합물 1종 이상의 과잉생산 또는 생산부족을 초래할 수 있다.

<13> 본 발명은 아미노산, 비타민, 보조인자, 뉴클레오타이드 및 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 등 세포의 정상적인 기능에 중요한 분자들의 대사에 관여하는 효소 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 다음 중 1종 이상의 대사와 관련된 효소 단계를 수행한다: 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스. 이러한 단백질의 예로는 표 1에 기재된 유전자에 의해 코딩되는 단백질을 들 수 있다.

<14> 따라서, 본 발명의 한 측면은 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩하는 뉴클레오타이드 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 뉴클레오타이드 서열 (예를 들어, 서열 1, 서열 3, 서열 5, 서열 7...) 중 하나, 또는 이들 뉴클레오타이드 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, 서열 5, 서열 7...)로 기재된 뉴클레오타이드 서열 또는 그의 일부와 혼성화하거나, 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 훨씬 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오타이드 서열을 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4, 서열 6, 서열 8...)로 기재된 아미노산 서열 중 하나를 코딩한다. 본 발명의 바람직한 MP 단백질은 본원에 기재된 MP 활성 중 적어도 하나를 갖는 것도 바람직하다.

<15> 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, 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, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스

대사 경로 효소 반응의 수행력을 유지한다. 한 실시양태에서, 상기 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호를 갖는 서열로부터 선택된 전체 아미노산 서열) 과 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 가장 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 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, 서열 5, 서열 7...)로 나타낸 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성이 있는 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질이다.

<16> 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 유래하고, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 중 하나의 서열)와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있으며 아미노산, 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, 이중 폴리펩티드 또는 조절 영역을 코딩하는 이중 핵산 서열도 포함하는 단백질 (예를 들어, MP 융합 단백질)을 코딩한다.

<17> 다른 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 그 길이가 뉴클레오티드 15개 이상이고 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호)을 포함하는 핵산 분자와 엄격 조건하에 혼성화한다. 바람직하게는, 단리된 핵산 분자는 자연 발생 핵산 분자에 상응한다. 더욱 바람직하게는, 단리된 핵산은 코리네박테리움 글루타미쿰의 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩한다.

<18> 본 발명의 다른 측면은 본 발명의 핵산 분자를 포함하는 벡터, 예를 들어, 재조합 벡터, 및 이러한 벡터가 도입된 숙주 세포에 관한 것이다. 한 실시양태에서, 상기 숙주 세포는 이 숙주 세포를 적당한 배지에서 배양하여 MP 단백질을 생산하는데 사용된다. 이어서, MP 단백질을 배지 또는 숙주 세포로부터 단리할 수 있다.

<19> 본 발명의 다른 측면은 MP 유전자가 도입되거나 변경되어 유전적으로 변경된 미생물에 관한 것이다. 한 실시양태에서, 미생물의 계통은 야생형 또는 돌연변이된 MP 서열을 코딩하는 본 발명의 핵산 분자를 트랜스진으로서 도입함으로써 변경된다. 다른 실시양태에서, 미생물 계통 내의 내인성 MP 유전자는 변경된 MP 유전자와의 상동성 재조합에 의해 변경되는데, 예를 들면 기능적으로 파괴된다. 다른 실시양태에서, 미생물 내의 내인성 MP 유전자 또는 도입된 MP 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변경되었지만, 여전히 기능성 MP 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 미생물에 있는 MP 유전자의 하나 이상의 조절 영역 (예를 들어, 프로모터, 리프레서 (repressor) 또는 인두서 (inducer))를 (예를 들어, 결실, 트런케이션 (truncation), 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 변경시켜 MP 유전자의 발현을 조절한다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속에 포함되는데, 코리네박테리움 글루타미쿰인 것이 특히 바람직하다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 아미노산, 특히 바람직하게는 리신과 같은 원하는 화합물의 생산에도 사용된다.

<20> 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, 서열목록에서 서열 1 내지 1156으로 기재된 서열)을 하나 이상 검출하는 것을 포함하므로, 상기 대상체에서의 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 검출할 수 있다.

<21> 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 아미노산, 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 (서열목록에서 짝수 서열 번호)과 충분한 상동성이 있다.

<22> 본 발명은 MP 단백질의 단리된 제제를 제공한다. 바람직한 실시양태에서, MP 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호)을 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 본 발명은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (서열목록에서 짝수 서열 번호)과 실질적으로 상동성이 있는 단리된 전장 단백질 (서열목록에서 상응하는 홀수 서열 번호에 기재된 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)에 관한 것이다. 다른 실시양태에서, 상기 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호)과 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 가장 바람직하게는 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98% 또는 약 99% 이상, 또는 그 이상의 상동성이 있다. 다른 실시양태에서, 단리된 MP 단백

질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호) 중 하나와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함하고, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 하나 이상의 활성을 갖는다.

<23> 별법으로, 단리된 MP 단백질은 서열목록에 기재된 짝수 서열 번호 중 하나의 뉴클레오티드 서열과 혼성화하거나, 예를 들어, 엄격 조건하에서 혼성화하거나, 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 가장 바람직하게는 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98% 또는 약 99% 이상, 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 또한, MP 단백질의 바람직한 형태가 본원에 기재된 MP 생물활성 하나 이상을 갖는 것이 바람직하다.

<24> MP 폴리펩티드 또는 그의 생물학적 활성 부위를 MP 폴리펩티드가 아닌 폴리펩티드와 작동가능하게 결합하여 융합 단백질을 형성할 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질의 활성은 MP 단백질만의 활성과 다르다. 다른 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질이 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제 대사 경로에 도입되는 경우, 이 융합 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰로부터 원하는 정밀 화학물질의 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.

<25> 다른 측면에서, 본 발명은 MP 단백질 그 자체, 또는 이 MP 단백질의 기질이나 결합 파트너와 상호작용하거나 본 발명의 MP 핵산 분자의 전사 또는 번역을 조절함으로써 MP 단백질의 활성을 조절하는 분자의 스크리닝 방법을 제공한다.

<26> 본 발명의 다른 측면은 정밀 화학물질의 제조 방법에 관한 것이다. 이 방법은 본 발명의 MP 핵산 분자의 발현을 지시하는 벡터를 함유하는 세포를 배양하여 정밀 화학물질을 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 정밀 화학물질을 회수하는 단계를 추가로 포함한다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 세포는 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속에 속하는 것이거나, 표 3에 기재된 균주로부터 선택된다.

<27> 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 변경되도록 하는 것을 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상을 조절하여, 이 미생물에 의한 원하는 정밀 화학물질의 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.

<28> 본 발명의 다른 측면은 야생형 또는 돌연변이 MP 유전자가 세포내에서 별개의 플라스미드 상에 유지되거나 숙주 세포의 게놈 내로 통합되도록 이 유전자를 세포에 도입하는 것을 포함하는, 세포로부터의 원하는 화합물의 수율을 조절하는 방법에 관한 것이다. 게놈 내로 통합될 때, 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 화학물질은 정밀 화학물질이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 정밀 화학물질은 아미노산이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 아미노산은 L-리신이다.

발명의 상세한 설명

<29> 본 발명은 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스 대사 경로에 관여하는 MP 핵산 및 단백질 분자를 제공한다. 본 발명의 분자를 이용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 등의 미생물로부터의 정밀 화학물질 생산을 직접 조절 (예를 들어, 리신 생합성 단백질의 활성 조절은 이 생물로부터의 리신 생산 효율 및 생산성에 직접적인 영향을 준다)할 수 있거나, 역시 원하는 화합물의 생산 효율 또는 수율의 증가를 초래하는 간접적인 효과 (예를 들어, 뉴클레오티드 생합성 단백질의 활성 조절은 이 박테리아로부터의 유기산 또는 지방산 생산에 영향을 미치는 데, 이는 필요한 보조인자, 에너지 화합물 또는 전구체 분자의 공급 증가 또는 성장 개선에 기인한 것일 수 있다)를 발휘할 수 있다. 본 발명의 측면은

아래에 더욱 자세히 기재되어 있다.

<30>

I. 정밀 화학물질

<31>

용어 "정밀 화학물질"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]에 기재되어 있고 이들의 내용은 본 명세서에 포함되는 것으로 함), 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, 폴리펩티드 [Cane et al. (1998) Science 282: 63-68], 및 문헌 [Gutcho (1983) Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086] 및 그 내의 참고문헌에 기재된 다른 모든 화학물질이 있다. 이들 정밀 화학물질 중 일부의 대사 및 용도는 아래에 더욱 자세히 기재될 것이다.

<32>

A. 아미노산 대사 및 용도

<33>

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 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A2, p.57-97 VCH: Weinheim (1985)] 참조). L-아미노산이 통상적으로 자연 발생 단백질에서 발견되는 유일한 형태이지만, 아미노산은 D-광학 또는 L-광학 구조일 수 있다. 20종의 단백질생성 아미노산 각각의 생합성 및 분해 경로의 특징은 원핵세포 및 진핵세포 둘다에서 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, 이소류이신, 류이신, 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 필수 아미노산 중 일부를 합성하는 능력을 보유하지만, 상기 필수 아미노산은 식사로부터 공급되어야 정상적인 단백질 합성이 일어난다.

<34>

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, 류이신, 이소류이신, 히스티딘, 아르기닌, 프롤린, 세린 및 알라닌은 제약 및 화장품 산업 둘다에 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 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A2, p.57-97, VCH: Weinheim, 1985]에 기재된 다른 것의 합성을 위한 전구체로 유용하다는 것이 밝혀져 있다.

<35>

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 자세한 것은 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 둘다 세린으로부터 생성되는데, 시스테인은 호모시스테인과 세린의 축합에 의해 생성되며, 글리신은 세린 트랜스히드록시메틸라제에 의해 축매되는 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 축매되는 반응에서 페닐알라닌으로부터 합성될 수도 있다. 알라닌, 발린 및 루이신은 해당작용의 최종 생성물인 피루베이트의 모든 생합성 생성물이다. 아스파르테이트는 시트르산 사이클의 중간체인 옥살로아세테이트로부터 형성된다. 아스파라진, 메티오닌, 트레오닌 및 리신 각각은 아스파르테이트의 전환에 의해 생성된다. 이소루이신은 트레오닌으로부터 형성된다. 복잡한 9 단계 경로에서 활성화된 당인 5-포스포리보실-1-피로포스페이트로부터 히스티딘이 생성된다.

<36> 세포의 단백질 합성 필요량을 초과하는 아미노산은 저장될 수 없고, 그 대신에 분해되어 세포의 주요 대사 경로에 대한 중간체로 제공된다 (자세한 것은 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 완전히 중지시키는 피드백 억제에 의해 아미노산의 생합성이 조절된다는 것은 놀라운 일이 아니다 (아미노산 생합성 경로의 피드백 메커니즘에 대한 전체적인 내용은 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.

<37> B. 비타민, 보조인자 및 영양제의 대사 및 용도

<38> 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 생활성 물질이거나, 다양한 대사 경로에서 전자 전달자 또는 중간체로 작용할 수 있는 생물학적 활성 물질의 전구체이다. 이들 화합물은 그 영양적 가치 뿐 아니라, 색소, 항산화제 및 촉매로서, 또는 다른 과정의 보조체로서도 상당한 산업적 가치를 갖는다 (이들 화합물의 구조, 활성 및 산업적인 용도에 대한 것은 예를 들어, 문헌 [Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins" vol. A27, p.443-613, VCH: Weinheim, 1996] 참조). 용어 "비타민"은 당 업계에 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-단백질생성 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, 항산화제 및 일부 지질 (예를 들어, 다불포화 지방산)이 있다.

<39> 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]).

<40> 티아민 (비타민 B₁)은 피리미딘과 티아졸 잔기의 화학적 커플링에 의해 생성된다. 리보플라빈 (비타민 B₂)는 구아노신-5'-트리포스페이트 (GTP) 및 리보스-5'-포스페이트로부터 합성된다. 그 다음, 상기 리보플라빈은 플라빈 모노뉴클레오타이드 (FMN) 및 플라빈 아데닌 뉴클레오타이드 (FAD)의 합성에 사용된다. 총칭하여 "비타민 B₆"로 지칭되는 화합물 족 (예를 들어, 피리독신, 피리독사민, 피리독사-5'-포스페이트 및 시판되는 피리독신 히드로클로라이드)은 모두 통상적인 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 판토텐산의 ATP-유도 축합으로 구성된다. 판토텐산으로 전환하는 생합성 단계, β -알라닌으로 전환하는 생합성 단계 및 판토텐산으로의 축합에 관여하는 효소는 공지되어 있다. 판토테네이트의 대사 활성 형태는 보조효소 A인데, 이 보조효소 A를 위한 생합성은 5 단계 효소

반응으로 진행된다. 판토텐레이트, 피리독살-5'-포스페이트, 시스테인 및 ATP는 보조효소 A의 전구체이다. 이들 효소는 판토텐레이트의 형성을 촉매할 뿐만 아니라 (R)-판토텐산, (R)-판토텐락톤, (R)-판토텐올 (프로비타민 B₅), 판토텐테인 (및 그의 유도체) 및 보조효소 A의 생성도 촉매한다.

- <41> 미생물에서 전구체 분자인 피멜로일-CoA로부터의 비오틴 생합성 과정은 자세히 연구되어 있고 이에 관련된 여러 가지 유전자가 확인되어 있다. 상응하는 다수의 단백질이 Fe-클러스터 합성에도 관여하는 것으로 밝혀져 있고 이들 단백질은 nifS 클래스 단백질의 구성원이다. 리포산은 옥타노산으로부터 유도되고, 에너지 대사에서 보조효소로 작용하는데, 상기 리포산은 에너지 대사에서 피루베이트 디히드로게나제 (dehydrogenase) 결합체 및 α-케토글루타레이트 디히드로게나제 결합체의 일부가 된다. 폴레이트는 모두 엽산의 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 자세히 연구되어 있다.
- <42> 코리노이드 (예를 들어, 코발라민 및 특히 비타민 B₁₂) 및 포피린은 테트라피롤 고리계에 의해 특징지워지는 화합물질의 군에 속한다. 비타민 B₁₂의 생합성은 그 특징이 완전히 규명되어 있지는 않지만 다수의 효소 및 기질이 현재 공지되어 있다는 점에서 충분히 복잡하다. 니코틴산 (니코티네이트) 및 니코틴아미드는 "니아신"으로도 지칭되는 피리딘 유도체이다. 니아신은 중요한 보조효소인 NAD (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드), NADP (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드 포스페이트) 및 그들의 환원형의 전구체이다.
- <43> 이들 화합물의 대량 생산은 비록 이들 화합물질 중 일부, 예를 들어, 리보플라빈, 비타민 B₆, 판토텐레이트 및 비오틴이 미생물의 대량 배양에 의해서도 생산된다 하더라도 세포-유리 화학 합성에 주로 의존한다. 비타민 B₁₂만이 발효에 의해 전적으로 생성되는데, 이는 비타민 B₁₂의 합성의 복잡성 때문이다. 시험관내 방법론은 재료 및 시간, 종종 많은 비용의 상당한 투입을 요구한다.
- <44> C. 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 및 뉴클레오티드의 대사 및 용도
- <45> 퓨린 및 피리미딘 대사 유전자 및 이들의 상응하는 단백질은 종양 질환 및 바이러스 감염의 치료에 중요한 표적이다. 용어 "퓨린" 또는 "피리미딘"은 핵산, 보조효소 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 보조효소 (즉, FAD 및 NAD)로 작용하는 뉴클레오티드도 있다.
- <46> 이들 화합물질이 퓨린 및(또는) 피리미딘 대사에 영향을 줌으로써 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 정밀 화합물질 (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 항 상승제 (예를 들어, IMP 또는 GMP)로 사용되는 화합물질 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.561612] 참조). 또한, 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 또는 뉴클레오티드 대사에 관여하는 효소를 표적으로 사용하여 살진균제, 제초제 및 살충제를 비롯한, 농작물 보호용 화합물질을 개발하는 연구가 증가하고 있다.
- <47> 박테리아에서 이들 화합물 대사의 특징은 규명되어 있다 (자세한 내용은 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 뉴클레오타이드는 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 뉴클레오타이드로 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 뉴클레오타이드의 디옥시 형태는 뉴클레오타이드의 디포스페이트 리보스 형태가 뉴클레오타이드의 디포스페이트 데옥시리보스 형태로 전환되는 1 단계 환원 반응에서 생성된다. 인산화시, 이들 분자는 DNA 합성에 참여할 수 있다.

<48> D. 트레할로스의 대사 및 용도

<49> 트레할로스는 α , α -1,1 결합에 의해 결합된 두 가지 당 분자로 구성된다. 트레할로스는 감미료, 건조 또는 동결 식품용 첨가제로서 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: 460467], 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 수득할 수 있다.

<50> II. 본 발명의 요소 및 방법

<51> 본 발명은, 적어도 부분적으로는, 하나 이상의 세포내 대사 경로에서 기능하거나 역할을 발휘하는, 본원에서 MP 핵산 및 MP 단백질 분자로 언급되는 새로운 분자의 발견을 기초로 한다. 한 실시양태에서, MP 분자는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상에 관여하는 효소 반응을 촉매한다. 바람직한 실시양태에서, 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상에서 본 발명의 MP 분자의 활성은 이 생물에 의한 원하는 정밀 화학물질의 생산에 영향을 준다. 특히 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 MP 단백질이 관여하는 코리네박테리움 글루타미쿰 대사 경로가 생산성 또는 효율 면에서 조절되도록 본 발명의 MP 분자의 활성을 조절하여, 코리네박테리움 글루타미쿰에 의한 원하는 정밀 화학물질의 생산 효율 또는 생산성을 직접적 또는 간접적으로 조절한다.

<52> 용어 "MP 단백질" 또는 "MP 폴리펩티드"에는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 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 생성물의 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 정밀 화학물질 생성물을 얻는데 걸리는 시간)이 포함된다. 용어 "수율" 또는 "생성물/탄소 수율"은 당업계에서 인식되는 용어이며, 탄소 공급원의 생성물(즉, 정밀 화학물질)로의 전환 효율이 포함된다. 이 용어는 일반적으로는, 예를 들어, 탄소 공급원 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. 이어서, 특정 화합물의 대사 (예를 들어, 글리신 등의 아미노산의 대사)에는 이러한 화합물과 관련되는 세포의 전체 생합성, 변형, 및 분해 경로가 포함된다.

<53> 다른 실시양태에서, 본 발명의 MP 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물에서 정밀 화학물질 등의 원

하는 분자의 생산을 조절할 수 있다. 재조합 유전 기술을 이용하여, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 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, 전환, 결실, 또는 부가에 의해 분해 효소를 결실시키거나 변형시켜, 세포의 생존력을 손상시키지 않고 원하는 화합물에 대한 이의 분해 활성이 감소되게 할 수 있다. 각 경우에서, 원하는 정밀 화학물질 생산에 관한 전반적인 생산 속도 또는 수율이 증가될 수 있다.

<54> 또한, 본 발명의 단백질 및 핵산 분자에서의 이러한 변경은 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 뿐 아니라, 다른 정밀 화학물질의 생산도 개선시킬 수 있다. 임의의 화합물 대사는 세포내 다른 생합성 및 분해 경로와 반드시 얽혀있고, 한 경로에 필요한 보조인자, 중간체 또는 기질은 이러한 다른 경로에 의해 공급되거나 제한되는 것으로 보인다. 그러므로, 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성을 조절하여, 다른 정밀 화학적 생합성 또는 분해 경로의 활성 효율 또는 생산성에 영향을 줄 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 변경으로 특정 부반응이 더욱 또는 덜 일어나게 되어, 원하는 정밀 화학물질의 생성에 중간체 또는 기질로 이용되는 화합물 1종 이상의 과잉생산 또는 생산부족을 초래할 수 있다.

<55> 본 발명의 단리된 핵산 서열은 명칭이 ATCC13032로 부여된, 아메리칸 타입 컬처 콜렉션에서 분양받을 수 있는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주의 게놈내에 포함되어 있다. 단리된 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA의 뉴클레오타이드 서열 및 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질의 예상 아미노산 서열은 각각 서열목록에서 홀수 서열 번호 및 짝수 서열 번호로 나타내었다. 이러한 뉴클레오타이드 서열을, 대사 경로 단백질을 코딩하는 서열로서 분류 및(또는) 확인하는 컴퓨터 분석을 수행하였다.

<56> 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, 선택되는 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은 선택되는 아미노산, 예를 들어, 선택되는 전체 아미노산 서열에 대해 약 50% 이상의 상동성이 있다. 선택되는 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은 선택되는 아미노산 서열에 대해 약 50 내지 60% 이상, 바람직하게는 약 60 내지 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70 내지 80%, 80 내지 90%, 또는 90 내지 95% 이상, 가장 바람직하게는 약 96% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 상동성이 있다.

<57> 본 발명의 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부 또는 단편은 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상의 효소 반응을 촉매하거나, 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 가질 수 있다.

<58> 본 발명의 다양한 측면은 하기 서브섹션에 보다 상세히 기재되어 있다.

<59> A. 단리된 핵산 분자

<60> 본 발명의 한 측면은 MP 폴리펩티드 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩하는 단리된 핵산 분자뿐 아니라 MP-코딩 핵산 (예를 들어, MP DNA) 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 뉴클레오타이드 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 뉴클레오타이드 서열, 및 이 유전자의 코딩 영역의 3' 말단으로부터 하류의 약 20개 이상의 뉴클레오타이드 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 분리되는 것이다. 바람직하게는, "단리된" 핵산은 이 핵산이 유도되는 생물의 게놈 DNA에서 본래 핵산의 양측면에 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 분자의 양측면에 있는 약 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0.5 kb 또는 0.1 kb 보다 작은 크기의 뉴클레오타이드 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 화합물질을 실질적으로 함유하지 않는다.

<61> 표준 분자 생물학 기술 및 본원에 제공되는 서열 정보를 이용하여, 본 발명의 핵산 분자, 예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 뉴클레오타이드 서열을 갖는 핵산 분자 또는 그의 일부를 분리할 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 사용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 라이브러리로부터 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA를 분리할 수 있다. 더우기, 본 발명의 핵산 서열(예를 들어, 이와 동일한 서열을 기초로 하여 고안된 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하는 중합효소 연쇄반응에 의해 본 발명의 핵산 서열(예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 전부 또는 일부를 포함하는 핵산 분자를 분리할 수 있음)을 기초로 하여 고안된 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하는 중합효소 연쇄반응에 의해 본 발명의 핵산 서열(예를 들어, 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 전부 또는 일부를 포함하는 핵산 분자를 분리할 수 있다. 예를 들어, mRNA는 정상 내피세포로부터(예를 들어, 문헌 [Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299]의 구아니디늄-티오시아네이트 추출 방법에 의해) 분리할 수 있고, DNA는 역전사효소(예를 들어, 미국 메릴랜드주 베테스다 소재의 Gibco/BRL로부터 입수가 가능한 몰로네이(Moloney) MLV 역전사효소, 또는 미국 플로리다주 페터스부르크 스트리트에 소재한 세이카가꾸 아메리카, 인크.(Seikagaku America, Inc.)로부터 입수가 가능한 AMV 역전사효소)를 사용하여 제조할 수 있다. 서열목록에 기재된 뉴클레오타이드 서열 중 하나를 기초로 하여 중합효소 연쇄반응 증폭을 위한 합성 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 고안할 수 있다. 본 발명의 핵산은 cDNA 또는, 별법으로, 게놈 DNA를 주형으로 사용하고 표준 PCR 증폭 기술에 따라 적절한 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 증폭시킬 수 있다. 이와 같이 증폭된 핵산을 적절한 벡터내에 클로닝하고 DNA 서열 분석에 의해 특성화할 수 있다. 또한, MP 뉴클레오타이드 서열에 상응하는 올리고뉴클레오타이드는 표준 합성 기술, 예를 들어, 자동 DNA 합성기를 사용하여 제조할 수 있다.

<62> 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 분리된 핵산 분자는 서열목록에 기재된 뉴클레오타이드 서열 중 하나를 포함한다. 서열목록에 기재된 바와 같은 본 발명의 핵산 서열은 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA에 상응한다. 이 DNA는 MP 단백질질을 코딩하는 서열(즉, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열에 나타난 "코딩 영역")뿐만 아니라 서열목록에서 각 홀수 서열 번호의 서열에 나타난 5' 비번역 서열 및 3' 비번역 서열도 포함한다. 또는, 핵산 분자는 서열목록의 핵산 서열 중 하나의 코딩 영역만을 포함할 수 있다.

<63> 본 출원의 목적을 위해, 서열목록에 기재된 핵산 및 아미노산 서열 각각을 "RXA", "RXN", "RXS" 또는 "RXC" 뒤에 5개의 숫자가 있는, 확인용 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 수(즉, RXA00007, RXN00023, RXS00116 또는 RXC00128)로 표시한 것을 알 것이다. 핵산 서열 각각은 세 부분, 즉 5' 상류 영역, 코딩 영역 및 하류 영역으로 구성되어 있다. 이들 세 영역 각각에는 동일한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시로 확인시켜 혼란을 방지했다. 이외에, "서열목록에서 홀수 서열 번호 중 하나"란, 서열목록의 핵산 서열 중 임의의 것을 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, RXA02229에 대한 코딩 영역은 서열 1에 기재되어 있으며, 그가 코딩하는 아미노산 서열은 서열 2에 기재되어 있다. 본 발명의 핵산 분자의 서열은, 이들이 쉽게 상호관련될 수 있도록, 이들이 코딩하는 아미노산 분자로서 동일한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시에 의해 확인된다. 예를 들어, RXA02229, RX00351, RXS02970 및 RXC02390으로 표시된 아미노산 서열은 각각 핵산 분자 RXA02229, RX00351, RXS02970 및 RXC02390의 뉴클레오타이드 서열의 코딩 영역의 번역물이다. 본 발명의 RXA, RXN, RXS 및 RXC 뉴클레오타이드 및 아미노산 서열과 이들의 배정된 서열 번호 사이의 상응 관계는 표 1에 기재되어 있다.

<64> 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 나타난 바와 같이, "F RXA01009"로 표시된 서열 5는 F-표시 유전자이며, 서열 73, 75 및 77(표 1에서 각각 "F RXA00007", "F RXA00364" 및 "F RXA00367"로 표시됨)도 마찬가지이다.

<65> 한 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 표 2에 기재된 것들을 포함하지 않는다. dapD 유전자의 경우, 이 유전자에 대한 서열은 문헌 [Wehrmann, A., et al, (1998) J. Bacteriol. 180(12):3159-3165]에 공개되어 있다. 그러나, 본 발명자들이 얻은 서열은 공개된 서열 형태 보다 상당히 더 길다. 공개된 서열 형태는 정확하지 않은 개시 코돈에 의존한 것이며, 따라서 실제 코딩 영역의 단편만을 나타낸 것이라고 생각된다.

- <66> 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, 그는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 중 하나와 혼성화함으로써 안정한 이중 나선을 형성한다.
- <67> 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%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 또는 90%, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열 또는 그의 일부를 포함한다. 상기 언급된 범위에 대해 중간값인 동일성 값 및 범위 (예를 들어, 70 내지 90% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 최대값 및(또는) 최소값의 조합으로 사용한 동일성 값의 범위는 본 발명에 포함된다. 추가의 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는, 예를 들어 엄격 조건하에, 본 발명의 뉴클레오티드 서열 중 하나 또는 그의 일부와 혼성화하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다.
- <68> 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 조건하에 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, 바람직하게는 약 25개, 더욱 바람직하게는 약 40, 50 또는 75개 이상의 연속된 뉴클레오티드와 혼성화하는 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 찾을 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 키트의 일부로 사용될 수 있다.
- <69> 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 상동성인"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 발현에 기여하고, 1종 이상의 정밀 화학물질의 생산 수율, 생산성 및(또는) 생산 효율에 직접 또는 간접적으로 기여한다. MP 단백질 활성의 예는 표 1에 기재되어 있다.
- <70> 다른 실시양태에서, 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 약 50% 내지 60% 이상, 바람직하게는 약 60% 내지 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70% 내지 80%, 80% 내지 90%, 90% 내지 95% 이상, 가장 바람직하게는 약 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상의 상동성이 있

다.

- <71> 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, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 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, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매하는지를 결정하기 위해, 효소 활성 분석법을 수행할 수 있다. 실시예 8에 기재된 바와 같이, 이러한 분석 방법은 당업자에게 공지되어 있다.
- <72> MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 다른 핵산 단편은 MP 단백질 또는 펩티드의 코딩 부분을 발현시키는 (예를 들어, 시험관내 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.
- <73> 본 발명은, 본 발명에 나타난 뉴클레오타이드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나와 상이하지만 유전자 코드의 축퇴성으로 인해 본 발명의 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩되는 것과 동일한 MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자 (및 그의 일부)를 포함한다. 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열목록에 나타난 아미노산 서열 (예를 들어, 짝수 서열 번호의 서열)을 갖는 단백질을 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 갖는다. 다른 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 본 발명의 아미노산 서열 (서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열)에 나타난 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성인 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질을 코딩한다.
- <74> 당업자라면, 한 실시양태에서 본 발명의 서열이 본 발명의 이전에 이용가능했던, 표 2 또는 4에 기재된 젠뱅크 (Genbank) 서열과 같은 선행 기술의 서열을 포함하는 것이 아님을 알 것이다. 한 실시양태에서, 본 발명은 선행 기술의 서열 (예를 들어, 표 2 또는 4에 기재된 젠뱅크 서열 (또는 이러한 서열에 의해 코딩되는 단백질))보다 더 큰 본 발명의 뉴클레오타이드 또는 아미노산 서열과 동일성(%)을 갖는 뉴클레오타이드 서열 및 아미노산 서열을 포함한다. 예를 들어, 본 발명은 RXA00115 (서열 185)로 표시되는 뉴클레오타이드 서열보다 더 크고(거나) 그와 40% 이상의 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열, RXA00131 (서열 991)로 표시되는 뉴클레오타이드 서열보다 더 크고(거나) 그와 어느 정도 이상의 동일성이 있는 뉴클레오타이드 서열 및 RXA00219 (서열 345)로 표시되는 뉴클레오타이드 서열보다 더 크고(거나) 그와 39% 이상의 동일성이 있는 뉴클레오타이드 서열이 포함된다. 당업자라면, 주어진 서열에 대한 3개의 최고 히트 각각에 대해 표 4에 나타난 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%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 또는 90%, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 이상의 동일성)을 갖는 핵산 서열 및 아미노산 서열이 본 발명에 포함됨을 알 것이다.
- <75> 당업자라면, 서열목록에서 홀수 서열 번호로 기재된 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 뉴클레오타이드 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 이로 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 뉴클레오타이드 서열을 1 내지 5% 변화시킨다. 천연 변이의 결과이며 MP 단백질의 기능적 활성을 변경시키지 않는, 임의 및 모든 이러한 뉴클레오타이드 변화 및 그에 따라 나타난 MP에서의 아미노산 다형성은 본 발명의 범위 내에 있는 것으로 한다.
- <76> 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 조건하에 표준 혼성화 기술에 따라 혼성화 프로브로서 코리네박테리움 글루타미쿰 DNA 또는 그의 일부를 사용하여 단리할 수 있다. 따라서, 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자의 길이는 뉴클레오타이드 15

개 이상이며, 엄격 조건하에 서열목록에서 홀수 서열 번호의 뉴클레오티드 서열을 포함하는 핵산 분자와 혼성화한다. 다른 실시양태에서, 핵산의 길이는 뉴클레오티드 30개, 50개, 100개 또는 250개 이상이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "엄격 조건하에 혼성화하는"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 예는 약 45 °C에서 6 ×염화나트륨/시트르산나트륨 (SSC) 중의 혼성화 및 그 후에 50 내지 65 °C에서 0.2 ×SSC, 0.1% SDS 중에서의 1회 이상 세척이나, 이에 제한되지 않는다. 바람직하게는, 엄격 조건하에 본 발명의 뉴클레오티드 서열과 혼성화하는 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.

<77> 또한, 당업자라면 집단내에 존재할 수 있는 MP 서열의 자연 발생적인 변이체 뿐 아니라, 본 발명의 뉴클레오티드 서열 내에 돌연변이에 의한 변화를 도입함으로써, MP 단백질의 기능에의 변경 없이 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" 잔기가 상기 MP 단백질의 활성을 변경시키지 않으면서 MP 단백질 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열) 중 하나의 야생형 서열로부터 변경될 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 활성에의 변경없이 변경될 수 있다.

<78> 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 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 하나의 아미노산 서열에 대해 약 50 내지 60% 이상, 더욱 바람직하게는 이러한 서열 중 하나에 대해 약 60 내지 70% 이상, 더욱 바람직하게는 이러한 서열 중 하나에 대해 약 70 내지 80%, 80 내지 90%, 90 내지 95% 이상, 가장 바람직하게는 본 발명의 아미노산 서열 중 하나에 대해 약 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 상동성이 있다.

<79> 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 있다). 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 의미이다). 2개 서열 사이의 상동성(%)은 서열들에 의해 공유되는 동일한 위치의 개수의 함수이다 (즉, 상동성(%) = 동일한 위치의 개수/위치의 총 개수 × 100).

<80> 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 아미노산 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 뉴클레오타이드 서열을 돌연변이유발시킨 다음, 코딩된 단백질을 재조합적으로 발현시킬 수 있고, 예를 들어 본원에 기재된 분석법을 이용하여 단백질의 활성을 결정할 수 있다 (실시예 8을 참조).

<81> 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 뉴클레오타이드 서열을 포함하며, 예를 들어 이중 가닥 DNA 분자의 코딩 가닥에 대해 상보적이거나 mRNA 서열에 대해 상보적인 뉴클레오타이드 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 뉴클레오타이드 서열의 코딩 가닥의 "코딩 영역"에 대해 안티센스이다. 용어 "코딩 영역"은 아미노산 잔기로 번역되는 코돈을 포함하는 뉴클레오타이드 서열의 영역 (예를 들어, 서열 1 (RXA02229)의 전체 코딩 영역은 뉴클레오타이드 1에서 825를 포함함)을 의미한다. 다른 실시양태에서, 안티센스 핵산 분자는 MP를 코딩하는 뉴클레오타이드 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.

<82> 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 올리고뉴클레오타이드이다. 예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오타이드는 MP mRNA의 번역 개시 부위 주변의 영역에 대해 상보적일 수 있다. 안티센스 올리고뉴클레오타이드의 길이는 예를 들어, 뉴클레오타이드 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 뉴클레오타이드, 또는 분자의 생물학적 안정성을 증가시키거나, 안티센스와 센스 핵산 사이에 형성된 이중 가닥의 물리적인 안정성을 증가시키기 위해 고안된 다양하게 변형된 뉴클레오타이드를 사용하여 (예를 들어, 포스포로티오에이트 유도체 및 아크리딘 치환된 뉴클레오타이드가 사용될 수 있음), 안티센스 핵산 (예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오타이드)을 화학적으로 합성할 수 있다. 안티센스 핵산을 생성하는데 사용될 수 있는 변형된 뉴클레오타이드의 예로는 5-플루오로우라실, 5-브로모우라실, 5-클로로우라실, 5-요오도우라실, 히포크산틴, 크산틴, 4-아세틸시토신, 5-(카르복시히드록실메틸)우라실, 5-카르복시메틸아미노메틸-2-티오우리딘, 5-카르복시메틸아미노메틸우라실, 디히드로우라실, β -D-갈락토실케오신, 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, β -D-만노실케오신, 5'-메톡시카르복시메틸우라실, 5-메톡시우라실, 2-메틸티오-N6-이소펜테닐아데닌, 우라실-5-옥시아세트산(v), 비부톡소신, 슈도 (pseudo)우라실, 케오신, 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.

<83> 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 통상적으로 세포에 투여되거나 이들이 MP 단백질을 코딩하는 세포내 mRNA 및 (또는) 게놈 DNA와 혼성화하거나 결합하도록 게내 생성되어, 전사 및(또는) 번역 억제 등과 같이 단백질의 발현을 억제한다. 혼성화는 안정한 이중 나선을 형성하는 통상의 뉴클레오타이드 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 결합하는 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.

<84> 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.

<85> 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 (RXA02229))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 푸올로부터 특정 리보뉴클레아제 활성을 갖는 촉매성 RNA를 선별해낼 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Bartel, D. and Szostak, J.W. (1993) Science 261:1411-1418] 참조).

<86> 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).

<87> B. 재조합 발현 벡터 및 숙주 세포

<88> 본 발명의 다른 측면은 벡터, 바람직하게는 MP 단백질 (또는 그의 일부)을 코딩하는 핵산을 함유하는 발현 벡터에 관한 것이다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "벡터"란 그에 연결된 다른 핵산을 수송할 수 있는 핵산을 지칭한다. 벡터의 한 유형으로 "플라스미드"란 추가의 DNA 절편이 라이게이션될 수 있는 환형 이중 가닥 DNA 고리를 의미한다. 벡터의 다른 유형인 바이러스 벡터는 추가의 DNA 절편을 바이러스 게놈 내로 라이게이션시킬 수 있다. 특정 벡터는 도입된 숙주 세포 내에서 자율적으로 복제될 수 있다 (예를 들면, 박테리아 복제 기점을 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.

<89> 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, 리프레서 결합 부위, 활성자 결합 부위, 인핸서 및 기타 발현 조절 요소 (예를 들면, 종결자, 폴리아데닐화 신호, 또는 mRNA 2차 구조와 관련된 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-, army, SP02, λ -P_R- 또는 λ P_L와 같은 프로모터가 있다. 추가의 조절 서열에는, 예를 들어 ADC1, MF α , AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28,

ADH와 같은 효모 및 진균으로부터의 프로모터, CaMV/35S, SSU, OCS, lib4, usp, STLS1, B33, nos나 우비퀴틴-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.

<90> 본 발명의 재조합 발현 벡터는 원핵 또는 진핵 세포에서의 MP 단백질 발현용으로 고안될 수 있다. 예를 들어, MP 유전자는 코리넨박테리움 글루타미쿰과 같은 박테리아 세포, 곤충 세포 (바콜로바이러스 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 tumefaciens*-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.

<91> 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, 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 응고인자 Xa, 트롬빈 및 엔테로키나제 등이 있다.

<92> 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.

<93> 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, pIN11113-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 ISBN 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 반면, 플라스미드 pUB110, pC194 또는 pBD214는 바실루스 (*Bacillus*) 종을 형질전환시키는데 적합하다. 코리넨박테리움 내로 유전 정보를 전달하는데 사용되는 플라스미드에는 pHM1519, pBL1, pSA77 또는 pAJ667 (문헌 [Pouwels *et al.*, eds. (1985) *Cloning Vectors*. Elsevier: New York ISBN 0 444 904018] 참조) 등이 있다.

- <94> 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, 코리넨박테리움 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.
- <95> 다른 실시양태에서, MP 단백질 발현 벡터는 효모 발현 벡터이다. 효모 사카로마이세스 세레비지에 (*Saccharomyces cerevisiae*)의 발현 벡터의 예로는 pYepSec1 (문헌 [Baldari, *et al.*, (1987) *Embo J.* 6:229-234], 2 μ , 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 (ISBN 0 444 904018)]에 상술된 것들이 포함된다.
- <96> 별법으로, 바쿨로바이러스 발현 벡터를 사용하여 본 발명의 MP 단백질을 곤충 세포 내에서 발현시킬 수 있다. 배양된 곤충 세포 (예를 들면, Sf 9 세포)에서의 단백질 발현용 바쿨로바이러스 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.
- <97> 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, pGHIac+, pBIN19, pAK2004 및 pDH51 (문헌 [Pouwels *et al.*, eds. (1985) *Cloning Vectors*. Elsevier: New York ISBN 0 444 904018] 참조)가 포함된다.
- <98> 또 다른 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.
- <99> 다른 실시양태에서, 재조합 포유류 발현 벡터는 특정 세포 유형에서의 차별적인 핵산 발현이 가능하도록 한다 (예를 들면, 조직-특이적 조절 요소가 핵산을 발현시키는데 사용된다). 조직-특이적 조절 요소는 당업계에 공지되어 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 제 4,873,316호 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 -페도 프로틴 프로모터 (문헌 [Campes and Tilghman (1989) *Genes Dev.* 3:537-546] 참조)도 포함된다.
- <100> 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.

<101> 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.

<102> 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.

<103> 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, 이중 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-텍스트란-매개 형질감염법, 리포펙션법 (lipofection), 천연 감응법 (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.

<104> 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 메토틱세이트와 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 사멸한다).

<105> 상동성 재조합 미생물을 제조하기 위해서, 결실, 부가 또는 치환을 도입시켜 MP 유전자를 변형 (예를 들면, 기능을 파괴)시킨 MP 유전자의 적어도 일부를 함유하는 벡터를 제조한다. 바람직하게는 이 MP 유전자는 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 유전자이지만, 관련 박테리아로부터의 상동체뿐만 아니라 포유류, 효모 또는 곤충 기원으로부터의 상동체일 수도 있다. 바람직한 실시양태에서, 상기 벡터는 상동성 재조합에 의해 내인성 MP 유전자가 기능적으로 파괴 (즉, 더이상 기능적 단백질을 코딩하지 않음, "녹아웃 (knock-out)" 벡터로도 지칭됨)되도록 고안된다. 별법으로, 상기 벡터는 상동성 재조합에 의해 내인성 MP 유전자가 돌연변이되거나 달리 변형되었지만 여전히 기능적 단백질을 코딩 (즉, 상류 조절 영역이 변형되어 내인성 MP 단백질의 발현이 변형될 수 있음)하도록 고안된다. 상동성 재조합 벡터에는 변형된 MP 유전자 일부의 5' 및 3'의 측면에 MP 유전자의 추가적인 핵산이 위치하여 벡터에 의해 운반된 외인성 MP 유전자와 미생물 내의 내인성 MP 유전자 사이에 상동성 재조합이 일어나도록 한다. 추가된 측면 MP 핵산은 내인성 유전자와 성공적으로 상동성 재조합 되기에 충분한 길이를 갖는다. 전형적으로, 수 킬로베이스의 측면 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 내인성 MP 유전

자가 상동성 재조합된 세포를 공지된 기술에 의해 선별한다.

<106> 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.

<107> 다른 실시양태에서, 숙주 세포 내의 내인성 MP 유전자를 (예를 들면, 상동성 재조합 또는 당업계에 공지된 다른 유전적 수단에 의해) 파괴하여 그의 단백질 산물이 발현되지 않게 한다. 다른 실시양태에서, 숙주 세포 내의 도입된 MP 유전자 또는 내인성 MP 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변경되지만, 여전히 기능적 MP 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 미생물 내에 있는 하나 이상의 조절 영역 (예를 들면, 프로모터, 리프레서 또는 인두서)이 (예를 들면, 결실, 절단, 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 변경되어 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.

<108> 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 분리하는 것을 추가로 포함한다.

<109> C. 단리된 MP 단백질

<110> 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 물질이 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%인 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%인 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.

<111> 본 발명의 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드 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 서열과 충분히 상동성인 (예를 들면, 서열 목록에서 짝수 서열 번호로 기재된 서열) 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 혼성화하는 (예를 들면, 엄격 조건 하에서 혼성화하는) 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% 이상이고, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 갖는다. 또한, 상기 언급된 값에 중간값인 동일성 값 및 범위 (예를 들어, 70 내지 90% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 최대값 및(또는) 최소값의 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 뉴클레오타이드 서열에 혼성화 (예를 들면, 엄격 조건 하에서의 혼성화)하는 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩된 아미노산 서열을 포함하며, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 가질 수 있다.

<112> 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% 이상이고, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 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% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 최대값 및(또는) 최소값의 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.

<113> 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)은 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.

<114> 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 분리될 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 분리할 수 있다.

<115> 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 프레임 내에서 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 이중 신호 서열을 함유하는 MP 단백질이다. 특정한 숙주 세포 (예를 들면, 포유류 숙주 세포) 내에서, MP 단백질의 발현 및(또는) 분비는 이중 신호 서열을 이용함으로써 증가될 수 있다.

- <116> 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 동일 프레임 내에 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 단백질로 동일 프레임 내에서 연결시킬 수 있다.
- <117> MP 단백질의 상동체는 돌연변이유발법, 예를 들어 분별 점 돌연변이 또는 MP 단백질의 트렁케이션에 의해 생성될 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "상동체"란, MP 단백질의 활성화에 대한 아고니스트 또는 길항제로 작용하는 MP 단백질의 변이체 형태를 지칭하는 것이다. MP 단백질 아고니스트의 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 미생물 내에서 역할을 하는 대사 경로 하나 이상의 활성을 조절할 수 있다.
- <118> 다른 실시양태에서, 상기 MP 단백질의 상동체는 MP 단백질 돌연변이체 (예를 들면, 트렁케이션 돌연변이체)의 조합 라이브러리를 MP 단백질 아고니스트 또는 길항제 활성화에 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 올리고뉴클레오타이드 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 올리고뉴클레오타이드 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 올리고뉴클레오타이드를 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).
- <119> 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 제조할 수 있다. 이 방법에 의해, 다양한 크기를 갖는 MP 단백질의 N-말단, C-말단 및 내부 단편을 코딩하는 발현 라이브러리를 유도할 수 있다.
- <120> 점 돌연변이 또는 트렁케이션에 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).

- <121> 다른 실시양태에서, 당업계에서 공지된 방법을 사용하는 세포 기재 분석법으로 혼재된 MP 라이브러리를 분석할 수 있다.
- <122> D. 본 발명의 용도 및 방법
- <123> 본원에 기재한 핵산 분자, 단백질, 단백질 상동체, 융합 단백질, 프라이머, 벡터 및 숙주세포는 코리네파테리움 글루타미쿰 및 관련 생물의 확인, 코리네파테리움 글루타미쿰과 관련된 생물의 게놈 맵핑, 코리네파테리움 글루타미쿰의 목적 서열의 확인 및 위치 규명, 진화 연구, 기능에 필요한 MP 단백질 부위의 결정, MP 단백질 활성의 조절, MP 경로의 활성 조절, 및 정밀 화학물질과 같은 원하는 화합물의 세포내 생성 조절 등의 방법 중 하나 이상에 사용할 수 있다.
- <124> 본 발명의 MP 핵산 분자는 다양한 용도를 갖는다. 첫째, 코리네파테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 것일 수 있는 생물의 존재 여부 확인에 사용할 수 있다. 또한, 혼합된 미생물 집단에서 코리네파테리움 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 조건하에서 코리네파테리움 글루타미쿰에 고유한 유전자 영역에 걸친 프로브를 사용하여 탐침함으로써 상기 생물의 존재 여부를 확인할 수 있는 다수의 코리네파테리움 글루타미쿰 유전자의 핵산 서열을 제공한다. 코리네파테리움 글루타미쿰 그 자체는 인간에게 병원성이 아니지만, 코리네파테리움 디프테리아와 같은 인간 병원체인 종과 관련이 있다. 코리네파테리움 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.
- <125> 한 실시양태에서, 본 발명은 개체에서 코리네파테리움 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 코리네파테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 검출하는 것을 포함한다. 코리네파테리움 글루타미쿰과 코리네파테리움 디프테리아는 관련있는 박테리아이며, 코리네파테리움 글루타미쿰의 많은 핵산 및 단백질 분자는 코리네파테리움 디프테리아의 핵산 및 단백질 분자와 상동성이 있으므로 개체에서 코리네파테리움 디프테리아를 검출하는데 사용할 수 있다.
- <126> 또한, 본 발명의 핵산 및 단백질 분자는 게놈의 특정 영역의 마커로 기능을 한다. 이러한 기능은 게놈 맵핑뿐 아니라 코리네파테리움 글루타미쿰 단백질의 기능 연구에서도 유용성이 있다. 예를 들어, 코리네파테리움 글루타미쿰 게놈을 절단하여 단편을 DNA 결합 단백질과 인큐베이션시켜, 코리네파테리움 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 코리네파테리움 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 락토펙페르멘툼 (*Brevibacterium lactofermentum*)과 같은 관련 박테리아의 게놈 맵을 작성하기 위한 마커로 사용할 수 있다.
- <127> 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.
- <128> 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 수 있다.
- <129> 본 발명은 단백질 자체 또는 기질 또는 MP 단백질의 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.

<130> 코리네박테리움 글루타미쿰의 대규모 발효 배양물로부터 단리한, 원하는 정밀 화학물질이 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스인 경우, 재조합 유전 메카니즘으로 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성 또는 활성 효율을 조절하여 상기 정밀 화학물질 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 마찬가지로 적용되어야 한다.

<131> 유사하게, 원하는 정밀 화학물질이 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 풀 (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 정밀 화학물질을 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 정밀 화학물질 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.

<132> 원하는 화학물질의 수율을 증가시키기 위한 MP 단백질의 돌연변이유발방법에 관한 상기 목록은 한정적인 것이 아니며, 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.

<133> 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 본원에서 참고로 도입된다.

관련 유전자

리신 생합성

핵산 시열	아미노산 시열	웨이 코드	코타그	NT 개시	NT 종지	기능
1	2	RXA02229	GR00653	2793	3617	다아미노피롤라이드 에피머라제 (EC 5.1.1.7)
3	4	RXS02970				아세틸콜린 아민도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
5	6	F RXA01009	GR00287	4714	5943	아세틸콜린 아민도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
7	8	RXC02390				리신 대사에 관여하는 막 수송 단백질
9	10	RXC01796				리신 대사에 관여하는 막 결합 단백질
11	12	RXC01207				리신 및 트레오닌 대사에 관여하는 세포질 단백질
13	14	RXC00657				리신 대사에 관여하는 전사 조절자
15	16	RXC00552				리신 대사에 관여하는 세포질 단백질

트레할로스

핵산 시열	아미노산 시열	웨이 코드	코타그	NT 개시	NT 종지	기능
17	18	RXN00351	VV0135	37078	38532	α,α'-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성) 56 KD 서브유닛 (EC 2.4.1.15)
19	20	F RXA00351	GR00066	1486	2931	α,α'-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성) 56 KD 서브유닛 (EC 2.4.1.15)
21	22	RXA00873	GR00241	3	758	트레할로스 신타제 (EC 2.4.1.-)
23	24	RXA00891	GR00243	1005	4	트레할로스 신타제 (EC 2.4.1.-)

리신 생합성

핵산 시열	아미노산 시열	웨이 코드	코타그	NT 개시	NT 종지	기능
25	26	RXA00534	GR00137	4758	3496	아스파르트키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
27	28	RXA00533	GR00137	3469	2438	아스파르트키트-세미알라하드 디하드로키나제 (EC 1.2.1.11)
29	30	RXA02843	GR00842	543	4	2,3,4,5-테트라하드로페리딘-2-카르복실레이트 N-숙시닐트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.117)
31	32	RXA02022	GR00613	2063	3169	숙시닐-다아미노피롤라이드 대숙시닐라제 (EC 3.5.1.18)
33	34	RXA00044	GR00007	3458	4393	디하드로디피콜리나이트 신타제 (EC 4.2.1.52)
35	36	RXA00863	GR00236	896	1639	디하드로디피콜리나이트 리아제 (EC 1.3.1.28)
37	38	RXA00864	GR00236	1694	2443	2,3-디하드로디피콜리나이트 N-C6-리아제 (환형화) (EC 4.3.3.-) -코리네비테리움 글루타미돌인 것임
39	40	RXA02843	GR00842	543	4	2,3,4,5-테트라하드로페리딘-2-카르복실레이트 N-숙시닐트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.117)
41	42	RXN00355	VV0135	31980	30961	메소-다아미노피롤라이드 D-히드로키나제
43	44	F RXA00352	GR00068	861	4	메소-다아미노피롤라이드 D-히드로키나제 (EC 1.4.1.16)

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	코팅그	NT 개시	NT 정지	기능
45	46	RXA00972	GR00274	3	1379	디아미노피멜레이트 데카르복실라제 (EC 4.1.1.20)
47	48	RXA02653	GR00752	5237	7234	디아미노피멜레이트 데카르복실라제 (EC 4.1.1.20)
49	50	RXA01393	GR00408	4249	3380	리신 배합 조절자 단백질
51	52	RXA00741	GR00036	5443	6945	L-리신 수용 단백질
53	54	RXA01394	GR00408	4320	5018	리신 배출자 단백질
55	56	RXA00865				다하드론디파롤리네이트 신타제 (EC 4.2.1.52)
57	58	RXS02021	GR00236	2647	3549	2,3,4,5-테트라하드롤리딘-2-카르복실레이트 N-숙시닐트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.117)
59	60	RXS02157				아세틸로르니딘 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
61	62	RXC00733				리신 대사에 관여하는
63	64	RXC00861				ABC 수용체 ATP-결합 단백질
65	66	RXC00866				리신 대사에 관여하는 단백질
67	68	RXC02095				리신 대사에 관여하는 Zn-의존성 히드롤라제
69	70	RXC03185				리신 대사에 관여하는 단백질
						ABC 수용체 ATP-결합 단백질
						리신 대사에 관여하는 단백질

글루타메이트 및 글루타민 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	코팅그	NT 개시	NT 정지	기능
71	72	RXN00367	VV0196	9744	14273	글루타메이트 신타제 (NADH) 전구체 (EC 1.4.1.14)
73	74	F RXA00007	GR00001	7107	8912	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
75	76	F RXA00364	GR00075	1296	4	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
77	78	F RXA00367	GR00075	1806	964	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
79	80	RXN00076	VV0154	2752	4122	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
81	82	F RXA00075	GR00012	2757	3419	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
83	84	RXN00198	VV0181	7916	7368	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
85	86	F RXA00198	GR00031	2	283	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
87	88	RXN00365	VV0196	14607	15233	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
89	90	F RXA00365	GR00075	630	4	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
91	92	RXA00366	GR00075	961	605	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
93	94	RXA02072	GR00628	1259	2599	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
95	96	RXA00323	GR00057	3855	5192	NADP-독이3 글루타메이트 디하드론제나제 (EC 1.4.1.4)
97	98	RXA00335	GR00057	19180	17760	글루타메이트 신타제 (EC 6.3.1.2)
99	100	RXA00324	GR00057	5282	8398	글루타메이트 신타제 (EC 6.3.1.2)
101	102	RXA00376	VV0332	2	882	글루타메이트 신타제 (EC 6.3.1.2)
103	104	F RXA02879	GR10017	2	882	글루타메이트 신타제 (EC 3.5.1.2)
105	106	RXA00278	GR00043	2612	1581	글루타미나제 (EC 3.5.1.2)
107	108	RXA00727	GR00193	614	1525	글루타미나제 (EC 3.5.1.2) 글루타메이트 결함 세포질 주변 단백질 전구체 글루타메이트 결함 세포질 주변 단백질 전구체

알라닌 및 아스파르테이트 및 아스파라긴 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 정지	기호
109	110	RXA02139	GR00639	6739	4901	아스파라긴 신태라제 (글루타민 가수분해) (EC 6.3.5.4)
111	112	RXND0116	VV0100	26974	25814	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
113	114	F RXA00116	GR00018	510	4	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
115	116	RXND0618	VV0135	10288	9182	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
117	118	F RXA00618	GR00163	213	746	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
119	120	F RXA00627	GR00164	854	1138	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
121	122	RXA02550	GR00729	1585	325	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
123	124	RXA02193	GR00545	1942	363	아스파르테이트 알로니아-리아제 (EC 4.3.1.1)
125	126	RXA02432	GR00708	2669	1695	L-아스파라기나제 (EC 3.5.1.1)
127	128	RXND0303	VV0138	680	5783	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
129	130	RXND0508	VV0086	4701	19944	알라닌 라세마제 (EC 5.1.1.1)
131	132	RXND0636	VV0135	20972		알라닌 라세마제 (EC 5.1.1.1)

β-알라닌 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 정지	기호
133	134	RXA02536	GR00726	8581	7826	β-옥라이도포코피우나제 (EC 3.5.1.6)
135	136	RXS00870				매틸알로네이트-세미알데하이드 디하드로게나제 (아산화) (EC 1.2.1.27)
137	138	RXS02299				아스파르테이트 1-데카복실라제 전구체 (EC 4.1.1.11)

글리신 및 세린 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 정지	기호
139	140	RXA01561	GR00435	1113	2042	L-세린 디하리타라제 (EC 4.2.1.13)
141	142	RXA01850	GR00525	481	1827	L-세린 디하리타라제 (EC 4.2.1.13)
143	144	RXA00580	GR00156	7343	6042	세린 히드록시메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.2.1)
145	146	RXA01821	GR00515	10253	9876	시르코신 옥시다제 (EC 1.5.3.1)
147	148	RXND0263	VV0202	11783	12160	시르코신 옥시다제 (EC 1.5.3.1)
149	150	F RXA02263	GR00654	33454	33813	시르코신 옥시다제 (EC 1.5.3.1)
151	152	RXA02176	GR00641	11454	12581	포스포세린 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.52)
153	154	RXND02758	GR00766	5082	4648	포스포세린 포스파타제 (EC 3.1.3.3)
155	156	F RXA02479	GR00717	393	4	포스포세린 포스파타제 (EC 3.1.3.3)
157	158	F RXA02758	GR00766	5082	4648	포스포세린 포스파타제 (EC 3.1.3.3)
159	160	F RXA02759	GR00766	5330	5220	포스포세린 포스파타제 (EC 3.1.3.3)
161	162	RXA02501	GR00720	15041	13977	포스포세린 포스파타제 (EC 3.1.3.3)
163	164	RXS01105	VV0074	15867	15423	시르코신 옥시다제 (EC 1.5.3.1)
165	166	RXS01130				D-3-포스포글리세레이트 디하드로게나제 (EC 1.1.1.95)
167	168	RXS03112				D-3-포스포글리세레이트 디하드로게나제 (EC 1.1.1.95)

표 1-3

트레오넨 대사

예산 시열	아비노산 시열	혈인 코드	콜라겐	NT 개시	NT 정지	기능
169	170	RKN00969	VV0149	12033	13387	호모세린 다하드로글루나제 (EC 1.1.1.3)
171	172	RFAA00974	GR00274	2623	3015	호모세린 다하드로글루나제 (EC 1.1.1.3)
173	174	RFAA00970	GR00273	161	1087	호모세린 키나제 (EC 2.7.1.39)
175	176	RNA00330	GR00057	12968	14410	호모세린 인산타제 (EC 4.1.2.95.2)
177	178	VO0086	70041	69911		호모세린 O-아세틸알라닌트랜스퍼라제
179	180	RFAA00403	GR00088	723	1832	호모세린 트레오닌-O-아세틸알라닌트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.11)
181	182	RC01207				라이신 및 트레오닌에 관여하는 세로질 단백질
833	184	RXC00152				라이신에 대해서에 관여하는 막결합 단백질

메티오닌 및 S-아데노실 메티오닌 대사

해산 시월	아비노산 시월	해인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
185	186	RAA00115	GR00017	5359	4313	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.31)
187	188	RN000403	VW00086	70041	68911	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제
189	190	F RA000403	GR00088	773	1832	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.11)
191	192	RS00158				시스타티오닌 y-신라제 (EC 4.2.99.9)
193	194	F RA000234	GR00038	2404	1811	시스타티오닌 y-신라제 (EC 4.2.99.9)
195	196	RAA02532	GR00726	3085	2039	시스타티오닌 y-신라제 (EC 4.2.99.9)
197	198	RS003159				시스타티오닌 y-신라제 (EC 4.2.99.9)
199	200	F RA002768	GR00770	1919	2521	시스타티오닌 y-신라제 (EC 4.2.99.9)
201	202	F RA00216	GR00032	16286	15297	5-메틸테트라하이드로폴라이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (메티오닌 산데라제)
203	204	RN000402	VW00086	70787	70186	O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.10/)
205	206	F RA000402	GR00088	1	576	O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.8)
207	208	RAA00405	GR00089	3289	3801	O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.10/)
209	210	RAA02197	GR00645	4552	4025	O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.8)
211	212	RN002198	VW00302	9228	11726	O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.8)
213	214	F RA002198	GR00646	2463	6	5-메틸테트라하이드로폴라이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
215	216	RN003074	VW0042	2238	1741	5-메틸테트라하이드로폴라이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
217	218	F RA002906	GR10044	1142	645	S-아데노실메티오닌-2-아데닐메나제는 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.-.?)
219	220	RN00132	VW0124	3612	5045	메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.-.?)
221	222	F RA000132	GR00020	7728	7624	아데노실메티오닌-2-아데닐메나제는 메틸트랜스퍼라제 (EC 3.3.1.1)
						아데노실메티오닌-2-아데닐메나제는 메틸트랜스퍼라제 (EC 3.3.1.1)

핵산 시열	아미노산 시열	확인 코드	클로이드	NT 개시	NT 정지	기능
223	224	F RXA01371	GR00398	2339	3634	이데노실호모시스테인이나제 (EC 3.3.1.1)
225	226	RXN02085				5-메틸테트라하드로포테로일트라이글루타메이트-호모시스테인
227	228	F RXA02085	GR00629	3496	5295	메틸트렌스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
229	230	F RXA02086	GR00629	5252	5731	5-메틸테트라하드로포테로일트라이글루타메이트-호모시스테인
231	232	RXN02648				메틸트렌스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
233	234	F RXA02648	GR00751	5254	4730	5-메틸테트라하드로포테로일트라이글루타메이트-호모시스테인
235	236	F RXA02658	GR00752	14764	15447	5-메틸테트라하드로포테로일트라이글루타메이트-호모시스테인
237	238	RXC02238				메틸트렌스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
239	240	RXC00128				S-아데노실메티오닌, 퓨린 및 판토텐네이트 대사에 관여하는 배출된 단백질

S-아데노실 메티오닌 (SAM) 생합성

핵산 시열	아미노산 시열	확인 코드	클로이드	NT 개시	NT 정지	기능
241	242	RXA02240	GR00654	7160	8380	S-아데노실메티오닌 신태라제 (EC 2.5.1.6)

시스테인 대사

핵산 시열	아미노산 시열	확인 코드	클로이드	NT 개시	NT 정지	기능
243	244	RXA00780	GR00206	1689	2234	세린 아세틸트렌스퍼라제 (EC 2.3.1.30)
245	246	RXA00779	GR00206	550	1482	시스테인 신태라제 (EC 4.2.99.8)
247	248	RXN00402	VV00986	70767	70188	O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.10)/
249	250	F RXA00402	GR00088	1	576	O-아세틸세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.8)
251	252	RXS00405				O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.10)/
253	254	RXC00164				O-아세틸호모세린 술폰드릴라제 (EC 4.2.99.10)/
255	256	RXC01191				시스테인 대사에 관여하는 ABC 수송체 ATP-결합 단백질

표 1-5

발린, 루이신 및 이소루이신

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 종지	기능
257	258	RXA02646	GR00751	3856	2568	트레오닌 디하이드라티제 생합성 (EC 4.2.1.16)
259	260	RXA00766	GR00204	5091	4249	분지쇄 아미노산 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.42)
261	262	RXN01690	VV0246	1296	196	분지쇄 아미노산 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.42)
263	264	F RXA01690	GR00473	1248	196	분지쇄 아미노산 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.42)
265	266	RXN01026	VV0143	9171	7513	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 대형 서브유닛 (EC 4.2.1.33)
267	268	F RXA01026	GR00294	1	1602	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 대형 서브유닛 (EC 4.2.1.33)
269	270	RXN01127	VV0157	4401	3472	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 1.1.1.85)
271	272	F RXA01132	GR00315	1349	1651	2-이소프로판릴라이트 시타제 (EC 4.1.3.12)
273	274	RXN00536	VV0219	6128	7486	2-이소프로판릴라이트 시타제 (EC 4.1.3.12)
275	276	F RXA00536	GR00137	6128	7360	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 소형 서브유닛 (EC 4.2.1.33)
277	278	RXN02965	VV0143	7711	7121	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 소형 서브유닛 (EC 4.2.1.33)
279	280	RXN01929	VV0127	4790	46402	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 1.1.1.85)
281	282	F RXA01929	GR00555	2766	1960	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 1.1.1.85)
283	284	RXN01420	VV0122	15584	14643	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 1.1.1.85)
285	286	RXS01145	GR00321	1075	1530	4-이소프로판릴-CoA 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
287	288	F RXA01145				케룰산 리덕토이소머라이제 (EC 1.1.1.86)

아르기닌 및 포롤린 대사

포롤린 생합성 효소:

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 종지	기능
289	290	RXA02375	GR00689	1449	223	글루타민에이트 5-키나제 (EC 2.7.2.11)
291	292	RXN02382	VV0213	5162	3867	γ-글루타민 포스페이트 리덕타제 (GRP) (EC 1.2.1.41)
293	294	F RXA02378	GR00690	624	16	γ-글루타민 포스페이트 리덕타제 (GRP) (EC 1.2.1.41)
295	296	GR00691	GR00691	2493	1894	γ-글루타민 포스페이트 리덕타제 (GRP) (EC 1.2.1.41)
297	298	RXA02382	GR00720	11883	12692	프롤린-5-키로복셀라이트 리덕타제 (EC 1.5.1.2)
299	300	RXA02499				아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
301	302	RXS02157				오르니틴 시클로데아미나제 (EC 4.3.1.12)
303	304	RXS02262				아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
305	306	F RXA01009	GR00287	4714	5943	아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)

표 1-6

포폴린 분해 효소:

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	클로닝	NT 개시	NT 정지	기능
307	308	RXN00023	VV0127	66158	64703	포폴린 디하드로게나제 (EC 1.5.99.8)/6-1-피르롤린-5-카르복실레이트 디하드로게나제 (EC 1.5.1.12)
309	310	F RXA00023	GR00003	2	454	포폴린 디하드로게나제 (EC 1.5.99.8)/6-1-피르롤린-5-카르복실레이트 디하드로게나제 (EC 1.5.1.12)
311	312	F RXA02284	GR00660	3028	5	포폴린 디하드로게나제 (EC 1.5.99.8)/6-1-피르롤린-5-카르복실레이트 디하드로게나제 (EC 1.5.1.12)
313	314	RXC02498				포폴린 데사에 관여하는 단백질

3-히드록시-포폴린 합성

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	클로닝	NT 개시	NT 정지	기능
315	316	RXA01491	GR00423	5337	4687	L-포폴린 3-히드록실리제를 위한 DNA, 완전 CDS

오르니틴, 아르키닌 및 스페르미딘 대사 효소:

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	클로닝	NT 개시	NT 정지	기능
317	318	RXA02155	GR00640	1913	3076	글루타메이트 N-아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.35)/아미노산 아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.1)
319	320	RXA02156	GR00640	3125	4075	아세틸글루타메이트 키나제 (EC 2.7.2.8)
321	322	RXN02153	VV0122	14106	13327	N-아세틸-L-글루탐일-포스페이트 리덕타제 (EC 1.2.1.38)
323	324	F RXA02153	GR00640	757	1536	N-아세틸글루타메이트-5-세미알데하이드 디하드로게나제
325	326	RXA02154	GR00640	1536	1826	N-아세틸글루타메이트-5-세미알데하이드 디하드로게나제
327	328	RXA02157	GR00640	4079	5251	아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
329	330	RXS02970				아세틸오르니틴 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
331	332	F RXA01009	GR00287	4714	5643	오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.11)
333	334	RXA02158	GR00640	5268	6224	오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제 (EC 2.1.3.3)
335	336	RXA02160	GR00640	6814	8116	아르키닌트랜스퍼라제 (EC 6.3.4.5)
337	338	RXN02162	VV0122	6863	5233	아르키닌트랜스퍼라제 (EC 4.3.2.1)
339	340	F RXA02161	GR00640	8180	8962	아르키닌트랜스퍼라제 (EC 4.3.2.1)
341	342	F RXA02162	GR00640	8949	9611	아르키닌트랜스퍼라제 (EC 4.3.2.1)
343	344	RXA00219	GR00654	32291	33436	오르니틴 시클로이미나제 (EC 4.3.1.12)
345	346	RXA00219	GR00032	19289	20230	스페르미딘 시타제 (EC 2.5.1.16)
347	348	RXA01508	GR00424	12652	14190	스페르미딘 시타제 (EC 2.5.1.16)
349	350	RXA01757	GR00498	2942	2142	아르키닌 히드록시메틸트랜스퍼라제 (EC 1.4.3.10)
351	352	RXA02159	GR00640	6231	6743	N-아세틸-L-글루탐일-포스페이트 리덕타제 (EC 1.2.1.38)
353	354	RXN02154				카르바모일-L-글루탐일-포스페이트 리덕타제 (EC 6.3.5.5)
355	356	RXS00147				N-아세틸-L-아미노산 아미도히드롤라제 (EC 3.5.1.14)
357	358	RXS00905				N-아세틸-L-아미노산 아미도히드롤라제 (EC 3.5.1.14)
359	360	RXS00906				N-아세틸-L-아미노산 아미도히드롤라제 (EC 3.5.1.14)

예산	사명	아미노산	사명	확인	코드	분류	NT	개시	NT	종지	기능
361		362		RX	SO0907						N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
363		364		RX	SO2001						N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
365		366		RX	SO2101						N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
367		368		RX	SO2234						카르바모일-포스페이트 신타제 (EC 6.3.5.5)
369		370		F	RXA02234						카르바모일-포스페이트 신타제 (EC 6.3.5.5)
371		372		RX	SO2565						N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
373		374		RX	SO2937						N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)

예산	사명	아미노산	사명	확인	코드	분류	NT	개시	NT	종지	기능
375		376		RXA	02194						ATP 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.17)
377		378		RXA	02195						포스포리보실-ATP 피로포스포하이드롤라제 (EC 3.6.1.31)
379		380		RXA	01097						포스포리보실-AMP 시클로하이드롤라제 (EC 3.5.4.19)
381		382		RXA	01100						포스포리보실 포름아이드-5-아미노아미다할 카르복시아미드 리보티드 이소머라제 (EC 5.3.1.16)
383		384		RXA	01101						아미도트랜스퍼라제 HSH (EC 2.4.2.-)
385		386		RX	N01657						아미도트랜스퍼라제 HSH (EC 2.4.2.-)
387		388		F	RXA01657						아미도트랜스퍼라제 HSH (EC 2.4.2.-)
389		390		RXA	01098						HSP 단백질
391		392		RX	N01104						이미다졸글리세롤-포스페이트 다하드라타제 (EC 4.2.1.19)
393		394		F	RXA01104						이미다졸글리세롤-포스페이트 다하드라타제 (EC 4.2.1.19)/

395		396		RX	N00446						아미도트랜스퍼라제 (EC 3.1.3.15)
397		398		F	RXA00446						아미도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
399		400		RXA	01105						아미도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
401		402		RXA	01106						아미도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
403		404		RX	CO0930						아미도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
405		406		RX	CO1086						아미도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
407		408		RX	CO1636						아미도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
409		410		RX	CO1158						아미도트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)

예산	사명	아미노산	사명	확인	코드	분류	NT	개시	NT	종지	기능
411		412		RXA	02458						3-포스포스하키메이트 1-카르복시비닐트랜스퍼라제 (EC 2.5.1.19)
413		414		GR	00712						4-아미노-4-데옥시프라스메이트 리아제 (EC 4.-.-.-)
415		416		RX	N00954						안트라닐레이트 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.18)
417		418		F	RXA00954						안트라닐레이트 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.18)
419		420		RX	N00957						안트라닐레이트 신타제 (EC 4.1.3.27)
421		422		F	RXA00957						안트라닐레이트 신타제 (EC 4.1.3.27)

표 1-9

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 종지	기능
423	424	RXA02687	GR00754	11306	12250	조리스메이트 유사체 (EC 5.4.99.5)/프레페네이트 디하이드라타제 (EC 4.2.1.51)
425	426	RXN01698	VV0134	11507	12736	조리스메이트 신타제 (EC 4.6.1.4)
427	428	F RXA01698	GR00477	2	991	조리스메이트 신타제 (EC 4.6.1.4)
429	430	RXA01095	GR00306	3603	2821	인톨-3-글리세롤 포스페이트 신타제 (EC 4.1.1.48)
431	432	RXA00955	GR00263	586	2007	인톨-3-글리세롤 포스페이트 신타제 (EC 4.1.1.48)/ N-(6'-포스포리보실)안트라닐레이트 이소머라제 (EC 5.3.1.24)
433	434	RXA02814	GR00795	598	128	이소조리스메이트 유사체
435	436	RXA00229	GR00033	1715	936	식카메이트 5-디하이드로게나제 (EC 1.1.1.25)
437	438	RXA02093	GR00629	12444	13247	식카메이트 5-디하이드로게나제 (EC 1.1.1.25)
439	440	RXA02791	GR00777	6968	7795	식카메이트 5-디하이드로게나제 (EC 1.1.1.25)
441	442	RXA01699	GR00477	984	1553	식카메이트 키나제 (EC 2.7.1.71)
443	444	RXA00952	GR00262	97	936	트립토판 신타제 α 섹 (EC 4.2.1.20)
445	446	RXN00956	VV0247	1140	4	트립토판 신타제 β 섹 (EC 4.2.1.20)
447	448	F RXA00956	GR00263	2027	3157	트립토판 신타제 β 섹 (EC 4.2.1.20)
449	450	RXA00064	GR00010	2499	3776	티로신 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.5)
451	452	RXN00448	VV0112	33959	32940	프레페네이트 디하이드로게나제 (EC 1.3.1.12)
453	454	F RXA00448	GR00109	3	668	프레페네이트 디하이드로게나제 (EC 1.3.1.12)
455	456	F RXA00452	GR00110	854	1099	프레페네이트 디하이드로게나제 (EC 1.3.1.12)
457	458	RXA00564	GR00156	11384	10260	포스포-2-디하이드로-3-데옥시헥사메이트 알돌라제 (EC 4.1.2.15)
459	460	RXA00579	GR00156	5946	4087	피라-아미노벤조에이트 신타제 알부민 아미노트랜스퍼라제
461	462	RXA00958	GR00264	1130	1753	알부민 II (EC 4.1.3.-)/안트라닐레이트 신타제 알부민 II (EC 4.1.3.27)
463	464	RXN03007	VV0208	3410	3778	안트라닐레이트 신타제 알부민 II (EC 4.1.3.27)
465	466	RXN02918	VV0086	25447	25887	트립토판 신타제 β 섹 (EC 4.2.1.20)
467	468	RXN01116	VV0182	7497	6886	3-옥소아디페이트 CoA-트랜스퍼라제 서브유닛 B (EC 2.8.3.6)
469	470	RXN01115	VV0182	10347	11099	3-옥소아디페이트 에놀-락톤 하이드롤라제 (EC 3.1.1.24)/ 4-카르복시무코놀락톤
471	472	RXS00116				아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
473	474	F RXA00116	GR00018	510	4	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
475	476	RXS00391				O-숙시닐벤조산-CoA 리가제 (EC 6.2.1.26)
477	478	RXS00393	GR00086	4030	4911	1,4-디하이드록시-2-나프톨레이트 옥타프렌 톨렌스퍼라제 (EC 2.5.-.-)
479	480	F RXA00393				1,4-디하이드록시-2-나프톨레이트 옥타프렌 톨렌스퍼라제 (EC 2.5.-.-)
481	482	RXS00446				하스티다닐-포스페이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
483	484	F RXA00446	GR00108	4	525	하스티다닐-포스페이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
485	486	RXS00618				아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
487	488	F RXA00618	GR00163	213	746	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
489	490	F RXA00627	GR00164	854	1138	아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
491	492	RXS01105				하스티다닐-포스페이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.9)
493	494	RXS02315				2-숙시닐-6-하이드록시-2,4-시클로헥세디엔-1-카르복실레이트 신타제/ 2-옥소글루타레이트 데카트복콜라제 (EC 4.1.1.71)
495	496	RXS02550				아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
497	498	RXS02319				나프토크세인 신타제 (EC 4.1.3.36)
499	500	RXS02908				O-숙시닐벤조산-CoA 리가제 (EC 6.2.1.26)
501	502	RXS03003				아스파르테이트 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.1)
503	504	RXS03026				3-데하이드로퀴네이트 디하이드라타제 (EC 4.2.1.10)

예산 시열	아미노산 시열	확인 코드	군타그	NT 개시	NT 정지	기능
505	506	RXS03074				S-아미노실메티오닌-2-데메틸메나퀸은 메틸트립토파라제 (EC 2.1.-.-) 방향족 아미노산 및 리보플라빈 대사에 관여하는 막 스페닝 단백질
507	508	RXC01434				막 스페닝 단백질
509	510	RXC02080				방향족 아미노산 및 리보플라빈 대사에 관여하는 막 스페닝 단백질
511	512	RXC02789				방향족 아미노산 대사에 관여하는 세포질 단백질
513	514	RXC02295				방향족 아미노산 대사에 관여하는 막 스페닝 단백질

예산 시열	아미노산 시열	확인 코드	군타그	NT 개시	NT 정지	기능
515	516	RXN03063	VV0035	666	1697	4-아미노부티레이트 아미노트립토파라제 (EC 2.6.1.19)
517	518	RXN02970	VV0021	4714	6081	아세틸콜린 아민 아미노트립토파라제 (EC 2.6.1.11)
519	520	F RXA01009	GR00287	4714	5943	아세틸콜린 아민 아미노트립토파라제 (EC 2.6.1.11)

아미노부티레이트 대사

비타민, 비타민-유사 물질(보조인자), 영양제

예산 시열	아미노산 시열	확인 코드	군타그	NT 개시	NT 정지	기능
521	522	RXA01551	GR00431	2945	4819	티아민 생합성 단백질 THIC
523	524	RXA01019	GR00291	6	995	티아민-오도포스페이트 키나제 (EC 2.7.A.16)
525	526	RXA01352	GR00383	609	4	티아민-오도페이트 피토포스포릴라제 (EC 2.5.1.3)
527	528	RXA01361	GR00403	3206	2286	THIF 단백질
529	530	RXA01360	GR00394	162	4	THIG 단백질
531	532	RXA01361	GR00394	983	378	THIG 단백질
533	534	RXA01208	GR00348	229	1032	하드록시메틸티아졸 키나제 (EC 2.7.1.50)
535	536	RXA00838	GR00227	1532	633	APBA 단백질
537	538	RXA02400	GR00699	1988	2557	티아민 생합성 단백질 X
539	540	RXN01209	VV0270	1019	2446	포스포메틸티아민 키나제 (EC 2.7.4.7)
541	542	F RXA01209	GR00348	1019	2446	포스포메틸티아민 키나제 (EC 2.7.4.7)
543	544	RXN01413	VV0050	27306	27905	포스포메틸티아민 키나제 (EC 2.7.4.7)
545	546	RXN01617	VV0050	22187	22858	포스포메틸티아민 키나제 (EC 2.7.4.7)
547	548	F RXA01617	GR00451	2	616	티아민 키나제 (EC 2.7.1.35)
549	550	RXS01807				당 및 티아민 대사에 관여하는 세포질 키나제
551	552	RXC01021				당 및 티아민 대사에 관여하는 세포질 키나제

표 1-10

리보플라빈 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 종지	기능
553	554	RXM02246	VV0130	4388	5371	디아미노페드록시포스포리보실아미노피리미딘 데아미나제 (EC 3.5.4.26)/5-아미노-6-(5-포스포리보실아미노)우라실 리데타제 (EC 1.1.1.133)
555	556	F RXA02246	GR00654	14299	15282	리BG 단백질 리보플라빈 특이성 데아미나제 (EC 3.5.4.-)
557	558	RXM02247	GR00654	15286	15918	리보플라빈 신타제 α 체 (EC 2.5.1.9)
559	560	RXM02248	VV0130	6021	7286	GTP 시클로하이드롤라제 II (EC 3.5.4.25)/3,4-디하록시-2-부탄온 4-포스페이트 신타제
561	562	F RXA02248	GR00654	15932	17197	리BX 단백질-GTP 시클로하이드롤라제 II (EC 3.5.4.25)
563	564	RXM02249	VV0130	7301	7777	6,7-디메틸-8-리밀푸마진 신타제 (EC 2.5.1.9)
565	566	F RXA02249	GR00654	17212	17688	리BH 단백질-6,7-디메틸-8-리비밀푸마진 신타제 (dmr1 신타제, 푸마진 신타제, 리보플라빈 신타제 β 체 (EC 2.5.1.9)
567	568	RXA02250	GR00654	17778	18356	리BX 단백질
569	570	RXA01489	GR00423	3410	2388	리보플라빈 키나제 (EC 2.7.1.26)/FMN 아데닐릴 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.2)
571	572	RXA02135	GR00639	2809	1736	니코티네이트-뉴클레오타이드-디메틸메조이마다홍
573	574	RXA01489	GR00423	3410	2388	포스포리보실 트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.21)
575	576	RXM01712	VV0191	8993	8298	리보플라빈-특이성 데아미나제 (EC 3.5.4.-)
577	578	F RXA01712	GR00484	2662	2152	리보플라빈-특이성 데아미나제 (EC 3.5.4.-)
579	580	RXM02384	VV0213	1386	679	α-리비질-5'-포스페이트 포스포라제 (EC 3.1.3.-)
581	582	RXM01560	VV0319	767	438	리보플라빈-특이성 데아미나제 (EC 3.5.4.-)
583	584	RXM00667	VV0109	1353	350	DRAP 데아미나제
585	586	RXC01711				리보플라빈 대사에 관여하는 막 스페닝 단백질
587	588	RXC02380				뉴클레오타이드 트랜스퍼라제라고 예측됨
589	590	F RXA02380				리보플라빈 및 지질 대사에 관여하는
591	592	RXC02921	GR00691	709	56	세포질 단백질
593	594	RXC01434				방향족 아미노산 및 리보플라빈 대사에 관여하는 막 스페닝 단백질

비타민 B6 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 종지	기능
595	596	RXA01807	GR00509	7868	7077	피리독신 키나제 (EC 2.7.1.35), 피리독살/피리독신/피리독사이민 키나제

니코티네이트(니코틴산), 니코틴아미드, NAD 및 NADP

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	콘타그	NT 개시	NT 정지	기능
597	598	RXN02754	VV0084	22564	23901	니코티네이트 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.11)
599	600	F RXA02405	GR00701	774	4	니코티네이트 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.11)
601	602	F RXA02754	GR00766	3	488	니코티네이트 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.11)
603	604	RXA02112	GR00632	5600	6436	니코티네이트-뉴클레오타이드 피로포스포릴라제 (가트복합화) (EC 2.4.2.19)
605	606	RXA02111	GR00632	4310	5593	퀴놀리네이트 신태라제 A

NAD 생합성

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	콘타그	NT 개시	NT 정지	기능
607	608	RXA01073	GR00300	1274	2104	NH(3)-리주신 NAD(+) 신태라제 (EC 6.3.5.1)
609	610	RXN02754	VV0084	22564	23901	니코티네이트 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.11)

판토텐네이트 및 보조효소 A (CoA) 생합성

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	콘타그	NT 개시	NT 정지	기능
611	612	RXA02299	GR00662	10452	10859	아스파르트레이트 1-데카르복실라제 전구체 (EC 4.1.1.11)
613	614	RXA01928	GR00555	1957	1121	판토텐네이트-B-알라닌 리가제 (EC 6.3.2.1)
615	616	RXN01929	VV0127	47590	48402	3-메틸-2-옥소부타노에이트 하이드록시메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.2.11)
617	618	F RXA01929	GR00555	2766	1960	3-메틸-2-옥소부타노에이트 하이드록시메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.2.11)
619	620	RXA01521	GR00424	25167	25964	판토텐네이트-B-알라닌 리가제 (EC 6.3.2.1)
621	622	RXS01145	GR00321	1075	1530	케룰산 리덕토아스머라제 (EC 1.1.1.86)
623	624	F RXA01145	GR00654	5784	7049	DNA/판토텐네이트 대사 플라보단백질
625	626	RXA02239	GR00156	7572	8540	판토텐네이트 키나제 (EC 2.7.1.33)
627	628	RXA00681				2-디하이드로판토텐네이트 2-리덕타제 (EC 1.1.1.169)
629	630	RX S00838				S-아데노실메티온인, 푸린 및 판토텐네이트 대사에 관여하는 단백질
631	632	RXC02238				

비오틴 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	콘타그	NT 개시	NT 정지	기능
633	634	RXN03058	VV0028	8272	8754	비오틴 합성 단백질 BIOC

해산 시월	이미노산 시월	확인 코드	코타그	NT 개시	NT 정지	기능
635	636	F RXA02903	GR10040	11532	12014	비오턴 합성 단백질 BIOC
637	638	RXA00166	GR00025	3650	4309	비오턴 합성 단백질 BIOC
639	640	RXA00633	GR00166	3556	2286	이데노셀메타오닌-8-아미노-7-옥소노노노에이트 이미노트렌스퍼라제 (EC 2.6.1.62)
641	642	RXA00632	GR00166	2281	1610	데티오비오턴 신태타제 (EC 6.3.3.3)
643	644	RXA00295	GR00047	3407	4408	비오턴 신태타제 (EC 2.8.1.6)
645	646	RXA00223	GR00032	23967	22879	NIFS 단백질
647	648	RXN00262	VV0123	16681	15608	NIFS 단백질
649	650	F RXA00262	GR00040	79	897	NIFS 단백질
651	652	RXN00435	VV0112	10037	11209	NIFS 단백질
653	654	F RXA00435	GR00100	3563	2949	NIFS 단백질
655	656	F RXA02801	GR00782	438	4	NIFS 단백질
657	658	RXA02516	GR00723	1724	2986	NIFS 단백질
659	660	RXA02517	GR00723	2989	3435	NIFS 단백질

리포산

해산 시월	이미노산 시월	확인 코드	코타그	NT 개시	NT 정지	기능
661	662	RXA01747	GR00495	2506	3549	리포산 시타타제
663	664	RXA01746	GR00495	1614	2366	리포에이트-단백질 리가제 B (EC 6.-.-.-)
665	666	RXA02106	GR00532	472	1527	리포에이트-단백질 리가제 A (EC 6.-.-.-)
667	668	RXS01183				2-옥소글루타메이트 디하드로게나제 복합체 중 디하드로글리코아이드 수시닐트랜스퍼라제 성분 (E2) (EC 2.3.1.61)
669	670	RXS01260				분지쇄 α-케토산 디하드로게나제 복합체 중 분지쇄 α-케토산 디하드로게나제 성분 (E3) (EC 1.8.1.4)
671	672	RXS01261				리포아이드 디하드로게나제 성분 (E3) (EC 1.8.1.4)

폴레이트 대사

해산 시월	이미노산 시월	확인 코드	코타그	NT 개시	NT 정지	기능
673	674	RXA02717	GR00758	18281	17400	5,10-메틸렌테트라하드로폴레이트 리덕타제 (EC 1.7.99.5)
675	676	RXN02027	VV0296	503	1003	5-포르밀테트라하드로폴레이트 시클로-리가제 (EC 6.3.3.2)
677	678	F RXA02027	GR00616	500	6	5-포르밀테트라하드로폴레이트 시클로-리가제 (EC 6.3.3.2)
679	680	RXA00106	GR00014	17469	17924	디하드로폴레이트 리덕타제 (EC 1.5.1.3)
681	682	RXN01321	VV0082	8668	9788	포르밀테트라하드로폴레이트 데포르밀라제 (EC 3.5.1.10)
683	684	F RXA01321	GR00384	23	559	포르밀테트라하드로폴레이트 데포르밀라제 (EC 3.5.1.10)
685	686	RXA00461	GR00116	428	1279	메틸렌테트라하드로폴레이트 디하드로게나제 (EC 1.5.1.5)/ 메틸렌테트라하드로폴레이트 시클로하드로폴라제 (EC 3.5.4.9)
687	688	RXA01514	GR00424	20922	21509	GTP 시클로하드로폴라제 I (EC 3.5.4.16)
689	690	RXA01516	GR00424	22360	22749	디하드로네오폐타린 알돌라제 (EC 4.1.2.25)

핵심 시열	아비노산 시열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
691	692	RXA01515	GR00424	21513	22364	디하드프로테오메이트 신호체 (BC 2.5.1.15)
693	694	RXA02024	GR00613	4026	4784	디하드프로테오메이트 신호체 (BC 2.5.1.15)
695	696	RXA00106	GR00014	17469	17924	디하드프로테오메이트 리터체 (BC 1.5.1.3)
697	698	RXA00989	GR00280	2903	1371	콜리콜리글루터메이트 신호체 (BC 6.3.2.17)
699	700	RXA01517	GR00424	22752	23228	2-아미노-4-히드록시-6-히드록시메틸디하드프로테리딘 피로포스포키나제 (BC 2.7.6.3)
701	702	RXA00579	GR00156	5946	4087	파라-아미노벤조메이트 신호체 성분 I (BC 4.1.3.-)
703	704	RXA00958	GR00264	1130	1753	파라-아미노벤조메이트 신호체 글루터민 아미노트랜스퍼라제 성분 II (BC 4.1.3.-)/인트라닐레이드 신호체 성분 II (BC 4.1.3.27)
705	706	RXA02790	GR00777	5806	6948	4-아미노-4-데옥시코리스메이트 리아제 (BC 4.-.-.-)
707	708	RXA00106	GR00014	17469	17924	디하드프로테오메이트 리터체 (BC 1.5.1.3)
709	710	RXN02198	VV0302	9228	11726	5-메틸테트라하드로폴레이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.13)
711	712	F RXA02198	GR00646	2483	6	5-메틸테트라하드로폴레이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.13)
713	714	RXN02085	VV0126	8483	10717	5-메틸테트라하드로프로테로일트리글루터메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제
715	716	F RXA02085	GR00629	3496	5295	5-메틸테트라하드로프로테로일트리글루터메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
717	718	F RXA02086	GR00629	5252	5731	5-메틸테트라하드로프로테로일트리글루터메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
719	720	RXN02648				5-메틸테트라하드로프로테로일트리글루터메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
721	722	F RXA02648	GR00751	5254	4730	5-메틸테트라하드로프로테로일트리글루터메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
723	724	F RXA02658	GR00752	14764	15447	5-메틸테트라하드로프로테로일트리글루터메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
725	726	RXS02197				5-메틸테트라하드로폴레이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.13)
727	728	RXC00968				폴레이드 대사에 관여하는 단백질
729	730	RXC01518				폴레이드 대사에 관여하는 막 수백 단백질
731	732	RXC01942				폴레이드 대사에 관여하는 ATP 결합 단백질

폴리브도프테린 대사

핵산 시열	아비노산 시열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
733	734	RXN02802	VV0112	17369	16299	폴리브도프테린 생합성 MOBB 단백질
735	736	F RXA02802	GR00783	7	4174	폴리브도프테린 생합성 MOBB 단백질
737	738	F RXA00438	GR00103	362	796	폴리브도프테린 생합성 MOBB 단백질
739	740	RXN00437	VV0112	17824	17369	폴리브도프테린 (NPT) 전환 인자, 서브유닛 2
741	742	F RXA00437	GR00103	3	362	폴리브도프테린 (NPT) 전환 인자, 서브유닛 2
743	744	RXN00439	VV0112	18742	18275	폴리브도프테린 모조인자 합성 단백질
745	746	F RXA00439	GR00104	2	196	폴리브도프테린 모조인자 합성 단백질
747	748	F RXA00442	GR00105	830	1087	폴리브도프테린 모조인자 합성 단백질

표 1-14

해산 서열	아미노산 서열	확인 코드	클루그	NT 개시	NT 종지	기능
749	750	RXA00440	GR00104	196	654	물리브레는 보조인자 생합성 단백질 CB
751	752	RXN00441	VV0112	19942	18779	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질
753	754	F RXA00441	GR00105	2	793	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질
755	756	RXN02085				5-메틸테트라하이드로포테로일트립토판-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
757	758	F RXA02085	GR00629	3496	5295	5-메틸테트라하이드로포테로일트립토판-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
759	760	F RXA02086	GR00629	5252	5731	5-메틸테트라하이드로포테로일트립토판-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
761	762	RXN02648				5-메틸테트라하이드로포테로일트립토판-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
763	764	F RXA02648	GR00751	5254	4730	5-메틸테트라하이드로포테로일트립토판-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
765	766	F RXA02658	GR00752	14764	15447	5-메틸테트라하이드로포테로일트립토판-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.14)
767	768	RXA01516	GR00424	22360	22749	디하드로네오프테린 알돌라제 (EC 4.1.2.25)
769	770	RXA01515	GR00424	21513	22364	디하드로네오프테린 알돌라제 (EC 4.1.2.25)
771	772	RXA02024	GR00613	4026	4784	디하드로네오프테린 알돌라제 (EC 2.5.1.15)
773	774	RXA01719	GR00488	1284	704	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
775	776	RXA01720	GR00488	2476	1268	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
777	778	RXS02223				물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
779	780	F RXA01970	GR00568	2	1207	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
781	782	RXA02629	GR00748	1274	690	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
783	784	RXA02318	GR00655	9684	9962	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
785	786	RXA01517	GR00424	22752	23228	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
787	788	RXN01304	VV0148	4449	4934	물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
789	790	RXS02556				물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A
791	792	RXS02560				물리브레 단백질 보조인자 합성 단백질 A

비타민 B12, 포르피린 및 헴 대사

해산 서열	아미노산 서열	확인 코드	클루그	NT 개시	NT 종지	기능
793	794	RXA00382	GR00082	2752	1451	글루타메이트-1-세미알데하이드 2,1-아미노무라제 (EC 5.4.3.8)
795	796	RXA00156	GR00023	10509	9400	페로글루타메이트 (EC 4.9.1.1)
797	798	RXA00624	GR00163	7910	8596	페로글루타메이트 (EC 4.9.1.1)
799	800	RXA00306	GR00051	2206	1274	HBMK 단백질
801	802	RXA00884	GR00242	10137	11276	시스-독립성 코프로포르피리노겐 III 합성효소 (EC 1.1.1.17)
803	804	RXA02593	VV00077	22456	22854	코프로포르피리노겐 데하이드라제 (EC 4.3.1.8)
805	806	F RXA02593	GR00070	16906	17340	코프로포르피리노겐 데하이드라제 (EC 4.3.1.8)
807	808	RXA00317	GR00081	1427	306	코프로포르피리노겐 데하이드라제 (EC 4.3.1.8)
809	810	RXA02904	VV00077	22805	23362	코프로포르피리노겐 데하이드라제 (EC 4.3.1.8)
811	812	F RXA02504	GR00070	17319	17816	코프로포르피리노겐 데하이드라제 (EC 4.3.1.8)

표 1-15

표 1-16

예산 사업	아이노산 사업	확인 코드	군타그	NT 개시	NT 정지	기능
813	814	RXN01162	VV0088	1849	524	포레코로린-6Y 메틸라제 (BC 2.1.1.-)
815	816	F RXA01162	GR00330	1248	4	포레코로린-6Y 메틸라제 (BC 2.1.1.-)
817	818	RXA01692	GR00474	1498	749	우로코로린-III C-메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.107)
819	820	RXN00371	VV0226	4180	5973	우로코로린-III C-메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.107)/
821	822	F RXA00371	GR00078	929	6	우로코로린-III C-메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.107)/
823	824	F RXA00374	GR00079	1102	371	우로코로린-III C-메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.107)/
825	826	RXN00383	VV0223	4206	2863	프로토포테리노겐-III C-인타제 (BC 4.2.1.75)
827	828	F RXA00376	GR00081	287	6	프로토포테리노겐-III C-인타제 (BC 1.3.3.4)
829	830	F RXA00383	GR00082	3876	2863	프로토포테리노겐-III C-인타제 (BC 1.3.3.4)
831	832	RXA01253	GR00365	2536	1787	코비로산 인타제
833	834	RXA02134	GR00639	1721	801	코비로산 인타제 (5'-포스베이트) 인타제
835	836	RXA02135	GR00639	2809	1736	니코티나이트-뉴클레오타이드-디메틸벤조이미다졸
837	838	RXA02136	GR00639	3362	2841	포스포리보실트랜스퍼라제 (BC 2.4.2.21)
839	840	RXN03114	VV0088	1	552	코빈아이드 키나제/코빈아이드 포스페이트 구아닐릴트랜스퍼라제
841	842	RXN01810	VV0082	1739	663	COBG-단백질 (BC 1.-.-)
843	844	RXS03205				헤민-결합 세포질 주변 단백질 HMUT 전구체
845	846	F RXA00306				HENMK 단백질
847	848	RXC07175				포르피린 대사에 관여하는 세포질 단백질

예산 사업	아이노산 사업	확인 코드	군타그	NT 개시	NT 정지	기능
849	850	RXN00420	VV0112	2511	1048	L-글루노락톤 옥시다제 (BC 1.1.3.8)
851	852	GR00096	GR00096	2	541	L-글루노락톤 옥시다제 (BC 1.1.3.8)
853	854	F RXA00426	VV00097	1737	2258	L-글루노락톤 옥시다제 (BC 1.1.3.8)
855	856	RXN00708	GR00185	4678	3872	2,5-디케토-D-글루코산 리덕타제 (BC 1.1.1.-)
857	858	F RXA00708	GR00185	2030	1359	2,5-디케토-D-글루코산 리덕타제 (BC 1.1.1.-)
859	860	RXA02373	GR00688	1540	626	2,5-디케토-D-글루코산 리덕타제 (BC 1.1.1.-)
861	862	RXS00389				옥스글루타미트 세미알라하이드 디하이드로게나제 (BC 1.2.1.-)
863	864	RXS00419				아세로아세틸-CoA 리덕타제 (BC 1.1.1.36)
865	866	RXC00416				비타민 C 전구체 대사에 관여하는 막 소매성 단백질
867	868	RXC02206				비타민 C 전구체 대사에 관여하는 옥시도리덕타제

예산 사업	아이노산 사업	확인 코드	군타그	NT 개시	NT 정지	기능
869	870	RXS03074				S-아데노실메티오닌-2-데메틸메타페논 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.-)

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
871	872	F RXA02906	GR10044	1142	645	S-아데노실메티오닌-2-데메틸메타나류는 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.-)
873	874	RXA02315	GR00665	8011	6383	2-숙시닐-6-8-디옥시-2,4-시클로헥사디엔-1-카르복실레이트 신터제/2-옥소클루타레이트 데카르복실라제 (EC 4.1.1.71)
875	876	RXA02319	GR00665	9977	10933	나프토에이트 신터제 (EC 4.1.3.36)
877	878	RXS00393	GR00086	4030	4911	1,4-디하이드록시-2-나프토에이트 옥타프레닐트랜스퍼라제 (EC 2.5.-.-)
879	880	F RXA00393	GR00086	2031	2750	1,4-디하이드록시-2-나프토에이트 옥타프레닐트랜스퍼라제 (EC 2.5.-.-)
881	882	RXA00391				O-숙시닐벤조산-CoA 리가제 (EC 6.2.1.26)
883	884	RXS02908				O-숙시닐벤조산-CoA 리가제 (EC 6.2.1.26)

우비퀴논 생합성

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
885	886	RXA00997	GR00283	2389	1808	3-데메틸우비퀴논-9,3-메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.64)
887	888	RXA02189	GR00642	966	249	3-데메틸우비퀴논-9,3-메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.64)
889	890	RXA02311	GR00665	3073	2384	3-데메틸우비퀴논-9,3-메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.64)
891	892	RXM02912	VV0135	13299	12547	우비퀴논/메나퀴논 생합성 메틸트랜스퍼라제 UBIIE (EC 2.1.1.-)
893	894	RXS00998				COMA 오페론 단백질 2

퓨린 및 피리미딘 및 기타 뉴클레오타이드

퓨린 및 피리미딘 생합성 경로의 조절

퓨린 대사
퓨린 생합성

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
895	896	RXA01215	GR00352	1187	213	리보스-포스페이트 피로포스포키나제, PRPP 시트라제 (EC 2.7.6.1)
897	898	RXM00558	VV0103	8235	9581	아미도포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.14)
899	900	F RXA00558	GR00148	61	501	아미도포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.14)
901	902	RXM00626	VV0135	11624	10362	포스포리보실아민-글리신 리가제 (EC 6.3.4.13)
903	904	F RXA00629	GR00165	1450	1713	포스포리보실아민-글리신 리가제 (EC 6.3.4.13)
905	906	F RXA00626	GR00164	1	780	포스포리보실아민-글리신 리가제, GARS (EC 6.3.4.13)
907	908	RXA02623	GR00746	4875	4285	포스포리보실아민-글리신아미드 시클로-리가제 (EC 6.3.4.13)/ 포스포리보실아민-글리신아미드 포르밀트랜스퍼라제 (EC 2.1.2.2)
909	910	RXA01442	GR00418	10277	9054	포스포리보실아민-글리신아미드 포르밀트랜스퍼라제 2 (EC 2.1.2.-)

표 1-17

표 1-18

예산 서열	아미노산 서열	확인 코드	클터그	NT 개시	NT 종지	기능
911	912	RXN00537	VV0103	3351	5636	포스포리보실포로말글리신아미딘 인터제 (EC 6.3.5.3)
913	914	F RXA02805	GR00786	54	638	포스포리보실포로말글리신아미딘 인터제 (EC 6.3.5.3)
915	916	F RXA00537	GR00138	23	697	포스포리보실포로말글리신아미딘 인터제 (EC 6.3.5.3)
917	918	F RXA00561	GR00150	2	280	포스포리보실포로말글리신아미딘 인터제 (EC 6.3.5.3)
919	920	RXA00541	GR00139	2269	2937	포스포리보실포로말글리신아미딘 인터제 (EC 6.3.5.3)
921	922	RXA00620	GR00163	3049	3939	포스포리보실아미도아미다를-숙사노카르복시아미드 인터제 (EC 6.3.2.6)
923	924	RXN00770	VV0103	9614	10783	포스포리보실포로말글리신아미딘 시클로-리가제 (EC 6.3.3.1)
925	926	F RXA00557	GR00147	15	818	포스포리보실포로말글리신아미딘 시클로-리가제 (EC 6.3.3.1)
927	928	F RXA00770	GR00204	7809	7495	포스포리보실포로말글리신아미딘 시클로-리가제 (EC 6.3.3.1)
929	930	RXN02345	VV0078	4788	5984	포스포리보실아미노아미다를 카르복실라제 ATPase 서브유닛 (EC 4.1.1.21)
931	932	F RXA02345	GR00676	1534	725	포스포리보실아미노아미다를 카르복실라제 ATPase 서브유닛 (EC 4.1.1.21)
933	934	RXN02350	VV0078	8369	8863	포스포리보실아미노아미다를 카르복실라제 촉매 서브유닛 (EC 4.1.1.21)
935	936	F RXA02346	GR00677	127	5	포스포리보실아미노아미다를 카르복실라제 촉매 서브유닛 (EC 4.1.1.21)
937	938	F RXA02350	GR00678	1120	911	포스포리보실아미노아미다를 카르복실라제 촉매 서브유닛 (EC 4.1.1.21)
939	940	RXA01087	GR00304	498	1373	포스포리보실아미노아미다를 카르복실라제 (EC 4.1.1.21)
941	942	RXA00619	GR00163	793	2220	아데닐로숙시네이트 리아제 (EC 4.3.2.2)
943	944	RXA02622	GR00746	4274	2715	포스포리보실아미노아미다를카르복시아미드 포로말트웍스퍼라제 (EC 2.1.2.3)/IMP 시클로하이드롤라제 (EC 3.5.4.10)
이노신-5'-모노포스페이트 (IMP)로부터의 GMP, GDP, AMP 및 ADP 합성						
예산 서열	아미노산 서열	확인 코드	클터그	NT 개시	NT 종지	기능
945	946	RXN00488	VV0086	1966	20583	이노신-5'-모노포스페이트 디하이드로게나제 (EC 1.1.1.205)
947	948	F RXA00492	GR00122	1171	1644	이노신-5'-모노포스페이트 디하이드로게나제 (EC 1.1.1.205)
949	950	F RXA00488	GR00121	1	534	이노신-5'-모노포스페이트 디하이드로게나제 (EC 1.1.1.205)
951	952	RXA02469	GR00715	1927	497	이노신-5'-모노포스페이트 디하이드로게나제 (EC 1.1.1.205)
953	954	RXN00487	VV0086	23734	25302	GMP 인터제 [클루터린 가수분해] (EC 6.3.5.2)
955	956	F RXA00487	GR00120	712	2097	GMP 인터제 (EC 6.3.4.1)
957	958	RXA02237	GR00654	4577	5146	구아닐레이트 키나제 (EC 2.7.4.8)
959	960	RXA01446	GR00418	17765	16476	아데닐로숙시네이트 인터라제 (EC 6.3.4.4)
961	962	RXA00619	GR00163	793	2220	아데닐로숙시네이트 리아제 (EC 4.3.2.2)
963	964	RXA00688	GR00179	10443	10985	아데닐레이트 키나제 (EC 2.7.4.3)
965	966	RXA00266	GR00040	3769	3362	뉴클레오시드 디포스페이트 키나제 (EC 2.7.4.6)

GMP/AMP 분해 활성

핵산 시열	아미노산 시열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
967	968	RXA004489	GR00121	654	1775	GMP 리덕타제 (EC 1.6.6.8)
969	970	RXN02281	VV0152	1893	3323	AMP 뉴클레오타이드제 (EC 3.2.2.4)
971	972	F RXA02281	GR00659	1101	34	AMP 뉴클레오타이드제 (EC 3.2.2.4)

피리미딘 대사

피리미딘 데 노보(de novo) 생합성:

핵산 시열	아미노산 시열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
973	974	RXA00147	GR00022	9722	10900	카로바모일-포스페이트 신타제 단계 (EC 6.3.5.5)
975	976	RXA00145	GR00022	7258	8193	아스파르타이트 카로바모일 트랜스퍼라제 촉매 색 (EC 2.1.3.2)
977	978	RXA00146	GR00022	8249	9589	디히드로오로테이트 카로바모일 트랜스퍼라제 (EC 3.5.2.3)
979	980	RXA02208	GR00647	2	1003	디히드로오로테이트 디히드로게나제 (EC 1.3.3.1)
981	982	RXA01660	GR00642	591	1142	오로테이트 포스포리보실 트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.10)
983	984	RXA02235	GR00654	3207	4040	오로테딘 5'-포스페이트 데카복실라제 (EC 4.1.1.23)
985	986	RXN01892	VV0150	3020	3748	우리딜레이트 카나제 (EC 2.7.4.-)
987	988	F RXA01892	GR00542	47	775	우리딜레이트 카나제 (EC 2.7.4.-)
989	990	RXA00105	GR00014	16672	17346	티미딜레이트 신타제 (EC 2.1.1.45)
991	992	RXA00131	GR00020	7621	7013	티미딜레이트 카나제 (EC 2.7.4.9)
993	994	RXA00266	GR00040	3769	3362	뉴클레오시드 디포스페이트 카나제 (EC 2.7.4.6)
995	996	RXA00718	GR00188	4576	5283	뉴클레오시드 카나제 (EC 2.7.4.1)
997	998	RXA01599	GR00447	8780	10441	사이탈레이트 카나제 (EC 2.7.4.14)
999	1000	RXN02234	VV0134	24708	28046	CTP 신타제 (EC 6.3.4.2)
1001	1002	F RXA02234	GR00654	1	3198	카로바모일-포스페이트 신타제 장쇄 (EC 6.3.5.5)
1003	1004	RXN00450	VV0112	34491	34814	카로바모일-포스페이트 신타제 장쇄 (EC 6.3.5.5)
1005	1006	F RXA00450	GR00110	322	5	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1007	1008	RXN02272	VV0020	15566	16810	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1009	1010	F RXA02272	GR00655	6891	7935	크레아티닌 데아미나제 (EC 3.5.4.21)
1011	1012	RXN03004	VV0237	1862	2341	데옥시사티딘 트리포스페이트 데아미나제 (EC 3.5.4.13)
1013	1014	RXN03137	VV0129	9680	9579	티미딜레이트 신타제 (EC 2.1.1.45)
1015	1016	RXN03171	VV0328	568	1080	우라실 포스포리보실 트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.9)
1017	1018	F RXA02857	GR10003	570	1082	우라실 포스포리보실 트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.9)

표 1-19

퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오사이드 및 뉴클레오타드 셀비지(salvage), 상호 전환, 환원 및 분해

퓨린:

핵산 서열	아비노산 서열	확인 코드	클라그	NT 개시	NT 정지	기능
1019	1020	RXA02771	GR00772	1329	1883	아데닌 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.7)
1021	1022	RXA01512	GR00424	1763	18232	히포크산틴-구아닌 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.8)
1023	1024	RXA02031	GR00518	3920	3347	크산틴-구아닌 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.22)
1025	1026	RXA00981	GR00276	3388	4017	GTP 피로포스포키나제 (EC 2.7.6.5)
1027	1028	RXA02772	VV0171	2045	1011	구아노신-8'-5'-비스(다포스페이트) 3'-피로포스포하드롤라제 (EC 3.1.7.2)
1029	1030	F RXA02772	GR00772	1962	2741	구아노신-8'-5'-비스(다포스페이트) 3'-피로포스포하드롤라제 (EC 3.1.7.2)
1031	1032	F RXA02773	GR00772	2741	2902	구아노신-8'-5'-비스(다포스페이트) 3'-피로포스포하드롤라제 (EC 3.1.7.2)
1033	1034	RXA01835	GR00517	3147	3677	구아노신-8'-5'-비스(다포스페이트) 3'-피로포스포하드롤라제 (EC 3.1.7.2)
1035	1036	RXA01483	GR00422	19511	18240	데옥시구아노신트립스페이트 트립스포하드롤라제 (EC 3.1.5.1)
1037	1038	RXN01027	VV0143	5761	6768	디아데노신 5',5"-P1-P4-테트라포스페이트 하드롤라제 (EC 3.6.1.17)
1039	1040	F RXA01024	GR00293	661	5	디아데노신 5',5"-P1-P4-테트라포스페이트 하드롤라제 (EC 3.6.1.17)
1041	1042	F RXA01027	GR00294	2680	2347	디아데노신 5',5"-P1-P4-테트라포스페이트 하드롤라제 (EC 3.6.1.17)
1043	1044	RXA01528	GR00425	5653	5126	디아데노신 5',5"-P1-P4-테트라포스페이트 하드롤라제 (EC 3.6.1.17)
1045	1046	RXA00072	GR00012	446	6	포스포아데노신 포스포슬페이트 리덕타제 (EC 1.8.9.4)
1047	1048	RXA01678	GR00537	1239	2117	디메틸아데노신 트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.-)
1049	1050	RXN02281	VV0152	1893	3323	AMP 뉴클레오시다제 (EC 3.2.2.4)
1051	1052	F RXA02281	GR00559	1101	34	AMP 뉴클레오시다제 (EC 3.2.2.4)
1053	1054	RXN01240	VV0090	30442	29420	GTP 피로포스포키나제 (EC 2.7.6.5)
1055	1056	RXN02008	VV0171	1138	5	구아노신-8'-5'-비스(다포스페이트) 3'-피로포스포하드롤라제 (EC 3.1.7.2)

피리미딘 및 퓨린 대사:

핵산 서열	아비노산 서열	확인 코드	클라그	NT 개시	NT 정지	기능
1057	1058	RXN01940	VV0120	10268	9333	이노신-우리딘 산화 뉴클레오사이드 하드롤라제 (EC 3.2.2.1)
1059	1060	F RXA01940	GR00557	3	581	이노신-우리딘 산화 뉴클레오사이드 하드롤라제 (EC 3.2.2.1)
1061	1062	RXA02559	GR00731	5418	6320	이노신-우리딘 산화 뉴클레오사이드 하드롤라제 (EC 3.2.2.1)
1063	1064	RXA02497	GR00170	10059	10985	엑소플로스포라제 (EC 3.6.1.11)
1065	1066	RXN01079	VV0084	38084	35982	리보뉴클레오사이드-디옥스페이트 리덕타제 α 세 (EC 1.17.4.1)
1067	1068	F RXA01079	GR00301	693	4	리보뉴클레오사이드-디옥스페이트 리덕타제 α 세 (EC 1.17.4.1)
1069	1070	F RXA01084	GR00302	3402	2062	리보뉴클레오사이드-디옥스페이트 리덕타제 α 세 (EC 1.17.4.1)
1071	1072	RXN01920	VV0084	32643	31642	리보뉴클레오사이드-디옥스페이트 리덕타제 α 세 (EC 1.17.4.1)
1073	1074	F RXA01920	GR00550	1321	908	리보뉴클레오사이드 리덕타제 α 세 (EC 1.17.4.1)
1075	1076	RXA01080	GR00237	1240	797	NRD1 단백질
1077	1078	RXA00867	GR00237	2	627	폴리리보뉴클레오사이드 뉴클레오타이드 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.8)
1079	1080	RXA01416	GR00413	2	631	폴리리보뉴클레오사이드 뉴클레오타이드 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.8)
1081	1082	RXA01486	GR00423	660	4	폴리리보뉴클레오사이드 뉴클레오타이드 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.8)

예산 사일	아비노산 사일	확인 코드	코너그	NT 개시	NT 정지	기능
1083	1084	RXA01678	GR00467	7162	7689	2·3-시클릭-뉴클레오타드 2'-포스포디에스테라제 (EC 3.1.4.16)
1085	1086	RXA01679	GR00467	7729	8964	2·3-시클릭-뉴클레오타드 2'-포스포디에스테라제 (EC 3.1.4.16)
1087	1088	RXN01488	VV0139	39842	40789	이노신-우리딘 상호 뉴클레오타드 히드롤라제 (EC 3.2.2.1)
1089	1090	RXC00540				퓨린 대사에 관여하는 세 포질 단백질
1091	1092	RXC00560				퓨린 대사에 관여하는 단백질
1093	1094	RXC01088				퓨린 대사에 관여하는 세 포질 단백질
1095	1096	RXC02624				퓨린 대사에 관여하는 단백질
1097	1098	RXC02665				퓨린 대사에 관여하는 단백질
1099	1100	RXC02770				퓨린 대사에 관여하는 단백질
1101	1102	RXC02238				S-아데노실메타오닌, 퓨린 및 판토텐레이트 대사에 관여하는 단백질
1103	1104	RXC01946				퓨린 대사에 관여하는 ABC 수송체 ATP-결합 단백질

프리미딘:

예산 사일	아비노산 사일	확인 코드	코너그	NT 개시	NT 정지	기능
1105	1106	RXN03171	VV0328	568	1080	우라실 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.9)
1107	1108	F RXA02857	GR10003	570	1082	우라실 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.9)
1109	1110	RXN00450	VV0112	34491	34814	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1111	1112	F RXA00450	GR00110	322	5	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1113	1114	RXA00465	GR00117	337	828	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1115	1116	RXA00717	GR00188	3617	4576	리보솜 대칭 서브유닛 외사(fosmid)우리딘 신타제 B (EC 4.2.1.70)
1117	1118	RXA01894	GR00542	1622	2476	포스페타데이트 시트릴 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.41)
1119	1120	RXA02536	GR00728	8681	7626	β-우라이도포스포나제 (EC 3.5.1.6)
1121	1122	RXN01209	VV0270	1019	2446	포스포에틸우라미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1123	1124	F RXA01209	GR00348	1019	2446	포스포에틸우라미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1125	1126	RXN01617	VV0050	22187	22858	포스포에틸우라미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1128	1128	F RXA01617				포스포에틸우라미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1129	1130	RXC01600				프리미딘 대사에 관여하는 세 포질 단백질
1131	1132	RXC01622				프리미딘 대사에 관여하는 세 포질 단백질
1133	1134	RXC00128				프리미딘 및 아데노실호모시타인 대사에 관여하는 배출된 단백질
1135	1136	RXC01709				프리미딘 대사에 관여하는 세 포질 단백질
1137	1138	RXC02207				프리미딘 대사에 관여하는 배출된 단백질

표 1-22

당		트레할로스	
핵산 시열	아미노산 시열	확인 코드	기능
1139	1140	RXA00347	트레할로스-포스파타제 (EC 3.1.3.12)
1141	1142	RXN01239	알도올리고실 트레할로스 신타제
1143	1144	F RXA01239	알도올리고실 트레할로스 신타제
1145	1146	RXA02645	알도올리고실 트레할로스 신타제
1147	1148	RXN02355	트레할로스/말토스 결합 단백질
1149	1150	RXN02909	트레할로스 결합 단백질이라 가정됨
1151	1152	RXS00349	트레할로스 수송 단백질이라 가정됨
1153	1154	RXS03183	트레할로스-말토스 결합 단백질
1155	1156	RXC00874	트레할로스-다시에 관여하는 막단 단백질
문타그		NT 개지	NT 장치
		246	1013
		32921	30489
		5147	7579
		714	2543
		735	4
		38532	39017

표 2-1

제외 유전자			
셀렉트 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
A09073	ppg	포스포에놀 피루베이트 카복실라제	Bachmann, B. et al. "DNA fragment coding for phosphoenolpyruvate carboxylase, recombinant DNA carrying said fragment, strains carrying the recombinant DNA and method for producing L-aminino acids using said strains," Patent: EP 0358940-A 3 03/21/90
A45579, A45581, A45583, A45585 A45587		트리오닌 디하이드라타제	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
AB001132	murC; fisQ; fisZ		Kobayashi, M. et al. "Cloning, sequencing, and characterization of the fisZ gene from corynebacterium bacteria," <i>Biochem Biophys Res Commun.</i> , 236(2):383-388 (1997)
AB015023	murC; fisQ		Wachi, M. et al. "A murC gene from Corynebacterium bacteria," <i>Appl Microbiol. Biotechnol.</i> , 51(2):223-228 (1999)
AB018530	dsr		Kimura, E. et al. "Molecular cloning of a novel gene, dsr, which rescues the detergent sensitivity of a mutant derived from <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Biosci. Biotechnol. Biochem.</i> , 60(10):1565-1570 (1996)
AB018531	dsr1; dsr2		
AB020624	murI	D-글루탐메이트 라세미제	
AB023377	tki	트랜스케틀라제	
AB024708	glitB; glitD	글루타민 2-옥소글루탐메이트 아미노 트랜스퍼라제 큰 서브유닛 및 작은 서브유닛	
AB024724	acn	아코니타제	
AB027714	rep	복제 단백질	
AB027715	rep; aad	복제 단백질; 아미노글리코사이드 아테닐트랜스퍼라제	
AF005242	argC	N-이세틸글루탐메이트-5-세미알데하이드 디하이드로게나제	
AF005635	glnA	글루타민 산탈라제	
AF030405	hisF	시클라제	
AF030520	argG	아르기노수시네이트 산탈라제	
AF031518	argF	오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제	
AF036932	arcD	3-디하이드로퀴네이트 디하이드라타제	
AF038548	pyc	피루베이트 카복실라제	

표 2-2

AF038651	dcIAE; apt; rel	다메타이드 결합 단백질: 아데닌 포스포리보실트랜스퍼라제; GTP 피로포스포키나제	Wahrner, L. et al. "The role of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> rel gene in (p)ppC _{pp} metabolism," <i>Microbiology</i> , 144:1853-1862 (1998)
AF041436	argR	아르기닌 억제자	
AF045998	impA	이노시톨 모노포스페이트 포스포타제	
AF048764	argH	아라키디노숙시네이트 라이아제	
AF049897	argC; argJ; argB; argD; argF; argR; argG; argH	N-아세틸글루탐산포스페이트 리덕타제; 오르니틴 아세틸트랜스퍼라제; N- 아세틸글루탐페이트 키나제; 아세틸오르니틴 트랜스퍼라제; 오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제; 아라키딘 억제자; 아라키디노숙시네이트 산타제; 아라키디노숙신 라이아제	
AF050109	inhA	에놀-아실 운반 단백질 리덕타제	
AF050166	hisG	ATP 포스포리보실트랜스퍼라제	
AF051846	hisA	포스포리보실포름이미노-5- 이미노-1-포스포리보실-4- 이미디올카르복시아미드 이소머라제	
AF052652	metA	호모세린 0-아세틸트랜스퍼라제	Park, S. et al. "Isolation and analysis of metA, a methionine biosynthetic gene encoding homoserine acetyltransferase in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Mol Cells</i> , 8(3):286-294 (1998)
AF053071	aroB	테히드로퀴네이트 산타제	
AF060558	hisH	글루탐민 아미도트랜스퍼라제	
AF086704	hisE	포스포리보실-ATP 피로포스포하이드롤라제	
AF114233	aroA	5-에놀피루브릴사키페이트 3- 포스페이트 산타제	
AF116184	panD	1-아스파르테이트-알파- 테카르복실라제 전구체	Dusch, N. et al. "Expression of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> panD gene encoding L-aspartate-alpha-decarboxylase leads to pantothenate overproduction in <i>Escherichia coli</i> ," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 65(4):1530- 1539 (1999)
AF124518	aroD; aroE	3-테히드로퀴나제; 사키페이트 다히드로게나제	
AF124600	aroC; aroK; aroB; pepQ	코리스페이트 산타제; 사키페이트 키나제; 3-테히드로퀴네이트 산타제; 세포실 펩타다제도 수정	
AF145897	inhA		
AF145898	inhA		

표 2-3

AJ001436	ecp	엑토티인, 글리신 배터인, 포폴린의 운반	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, EcpP." <i>J. Bacteriol.</i> , 180(22):6005-6012 (1998)
AJ004934	dapD	테트라히드로디피콜린레이트 숙시닐라제 (불완전)	Wehrmann, A. et al. "Different modes of diaminopimelate synthesis and their role in cell wall integrity: A study with <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 180(12):3159-3165 (1998)
AJ007732	ppc; secG; amt; ocd; soxA	포스포에놀피루베이트 키르복실라제; ?; 고전화성 암모늄 수용 단백질; 오르니틴-시클로헵타로복실라제로 추정; 시코신 옥시다제	
AJ010319	ftsY, glnB, glnD; srp; amtP	세포 분열 관련: P11 단백질; 오리탈릴트레아세라제 (오리탈릴-계기 효소); 진호 안지 입자; 거친화성 암모늄 불수 단백질	Jakoby, M. et al. "Nitrogen regulation in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ; Isolation of genes involved in biochemical characterization of corresponding proteins," <i>FEMS Microbiol.</i> , 173(2):303-310 (1999)
AJ132968	cat	클로르암페니콜 아세틸 트랜스퍼라제	
AJ24946	mgo	L-말레이트: 퀴논 옥시도리덕타제	Molenaar, D. et al. "Biochemical and genetic characterization of the membrane-associated malate dehydrogenase (acceptor) from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Eur. J. Biochem.</i> , 254(2):395-403 (1998)
AJ238230	ndh	NADH 디히드로게나제	Lichtinger, T. et al. "Biochemical and biophysical characterization of the cell wall porin of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : The channel is formed by a low molecular mass polypeptide," <i>Biochemistry</i> , 37(43):15024-15032 (1998)
AJ238703	porA	포린	Veres et al. "Isolation and characterization of IS31831, a transposable element from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Mol. Microbiol.</i> , 11(4):739-746 (1994)
DJ7429	odhA	견유 효소 IS31831	Usuda, Y. et al. "Molecular cloning of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> (Brevibacterium lactofermentum AJ12036) odhA gene encoding a novel type of 2-oxoglutarate dehydrogenase," <i>Microbiology</i> , 142:3347-3354 (1996)
E01358	hdb; hk	호모세린 디히드로게나제 호모세린 키나제	Kasumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine," Patent: JP 1987232392-A 1 10/12/87
E01359		호모세린 키나제 유전자의 계서 코돈 상동	Kasumata, 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 신타제	Maisui, 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

표 2-4

E01377		트립토판 오페론의 프로모터 및 오퍼레이터 영역	Matsu, 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		비오틴-신타제	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 페라로닌 아미노트랜스페라제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and deshydrobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04041		테스타오비오틴신타제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and deshydrobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04307		플러움 아스파르타제	Kurusu, Y. et al. "Gene DNA coding aspartase and utilization thereof," Patent: JP 1993030977-A 1 02/09/93
E04376		아소시트르산 라이아제	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04377		아소시트르산 라이아제 N-말단 단원	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04484		프레페네이트 디하이드라타제	Sotouchi, N. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation," Patent: JP 1993076352-A 2 03/30/93
E05108		아스파르토키나제	Fugono, N. et al. "Gene DNA coding Aspartokinase and its use," Patent: JP 1993184366-A 1 07/27/93
E05112		디아드로-디피코라테이트 신타타제	Hatakeyama, K. et al. "Gene DNA coding dihydrodipicolinic acid synthetase and its use," Patent: JP 1993184371-A 1 07/27/93
E05776		디아미노페팔산 디하드로케나제	Kobayashi, M. et al. "Gene DNA coding Diaminopimelic acid dehydrogenase and its use," Patent: JP 1993284970-A 1 11/02/93
E05779		트레오닌 신타제	Kohama, K. et al. "Gene DNA coding threonine synthase and its use," Patent: JP 1993284972-A 1 11/02/93
E06110		프레페네이트 디하이드라타제	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06111		프레페네이트 디하이드라타제 돌연변이	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06146		아세토하이드록시산 신타타제	Inui, M. et al. "Gene capable of coding Acetylhydroxy acid synthetase and its use," Patent: JP 1993344893-A 1 12/27/93
E06825		아스파르토키나제	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E06826		아스파르토키나제 양파 시브뮤넨 돌연변이	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94

표 2-5

E06827		아스파르트키나제 알파 시브유닛 돌연변이	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E07701	sec Y		Hono, N. et al. "Gene DNA participating in integration of membraneous protein to membrane," Patent: JP 1994169780-A 1 06/21/94
E08177		아스파르트키나제	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 억제에 의해 분비되는 아스파르트키나제	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		아세토하이드록시산 아소머로라터라제	Inui, M. et al. "Gene DNA coding acetylhydroxy acid isomerase," 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		PT 아미노트랜스페라제 및 네스터오비오린 신테타제 프로모터 영역	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08646		비오린 신테타제	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08649		아스파르트라제	Kohama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031478-A 1 02/03/95
E08900		다이드로다피콜라이트 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		다이비노피엘렌 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 히드록시메틸트랜스페라제	Hatakeyama, K. et al. "Production of L-tryptophan," Patent: JP 1997028391-A 1 02/04/97
E12760, E12759, E12758		트랜스포사제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12764		아르기닌 tRNA 신테타제; 다이비노피엘렌 데카르복실라제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12767		다이드로다피콜린 신테타제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12770		아스파르트키나제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12773		다이드로다피콜린산 리덕타제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97

표 2-6

E13655		글루코스-6-포스페이트 디히드로게나제	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 디하이드라타제	Moockel, B. et al. "Functional and structural analysis of the threonine dehydratase of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 174:8065-8072 (1992)
L07603	EC 4.2.1.15	3-데옥시-D-아라비노헥스로스네이트-6-포스페이트 신타제	Chen, C. et al. "The cloning and nucleotide sequence of <i>Corynebacterium glutamicum</i> 3-deoxy-D-arabinotriphosphonate-7-phosphate synthase gene," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 107:223-230 (1993)
L09232	ilvB; ilvN; ilvC	이세토히드록시산 신타제 클 서브유닛; 이세토히드록시산 신타제 격은 서브유닛; 이세토히드록시산 이소머모리타제	Keilhauer, C. et al. "Isolucine synthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> : molecular analysis of the ilvB-ilvN-ilvC operon," <i>J. Bacteriol.</i> , 175(17):5595-5603 (1993)
L18874	PrsM	포스페놀피루베이트 슈가 포스포트랜퍼라제	Fouet, A. et al. "Bacillus subtilis sucrose-specific enzyme II of the phosphotransferase system: expression in <i>Escherichia coli</i> and homology to enzymes II from enteric bacteria," <i>PNAS USA</i> , 84(24):8773-8777 (1987); Lee, J.K. et al. "Nucleotide sequence of the gene encoding the <i>Corynebacterium glutamicum</i> mannose enzyme II and analyses of the deduced protein sequence," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 119(1-2):137-145 (1994)
L27123	aceB	말레이트 신타제	Lee, H.S. et al. "Molecular characterization of aceB, a gene encoding malate synthase in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Microbiol. Biotechnol.</i> , 4(4):256-263 (1994)
L27126		피루베이트 키나제	Jetten, M. S. et al. "Structural and functional analysis of pyruvate kinase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 60(7):2501-2507 (1994)
L28760	aceA	이소시트레이트 라이아제	
L35906	dxr	디프테라아 독소 아세자	Ogura, J.A. et al. "Molecular cloning, DNA sequence analysis, and characterization of the <i>Corynebacterium diptheriae</i> dxr from <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(2):465-467 (1995)
M13774		프레세네이트 디하이드라타제	Follett, M.T. et al. "Molecular cloning and nucleotide sequence of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> pldA gene," <i>J. Bacteriol.</i> , 167:695-702 (1986)
M16175	5S rRNA		Park, Y.H. et al. "Phylogenetic analysis of the coryneform bacteria by 5S rRNA sequences," <i>J. Bacteriol.</i> , 169:1801-1806 (1987)
M16663	trpE	인트라말레이트 신타제, 5' 말단	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> , a glutamic-acid-producing bacterium," <i>Gene</i> , 52:191-200 (1987)
M16664	trpA	트립토판 신타제, 3' 말단	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> , a glutamic-acid-producing bacterium," <i>Gene</i> , 52:191-200 (1987)

표 2-7

M25819		포스포에놀피루베이트 키르복실라제	O'Regan, M. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the Phosphoenolpyruvate carboxylase-coding gene of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC13032." <i>Gene</i> , 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." <i>J. Gen. Microbiol.</i> , 138:1167-1175 (1992)
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." <i>J. Gen. Microbiol.</i> , 138:1167-1175 (1992)
M89931	<i>acdD, bmq, ybhW</i>	베타 C-S 라이아제: 분지쇄 아미노산 수용 운반체: 단백질 <i>ybhW</i> 로 추정	Rosol, I. et al. "The <i>Corynebacterium glutamicum</i> <i>acdD</i> gene encodes a C-S lyase with alpha, beta-elimination activity that degrades aminomethylcysteine." <i>J. Bacteriol.</i> , 174(9):2968-2977 (1992); Tauch, A. et al. "Isolucine uptake in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 is directed by the <i>bmq</i> gene product." <i>Arch. Microbiol.</i> , 169(4):303-312 (1998)
S59299	<i>trp</i>	리더 유전자 (프로모터)	Herry, D.M. et al. "Cloning of the <i>trp</i> gene cluster from a tryptophan-hyperproducing strain of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : identification of a mutation in the <i>trp</i> leader sequence." <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 59(3):791-799 (1993)
U11545	<i>trpD</i>	안트라닐레이트 포스포리보실트랜스퍼라제	O'Garra, J.P. and Dunican, L.K. (1994) Complete nucleotide sequence of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC21850 <i>trpD</i> gene." Thesis, Microbiology Department, University College Galway, Ireland.
U13922	<i>cgIIIM; cglIR; cIIgIR</i>	11형 5-시도신 메틸트랜스퍼라제로 추정: 11형 제한 엔도뉴클레아제로 엔도뉴클레아제로 추정	Schafer, A. et al. "Cloning and characterization of a DNA region encoding a stress-sensitive restriction system from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 and analysis of its role in intergeneric conjugation with <i>Escherichia coli</i> ." <i>J. Bacteriol.</i> , 176(23):7309-7319 (1994); Schafer, A. et al. "The <i>Corynebacterium glutamicum</i> <i>cglIM</i> gene encoding a 5-cytosine in an McrBC-deficient <i>Escherichia coli</i> strain." <i>Gene</i> , 203(2):95-101 (1997)
U14965	<i>recA</i>		Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31224	<i>ppx</i>		Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31225	<i>proC</i>	L-프로린: NADP+ 5-옥시도리타제	Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31230	<i>obg; proB; unkdh</i>	?: 감마 글루타미 킬라제: D-이소머 특이적 2-히드록시산 디히드로케나제의 유사	Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)

표 2-8

U31281	bioB	비오틴 산티제	Serebriiskii, I.G., "Two new members of the bio B superfamily: Cloning, sequencing, and expression of bio B genes of <i>Methylobacillus flagellatum</i> and <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Gene</i> , 175:15-22 (1996)
U35023	thrR, acbBC	티오설파이트 산티제 트랜스퍼라제 : 아실 CoA 카르복실라제	Jager, W. et al. "A <i>Corynebacterium glutamicum</i> gene encoding a two-domain protein similar to biotin carboxylases and biotin-carboxyl-carrier proteins," <i>Arch. Microbiol.</i> , 166(2):76-82 (1996)
U43335	cmr	멜티드러그 내성 단백질	Jager, W. et al. "A <i>Corynebacterium glutamicum</i> gene conferring multidrug resistance in the heterologous host <i>Escherichia coli</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 179(7):2449-2451 (1997)
U43336	cjPB	열 쇼크 ATP 결합 단백질	
U53387	aphA-3	3'-5'-아미노글리코사이드 포스포트랜스퍼라제	
U89648		히스티딘 생합성과 관련된 코리네박테리움 글루탐미쿰의 미확인 서열, 부분서열	
X04960	trpA, trpB, trpC, trpD, trpE, trpG, trpL	트립토판 오페론	Matsui, K. et al. "Complete nucleotide and deduced amino acid sequences of the <i>Brevibacterium lactofermentum</i> tryptophan operon," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 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 <i>Corynebacterium glutamicum</i> and possible mechanisms for modulation of its expression," <i>Mol. Gen. Genet.</i> , 212(1):112-119 (1988)
X14234	EC 4.1.1.31	포스포에놀루베이트 카르복실라제	Elkmanns, B.J. et al. "The Phosphoenolpyruvate carboxylase gene of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : Molecular cloning, nucleotide sequence, and expression," <i>Mol. Gen. Genet.</i> , 218(2):330-339 (1989); Lepoint, L. et al. "Sorghum Phosphoenolpyruvate carboxylase gene family: structure, function and molecular evolution," <i>Plant. Mol. Biol.</i> , 21 (3):487-502 (1993)
X17313	flda	프럭토스-비스포스페이트 알돌라제	Von der Osten, C.H. et al. "Molecular cloning, nucleotide sequence and fine-structural analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> flda gene: structural comparison of C. glutamicum fructose-1, 6-bisphosphate aldolase to class I and class II aldolases," <i>Mol. Microbiol.</i>
X53993	dapA	L-2,3-디히드로디피콜리네이트 신테타제 (EC 4.1.1.52)	Bonassie, S. et al. "Nucleic sequence of the dapA gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 18(2):6421 (1990)
X54223	AttB-관련 부위		Cianciotto, N. et al. "DNA sequence homology between att B-related sites of <i>Corynebacterium diphtheriae</i> , <i>Corynebacterium ulcerans</i> , <i>Corynebacterium glutamicum</i> , and the attP site of <i>lambda</i> decaryophage," <i>FEBS. Microbiol. Lett.</i> , 66:299-302 (1990)
X54740	argS, lysA	아르기닌-tRNA 산티타제: 디아미노피멜레이트 데카르복실라제	Marcel, T. et al. "Nucleotide sequence and organization of the upstream region of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> lysA gene," <i>Mol. Microbiol.</i> , 4(11):1819-1830 (1990)

표 2-9

X55994	trpL, trpE	리터 펠터드로 추정: 인트리닐레이트 신타제 구성성분 1	Heery, D.M. et al. "Nucleotide sequence of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> trpE gene." <i>Nucleic Acids Res.</i> 18(23):7138 (1990)
X56037	thrC	트레오닌 신타제	Han, K.S. et al. "The molecular structure of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> threonine synthase gene." <i>Mol. Microbiol.</i> 4(10):1693-1702 (1990)
X56075	atbB-related site	부착 부위	Giannetto, N. et al. "DNA sequence homology between att B-related sites of <i>Corynebacterium diphtheriae</i> , <i>Corynebacterium ulcerans</i> , <i>Corynebacterium glutamicum</i> , and the attP site of lambda-corynebacteriophage." <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> 66:299-302 (1990)
X57226	lysC-alpha; lysC-beta; asd	아스파르트키나제-알파 시브유닛; 아스파르트키나제-베타 시브유닛; 아스파르트키나제-베타 시브유닛; 세미알데하이드 디하이드로게나제	Kalinowski, J. et al. "Genetic and biochemical analysis of the Aspartokinase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ." <i>Mol. Microbiol.</i> 5(5):1197-1204 (1991); Kalinowski, J. et al. "Aspartokinase genes lysC alpha and lysC beta overlap and are adjacent to the aspartate beta-semialdehyde dehydrogenase gene asd in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ." <i>Mol. Gen. Genet.</i> 224(3):317-324 (1990)
X59403	gap,pgk, tpi	글리세롤알데하이드-3-포스페이트; 포스포글리세레이트 키나제; 트라이오스포스페이트 이소머라제	Ekman, B.J. "Identification, sequence analysis, and expression of a <i>Corynebacterium glutamicum</i> gene cluster encoding the three glycolytic enzymes glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, 3-phosphoglycerate kinase, and triosephosphate isomerases." <i>J. Bacteriol.</i> 174(19):6076-6086 (1992)
X59404	gdh	글루탐페이트 디하이드로게나제	Bormann, E.R. et al. "Molecular analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> gdh gene encoding glutamate dehydrogenase." <i>Mol. Microbiol.</i> 6(3):317-326 (1992)
X60312	lysI	L-리이신 페미아제	Seep-Feldhaus, A.H. et al. "Molecular analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> lysI gene involved in lysine uptake." <i>Mol. Microbiol.</i> 5(12):2995-3005 (1991)
X6078	copI	PstI 단백질	Joliff, G. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the cspI gene encoding PstI, one of the two major secreted proteins of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : The deduced N-terminal region of PstI is similar to the Mycobacterium antigen 85 complex." <i>Mol. Microbiol.</i> 6(16):2349-2362 (1992)
X66112	glt	시트레이트 신타제	Ekman, B.J. et al. "Cloning sequence, expression and transcriptional analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> gltA gene encoding citrate synthase." <i>Microbiol.</i> 140:1817-1828 (1994)
X6737	dapB	다히드로다피콜리나이트 리덕타제	Peyret, J.L. et al. "Characterization of the cspB gene encoding Pst2, an ordered surface-layer protein in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ." <i>Mol. Microbiol.</i> 9(1):97-109 (1993)
X69103	csp2	표면층 단백질 Pst2	Bomany, C. et al. "Identification of IS1206, a <i>Corynebacterium glutamicum</i> IS3-related insertion sequence and phylogenetic analysis." <i>Mol. Microbiol.</i> 14(3):571-581 (1994)
X69104		IS3 관련 삽입 요소	

표 2-10

X70959	leuA	이소포로필라이트 신터제	Patel, M. et al. "I ⁺ enzyme synthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> : enzyme activities, structure of leuA, and effect of leuA inactivation on lysine synthesis," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 60(1):133-140 (1994)
X71489	icd	이소시트레이트 디하이드로게나제 (NADP ⁺)	Elkammans, B.J. et al. "Cloning sequence analysis, expression, and inactivation of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> icd gene encoding isocitrate dehydrogenase and biochemical characterization of the enzyme," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(3):774-782 (1995)
X72855	GDH A	글루탐ате이트 디하이드로게나제 (NADP ⁺)	
X75083, X70584	mtiA	5-메틸트립토폰 내성	Heery, D.M. et al. "A sequence from a tryptophan-hyperproducing strain of <i>Corynebacterium glutamicum</i> encoding resistance to 5-methyltryptophan," <i>Biochem. Biophys. Res. Commun.</i> , 201(3):125-1262 (1994)
X75085	recA		Fitzpatrick, R. et al. "Construction and characterization of recA mutant strains of <i>Corynebacterium glutamicum</i> and <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Appl. Microbiol. Biotechnol.</i> , 42(4):575-580 (1994)
X75504	aceA, thiX	부분적으로 이소시트레이트 라이아제:?	Reinscheid, D.J. et al. "Characterization of the isocitrate lyase gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> and biochemical analysis of the enzyme," <i>J. Bacteriol.</i> , 176(12):3474-3483 (1994)
X76875		ATP이제 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," <i>Antonie Van Leeuwenhoek</i> , 64:285-305 (1993)
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," <i>Antonie Van Leeuwenhoek</i> , 64:285-305 (1993)
X77384	recA		Billman-Jacobe, H. "Nucleotide sequence of a recA gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>DNA Seq.</i> , 4(6):403-404 (1994)
X78491	aceB	말레이트 신터제	Reinscheid, D.J. et al. "Malate synthase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> pta-ack operon encoding phosphotransacetylase: sequence analysis," <i>Microbiology</i> , 140:3099-3108 (1994)
X80629	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Rainey, F.A. et al. "Phylogenetic analysis of the genera <i>Rhodococcus</i> and <i>Norcardia</i> and evidence for the evolutionary origin of the genus <i>Norcardia</i> from within the radiation of <i>Rhodococcus</i> species," <i>Microbiol.</i> , 141:523-528 (1995)
X81191	gluA, gluB, gluC, gluD	글루탐ате이트 수용체	Kroneneyer, W. et al. "Structure of the gluABCD cluster encoding the glutamate uptake system of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(5):1152-1158 (1995)
X81379	dapE	숙시닐타이비노피라이트 대숙시닐라제	Wehrmann, A. et al. "Analysis of different DNA fragments of <i>Corynebacterium glutamicum</i> complementing dapE of <i>Escherichia coli</i> ," <i>Microbiology</i> , 40:3349-56 (1994)

표 2-11

X82061	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Ruimy, R. et al. "Phylogeny of the genus <i>Corynebacterium</i> deduced from analyses of small-subunit ribosomal DNA sequences," <i>Int. J. Syst. Bacteriol.</i> , 45(4):740-746 (1995)
X82928	asd, lysC	아스페르테이트-세미알데하이드 하이드로게나제:?	Serebrijski, I. et al. "Multicopy suppression by asd gene and osmotic stress-dependent complementation by heterologous proA in proA mutants," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(24):7255-7260 (1995)
X82929	proA	감마-글루탐일 포스페이트 리덕타제	Serebrijski, I. et al. "Multicopy suppression by asd gene and osmotic stress-dependent complementation by heterologous proA in proA mutants," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(24):7255-7260 (1995)
X84257	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Pascual, C. et al. "Phylogenetic analysis of the genus <i>Corynebacterium</i> based on 16S rRNA gene sequences," <i>Int. J. Syst. Bacteriol.</i> , 45(4):724-728 (1995)
X85965	aroP, dapE	방향족 아미노산 페미아제:?	Wehrmann et al. "Functional analysis of sequences adjacent to dapE of <i>C. glutamicum</i> proline reveals the presence of aroP, which encodes the aromatic amino acid transporter," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(20):5991-5993 (1995)
X86157	argB, argC, argD, argF, argJ	아세틸글루타메이트 키나제: N-아세틸-감마-글루탐일-포스페이트 리덕타제: 아세틸글루타미드 아미노트랜스퍼라제: 오픈리딘 카르바모일트랜스퍼라제: 글루타메이트 N-아세일트랜스퍼라제	Sakanyan, V. et al. "Genes and enzymes of the acetyl cycle of arginine biosynthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> : enzyme evolution in the early steps of the arginine pathway," <i>Microbiology</i> , 142:99-108 (1996)
X89084	pta, ackA	포스페이트 아세일트랜스퍼라제: 아세타이트 키나제	Reinscheid, D. J. et al. "Cloning, sequence analysis, expression and inactivation of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> pta-ack operon encoding phosphotransacetylase and acetate kinase," <i>Microbiology</i> , 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,'" <i>J. Bacteriol.</i> , 178(7):1996-2004 (1996)
X90356		프로모터 단편 P1	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90357		프로모터 단편 P2	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90358		프로모터 단편 P10	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90359		프로모터 단편 P13	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)

표 2-12

X90360		프로모터 단편 F22	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90361		프로모터 단편 F34	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90362		프로모터 단편 F37	Patek, M. et al. "Promoters from <i>C. glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90363		프로모터 단편 F45	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90364		프로모터 단편 F64	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90365		프로모터 단편 F75	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90366		프로모터 단편 PF101	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90367		프로모터 단편 PF104	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90368		프로모터 단편 PF108	Patek, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif." <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X93513	amt	암모늄 전달체	Siewe, R.M. et al. "Functional and genetic characterization of the (methyl) ammonium uptake carrier of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Biol. Chem.</i> , 271(10):5398-5403 (1996)
X93514	betP	글리신 베테인 전달체	Peter, H. et al. "Isolation, characterization, and expression of the <i>Corynebacterium glutamicum betP</i> gene, encoding the transport system for the compatible solute glycine betaine," <i>J. Bacteriol.</i> , 178(17):5229-5234 (1996)
X95649	orf4		Patek, M. et al. "Identification and transcriptional analysis of the dapB-ORF2-dapA-ORF4 operon of <i>Corynebacterium glutamicum</i> , encoding two enzymes involved in L-lysine synthesis," <i>Biotechnol. Lett.</i> , 19:1113-1117 (1997)
X96471	lysE, lysG	라이신 엑스포터 단백질: 라이신 엑스포트 조절 단백질	Vrjlic, M. et al. "A new type of transporter with a new type of cellular function: L-lysine export from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Mol. Microbiol.</i> , 22(5):815-826 (1996)

표 2-13

X96580	panB, panC, xyIB	3-메틸-2-옥소부타노에이트-하이드록시메틸트랜스피라제: 판토에이트-메타-알라닌 라이가제: 가일롤로키나제	Sahn, H. et al. "D-pantothenate synthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> and use of panBC and genes encoding L-valine synthesis for D-pantothenate overproduction," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 65(5):1973-1979 (1999)
X96962		신장 서열 IS1207 및 트랜스포사제	
X99289		신장 인자 P	Ramos, A. et al. "Cloning, sequencing and expression of the gene encoding elongation factor P in the amino-acid producer <i>Brevibacterium lactofermentum</i> (<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13869)," <i>Gene</i> , 198:217-222 (1997)
Y00140	thrB	호모세린 키나제	Mateos, L.M. et al. "Nucleotide sequence of the homoserine kinase (thrB) gene of the <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 15(9):3922 (1987)
Y00151	ddh	메소-디아미노피렐레이트-D-디하이드로케나제 (EC 1.4.1.16)	Ishino, S. et al. "Nucleotide sequence of the meso-diaminopimelate D-dehydrogenase gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 15(9):3917 (1987)
Y00476	thrA	호모세린 디하이드로케나제	Mateos, L.M. et al. "Nucleotide sequence of the homoserine dehydrogenase (thrA) gene of the <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 15(24):10598 (1987)
Y00546	hom, thrB	호모세린 디하이드로케나제: 호모세린 키나제	Peoples, O.P. et al. "Nucleotide sequence and fine structural analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> hom-thrB operon," <i>Mol. Microbiol.</i> , 2(1):63-72 (1988)
Y08964	murC, ftsQ/diVD, ftsZ	UDP-N-아세틸무리나메이트-알라닌 라이가제: 문열 게시 단백질 또는 세포 문열 단백질: 세포 문열 단백질	Hornruba, M.P. et al. "Identification, characterization, and chromosomal organization of the ftsZ gene from <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Mol. Gen. Genet.</i> , 259(1):97-104 (1998)
Y09163	putP	고진화성 프롤린 전달체	Peter, H. et al. "Isolation of the putP gene of <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline and characterization of a low-affinity uptake system for compatible solutes," <i>Arch. Microbiol.</i> , 168(2):143-151 (1997)
Y09548	pyc	피루베이트 카르복실라제	Peters-Wendisch, P.G. et al. "Pyruvate carboxylase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : characterization, expression and inactivation of the pyc gene," <i>Microbiology</i> , 144:915-927 (1998)
Y09578	leuB	3-이소프로판릴메레이트 디하이드로케나제	Patek, M. et al. "Analysis of the leuB gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Appl. Microbiol. Biotechnol.</i> , 50(1):42-47 (1998)
Y12472		부착 부위 벡테리오파지-16	Moreau, S. et al. "Site-specific integration of coryneophage Phi-16: The construction of an integration vector," <i>Microbiol.</i> , 145:539-548 (1999)
Y12537	proP	프롤린/에도인 수송체 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," <i>J. Bacteriol.</i> , 180(22):6005-6012 (1998)

표 2-14

Y13221	glnA	글루타민 신타아제 1	Jakoby, M. et al. "Isolation of <i>Corynebacterium glutamicum</i> glnA gene encoding glutamine synthetase I," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 154(1):81-88 (1997)
Y16642	lpd	다히드롤리포아미드 다히드로게나제	Moreau, S. et al. "Analysis of the integration functions of φhi304L: An integrase module among corynephages," <i>Virology</i> , 255(1):150-159 (1999)
Y18059		부착 부위 코리너피지 (<i>Corynebacter</i>) 304L	Oguiza, J.A. et al. "A gene encoding arginyl-tRNA synthetase is located in the upstream region of the lysA gene in <i>Brevibacterium lactofermentum</i> : Regulation of argS-lysA cluster expression by arginine," <i>J. Bacteriol.</i> , 175(22):7356-7362 (1993)
Z21501	argS, lysA	아르기닐-tRNA 신타아제: 디아미노피콜레이트 데카르복실라제 (일부)	Pisabarro, A. et al. "A cluster of three genes (dapA, orf2, and dapB) of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> encodes dihydronicotinate reductase, and a third polypeptide of unknown function," <i>J. Bacteriol.</i> , 175(9):2743-2749 (1993)
Z21502	dapA, dapB	다히드로디피콜리나이트 신타아제: 다히드로디피콜리나이트 리덕타아제	Malumbres, M. et al. "Analysis and expression of the thrC gene of the encoded threonine synthase," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 60(7):2209-2219 (1994)
Z29563	thrC	트레오닌 신타아제	
Z46753	16S rDNA	16S 리보솜 RNA 유전자	Oguiza, J.A. et al. "Multiple sigma factor genes in <i>Brevibacterium lactofermentum</i> : Characterization of sigA and sigB," <i>J. Bacteriol.</i> , 178(2):550-553 (1996)
Z49822	sigA	SigA 시그마 인자	Oguiza, J.A. et al. "The galE gene encoding the UDP-galactose 4-epimerase of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> is coupled transcriptionally to the dmdR gene," <i>Gene</i> , 177:103-107 (1996)
Z49823	galE, dxrR	측배 활성 UDP-갈락토스 4-에피머라아제: 디프테리아 독소 조절 단백질	Oguiza, J.A. et al. "Multiple sigma factor genes in <i>Brevibacterium lactofermentum</i> : Characterization of sigA and sigB," <i>J. Bacteriol.</i> , 178(2):550-553 (1996)
Z49824	orf1, sigB	?; SigB 시그마 인자	Correia, A. et al. "Cloning and characterization of an IS-like element present in the genome of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ATCC 13869," <i>Gene</i> , 170(1):91-94 (1996)
Z66534		트랜스포사제	

1. 상기 유전자 서열은 명시된 참고문헌에 공개되었다. 그러나 본원의 발명자가 수득한 서열은 공개된 서열보다 상당히 길다. 공개된 서열은 부정확한 게시 코돈을 나타내었으며, 이에 따라 단지 설계 영역 단편만을 나타내는 것으로 생각된다.

표 3-1

본 발명을 실시예에 사용할 수 있는
코리네박테리움 (Corynebacterium) 및 브레비박테리움 (Brevibacterium) 균주

속 (Genus)	종 (species)	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ
브레비박테리움	암모니아게네스 (ammoniagenes)	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 (butanicum)	21196							
브레비박테리움	디바리카툼 (divaricatum)	21792	P928						
브레비박테리움	플라븀 (flavum)	21474							
브레비박테리움	플라븀	21129							
브레비박테리움	플라븀	21518							
브레비박테리움	플라븀			B11474					
브레비박테리움	플라븀			B11472					
브레비박테리움	플라븀	21127							
브레비박테리움	플라븀	21128							
브레비박테리움	플라븀	21427							
브레비박테리움	플라븀	21475							
브레비박테리움	플라븀	21517							
브레비박테리움	플라븀	21528							
브레비박테리움	플라븀	21529							
브레비박테리움	플라븀			B11477					
브레비박테리움	플라븀			B11478					
브레비박테리움	플라븀	21127							
브레비박테리움	플라븀			B11474					
브레비박테리움	헤알리이 (healii)	15527							
브레비박테리움	케토글루타미쿰 (ketoglutamicum)	21004							
브레비박테리움	케토글루타미쿰	21089							
브레비박테리움	케토소레덕툼 (ketosoreductum)	21914							
브레비박테리움	락토펬르멘툼 (latofermentum)				70				
브레비박테리움	락토펬르멘툼				74				
브레비박테리움	락토펬르멘툼				77				
브레비박테리움	락토펬르멘툼	21798							
브레비박테리움	락토펬르멘툼	21799							
브레비박테리움	락토펬르멘툼	21800							
브레비박테리움	락토펬르멘툼	21801							
브레비박테리움	락토펬르멘툼			B11470					
브레비박테리움	락토펬르멘툼			B11471					

<170>

표 3-2

속 (Genus)	종 (species)	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ
브레비박테리움	락토페르멘툼	21086							
브레비박테리움	락토페르멘툼	21420							
브레비박테리움	락토페르멘툼	21086							
브레비박테리움	락토페르멘툼	31269							
브레비박테리움	리넨스(linens)	9174							
브레비박테리움	리넨스	19391							
브레비박테리움	리넨스	8377							
브레비박테리움	파라피놀리티쿰 (paraffinolyticum)					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	아세트아시도필룸 (acetoacidophilum)	21476							
코리네박테리움	아세트아시도필룸	13870							
코리네박테리움	아세트글루타미쿰 (acetoglutamicum)			B11473					
코리네박테리움	아세트글루타미쿰			B11475					
코리네박테리움	아세트글루타미쿰	15806							
코리네박테리움	아세트글루타미쿰	21491							
코리네박테리움	아세트글루타미쿰	31270							
코리네박테리움	아세트필룸 (acetophilum)			B3671					
코리네박테리움	암모니아게네스	6872						2399	
코리네박테리움	암모니아게네스	15511							
코리네박테리움	후지오킨세 (fujiokense)	21496							
코리네박테리움	글루타미쿰 (glutamicum)	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							

<171>

표 3-3

속 (Genus)	종 (species)	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					

<172>

표 3-4

속 (Genus)	종 (species)	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ
코리네박테리움	글루타미쿰			B12418					
코리네박테리움	글루타미쿰			B11476					
코리네박테리움	글루타미쿰	21608							
코리네박테리움	릴리움(lilium)		P973						
코리네박테리움	니트릴로필루스(nitrilophilus)	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							

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 콜렉션, 노던 리저널 리서치 레보라토리 (ARS Culture Collection, Northern Regional Research Laboratory, 미국 일리노이주 페오리아소재)
 CECT: 콜렉션 에스파뇰라 드 컬티보스 티보 (Coleccion Espanola de Cultivos Tipo, 스페인 발렌시아 소재)
 NCIMB: 내셔널 콜렉션 오브 인더스트리얼 앤드 마린 박테리아 리미티드 (National Collection of Industrial and Marine Bacteria Ltd., 영국 애버딘 소재)
 CBS: 센트라알비로 부르 쉬멜컬처스 (Centraalbureau voor Schimmelcultures, 네덜란드 바안 소재)
 NCTC: 내셔널 콜렉션 오브 타입 컬처스 (National Collection of Type Cultures, 영국 런던 소재)
 DSMZ: 도이치 잠룽 폰 미크로오르가니즘 언트 젤쿨투렌 (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, Japan] 참조.

정렬 결과

번호	길이	제백크 히트	길이	승인 번호	제백크 히트의 명칭	제백크 히트의 출처	상동성(%)	기타인
	(NT)						(GAP)	
ra00023	3579	GB_EST33.A176129	483	A1776129	EST257217 tomato resistant, Cornell Lycopersicon esculentum cDNA clone	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
		GB_EST33.A176129	483	A1776129	cLER17D3, mRNA sequence	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
		GB_EST33.A176129	483	A1776129	EST257217 tomato resistant, Cornell Lycopersicon esculentum cDNA clone	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
		GB_EST33.A176129	483	A1776129	cLER17D3, mRNA sequence	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
ra00044	1059	EM_PAT.E11760	6911	E117760	Base sequence of sucrose gene.	Corynebacterium glutamicum	42.979	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created 07-OCT-1996)
		GB_PAT.126124	6911	126124	Sequence 4 from patent US 5556776.	Unknown.	42.979	07-OCT-1996
		GB_BA2.ECOW89	176195	U00006	E. coli chromosomal region from 89.2 to 92.8 minutes.	Escherichia coli	39.097	17-DEC-1993
ra00064	1401	GB_PAT.E16763	2517	E16763	gDNA encoding aspartate transferase (AAT)	Corynebacterium glutamicum	95.429	28-Jul-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02003 (D797) RPQ1-98	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	02.O.3 map 99B-99B strain Y; on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	02.O.3 map 99B-99B strain Y; on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	02.O.3 map 99B-99B strain Y; on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
ra00072								
		GB_BA1.MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37.753	17-Jun-98
ra00105	798	GB_BA1.ECJ29581	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 MG1555 section 256 of 400 of the complete genome.	Escherichia coli	35.669	12-Nov-98
ra00106	579	GB_EST15.AA494237	367	AA494237	ng83104 s1 NCL CGAP P16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 941407 similar to SWDYR_LACCA P00381 DIHYDROFOLATE REDUCTASE ;.	Homo sapiens	42.896	20-Aug-97
		GB_BA2.AF161327	2021	AF161327	mRNA sequence	Corynebacterium diptheriae	40.210	9-Sep-99
		GB_PAT.AR041189	654	AR041189	Corynebacterium diptheriae histidine kinase Chs (chs) and response regulator ChvA (chvA) genes, complete cds.	Unknown.	41.176	29-Sep-99
ra00115	1170	GB_PAT.ACO07110	148336	ACO07110	Sequence 4 from patent US 5811286.	Unknown.	36.783	30-MAR-1999
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK_472_J_18, complete sequence.	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 19, clone CIT-HSPC_490E21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 19, clone CIT-HSPC_490E21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 19, clone CIT-HSPC_490E21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99

표 4-2

ra00116	1284	GB_BA2 AF062345	16458	AF062345	Caulobacter crescentus SstI (sstI), 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 (saf), and putative perosamine transferase (lpsF) genes, complete cds. Sequence 6 from patent US 5500353.	Caulobacter crescentus	36,235	19-OCT-1999
ra00131	732	GB_GSSI3 AQ44619 7 GB_BA1 MTY20811	751 36330	AQ446197 Z95121	nbx0062D16f, CUGI Rice BAC Library Oryza sativa genomic clone nbx0062D16f, genomic survey sequence. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 139/162.	Oryza sativa	38,124	8-Apr-99
ra00132	1557	GB_BA1 SAR7932 GB_BA1 MTY20811 GB_BA1 MTY20811	15176 36330	AJ007932 Z95121	Streptomyces argillaceus mithramycin biosynthetic genes. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 139/162.	Streptomyces argillaceus	41,116 39,726	15-Jun-99 17-Jun-98
		GB_BA1 MTY20811	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	169265	AC010706	Drosophila melanogaster chromosome X clone BACR36D15 (DB87) 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
ra00145	1059	GB_BA1 MTCY2812	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 dihydroorotidase-like (pyrX) genes, complete cds's.	Pseudomonas aeruginosa	56,080	26-Jul-93
		GB_BA1 LLPYRBDNA	1468	X84262	Leichmannii pyrB gene.	Lactobacillus leichmannii	47,514	29-Apr-97
ra00146	1464	GB_BA1 MTCY2812	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
ra00147	1302	GB_BA1 MTCY2812	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,527	18-Jun-98
		GB_BA1 MSGB937C	38914	L78820	Mycobacterium leprae cosmid B837 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	59,538	15-Jun-96
		GB_BA1 PAU81259	7285	U81259	Pseudomonas aeruginosa dihydriodipicolinate reductase (dapB) gene, partial cds, carbamoylphosphate synthetase small subunit (carA) and carbamoylphosphate synthetase large subunit (carB) genes, complete cds, and FtsL homolog (ftsL) gene, partial cds.	Pseudomonas aeruginosa	55,396	23-DEC-1996
ra00156	1233	GB_BA1 SC9B10	33320	AL009204	Streptomyces coelicolor cosmid 9B10.	Streptomyces coelicolor	52,666	10-Feb-99

丑 4-3

ra00198	672	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gmb and gld genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	glutamicum	92.113	13-MAR-1999
ra00198	672	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gmb and gld genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	93.702	13-MAR-1999
ra00216	1113	GB_EST24 A1232702	528	A1232702	EST129360 Normalized rat kidney, Bemt Soares Rattus sp. cDNA clone R1C1C3.3' end, mRNA sequence.	Rattus sp	34.221	31-Jan-99
ra00216	1113	GB_HTTG2 HSDJ850E	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in undordered pieces.	Homo sapiens	37.965	03-DEC-1999
ra00216	1113	GB_HTTG2 HSDJ850E	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in undordered pieces.	Homo sapiens	37.965	03-DEC-1999
ra00216	1113	GB_HTTG2 HSDJ850E	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in undordered pieces.	Homo sapiens	37.965	03-DEC-1999
ra00216	1113	GB_PR2 CNS01.D5A	159400	AL121756	Human chromosome 14 DNA sequence *** IN PROGRESS *** BAC R-412Hb of RPC1-11 library from chromosome 14 of Homo sapiens (Human), complete sequence.	Homo sapiens	38.796	11-Nov-99
ra00219	1065	GB_HTTG2 AC005079	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG252P22. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 undordered pieces.	Homo sapiens	38.227	22-Nov-98
ra00219	1065	GB_HTTG2 AC005079	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG252P22. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 undordered pieces.	Homo sapiens	38.227	22-Nov-98
ra00219	1065	GB_HTTG2 AC005079	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG252P22. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 undordered pieces.	Homo sapiens	38.227	22-Nov-98
ra00223	1212	GB_BA1 PPEA3JNF	19771	X99694	Plasmid pEA3 antibiotic fixation genes.	Enterobacter agglomerans	48.826	2-Aug-96
ra00223	1212	GB_BA2 AF128444	2477	AF128444	Rhodobacter capsulatus myxobacterium colodator biosynthetic gene cluster, partial sequence.	Rhodobacter capsulatus	40.135	22-MAR-1999
ra00223	1212	GB_HTTG4 AC010111	138938	AC010111	Drosophila melanogaster chromosome 3L/70C1 clone RPC198-9B18. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 64 undordered pieces.	Drosophila melanogaster	39.527	16-OCT-1999
ra00229	803	GB_BA2 AF124518	1758	AF124518	Corynebacterium glutamicum 3-dehydroquinase (aroD) and sikkimate dehydrogenase (aroE) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98.237	18-MAY-1999
ra00229	803	GB_PR3 AC004593	150221	AC004593	Homo sapiens PAC clone D10966C11 from 7p14-p15, complete sequence.	Homo sapiens	36.616	18-Apr-98
ra00229	803	GB_HTTG2 AC006907	188972	AC006907	Caenorhabditis elegans clone 7B8B12. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 25 undordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37.095	26-Feb-99
ra00241	1626	GB_BA1 ICGLYSI	4232	X60312	C.glutamicum lysI gene for L-lysine permease.	Corynebacterium glutamicum	100.000	30-Jan-92

4-4

ra00262	1197	GB_HTG1 PFMAL13P 192581	AL049180	Plasmodium falciparum chromosome 13 strain 3D7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Plasmodium falciparum	34,947	11-Aug-99	
		1 GB_HTG1 PFMAL13P 192581	AL049180	Plasmodium falciparum chromosome 13 strain 3D7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Plasmodium falciparum	34,947	11-Aug-99	
ra00266	531	GB_IN2 EHU89655	3219	U89655	Entamoeba histolytica	36,496	23-MAY-1997	
		GB_IN2 EHU89655	3219	U89655	Entamoeba histolytica	37,544	23-MAY-1997	
ra00278	1155	GB_RO AF016190	2939	AF016190	Mus musculus comexin-36 (Cx36) gene, complete cds.	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)
ra00295	1125	GB_PAT E02133	3494	E02133	gdNA encoding alkaline cellulase.	34,741	29-Sep-97	
		GB_IN1 CEI K05F6	36912	AF040653	Caenorhabditis elegans cosmid K05F6	Bacillus sp.	36,943	6-Jan-98
ra00323	1461	GB_BA1 CGU43535	2531	U43535	Corynebacterium glutamicum multidrug resistance protein (cmr) gene, complete cds.	36,658	9-Apr-97	
		GB_RO RNU30789	3510	U30789	Rattus norvegicus clone N27 mRNA.	glutamicum	38,190	20-Aug-96
ra00324	3258	GB_BA2 CGU31281	1614	U31281	Corynebacterium glutamicum biotin synthase (bioB) gene, complete cds.	Rattus norvegicus	38,190	21-Nov-96
		GB_BA1 BRLBIOBA	1647	D14084	Brevibacterium flavum gene for biotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,111	24-Jun-99
ra00330	1566	GB_PAT E03937	1005	E03937	DNA sequence encoding Brevibacterium flavum biotin-synthase.	glutamicum	98,489	3-Feb-99
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Corynebacterium glutamicum	98,207	29-Sep-97
ra00335	1554	GB_BA1 MSGB32CS	36404	L78818	Mycobacterium leprae cosmid B32 DNA sequence.	Corynebacterium glutamicum	98,207	29-Sep-97
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	35,615	24-Jun-99
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MSGB32CS	36404	L78818	Mycobacterium leprae cosmid B32 DNA sequence.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	Myco	60,917	15-Jun-96
ra00335	1554	GB_BA1 MTCY427	3811					

표 4-5

rx000347	891	GB_BA2 AF005635	1690	AF005635	Corynebacterium glutamicum glutamine synthetase (glnA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,906	14-Jun-99
		GB_BA1 MSG827CS	38793	L78817	Mycobacterium leprae cosmid B27 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	66,345	15-Jun-96
		GB_EST172 AA55217	624	AA55217	LD21828 3prime LD Drosophila melanogaster embryo POT2 Drosophila melanogaster cDNA clone LD21828 3prime, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	34,510	09-MAR-1999
		GB_BA2 SSU30252	2891	U30252	Synechococcus PCC7942 nucleoside diphosphate kinase and ORF2 protein genes, complete cds, ORF1 protein gene, partial cds, and neutral site 1 for vector use.	Synechococcus PCC7942	37,084	29-OCT-1999
		GB_EST171 AA911262	581	AA911262	oe7502 s1 NCI CGAP, L145 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 1417418 3' similar to gb A18757 URKINASE PLASMINOGEN ACTIVATOR SURFACE RECEPTOR, GPI-ANCHORED (HUMAN); mRNA sequence.	Homo sapiens	37,500	21-Apr-98
rx000351	1578	GB_BA1 MLU15187	36138	U15187	Mycobacterium leprae cosmid L296.	Mycobacterium leprae	52,972	09-MAR-1995
		GB_IN2 AC004373	72722	AC004373	Drosophila melanogaster DNA sequence (P1 DS05273 (DS0)), complete sequence.	Drosophila melanogaster	46,341	17-Jul-98
		GB_IN2 AF145653	3197	AF145653	Drosophila melanogaster clone GH08860 BcDNA GH08860	Drosophila melanogaster	49,471	14-Jun-99
rx000365	727	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	(BcDNA GH08860) mRNA, complete cds.	Corynebacterium	96,556	13-MAR-1999
		GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum glnB and glnD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	glutamicum	39,496	17-Jun-98
		GB_BA1 MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,946	16-Aug-99
		GB_BA1 SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	99,374	13-MAR-1999
rx000366	480	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum glnB and glnD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	41,333	17-Jun-98
		GB_BA1 MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,554	16-Aug-99
		GB_BA1 SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	99,312	13-MAR-1999
rx000367	4653	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum glnB and glnD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	36,971	17-Jun-98
		GB_BA1 MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,905	16-Aug-99
		GB_BA1 SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	35,843	12-Jun-93
rx000371	1917	GB_VI SBYORFS	7568	M69923	Sugarcane bacilliform virus ORF 1, 2, and 3 DNA, complete cds.	Sugarcane bacilliform virus	42,593	24-Aug-99
		GB_EST137 AI967505	380	AI967505	Ljnpes03.215-c10 Ljnp Lambda HybZap two-hybrid library Lotus japonicus cDNA clone LP215-03-c10 5' similar to 60S ribosomal protein L39, mRNA sequence.	Lotus japonicus	34,295	22-Jan-98
		GB_IN1 CELK09H9	37861	AF043700	Caenorhabditis elegans cosmid K09H9	Caenorhabditis elegans		

rx000377	1245	GB_BA1CCU13664	1678	U13664	Caulobacter crescentus urdoporphyrinogen decarboxylase homolog (hemE) gene, partial cds.	Caulobacter crescentus	36,832	24-MAR-1995
		GB_PL1:ANDSGENE	1299	Y08866	A nidulans SD gene.	Emeticella nidulans	39,603	17-OCT-1996
		GB_GSS4AQ730303	483	AQ730303	HS_5505_B1_C04_TTA RPO1.11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=1081 Col=7 Row=F, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,728	15-Jul-99
rx000382	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
rx000383	1467	GB_BA1:MLCB1222	34714	AL049491	Mycobacterium leprae cosmid B1222.	Mycobacterium leprae	43,981	27-Aug-99
		GB_HTG2AC006269	167171	AC006269	Homo sapiens chromosome 17 clone hRPK 515_E_23 map 17, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 2 ordered pieces.	Mycobacterium leprae	35,444	10-Jun-99
		GB_HTG2AC007638	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
rx000391	843	GB_EST38AW01705	613	AW017053	Schistosoma mansoni cDNA clone SMMA514 5' end, mRNA sequence.	Schistosoma mansoni	40,472	10-Sep-99
		GB_PAT:AR055852	32207	AR055852	Sequence 20 from patent US 5849564.	Unknown.	38,586	29-Sep-99
		GB_V1: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 phosphotyrosyl/ornithine decarboxylase synthase, and LAMP (LAMP) genes, complete cds.	Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus	38,509	2-Aug-99
rx000393	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
rx000402	623	GB_BA1:MLB1306	7762	Y13803	Mycobacterium leprae cosmid B1306 DNA.	Mycobacterium leprae	39,228	24-Jun-97
		GB_BA2:AF052652	2096	AF052652	Mycobacterium glutamicum homoserine O-acetyltransferase (melA) gene, complete cds.	Mycobacterium glutamicum	99,672	19-MAR-1998
		GB_BA2:AF109162	4514	AF109162	Corynebacterium diptheriae heme uptake locus, complete sequence.	Corynebacterium diptheriae	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
rx000403	1254	GB_BA2:AF052652	2096	AF052652	Corynebacterium glutamicum homoserine O-acetyltransferase (melA) 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-99
		GB_EST23:AT111288	750	AT111288	SWOV/MCAQ02A05SK Onchocerca volvulus adult male cDNA (SAW99MLW-Onchocerca volvulus OYAM) Onchocerca volvulus cDNA clone SWOV/MCAQ02A05 5' mRNA sequence.	Onchocerca volvulus	37,565	31-Aug-98

rx000405	613	GB_BA1.MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,259	23-Jun-99
		GB_PR4.ACO05145	143678	ACO05145	Homo sapiens Xp22-166-169 GSHB-523A23 (Genome Systems Human BAC library) complete sequence	Homo sapiens	34,179	08-DEC-1998
		GB_BA1.MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,169	23-Jun-99
rx000420	1587	GB_BA1.MTV13D12	37085	Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 156/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,031	17-Jun-98
		GB_BA1.MSGY126	37164	ADD00012	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y126.	Mycobacterium tuberculosis	61,902	10-DEC-1996
rx000435	1296	GB_BA1.AFACB81Z	2760	M68904	Mycobacterium leprae cosmid B97.1 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,651	15-Jun-96
		GB_BA1.MSGB971C	37566	L78821	Alcaligenes eutrophus chromosomal transketolase (cbtC) and phosphoglycerate phosphatase (cbpZ) genes, complete cds.	Ralstonia eutropha	38,677	27-Jul-94
		GB_HTG4.ACO09541	169583	ACO09541	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 25 unordered pieces.	Homo sapiens	36,335	12-OCT-1999
rx000437	579	GB_HTG4.ACO09541	169583	ACO09541	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 25 unordered pieces.	Homo sapiens	36,335	12-OCT-1999
		GB_PR4.ACO05951	155450	ACO05951	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.ACO05951	155450	ACO05951	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.372_K_20, complete sequence.	Homo sapiens	37,647	18-Nov-98
rx000439	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 (EXY3) gene, partial cds.	Rumex acetosa	46,538	17-Aug-99
		GB_HTG3.ACO09120	269445	ACO09120	Homo sapiens chromosome 16 clone RPQ1-11_484E3, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 34 unordered pieces.	Homo sapiens	43,276	3-Aug-99
rx000440	582	GB_BA2.SKZ86111	7860	Z86111	Streptomyces lividans rpf, tmdJ, pfs, sipW, sipX, sipY, sipZ, mutT genes and 4 open reading frames	Streptomyces lividans	43,080	27-OCT-1999
		GB_BA1.SCZ21	38962	AL023797	Streptomyces coelicolor cosmid 2E1.	Streptomyces coelicolor	42,931	4-Jun-98
rx000441	1287	GB_BA1.SCZ21	38962	AL023797	Streptomyces coelicolor cosmid 2E1.	Streptomyces coelicolor	36,702	4-Jun-98
		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.HSDJ719K	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.HSDJ719K	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
rx000446	987	GB_BA1.SCD78	36224	AL034355	Streptomyces coelicolor cosmid D78.	Streptomyces coelicolor	56,410	26-Nov-98
		GB_HTG4.ACO09367	226055	ACO09367	Drosophila melanogaster chromosome 3L/76A2 clone RPiC98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 44 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	34,959	16-OCT-1999
		GB_HTG4.ACO09367	226055	ACO09367	Drosophila melanogaster chromosome 3L/76A2 clone RPiC98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 44 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	34,959	16-OCT-1999

ra00448	1143	GB_PR3.AC003670	88945	AC003670	Homo sapiens 12q13.1 PAC RPCL-130F5 (Roswell Park Cancer Institute Human PAC library) complete sequence.	Homo sapiens	35,682	9-Jun-98
		GB_HTG2.AF029367	148676	AF029367	Homo sapiens chromosome 12 clone RPCL-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 RPCL-130F5 map 12q13.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 156 unordered pieces.	Homo sapiens	31,373	18-OCT-1997
ra00450	424	GB_HTG2.AC007824	133361	AC007824	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02L16 (D715) RPCL-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) RPCL-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.A818057	412	A1818057	3: similar to gb Y00764.UBIQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE 11 KD WK14A08.X1 NCI CGAP Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 2412278	Homo sapiens	35,714	24-Aug-99
ra00461	975	GB_BA1.MLCB1779	43254	Z98271	PROTEIN (HUMAN). mRNA sequence	Mycobacterium leprae	39,308	8-Aug-97
		GB_JN1.DMC8E4	29352	AL021086	Mycobacterium leprae cosmid B1779	Drosophila melanogaster	37,487	27-Apr-99
		GB_GSS15.A064032	467	A0640325	Drosophila melanogaster cosmid clone 86E4	Typanosoma brucei	38,116	8-Jul-99
ra00465					927P1-2H3 TP 927P1 Trypanosoma brucei genomic clone 927P1-2H3, genomic survey sequence.			
ra00487	1692	GB_BA1.BAGUA	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
ra00488	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.SCAJ10601	4692	AJ010601	Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for whiD and whiK loci	Streptomyces coelicolor	60,835	17-Sep-98
ra00489	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	36,756	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	36,756	03-DEC-1999
ra00533	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 CGCYSOAS	1591	X82928	C glutamicum aspartate-semialdehyde dehydrogenase gene	Corynebacterium glutamicum	99,221	17-Feb-97
		D						
		GB_PAT A07546	2112	A07546	Recombinant DNA fragment (PstI-XhoI).	synthetic construct	99,391	30-Jul-93
rx000534	1386	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
rx000536	1494	GB_BA1 CGLEUA	3492	X70959	C glutamicum gene leuA for isopropyl/maiale synthase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	10-Feb-99
		GB_BA1 MTU025	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/maiale synthase (leuA) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	68,185	26-Feb-97
rx000537	2409	GB_BA2 SCD25	41622	AL118514	Streptomyces coelicolor cosmid D25.	Streptomyces coelicolor A3(2)	63,187	21-Sep-99
		GB_BA1 MTCY7HTA	10451	Z95618	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 39/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,401	17-Jun-98
rx000541	792	GB_PAT192052	2115	192052	Mycobacterium tuberculosis phosphoribosylformylglycinamide synthase (purL) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	62,205	28-Jan-97
		GB_BA1 MLCB5	38109	Z95151	Sequence 19 from patent US 5726299.	Unknown	98,359	01-DEC-1998
		GB_BA1 MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	62,468	24-Jun-97
		GB_BA1 BAPURF	1865	X91252	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,814	17-Jun-98
rx000558	1470	GB_BA1 MLU15182	40123	U15182	B ammoniagenes purF gene.	Corynebacterium ammoniagenes	66,095	5-Jun-97
		GB_BA1 MTCY7HTA	10451	Z95618	Mycobacterium leprae cosmid B2266.	Mycobacterium leprae	64,315	09-MAR-1995
rx000579	1983	GB_PAT ARO16483	2104	ARO16483	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 39/162.	Mycobacterium tuberculosis	64,863	17-Jun-98
		EM_PAT E11273	2104	E11273	Sequence 1 from patent US 5776740.	Unknown	98,810	05-DEC-1998
		GB_PAT E12594	2104	E12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	98,810	08-OCT-1997 (Rel 52, Created)
rx000580	1425	GB_PAT E12594	2104	E12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	98,810	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)
ra00581	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
ra00584	1248	GB_BA1 CORAHP5	2570	L07603	Corynebacterium glutamicum 3-deoxy-D-arabinohexulose-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
ra00618	1230	GB_BA1 D90714	14358	D90714	Escherichia coli genomic DNA. (16.8 - 17.1 min)	Escherichia coli	53,312	7-Feb-98
		GB_EST19 AA802737	280	AA802737	GM06236 Sprieme GM Drosophila melanogaster ovary Bluescript Drosophila melanogaster cDNA clone GM06236 Sprieme, mRNA sequence	Drosophila melanogaster	39,928	25-Nov-98
		GB_EST28 A1534381	581	A1534381	SD07186 Sprieme SD Drosophila melanogaster Schneider L2 cell culture POT2 Drosophila melanogaster cDNA clone SD07186 Sprieme similar to X89858. Ani FBgn0011558 P1D 927407 SPTREMBL Q24240, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	41,136	18-MAR-1999
ra00619	1551	GB_JN1 DMANLIN	4029	X89858	D melanogaster mRNA for anillin protein.	Drosophila melanogaster	34,398	8-Nov-95
		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
ra00620	1014	GB_PL2 AF063247	1450	AF063247	Pneumocystis carinii f. sp. ratii enolase mRNA, complete cds.	Pneumocystis carinii f. sp. ratii	41,060	5-Jan-99
		GB_BA1 STMAP	2069	M91546	Streptomyces lividans aminopeptidase P (Pepp) gene, complete cds.	Streptomyces lividans	37,126	12-Jun-93
		GB_HTG3 AC008763	214575	AC008763	Homo sapiens chromosome 19 clone C11B-E1_3214H19, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 21 unordered pieces.	Homo sapiens	40,020	3-Aug-99
ra00624	810	GB_JN1 CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	36,986	2-Sep-99
		GB_EST13 AA362167	372	AA362167	EST171561 Macrophage I Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence	Homo sapiens	38,378	21-Apr-97
ra00626	1386	GB_JN1 CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	37,694	2-Sep-99
		GB_BA1 MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,571	17-Jun-98
		GB_BA1 MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	58,806	24-Jun-97
		GB_BA1 MLU15187	36138	U15187	Mycobacterium leprae cosmid L296.	Mycobacterium leprae	38,007	09-MAR-1995

ra00632	795	GB_BA1 BRLBIOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7- β -diaminopelargonic acid aminotransferase and dehydrobiotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,358	3-Feb-99
		GB_PAT E04041	675	E04041	DNA sequence coding for deshydrobiotinsynthetase	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
ra00633	1392	GB_BA1 BRLBIOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7- β -diaminopelargonic acid aminotransferase and dehydrobiotin 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 adenosymethionine-8-amino-7-oxononanoate transaminase (bioA) gene, complete cds.	Erwinia herbicola	55,564	4-Nov-96
ra00688	666	GB_BA1 MTVD41	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	98,563	3-Feb-99
		GB_BA2 MBU77912	7163	U77912	Mycobacterium bovis MBE50a gene, partial cds, and MBE50b, MBE50c, peptidase 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
ra00708	930	GB_BA2 AF157493	25454	AF157493	Zymomonas mobilis ZM4 fosmid clone 4207, complete sequence	Zymomonas mobilis	39,116	5-Jul-99
		GB_PAT J00836	1853	J00836	Sequence 1 from Patent US 47585314	Unknown	47,419	21-MAY-1993
ra00717	1083	GB_PAT E00311	1853	E00311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	47,419	29-Sep-97
		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 MITC125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	50,647	17-Jun-98
ra00718	831	GB_BA1 MITC125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,228	17-Jun-98
		GB_BA1 MITC125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,300	17-Jun-98
ra00727	1035	GB_GSS12 AQ42075	671	AQ420755	RPC1-11-168G18 TJ RPC1-11 Homo sapiens genomic clone RPC1-11-168G18, genomic survey sequence.	Homo sapiens	35,750	23-MAR-1999
		GB_HTG3 AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPC1-98	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99
		GB_HTG3 AC008332	118545	AC008332	48 D 10 map 34A-34A strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99
		GB_HTG3 AC008332	118545	AC008332	48 D 10 map 34A-34A strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99

丑 4-12

rx300865	1026	GB_PAT E14520	2001	E14520	DNA encoding Brevibacterium dithydropicolinic acid synthase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	28-Jul-99
		GB_BA1 BLDAPAB	3572	Z21502	Blactoferrumun dapa and dapB genes for dithydropicolinate synthase and dithydropicolinate reductase	Corynebacterium glutamicum	100,000	16-Aug-93
		GB_PAT E16752	1411	E16752	gDNA encoding dithydropicolinate reductase (DDPR).	Corynebacterium glutamicum	99,805	28-Jul-99
rx300867	650	GB_PAT AR038113	1411	AR038113	Sequence 18 from patent US 5804414.	Corynebacterium glutamicum	99,805	29-Sep-99
		GB_BA1 MTY002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Unknown Mycobacterium tuberculosis	39,179	17-Jun-98
		GB_BA1 MLC822	40281	Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	39,482	22-Aug-97
		GB_BA1 SAU19858	2838	U19858	Streptomyces antibioticus guanosine pentaphosphate synthetase (gps1) gene.	Streptomyces antibioticus	69,706	25-Oct-1996
rx300873	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
		GB_BA1 D78198	2304	D78198	Pimelobacter sp. DNA for trehalose synthase, complete cds.	Pimelobacter sp.	60,594	5-Feb-99
rx300884	1263	GB_BA1 MTCY253	41230	Z81368	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 106/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,785	17-Jun-98
		GB_BA1 MSGY222	41156	ADD00010	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y222.	Mycobacterium tuberculosis	38,006	03-DEC-1996
		GB_GSS15 A065460	468	A0654600	Sheared DNA-1014, TF Sheared DNA Trypanosoma brucei genomic clone	Trypanosoma brucei	33,974	22-Jun-99
rx300891	1102	GB_BA1 MTC418B	11700	Z96071	Sheared DNA-1014, genomic survey sequence.	Mycobacterium tuberculosis	63,297	18-Jun-98
		GB_BA1 SCO001206	9184	AJ001206	Streptomyces coelicolor A3(2), glycogen metabolism cluster II.	Streptomyces coelicolor	61,965	29-MAR-1999
		GB_BA1 SCO001205	9589	AJ001205	Streptomyces coelicolor A3(2) glycogen metabolism cluster I.	Streptomyces coelicolor	61,727	29-MAR-1999
rx300952	963	EM_PAT E10963	3118	E10963	gDNA encoding tryptophan synthase.	Corynebacterium glutamicum	99,688	08-OCT-1997 (Rel)
		GB_BA1 BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,847	10-Feb-99
rx300954	644	GB_PAT E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prebacterium latopneumtamm	unidentified	98,428	29-Sep-97
		GB_PAT E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,758	29-Sep-97
		GB_PAT E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prebacterium latopneumtamm	unidentified	98,758	29-Sep-97
		GB_BA1 BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,758	10-Feb-99
rx300955	1545	GB_PAT E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,372	29-Sep-97

4-13

표 4-14

rx000956	1237	GB_BA1:BLTRP GB_PAT:E01688 EM_PAT:E10963	7725 7725 3118	X04960 E01688 E10963	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon. Genomic DNA of trp operon of prepbacterium latophlethentiam. gDNA encoding tryptophan synthase	Corynebacterium glutamicum unidentified Corynebacterium glutamicum	98,372 98,242 98,949	10-Feb-99 29-Sep-97 08-OCT- 1997 (Rel. 52, Created) 10-Feb-99
rx000957	1677	GB_BA1:BLTRP GB_PAT:E01375 GB_BA1:BLTRP GB_PAT:E01375	7725 7726 7725 7726	X04960 E01375 X04960 E01375	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon. DNA sequence of tryptophan operon. Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon. DNA sequence of tryptophan operon	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum	99,107 98,945 99,165 98,927	29-Sep-97 29-Sep-97 10-Feb-99 29-Sep-97
rx000958	747	GB_PAT:E01688 GB_BA1:BLTRP GB_PAT:E01375	7725 7725 7726	E01688 X04960 E01375	Genomic DNA of trp operon of prepbacterium latophlethentiam. Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon. DNA sequence of tryptophan operon	glutamicum unidentified Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum	98,867 98,792 98,792	29-Sep-97 10-Feb-99 29-Sep-97
rx000970	1050	GB_PAT:E01688 GB_BA1:CGHOMTTHR GB_PAT:109077	7725 3685 3685	E01688 Y00546 109077	Genomic DNA of trp operon of prepbacterium latophlethentiam. Corynebacterium glutamicum hom-thrB genes for homoserine dehydrogenase and homoserine kinase. Sequence 1 from Patent WO 8809819	Corynebacterium unidentified Corynebacterium glutamicum Unknown.	98,658 99,905 99,810	29-Sep-97 12-Sep-93 02-DEC- 1994
rx000972	1458	GB_PAT:E01358 GB_PAT:E16755 GB_PAT:AR038110 GB_PAT:E14508	2615 3579 3579 3579	E01358 E16755 AR038110 E14508	DNA encoding for homoserine dehydrogenase(HDH)and homoserine kinase(HK) gDNA encoding diaminopimelate decarboxylase (DDC) and arginyl-tRNA synthase. Sequence 15 from patent US 5804414 DNA encoding Brevibacterium diaminopimelic acid decarboxylase and arginyl- tRNA synthase.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Unknown. Corynebacterium glutamicum	97,524 99,931 99,931 99,931	29-Sep-97 28-Jul-99 29-Sep-99 28-Jul-99
rx000981	753	GB_OV:GGA245664 GB_PL2:AC007887 GB_GSSI:CONSOFN W	512 159434 542	AL245664 AC007887 AL087338	Gallus gallus partial mRNA for ATP-citrate lyase (ACL gene). Genomic sequence for Arabidopsis thaliana BAC F1504 from chromosome 1. complete sequence. Arabidopsis thaliana genome survey sequence T7 end of BAC F14D7 of IGF library from strain Columbia of Arabidopsis thaliana, genomic survey sequence.	Gallus gallus Arabidopsis thaliana Arabidopsis thaliana	37,538 37,600 41,264	28-Sep-99 04-OCT- 1999 28-Jun-99
rx000989	1644	GB_BA1:MTV008 GB_BA1:SCVALSFP GB_BA1:MTV008	63033 3619 63033	AL021246 Y13070 AL021246	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 108/162. S. coelicolor valS, fpgs, nck genes. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 108/162.	Mycobacterium tuberculosis Streptomyces coelicolor Mycobacterium tuberculosis	40,773 58,119 38,167	17-Jun-98 03-MAR- 1998 17-Jun-98

rx00987	705	GB_BA2.CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline NADP+ 5-oxoreductase (proC) gene. Corynebacterium complete cds.	40,841	2-Aug-96
		GB_HTG1:CEY39C12	282838	AL009026	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y39C12. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	36,416	26-OCT-1999
rx001019	1110	GB_JN1:CEB0001	39416	Z69634	Caenorhabditis elegans cosmid B0001, complete sequence.	36,416	2-Sep-99
		GB_HTG2:AC005052	144734	AC005052	Homo sapiens clone RG038K21. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 3 unordered pieces.	39,172	12-Jun-98
		GB_HTG2:AC005052	144734	AC005052	Homo sapiens clone RG038K21. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 3 unordered pieces.	39,172	12-Jun-98
		GB_GSS9:AQ171808	512	AQ171808	HS_3179_A1_G03_T7 CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3179 Col=5 Row=M, genomic survey sequence.	34,661	17-OCT-1998
rx001026	1782	GB_BA1:SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid 1C2.	68,275	15-Jan-99
		GB_BA1:ATLEUCD	2982	X84647	Alethomyces coelicolor cosmid 1C2.	65,935	04-OCT-1995
rx001027	1131	GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 132/162.	40,454	23-Jun-99
		GB_BA1:MLCB637	44882	Z99263	Mycobacterium leprae cosmid B637.	38,636	17-Sep-97
		GB_BA1:MTCV349	43523	Z83018	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 131/162.	51,989	17-Jun-98
rx001073	954	GB_BA1:SPUNGMIUT	1172	Z21702	S. pneumoniae ung gene and mutX genes encoding uracil-DNA glycosylase and 8-oxodGTP nucleoside triphosphatase.	38,088	15-Jun-94
		GB_BA1:BACOUTB	1004	M15811	Bacillus subtilis outB gene encoding a sporulation protein, complete cds.	53,723	26-Apr-93
		GB_PR4:AC007938	167237	AC007938	Homo sapiens clone UMG-C-dis201 from T431, complete sequence.	34,322	1-Jul-99
		GB_PL2:ATA006282	92577	AC006282	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F13K3 genomic sequence, complete sequence.	36,181	13-MAR-1999
rx001079	2226	GB_BA2:AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	99,820	5-Aug-99
		GB_BA1:CANRDFGE	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	75,966	18-Apr-98
rx001080	567	GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 132/162.	38,296	23-Jun-99
		GB_BA2:AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	100,000	5-Aug-99
		GB_BA1:CANRDFGE	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	65,511	18-Apr-98
rx001087	999	GB_BA1:STNRD	4894	X73226	S. typhimurium nrdE operon.	52,477	03-MAR-1997
		GB_IN2:AF063412	1093	AF063412	Limnadia lenticularis elongation factor 1-alpha mRNA, partial cds.	43,750	29-MAR-1999
		GB_PR3:HS2MM15	134539	Z94055	Human DNA sequence from PAC Z4M15 on chromosome 1. Contains tetrasaccharin (restictin), EST.	37,475	23-Nov-99
		GB_IN2:ARU85702	1240	U85702	Anatix ralia elongation factor-1 alpha (EF-1a) gene, partial cds.	37,319	16-Jul-97

ra01095	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 RP11-3M13, WORKING DRAFT SEQUENCE, 9 unordered pieces.	Homo sapiens	36,471	19-Nov-99
		GB_HTG5:AC011632	175917	AC011632	Homo sapiens clone RP11-3M13, WORKING DRAFT SEQUENCE, 9 unordered pieces.	Homo sapiens	36,836	19-Nov-99
ra01097	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
ra01098	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
ra01100	861	GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	61,366	27-Aug-99
		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:HSDJ140A	221755	AL109917	Homo sapiens chromosome 1 clone RP1-140A, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	30,523	23-Nov-99
ra01101	756	GB_BA2:AF060558	636	AF060558	Corynebacterium glutamicum glutamine amidotransferase (hisH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	94,462	29-Apr-98
		GB_BA1:SCAG6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	38,378	23-Jul-99
		GB_BA1:STMHSOPA	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
ra01104	729	GB_BA1:STMHSOPA	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:SCAG6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	39,045	23-Jul-99
ra01105	1221	GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,364	24-Jun-99
		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
ra01106	1449	GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	60,902	27-Aug-99
		GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	37,233	10-DEC-1996

丑 4-17

ra01145	1137	GB_BA1.MSHSCD	2298	X65542	Msmegmatis genes hsdD and hsdC for histidinol dehydrogenase and histidinol-Mycobacterium smegmatis	60.111	30-Jun-93
		GB_BA1.MTCY336	32437	Z95586	phosphate aminotransferase, respectively. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 70/162.		
ra01162	1449	GB_BA1.CORAMA	4705	L09232	Corynebacterium glutamicum acetylhydroxy acid synthase (ilvB) and (ilvN) genes, and acetylhydroxy acid isomerase (ilvC) gene, complete cds.	100.000	24-Jun-99
		GB_BA1.BRLLYCA	1364	D1451	Brevibacterium flavum ilvC gene for acetylhydroxy acid isomerase, complete cds.	99.560	23-Feb-95
		GB_PAT.E08232	1017	E08232	DNA encoding acetylhydroxy acid isomerase, complete cds.	99.803	3-Feb-99
ra01208	846	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	99.803	29-Sep-97
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	38.675	06-MAR-1998
ra01209	1528	GB_PR3.AC005265	43900	AC005265	Human DNA sequence from Fosmid F19750, complete sequence.	36.204	23-Nov-99
		GB_HTG2.AC004965	323792	AC004965	Human sapiens chromosome 19, cosmid F19750, complete sequence.	38.363	6-Jul-98
ra01215	1098	GB_HTG2.AC004965	323792	AC004965	Human sapiens clone DJ1106H14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***.	36.058	12-Jun-98
		GB_HTG2.AC004965	323792	AC004965	Human sapiens clone DJ1106H14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***.	36.058	12-Jun-98
ra01239	2556	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	36.058	12-Jun-98
		GB_PR3.HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2, 4pter containing parvalbumin, ESTs, STS.	36.204	6-Jul-98
ra01253	873	GB_PAT.A60299					

rx01321	1044	GB_GSS14.AQ51894	441	AQ518943	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	194559	AC007473	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR38D12 (D590) RPCI:98 38 D 12 map 48A-48B strain Y, on bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 60 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,534	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, on bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 108 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	38,290	26-OCT-1999
rx01352	705	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 T24121 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
rx01360	259	GB_EST32.AIT25583	728	AIT25583	BNLGH112371 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_PRR2.HS227P17	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
		GB_EST34.AV171099	173	AV171099	AV171099 Mus musculus head C57BL/6J 14, 17 day embryo Mus musculus cDNA clone 3200002M11, mRNA sequence.	Mus musculus	46,237	6-Jul-99
rx01361	629	GB_RO.AB008915S1	530	AB008915	Mus musculus mGp1 gene, exon 1.	Mus musculus	45,574	28-Sep-99
		GB_EST72.AI050532	293	AI050532	uc83d10.Y1 Sigano mouse kidney nkha Mus musculus cDNA clone IMAGE:1432243 5' similar to TR.O35120 O35120 MGP1P1, mRNA sequence.	Mus musculus	44,097	9-Jul-98
rx01381	944	GB_RO.AB008895	3062	AB008895	Mus musculus mRNA for mGp1p, complete cds.	Mus musculus	41,316	23-Nov-97
		GB_PL1.AB005237	87835	AB005237	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone, MJL3, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,606	20-Nov-99
		GB_GSS5.AQ766840	491	AQ766840	HS_2026_A2_C09_TTC 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
rx01393	993	GB_BA1.CGLYSEG	2374	X96471	C.glytanicum h5E and h5G genes.	Corynebacterium glytanicum	34,831	24-Feb-97
		GB_BA1.SCSA7	40337	AL031107	Streptomyces coelicolor cosmid SA7.	Streptomyces coelicolor	35,138	27-Jul-98
		GB_PRR3.AC004054	112184	AC004054	Homo sapiens chromosome 4 clone B220G8 map 4q21, complete sequence.	Homo sapiens	37,277	9-Jul-98
rx01394	822	GB_BA1.CGLYSEG	2374	X96471	C.glytanicum h5E and h5G genes.	Corynebacterium glytanicum	100,000	24-Feb-97
		GB_GSS5.AQ769223	500	AQ769223	HS_3155_B2_G10_TTC 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

rx001416	630	GB_BA1:SC3C3	31382	AL031231	C. glutamicum lysE and lysG genes.	Corynebacterium glutamicum	33,665	24-Feb-97
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Streptomyces coelicolor cosmid 3C3.	Streptomyces coelicolor	62,726	10-Aug-98
		GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	39,159	22-Aug-97
rx001442	1347	GB_BA1:D90827	18886	D90827	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,340	17-Jun-98
		GB_BA1:D90828	14590	D90828	E. coli genomic DNA, Kohara clone #336(41' 2.41' 6 min.).	Escherichia coli	58,517	21-MAR-1997
		GB_BA2:AE000279	10855	AE000279	Escherichia coli K-12 MG1655 section 169 of 400 of the complete genome	Escherichia coli	56,151	21-MAR-1997
rx001446	1413	GB_BA1:SCH10	39524	AL049754	Streptomyces coelicolor cosmid H10.	Streptomyces coelicolor	56,021	12-Nov-98
		GB_BA1:MTY13E10	35019	Z95324	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 18/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,130	17-Jun-98
rx001483	1395	GB_BA1:MLCB4	36310	AL023514	Mycobacterium leprae cosmid B4.	Mycobacterium leprae	37,752	27-Aug-99
		GB_BA1:MTCY98	31225	Z83860	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 103/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,057	17-Jun-98
		GB_BA1:MSG81229C	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, rRNA-Asn gene, complete sequence.	Mycobacterium smegmatis	52,941	16-Jan-98
rx001486	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
rx001489	1146	GB_BA1:CORFADS	1547	D37967	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
rx001491	774	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,062	17-Jun-98
		GB_EST13:AA356956	255	AA356956	EST16614, Jurkat T-cells III Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence	Homo sapiens	37,647	21-Apr-97
		GB_OV:OMDNAPRO1	7327	X92380	O. mossambicus prolactin I gene.	Tilapia mossambica	38,289	19-OCT-1995
rx001508	1662	GB_JN1:CEF28C12	14653	Z93380	Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	37,994	23-Nov-98
		GB_JN1:CEF28C12	14653	Z93380	Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	38,469	23-Nov-98
rx001512	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

丑 4-20

표 4-21

ra01617	795	GB_BA1.MLCB1351	38936	Z95117	Mycobacterium leprae cosmid B1351	Mycobacterium leprae	36,756	24-Jun-97
		GB_PR2.HSMTM0	217657	AL034384	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197, 1J268, 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 6p22.3-23. 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, 1J268, A09100, complete sequence bases 1, 217657.	Homo sapiens	39,018	5-Jul-99
ra01657	723	GB_BA1.MTCY1A10	25949	Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 117/162	Mycobacterium tuberculosis	40,656	17-Jun-98
		GB_EST6.D79278	392	D79278	HUHM213D06B Human aorta polyA+ (TFujiiwara) Homo sapiens cDNA, clone GEN-213D06 5', mRNA sequence.	Homo sapiens	44,262	9-Feb-96
		GB_BA2.AF129925	10243	AF129925	Thiobacillus ferrooxidans carboxysome operon, complete cds.	Thiobacillus ferrooxidans	40,709	17-MAY-1999
ra01660	675	GB_BA1.MTV013	11364	AL021309	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 134/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,986	17-Jun-98
		GB_RO.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
ra01678	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
ra01679	1359	GB_EST5.H91843	362	H91843	ys81601, s1 Soares retina NZB4HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:221208, 3' similar to gb.X63749, rna1 GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN GGT1, 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 Cel2A pseudogene, partial sequence.	Gossypium robinsonii	38,910	1-Jun-99
ra01690	1224	GB_BA1.SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid IC2.	Streptomyces coelicolor	60,644	15-Jan-99
		GB_EST22.A064232	493	A064232	GH04563 Spnme GH Drosophila melanogaster head P0172 Drosophila melanogaster cDNA clone GH04563 Spnme, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	38,037	24-Nov-98
		GB_IN2.AF117896	1020	AF117896	Drosophila melanogaster neuropeptide F (nfp) gene, complete cds.	Drosophila melanogaster	36,122	2-Jul-99
ra01692	873	GB_BA2.AF067123	1034	AF067123	Lactobacillus reuteri cotranin biosynthesis protein J (cbiJ) gene, partial cds; and uroporphyrin-III C-methyltransferase (sumT) gene, complete cds.	Lactobacillus reuteri	48,079	3-Jun-98
		GB_RO.RATNHPEP	3085	M37227	Rat heavy neurofilament (NF-H) polypeptide, partial cds.	Rattus norvegicus	37,093	27-Apr-93
ra01698	1353	GB_RO.RSNFH	3085	X13804	Rat mRNA for heavy neurofilament polypeptide NF-H C-terminus.	Rattus sp	37,093	14-Jul-95
		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 (pepD) 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

ra01699	693	GB_BA1MSG937C S GB_BA2AF124600	38914 4115	L78820 AF124600	Mycobacterium leprae cosmid B937 DNA sequence. Corynebacterium glutamicum chorismate synthase (aroC), shikimate Kinase (aroK), and 3-dehydroquinate synthase (aroB) genes, complete cds, and putative cytoplasmic peptidase (papD) gene, partial cds.	Mycobacterium leprae	62,780	15-Jun-96
ra01712	805	GB_BA2AF016585 GB_EST9.C19712 GB_EST21:AA952466 278 GB_EST21:AA952466 278	41097 399 AA952466 AA952466	AF016585 C19712 AA952466 AA952466	Streptomyces caelestis cytochrome P-450 hydroxylase homolog (nld) gene, partial cds, polyketide synthase modules 1 through 7 (nldA) genes, complete cds, and N-methyltransferase homolog gene, partial cds. C19712 Rice particle at ripening stage Oryza sativa cDNA clone E10821_1A, mRNA sequence. TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi	Streptomyces caelestis Oryza sativa Trypanosoma cruzi Trypanosoma cruzi Trypanosoma cruzi	40,260 45,425 40,876 41,367	07-DEC-1997 24-OCT-1996 29-OCT-1998 29-OCT-1998
ra01719	684	GB_HTG1:HSDJ534K 7 GB_HTG1:HSDJ534K 7 GB_EST27:AA447108 431 GB_EST27:AA447108 431	154416 AL108925 AL108925 AL108925 AL108925	AL108925 AL108925 AL108925 AL108925 AL108925	Homo sapiens chromosome 1 clone RP4.534K7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces. Homo sapiens chromosome 1 clone RP4.534K7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces. mq91408 x1 Stratagene mouse heart (#937316) Mus musculus cDNA clone IMAGE386118.3, mRNA sequence. Homo sapiens PAC clone DJ1060B11 from 7q11.23-q21.1, complete sequence.	Homo sapiens Homo sapiens Mus musculus Homo sapiens	35,651 35,651 39,671 35,817	23-Nov-99 23-Nov-99 09-MAR-1999 18-MAR-1999
ra01720	1332	GB_PR4AC06322 GB_PL2.TM018A10 GB_PR4AC06322 GB_PR4AC06322	179640 106184 179640 179640	AC006322 AF013294 AC006322 AC006322	Homo sapiens PAC clone DJ1060B11 from 7q11.23-q21.1, complete sequence. Arabidopsis thaliana BAC TM018A10. Homo sapiens PAC clone DJ1060B11 from 7q11.23-q21.1, complete sequence.	Homo sapiens Arabidopsis thaliana Homo sapiens	35,817 35,698 37,243	18-MAR-1999 12-Jul-97 18-MAR-1999
ra01746	876	GB_EST3:RA6227 GB_EST3:RA6227 GB_EST3:RA6227 GB_EST3:RA6227	443 443 443 443	R46227 R46227 R46227 R46227	y952a03.s1 Soares infant brain T1NB Homo sapiens cDNA clone IMAGE36000.3, mRNA sequence. y952a03.s1 Soares infant brain T1NB Homo sapiens cDNA clone IMAGE36000.3, mRNA sequence.	Homo sapiens Homo sapiens Homo sapiens	42,812 42,655	22-MAY-1995 22-MAY-1995 22-MAY-1995
ra01747	1167	GB_BA1MTCY190 GB_BA1MLCB22 GB_BA1SC5F7 GB_BA1SC5F7	34150 40281 40024 40024	Z70283 Z98741 AL096872 AL096872	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 98/162. Mycobacterium leprae cosmid B22. Streptomyces coelicolor cosmid 5F7.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Streptomyces coelicolor	59,294 57,584 61,810	17-Jun-98 22-Aug-97 22-Jul-99
ra01757	924	GB_EST1:AA918454 GB_EST1:AA918454 GB_EST14:H34042 GB_EST14:H34042 GB_EST20:AA899038 GB_EST20:AA899038	416 416 345 345 450 450	AA918454 AA918454 H34042 H34042 AA899038 AA899038	om38402.s1 Soares, NFL T. GBC, S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE1543298.3 similar to WP_F28F8.3 CE09757, SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN E., mRNA sequence. EST110563 Rat PC-12 cells, NGF-treated (9 days) Rattus sp. cDNA clone RPNB181.5 end, mRNA sequence. NCP6G817 Peritrichal Neurospora crassa cDNA clone NPG68.3 end, mRNA sequence.	Homo sapiens Rattus sp. Neurospora crassa	39,655 35,942 40,000	23-Jun-98 2-Apr-98 12-Apr-98

ra01807	915	GB_BA1.AP000063	185300	AP000063	Aeropyrum pernix genomic DNA, section 6/7.	Aeropyrum pernix	40,067	22-Jun-99
		GB_HTG4.ACO10694	115857	ACO10694	Drosophila melanogaster clone RPC198-6H2. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 75 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,450	16-OCT-1999
		GB_HTG4.ACO10694	115857	ACO10694	Drosophila melanogaster clone RPC198-6H2. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 75 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,450	16-OCT-1999
ra01821	401	GB_BA1.CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, aml gene, cod gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	7-Jan-99
		GB_RO.RAT1ALGL	7601	M24108	Rattus norvegicus (clone A2U42) alpha2u globulin gene, exons 1-7.	Rattus norvegicus	38,692	15-DEC-1994
ra01835	654	GB_OV.AP1GY2	1381	X73272	Anas platyrhynchos (Super M) IgY upslon heavy chain gene, exon 2.	Anas platyrhynchos	36,962	15-Feb-99
		GB_EST30.A1629479	353	A1629479	486101010 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	RPC11-1412 TV RPC1-11 Homo sapiens genomic clone RPC1-11-412.	Homo sapiens	37,021	8-Apr-99
ra01850	1470	GB_BA2.ECCUW67_0	110000	U18997	genomic survey sequence. Escherichia coli K-12 chromosomal region from 67.4 to 76.0 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
ra01878	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	37,576	14-OCT-1998
ra01892	852	GB_BA1.MTCY274	39991	Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 126/162.	Mycobacterium tuberculosis	35,910	19-Jun-98
		GB_BA1.MLCB250	40603	Z97369	Mycobacterium leprae cosmid B250.	Mycobacterium leprae	64,260	27-Aug-99
		GB_BA1.MSGB1529C	36985	L78824	Mycobacterium leprae cosmid B1529 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	64,260	15-Jun-96
ra01894	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.ACO09204	115633	ACO09204	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR03E19 (D1033) RPC1-98 03.E.19 map 36E.37C strain Y. cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 94 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	31,579	18-Aug-99
ra01920	1125	GB_BA2.AF112536	1739	AF112536	Corynebacterium glutamicum ribonucleotide reductase beta-chain (nrdf) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,733	5-Aug-99
		GB_BA1.CANRDFGE	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdf, ndrI, ndrE, ndrF genes.	Corynebacterium ammoniagenes	70,321	18-Apr-98

ra01928	960	GB_BA2AF050168	1228	AF050168	Corynebacterium ammoniagenes ribonucleoside diphosphate reductase small subunit (nrdF) gene, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	72,082	23-Apr-98
		GB_BA1CGPAN	2164	X96580	C.gilvaticum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium	100,000	11-MAY-1999
		GB_PL1AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	35,917	15-Sep-99
		GB_PL1AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	33,925	15-Sep-99
ra01929	936	GB_BA1CGPAN	2164	X96580	C.gilvaticum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium	100,000	11-MAY-1999
		GB_BA1XC033548	8429	U033548	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
ra01940	1059	GB_BA1XANHRRPB6	1329	M99174	Xanthomonas campestris hrpB6 gene, complete cds	Xanthomonas campestris	39,305	14-Sep-93
		GB_JN2CFU43371	1060	U43371	Citridia fasciculata inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase (UNH) gene, complete cds	Citridia fasciculata	61,417	18-Jun-96
ra02022	1230	GB_BA2AE001467	11601	AE001467	Helicobacter pylori, strain J99 section 28 of 132 of the complete genome.	Helicobacter pylori J99	38,560	20-Jan-99
		GB_ROAF175967	3492	AF175967	Homo sapiens Leman coiled-coil protein (LCCP) mRNA, complete cds.	Mus musculus	40,275	26-Sep-99
		GB_BA1CGDAPE	1966	X81379	C.gilvaticum dapE gene and ori2	Corynebacterium	100,000	8-Aug-95
		GB_BA1CGDNMARO	2612	X85965	C.gilvaticum ORF3 and arpP gene.	Corynebacterium	38,889	30-Nov-97
ra02024	859	GB_BA1APU47055	6469	U47055	Anabaena PCC7120 nitrogen fixation proteins (nifE, nifN, nifX, nifW) genes, complete cds, and nitrogenase (nifK) and hnsA genes, partial cds.	Anabaena PCC7120	36,547	17-Feb-96
		GB_BA1MTC364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 52/162	Mycobacterium tuberculosis	59,415	17-Jun-98
		GB_BA1MSG81912C	38503	L01536	M. leprae genomic dna sequence, cosmid b1912	Mycobacterium leprae	57,093	14-Jun-96
ra02027		GB_BA1MLU15180	38675	U15180	Mycobacterium leprae cosmid B1756	Mycobacterium leprae	57,210	09-MAR-1995
ra02031								
ra02072	1464	GB_BA1CGGDHA	2037	X72855	C.gilvaticum GDHA gene.	Corynebacterium	99,317	24-MAY-1993
		GB_BA1CGGDH	2037	X59404	Corynebacterium gilvaticum, gdh gen for glutamate dehydrogenase.	Corynebacterium	94,387	30-Jul-99
		GB_BA1PAE18494	1628	Y18494	Pseudomonas aeruginosa gdhA gene, strain PAC1.	Pseudomonas aeruginosa	62,247	6-Feb-99

4-25

rx02085	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	29-MAY-1995
rx02093	927	GB_EST14:AAA448146	452	AA448146	zw82h01.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:782737	Homo sapiens	34,163	4-Jun-97
		GB_EST17:AA641937	444	AA641937	5', mRNA sequence.	Homo sapiens	35,586	27-OCT-1997
		GB_PR3:AC003074	143029	AC003074	Human PAC clone DJ0596009 from 7p15, complete sequence.	Homo sapiens	31,917	6-Nov-97
rx02106	1179	GB_BA1:SC1A6	37620	AL023496	Streptomyces coelicolor cosmid 1A6.	Streptomyces coelicolor	35,818	13-Jan-99
		GB_PR4:AC005553	179551	AC005553	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.112.J.9, complete sequence.	Homo sapiens	34,274	31-DEC-1998
		GB_EST3:RA9746	397	R49746	y071010.r1 Soares infant brain T1NB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:38768.5 similar to gb:V00567.BETA-2-MICROGLOBULIN	Homo sapiens	41,162	18-MAY-1995
		GB_BA1:SC6G10	36734	AL049497	PRECURSORS (HUMAN).. mRNA sequence.	Streptomyces coelicolor	50,791	24-MAR-1999
rx02111	1407	GB_BA1:U00010	41171	U00010	Streptomyces coelicolor cosmid BG10.	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
rx02112	960	GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR09D08 (D11101) RPC1:98 Drosophila melanogaster 09 D 8 map 96F:96F strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS	Drosophila melanogaster	37,909	24-Sep-99
		GB_GSS3:B09839	1191	B09839	***, 121 unordered pieces.	Arabidopsis thaliana	37,843	14-MAY-1997
		GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	TT2A12-Sp6 TAMU Arabidopsis thaliana genomic clone TT2A12, genomic survey sequence	Arabidopsis thaliana	37,909	24-Sep-99
		GB_EST132:AT731596	568	AT731596	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR09D08 (D11101) RPC1:98 Drosophila melanogaster 09 D 8 map 96F:96F strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS	Streptomyces coelicolor	36,533	02-MAR-1998
rx02134	1044	GB_BA1:SCSECYDN	6154	X83011	S coelicolor secY locus DNA.	Streptomyces coelicolor	36,533	11-Jun-99
		GB_BA1:SCSECYDN	6154	X83011	sequence.	Streptomyces coelicolor	36,756	02-MAR-1998
rx02135	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:ATF2IP8	85765	AL022347	Arabidopsis thaliana DNA chromosome 4, BAC clone F21P8 (ESSA project).	Arabidopsis thaliana	34,325	9-Jun-99
		GB_PL2:U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana BAC TT123, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	33,874	26-Jun-98

ra02136	645	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	AC005278	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F15K9 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	31,260	7-Nov-98
		GB_PL2.U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana BAC T7123, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,281	26-Jun-98
ra02139	1962	GB_BA1.MTC190	34150	Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 98/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,904	17-Jun-98
		GB_BA1.MSGB1554C 36548	L78814		Mycobacterium leprae cosmid B1554 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
		S						
		GB_BA1.MSGB1551C 36548	L78813		Mycobacterium leprae cosmid B1551 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
ra02153	903	S						
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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.AFO05242	1044	AFO05242	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase (argC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,224	2-Jul-97
		GB_BA1.CGARGCJB	4355	X86157	C glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
ra02154	414	D						
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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.AFO05242	1044	AFO05242	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase (argC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,477	2-Jul-97
		GB_BA1.CGARGCJB	4355	X86157	C glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
ra02155	1287	D						
		GB_BA1.CGARGCJB	4355	X86157	C glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99,767	25-Jul-96
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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
		D						
		GB_BA1.MSGB1133C 42106	L78811		Mycobacterium leprae cosmid B1133 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	55,504	15-Jun-96
ra02156	1074	S						
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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

ra02157	1236	GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100.000	25-Jul-96
		D GB_BA2:AE001816	10007	AE001816	Thermotoga maritima section 128 of 136 of the complete genome.	Thermotoga maritima	50.238	2-Jun-99
ra02158	1080	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99.612	25-Jul-96
ra02159	636	GB_BA1:MTCY06H11	38000	Z85982	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 73/162.	Myco	57.278	17-Jun-98
		GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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
ra02160	1326	GB_BA2:AF031518	2045	AF031518	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99.898	5-Jan-99
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100.000	25-Jul-96
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99.843	1-Jul-98
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	88.679	5-Jan-99
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100.000	5-Jan-99
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99.774	1-Jul-98
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	88.679	5-Jan-99
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100.000	5-Jan-99
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate 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	99.834	19-Nov-97
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99.834	19-Nov-97
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	88.524	22-Apr-96
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	88.524	22-Apr-96

	GB_BA2 AF046764	1437	AF048764	Corynebacterium glutamicum argininosuccinate lyase (argH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	87,561	1-Jul-98
	GB_BA1 MTCY08H11	38000	Z85982	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 73/162.	Mycobacterium tuberculosis	64,732	17-Jun-98
ra02176	GB_BA1 MTCY31	37630	Z73101	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 41/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,998	17-Jun-98
	GB_BA1 CGGLTG	3013	X66112	C.glytamicum glt gene for citrate synthase and ORF	Corynebacterium glutamicum	39,910	17-Feb-95
	GB_PL2 PGU65399	2700	U65399	Basidiomycete CECT 20197 phenoloxidase (pox1) gene, complete cds.	basidiomycete CECT 20197	38,474	19-Jul-97
ra02189	GB_PR3 AC002468	115888	AC002468	Human Chromosome 15q26.1 PAC clone PDJ417d7, complete sequence.	Homo sapiens	35,941	16-Sep-98
	GB_BA1 MMSG1970C	39399	L78815	Mycobacterium leprae cosmid B1970 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	40,286	15-Jun-96
	GB_PR3 AC002468	115888	AC002468	Human Chromosome 15q26.1 PAC clone PDJ417d7, complete sequence.	Homo sapiens	33,689	16-Sep-98
ra02193	GB_BA1 BRLASPA	1987	D25316	Brevibacterium flavum aspa gene for aspartase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,353	6-Feb-99
	GB_PAT E04307	1581	E04307	DNA encoding Brevibacterium flavum aspartase.	Corynebacterium glutamicum	99,367	29-Sep-97
	GB_BA1 ECOUW93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes.	Escherichia coli	37,651	17-Apr-96
ra02194	GB_BA2 AF050166	840	AF050166	Corynebacterium glutamicum ATP-phosphotransferase (hisG) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,214	5-Jan-99
	GB_BA1 BRLASPA	1987	D25316	Brevibacterium flavum aspa gene for aspartase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	93,805	6-Feb-99
	GB_PAT E08649	188	E08649	DNA encoding part of aspartase from coryneform bacteria.	Corynebacterium glutamicum	100,000	29-Sep-97
ra02195	GB_BA2 AF086704	264	AF086704	Corynebacterium glutamicum phosphotransferase (hisE) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	8-Feb-99
	GB_BA1 EAY17145	6019	Y17145	Eubacterium acidaminophilum gtrR, gtrI, gtrJ genes and partial ldc, gtrT genes.	Eubacterium acidaminophilum	39,075	5-Aug-98
	GB_STS G01195	332	G01195	fruit fly STS Dm1930 clone DS06959 17.	Drosophila melanogaster	35,542	28-Feb-95
ra02197	GB_BA1 MTCY261	27322	Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 95/162.	Mycobacterium tuberculosis	33,938	17-Jun-98
	GB_BA1 MLCB2533	40245	AL035310	Mycobacterium leprae cosmid B2533.	Mycobacterium leprae	65,517	27-Aug-99
	GB_BA1 U00017	42157	U00017	Mycobacterium leprae cosmid B2126.	Mycobacterium leprae	36,770	01-MAR-1994
ra02198	GB_BA1 U00017	42157	U00017	Mycobacterium leprae cosmid B2126.	Mycobacterium leprae	38,674	01-MAR-1994
	GB_BA1 MLCB2533	40245	AL035310	Mycobacterium leprae cosmid B2533.	Mycobacterium leprae	65,465	27-Aug-99
	GB_BA1 MTCY261	27322	Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 95/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,577	17-Jun-98
ra02208	GB_BA1 U00017	42157	U00017	Mycobacterium leprae cosmid B2126.	Mycobacterium leprae	59,823	01-MAR-1994
	GB_BA1 AP000063	185300	AP000063	Aeropyrum pernix genomic DNA, section 67.	Aeropyrum pernix	39,442	22-Jun-99

		GB_PR4AC006236	127593	AC006236	Homo sapiens chromosome 17, clone hC17_162_E_12, complete sequence.	Homo sapiens	37,191	29-DEC-1998
ra02229	948	GB_BA1MSGY154	40221	AD000002	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y154.	Mycobacterium tuberculosis	53,541	03-DEC-1996
		GB_BA1MTCY154	13935	Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 121/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,407	17-Jun-98
		GB_BA1U00019	36033	U00019	Mycobacterium leprae cosmid B2235.	Mycobacterium leprae	40,541	01-MAR-1994
ra02234	3462	GB_BA1MSGB937C	38914	L78820	Mycobacterium leprae cosmid B937 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	66,027	15-Jun-96
		GB_BA1MTCY2812	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	71,723	18-Jun-98
		GB_BA2U01072	4393	U01072	Mycobacterium bovis BCG ovidine-5'-monophosphate decarboxylase (uraA) gene.	Mycobacterium bovis	67,101	22-DEC-1993
ra02235	727	GB_BA1MSU91572	960	U91572	Mycobacterium smegmatis carbamoyl phosphate synthetase (pyrAB) gene, partial cds and ovidine 5'-monophosphate decarboxylase (pyrF) gene, complete cds.	Mycobacterium smegmatis	60,870	22-MAR-1997
		GB_HTG3AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99
		GB_HTG3AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99
ra02237	693	GB_BA1MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,844	23-Jun-98
		GB_BA2AF077324	5228	AF077324	Rhodococcus equi strain 103 plasmid RE-VPI fragment f.	Rhodococcus equi	41,185	5-Nov-98
		GB_EST722AU017763	596	AU017763	AU017763 Mouse two-cell stage embryo cDNA Mus musculus cDNA, clone J074A04.3, mRNA sequence.	Mus musculus	38,616	19-OCT-1998
ra02239	1389	GB_BA1MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	56,282	23-Jun-98
		GB_HTG3AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99
		GB_HTG3AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99
ra02240	1344	EM_PAT.E09855	1239	E09855	gDNA encoding S-adenosylmethionine synthetase.	Corynebacterium glutamicum	99,515	07-OCT-1997 (Rel. 52, Created 05-MAR-1997)
		GB_PAT.A37831	5392	A37831	Sequence 1 from Patent WO9408014.	Streptomyces pristinaespiralis	63,568	1997
ra02246	1107	GB_BA2AF117274	2303	AF117274	Streptomyces spectabilis flavoprotein homolog Dfp (dfp) gene, partial cds, and Streptomyces spectabilis S-adenosylmethionine synthetase (metK) gene, complete cds.	Streptomyces spectabilis	65,000	31-MAR-1999
		EM_BA1AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for tb operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created 52, Created)

ra02247	756	GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphatase cyclohydrolase and riboflavin synthase	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	29-Sep-97
		GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	52,909	6-Feb-97
		GB_PAT:132743	2689	132743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	57,937	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	57,937	03-OCT-1997 (Rel)
						Unknown.	57,937	52, Created
ra02248	1389	GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	61,843	6-Feb-97
		GB_PAT:132742	5589	132742	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)
						Unknown.	61,843	52, Created
						Unknown.	61,843	29-Sep-97
ra02249	600	GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphatase cyclohydrolase and riboflavin synthase	Corynebacterium ammoniagenes	64,346	29-Sep-97
		GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97
		GB_PAT:132743	2689	132743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97
		GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphatase cyclohydrolase and riboflavin synthase	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	29-Sep-97
ra02250	643	GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	56,318	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	03-OCT-1997 (Rel)
						Unknown.	56,318	52, Created
						Unknown.	56,318	7-Jan-99
ra02262	1269	GB_BA1:CGLO07732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	29-MAY-1996
		GB_BA1:CGAMTGEN	2028	X93513	C. glutamicum amt gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	10-Feb-99
		E				human herpesvirus 5	38,651	7-Jan-99
ra02263	488	GB_VIHCHMCG	229354	X17403	Human cytomegalovirus strain AD169 complete genome	human herpesvirus 5	100,000	7-Jan-99
		GB_BA1:CGLO07732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	37,526	
		GB_BA1:CGLO07732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	37,526	
ra02272	1368	EM_PAT:E09373	1591	E09373	Creatinine deaminase gene.	Bacillus sp	96,928	08-OCT-1997 (Rel)
						Bacillus sp	96,781	52, Created
		GB_BA1:038505	1591	D38505	Bacillus sp. gene for creatinine deaminase, complete cds.	Bacillus sp	96,781	7-Aug-98
		GB_HTCZAC006595	146070	AC006595	Homo sapiens *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 4 unordered pieces.	Homo sapiens	36,264	17-MAR-1999
ra02281	1545	GB_GSS12:AC041101	551	AC041101	HS_2257_B1_H02_MR CT Approved Human Genome Sperm Library D	Homo sapiens	36,197	
		0			Homo sapiens genomic clone Plate=2257 Col=3 Row=P, genomic survey sequence.			

GB_EST23.A1128623	363	A1128623	q62c01.s1 Soares fetal heart, NBH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1691328.3, mRNA sequence.	Homo sapiens	37,017	05-OCT-1998
GB_PL2.ATAC007019	102335	AC007019	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F708 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	33,988	16-MAR-1999
GB_BA2.AF116184	540	AF116184	Corynebacterium glutamicum L-aspartate-alpha-decarboxylase precursor (pand) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	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=1, genomic survey sequence.	Homo sapiens	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	3-Sep-96
GB_HTG4.AC006091	176878	AC006091	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48G05 (D475) RPC1-98 48 G, 5 map 91F1-91F13 strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 4 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	36,454	27-OCT-1999
GB_HTG4.AC006091	176878	AC006091	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48G05 (D475) RPC1-98 48 G, 5 map 91F1-91F13 strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 4 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	36,454	27-OCT-1999
GB_BA2.RF065510	16259	U65510	Rhodospirillum rubrum CO ₂ -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
GB_BA1.MSGY224	40051	AD0000004	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	AD0000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	38,150	03-DEC-1996
GB_HTG3.ACO11348	111083	ACO11348	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	35,821	06-OCT-1999
GB_HTG3.ACO11348	111083	ACO11348	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	35,821	06-OCT-1999
GB_HTG3.ACO11412	89234	ACO11412	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT9785KB_81K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	36,181	06-OCT-1999
GB_BA1.MSGY224	40051	AD0000004	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.A117213	476	A117213	ub83h02.r1 Soares 2NbMT Mus musculus cDNA clone IMAGE:1395123 5' mRNA sequence.	Mus musculus	35,084	2-Sep-98

ra02345	1320	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B ammoniagenes purk and purf 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
		GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 141/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,847	10-Feb-99
ra02350	618	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B ammoniagenes purk and purf genes	Corynebacterium ammoniagenes	64,286	14-Jan-97
		GB_PL1:SC130KBXV	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
ra02373	1038	GB_PAT:EO0311	1853	EO0311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	56,123	29-Sep-97
		GB_PAT:106030	1853	106030	Sequence 4 from Patent EP 0305608.	Unknown.	56,220	02-DEC-1994
		GB_PAT:100836	1853	100836	Sequence 1 from Patent US 4758514.	Unknown.	56,220	21-MAY-1993
ra02375	1350	GB_BA2:CGU31230	3005	U31230	Corynebacterium glutamicum Olg protein homolog gene, partial cds, gamma glutamyl kinase (proB) gene, complete cds, and (unkd) 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
ra02380	777	GB_BA1:MTCY253	41230	Z81368	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 106/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,088	17-Jun-98
		GB_HTG4:AC010658	120754	AC010658	Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPC198-3820, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 78 unordered pieces	Drosophila melanogaster	35,817	16-OCT-1999
		GB_HTG4:AC010658	120754	AC010658	Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPC198-3820, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 78 unordered pieces	Drosophila melanogaster	35,817	16-OCT-1999
ra02382	1419	GB_BA1:CGPROAGE	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 Olg protein homolog gene, partial cds, gamma glutamyl kinase (proB) gene, complete cds, and (unkd) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,529	2-Aug-96
ra02400	693	GB_BA1:CGACEA	2427	X75504	C glutamicum acdA gene and thx genes (partial)	Corynebacterium glutamicum	100,000	9-Sep-94
		GB_PAT:186191	2135	186191	Sequence 3 from patent US 5700661.	Unknown.	100,000	10-Jun-98
		GB_PAT:113693	2135	113693	Sequence 3 from patent US 5439822.	Unknown.	100,000	26-Sep-95
ra02432	1098	GB_GSS15:AC060684	574	AC0606842	HS_5404_B2_E07_77A RPC1-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=980 Col=14 Row=J, genomic survey sequence.	Homo sapiens	39,716	10-Jun-99

4-33

		GB_EST1:T05804	406	T05804	EST03693 Fetal brain, Striagene (ca#936206) Homo sapiens cDNA clone	Homo sapiens	37,915	30-Jun-93
		GB_PL1AB006699	77363	AB006699	HFB063 similar to EST containing Alu repeat, mRNA sequence	Arabidopsis thaliana	35,526	20-Nov-99
ra02458	1413	GB_BA2AF114233	1852	AF114233	complete sequence	Corynebacterium	100,000	7-Feb-99
		GB_EST37AM01306	578	AW013061	Corynebacterium glutamicum 5-adenylylhistidinilate 3-phosphate synthase (hpaA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,175	10-Sep-99
		1			0033 5' similar to FRUCTOSE-BISPHOSPHATE ALDOLASE B (LIVER), mRNA sequence	Pleurococcus americanus		
		GB_GS515AC065002	728	AC0650027	Sheared DNA-SL2 TF Sheared DNA Trypanosoma brucei genomic clone	Trypanosoma brucei	39,281	22-Jun-99
ra02469	1554	GB_BA1MTCY359	36021	Z83859	Sheared DNA-SL2 genomic survey sequence.	Mycobacterium	39,634	17-Jun-98
		7			Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 84/162.	Mycobacterium tuberculosis	59,343	27-Aug-99
		GB_BA1MLCB1788	39228	AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788	Mycobacterium leprae	48,899	17-Sep-98
		GB_BA1SCA10601	4692	AJ010601	Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for wHID and wHik loci.	Streptomyces coelicolor	96,445	2-Aug-96
ra02497	1050	GB_BA2CGU31224	422	U31224	Corynebacterium glutamicum (ppx) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	59,429	17-Jun-98
		GB_BA1MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,510	10-MAY-1999
		GB_BA1SCE7	16911	AL049819	Streptomyces coelicolor cosmid E7.	Streptomyces coelicolor	97,749	2-Aug-96
ra02499	933	GB_BA2CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline NADP+ 5-oxoreductase (proC) gene.	Corynebacterium glutamicum	43,249	30-Sep-93
		GB_BA1NG17PILA	1920	X13965	complete cds.	Neisseria gonorrhoeae	33,406	2-Aug-99
		GB_HTG2AC007984	129715	AC007984	Neisseria gonorrhoeae piliA gene.	Diosiphila melanogaster		
		05 C.10 map 97D-97E strain Y. cn lw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 87 unordered pieces.						
ra02501	1188	GB_BA1MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,357	17-Jun-98
		GB_BA1U00018	42991	U00018	Mycobacterium leprae cosmid B2168.	Mycobacterium leprae	51,768	01-MAR-1994
ra02503	522	GB_VIHE1CG	152261	X14112	Herpes simplex virus (HSV) type 1 complete genome.	human herpesvirus 1	39,378	17-Apr-97
		GB_PRR3AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26650, complete sequence.	Homo sapiens	39,922	28-Jul-98
		GB_PRR3AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26634, complete sequence.	Homo sapiens	34,911	3-Sep-98
		GB_PRR3AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26660, complete sequence.	Homo sapiens	54,940	28-Jul-98
ra02504	681	GB_BA1MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	41,265	17-Jun-98
		GB_PRR3AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26660, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	28-Jul-98
		GB_PRR3AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26634, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	3-Sep-98
ra02516	1386	GB_BA1MLCL536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium leprae	37,723	04-DEC-1998
		GB_BA1U00013	35681	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1496.	Mycobacterium leprae	37,723	01-MAR-1994

rx02517	570	GB_BA1:MLC1536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 64/162.	61,335	17-Jun-98
		GB_BA1:U00013	35681	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1456.	Mycobacterium tuberculosis	37,018	04-DEC-1998
rx02532	1170	GB_BA1:SCC22	22115	AL096839	Streptomyces coelicolor cosmid C22.	Mycobacterium leprae	37,018	01-MAR-1994
		GB_OV:AF137219	831	AF137219	Amia calva mixed lineage leukemia-like protein (Mll) gene, partial cds.	Streptomyces coelicolor	37,071	12-Jul-99
		GB_EST30:AF645057	301	AF645057	v552a10.1 Striatagene mouse T cell 937311 Mus musculus cDNA clone	Amia calva	36,853	7-Sep-99
		GB_EST20:AA822595	429	AA822595	MAGE.1148982.5, mRNA sequence.	Mus musculus	41,860	29-Apr-99
rx02536	879	GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	v552a10.1 Striatagene mouse T cell 937311 Mus musculus cDNA clone	Mus musculus	42,353	17-Feb-98
		GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	MAGE.1148982.5, mRNA sequence.	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999
		GB_PL1:ATT1215	84499	AL035522	Homo sapiens chromosome 8 clone PAC 172N13 map 8q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999
rx02550	1434	GB_BA1:MTCV279	9150	Z97991	Atabidopsis thaliana DNA chromosome 4, BAC clone 112J5 (ESSAII project)	Atabidopsis thaliana	35,063	24-Feb-99
		GB_BA1:MSG81970C	39399	L78815	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 17/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,773	17-Jun-98
		GB_BA2:SC2H4	25970	AL031514	Mycobacterium leprae cosmid B1970 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,024	15-Jun-96
rx02559	1026	GB_PAT1:28684	5100	I28684	Streptomyces coelicolor cosmid 2H4.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,906	19-OCT-1999
		GB_BA1:MTU27357	5100	I27357	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 144/162.	Mycobacterium tuberculosis	47,358	18-Jun-98
rx02622	1683	GB_BA2:AE001780	11997	AE001780	Sequence 1 from patent US 5573915.	Mycobacterium tuberculosis	39,138	6-Feb-97
		GB_OV:AF064564	49254	AF064564	Mycobacterium tuberculosis cyclopropane mycolic acid synthase (cma1) gene, complete cds.	Unknown.	39,138	26-Sep-95
		GB_OV:AF064564	49254	AF064564	Thermotoga maritima section 92 of 136 of the complete genome.	Mycobacterium tuberculosis	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.	Thermotoga maritima	39,732	17-Aug-99
rx02623	714	GB_GSS5:AQ818728	444	AQ818728	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
		GB_HTG5:AC011083	198586	AC011083	HS_5298, A1_G09, SP6E RPOC11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=844 Col=17 Row=M, genomic survey sequence.	Homo sapiens	38,801	26-Aug-99
		GB_GSS6:AQ826948	544	AQ826948	Homo sapiens chromosome 9 clone RP11-111M7 map 9, WORKING DRAFT SEQUENCE, 51 unordered pieces.	Homo sapiens	35,714	19-Nov-99
					HS_5014, A2_C12_17A RPOC11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=590 Col=24 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	39,146	27-Aug-99

표 4-35

rx002629	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
rx002645	1933	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
rx002646	1392	GB_BA1.CORILYA	1925	L01508	Corynebacterium glutamicum theonine dehydratase (tva) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,130	26-Apr-93
		GB_BA1.CORILYA	1925	L01508	Corynebacterium glutamicum theonine dehydratase (tva) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,138	26-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
rx002648	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	mx91c06.r1 Soares mouse NML Mus musculus cDNA clone IMAGE 693706 5', mRNA sequence.	Mus musculus	38,655	20-MAR-1997
rx002653		GB_GSS8.AQ006950	480	AC006950	CIT-HSP-2294E14 TR CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2294E14, genomic survey sequence	Homo sapiens	36,074	27-Jun-98
rx002687	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
rx002717	1005	GB_PL1.HVCH4H	59748	Y14573	Hordeum vulgare DNA for chromosome 4H.	Hordeum vulgare	36,593	25-MAR-1999
		GB_PRR2.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_PRR3.AC004754	39188	AC004754	Homo sapiens chromosome 16, cosmid clone RT286 (LANL), complete sequence.	Homo sapiens	36,089	28-MAY-1998
rx002734	1461	GB_HTG2.AC008223	130212	AC008223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR16118 (DB15) RPC1-98 161,18 map 95A-95A strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 101 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	32,757	2-Aug-99

		GB_HTG2.ACO08223	130212	ACO08223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR1618 (D815) RPC1-98 16.118 map 95A-95A strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 101 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	32,757	2-Aug-99
		GB_BA1.MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 141/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,838	10-Feb-99
ra02758	1422	GB_HTG5.ACO11678	171967	ACO11678	Homo sapiens clone 14_B_7.*** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 20 unordered pieces.	Homo sapiens	35,331	5-Nov-99
		GB_HTG5.ACO11678	171967	ACO11678	Homo sapiens clone 14_B_7.*** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 20 unordered pieces.	Homo sapiens	33,807	5-Nov-99
		GB_BA2.AFO64070	23183	AFO64070	Burkholderia pseudomallei putative dihydroorotase (pyrC) gene, partial cds; putative 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (lplC), putative diadenosine tetraphosphatase (lplH), complete cds; type II O-antigen biosynthesis gene cluster, complete sequence, putative undecaprenyl phosphate N-acylglycosaminyltransferase, and putative UDP-glucose 4-epimerase genes, complete cds, and putative galactosyl transferase gene, partial cds.	Burkholderia pseudomallei	36,929	20-Jan-99
ra02771	678	GB_BA2.AFO38651	4077	AFO38651	Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dclAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apb) and GTP pyrophosphokinase (rel) genes, complete cds, and unknown gene.	Corynebacterium glutamicum	99,852	14-Sep-98
		GB_IN1.CELT19B4	37121	U80438	Caenorhabditis elegans cosmid T119B4.	Caenorhabditis elegans	43,836	04-DEC-1996
		GB_EST36.AV193572	360	AV193572	AV193572 Yuii Konara unpublished cDNA. Strain N2 hermaphrodite embryo Caenorhabditis elegans cDNA clone yk618h8 5'. mRNA sequence.	Caenorhabditis elegans	48,588	22-Jul-99
ra02772	1158	GB_BA2.AFO38651	4077	AFO38651	Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dclAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apb) and GTP pyrophosphokinase (rel) genes, complete cds, and unknown gene.	Corynebacterium glutamicum	99,914	14-Sep-98
		GB_BA1.MTCY227	35946	Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 114/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,339	17-Jun-98
		GB_BA1.U00011	40429	U00011	Mycobacterium leprae cosmid B1177.	Mycobacterium leprae	38,996	01-MAR-1994
ra02790	1266	GB_BA1.MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,640	17-Jun-98
		GB_PRR4.ACO06581	172931	ACO06581	Homo sapiens 12p21 BAC RPC11-259018 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC library) complete sequence.	Homo sapiens	37,906	3-Jun-99
		GB_PRR4.ACO06581	172931	ACO06581	Homo sapiens 12p21 BAC RPC11-259018 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC library) complete sequence.	Homo sapiens	35,280	3-Jun-99
ra02791	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 (ck2), mRNA, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	38,937	28-Apr-93
		GB_BA1.MSASDASK	5037	Z17372	M smegmatis asd, ask-alpha, and ask-beta genes.	Gallus gallus	38,495	9-Aug-94
ra02802	1194	GB_EST24.A1223401	169	A1223401	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

표 4-37

rx02814	494	GB_EST24AI223401	169	AI223401	9948901 x1 Soares, Jettis, NHT Homo sapiens cDNA, clone IMAGE:1838448 3' similar to WP_C25D7.8 CE08394.1; mRNA sequence.	Homo sapiens	40,828	27-OCT-1998
		GB_BA1.MTCV7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 138/162	Mycobacterium tuberculosis	58,418	17-Jun-98
		GB_BA1.MTCV7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 138/162	Mycobacterium tuberculosis	40,496	17-Jun-98
rx02843	608	GB_PR1.HSAJ2962	778	AJ002962	Homo sapiens mRNA for hB-FABP	Homo sapiens	39,826	8-Jan-98
		GB_BA1.CGAJ4934	1160	AJ004934	Corynebacterium glutamicum dapD gene, complete CDS	Corynebacterium glutamicum	100,000	17-Jun-98
		GB_BA1.MTC364	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
rx03205	963	GB_BA1.BLSGBGN	2906	Z49824	B lactoferrin ori1 gene and sigB gene.	Corynebacterium glutamicum	854	25-Apr-96
		GB_EST21.AA980237	377	AA980237	IMAGE:1348414 5' similar to TR:Q61025 Q61025 HYPOTHETICAL 15.2 KD PROTEIN.1; mRNA sequence.	Mus musculus	41,489	27-MAY-1998
		GB_EST23.A158316	371	A158316	IMAGE:1447112 5' similar to TR:Q61025 Q61025 HYPOTHETICAL 15.2 KD PROTEIN.1; mRNA sequence.	Mus musculus	38,005	30-Sep-98
rx03223	1237	GB_JN1.LMFLZ743	38368	AL031910	Leishmania major Friedlin chromosome 4 cosmid L2743.	Leishmania major	39,859	15-DEC-1999
		GB_PR3.HSDJ61B2	119566	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 (230240KD), 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	119566	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 (230240KD), an exon of a gene similar to murine MACF cytoskeletal protein, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	34,634	17-DEC-1999

실시예

실시예 1: 코리네박테리움 글루타미쿰 ATCC 13032의 전체 게놈 DNA의 프래그

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 MgSO₄ × 7 H₂O, 10 ml/L KH₂PO₄ 용액 (100 g/L, KOH를 사용하여 pH 6.7로 조절), 50 ml/L M12 농축물 (10 g/L (NH₄)₂SO₄, 1 g/L NaCl, 2 g/L MgSO₄ × 7 H₂O, 0.2 g/L CaCl₂, 0.5 g/L 효모 추출물 (Difco 제품), 10 ml/L 미량 원소 혼합물 (200 mg/L FeSO₄ × H₂O, 10 mg/L ZnSO₄ × 7 H₂O, 3 mg/L MnCl₂ × 4 H₂O, 30 mg/L H₃BO₃, 20 mg/L CoCl₂ × 6 H₂O, 1 mg/L NiCl₂ × 6 H₂O, 3 mg/L Na₂MoO₄ × 2 H₂O, 500 mg/L 착화제 (EDTA 또는 시트르산), 100 ml/L 비타민 혼합물 (0.2 mg/L 비오틴, 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 히드

로클로라이드, 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 µg/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 µg/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 헤라우스 소재의 Biofuge Fresco 제품)하여 DNA를 수집했다. DNA 펠렛을 TE-완충액 중에 용해했다. 이 방법으로 프래밍된 DNA를 서던 블롯팅 또는 게놈 라이브러리 제작 등의 모든 목적에 이용했다.

<213> **실시예 2: 대장균에서 코리네박테리움 글루타미쿰 ATCC13032의 게놈 라이브러리 제작**

<214> 실시예 1에 기재한 바와 같이 프래밍된 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.

<215> 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.

<216> **실시예 3: DNA 서열분석 및 컴퓨터를 이용한 기능 분석**

<217> 실시예 2에 기재한 바와 같은 게놈 라이브러리를 사용하여, 표준 방법에 따른 DNA 서열분석, 특히 ABI377 서열분석기를 사용한 쉘 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 1157) 또는 5'-GTAAACACGCGCCAGT-3' (서열 1158).

<218> **실시예 4: 생체내 돌연변이유발법**

<219> 코리네박테리움 글루타미쿰의 생체내 돌연변이유발법은 완전한 유전 정보 유지 능력이 손상된 대장균 또는 다른 미생물 (예를 들면, 바실루스 중 또는 사카로마이세스 세레비지에 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]을 참조한다)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.

<220> **실시예 5: 대장균과 코리네박테리움 글루타미쿰 사이의 DNA 전달**

<221> 여러 코리네박테리움 및 브레비박테리움 종은 자율적으로 복제되는 내인성 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 서틀 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 중에서 단리한 내인성 플라스미드로부터 얻는 것이 바람직하다. 특히, 상기 종에 관한 형질전환 마커로 사용하는 유전자는 카나마이신 내성 유전자 (예를 들면, Tn5 또는 Tn903 트랜스포손 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 서틀 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).

<222> 표준 방법을 사용하여, 목적 유전자를 상기 기재된 서틀 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 집합법 (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 프랩 (당업계에 공지된 표준 방법을 사용) 하고, 이것을 대장균으로 형질전환시켜 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 서틀 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.

<223> 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.

<224> 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 트랜스포손을 사용하는 등의 공지된 방법으로 수행할 수 있다. 또한, 위치 지정 방법 (예를 들면, 상동성 재조합) 또는 무작위 사건에 기초한 방법 (예를 들면, 트랜스포손 돌연변이유발법 또는 REMI)을 사용한 서열의 변형, 삽입, 또는 결실에 의해 조절 영역 (예를 들면, 프로모터, 리프레서, 및(또는) 인핸서)을 변형하여 목적 유전자의 활성을 조절할 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.

<225> 실시예 6: 돌연변이 단백질의 발현 평가

<226> 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 생성물로의 번역에 이용가능한 mRNA 양에 관한 지표)을 확인하는 유용한 방법은 노던 블롯팅 (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, 목적 유전자에 결합하도록 고안하여 검출가능한 태그 (통상적으로 방사성 또는 화학발광성 태그)로 표지한 프라이머와 인큐베이션시켜, 상기 프로브의 결합 및 그 결합량이 상기 목적 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 프랩할 수 있다.

<227> 이 mRNA로부터 번역된 단백질의 존재 여부 또는 그 상대량을 평가하기 위해서는, 웨스턴 블롯팅과 같은 표준 기술을 사용할 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York]을 참조한다). 이 방법에서, 세포내 전체 단백질을 추출하고, 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.

<228> **실시예 7: 유전적으로 변형된 코리네박테리움 글루타미쿰의 성장-배지 및 배양 조건**

<229> 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 Prokaryotes, Volume II, Balows, A. et al., eds. Springer-Verlag]). 상기 배지는 1종 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 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, 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.

<230> 배지에 포함될 수 있는 무기 염 화합물로는 칼슘, 마그네슘, 나트륨, 코발트, 몰리브데넘, 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 프로토키테쿠에이트 등의 디히드록시페놀, 또는 시트르산 등의 유기산 등이 있다. 또한, 통상적으로 배지에는 비타민 또는 성장 촉진제 등의 다른 성장 요소가 포함되어 있고, 이들의 예로는 비오틴, 리보플라빈, 티아민, 엽산, 니코틴산, 판토텐에이트 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.

<231> 모든 배지 성분들을 열처리 (1.5 bar 및 121°C에서 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.

<232> 배양 조건은 각 실험마다 따로 정의된다. 온도는 15°C와 45°C 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_4OH 를 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 수 있다.

<233> 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.

- <234> 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 조절) 등과 같은 아가 플레이트 상의 세포를 OD₆₀₀ 0.5-1.5이 되도록 배지에 접종한다. 배지 접종은 CM 플레이트로부터의 코리네박테리움 글루타미쿰 세포의 염수 현탁액을 도입하거나, 이 박테리아의 예비배양물을 첨가하여 수행한다.
- <235> **실시예 8: 돌연변이 단백질의 기능에 관한 시험관내 분석**
- <236> 효소의 활성 및 반응 속도 파라미터의 측정 방법은 당업계에 잘 수립되어 있다. 임의의 주어진 변형된 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 뿐 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: San Francisco], 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].
- <237> DNA에 결합하는 단백질 활성은 DNA 밴드-변위 분석법 (겔 지연 분석법 (gel retardation assays)으로도 지칭됨) 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.
- <238> 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.
- <239> **실시예 9: 원하는 생성물 생산에 대한 돌연변이 단백질의 영향 분석**
- <240> 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: Ullmann'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).
- <241> 최종 발효 생성물의 측정 뿐 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.

<242> **실시예 10: 코리네박테리움 글루타미쿰 배양물로부터의 원하는 생성물 정제**

<243> 당업계에 공지된 각종 방법을 사용하여, 코리네박테리움 글루타미쿰 세포 또는 상기 기재한 배양물의 상층액으로부터 원하는 생성물을 회수할 수 있다. 원하는 생성물이 세포로부터 분리되지 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 분리되는 경우, 배양물을 저속 원심분리하여 세포를 제거하고, 상층액 부분은 남겨 추가의 정제에 사용한다.

<244> 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.

<245> 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.

<246> 분리된 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) Biotechnologia 11:27-32], 문헌 [Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70], 문헌 [Ullmann'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].

<247> **실시예 11: 본 발명의 유전자 서열 분석**

<248> 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 (버전 2.0)에 도입한다. 스코어 = 100, 워드렌스 (wordlength) = 12의 NBLAST 프로그램으로 BLAST 뉴클레오티드를 검색하여 본 발명의 MP 핵산 분자에 상동성인 뉴클레오티드 서열을 얻을 수 있다. 스코어 = 50, 워드렌스 = 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.

<249> 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 (버전 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.

<250> 또한, 2개의 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.com>에서

이용가능함) 중의 GAP 프로그램을 사용하여 수행할 수도 있다. 2개의 핵산 서열 사이의 상동성(%) 비교는 겹중량 50 및 길이 중량 3 등의 표준 파라미터로 GCG 소프트웨어 패키지 중의 GAP 프로그램을 사용하여 수행할 수 있다.

<251> 당업계에서 공지된 기술을 사용하여 본 발명의 유전자 서열과 젠뱅크의 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 뉴클레오타이드 서열에 대해 BLASTN 분석 (예를 들면, 국소 정렬 분석)하고, 추가의 분석을 위해 상위 500개의 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 3개의 FASTA 히트 각각에 전반적으로 정렬했다. 정확한 결과를 얻기 위해서, 젠뱅크에서 선별한 서열들의 길이를 당업계에 공지된 방법을 사용하여 해당 서열의 길이에 맞춰 조절했다. 상기 분석 결과를 표 4에 기재했다. 이렇게 얻은 데이터는 GAP (전반적) 분석 단독만을 수행하여 본 발명의 각 유전자를 젠뱅크의 참고 서열 각각과 비교하여 얻은 데이터와 동일하였으나, 상기 데이터베이스 - 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 나타났다. 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.

<252> 실시예 12: DNA 미세배열체의 제작 및 시행

<253> 본 발명의 서열은 DNA 미세배열체 (microarray) (DNA 배열체 (array)의 고안, 방법, 및 용도는 당업계에 공지되어 있으며, 문헌 [Schna, 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.

<254> 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 미세배열체는 대량의 (6800개 이상) 핵산 발현의 동시 분석을 가능케한다 (예를 들면, 문헌 [Schna, M. (1996) BioEssays 18 (5):427-431] 참조).

<255> 본 발명의 서열은 중합효소 연쇄반응 등의 핵산 증폭 반응으로 1종 이상의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 한정된 영역을 증폭시킬 수 있는 올리고뉴클레오타이드 프라이머의 고안에 이용될 수 있다. 5' 또는 3' 올리고뉴클레오타이드 프라이머 또는 적절한 링커 (linker)의 선택 및 고안으로 PCR 생성물을 상기 기재한 (또한, 예를 들어 문헌 [Schna, M. et al. (1995) Science 270:467-470]에도 기재되어 있음) 지지체 매질의 표면에 공유결합으로 부착할 수 있다.

<256> 또한, 핵산 미세배열체는 문헌 [Wodicka, L. et al. (1997) Nature Biotechnology 15:1359-1367]에 기재된 바와 같이, 계내 올리고뉴클레오타이드 합성법으로 제작될 수도 있다. 사진식판법 (photolithographic method)에 따라, 정확히 한정된 영역의 매트릭스를 빛에 노출시킨다. 이로써, 빛에 불안정한 보호기가 활성화되어 뉴클레오타이드 첨가가 일어나지만, 빛이 차폐된 영역에는 어떠한 변형도 일어나지 않는다. 그 후의 보호 및 광 활성화 사이클에 의해 한정된 위치에서 상이한 올리고뉴클레오타이드가 합성된다. 본 발명의 유전자의 작은 한정 영역을 미세배열체 상에서의 고상 올리고뉴클레오타이드 합성법으로 합성할 수 있다.

<257> 샘플 또는 뉴클레오타이드 혼합물에 존재하는 본 발명의 핵산 분자는 미세배열체와 혼성화할 수 있다. 이러한 핵산 분자들은 표준 방법에 따라 표지될 수 있다. 간략하게, 동위원소 또는 형광 표지한 뉴클레오타이드를 예를 들어, 역전사 동안 또는 DNA 합성 동안 혼입하여 핵산 분자 (예를 들면, mRNA 분자 또는 DNA 분자)를 표지한다. 표지된 핵산을 미세배열체에 혼성화하는 방법은 문헌 (예를 들어, 문헌 [Schna, 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 [Skena, 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.

<258> 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.

<259> **실시예 13: 세포내 단백질 집단의 동력학(動力學) 분석 (프로테오믹스)**

<260> 본 발명의 유전자, 조성물, 및 방법을 '프로테오믹스 (proteomics)'라 지칭되는, 단백질 집단의 상호작용 및 동력학 연구에 적용할 수 있다. 목적 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.

<261> 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 뿐 아니라 그 단백질의 번역후 변형체도 분리해냄을 의미함). 또한, 더욱 바람직한 단백질 분석법은 2D-겔 전기영동법으로 공지된, IEF-PAGE 및 SDS-PAGE 둘다의 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.

<262> 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, $^{15}\text{NO}_3$ 또는 $^{15}\text{NH}_4^+$ 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, 분리 및 분리할 수 있다.

<263> 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.

<264> 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.

<265> 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 데이터는 주어진 상태 (예를 들면, 대사 상태)에서 각종 생물의 반응 비교, 정밀 화학물질을 생성하는 균주의 생산성 증가, 또는 정밀 화학물질의 생성 효율 증가 등 여러가지 목적을 위해 적용할 수 있다.

<266> **등가법**

<267> 당업자라면, 일상적인 실험 방법 뿐 아니라 본원에 기재한 본 발명의 특정 실시양태와 등가인 많은 실험 방법들

을 알고 있거나, 알아낼 수 있을 것이다. 이러한 동등한 방법들은 하기의 청구항에 포함될 것이다.

서 열 목 록

- <110> BASF Aktiengesellschaft
- <120> CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM GENES ENCODING
METABOLIC PATHWAY PROTEINS
- <130> BGI-121CPPC
- <140> PCT/00IB/00923
- <141> 2000-06-23
- <150> US 60/141,031
- <151> 1999-06-25
- <150> US 60/142,101
- <151> 1999-07-02
- <150> US 60/148,613
- <151> 1999-08-12
- <150> US 60/187,970
- <151> 2000-03-09
- <150> DE 19930476.9
- <151> 1999-07-01
- <150> DE 19931415.2
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931418.7
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931419.5
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931420.9
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931424.1
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931428.4
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931434.9
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931435.7
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931443.8
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931453.5
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931457.8
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931465.9
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931478.0
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931510.8
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931541.8
- <151> 1999-07-08
- <150>
- > DE 19931573.6
- <151> 1999-07-08
- <150> DE 19931592.2
- <151> 1999-07-08

<150> DE 19931632.5
 <151> 1999-07-08
 <150> DE 19931634.1
 <151> 1999-07-08
 <150> DE 19931636.8
 <151> 1999-07-08
 <150> DE 19932125.6
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932126.4
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932130.2
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932186.8
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932206.6
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932227.9
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932228.7
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932229.5
 <151>
 > 1999-07-09
 <150> DE 19932230.9
 <151> 1999-07-09
 <150> DE 19932922.2
 <151> 1999-07-14
 <150> DE 19932926.5
 <151> 1999-07-14
 <150> DE 19932928.1
 <151> 1999-07-14
 <150> DE 19933004.2
 <151> 1999-07-14
 <150> DE 19933005.0
 <151> 1999-07-14
 <150> DE 19933006.9
 <151> 1999-07-14
 <150> DE 19940764.9
 <151> 1999-08-27
 <150> DE 19940765.7
 <151> 1999-08-27
 <150> DE 19940766.5
 <151> 1999-08-27
 <150> DE 19940832.7
 <151> 1999-08-27
 <150> DE 19941378.9
 <151> 1999-08-31
 <150> DE
 19941379.7
 <151> 1999-08-31
 <150> DE 19941380.0
 <151> 1999-08-31
 <150> DE 19941394.0
 <151> 1999-08-31
 <150> DE 19941396.7
 <151> 1999-08-31
 <150> DE 19942076.9
 <151> 1999-09-03

<150> DE 19942077.7
 <151> 1999-09-03
 <150> DE 19942079.3
 <151> 1999-09-03
 <150> DE 19942086.6
 <151> 1999-09-03
 <150> DE 19942087.4
 <151> 1999-09-03
 <150> DE 19942088.2
 <151> 1999-09-03
 <150> DE 19942095.5
 <151> 1999-09-03
 <150> DE 19942124.2
 <151> 1999-09-03
 <150> DE 19942129.3
 <151> 1999-09-03

 <160> 1158
 <210> 1
 <211> 948
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220><221> CDS
 <222> (101)..(925)
 <223> RXA02229
 <400> 1
 gctgggttcaa cagagaccac cgcgtgtcct gggtcgacgc ctctggcgat cccaccgcac 60
 aagccttgga gatattgggt ctacaatagc gagggatgaat 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 atc ccc gat gag 163
 Ala Lys Gly His Ala Thr Glu Asn Asp Phe Ile 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 tgc 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 tgc 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> 2
<211> 275
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 2
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> 3
 <211> 1491
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1468)
 <223> RXS02970
 <400> 3
 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 tgc 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 taagtgttct agataacaag gcc 1491
Ala Leu Phe

455

<210> 4

<211> 456

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 4

```

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> 5
<211> 1330
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1330)
<223> FRXA01009
<400> 5
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> 6
<211> 410
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 6
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> 7
 <211> 792
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(769)
 <223> RXC02390
 <400> 7
 gctggtggtg ctgaccata 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> 8
<211> 223
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 8

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> 9

<211> 897

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(874)

<223> RXC01796

<400> 9

atgtaactcg atcaggtgga aatgcccga aaagtggcgg cggtggccga gggatggcgg 60
 ttggtgcggc atcgggtggc 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 gcc ccg gcc 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> 10
 <211> 258
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 10
 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> 11
 <211> 771
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(748)
 <223> RXC01207
 <400> 11
 cttcatgacg 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> 12
 <211> 216
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 12

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> 13
 <211> 1026
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1003)
 <223> RXC00657
 <400> 13

gtgcggatcg	ggtatccgcg	ctacacttag	aggtgttaga	gatcatgagt	ttccacgaac	60
tgtaacgcag	gattcaccaa	tcaatgaaag	gtcgaccgac	atg agc act	gaa gac	115
				Met	Ser Thr Glu Asp	

att gtc gtc gta gca gta gat ggc tgc 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> 14
<211> 301
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 14
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> 15
 <211> 1059
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1036)
 <223> RXC00552
 <400> 15
 ccgccacaac ggcagcaaac 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> 16
<211> 312
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 16

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> 17

<211> 1578

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1555)

<223> RXN00351

<400> 17

gaaggctgct gctaagaaaa cgaccaagaa gaccactaag aaaactacta aaaagaccac 60
cgcaaagaag accacaaaga agtcttaagc cggatcttat atg gat gat tcc aat 115
Met Asp Asp Ser Asn

1 5
agc ttt gta gtt gtt gct aac cgt ctg cca gtg gat atg act gtc cac 163
Ser Phe Val Val Val Ala Asn Arg Leu Pro Val Asp Met Thr Val His

10 15 20
cca gat ggt agc tat agc atc tcc ccc agc ccc ggt ggc ctt gtc acg 211
Pro Asp Gly Ser Tyr Ser Ile Ser Pro Ser Pro Gly Gly Leu Val Thr

25 30 35
ggg ctt tcc ccc gtt ctg gaa caa cat cgt gga tgt tgg gtc gga tgg 259
Gly Leu Ser Pro Val Leu Glu Gln His Arg Gly Cys Trp Val Gly Trp

40 45 50
cct gga act gta gat gtt gca ccc gaa cca ttt cga aca gat acg ggt 307
Pro Gly Thr Val Asp Val Ala Pro Glu Pro Phe Arg Thr Asp Thr Gly

55 60 65
gtt ttg ctg cac cct gtt gtc ctc act gca agt gac tat gaa ggc ttc 355
Val Leu Leu His Pro Val Val Leu Thr Ala Ser Asp Tyr Glu Gly Phe

70 75 80 85
tac gag ggc ttt tca aac gca acg ctg tgg cct ctt ttc cac gat ctg 403
Tyr Glu Gly Phe Ser Asn Ala Thr Leu Trp Pro Leu Phe His Asp Leu

90 95 100
att gtt act ccg gtg tac aac acc gat tgg tgg cat gcg ttt cgg gag 451
Ile Val Thr Pro Val Tyr Asn Thr Asp Trp Trp His Ala Phe Arg Glu

105 110 115
gta aac ctc aag ttc gct gaa gcc gtg agc caa gtg gcg gca cac ggt 499
Val Asn Leu Lys Phe Ala Glu Ala Val Ser Gln Val Ala Ala His Gly

120 125 130
gcc act gtg tgg gtg cag gac tat cag ctg ttg ctg gtt cct ggc att 547
Ala Thr Val Trp Val Gln Asp Tyr Gln Leu Leu Leu Val Pro Gly Ile

135 140 145
ttg cgc cag atg cgc cct gat ttg aag atc ggt ttc ttc ctc cac att 595
Leu Arg Gln Met Arg Pro Asp Leu Lys Ile Gly Phe Phe Leu His Ile

150 155 160 165
ccc ttc cct tcc cct gat ctg ttc cgt cag ctg ccg tgg cgt gaa gag 643
Pro Phe Pro Ser Pro Asp Leu Phe Arg Gln Leu Pro Trp Arg Glu Glu

170 175 180
att gtt cga ggc atg ctg ggc gca gat ttg gtg gga ttc cat ttg gtt 691
Ile Val Arg Gly Met Leu Gly Ala Asp Leu Val Gly Phe His Leu Val

185 190 195
caa aac gca gaa aac ttc ctt gcg tta acc cag cag gtt gcc ggc act 739

Gln Asn Ala Glu Asn Phe Leu Ala Leu Thr Gln Gln Val Ala Gly Thr

200 205 210
gcc ggg tct cat gtg ggt cag ccg gac acc ttg cag gtc agt ggt gaa 787
Ala Gly Ser His Val Gly Gln Pro Asp Thr Leu Gln Val Ser Gly Glu

215 220 225
gca ttg gtg cgt gag att ggc gct cat gtt gaa acc gct gac gga agg 835
Ala Leu Val Arg Glu Ile Gly Ala His Val Glu Thr Ala Asp Gly Arg

230 235 240 245
cga gtt agc gtc ggg gcg ttc ccg atc tcg att gat gtt gaa atg ttt 883
Arg Val Ser Val Gly Ala Phe Pro Ile Ser Ile Asp Val Glu Met Phe

250 255 260
ggg gag gcg tcg aaa agc gcc gtt ctt gat ctt tta aaa acg ctc gac 931
Gly Glu Ala Ser Lys Ser Ala Val Leu Asp Leu Leu Lys Thr Leu Asp

265 270 275
gag ccg gaa acc gta ttc ctg ggc gtt gac cga ctg gac tac acc aag 979
Glu Pro Glu Thr Val Phe Leu Gly Val Asp Arg Leu Asp Tyr Thr Lys

280 285 290
ggc att ttg cag cgc ctg ctt gcg ttt gag gaa ctg ctg gaa tcc ggc 1027
Gly Ile Leu Gln Arg Leu Leu Ala Phe Glu Glu Leu Leu Glu Ser Gly

295 300 305
gcg ttg gag gcc gac aaa gct gtg ttg ctg cag gtc gcg acg cct tcg 1075
Ala Leu Glu Ala Asp Lys Ala Val Leu Leu Gln Val Ala Thr Pro Ser

310 315 320 325
cgt gag cgc att gat cac tat cgt gtg tcg cgt tcg cag gtc gag gaa 1123
Arg Glu Arg Ile Asp His Tyr Arg Val Ser Arg Ser Gln Val Glu Glu

330 335 340
gcc gtc ggc cgt atc aat ggt cgt ttc ggt cgc atg ggg cgt ccc gtg 1171
Ala Val Gly Arg Ile Asn Gly Arg Phe Gly Arg Met Gly Arg Pro Val

345 350 355
gtg cat tat cta cac agg tca ttg agc aaa aat gat ctc cag gtg ctg 1219
Val His Tyr Leu His Arg Ser Leu Ser Lys Asn Asp Leu Gln Val Leu

360 365 370
tat acc gca gcc gat gtc atg ctg gtt acg cct ttt aaa gac ggt atg 1267
Tyr Thr Ala Ala Asp Val Met Leu Val Thr Pro Phe Lys Asp Gly Met

375 380 385
aac ttg gtg gct aaa gaa ttc gtg gcc aac cac cgc gac ggc act ggt 1315
Asn Leu Val Ala Lys Glu Phe Val Ala Asn His Arg Asp Gly Thr Gly

390 395 400 405
gct ttg gtg ctg tcc gaa ttt gcc ggc gcg gcc act gag ctg acc ggt 1363
Ala Leu Val Leu Ser Glu Phe Ala Gly Ala Ala Thr Glu Leu Thr Gly

410 415 420
gcg tat tta tgc aac cca ttt gat gtg gaa tcc atc aaa cgg caa atg 1411

Ala Tyr Leu Cys Asn Pro Phe Asp Val Glu Ser Ile Lys Arg Gln Met

425 430 435
gtg gca gct gtc cat gat ttg aag cac aat ccg gaa tct gcg gca acg 1459
Val Ala Ala Val His Asp Leu Lys His Asn Pro Glu Ser Ala Ala Thr

440 445 450
cga atg aaa acg aac agc gag cag gtc tat acc cac gac gtc aac gtg 1507
Arg Met Lys Thr Asn Ser Glu Gln Val Tyr Thr His Asp Val Asn Val

455 460 465
tgg gct aat agt ttc ctg gat tgt ttg gca cag tcg gga gaa aac tca 1555
Trp Ala Asn Ser Phe Leu Asp Cys Leu Ala Gln Ser Gly Glu Asn Ser

470 475 480 485
tgaaccgcgc acgaatcgcg acc 1578
<210> 18
<211> 485
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 18
Met Asp Asp Ser Asn Ser Phe Val Val Val Ala Asn Arg Leu Pro Val
1 5 10 15
Asp Met Thr Val His Pro Asp Gly Ser Tyr Ser Ile Ser Pro Ser Pro
20 25 30
Gly Gly Leu Val Thr Gly Leu Ser Pro Val Leu Glu Gln His Arg Gly
35 40
45
Cys Trp Val Gly Trp Pro Gly Thr Val Asp Val Ala Pro Glu Pro Phe
50 55 60
Arg Thr Asp Thr Gly Val Leu Leu His Pro Val Val Leu Thr Ala Ser
65 70 75 80

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

Leu Val Pro Gly Ile Leu Arg Gln Met Arg Pro Asp Leu Lys Ile Gly
145 150 155 160

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

Gln Val Ser Gly Glu Ala Leu Val Arg Glu Ile Gly Ala His Val Glu

Thr	Ala	Asp	Gly	Arg	Arg	Val	Ser	Val	Gly	Ala	Phe	Pro	Ile	Ser	Ile	
				245					250					255		
Asp	Val	Glu	Met	Phe	Gly	Glu	Ala	Ser	Lys	Ser	Ala	Val	Leu	Asp	Leu	
			260					265					270			
Leu	Lys	Thr	Leu	Asp	Glu	Pro	Glu	Thr	Val	Phe	Leu	Gly	Val	Asp	Arg	
		275					280					285				
Leu	Asp	Tyr	Thr	Lys	Gly	Ile	Leu	Gln	Arg	Leu	Leu	Ala	Phe	Glu	Glu	
	290					295					300					
Leu	Leu	Glu	Ser	Gly	Ala	Leu	Glu	Ala	Asp	Lys	Ala	Val	Leu	Leu	Gln	
305					310					315					320	
Val	Ala	Thr	Pro	Ser	Arg	Glu	Arg	Ile	Asp	His	Tyr	Arg	Val	Ser	Arg	
				325					330					335		
Ser	Gln	Val	Glu	Glu	Ala	Val	Gly	Arg	Ile	Asn	Gly	Arg	Phe	Gly	Arg	
		340					345						350			
Met	Gly	Arg	Pro	Val	Val	His	Tyr	Leu	His	Arg	Ser	Leu	Ser	Lys	Asn	
	355					360					365					
Asp	Leu	Gln	Val	Leu	Tyr	Thr	Ala	Ala	Asp	Val	Met	Leu	Val	Thr	Pro	
	370					375					380					
Phe	Lys	Asp	Gly	Met	Asn	Leu	Val	Ala	Lys	Glu	Phe	Val	Ala	Asn	His	
385					390					395					400	
Arg	Asp	Gly	Thr	Gly	Ala	Leu	Val	Leu	Ser	Glu	Phe	Ala	Gly	Ala	Ala	
				405					410					415		
Thr	Glu	Leu	Thr	Gly	Ala	Tyr	Leu	Cys	Asn	Pro	Phe	Asp	Val	Glu	Ser	
		420						425					430			
Ile	Lys	Arg	Gln	Met	Val	Ala	Ala	Val	His	Asp	Leu	Lys	His	Asn	Pro	
	435					440					445					
Glu	Ser	Ala	Ala	Thr	Arg	Met	Lys	Thr	Asn	Ser	Glu	Gln	Val	Tyr	Thr	
	450					455					460					
His	Asp	Val	Asn	Val	Trp	Ala	Asn	Ser	Phe	Leu	Asp	Cys	Leu	Ala	Gln	
465					470					475					480	
Ser	Gly	Glu	Asn	Ser												
			485													
<210> 19																
<211> 1546																
<212> DNA																
<213> Corynebacterium glutamicum																
<220>																
<221> CDS																
<222> (101)..(1546)																
<223> FRXA00351																
<400> 19																
gaaggctgct gctaagaaaa cgaccaagaa gaccactaag aaaactacta aaaagaccac 60																
cgcaaagaag accacaaaga agtcctaagc cggatcttat atg gat gat tcc aat 115																
Met Asp Asp Ser Asn																
1 5																
agc ttt gta gtt gtt gct aac cgt ctg cca gtg gat atg act gtc cac 163																

Ser Phe Val Val Val Ala Asn Arg Leu Pro Val Asp Met Thr Val His

10 15 20
cca gat ggt agc tat agc atc tcc ccc agc ccc ggt ggc ctt gtc acg 211
Pro Asp Gly Ser Tyr Ser Ile Ser Pro Ser Pro Gly Gly Leu Val Thr

25 30 35
ggg ctt tcc ccc gtt ctg gaa caa cat cgt gga tgt tgg gtc gga tgg 259
Gly Leu Ser Pro Val Leu Glu Gln His Arg Gly Cys Trp Val Gly Trp

40 45 50
cct gga act gta gat gtt gca ccc gaa cca ttt cga aca gat acg ggt 307
Pro Gly Thr Val Asp Val Ala Pro Glu Pro Phe Arg Thr Asp Thr Gly

55 60 65
gtt ttg ctg cac cct gtt gtc ctc act gca agt gac tat gaa ggc ttc 355
Val Leu Leu His Pro Val Val Leu Thr Ala Ser Asp Tyr Glu Gly Phe

70 75 80 85
tac gag ggc ttt tca aac gca acg ctg tgg cct ctt ttc cac gat ctg 403
Tyr Glu Gly Phe Ser Asn Ala Thr Leu Trp Pro Leu Phe His Asp Leu

90 95 100
att gtt act ccg gtg tac aac acc gat tgg tgg cat gcg ttt cgg gag 451
Ile Val Thr Pro Val Tyr Asn Thr Asp Trp Trp His Ala Phe Arg Glu

105 110 115
gta aac ctc aag ttc gct gaa gcc gtg agc caa gtg gcg gca cac ggt 499
Val Asn Leu Lys Phe Ala Glu Ala Val Ser Gln Val Ala Ala His Gly

120 125 130
gcc act gtg tgg gtg cag gac tat cag ctg ttg ctg gtt cct ggc att 547
Ala Thr Val Trp Val Gln Asp Tyr Gln Leu Leu Leu Val Pro Gly Ile

135 140 145
ttg cgc cag atg cgc cct gat ttg aag atc ggt ttc ttc ctc cac att 595
Leu Arg Gln Met Arg Pro Asp Leu Lys Ile Gly Phe Phe Leu His Ile

150 155 160 165
ccc ttc cct tcc cct gat ctg ttc cgt cag ctg ccg tgg cgt gaa gag 643
Pro Phe Pro Ser Pro Asp Leu Phe Arg Gln Leu Pro Trp Arg Glu Glu

170 175 180
att gtt cga ggc atg ctg ggc gca gat ttg gtg gga ttc cat ttg gtt 691
Ile Val Arg Gly Met Leu Gly Ala Asp Leu Val Gly Phe His Leu Val

185 190 195
caa aac gca gaa aac ttc ctt gcg tta acc cag cag gtt gcc ggc act 739
Gln Asn Ala Glu Asn Phe Leu Ala Leu Thr Gln Gln Val Ala Gly Thr

200 205 210
gcc ggg tct cat gtg ggt cag ccg gac acc ttg cag gtc agt ggt gaa 787
Ala Gly Ser His Val Gly Gln Pro Asp Thr Leu Gln Val Ser Gly Glu

215 220 225
gca ttg gtg cgt gag att ggc gct cat gtt gaa acc gct gac gga agg 835

Ala Leu Val Arg Glu Ile Gly Ala His Val Glu Thr Ala Asp Gly Arg

230 235 240 245
cga gtt agc gtc ggg gcg ttc ccg atc tcg att gat gtt gaa atg ttt 883
Arg Val Ser Val Gly Ala Phe Pro Ile Ser Ile Asp Val Glu Met Phe

250 255 260
ggg gag gcg tcg aaa agc gcc gtt ctt gat ctt tta aaa acg ctc gac 931
Gly Glu Ala Ser Lys Ser Ala Val Leu Asp Leu Leu Lys Thr Leu Asp

265 270 275
gag ccg gaa acc gta ttc ctg ggc gtt gac cga ctg gac tac acc aag 979
Glu Pro Glu Thr Val Phe Leu Gly Val Asp Arg Leu Asp Tyr Thr Lys

280 285 290
ggc att ttg cag cgc ctg ctt gcg ttt gag gaa ctg ctg gaa tcc ggc 1027
Gly Ile Leu Gln Arg Leu Leu Ala Phe Glu Glu Leu Leu Glu Ser Gly

295 300 305
gcg ttg gag gcc gac aaa gct gtg ttg ctg cag gtc gcg acg cct tcg 1075
Ala Leu Glu Ala Asp Lys Ala Val Leu Leu Gln Val Ala Thr Pro Ser

310 315 320 325
cgt gag cgc att gat cac tat cgt gtg tcg cgt tcg cag gtc gag gaa 1123
Arg Glu Arg Ile Asp His Tyr Arg Val Ser Arg Ser Gln Val Glu Glu

330 335 340
gcc gtc ggc cgt atc aat ggt cgt ttc ggt cgc atg ggg cgt ccc gtg 1171
Ala Val Gly Arg Ile Asn Gly Arg Phe Gly Arg Met Gly Arg Pro Val

345 350 355
gtg cat tat cta cac agg tca ttg agc aaa aat gat ctc cag gtg ctg 1219
Val His Tyr Leu His Arg Ser Leu Ser Lys Asn Asp Leu Gln Val Leu

360 365 370
tat acc gca gcc gat gtc atg ctg gtt acg cct ttt aaa gac ggt atg 1267
Tyr Thr Ala Ala Asp Val Met Leu Val Thr Pro Phe Lys Asp Gly Met

375 380 385
aac ttg gtg gct aaa gaa ttc gtg gcc aac cac cgc gac ggc act ggt 1315
Asn Leu Val Ala Lys Glu Phe Val Ala Asn His Arg Asp Gly Thr Gly

390 395 400 405
gct ttg gtg ctg tcc gaa ttt gcc ggc gcg gcc act gag ctg acc ggt 1363
Ala Leu Val Leu Ser Glu Phe Ala Gly Ala Ala Thr Glu Leu Thr Gly

410 415 420
gcg tat tta tgc aac cca ttt gat gtg gaa tcc atc aaa cgg caa atg 1411
Ala Tyr Leu Cys Asn Pro Phe Asp Val Glu Ser Ile Lys Arg Gln Met

425 430 435
gtg gca gct gtc cat gat ttg aag cac aat ccg gaa tct gcg gca acg 1459
Val Ala Ala Val His Asp Leu Lys His Asn Pro Glu Ser Ala Ala Thr

440 445 450
cga atg aaa acg aac agc gag cag gtc tat acc cac gac gtc aac gtg 1507

Arg Met Lys Thr Asn Ser Glu Gln Val Tyr Thr His Asp Val Asn Val

455 460 465
 tgg gct aat agt ttc ctg gat tgt ttg gca cag tcg gga 1546
 Trp Ala Asn Ser Phe Leu Asp Cys Leu Ala Gln Ser Gly

470 475 480
 <210> 20
 <211> 482
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 20
 Met Asp Asp Ser Asn Ser Phe Val Val Val Ala Asn Arg Leu Pro Val
 1 5 10 15
 Asp Met Thr Val His Pro Asp Gly Ser Tyr Ser Ile Ser Pro Ser Pro
 20 25 30
 Gly Gly Leu Val Thr Gly Leu Ser Pro Val Leu Glu Gln His Arg Gly
 35 40 45

Cys Trp Val Gly Trp Pro Gly Thr Val Asp Val Ala Pro Glu Pro Phe
 50 55 60
 Arg Thr Asp Thr Gly Val Leu Leu His Pro Val Val Leu Thr Ala Ser
 65 70 75 80

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

Leu Val Pro Gly Ile Leu Arg Gln Met Arg Pro Asp Leu Lys Ile Gly
 145 150 155 160

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

Gln Val Ser Gly Glu Ala Leu Val Arg Glu Ile Gly Ala His Val Glu
 225 230 235 240

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

Leu Leu Glu Ser Gly Ala Leu Glu Ala Asp Lys Ala Val Leu Leu Gln
305 310 315 320

Val Ala Thr Pro Ser Arg Glu Arg Ile Asp His Tyr Arg Val Ser Arg
325 330 335

Ser Gln Val Glu Glu Ala Val Gly Arg Ile Asn Gly Arg Phe Gly Arg
340 345 350

Met Gly Arg Pro Val Val His Tyr Leu His Arg Ser Leu Ser Lys Asn
355 360 365

Asp Leu Gln Val Leu Tyr Thr Ala Ala Asp Val Met Leu Val Thr Pro
370 375 380

Phe Lys Asp Gly Met Asn Leu Val Ala Lys Glu Phe Val Ala Asn His
385 390 395 400

Arg Asp Gly Thr Gly Ala Leu Val Leu Ser Glu Phe Ala Gly Ala Ala
405 410 415

Thr Glu Leu Thr Gly Ala Tyr Leu Cys Asn Pro Phe Asp Val Glu Ser
420 425 430

Ile Lys Arg Gln Met Val Ala Ala Val His Asp Leu Lys His Asn Pro
435 440 445

Glu Ser Ala Ala Thr Arg Met Lys Thr Asn Ser Glu Gln Val Tyr Thr
450 455 460

His Asp Val Asn Val Trp Ala Asn Ser Phe Leu Asp Cys Leu Ala Gln
465 470 475 480

Ser Gly
<210> 21
<211> 779
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(756)
<223> RXA00873
<400> 21

act gcc caa tgg ggt att ttc ctg cgt aat cat gat gag ctc acc ctt 48
Thr Ala Gln Trp Gly Ile Phe Leu Arg Asn His Asp Glu Leu Thr Leu

1 5 10 15
gaa atg gtc tcc gat gag gaa cgc agc tac atg tac tcc caa ttc gcc 96
Glu Met Val Ser Asp Glu Glu Arg Ser Tyr Met Tyr Ser Gln Phe Ala

20 25 30
tcc gaa cct cgc atg cgc gcc aac gta gga atc cgc agg cgc ctt tcc 144
Ser Glu Pro Arg Met Arg Ala Asn Val Gly Ile Arg Arg Arg Leu Ser

35 40 45
cca ctg ctt gaa ggc gac cgc aac cag ctg gaa ctc ctt cac ggt ttg 192
Pro Leu Leu Glu Gly Asp Arg Asn Gln Leu Glu Leu Leu His Gly Leu

50 55 60
ttg ctg tct cta cct ggc tca ccc gtg ttg tat tac ggt gat gaa att 240

Leu Leu Ser Leu Pro Gly Ser Pro Val Leu Tyr Tyr Gly Asp Glu Ile

65 70 75 80
ggc atg ggc gac aat atc tgg ctc cac gac cgc gac gga gtg cgc acc 288
Gly Met Gly Asp Asn Ile Trp Leu His Asp Arg Asp Gly Val Arg Thr

85 90 95
ccc atg cag tgg tcc aac gac cgc aac ggt ggt ttc tcc aaa gct gat 336
Pro Met Gln Trp Ser Asn Asp Arg Asn Gly Gly Phe Ser Lys Ala Asp

100 105 110
cct gaa cgc ctg tac ctt cca gcg atc caa aat gat caa tac ggc tac 384
Pro Glu Arg Leu Tyr Leu Pro Ala Ile Gln Asn Asp Gln Tyr Gly Tyr

115 120 125
gcc caa gta aac gtg gaa agc caa ctc aac cgc gaa aac tcc ctg ctg 432
Ala Gln Val Asn Val Glu Ser Gln Leu Asn Arg Glu Asn Ser Leu Leu

130 135 140
cgc tgg ctc cga aac caa atc ctt atc cgc aag cag tac cgc gca ttt 480
Arg Trp Leu Arg Asn Gln Ile Leu Ile Arg Lys Gln Tyr Arg Ala Phe

145 150 155 160
ggt gcc gga acc tac cgt gaa gtg tcc tcc acc aat gag tca gtg ttg 528
Gly Ala Gly Thr Tyr Arg Glu Val Ser Ser Thr Asn Glu Ser Val Leu

165 170 175
aca ttt tta cga gaa cac aag ggc caa acc att ttg tgt gtc aac aac 576
Thr Phe Leu Arg Glu His Lys Gly Gln Thr Ile Leu Cys Val Asn Asn

180 185 190
atg agc aaa tat cct cag gca gtc tcg ctt gat ttg cgt gaa ttt gca 624
Met Ser Lys Tyr Pro Gln Ala Val Ser Leu Asp Leu Arg Glu Phe Ala

195 200 205
gga cac acc cct cga gag atg tcg ggc ggg cag ctg ttc cct acc att 672
Gly His Thr Pro Arg Glu Met Ser Gly Gly Gln Leu Phe Pro Thr Ile

210 215 220
gct gaa cgg gag tgg att gtc act tta gcc cct cac gga ttc ttc tgg 720
Ala Glu Arg Glu Trp Ile Val Thr Leu Ala Pro His Gly Phe Phe Trp

225 230 235 240
ttt gat ctc acc gcc gat gaa aag gac gat atg gaa tgagcattgg 766
Phe Asp Leu Thr Ala Asp Glu Lys Asp Asp Met Glu

245 250
ccaacacatc atc 779

<210> 22
<211> 252
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 22
Thr Ala Gln Trp Gly Ile Phe Leu Arg Asn His Asp Glu Leu Thr Leu
1 5 10 15
Glu Met Val Ser Asp Glu Glu Arg Ser Tyr Met Tyr Ser Gln Phe Ala

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

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

 Arg Trp Leu Arg Asn Gln Ile Leu Ile Arg Lys Gln Tyr Arg Ala Phe
 145 150 155 160

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

 Ala Glu Arg Glu Trp Ile Val Thr Leu Ala Pro His Gly Phe Phe Trp
 225 230 235 240

 Phe Asp Leu Thr Ala Asp Glu Lys Asp Asp Met Glu
 245 250

 <210> 23
 <211> 1102
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1102)
 <223> RXA00891
 <400> 23
 tcaatattcc gaagaaaacc gcgcagctct ctactagtc tcaggtgagg cgaaagtgg 60
 gaaagaccgc ctacgcatgg tgcgcctggc tttttagaat gtg ctg caa acc tcc 115
 Val Leu Gln Thr Ser

 1 5
 tgg cat ttc tct atc ctg gca ggc atg act gat acc tct ccg ttg aat 163
 Trp His Phe Ser Ile Leu Ala Gly Met Thr Asp Thr Ser Pro Leu Asn

 10 15 20
 tct cag ccg agt gca gat cac cac cct gat cac gcg gct cgc cca gtt 211

Ser Gln Pro Ser Ala Asp His His Pro Asp His Ala Ala Arg Pro Val

25 30 35
 ctt gat gcc cac ggc ttg atc gtt gag cac gaa tcg gaa gag ttt cca 259
 Leu Asp Ala His Gly Leu Ile Val Glu His Glu Ser Glu Glu Phe Pro

40 45 50
 gtc ccc gca ccc gct ccc ggt gaa cag ccc tgg gag aag aaa aac cgc 307
 Val Pro Ala Pro Ala Pro Gly Glu Gln Pro Trp Glu Lys Lys Asn Arg

55 60 65
 gag tgg tac aaa gac gcc gtt ttc tac gaa gtg ctg gtt cgt gcc ttc 355
 Glu Trp Tyr Lys Asp Ala Val Phe Tyr Glu Val Leu Val Arg Ala Phe

70 75 80 85
 tac gat cca gaa ggc aac gga gtc gga tcg ttg aaa ggc ctg acc gaa 403
 Tyr Asp Pro Glu Gly Asn Gly Val Gly Ser Leu Lys Gly Leu Thr Glu

90 95 100
 aaa ctg gat tac atc cag tgg ctc ggc gtg gat tgc att tgg atc cca 451
 Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Trp Leu Gly Val Asp Cys Ile Trp Ile Pro

105 110 115
 ccg ttt tat gat tcc cca ctg cgc gac ggc ggt tac gat atc cgc aac 499
 Pro Phe Tyr Asp Ser Pro Leu Arg Asp Gly Gly Tyr Asp Ile Arg Asn

120 125 130
 ttc cgt gaa atc ctg ccc gaa ttc ggc acc gtc gat gac ttc gtg gaa 547
 Phe Arg Glu Ile Leu Pro Glu Phe Gly Thr Val Asp Asp Phe Val Glu

135 140 145
 ctc gtt gac cac gcc cac cgc cgt ggc ctg cgt gtt atc acc gac ttg 595
 Leu Val Asp His Ala His Arg Arg Gly Leu Arg Val Ile Thr Asp Leu

150 155 160 165
 gtc atg aat cac acc tcc gac cag cac gca tgg ttc caa gaa tcc cgg 643
 Val Met Asn His Thr Ser Asp Gln His Ala Trp Phe Gln Glu Ser Arg

170 175 180
 cgc gac cca acc ggc ccc tac gga gat ttc tat gtg tgg agc gat gat 691
 Arg Asp Pro Thr Gly Pro Tyr Gly Asp Phe Tyr Val Trp Ser Asp Asp

185 190 195
 ccc acc ctg tac aac gaa gcc cgc atc atc ttt gta gat aca gaa gaa 739
 Pro Thr Leu Tyr Asn Glu Ala Arg Ile Ile Phe Val Asp Thr Glu Glu

200 205 210
 tcc aac tgg acc tat gat ccg gtg cgt ggc cag tac ttc tgg cac cgc 787
 Ser Asn Trp Thr Tyr Asp Pro Val Arg Gly Gln Tyr Phe Trp His Arg

215 220 225
 ttc ttc tcc cac caa cca gac ctc aac tac gac aac ccc gca gtc caa 835
 Phe Phe Ser His Gln Pro Asp Leu Asn Tyr Asp Asn Pro Ala Val Gln

230 235 240 245

gag gcc atg cta gat gtc ttg cgt ttc tgg ctg gac ctg gga ctt gat 883
Glu Ala Met Leu Asp Val Leu Arg Phe Trp Leu Asp Leu Gly Leu Asp

250 255 260
ggt ttc cga cta gat gcc gtt cct tat ctt ttt gaa cgc gaa ggc acc 931
Gly Phe Arg Leu Asp Ala Val Pro Tyr Leu Phe Glu Arg Glu Gly Thr

265 270 275
aac ggc gaa aac ctc aaa gaa acc cac gat ttc ctc aaa ctg tgt cgc 979
Asn Gly Glu Asn Leu Lys Glu Thr His Asp Phe Leu Lys Leu Cys Arg

280 285 290
tct gtc att gag aag gaa tac ccc ggc cga atc ctg ctc gca gaa gcc 1027
Ser Val Ile Glu Lys Glu Tyr Pro Gly Arg Ile Leu Leu Ala Glu Ala

295 300 305
aac caa tgg ccc caa gat gtg gtc gaa tac ttc ggt gaa aaa gac aaa 1075
Asn Gln Trp Pro Gln Asp Val Val Glu Tyr Phe Gly Glu Lys Asp Lys

310 315 320 325
ggc gat gaa tgc cac atg gcc ttc cac 1102
Gly Asp Glu Cys His Met Ala Phe His

330
<210> 24
<211> 334
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 24
Val Leu Gln Thr Ser Trp His Phe Ser Ile Leu Ala Gly Met Thr Asp
1 5 10 15
Thr Ser Pro Leu Asn Ser Gln Pro Ser Ala Asp His His Pro Asp His
20 25 30
Ala Ala Arg Pro Val Leu Asp Ala His Gly Leu Ile Val Glu His Glu
35 40 45
Ser Glu Glu Phe Pro Val Pro Ala Pro Ala Pro Gly Glu Gln Pro Trp
50 55 60
Glu Lys Lys Asn Arg Glu Trp Tyr Lys Asp Ala Val Phe Tyr Glu Val
65 70 75 80
Leu Val Arg Ala Phe Tyr Asp Pro Glu Gly Asn Gly Val Gly Ser Leu
85 90 95
Lys Gly Leu Thr Glu Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Trp Leu Gly Val Asp
100 105 110
Cys Ile Trp Ile Pro Pro Phe Tyr Asp Ser Pro Leu Arg Asp Gly Gly
115 120 125
Tyr Asp Ile Arg Asn Phe Arg Glu Ile Leu Pro Glu Phe Gly Thr Val
130 135 140
Asp Asp Phe Val Glu Leu Val Asp His Ala His Arg Arg Gly Leu Arg
145 150 155 160
Val Ile Thr Asp Leu Val Met Asn His Thr Ser Asp Gln His Ala Trp
165 170 175
Phe Gln Glu Ser Arg Arg Asp Pro Thr Gly Pro Tyr Gly Asp Phe Tyr
180 185 190

Val Trp Ser Asp Asp Pro Thr Leu Tyr Asn Glu Ala Arg Ile Ile Phe
195 200 205
Val Asp Thr Glu Glu Ser Asn Trp Thr Tyr Asp Pro Val Arg Gly Gln
210 215 220
Tyr Phe Trp His Arg Phe Phe Ser His Gln Pro Asp Leu Asn Tyr Asp
225 230 235 240
Asn Pro Ala Val Gln Glu Ala Met Leu Asp Val Leu Arg Phe Trp Leu
245 250 255
Asp Leu Gly Leu Asp Gly Phe Arg Leu Asp Ala Val Pro Tyr Leu Phe
260 265 270
Glu Arg Glu Gly Thr Asn Gly Glu Asn Leu Lys Glu Thr His Asp Phe
275 280 285
Leu Lys Leu Cys Arg Ser Val Ile Glu Lys Glu Tyr Pro Gly Arg Ile
290 295 300
Leu Leu Ala Glu Ala Asn Gln Trp Pro Gln Asp Val Val Glu Tyr Phe
305 310 315 320
Gly Glu Lys Asp Lys Gly Asp Glu Cys His Met Ala Phe His
325 330
<210> 25
<211> 1386
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1363)
<223> RXA00534
<400> 25
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	
ggg 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> 26
 <211> 421
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 26
 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				
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				
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				
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> 27

<211> 1155

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1132)

<223> RXA00533

<400> 27

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> 28
 <211> 344
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 28

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> 29

<211> 608

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (69)..(608)

<223> RXA02843

<400> 29

cccatgtcgc ggaggtcgca ccccttcgga 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> 30

<211> 180

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 30

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> 31
<211> 1230
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1207)
<223> RXA02022
<400> 31
tatttgcat tccaactgct tgggctccgc gaatgttttc actcattttt taatcgaccg 60
cttccatcat gttttaacta aggtttgttag 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 tgc 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
 cgggggttatc gtg 1230
 <210> 32
 <211> 369
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 32
 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> 33

<211> 1059

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1036)

<223> RXA00044

<400> 33

attacctcag ccttccaagc tgatgatgca ttacttaaaa actgcagaca ctgaaaaac 60
 ttctcaccgc cactcgttcc ctcaaccac 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 taaggccac acctcatgac tga			1059

Tyr Thr Ala

310

<210> 34

<211> 312

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 34

```
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> 35

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

<221> CDS
 <222> (101)..(844)
 <223> RXA00863
 <400> 35

aacggtcagt taggtatgga tatcagcacc ttctgaacgg gtacgtctag actgggtgggc 60
 gtttgaataa ctcttcgccc cacgaaatg 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> 36
<211> 248
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 36
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> 37
 <211> 873
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(850)
 <223> RXA00864
 <400> 37

acagcaccca ggccatgctg taggacttga gcattaccta ggccgtgtaa 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 ctcacacca cga 873
Tyr Val Met Asp Phe

250

<210> 38

<211> 250

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 38

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> 39

<211> 608

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (69)..(608)

<223> RXA02843

<400> 39

cccatgctgc ggaggtcgca ccccttcga 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> 40
<211> 180
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 40
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> 41
<211> 1143

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1120)

<223> RXN00355

<400> 41

aatagatcag cgcacccgtg gtggaaccaa aaggtcaac aatacgaac gttcgctttc 60
ggctctgatg 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> 42			
<211> 340			
<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	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> 43

<211> 958

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(958)

<223> FRXA00352

<400> 43

aatagatcag cgcatccgtg gtggaaccaa aaggtcaac aatacgaac gttcgctttc 60
ggtcctgatg aaagagatgt ccttgaatca 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
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
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> 44
<211> 286
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 44

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> 45

<211> 1400

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1377)

<223> RXA00972

<400> 45

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> 46
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 46
 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> 47
 <211> 2121
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(2098)
 <223> RXA02653
 <400> 47
 agacagagtg ttagtgctg gggcagctct cactttcatc gacatcactc gagtatgctc 60
 accggccgta ttcatccaa taaccgcac agggaacta 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
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
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
ggg 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> 48

<211> 666

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 48

```
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> 49
 <211> 993
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(970)

<223> RXA01393

<400> 49

caaaagcaga cctgtaatga agatttccat gatcaccatc gtgacctatg gaagtactta 60
agtaaaatga ttggttctta acatgggtta 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> 50
<211> 290
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 50
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
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> 51

<211> 1626

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1603)

<223> RXA00241

<400> 51

ggtctccagc ctttctaaac aattcatctg cacttgatta attggcccca agattacgcg 60

aagtttagcg acttcgccgt acgtcaacta cgttaaata gtc 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 aaccttctctg cta 1626
<210> 52
<211> 501
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 52

```

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> 53

<211> 822

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(799)

<223> RXA01394

<400> 53

gagcaaagtg tccagttgaa tggggttcat gaagctatat taaacatgt 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 tgc 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> 54
<211> 233
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 54
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

[illegible]

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 tgattcccgaa aat 1026
Asp Met Lys Lys Ala Gly Val Leu

295 300
<210> 56
<211> 301
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 56
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> 57
<211> 1071

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1048)

<223> RXS02021

<400> 57

ttgggtcgcc gaggagatct aatcctggtt tgagttcaga gttcacaggt ttaagcctac 60
aaaccttagt taaaacatga tggaagcggc 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 tgacccatct tcataaccag tgc			1071
Pro Val Ala Arg Leu Lys Ala			
310	315		
<210> 58			
<211> 316			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 58			
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> 59
 <211> 1296
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1273)
 <223> RXS02157
 <400> 59
 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> 60
 <211> 391
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 60
 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> 61
<211> 1008
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(985)
<223> RXC00733
<400> 61
acggcgaggt tgcggtatt ggaacgcaca cgaatttgct gaacacgtgc ggtacctacc 60
gtgaaattgt tgaatcccaa gagactgcgc aggcgcaatc atg agt aat act gca 115

Met Ser Asn Thr Ala															
1 5 gga 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 tgc 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 tttggtgcc agt 1008
Cys Val

295
<210> 62
<211> 295
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 62

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> 63
<211> 426
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(426)
<223> RXC00861
<400> 63
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
ggg 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
ggg 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 get 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> 64
<211> 142
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 64
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> 65
<211> 1066
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1066)
<223> RXC00866
<400> 65
gcatcaacgt aggagatcct cgacttccaa ttatggetcc 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> 66
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 66
 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 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> 67
 <211> 1527
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1504)
 <223> RXC02095
 <400> 67
 ctctcttggt cctctcccca cccattttta agtactcaag acccttccaa cagaaaggat 60
 tactcccca acaggctcaa aaatactgaa aggtcacgc 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> 68
<211> 468
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 68
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> 69

<211> 295

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

 <221> CDS
 <222> (84)..(272)
 <223> RXC03185
 <220>

 <221> misc_feature
 <222> 57
 <223> n = a, c, g, or t
 <400> 69
 agcgcccaac cgttcagacc agcggtttct ctgaggatgc aaagtcctatg atgggtnagg 60
 tcaactgagct 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> 70
 <211> 63
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 70
 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> 71
 <211> 4653
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(4630)
 <223> RXN00367

<400> 71
atcgaaagta acccttttgt tacttgcggt gcaggtagtg tccctgattt tcttattatc 60
gaacgattga tagaaacagg attaaagtga ggtatccgc atg aaa cca caa gga 115
Met Lys Pro Gln Gly

1 5
ctc tac aac cct gcg cat gaa cat gac gcc tgc ggt gtg gcg ttt att 163
Leu Tyr Asn Pro Ala His Glu His Asp Ala Cys Gly Val Ala Phe Ile

10 15 20
gcg gat atc cac ggt cga ccc agc cgc agc att gtt gat cgt gca ctt 211
Ala Asp Ile His Gly Arg Pro Ser Arg Ser Ile Val Asp Arg Ala Leu

25 30 35
gag gcg ctt cgc aac att gac cac cga ggt gcc gcc ggt gca gag aag 259
Glu Ala Leu Arg Asn Ile Asp His Arg Gly Ala Ala Gly Ala Glu Lys

40 45 50
aac act ggc gat ggt gcg ggc atc ctc atg cag att ccg gac ggc ttt 307
Asn Thr Gly Asp Gly Ala Gly Ile Leu Met Gln Ile Pro Asp Gly Phe

55 60 65
tat cgt gaa gta tct ggc att gag ctt cct gag gca ggg gag tat gcc 355
Tyr Arg Glu Val Ser Gly Ile Glu Leu Pro Glu Ala Gly Glu Tyr Ala

70 75 80 85
act ggt att gcg ttc ttg cct cgc ggt cgc atg gcg atg atg gat gct 403
Thr Gly Ile Ala Phe Leu Pro Arg Gly Arg Met Ala Met Met Asp Ala

90 95 100
cag aag gaa att gag cgc atc gca aag caa gaa ggt gcc gat gtg ctt 451
Gln Lys Glu Ile Glu Arg Ile Ala Lys Gln Glu Gly Ala Asp Val Leu

105 110 115
ggt tgg cgc atg gtt cct ttt gat tct cgt gat ttg ggt tcc atg gct 499
Gly Trp Arg Met Val Pro Phe Asp Ser Arg Asp Leu Gly Ser Met Ala

120 125 130
gag gag gcg atg cct agt ttc gcg cag att ttc ctt act gtg cct gga 547
Glu Glu Ala Met Pro Ser Phe Ala Gln Ile Phe Leu Thr Val Pro Gly

135 140 145
aaa tct ggt gaa gat ctt gac cgt gtg atg ttc ttt atc cgt aag cgt 595
Lys Ser Gly Glu Asp Leu Asp Arg Val Met Phe Phe Ile Arg Lys Arg

150 155 160 165
tgt gag cgt gag ctg ggc acc acc aat ggt cgc gat acg gtg tat ttc 643
Cys Glu Arg Glu Leu Gly Thr Thr Asn Gly Arg Asp Thr Val Tyr Phe

170 175 180
ccg tcg cta tct tca cgc acc atc att tac aaa ggc atg ttg acc act 691
Pro Ser Leu Ser Ser Arg Thr Ile Ile Tyr Lys Gly Met Leu Thr Thr

185 190 195
ctg cag ctt gag ggc ttc ttt gag gat ctg ggt gat gct cgc ctg gag 739

Leu Gln Leu Glu Gly Phe Phe Glu Asp Leu Gly Asp Ala Arg Leu Glu

200 205 210
 tcg gcc att gct att gtg cac tcg cgt ttc tcc acg aac act ttc cca 787
 Ser Ala Ile Ala Ile Val His Ser Arg Phe Ser Thr Asn Thr Phe Pro

215 220 225
 agc tgg ccg ctg gcg cac ccg tac cgt ttc gtt gcc cac aac ggt gag 835
 Ser Trp Pro Leu Ala His Pro Tyr Arg Phe Val Ala His Asn Gly Glu

230 235 240 245
 atc aac act gtg cgt ggc aat gaa aac tgg atg cgc gcc cgc gag gcg 883
 Ile Asn Thr Val Arg Gly Asn Glu Asn Trp Met Arg Ala Arg Glu Ala

250 255 260
 ctt atc aaa aac gac aag ctg ggc aat ttg agc agc gtg ctg cct atc 931
 Leu Ile Lys Asn Asp Lys Leu Gly Asn Leu Ser Ser Val Leu Pro Ile

265 270 275
 tgc acc ccg gag ggc tcg gat acc gcg cgt ttc gac gag gct ttg gag 979
 Cys Thr Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ala Arg Phe Asp Glu Ala Leu Glu

280 285 290
 ctt ttg cac ctg ggc gga tac tca ctt ccg cat gct gtt gcg atg atg 1027
 Leu Leu His Leu Gly Gly Tyr Ser Leu Pro His Ala Val Ala Met Met

295 300 305
 atc cct cag gcg tgg gaa cac aac aag acg ctg agc cct gag ctg cgt 1075
 Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu Ser Pro Glu Leu Arg

310 315 320 325
 gat ttc tac gaa tac cac tct tgt ctg atg gag cca tgg gat ggt cct 1123
 Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu Pro Trp Asp Gly Pro

330 335 340
 gca gcg ctg gca ttt act gac ggt cgt ttt gtg ggt gcc gtg ctg gac 1171
 Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val Gly Ala Val Leu Asp

345 350 355
 cgt aat ggc ctg cga cct ggg cga atc acc att act gat tcg ggt ttg 1219
 Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile Thr Asp Ser Gly Leu

360 365 370
 gtt gtg atg gct tct gaa tcg gga gtg ttg gac ttg agg gag gag agc 1267
 Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp Leu Arg Glu Glu Ser

375 380 385
 gtc gta aag cgt act cgc gta cag cct gga cgc atg ttc ctt gtt gac 1315
 Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg Met Phe Leu Val Asp

390 395 400 405
 act gcc gag ggc cgc atc gtt gaa gac gag gaa atc aag cag aaa tta 1363
 Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu Ile Lys Gln Lys Leu

410 415 420
 agc gaa gcg cag cca tat ggt gag tgg att cgc gat aat ttt gtg cat 1411

Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg Asp Asn Phe Val His

425 430 435
ctg gat cgt ctg cct cag aca cgc tac aac tac atg gcg cac tct cgt 1459
Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr Met Ala His Ser Arg

440 445 450
gct gtg ttg cgt cag cgt gtt ttc gga atc act gaa gaa gat gtg gat 1507
Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr Glu Glu Asp Val Asp

455 460 465
ttg ttg ctg ctg ccg atg gcc cgc cag ggt gct gag gcg att ggt tcc 1555
Leu Leu Leu Leu Pro Met Ala Arg Gln Gly Ala Glu Ala Ile Gly Ser

470 475 480 485
atg ggt tcg gat acg cca att gcg gcg cta tcc cag cga cca cgc atg 1603
Met Gly Ser Asp Thr Pro Ile Ala Ala Leu Ser Gln Arg Pro Arg Met

490 495 500
ctt tat gat ttc ttc gcg cag cgc ttt gct cag gtg aca aac cca ccg 1651
Leu Tyr Asp Phe Phe Ala Gln Arg Phe Ala Gln Val Thr Asn Pro Pro

505 510 515
ttg gac tct atc cgc gaa aag cct gtg acc agc atg ttc act ttg ttg 1699
Leu Asp Ser Ile Arg Glu Lys Pro Val Thr Ser Met Phe Thr Leu Leu

520 525 530
ggg gcg cag tct gac gtg ctc aat ccg ggt cct gat gcg gcg cga cgt 1747
Gly Ala Gln Ser Asp Val Leu Asn Pro Gly Pro Asp Ala Ala Arg Arg

535 540 545
atc cgt ttg gaa tcg ccg atc att gat aac cat gag ctg gcc acc ttg 1795
Ile Arg Leu Glu Ser Pro Ile Ile Asp Asn His Glu Leu Ala Thr Leu

550 555 560 565
atc aat gcc aac gcg cat ggt gag tgg gat tcc ttt ggt gct gct gta 1843
Ile Asn Ala Asn Ala His Gly Glu Trp Asp Ser Phe Gly Ala Ala Val

570 575 580
att tct ggt ttg tac cca gtg gct cac cat ggt gcc ggc atg aag gct 1891
Ile Ser Gly Leu Tyr Pro Val Ala His His Gly Ala Gly Met Lys Ala

585 590 595
gcg att gct cgt gtg cgc cgc gag gtt tct gaa gca atc cgc aat ggc 1939
Ala Ile Ala Arg Val Arg Arg Glu Val Ser Glu Ala Ile Arg Asn Gly

600 605 610
aag acg ttg atc gtg ctg tcg gat cgt gaa tct gat gag cgc atg gca 1987
Lys Thr Leu Ile Val Leu Ser Asp Arg Glu Ser Asp Glu Arg Met Ala

615 620 625
cct atc cct gcg ctg ctg ctg act tcc gct gtg cat cag tac ttg gtg 2035
Pro Ile Pro Ala Leu Leu Leu Thr Ser Ala Val His Gln Tyr Leu Val

630 635 640 645

cag caa cgt acc cgt acc cag tgc tcc ctg gtg gtg gaa tcc ggc gat	2083
Gln Gln Arg Thr Arg Thr Gln Cys Ser Leu Val Val Glu Ser Gly Asp	
650 655 660	
gcc cgc gag gtt cat cac ctg gcg atg ctc att ggt ttt ggt gcc gat	2131
Ala Arg Glu Val His His Leu Ala Met Leu Ile Gly Phe Gly Ala Asp	
665 670 675	
gcg atc aac ccg tac atg gca ttt gaa acc atc gat gag ctg cgc atg	2179
Ala Ile Asn Pro Tyr Met Ala Phe Glu Thr Ile Asp Glu Leu Arg Met	
680 685 690	
aag ggt cag ttg ggt gat ctt tct ttg gat gag gca tcc cga aac tac	2227
Lys Gly Gln Leu Gly Asp Leu Ser Leu Asp Glu Ala Ser Arg Asn Tyr	
695 700 705	
atc aag gca gcc acc act ggt gtg ctg aag gtg atg tcc aag atg ggc	2275
Ile Lys Ala Ala Thr Thr Gly Val Leu Lys Val Met Ser Lys Met Gly	
710 715 720 725	
att gca acg gtg tct tcg tac cgt ggc gcg cag ctt gcc gat gtc act	2323
Ile Ala Thr Val Ser Ser Tyr Arg Gly Ala Gln Leu Ala Asp Val Thr	
730 735 740	
ggg ctg cac cag gat ctc ctg gac aac tac ttc ggt ggt att gct tca	2371
Gly Leu His Gln Asp Leu Leu Asp Asn Tyr Phe Gly Gly Ile Ala Ser	
745 750 755	
cca att tct ggc atc ggt ctg gat gaa gtt gca gct gac gta gaa gct	2419
Pro Ile Ser Gly Ile Gly Leu Asp Glu Val Ala Ala Asp Val Glu Ala	
760 765 770	
cgt cac cgc agc gca ttt ttg cca cgc cct gaa gag cac gct cac cgt	2467
Arg His Arg Ser Ala Phe Leu Pro Arg Pro Glu Glu His Ala His Arg	
775 780 785	
gaa ttg gat ttg ggt ggt gaa tac aag tgg cgc cgc gaa ggt gaa tac	2515
Glu Leu Asp Leu Gly Gly Glu Tyr Lys Trp Arg Arg Glu Gly Glu Tyr	
790 795 800 805	
cac ctg ttc aac cca gaa acc atc ttc aag ctg cag cat gca acg cgt	2563
His Leu Phe Asn Pro Glu Thr Ile Phe Lys Leu Gln His Ala Thr Arg	
810 815 820	
tct ggc agc tac gag att ttc aag gat tac acc cgc aag gtt gat gat	2611
Ser Gly Ser Tyr Glu Ile Phe Lys Asp Tyr Thr Arg Lys Val Asp Asp	
825 830 835	
caa tcc act cgc ttg ggt act att cgt gga ctg ttt gag ttc agc acg	2659
Gln Ser Thr Arg Leu Gly Thr Ile Arg Gly Leu Phe Glu Phe Ser Thr	
840 845 850	
gac cgc aag cca att tcg gtg tct gag gtg gag ccg gtc agt gag atc	2707
Asp Arg Lys Pro Ile Ser Val Ser Glu Val Glu Pro Val Ser Glu Ile	
855 860 865	

gtg aag cgt ttc tcc act ggt gcg atg tct tat ggc tcg att tct gct 2755
Val Lys Arg Phe Ser Thr Gly Ala Met Ser Tyr Gly Ser Ile Ser Ala

870 875 880 885
gaa gcc cat gag gtc ttg gcc atc gcc atg aac cga ctg ggc ggt atg 2803
Glu Ala His Glu Val Leu Ala Ile Ala Met Asn Arg Leu Gly Gly Met

890 895 900
tcc aac tcc ggc gaa ggt ggc gag gac gcc cgc cga ttt gat gtg gaa 2851
Ser Asn Ser Gly Glu Gly Gly Glu Asp Ala Arg Arg Phe Asp Val Glu

905 910 915
ccc aac ggt gac tgg aag cgc tct gcc att aag cag gtg gcc tcg gga 2899
Pro Asn Gly Asp Trp Lys Arg Ser Ala Ile Lys Gln Val Ala Ser Gly

920 925 930
cgt ttc ggc gtg acc agc cac tac ttg aac aac tgc acc gat att cag 2947
Arg Phe Gly Val Thr Ser His Tyr Leu Asn Asn Cys Thr Asp Ile Gln

935 940 945
atc aag atg gca cag ggc gca aag ccc ggt gaa ggt ggc cag ctg cca 2995
Ile Lys Met Ala Gln Gly Ala Lys Pro Gly Glu Gly Gly Gln Leu Pro

950 955 960 965
cca aac aag gtg tac cca tgg gtt gca gaa gtc cgc atc acc acc cca 3043
Pro Asn Lys Val Tyr Pro Trp Val Ala Glu Val Arg Ile Thr Thr Pro

970 975 980
ggc gtt ggt ctg att tcc cct cca cca cac cac gat att tac tcc att 3091
Gly Val Gly Leu Ile Ser Pro Pro Pro His His Asp Ile Tyr Ser Ile

985 990 995
gag gat ctg gct cag ctg atc cac gac ctg aag aac gct aac cca cgc 3139
Glu Asp Leu Ala Gln Leu Ile His Asp Leu Lys Asn Ala Asn Pro Arg

1000 1005 1010
gca cga atc cac gtg aag cta gtg gca gaa caa ggc gtg ggc acc gtt 3187
Ala Arg Ile His Val Lys Leu Val Ala Glu Gln Gly Val Gly Thr Val

1015 1020 1025
gcc gca ggt gtg tcc aaa gca cac gct gat gtg gtg ctt att tcc ggc 3235
Ala Ala Gly Val Ser Lys Ala His Ala Asp Val Val Leu Ile Ser Gly

1030 1035 1040 1045
cac gat ggc gga act ggc gca tct cct ttg acc tcc ctg aag cat gcc 3283
His Asp Gly Gly Thr Gly Ala Ser Pro Leu Thr Ser Leu Lys His Ala

1050 1055 1060
ggc ggt cca tgg gag ttg ggc ttg gct gaa acc cag caa acg ttg ctg 3331
Gly Gly Pro Trp Glu Leu Gly Leu Ala Glu Thr Gln Gln Thr Leu Leu

1065 1070 1075
ctc aac ggc ctg cgc gat cgt att cgc gtg cag tgc gat ggt cag ctg 3379
Leu Asn Gly Leu Arg Asp Arg Ile Arg Val Gln Cys Asp Gly Gln Leu

1080 1085 1090

aaa act ggc cga gac gtg gtt atc gca gct ctt ctc ggt gcc gaa gaa 3427
 Lys Thr Gly Arg Asp Val Val Ile Ala Ala Leu Leu Gly Ala Glu Glu

1095 1100 1105
 ttc ggt ttt gcc acc gca ccg ctg gtg gtt gaa ggc tgc atc atg atg 3475
 Phe Gly Phe Ala Thr Ala Pro Leu Val Val Glu Gly Cys Ile Met Met

1110 1115 1120 1125
 cgc gtc tgc cac ctg gac acc tgc ccg gtg ggt atc gct acc cag aac 3523
 Arg Val Cys His Leu Asp Thr Cys Pro Val Gly Ile Ala Thr Gln Asn

1130 1135 1140
 ccg gat ttg cgt tcc aag ttc acc ggc aag gct gaa cac gtg gtc aac 3571
 Pro Asp Leu Arg Ser Lys Phe Thr Gly Lys Ala Glu His Val Val Asn

1145 1150 1155
 ttc ttc acc ttc atc gcc cag gaa gtc cgt gag tac ttg gca cag ctt 3619
 Phe Phe Thr Phe Ile Ala Gln Glu Val Arg Glu Tyr Leu Ala Gln Leu

1160 1165 1170
 ggt ttc cgc tct att gat gaa gcc gtc gga caa gcc cag gtg ctg cgc 3667
 Gly Phe Arg Ser Ile Asp Glu Ala Val Gly Gln Ala Gln Val Leu Arg

1175 1180 1185
 aag cgt tcc gga atc cca gct gat tcc cgc gca gca cac ctg gat ttg 3715
 Lys Arg Ser Gly Ile Pro Ala Asp Ser Arg Ala Ala His Leu Asp Leu

1190 1195 1200 1205
 agc cca att ttc cat cgc cca gaa act cca cac ttc cca act cag gat 3763
 Ser Pro Ile Phe His Arg Pro Glu Thr Pro His Phe Pro Thr Gln Asp

1210 1215 1220
 gtg cgt tgc acc aag acc cag gaa cac agc cta gaa aaa gcc ctg gac 3811
 Val Arg Cys Thr Lys Thr Gln Glu His Ser Leu Glu Lys Ala Leu Asp

1225 1230 1235
 aac gca ttt att gat aag gct tcg gac acg atc acc cgt gcc gca gcg 3859
 Asn Ala Phe Ile Asp Lys Ala Ser Asp Thr Ile Thr Arg Ala Ala Ala

1240 1245 1250
 ggt gtg gaa acc agc att gtt att gat agc tcc atc agc aac gtc aac 3907
 Gly Val Glu Thr Ser Ile Val Ile Asp Ser Ser Ile Ser Asn Val Asn

1255 1260 1265
 cgt tca gtt ggc acg atg ctg ggt tct gca gtc agc cgc gtg gct ggt 3955
 Arg Ser Val Gly Thr Met Leu Gly Ser Ala Val Ser Arg Val Ala Gly

1270 1275 1280 1285
 gcc caa ggt ttg cca gac ggc acc atc acc ttg aat ctt caa ggc tgc 4003
 Ala Gln Gly Leu Pro Asp Gly Thr Ile Thr Leu Asn Leu Gln Gly Cys

1290 1295 1300
 gcc ggt aac tcc ttt ggc gcg ttc atc cca cga ggc atc acc atc aac 4051
 Ala Gly Asn Ser Phe Gly Ala Phe Ile Pro Arg Gly Ile Thr Ile Asn

1305 1310 1315

ctc acc ggc gat gcc aat gac ttt gtg ggc aag gga tta tct ggc gga 4099
Leu Thr Gly Asp Ala Asn Asp Phe Val Gly Lys Gly Leu Ser Gly Gly

1320 1325 1330
aag att gtg atc aag cct tcc gct cag gct ccg aag cag ctg aag aac 4147
Lys Ile Val Ile Lys Pro Ser Ala Gln Ala Pro Lys Gln Leu Lys Asn

1335 1340 1345
aat cca aat atc att gcc gga aac gtg ctt gga tac ggc gca acc agt 4195
Asn Pro Asn Ile Ile Ala Gly Asn Val Leu Gly Tyr Gly Ala Thr Ser

1350 1355 1360 1365
ggg gaa ttg ttc att cgt ggc cag gtc ggc gaa cgt ttc tgc gtc cgt 4243
Gly Glu Leu Phe Ile Arg Gly Gln Val Gly Glu Arg Phe Cys Val Arg

1370 1375 1380
aac tct ggc gcc acc gca gtg gtt gaa ggt atc gga aac cac ggt tgt 4291
Asn Ser Gly Ala Thr Ala Val Val Glu Gly Ile Gly Asn His Gly Cys

1385 1390 1395
gag tac atg act ggc ggc cga gtc ctg gtt ttg ggc ccg gtt ggt gag 4339
Glu Tyr Met Thr Gly Gly Arg Val Leu Val Leu Gly Pro Val Gly Glu

1400 1405 1410
aac ttt ggt gcc ggc atg tct ggt ggc att gca tac ctg gct aat tcc 4387
Asn Phe Gly Ala Gly Met Ser Gly Gly Ile Ala Tyr Leu Ala Asn Ser

1415 1420 1425
ccg gac cta aac cag aag atc aat ggc gaa ttg gtg gat gtt gtt cca 4435
Pro Asp Leu Asn Gln Lys Ile Asn Gly Glu Leu Val Asp Val Val Pro

1430 1435 1440 1445
ctg agc gct gac gat ctg acg tgg gct gat gag ctc att gct cgc cac 4483
Leu Ser Ala Asp Asp Leu Thr Trp Ala Asp Glu Leu Ile Ala Arg His

1450 1455 1460
cgc gaa ctc acc gga tcc gag acc aag ctg cgt gca caa gat ttg gtg 4531
Arg Glu Leu Thr Gly Ser Glu Thr Lys Leu Arg Ala Gln Asp Leu Val

1465 1470 1475
aaa atc atg ccg cgc gat ttc caa aaa gta ctc aac atc atc gaa acg 4579
Lys Ile Met Pro Arg Asp Phe Gln Lys Val Leu Asn Ile Ile Glu Thr

1480 1485 1490
gcc cac gct gag ggc caa gac cca gca atc aag atc atg gag gca gtg 4627
Ala His Ala Glu Gly Gln Asp Pro Ala Ile Lys Ile Met Glu Ala Val

1495 1500 1505 4653
agc taatggccga cccacaagga ttc
Ser

1510
<210> 72
<211> 1510
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 72

Met Lys Pro Gln Gly Leu Tyr Asn Pro Ala His Glu His Asp Ala Cys
 1 5 10 15
 Gly Val Ala Phe Ile Ala Asp Ile His Gly Arg Pro Ser Arg Ser Ile
 20 25 30
 Val Asp Arg Ala Leu Glu Ala Leu Arg Asn Ile Asp His Arg Gly Ala
 35 40 45
 Ala Gly Ala Glu Lys Asn Thr Gly
 Asp Gly Ala Gly Ile Leu Met Gln
 50 55 60
 Ile Pro Asp Gly Phe Tyr Arg Glu Val Ser Gly Ile Glu Leu Pro Glu
 65 70 75 80

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

Leu Thr Val Pro Gly Lys Ser Gly Glu Asp Leu Asp Arg Val Met Phe
 145 150 155 160

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

Thr Asn Thr Phe Pro Ser Trp Pro Leu Ala His Pro Tyr Arg Phe Val
 225 230 235 240

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

Ala Val Ala Met Met Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu
 305 310 315 320

Ser Pro Glu Leu Arg Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu
 325 330 335
 Pro Trp Asp Gly Pro Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val
 340 345 350
 Gly Ala Val Leu Asp Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile
 355 360 365
 Thr Asp Ser Gly Leu Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp
 370 375 380

Leu Arg Glu Glu Ser Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg
385 390 395 400

Met Phe Leu Val Asp Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu
405 410 415

Ile Lys Gln Lys Leu Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg
420 425 430

Asp Asn Phe Val His Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr
435 440 445

Met Ala His Ser Arg Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr
450 455 460

Glu Glu Asp Val Asp Leu Leu Leu Leu Pro Met Ala Arg Gln Gly Ala
465 470 475 480

Glu Ala Ile Gly Ser Met Gly Ser Asp Thr Pro Ile Ala Ala Leu Ser
485 490 495

Gln Arg Pro Arg Met Leu Tyr Asp Phe Phe Ala Gln Arg Phe Ala Gln
500 505 510

Val Thr Asn Pro Pro Leu Asp Ser Ile Arg Glu Lys Pro Val Thr Ser
515 520 525

Met Phe Thr Leu Leu Gly Ala Gln Ser Asp Val Leu Asn Pro Gly Pro
530 535 540

Asp Ala Ala Arg Arg Ile Arg Leu Glu Ser Pro Ile Ile Asp Asn His
545 550 555 560

Glu Leu Ala Thr Leu Ile Asn Ala Asn Ala His Gly Glu Trp Asp Ser
565 570 575

Phe Gly Ala Ala Val Ile Ser Gly Leu Tyr Pro Val Ala His His Gly
580 585 590

Ala Gly Met Lys Ala Ala Ile Ala Arg Val Arg Arg Glu Val Ser Glu
595 600 605

Ala Ile Arg Asn Gly Lys Thr Leu Ile Val Leu Ser Asp Arg Glu Ser
610 615 620

Asp Glu Arg Met Ala Pro Ile Pro Ala Leu Leu Leu Thr Ser Ala Val
625 630 635 640

His Gln Tyr Leu Val Gln Gln Arg Thr Arg Thr Gln Cys Ser Leu Val
645 650 655

Val Glu Ser Gly Asp Ala Arg Glu Val His His Leu Ala Met Leu Ile
660 665 670

Gly Phe Gly Ala Asp Ala Ile Asn Pro Tyr Met Ala Phe Glu Thr Ile
675 680 685

Asp Glu Leu Arg Met Lys Gly Gln Leu Gly Asp Leu Ser Leu Asp Glu
690 695 700

Ala Ser Arg Asn Tyr Ile Lys Ala Ala Thr Thr Gly Val Leu Lys Val
705 710 715 720

Met Ser Lys Met Gly Ile Ala Thr Val Ser Ser Tyr Arg Gly Ala Gln
725 730 735

Leu Ala Asp Val Thr Gly Leu His Gln Asp Leu Leu Asp Asn Tyr Phe
740 745 750

Gly Gly Ile Ala Ser Pro Ile Ser Gly Ile Gly Leu Asp Glu Val Ala
 755 760 765
 Ala Asp Val Glu Ala Arg His Arg Ser Ala Phe Leu Pro Arg Pro Glu
 770 775 780

 Glu His Ala His Arg Glu Leu Asp Leu Gly Gly Glu Tyr Lys Trp Arg
 785 790 795 800

 Arg Glu Gly Glu Tyr His Leu Phe Asn Pro Glu Thr Ile Phe Lys Leu
 805 810 815
 Gln His Ala Thr Arg Ser Gly Ser Tyr Glu Ile Phe Lys Asp Tyr Thr
 820 825 830
 Arg Lys Val Asp Asp Gln Ser Thr Arg Leu Gly Thr Ile Arg Gly Leu
 835 840 845
 Phe Glu Phe Ser Thr Asp Arg Lys Pro Ile Ser Val Ser Glu Val Glu
 850 855 860

 Pro Val Ser Glu Ile Val Lys Arg Phe Ser Thr Gly Ala Met Ser Tyr
 865 870 875 880

 Gly Ser Ile Ser Ala Glu Ala His Glu Val Leu Ala Ile Ala Met Asn
 885 890 895
 Arg Leu Gly Gly Met Ser Asn Ser Gly Glu Gly Gly Glu Asp Ala Arg
 900 905 910
 Arg Phe Asp Val Glu Pro Asn Gly Asp Trp Lys Arg Ser Ala Ile Lys
 915 920 925
 Gln Val Ala Ser Gly Arg Phe Gly Val Thr Ser His Tyr Leu Asn Asn
 930 935 940

 Cys Thr Asp Ile Gln Ile Lys Met Ala Gln Gly Ala Lys Pro Gly Glu
 945 950 955 960

 Gly Gly Gln Leu Pro Pro Asn Lys Val Tyr Pro Trp Val Ala Glu Val
 965 970 975
 Arg Ile Thr Thr Pro Gly Val Gly Leu Ile Ser Pro Pro Pro His His
 980 985 990
 Asp Ile Tyr Ser Ile Glu Asp Leu Ala Gln Leu Ile His Asp Leu Lys
 995 1000 1005
 Asn Ala Asn Pro Arg Ala Arg Ile His Val Lys Leu Val Ala Glu Gln
 1010 1015 1020

 Gly Val Gly Thr Val Ala Ala Gly Val Ser Lys Ala His Ala Asp Val
 1025 1030 1035 1040

 Val Leu Ile Ser Gly His Asp Gly Gly Thr Gly Ala Ser Pro Leu Thr
 1045 1050 1055
 Ser Leu Lys His Ala Gly Gly Pro Trp Glu Leu Gly Leu Ala Glu Thr
 1060 1065 1070
 Gln Gln Thr Leu Leu Leu Asn Gly Leu Arg Asp Arg Ile Arg Val Gln
 1075 1080 1085
 Cys Asp Gly Gln Leu Lys Thr Gly Arg Asp Val Val Ile Ala Ala Leu
 1090 1095
 1100
 Leu Gly Ala Glu Glu Phe Gly Phe Ala Thr Ala Pro Leu Val Val Glu
 1105 1110 1115 1120

Gly Cys Ile Met Met Arg Val Cys His Leu Asp Thr Cys Pro Val Gly
 1125 1130 1135
 Ile Ala Thr Gln Asn Pro Asp Leu Arg Ser Lys Phe Thr Gly Lys Ala
 1140 1145 1150
 Glu His Val Val Asn Phe Phe Thr Phe Ile Ala Gln Glu Val Arg Glu
 1155 1160 1165
 Tyr Leu Ala Gln Leu Gly Phe Arg Ser Ile Asp Glu Ala Val Gly Gln
 1170 1175
 1180
 Ala Gln Val Leu Arg Lys Arg Ser Gly Ile Pro Ala Asp Ser Arg Ala
 1185 1190 1195 1200

 Ala His Leu Asp Leu Ser Pro Ile Phe His Arg Pro Glu Thr Pro His
 1205 1210 1215
 Phe Pro Thr Gln Asp Val Arg Cys Thr Lys Thr Gln Glu His Ser Leu
 1220 1225 1230
 Glu Lys Ala Leu Asp Asn Ala Phe Ile Asp Lys Ala Ser Asp Thr Ile
 1235 1240 1245
 Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val Glu Thr Ser Ile Val Ile Asp Ser Ser
 1250 1255
 1260
 Ile Ser Asn Val Asn Arg Ser Val Gly Thr Met Leu Gly Ser Ala Val
 1265 1270 1275 1280

 Ser Arg Val Ala Gly Ala Gln Gly Leu Pro Asp Gly Thr Ile Thr Leu
 1285 1290 1295
 Asn Leu Gln Gly Cys Ala Gly Asn Ser Phe Gly Ala Phe Ile Pro Arg
 1300 1305 1310
 Gly Ile Thr Ile Asn Leu Thr Gly Asp Ala Asn Asp Phe Val Gly Lys
 1315 1320 1325
 Gly Leu Ser Gly Gly Lys Ile Val Ile Lys Pro Ser Ala Gln Ala Pro
 1330 1335
 1340
 Lys Gln Leu Lys Asn Asn Pro Asn Ile Ile Ala Gly Asn Val Leu Gly
 1345 1350 1355 1360

 Tyr Gly Ala Thr Ser Gly Glu Leu Phe Ile Arg Gly Gln Val Gly Glu
 1365 1370 1375
 Arg Phe Cys Val Arg Asn Ser Gly Ala Thr Ala Val Val Glu Gly Ile
 1380 1385 1390
 Gly Asn His Gly Cys Glu Tyr Met Thr Gly Gly Arg Val Leu Val Leu
 1395 1400 1405
 Gly Pro Val Gly Glu Asn Phe Gly Ala Gly Met Ser Gly Gly Ile Ala
 1410 1415
 1420
 Tyr Leu Ala Asn Ser Pro Asp Leu Asn Gln Lys Ile Asn Gly Glu Leu
 1425 1430 1435 1440

 Val Asp Val Val Pro Leu Ser Ala Asp Asp Leu Thr Trp Ala Asp Glu
 1445 1450 1455
 Leu Ile Ala Arg His Arg Glu Leu Thr Gly Ser Glu Thr Lys Leu Arg
 1460 1465 1470
 Ala Gln Asp Leu Val Lys Ile Met Pro Arg Asp Phe Gln Lys Val Leu
 1475 1480 1485
 Asn Ile Ile Glu Thr Ala His Ala Glu Gly Gln Asp Pro Ala Ile Lys
 1490 1495
 1500

Ile Met Glu Ala Val Ser

1505 1510

<210> 73

<211> 1906

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1906)

<223> FRXA00007

<400> 73

atcgaaagta acccttttgt tacttgcgtt gcaggtagtgc tccctgattt tcttattatc 60
gaacgattga tagaaacagg attaaagtga ggtatccgc atg aaa cca caa gga 115
Met Lys Pro Gln Gly

1 5
ctc tac aac cct gcg cat gaa cat gac gcc tgc ggt gtg gcg ttt att 163
Leu Tyr Asn Pro Ala His Glu His Asp Ala Cys Gly Val Ala Phe Ile

10 15 20
gcg gat atc cac ggt cga ccc agc cgc agc att gtt gat cgt gca ctt 211
Ala Asp Ile His Gly Arg Pro Ser Arg Ser Ile Val Asp Arg Ala Leu

25 30 35
gag gcg ctt cgc aac att gac cac cga ggt gcc gcc ggt gca gag aag 259
Glu Ala Leu Arg Asn Ile Asp His Arg Gly Ala Ala Gly Ala Glu Lys

40 45 50
aac act ggc gat ggt gcg ggc atc ctc atg cag att ccg gac ggc ttt 307
Asn Thr Gly Asp Gly Ala Gly Ile Leu Met Gln Ile Pro Asp Gly Phe

55 60 65
tat cgt gaa gta tct ggc att gag ctt cct gag gca ggg gag tat gcc 355
Tyr Arg Glu Val Ser Gly Ile Glu Leu Pro Glu Ala Gly Glu Tyr Ala

70 75 80 85
act ggt att gcg ttc ttg cct cgc ggt cgc atg gcg atg atg gat gct 403
Thr Gly Ile Ala Phe Leu Pro Arg Gly Arg Met Ala Met Met Asp Ala

90 95 100
cag aag gaa att gag cgc atc gca aag caa gaa ggt gcc gat gtg ctt 451
Gln Lys Glu Ile Glu Arg Ile Ala Lys Gln Glu Gly Ala Asp Val Leu

105 110 115
ggg tgg cgc atg gtt cct ttt gat tct cgt gat ttg ggt tcc atg gct 499
Gly Trp Arg Met Val Pro Phe Asp Ser Arg Asp Leu Gly Ser Met Ala

120 125 130
gag gag gcg atg cct agt ttc gcg cag att ttc ctt act gtg cct gga 547
Glu Glu Ala Met Pro Ser Phe Ala Gln Ile Phe Leu Thr Val Pro Gly

135 140 145
aaa tct ggt gaa gat ctt gac cgt gtg atg ttc ttt atc cgt aag cgt 595

Lys Ser Gly Glu Asp Leu Asp Arg Val Met Phe Phe Ile Arg Lys Arg

150 155 160 165
tgt gag cgt gag ctg ggc acc acc aat ggt cgc gat acg gtg tat ttc 643
Cys Glu Arg Glu Leu Gly Thr Thr Asn Gly Arg Asp Thr Val Tyr Phe

170 175 180
ccg tcg cta tct tca cgc acc atc att tac aaa ggc atg ttg acc act 691
Pro Ser Leu Ser Ser Arg Thr Ile Ile Tyr Lys Gly Met Leu Thr Thr

185 190 195
ctg cag ctt gag ggc ttc ttt gag gat ctg ggt gat gct cgc ctg gag 739
Leu Gln Leu Glu Gly Phe Phe Glu Asp Leu Gly Asp Ala Arg Leu Glu

200 205 210
tcg gcc att gct att gtg cac tcg cgt ttc tcc acg aac act ttc cca 787
Ser Ala Ile Ala Ile Val His Ser Arg Phe Ser Thr Asn Thr Phe Pro

215 220 225
agc tgg ccg ctg gcg cac ccg tac cgt ttc gtt gcc cac aac ggt gag 835
Ser Trp Pro Leu Ala His Pro Tyr Arg Phe Val Ala His Asn Gly Glu

230 235 240 245
atc aac act gtg cgt ggc aat gaa aac tgg atg cgc gcc cgc gag gcg 883
Ile Asn Thr Val Arg Gly Asn Glu Asn Trp Met Arg Ala Arg Glu Ala

250 255 260
ctt atc aaa aac gac aag ctg ggc aat ttg agc agc gtg ctg cct atc 931
Leu Ile Lys Asn Asp Lys Leu Gly Asn Leu Ser Ser Val Leu Pro Ile

265 270 275
tgc acc ccg gag ggc tcg gat acc gcg cgt ttc gac gag gct ttg gag 979
Cys Thr Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ala Arg Phe Asp Glu Ala Leu Glu

280 285 290
ctt ttg cac ctg ggc gga tac tca ctt ccg cat gct gtt gcg atg atg 1027
Leu Leu His Leu Gly Gly Tyr Ser Leu Pro His Ala Val Ala Met Met

295 300 305
atc cct cag gcg tgg gaa cac aac aag acg ctg agc cct gag ctg cgt 1075
Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu Ser Pro Glu Leu Arg

310 315 320 325
gat ttc tac gaa tac cac tct tgt ctg atg gag cca tgg gat ggt cct 1123
Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu Pro Trp Asp Gly Pro

330 335 340
gca gcg ctg gca ttt act gac ggt cgt ttt gtg ggt gcc gtg ctg gac 1171
Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val Gly Ala Val Leu Asp

345 350 355
cgt aat ggc ctg cga cct ggg cga atc acc att act gat tcg ggt ttg 1219
Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile Thr Asp Ser Gly Leu

360 365 370
gtt gtg atg gct tct gaa tcg gga gtg ttg gac ttg agg gag gag agc 1267

Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp Leu Arg Glu Glu Ser

375 380 385
gtc gta aag cgt act cgc gta cag cct gga cgc atg ttc ctt gtt gac 1315
Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg Met Phe Leu Val Asp

390 395 400 405
act gcc gag ggc cgc atc gtt gaa gac gag gaa atc aag cag aaa tta 1363
Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu Ile Lys Gln Lys Leu

410 415 420
agc gaa gcg cag cca tat ggt gag tgg att cgc gat aat ttt gtg cat 1411
Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg Asp Asn Phe Val His

425 430 435
ctg gat cgt ctg cct cag aca cgc tac aac tac atg gcg cac tct cgt 1459
Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr Met Ala His Ser Arg

440 445 450
gct gtg ttg cgt cag cgt gtt ttc gga atc act gaa gaa gat gtg gat 1507
Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr Glu Glu Asp Val Asp

455 460 465
ttg ttg ctg ctg ccg atg gcc cgc cag ggt gct gag gcg att ggt tcc 1555
Leu Leu Leu Leu Pro Met Ala Arg Gln Gly Ala Glu Ala Ile Gly Ser

470 475 480 485
atg ggt tcg gat acg cca att gcg gcg cta tcc cag cga cca cgc atg 1603
Met Gly Ser Asp Thr Pro Ile Ala Ala Leu Ser Gln Arg Pro Arg Met

490 495 500
ctt tat gat ttc ttc gcg cag cgc ttt gct cag gtg aca aac cca ccg 1651
Leu Tyr Asp Phe Phe Ala Gln Arg Phe Ala Gln Val Thr Asn Pro Pro

505 510 515
ttg gac tct atc cgc gaa aag cct gtg acc agc atg ttc act ttg ttg 1699
Leu Asp Ser Ile Arg Glu Lys Pro Val Thr Ser Met Phe Thr Leu Leu

520 525 530
ggt gcg cag tct gac gtg ctc aat ccg ggt cct gat gcg gcg cga cgt 1747
Gly Ala Gln Ser Asp Val Leu Asn Pro Gly Pro Asp Ala Ala Arg Arg

535 540 545
att cgt ttg gaa tcg ccg atc att gat aac cat gag ctg gcc acc ttg 1795
Ile Arg Leu Glu Ser Pro Ile Ile Asp Asn His Glu Leu Ala Thr Leu

550 555 560 565
atc aat gcc aac gcg cat ggt gag tgg gat tcc ttt ggt gct gct gta 1843
Ile Asn Ala Asn Ala His Gly Glu Trp Asp Ser Phe Gly Ala Ala Val

570 575 580
att tct ggt ttg tac cca gtg gct cac cat ggt gcc gcc atg aag gct 1891
Ile Ser Gly Leu Tyr Pro Val Ala His His Gly Ala Gly Met Lys Ala

585 590 595
gcg att gct cgt gtg 1906

Ala Ile Ala Arg Val

600
 <210> 74
 <211> 602
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 74
 Met Lys Pro Gln Gly Leu Tyr Asn Pro Ala His Glu His Asp Ala Cys
 1 5 10 15
 Gly Val Ala Phe Ile Ala Asp Ile His Gly Arg Pro Ser Arg Ser Ile
 20 25 30
 Val Asp Arg Ala Leu Glu Ala Leu Arg Asn Ile Asp His Arg Gly Ala
 35 40 45
 Ala Gly Ala
 Glu Lys Asn Thr Gly Asp Gly Ala Gly Ile Leu Met Gln
 50 55 60
 Ile Pro Asp Gly Phe Tyr Arg Glu Val Ser Gly Ile Glu Leu Pro Glu
 65 70 75 80

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

Leu Thr Val Pro Gly Lys Ser Gly Glu Asp Leu Asp Arg Val Met Phe
 145 150 155 160

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

Thr Asn Thr Phe Pro Ser Trp Pro Leu Ala His Pro Tyr Arg Phe Val
 225 230 235 240

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

Ala Val Ala Met Met Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu
 305 310 315 320

Ser Pro Glu Leu Arg Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu
 325 330 335
 Pro Trp Asp Gly Pro Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val
 340 345 350
 Gly Ala Val Leu Asp Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile
 355 360 365
 Thr Asp Ser Gly Leu Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp
 370 375 380

Leu Arg Glu Glu Ser Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg
 385 390 395 400

Met Phe Leu Val Asp Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu
 405 410 415
 Ile Lys Gln Lys Leu Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg
 420 425 430
 Asp Asn Phe Val His Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr
 435 440 445
 Met Ala His Ser Arg Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr
 450 455 460

Glu Glu Asp Val Asp Leu Leu Leu Leu Pro Met Ala Arg Gln Gly Ala
 465 470 475 480

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

Asp Ala Ala Arg Arg Ile Arg Leu Glu Ser Pro Ile Ile Asp Asn His
 545 550 555 560

Glu Leu Ala Thr Leu Ile Asn Ala Asn Ala His Gly Glu Trp Asp Ser
 565 570 575
 Phe Gly Ala Ala Val Ile Ser Gly Leu Tyr Pro Val Ala His His Gly
 580 585 590
 Ala Gly Met Lys Ala Ala Ile Ala Arg Val

595 600
 <210> 75
 <211> 1362
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (70)..(1362)
 <223> FRXA00364
 <400> 75

accaatttct ggcacggtc tggatgaagt tgcagctgac gtagaaagct cgtcaccgca 60
 gcgcatttt ttg cca cgc cct gaa gag cac gct cac cgt gaa ttg gat ttg 111

Leu Pro Arg Pro Glu Glu His Ala His Arg Glu Leu Asp Leu

1 5 10
 ggt ggt gaa tac aag tgg cgc cgc gaa ggt gaa tac cac ctg ttc aac 159
 Gly Gly Glu Tyr Lys Trp Arg Arg Glu Gly Glu Tyr His Leu Phe Asn

15 20 25 30
 cca gaa acc atc ttc aag ctg cag cat gca acg cgt tct ggc agc tac 207
 Pro Glu Thr Ile Phe Lys Leu Gln His Ala Thr Arg Ser Gly Ser Tyr

35 40 45
 gag att ttc aag gat tac acc cgc aag gtt gat gat caa tcc act cgc 255
 Glu Ile Phe Lys Asp Tyr Thr Arg Lys Val Asp Asp Gln Ser Thr Arg

50 55 60
 ttg ggt act att cgt gga ctg ttt gag ttc agc acg gac cgc aag cca 303
 Leu Gly Thr Ile Arg Gly Leu Phe Glu Phe Ser Thr Asp Arg Lys Pro

65 70 75
 att tcg gtg tct gag gtg gag ccg gtc agt gag atc gtg aag cgt ttc 351
 Ile Ser Val Ser Glu Val Glu Pro Val Ser Glu Ile Val Lys Arg Phe

80 85 90
 tcc act ggt gcg atg tct tat ggc tcg att tct gct gaa gcc cat gag 399
 Ser Thr Gly Ala Met Ser Tyr Gly Ser Ile Ser Ala Glu Ala His Glu

95 100 105 110
 gtc ttg gcc atc gcc atg aac cga ctg ggc ggt atg tcc aac tcc ggc 447
 Val Leu Ala Ile Ala Met Asn Arg Leu Gly Gly Met Ser Asn Ser Gly

115 120 125
 gaa ggt ggc gag gac gcc cgc cga ttt gat gtg gaa ccc aac ggt gac 495
 Glu Gly Gly Glu Asp Ala Arg Arg Phe Asp Val Glu Pro Asn Gly Asp

130 135 140
 tgg aag cgc tct gcc att aag cag gtg gcc tcg gga cgt ttc ggc gtg 543
 Trp Lys Arg Ser Ala Ile Lys Gln Val Ala Ser Gly Arg Phe Gly Val

145 150 155
 acc agc cac tac ttg aac aac tgc acc gat att cag atc aag atg gca 591
 Thr Ser His Tyr Leu Asn Asn Cys Thr Asp Ile Gln Ile Lys Met Ala

160 165 170
 cag ggc gca aag ccc ggt gaa ggt ggc cag ctg cca cca aac aag gtg 639
 Gln Gly Ala Lys Pro Gly Glu Gly Gly Gln Leu Pro Pro Asn Lys Val

175 180 185 190
 tac cca tgg gtt gca gaa gtc cgc atc acc acc cca ggc gtt ggt ctg 687
 Tyr Pro Trp Val Ala Glu Val Arg Ile Thr Thr Pro Gly Val Gly Leu

195 200 205
 att tcc cct cca cca cac cac gat att tac tcc att gag gat ctg gct 735
 Ile Ser Pro Pro Pro His His Asp Ile Tyr Ser Ile Glu Asp Leu Ala

210 215 220
 cag ctg atc cac gac ctg aag aac gct aac cca cgc gca cga atc cac 783

Gln Leu Ile His Asp Leu Lys Asn Ala Asn Pro Arg Ala Arg Ile His

225 230 235
gtg aag cta gtg gca gaa caa ggc gtg ggc acc gtt gcc gca ggt gtg 831
Val Lys Leu Val Ala Glu Gln Gly Val Gly Thr Val Ala Ala Gly Val

240 245 250
tcc aaa gca cac gct gat gtg gtg ctt att tcc ggc cac gat ggc gga 879
Ser Lys Ala His Ala Asp Val Val Leu Ile Ser Gly His Asp Gly Gly

255 260 265 270
act ggc gca tct cct ttg acc tcc ctg aag cat gcc ggt ggt cca tgg 927
Thr Gly Ala Ser Pro Leu Thr Ser Leu Lys His Ala Gly Gly Pro Trp

275 280 285
gag ttg ggc ttg gct gaa acc cag caa acg ttg ctg ctc aac ggc ctg 975
Glu Leu Gly Leu Ala Glu Thr Gln Gln Thr Leu Leu Leu Asn Gly Leu

290 295 300
cgc gat cgt att cgc gtg cag tgc gat ggt cag ctg aaa act ggc cga 1023
Arg Asp Arg Ile Arg Val Gln Cys Asp Gly Gln Leu Lys Thr Gly Arg

305 310 315
gac gtg gtt atc gca gct ctt ctc ggt gcc gaa gaa ttc ggt ttt gcc 1071
Asp Val Val Ile Ala Ala Leu Leu Gly Ala Glu Glu Phe Gly Phe Ala

320 325 330
acc gca ccg ctg gtg gtt gaa ggc tgc atc atg atg cgc gtc tgc cac 1119
Thr Ala Pro Leu Val Val Glu Gly Cys Ile Met Met Arg Val Cys His

335 340 345 350
ctg gac acc tgc ccg gtg ggt atc gct acc cag aac ccg gat ttg cgt 1167
Leu Asp Thr Cys Pro Val Gly Ile Ala Thr Gln Asn Pro Asp Leu Arg

355 360 365
tcc aag ttc acc ggc aag gct gaa cac gtg gtc aac ttc ttc acc ttc 1215
Ser Lys Phe Thr Gly Lys Ala Glu His Val Val Asn Phe Phe Thr Phe

370 375 380
atc gcc cag gaa gtc cgt gag tac ttg gca cag ctt ggt ttc cgc tct 1263
Ile Ala Gln Glu Val Arg Glu Tyr Leu Ala Gln Leu Gly Phe Arg Ser

385 390 395
att gat gaa gcc gtc gga caa gcc cag gtg ctg cgc aag cgt tcc gga 1311
Ile Asp Glu Ala Val Gly Gln Ala Gln Val Leu Arg Lys Arg Ser Gly

400 405 410
atc cca gct gat tcc cgc gca gca cac ctg gat ttg agc cca att ttc 1359
Ile Pro Ala Asp Ser Arg Ala Ala His Leu Asp Leu Ser Pro Ile Phe

415 420 425 430
atc 1362
Ile

<210> 76
<211> 431

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 76

Leu Pro Arg Pro Glu Glu His Ala His Arg Glu Leu Asp Leu Gly Gly
 1 5 10 15
 Glu Tyr Lys Trp Arg Arg Glu Gly Glu Tyr His Leu Phe Asn Pro Glu
 20 25 30
 Thr Ile Phe Lys Leu Gln His Ala Thr Arg Ser Gly Ser Tyr Glu Ile
 35 40 45
 Phe Lys Asp Tyr Thr Arg Lys Val Asp
 Asp Gln Ser Thr Arg Leu Gly
 50 55 60
 Thr Ile Arg Gly Leu Phe Glu Phe Ser Thr Asp Arg Lys Pro Ile Ser
 65 70 75 80

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

Arg Ser Ala Ile Lys Gln Val Ala Ser Gly Arg Phe Gly Val Thr Ser
 145 150 155 160

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

Ile His Asp Leu Lys Asn Ala Asn Pro Arg Ala Arg Ile His Val Lys
 225 230 235 240

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

Arg Ile Arg Val Gln Cys Asp Gly Gln Leu Lys Thr Gly Arg Asp Val
 305 310 315 320

Val Ile Ala Ala Leu Leu Gly Ala Glu Glu Phe Gly Phe Ala Thr Ala
 325 330 335
 Pro Leu Val Val Glu Gly Cys Ile Met Met Arg Val Cys His Leu Asp
 340 345 350
 Thr Cys Pro Val Gly Ile Ala Thr Gln Asn Pro Asp Leu Arg Ser Lys
 355 360 365

Phe Thr Gly Lys Ala Glu His Val Val Asn Phe Phe Thr Phe Ile Ala
370 375 380

Gln Glu Val Arg Glu Tyr Leu Ala Gln Leu Gly Phe Arg Ser Ile Asp
385 390 395 400

Glu Ala Val Gly Gln Ala Gln Val Leu Arg Lys Arg Ser Gly Ile Pro
405 410 415
Ala Asp Ser Arg Ala Ala His Leu Asp Leu Ser Pro Ile Phe Ile

420 425 430

<210> 77
<211> 866
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(843)
<223> FRXA00367
<400> 77

cac agc cta gaa aaa gcc ctg gac aac gca ttt att gat aag gct tcg 48
His Ser Leu Glu Lys Ala Leu Asp Asn Ala Phe Ile Asp Lys Ala Ser

1 5 10 15
gac acg atc acc cgt gcc gca gcg ggt gtg gaa acc agc att gtt att 96
Asp Thr Ile Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val Glu Thr Ser Ile Val Ile

20 25 30
gat agc tcc atc agc aac gtc aac cgt tca gtt ggc acg atg ctg ggt 144
Asp Ser Ser Ile Ser Asn Val Asn Arg Ser Val Gly Thr Met Leu Gly

35 40 45
tct gca gtc agc cgc gtg gct ggt gcc caa ggt ttg cca gac ggc acc 192
Ser Ala Val Ser Arg Val Ala Gly Ala Gln Gly Leu Pro Asp Gly Thr

50 55 60
atc acc ttg aat ctt caa ggc tgc gcc ggt aac tcc ttt ggc gcg ttc 240
Ile Thr Leu Asn Leu Gln Gly Cys Ala Gly Asn Ser Phe Gly Ala Phe

65 70 75 80
atc cca cga ggc atc acc atc aac ctc acc ggc gat gcc aat gac ttt 288
Ile Pro Arg Gly Ile Thr Ile Asn Leu Thr Gly Asp Ala Asn Asp Phe

85 90 95
gtg ggc aag gga tta tct ggc gga aag att gtg atc aag cct tcc gct 336
Val Gly Lys Gly Leu Ser Gly Gly Lys Ile Val Ile Lys Pro Ser Ala

100 105 110
cag gct ccg aag cag ctg aag aac aat cca aat atc att gcc gga aac 384
Gln Ala Pro Lys Gln Leu Lys Asn Asn Pro Asn Ile Ile Ala Gly Asn

115 120 125
gtg ctt gga tac ggc gca acc agt ggt gaa ttg ttc att cgt ggc cag 432

Val Leu Gly Tyr Gly Ala Thr Ser Gly Glu Leu Phe Ile Arg Gly Gln

130 135 140
 gtc ggc gaa cgt ttc tgc gtc cgt aac tct ggc gcc acc gca gtg gtt 480
 Val Gly Glu Arg Phe Cys Val Arg Asn Ser Gly Ala Thr Ala Val Val

145 150 155 160
 gaa ggt atc gga aac cac ggt tgt gag tac atg act ggc ggc cga gtc 528
 Glu Gly Ile Gly Asn His Gly Cys Glu Tyr Met Thr Gly Gly Arg Val

165 170 175
 ctg gtt ttg ggc ccg gtt ggt gag aac ttt ggt gcc ggc atg tct ggt 576
 Leu Val Leu Gly Pro Val Gly Glu Asn Phe Gly Ala Gly Met Ser Gly

180 185 190
 ggc att gca tac ctg gct aat tcc ccg gac cta aac cag aag atc aat 624
 Gly Ile Ala Tyr Leu Ala Asn Ser Pro Asp Leu Asn Gln Lys Ile Asn

195 200 205
 ggc gaa ttg gtg gat gtt gtt cca ctg agc gct gac gat ctg acg tgg 672
 Gly Glu Leu Val Asp Val Val Pro Leu Ser Ala Asp Asp Leu Thr Trp

210 215 220
 gct gat gag ctc att gct cgc cac cgc gaa ctc acc gga tcc gag acc 720
 Ala Asp Glu Leu Ile Ala Arg His Arg Glu Leu Thr Gly Ser Glu Thr

225 230 235 240
 aag ctg cgt gca caa gat ttg gtg aaa atc atg ccg cgc gat ttc caa 768
 Lys Leu Arg Ala Gln Asp Leu Val Lys Ile Met Pro Arg Asp Phe Gln

245 250 255
 aaa gta ctc aac atc atc gaa acg gcc cac gct gag ggc caa gac cca 816
 Lys Val Leu Asn Ile Ile Glu Thr Ala His Ala Glu Gly Gln Asp Pro

260 265 270
 gca atc aag atc atg gag gca gtg agc taatggccga cccacaagga 863
 Ala Ile Lys Ile Met Glu Ala Val Ser

275 280
 ttc 866
 <210> 78
 <211> 281
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 78
 His Ser Leu Glu Lys Ala Leu Asp Asn Ala Phe Ile Asp Lys Ala Ser
 1 5 10 15
 Asp Thr Ile Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val Glu Thr Ser Ile Val Ile
 20 25 30
 Asp Ser Ser Ile Ser Asn Val Asn Arg Ser Val Gly Thr Met
 Leu Gly
 35 40 45
 Ser Ala Val Ser Arg Val Ala Gly Ala Gln Gly Leu Pro Asp Gly Thr
 50 55 60
 Ile Thr Leu Asn Leu Gln Gly Cys Ala Gly Asn Ser Phe Gly Ala Phe

65	70	75	80
Ile Pro Arg Gly Ile Thr Ile Asn Leu Thr Gly Asp Ala Asn Asp Phe			
	85	90	95
Val Gly Lys Gly Leu Ser Gly Gly Lys Ile Val Ile Lys Pro Ser Ala			
	100	105	110
Gln Ala Pro Lys Gln Leu Lys Asn Asn Pro Asn Ile Ile Ala Gly Asn			
	115	120	125
Val Leu Gly Tyr Gly Ala Thr Ser Gly Glu Leu Phe Ile Arg Gly Gln			
	130	135	140
Val Gly Glu Arg Phe Cys Val Arg Asn Ser Gly Ala Thr Ala Val Val			
145	150	155	160
Glu Gly Ile Gly Asn His Gly Cys Glu Tyr Met Thr Gly Gly Arg Val			
	165	170	175
Leu Val Leu Gly Pro Val Gly Glu Asn Phe Gly Ala Gly Met Ser Gly			
	180	185	190
Gly Ile Ala Tyr Leu Ala Asn Ser Pro Asp Leu Asn Gln Lys Ile Asn			
	195	200	205
Gly Glu Leu Val Asp Val Val Pro Leu Ser Ala Asp Asp Leu Thr Trp			
	210	215	220
Ala Asp Glu Leu Ile Ala Arg His Arg Glu Leu Thr Gly Ser Glu Thr			
225	230	235	240
Lys Leu Arg Ala Gln Asp Leu Val Lys Ile Met Pro Arg Asp Phe Gln			
	245	250	255
Lys Val Leu Asn Ile Ile Glu Thr Ala His Ala Glu Gly Gln Asp Pro			
	260	265	270
Ala Ile Lys Ile Met Glu Ala Val Ser			
	275	280	
<210> 79			
<211> 1494			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1471)			
<223> RXN00076			
<400> 79			
tctaggagtg ttaaacagcc tggacttgaa acacctttaa ctacttgatt ttcacaccct			60
tgtttccata aaagggtca cgaaaggcaa ctccaacac atg aca act ccc ctg			115
		Met Thr Thr Pro Leu	
		1	5
cgc gta gcc gtc atc gga gct ggc cct gct ggc att tac gca tcc gac			163
Arg Val Ala Val Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly Ile Tyr Ala Ser Asp			
	10	15	20
ctc ctc atc cgc aat gaa gag cgc gaa gtg ttc gtt gac ctt ttc gag			211
Leu Leu Ile Arg Asn Glu Glu Arg Glu Val Phe Val Asp Leu Phe Glu			
	25	30	35

caa atg cct gca ccg ttc gga ctc atc cgt tac ggc gtt gct cca gac	259
Gln Met Pro Ala Pro Phe Gly Leu Ile Arg Tyr Gly Val Ala Pro Asp	
40 45 50	
cac cca cgc atc aag ggc atc gtt aag tcc ctg cac aac gtg ttg gac	307
His Pro Arg Ile Lys Gly Ile Val Lys Ser Leu His Asn Val Leu Asp	
55 60 65	
aag cca cgc ctg cgc ctg ctc ggt aac att gaa atc ggc aaa gac atc	355
Lys Pro Arg Leu Arg Leu Leu Gly Asn Ile Glu Ile Gly Lys Asp Ile	
70 75 80 85	
acc gtc gaa gaa ctc cgc gac tac tac gat gca gtc gtg ttc tcc acc	403
Thr Val Glu Glu Leu Arg Asp Tyr Tyr Asp Ala Val Val Phe Ser Thr	
90 95 100	
ggc gca gtt gca gac cgc gac ctc aac atc ccc gga att gaa gca gaa	451
Gly Ala Val Ala Asp Arg Asp Leu Asn Ile Pro Gly Ile Glu Ala Glu	
105 110 115	
ggc tcc ttc ggt gcc ggc gag ttc gtt ggc ttc tac gac ggc aac cca	499
Gly Ser Phe Gly Ala Gly Glu Phe Val Gly Phe Tyr Asp Gly Asn Pro	
120 125 130	
cgc ttc gag cgc tcc tgg gat ctg tct gca cag tcc gtc gct gtt atc	547
Arg Phe Glu Arg Ser Trp Asp Leu Ser Ala Gln Ser Val Ala Val Ile	
135 140 145	
ggc gtt ggt aac gtc ggc ctc gac gta gcc cgc atc ctg gct aag aca	595
Gly Val Gly Asn Val Gly Leu Asp Val Ala Arg Ile Leu Ala Lys Thr	
150 155 160 165	
ggc gac gag ctc aaa gtc acc gaa att tcc gac aac gtc tac gac tcc	643
Gly Asp Glu Leu Lys Val Thr Glu Ile Ser Asp Asn Val Tyr Asp Ser	
170 175 180	
ctc aaa gaa aac aag gcc act gaa gtg cac gtt ttc gga cgt cgt ggc	691
Leu Lys Glu Asn Lys Ala Thr Glu Val His Val Phe Gly Arg Arg Gly	
185 190 195	
cca gca cag gtc aag ttc acc cca cag gaa ctc aaa gaa ctc gac cac	739
Pro Ala Gln Val Lys Phe Thr Pro Gln Glu Leu Lys Glu Leu Asp His	
200 205 210	
tcc ccc acc atc aac gtg gtt gtt gat cca gaa gac atc gac tac gac	787
Ser Pro Thr Ile Asn Val Val Val Asp Pro Glu Asp Ile Asp Tyr Asp	
215 220 225	
ggc gcc tct gaa gaa gcc cgc cgc gca tcc aag tcc cag gac ctg gtc	835
Gly Ala Ser Glu Glu Ala Arg Arg Ala Ser Lys Ser Gln Asp Leu Val	
230 235 240 245	
tgc cag atc ctg gaa cag tac gca atc cgc gag cca aag gac gct ccg	883
Cys Gln Ile Leu Glu Gln Tyr Ala Ile Arg Glu Pro Lys Asp Ala Pro	
250 255 260	

cac acc ctg cag atc cac ctc ttt gaa aac cca gtt gag gtt ctt caa 931
 His Thr Leu Gln Ile His Leu Phe Glu Asn Pro Val Glu Val Leu Gln

 265 270 275
 aag gac ggc aag gtt gtt ggc ctg cgc acc gaa cgc acc tca ctt gat 979
 Lys Asp Gly Lys Val Val Gly Leu Arg Thr Glu Arg Thr Ser Leu Asp

 280 285 290
 ggc aac ggc ggc gta aac gga acc ggc gaa ttc aag gac tgg cca gtc 1027
 Gly Asn Gly Gly Val Asn Gly Thr Gly Glu Phe Lys Asp Trp Pro Val

 295 300 305
 cag gct gtc tac cgc gca gtc ggc tac aag tcc gac ccc atc gac ggc 1075
 Gln Ala Val Tyr Arg Ala Val Gly Tyr Lys Ser Asp Pro Ile Asp Gly

 310 315 320 325
 gtc cca ttc gat gag aac aag cac gtc atc cct aat gac ggc gga cat 1123
 Val Pro Phe Asp Glu Asn Lys His Val Ile Pro Asn Asp Gly Gly His

 330 335 340
 gtc ctc acc gct cca ggc gca gaa cca gta cca ggc ctc tat gca acc 1171
 Val Leu Thr Ala Pro Gly Ala Glu Pro Val Pro Gly Leu Tyr Ala Thr

 345 350 355
 ggc tgg atc aag cgt gga cca atc ggt cta atc ggc aac acc aag tcc 1219
 Gly Trp Ile Lys Arg Gly Pro Ile Gly Leu Ile Gly Asn Thr Lys Ser

 360 365 370
 gac gcc aag gaa acc acc gac atc ctc atc aag gat gcc gtc gcc ggt 1267
 Asp Ala Lys Glu Thr Thr Asp Ile Leu Ile Lys Asp Ala Val Ala Gly

 375 380 385
 gta ctt gaa gct cca aag cac cag ggc gaa gaa gcc atc atc gag ctt 1315
 Val Leu Glu Ala Pro Lys His Gln Gly Glu Glu Ala Ile Ile Glu Leu

 390 395 400 405
 ctc gat tcc cgc aac atc cca ttc acc acc tgg gaa ggc tgg tac aaa 1363
 Leu Asp Ser Arg Asn Ile Pro Phe Thr Thr Trp Glu Gly Trp Tyr Lys

 410 415 420
 ctc gac gca gca gag cgc gca ctc ggt gaa gcc gaa ggc cgc gag cgc 1411
 Leu Asp Ala Ala Glu Arg Ala Leu Gly Glu Ala Glu Gly Arg Glu Arg

 425 430 435
 aag aag att gtt gat tgg gaa gaa atg gtc cgc cag gcc cgc gaa gct 1459
 Lys Lys Ile Val Asp Trp Glu Glu Met Val Arg Gln Ala Arg Glu Ala

 440 445 450
 cca gca att gtc taaattgttt taacgcgtga agc 1494
 Pro Ala Ile Val

 455
 <210> 80
 <211> 457
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 80

Met Thr Thr Pro Leu Arg Val Ala Val Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly
 1 5 10 15
 Ile Tyr Ala Ser Asp Leu Leu Ile Arg Asn Glu Glu Arg Glu Val Phe
 20 25 30
 Val Asp Leu Phe Glu Gln Met Pro Ala Pro Phe Gly Leu Ile Arg Tyr
 35 40 45
 Gly Val Ala Pro
 Asp His Pro Arg Ile Lys Gly Ile Val Lys Ser Leu
 50 55 60
 His Asn Val Leu Asp Lys Pro Arg Leu Arg Leu Leu Gly Asn Ile Glu
 65 70 75 80

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

Ser Val Ala Val Ile Gly Val Gly Asn Val Gly Leu Asp Val Ala Arg
 145 150 155 160

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

Asp Ile Asp Tyr Asp Gly Ala Ser Glu Glu Ala Arg Arg Ala Ser Lys
 225 230 235 240

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

Lys Asp Trp Pro Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Val Gly Tyr Lys Ser
 305 310 315 320

Asp Pro Ile Asp Gly Val Pro Phe Asp Glu Asn Lys His Val Ile Pro
 325 330 335
 Asn Asp Gly Gly His Val Leu Thr Ala Pro Gly Ala Glu Pro Val Pro
 340 345 350
 Gly Leu Tyr Ala Thr Gly Trp Ile Lys Arg Gly Pro Ile Gly Leu Ile
 355 360 365
 Gly Asn Thr Lys Ser Asp Ala Lys Glu Thr Thr Asp Ile Leu Ile Lys
 370 375 380

Asp Ala Val Ala Gly Val Leu Glu Ala Pro Lys His Gln Gly Glu Glu
385 390 395 400

Ala Ile Ile Glu Leu Leu Asp Ser Arg Asn Ile Pro Phe Thr Thr Trp
405 410 415
Glu Gly Trp Tyr Lys Leu Asp Ala Ala Glu Arg Ala Leu Gly Glu Ala
420 425 430
Glu Gly Arg Glu Arg Lys Lys Ile Val Asp Trp Glu Glu Met Val Arg
435 440 445
Gln Ala Arg Glu Ala Pro Ala Ile Val

450 455
<210> 81
<211> 786
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(763)
<223> FRXA00075
<220>

<221> VARIANT
<222> 187
<223> Xaa = Val or Ala
<220>

<221> VARIANT
<222> 188
<223> Xaa = Thr or Ser
<220>

<221> VARIANT
<222> 209
<223> Xaa = Lys or Gln
<220>

<221> VARIANT
<222> 212
<223> Xaa = Arg
<400> 81

tctaggagtg ttaaacagcc tggacttgaa acacctttaa ctacttgatt ttcacaccct 60
tgtttcata aaagggtca cgaaaggcaa cttcaaacac atg aca act ccc ctg 115
Met Thr Thr Pro Leu

1 5
cgc gta gcc gtc atc gga gct ggc cct gct ggc att tac gca tcc gac 163
Arg Val Ala Val Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly Ile Tyr Ala Ser Asp

10 15 20
ctc ctc atc cgc aat gaa gag cgc gaa gtg ttc gtt gac ctt ttc gag 211
Leu Leu Ile Arg Asn Glu Glu Arg Glu Val Phe Val Asp Leu Phe Glu

25 30 35

caa atg cct gca ccg ttc gga ctc atc cgt tac ggc gtt gct cca gac 259
Gln Met Pro Ala Pro Phe Gly Leu Ile Arg Tyr Gly Val Ala Pro Asp

40 45 50
cac cca cgc atc aag ggc atc gtt aag tcc ctg cac aac gtg ttg gac 307
His Pro Arg Ile Lys Gly Ile Val Lys Ser Leu His Asn Val Leu Asp

55 60 65
aag cca cgc ctg cgc ctg ctc ggt aac att gaa atc ggc aaa gac atc 355
Lys Pro Arg Leu Arg Leu Leu Gly Asn Ile Glu Ile Gly Lys Asp Ile

70 75 80 85
acc gtc gaa gaa ctc cgc gac tac tac gat gca gtc gtg ttc tcc acc 403
Thr Val Glu Glu Leu Arg Asp Tyr Tyr Asp Ala Val Val Phe Ser Thr

90 95 100
ggc gca gtt gca gac cgc gac ctc aac atc ccc gga att gaa gca gaa 451
Gly Ala Val Ala Asp Arg Asp Leu Asn Ile Pro Gly Ile Glu Ala Glu

105 110 115
ggc tcc ttc ggt gcc ggc gag ttc gtt ggc ttc tac gac ggc aac cca 499
Gly Ser Phe Gly Ala Gly Glu Phe Val Gly Phe Tyr Asp Gly Asn Pro

120 125 130
cgc ttc gag cgc tcc tgg gat ctg tct gca cag tcc gtc gct gtt atc 547
Arg Phe Glu Arg Ser Trp Asp Leu Ser Ala Gln Ser Val Ala Val Ile

135 140 145
ggc gtt ggt aac gtc ggc ctc gac gta gcc cgc atc ctg gct aag aca 595
Gly Val Gly Asn Val Gly Leu Asp Val Ala Arg Ile Leu Ala Lys Thr

150 155 160 165
ggc gac gag ctc aaa gtc acc gaa att tcc gac aac gtc tac gac tcc 643
Gly Asp Glu Leu Lys Val Thr Glu Ile Ser Asp Asn Val Tyr Asp Ser

170 175 180
ctc aaa gaa aac aag gyc wct gaa gtg cac gtt ttc gga cgt cgg tgg 691
Leu Lys Glu Asn Lys Xaa Xaa Glu Val His Val Phe Gly Arg Arg Trp

185 190 195
ccc agc aca ggt caa gtt cac ccc aca gga act maa aga act cgr cca 739
Pro Ser Thr Gly Gln Val His Pro Thr Gly Thr Xaa Arg Thr Xaa Pro

200 205 210
ctc ccc cac cat caa cgt ggt tgt tgatccagaa gacatcgact acg 786
Leu Pro His His Gln Arg Gly Cys

215 220
<210> 82
<211> 221
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> VARIANT
<222> 187

<223> Xaa = Val or Ala

<220>

<221> VARIANT

<222> 188

<223> Xaa = Thr or Ser

<220>

<221> VARIANT

<222> 209

<223> Xaa = Lys or Gln

<220>

<221> VARIANT

<222> 212

<223> Xaa = Arg

<400> 82

Met Thr Thr Pro Leu Arg Val Ala Val Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly
 1 5 10 15
 Ile Tyr Ala Ser Asp Leu Leu Ile Arg Asn Glu Glu Arg Glu Val Phe
 20 25 30
 Val Asp Leu Phe Glu Gln Met Pro Ala Pro Phe Gly Leu Ile Arg Tyr
 35 40 45
 Gly Val Ala Pro Asp His Pro Arg Ile Lys Gly Ile Val Lys Ser
 Leu
 50 55 60
 His Asn Val Leu Asp Lys Pro Arg Leu Arg Leu Leu Gly Asn Ile Glu
 65 70 75 80

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

Ser Val Ala Val Ile Gly Val Gly Asn Val Gly Leu Asp Val Ala Arg
 145 150 155 160

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

210

215

220

<210> 83

<211> 672

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(649)
 <223> RXN00198
 <400> 83
 atgcaggatt agagcagcag caacggagcc agaatacagtc tcccaatttg atatccagcc 60
 ccgcgctcct ttccagcgcg ccgattccac tccatggccg atg tac ccc aac etc 115
 Met Tyr Pro Asn Leu
 1 5
 ttc cgc acc gca acg gct cac gaa gaa ggc gaa tac atc atc act ggc 163
 Phe Arg Thr Ala Thr Ala His Glu Glu Gly Glu Tyr Ile Ile Thr Gly
 10 15 20
 gat gaa tca gcc gat gaa atc gca gcc ctg ggc ctc gcc gaa cgt gcc 211
 Asp Glu Ser Ala Asp Glu Ile Ala Ala Leu Gly Leu Ala Glu Arg Ala
 25 30 35
 gca ggc tcc acg ctt ggt gaa cgt aaa ttt gct gtc aac acc gtg gaa 259
 Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Arg Lys Phe Ala Val Asn Thr Val Glu
 40 45 50
 ttc cac ggc aac aac ggc cac gtc acc gga ctc acc ggc aac caa atc 307
 Phe His Gly Asn Asn Gly His Val Thr Gly Leu Thr Gly Asn Gln Ile
 55 60 65
 cga gtt gtc aac ggc aaa cgt gaa cca atc gaa ggc acc gaa ttc ccc 355
 Arg Val Val Asn Gly Lys Arg Glu Pro Ile Glu Gly Thr Glu Phe Pro
 70 75 80 85
 ttc gaa gca gac ctc gtt ctt gtt gca ctt ggc ttc acc ggc gca gaa 403
 Phe Glu Ala Asp Leu Val Leu Val Ala Leu Gly Phe Thr Gly Ala Glu
 90 95 100
 caa ggc gga ttg gca cac gaa cta ggc gta ggt ttc gac gac cgg ggc 451
 Gln Gly Gly Leu Ala His Glu Leu Gly Val Gly Phe Asp Asp Arg Gly
 105 110 115
 cgc atc ctc cgc gat tcc gaa tac cgc agc ccc acc aac tcc cgc gtt 499
 Arg Ile Leu Arg Asp Ser Glu Tyr Arg Ser Pro Thr Asn Ser Arg Val
 120 125 130
 tac atc gca ggc gac aac ggc cgt ggc cag tcc ctg atc gtg tgg gca 547
 Tyr Ile Ala Gly Asp Asn Gly Arg Gly Gln Ser Leu Ile Val Trp Ala
 135 140 145
 atc gcc gaa ggc cgc gca tgc gcc gca gct atc gac gcc gat ctc atg 595
 Ile Ala Glu Gly Arg Ala Cys Ala Ala Ala Ile Asp Ala Asp Leu Met
 150 155 160 165
 ggt gaa act gca ctc cct gta gca gtt gca cca cag gac gtg ccg ctg 643
 Gly Glu Thr Ala Leu Pro Val Ala Val Ala Pro Gln Asp Val Pro Leu
 170 175 180
 gct gtc tagcttgggt agaaaatgct aga 672
 Ala Val

<210> 84

<211> 183

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 84

```
Met Tyr Pro Asn Leu Phe Arg Thr Ala Thr Ala His Glu Glu Gly Glu
  1           5           10           15
Tyr Ile Ile Thr Gly Asp Glu Ser Ala Asp Glu Ile Ala Ala Leu Gly
      20           25           30
Leu Ala Glu Arg Ala Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Arg Lys Phe Ala
      35           40           45
Val Asn Thr Val Glu Phe His Gly Asn
Asn Gly His Val Thr Gly Leu
      50           55           60
Thr Gly Asn Gln Ile Arg Val Val Asn Gly Lys Arg Glu Pro Ile Glu
      65           70           75           80
```

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

```
Leu Ile Val Trp Ala Ile Ala Glu Gly Arg Ala Cys Ala Ala Ala Ile
145           150           155           160
```

```
Asp Ala Asp Leu Met Gly Glu Thr Ala Leu Pro Val Ala Val Ala Pro
      165          170          175
Gln Asp Val Pro Leu Ala Val
```

180

<210> 85

<211> 305

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(282)

<223> FRXA00198

<400> 85

```
ctc gtt ctt gtt gca ctt ggc ttc acc ggc gca gaa caa ggc gga ttg 48
Leu Val Leu Val Ala Leu Gly Phe Thr Gly Ala Glu Gln Gly Gly Leu

  1           5           10           15
gca cac gaa cta ggc gta ggt ttc gac gac cgg ggc cgc atc ctc cgc 96
Ala His Glu Leu Gly Val Gly Phe Asp Asp Arg Gly Arg Ile Leu Arg

      20           25           30
gat tcc gaa tac cgc agc ccc acc aac tcc cgc gtt tac atc gca ggc 144
Asp Ser Glu Tyr Arg Ser Pro Thr Asn Ser Arg Val Tyr Ile Ala Gly

      35           40           45
```

gac aac ggc cgt ggc cag tcc ctg atc gtg tgg gca atc gcc gaa ggc 192
Asp Asn Gly Arg Gly Gln Ser Leu Ile Val Trp Ala Ile Ala Glu Gly

50 55 60
cgc gca tgc gcc gca gct atc gac gcc gat ctc atg ggt gaa act gca 240
Arg Ala Cys Ala Ala Ala Ile Asp Ala Asp Leu Met Gly Glu Thr Ala

65 70 75 80
ctc cct gta gca gtt gca cca cag gac gtg ccg ctg gct gtc 282
Leu Pro Val Ala Val Ala Pro Gln Asp Val Pro Leu Ala Val

85 90
tagcttgggt agaaaatgct aga 305

<210> 86

<211> 94

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 86

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

1 5 10 15
Ala His Glu Leu Gly Val Gly Phe Asp Asp Arg Gly Arg Ile Leu Arg

20 25 30
Asp Ser Glu Tyr Arg Ser Pro Thr Asn

Ser Arg Val Tyr Ile Ala Gly

35 40 45
Asp Asn Gly Arg Gly Gln Ser Leu Ile Val Trp Ala Ile Ala Glu Gly

50 55 60
Arg Ala Cys Ala Ala Ala Ile Asp Ala Asp Leu Met Gly Glu Thr Ala

65 70 75 80

Leu Pro Val Ala Val Ala Pro Gln Asp Val Pro Leu Ala Val

85 90

<210> 87

<211> 727

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(727)

<223> RXN00365

<400> 87

gaagcctacg atcgcttgca cgcgaccaac aatttcccg agttcaccgg ccgtttgtgc 60

cccgcaccct gcgaaggcgc ctgcgtgctc ggtatcaacg atg att ctg tca cca 115

Met Ile Leu Ser Pro

1 5
tca aaa acg ttt gag ctg gaa atc gtc gaa aaa gca ttc cgc gaa ggc 163
Ser Lys Thr Phe Glu Leu Glu Ile Val Glu Lys Ala Phe Arg Glu Gly

10 15 20
tgg gtg caa cca gta atc cca tcc atg tct acc ggg ctg tca gtc gcc 211
Trp Val Gln Pro Val Ile Pro Ser Met Ser Thr Gly Leu Ser Val Ala

25 30 35
gtc gtc ggt tcc ggc ccc gct ggc ctt gcc gcc gcg cag cag ctc acc 259

Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Leu Thr

40 45 50
 cgc gca ggc cac agc gtt acc gtc ttt gaa cgc gac gac cgc ctc ggc 307
 Arg Ala Gly His Ser Val Thr Val Phe Glu Arg Asp Asp Arg Leu Gly

55 60 65
 ggc ctc atg cgc tac ggc gtg cca gaa tac aaa atg gag aac cgc tgg 355
 Gly Leu Met Arg Tyr Gly Val Pro Glu Tyr Lys Met Glu Asn Arg Trp

70 75 80 85
 atc gac cgc cgc atc gag caa atg gaa gca gag ggc aca act ttc cag 403
 Ile Asp Arg Arg Ile Glu Gln Met Glu Ala Glu Gly Thr Thr Phe Gln

90 95 100
 gta ggc acc tcg ccg cgc gcc gct gaa cta gcg ctt ttc gac gcg atc 451
 Val Gly Thr Ser Pro Arg Ala Ala Glu Leu Ala Leu Phe Asp Ala Ile

105 110 115
 ctc ctc gca acc ggc acc cca gtg gcc cgc gaa ctc tca gtt cca ggc 499
 Leu Leu Ala Thr Gly Thr Pro Val Ala Arg Glu Leu Ser Val Pro Gly

120 125 130
 cac gat ctc aac ggc atc cat gcg gca atg gat tac ctc acc gcc caa 547
 His Asp Leu Asn Gly Ile His Ala Ala Met Asp Tyr Leu Thr Ala Gln

135 140 145
 aac cgc atc aac gaa ggc gac ggt gaa gtc tct cca atc aac gcc aaa 595
 Asn Arg Ile Asn Glu Gly Asp Gly Glu Val Ser Pro Ile Asn Ala Lys

150 155 160 165
 ggc aag aaa gtt gtc atc atc ggt ggc ggc gac acc ggc acc gac tgc 643
 Gly Lys Lys Val Val Ile Ile Gly Gly Gly Asp Thr Gly Thr Asp Cys

170 175 180
 ttc ggc acc gca ctg cgc caa gga gca gaa tca gtc acc caa ttt gat 691
 Phe Gly Thr Ala Leu Arg Gln Gly Ala Glu Ser Val Thr Gln Phe Asp

185 190 195
 atc cgc ccc cgc gct cct ttc cag cgc gcc gat tcc 727
 Ile Arg Pro Arg Ala Pro Phe Gln Arg Ala Asp Ser

200 205
 <210> 88
 <211> 209
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 88
 Met Ile Leu Ser Pro Ser Lys Thr Phe Glu Leu Glu Ile Val Glu Lys
 1 5 10 15
 Ala Phe Arg Glu Gly Trp Val Gln Pro Val Ile Pro Ser Met Ser Thr
 20 25 30
 Gly Leu Ser Val Ala Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala
 35 40 45
 Ala Gln Gln Leu Thr Arg Ala Gly His Ser Val Thr Val Phe Glu Arg

50			55			60									
Asp	Asp	Arg	Leu	Gly	Gly	Leu	Met	Arg	Tyr	Gly	Val	Pro	Glu	Tyr	Lys
65					70					75					80
Met	Glu	Asn	Arg	Trp	Ile	Asp	Arg	Arg	Ile	Glu	Gln	Met	Glu	Ala	Glu
				85					90					95	
Gly	Thr	Thr	Phe	Gln	Val	Gly	Thr	Ser	Pro	Arg	Ala	Ala	Glu	Leu	Ala
			100					105					110		
Leu	Phe	Asp	Ala	Ile	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Thr	Pro	Val	Ala	Arg	Glu
		115					120				125				
Leu	Ser	Val	Pro	Gly	His	Asp	Leu	Asn	Gly	Ile	His	Ala	Ala	Met	Asp
	130					135					140				
Tyr	Leu	Thr	Ala	Gln	Asn	Arg	Ile	Asn	Glu	Gly	Asp	Gly	Glu	Val	Ser
145					150					155					160
Pro	Ile	Asn	Ala	Lys	Gly	Lys	Lys	Val	Val	Ile	Ile	Gly	Gly	Gly	Asp
			165					170						175	
Thr	Gly	Thr	Asp	Cys	Phe	Gly	Thr	Ala	Leu	Arg	Gln	Gly	Ala	Glu	Ser
			180					185					190		
Val	Thr	Gln	Phe	Asp	Ile	Arg	Pro	Arg	Ala	Pro	Phe	Gln	Arg	Ala	Asp
		195					200					205			
Ser															
<210> 89															
<211> 727															
<212> DNA															
<213> Corynebacterium glutamicum															
<220>															
<221> CDS															
<222> (101)..(727)															
<223> FRXA00365															
<400> 89															
gaagcctacg atcgcttgca cgcgaccaac aatttccccg agttcacccg ccgtttgtgc 60															
cccgccacct gccaaggcgc ctgcgtgtc ggtatcaacg atg att ctg tca cca 115															
Met Ile Leu Ser Pro															
1 5															
tca aaa acg ttt gag ctg gaa atc gtc gaa aaa gca ttc cgc gaa ggc 163															
Ser Lys Thr Phe Glu Leu Glu Ile Val Glu Lys Ala Phe Arg Glu Gly															
10 15 20															
tgg gtg caa cca gta atc cca tcc atg tct acc ggg ctg tca gtc gcc 211															
Trp Val Gln Pro Val Ile Pro Ser Met Ser Thr Gly Leu Ser Val Ala															
25 30 35															
gtc gtc ggt tcc ggc ccc gct ggc ctt gcc gcc gcg cag cag ctc acc 259															
Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Leu Thr															
40 45 50															
cgc gca ggc cac agc gtt acc gtc ttt gaa cgc gac gac cgc ctc ggc 307															
Arg Ala Gly His Ser Val Thr Val Phe Glu Arg Asp Asp Arg Leu Gly															
55 60 65															
ggc ctc atg cgc tac ggc gtg cca gaa tac aaa atg gag aac cgc tgg 355															

Gly Leu Met Arg Tyr Gly Val Pro Glu Tyr Lys Met Glu Asn Arg Trp

70 75 80 85
atc gac cgc cgc atc gag caa atg gaa gca gag ggc aca act ttc cag 403
Ile Asp Arg Arg Ile Glu Gln Met Glu Ala Glu Gly Thr Thr Phe Gln

90 95 100
gta ggc acc tcg ccg cgc gcc gct gaa cta gcg ctt ttc gac gcg atc 451
Val Gly Thr Ser Pro Arg Ala Ala Glu Leu Ala Leu Phe Asp Ala Ile

105 110 115
ctc ctc gca acc ggc acc cca gtg gcc cgc gaa ctc tca gtt cca ggc 499
Leu Leu Ala Thr Gly Thr Pro Val Ala Arg Glu Leu Ser Val Pro Gly

120 125 130
cac gat ctc aac ggc atc cat gcg gca atg gat tac ctc acc gcc caa 547
His Asp Leu Asn Gly Ile His Ala Ala Met Asp Tyr Leu Thr Ala Gln

135 140 145
aac cgc atc aac gaa ggc gac ggt gaa gtc tct cca atc aac gcc aaa 595
Asn Arg Ile Asn Glu Gly Asp Gly Glu Val Ser Pro Ile Asn Ala Lys

150 155 160 165
ggc aag aaa gtt gtc atc atc ggt ggc ggc gac acc ggc acc gac tgc 643
Gly Lys Lys Val Val Ile Ile Gly Gly Gly Asp Thr Gly Thr Asp Cys

170 175 180
ttc ggc acc gca ctg cgc caa gga gca gaa tca gtc acc caa ttt gat 691
Phe Gly Thr Ala Leu Arg Gln Gly Ala Glu Ser Val Thr Gln Phe Asp

185 190 195
atc cgc ccc cgc gct cct ttc cag cgc gcc gat tcc 727
Ile Arg Pro Arg Ala Pro Phe Gln Arg Ala Asp Ser

200 205
<210> 90
<211> 209
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 90
Met Ile Leu Ser Pro Ser Lys Thr Phe Glu Leu Glu Ile Val Glu Lys
1 5 10 15
Ala Phe Arg Glu Gly Trp Val Gln Pro Val Ile Pro Ser Met Ser Thr
20 25 30
Gly Leu Ser Val Ala Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala
35 40 45
Ala Gln Gln Leu Thr Arg Ala Gly His Ser Val Thr Val Phe Glu Arg
50 55 60
Asp Asp Arg Leu Gly Gly Leu Met Arg Tyr Gly Val Pro Glu Tyr Lys
65 70 75 80
Met Glu Asn Arg Trp Ile Asp Arg Arg Ile Glu Gln Met Glu Ala Glu
85 90 95
Gly Thr Thr Phe Gln Val Gly Thr Ser Pro Arg Ala Ala Glu Leu Ala
100 105 110

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

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

<210> 91
 <211> 480
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(457)
 <223> RXA00366
 <400> 91

aaatcatgcc gcgcgatttc caaaaagtac tcaacatcat cgaaacggcc cacgctgagg 60
 gccaaagacc agcaatcaag atcatggagg cagtgaagcta atg gcc gac cca caa 115
 Met Ala Asp Pro Gln

1 5
 gga ttc atc aaa tac tcc cga cgc gag cct gca cac cgc ccg gtc ccg 163
 Gly Phe Ile Lys Tyr Ser Arg Arg Glu Pro Ala His Arg Pro Val Pro

10 15 20
 ctg cgc ctc atg gac cac tcc gag gtc tac gaa aag gca ccg gca ggt 211
 Leu Arg Leu Met Asp His Ser Glu Val Tyr Glu Lys Ala Pro Ala Gly

25 30 35
 cag atc gag gaa cag gct gcc cgc tgc atg gat tgc ggt gtc ccg ttc 259
 Gln Ile Glu Glu Gln Ala Ala Arg Cys Met Asp Cys Gly Val Pro Phe

40 45 50
 tgc cac gaa ggc tgc cca ctg ggc aac atc atc cct gag tgg aat gat 307
 Cys His Glu Gly Cys Pro Leu Gly Asn Ile Ile Pro Glu Trp Asn Asp

55 60 65
 ctg gta cgc caa ggt cgg tgg aag gaa gcc tac gat cgc ttg cac gcg 355
 Leu Val Arg Gln Gly Arg Trp Lys Glu Ala Tyr Asp Arg Leu His Ala

70 75 80 85
 acc aac aat ttc ccc gag ttc acc ggc cgt ttg tgc ccc gca ccc tgc 403
 Thr Asn Asn Phe Pro Glu Phe Thr Gly Arg Leu Cys Pro Ala Pro Cys

90 95 100
 gaa ggc gcc tgc gtg ctc ggt atc aac gat gat tct gtc acc atc aaa 451

Glu Gly Ala Cys Val Leu Gly Ile Asn Asp Asp Ser Val Thr Ile Lys

105 110 115 480
aac gtt tgagctggaa atcgtcgaaa aag
Asn Val

<210> 92

<211> 119

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 92

Met Ala Asp Pro Gln Gly Phe Ile Lys Tyr Ser Arg Arg Glu Pro Ala
1 5 10 15
His Arg Pro Val Pro Leu Arg Leu Met Asp His Ser Glu Val Tyr Glu
20 25 30
Lys Ala Pro Ala Gly Gln Ile Glu Glu Gln Ala Ala Arg Cys Met Asp
35 40 45
Cys Gly Val Pro Phe Cys His Glu Gly
Cys Pro Leu Gly Asn Ile Ile
50 55 60
Pro Glu Trp Asn Asp Leu Val Arg Gln Gly Arg Trp Lys Glu Ala Tyr
65 70 75 80

Asp Arg Leu His Ala Thr Asn Asn Phe Pro Glu Phe Thr Gly Arg Leu
85 90 95
Cys Pro Ala Pro Cys Glu Gly Ala Cys Val Leu Gly Ile Asn Asp Asp
100 105 110
Ser Val Thr Ile Lys Asn Val

115

<210> 93

<211> 1464

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1441)

<223> RXA02072

<400> 93

tacatggtgc cctcaatggg aaccaccaac atcactaaat ggcccaggta cacacttta 60
aatcgtgcgc gcatgcagcc gagatgggaa cgaggaaatc atg aca gtt gat gag 115
Met Thr Val Asp Glu

1 5
cag gtc tct aac tat tac gac atg ctt ctg aag cgc aat gct ggc gag 163
Gln Val Ser Asn Tyr Tyr Asp Met Leu Leu Lys Arg Asn Ala Gly Glu

10 15 20
cct gaa ttt cac cag gca gtg gca gag gtt ttg gaa tct ttg aag atc 211
Pro Glu Phe His Gln Ala Val Ala Glu Val Leu Glu Ser Leu Lys Ile

25 30 35
gtc ctg gaa aag gac cct cat tac gct gat tac ggt ctc atc cag cgc 259
Val Leu Glu Lys Asp Pro His Tyr Ala Asp Tyr Gly Leu Ile Gln Arg

40	45	50	
ctg tgc gag cct gag cgt cag ctc atc ttc cgt gtg cct tgg gtt gat			307
Leu Cys Glu Pro Glu Arg Gln Leu Ile Phe Arg Val Pro Trp Val Asp			
55	60	65	
gac cag ggc cag gtc cac gtc aac cgt ggt ttc cgc gtg cag ttc aac			355
Asp Gln Gly Gln Val His Val Asn Arg Gly Phe Arg Val Gln Phe Asn			
70	75	80	85
tct gca ctt gga cca tac aag ggc ggc ctg cgc ttc cac cca tct gta			403
Ser Ala Leu Gly Pro Tyr Lys Gly Gly Leu Arg Phe His Pro Ser Val			
90	95	100	
aac ctg ggc att gtg aag ttc ctg ggc ttt gag cag atc ttt aaa aac			451
Asn Leu Gly Ile Val Lys Phe Leu Gly Phe Glu Gln Ile Phe Lys Asn			
105	110	115	
tcc cta acc ggc ctg cca atc ggt ggt ggc aag ggt gga tcc gac ttc			499
Ser Leu Thr Gly Leu Pro Ile Gly Gly Gly Lys Gly Gly Ser Asp Phe			
120	125	130	
gac cct aag ggc aag tcc gat ctg gaa atc atg cgt ttc tgc cag tcc			547
Asp Pro Lys Gly Lys Ser Asp Leu Glu Ile Met Arg Phe Cys Gln Ser			
135	140	145	
ttc atg acc gag ctg cac cgc cac atc ggt gag tac cgc gac gtt cct			595
Phe Met Thr Glu Leu His Arg His Ile Gly Glu Tyr Arg Asp Val Pro			
150	155	160	165
gca ggt aac atc gga gtt ggt ggc cac gag atc ggt tac ctg ttt ggc			643
Ala Gly Asn Ile Gly Val Gly Gly His Glu Ile Gly Tyr Leu Phe Gly			
170	175	180	
cac tac cgt cgc atg gct aac cag cac gag tcc ggc gtt ttg acc ggt			691
His Tyr Arg Arg Met Ala Asn Gln His Glu Ser Gly Val Leu Thr Gly			
185	190	195	
aag ggc ctg acc tgg ggt gga tcc ctg gtc cgc acc gag gca act ggc			739
Lys Gly Leu Thr Trp Gly Gly Ser Leu Val Arg Thr Glu Ala Thr Gly			
200	205	210	
tac ggc tgc gtt tac ttc gtg agt gaa atg atc aag gct aag ggc gag			787
Tyr Gly Cys Val Tyr Phe Val Ser Glu Met Ile Lys Ala Lys Gly Glu			
215	220	225	
agc atc agc ggc cag aag atc atc gtt tcc ggt tcc ggc aac gta gca			835
Ser Ile Ser Gly Gln Lys Ile Ile Val Ser Gly Ser Gly Asn Val Ala			
230	235	240	245
acc tac gcg att gaa aag gct cag gaa ctc ggc gca acc gtt att ggt			883
Thr Tyr Ala Ile Glu Lys Ala Gln Glu Leu Gly Ala Thr Val Ile Gly			
250	255	260	
ttc tcc gat tcc agc ggt tgg gtt cat acc cct aac ggc gtt gac gtg			931
Phe Ser Asp Ser Ser Gly Trp Val His Thr Pro Asn Gly Val Asp Val			

265	270	275	
gct aag ctc cgc gaa atc aag gaa gtt cgt cgc gca cgc gta tcc gtg			979
Ala Lys Leu Arg Glu Ile Lys Glu Val Arg Arg Ala Arg Val Ser Val			
280	285	290	
tac gcc gac gaa gtt gaa ggc gca acc tac cac acc gac ggt tcc atc			1027
Tyr Ala Asp Glu Val Glu Gly Ala Thr Tyr His Thr Asp Gly Ser Ile			
295	300	305	
tgg gat ctc aag tgc gat atc gct ctt cct tgt gca act cag aac gag			1075
Trp Asp Leu Lys Cys Asp Ile Ala Leu Pro Cys Ala Thr Gln Asn Glu			
310	315	320	325
ctc aac ggc gag aac gct aag act ctt gca gac aac ggc tgc cgt ttc			1123
Leu Asn Gly Glu Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Asn Gly Cys Arg Phe			
330	335	340	
gtt gct gaa ggc gcg aac atg cct tcc acc cct gag gct gtt gag gtc			1171
Val Ala Glu Gly Ala Asn Met Pro Ser Thr Pro Glu Ala Val Glu Val			
345	350	355	
ttc cgt gag cgc gac atc cgc ttc gga cca ggc aag gca gct aac gct			1219
Phe Arg Glu Arg Asp Ile Arg Phe Gly Pro Gly Lys Ala Ala Asn Ala			
360	365	370	
ggt ggc gtt gca acc tcc gct ctg gag atg cag cag aac gct tcg cgc			1267
Gly Gly Val Ala Thr Ser Ala Leu Glu Met Gln Gln Asn Ala Ser Arg			
375	380	385	
gat tcc tgg agc ttc gag tac acc gac gag cgc ctc cag gtg atc atg			1315
Asp Ser Trp Ser Phe Glu Tyr Thr Asp Glu Arg Leu Gln Val Ile Met			
390	395	400	405
aag aac atc ttc aag acc tgt gca gag acc gca gca gag tat gga cac			1363
Lys Asn Ile Phe Lys Thr Cys Ala Glu Thr Ala Ala Glu Tyr Gly His			
410	415	420	
gag aac gat tac gtt gtc ggc gct aac att gct ggc ttc aag aag gta			1411
Glu Asn Asp Tyr Val Val Gly Ala Asn Ile Ala Gly Phe Lys Lys Val			
425	430	435	
gct gac gcg atg ctg gca cag ggc gtc atc taagaccct gcgctttact			1461
Ala Asp Ala Met Leu Ala Gln Gly Val Ile			
440	445		
taa			1464
<210> 94			
<211> 447			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 94			
Met Thr Val Asp Glu Gln Val Ser Asn Tyr Tyr Asp Met Leu Leu Lys			
1 5 10 15			
Arg Asn Ala Gly Glu Pro Glu Phe His Gln Ala Val Ala Glu Val Leu			
20 25 30			
Glu Ser Leu Lys Ile Val Leu Glu Lys Asp Pro His Tyr			

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

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

Arg Phe Cys Gln Ser Phe Met Thr Glu Leu His Arg His Ile Gly Glu
 145 150 155 160

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

Lys Ala Lys Gly Glu Ser Ile Ser Gly Gln Lys Ile Ile Val Ser Gly
 225 230 235 240

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

Thr Asp Gly Ser Ile Trp Asp Leu Lys Cys Asp Ile Ala Leu Pro Cys
 305 310 315 320

Ala Thr Gln Asn Glu Leu Asn Gly Glu Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp
 325 330 335
 Asn Gly Cys Arg Phe Val Ala Glu Gly Ala Asn Met Pro Ser Thr Pro
 340 345 350
 Glu Ala Val Glu Val Phe Arg Glu Arg Asp Ile Arg Phe Gly Pro Gly
 355 360 365
 Lys Ala Ala Asn Ala Gly Gly Val Ala Thr Ser Ala Leu Glu Met Gln
 370 375 380

Gln Asn Ala Ser Arg Asp Ser Trp Ser Phe Glu Tyr Thr Asp Glu Arg
 385 390 395 400

Leu Gln Val Ile Met Lys Asn Ile Phe Lys Thr Cys Ala Glu Thr Ala

405 410 415
 Ala Glu Tyr Gly His Glu Asn Asp Tyr Val Val Gly Ala Asn Ile Ala
 420 425 430
 Gly Phe Lys Lys Val Ala Asp Ala Met Leu Ala Gln Gly Val Ile

 435 440 445
 <210> 95
 <211> 1461
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1438)
 <223> RXA00323
 <400> 95
 cgcgacatcc ttgagtaact ctgagaaaaa ctacccccga tgggagtata aaagtggcaa 60
 atgcgcagtc gatgtcccat cgctgcgtag attagttttc atg aac agc gaa cag 115
 Met Asn Ser Glu Gln

 1 5
 gaa ttt gta ctc agc gcc att gaa gaa cgc gac att aag ttt gtg cgt 163
 Glu Phe Val Leu Ser Ala Ile Glu Glu Arg Asp Ile Lys Phe Val Arg

 10 15 20
 cta tgg ttc act gac att ctt ggc cac ttg aag tca gtg gtt gtg gct 211
 Leu Trp Phe Thr Asp Ile Leu Gly His Leu Lys Ser Val Val Val Ala

 25 30 35
 cct gca gaa cta gag tct gcg ttg gaa gaa ggc atc gga ttc gat ggc 259
 Pro Ala Glu Leu Glu Ser Ala Leu Glu Glu Gly Ile Gly Phe Asp Gly

 40 45 50
 tca gcc att gag ggc tac gcg cgt atc tgc gaa gcg gac acc att gcc 307
 Ser Ala Ile Glu Gly Tyr Ala Arg Ile Ser Glu Ala Asp Thr Ile Ala

 55 60 65
 cgc cca gat cca tcg aca ttc cag gtc ctc cca cta gaa gcg ggc atc 355
 Arg Pro Asp Pro Ser Thr Phe Gln Val Leu Pro Leu Glu Ala Gly Ile

 70 75 80 85
 tca aaa ctg cag gca gca cgc ctg ttt tgc gat gtc acg atg cca gac 403
 Ser Lys Leu Gln Ala Ala Arg Leu Phe Cys Asp Val Thr Met Pro Asp

 90 95 100
 gga cag cca tct ttt tct gac ccg cgc caa gtg ctg cgc agg cag gtc 451
 Gly Gln Pro Ser Phe Ser Asp Pro Arg Gln Val Leu Arg Arg Gln Val

 105 110 115
 caa cta gct gca gat gaa ggc ttg acc tgc atg atc tca cca gag att 499
 Gln Leu Ala Ala Asp Glu Gly Leu Thr Cys Met Ile Ser Pro Glu Ile

 120 125 130
 gag ttc tat ttg gtg caa agc ctt cgc acc aac gga ctg cca cct gtg 547
 Glu Phe Tyr Leu Val Gln Ser Leu Arg Thr Asn Gly Leu Pro Pro Val

135	140	145	
ccc act gac aac ggc gga tat ttc gac caa gcc aca ttc aat gag gcg	595		
Pro Thr Asp Asn Gly Gly Tyr Phe Asp Gln Ala Thr Phe Asn Glu Ala			
150	155	160	165
ccg aat ttc cgt cga aac gcg atg gta gcg ctg gag gaa ctc ggc atc	643		
Pro Asn Phe Arg Arg Asn Ala Met Val Ala Leu Glu Glu Leu Gly Ile			
170	175	180	
cct gtc gag ttc tcc cac cat gaa act gca cct ggc cag caa gaa atc	691		
Pro Val Glu Phe Ser His His Glu Thr Ala Pro Gly Gln Gln Glu Ile			
185	190	195	
gat tta cgc cat gcg gat gcg ctc acc atg gcc gac aac atc atg acc	739		
Asp Leu Arg His Ala Asp Ala Leu Thr Met Ala Asp Asn Ile Met Thr			
200	205	210	
ttc cgc tac atc atg aaa cag gtg gca agg gac caa ggc gtc ggg gca	787		
Phe Arg Tyr Ile Met Lys Gln Val Ala Arg Asp Gln Gly Val Gly Ala			
215	220	225	
tca ttt atg ccc aag cca ttc caa gaa cat gca ggc tcc gcc atg cac	835		
Ser Phe Met Pro Lys Pro Phe Gln Glu His Ala Gly Ser Ala Met His			
230	235	240	245
acg cac atg tcc tta ttt gag ggc gat acc aac gcg ttc cac gat cca	883		
Thr His Met Ser Leu Phe Glu Gly Asp Thr Asn Ala Phe His Asp Pro			
250	255	260	
gac gat tct tac atg ctg tcc aaa acc gca aaa cag ttc atc gct gga	931		
Asp Asp Ser Tyr Met Leu Ser Lys Thr Ala Lys Gln Phe Ile Ala Gly			
265	270	275	
atc ttg cat cac gct cca gaa ttc acc gct gtg acc aac cag tgg gtc	979		
Ile Leu His His Ala Pro Glu Phe Thr Ala Val Thr Asn Gln Trp Val			
280	285	290	
aat tcc tac aaa cgc atc gtg tac gga aac gaa gct cca act gcg gca	1027		
Asn Ser Tyr Lys Arg Ile Val Tyr Gly Asn Glu Ala Pro Thr Ala Ala			
295	300	305	
acc tgg ggt gta tct aat cgt tct gcg ctg gtt cgt gtt cct acc tac	1075		
Thr Trp Gly Val Ser Asn Arg Ser Ala Leu Val Arg Val Pro Thr Tyr			
310	315	320	325
cgt ttg aat aag gag gag tcg cgc cgg gtg gag gtg cgt ctt cct gat	1123		
Arg Leu Asn Lys Glu Glu Ser Arg Arg Val Glu Val Arg Leu Pro Asp			
330	335	340	
acc gct tgt aac cca tat ttg gcg ttt tca gtg atg ctc ggc gct ggt	1171		
Thr Ala Cys Asn Pro Tyr Leu Ala Phe Ser Val Met Leu Gly Ala Gly			
345	350	355	
ttg aaa ggc att aaa gaa ggt tat gag ctc gac gag cca gct gag gac	1219		
Leu Lys Gly Ile Lys Glu Gly Tyr Glu Leu Asp Glu Pro Ala Glu Asp			

360	365	370	
gat atc tcc aac ttg agc ttc cgg gaa cgt cgc gcc atg ggc tac aac			1267
Asp Ile Ser Asn Leu Ser Phe Arg Glu Arg Arg Ala Met Gly Tyr Asn			
375	380	385	
gat ctg cca agc agc ctt gat cag gca ctg cgc caa atg gaa aag tca			1315
Asp Leu Pro Ser Ser Leu Asp Gln Ala Leu Arg Gln Met Glu Lys Ser			
390	395	400	405
gag ctt gtt gct gac atc ctc ggt gag cac gtt ttt gag ttt ttc ttg			1363
Glu Leu Val Ala Asp Ile Leu Gly Glu His Val Phe Glu Phe Phe Leu			
410	415	420	
cgc aat aag tgg cgt gaa tgg cgt gac tac caa gag cag atc act ccg			1411
Arg Asn Lys Trp Arg Glu Trp Arg Asp Tyr Gln Glu Gln Ile Thr Pro			
425	430	435	
tgg gag ctc cga aac aat ctt gat tac tagacttttg cactccaatg			1458
Trp Glu Leu Arg Asn Asn Leu Asp Tyr			
440	445		
gaa			1461
<210> 96			
<211> 446			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 96			
Met Asn Ser Glu Gln Glu Phe Val Leu Ser Ala Ile Glu Glu Arg Asp			
1 5 10 15			
Ile Lys Phe Val Arg Leu Trp Phe Thr Asp Ile Leu Gly His Leu Lys			
20 25 30			
Ser Val Val Val Ala Pro Ala Glu Leu Glu Ser Ala Leu Glu			
Glu Gly			
35 40 45			
Ile Gly Phe Asp Gly Ser Ala Ile Glu Gly Tyr Ala Arg Ile Ser Glu			
50 55 60			
Ala Asp Thr Ile Ala Arg Pro Asp Pro Ser Thr Phe Gln Val Leu Pro			
65 70 75 80			
Leu Glu Ala Gly Ile Ser Lys Leu Gln Ala Ala Arg Leu Phe Cys Asp			
85 90 95			
Val Thr Met Pro Asp Gly Gln Pro Ser Phe Ser Asp Pro Arg Gln Val			
100 105 110			
Leu Arg Arg Gln Val Gln Leu Ala Ala Asp Glu Gly Leu Thr Cys Met			
115 120 125			
Ile Ser Pro Glu Ile Glu Phe Tyr Leu Val Gln Ser Leu Arg Thr Asn			
130 135 140			
Gly Leu Pro Pro Val Pro Thr Asp Asn Gly Gly Tyr Phe Asp Gln Ala			
145 150 155 160			
Thr Phe Asn Glu Ala Pro Asn Phe Arg Arg Asn Ala Met Val Ala Leu			
165 170 175			
Glu Glu Leu Gly Ile Pro Val Glu Phe Ser His His Glu Thr Ala Pro			
180 185 190			
Gly Gln Gln Glu Ile Asp Leu Arg His Ala Asp Ala Leu Thr Met Ala			
195 200 205			

Asp Asn Ile Met Thr Phe Arg Tyr Ile Met Lys Gln Val Ala Arg Asp
 210 215 220

Gln Gly Val Gly Ala Ser Phe Met Pro Lys Pro Phe Gln Glu His Ala
 225 230 235 240

Gly Ser Ala Met His Thr His Met Ser Leu Phe Glu Gly Asp Thr Asn
 245 250 255

Ala Phe His Asp Pro Asp Asp Ser Tyr Met Leu Ser Lys Thr Ala Lys
 260 265 270

Gln Phe Ile Ala Gly Ile Leu His His Ala Pro Glu Phe Thr Ala Val
 275 280 285

Thr Asn Gln Trp Val Asn Ser Tyr Lys Arg Ile Val Tyr Gly Asn Glu
 290 295 300

Ala Pro Thr Ala Ala Thr Trp Gly Val Ser Asn Arg Ser Ala Leu Val
 305 310 315 320

Arg Val Pro Thr Tyr Arg Leu Asn Lys Glu Glu Ser Arg Arg Val Glu
 325 330 335

Val Arg Leu Pro Asp Thr Ala Cys Asn Pro Tyr Leu Ala Phe Ser Val
 340 345 350

Met Leu Gly Ala Gly Leu Lys Gly Ile Lys Glu Gly Tyr Glu Leu Asp
 355 360 365

Glu Pro Ala Glu Asp Asp Ile Ser Asn Leu Ser Phe Arg Glu Arg Arg
 370 375 380

Ala Met Gly Tyr Asn Asp Leu Pro Ser Ser Leu Asp Gln Ala Leu Arg
 385 390 395 400

Gln Met Glu Lys Ser Glu Leu Val Ala Asp Ile Leu Gly Glu His Val
 405 410 415

Phe Glu Phe Phe Leu Arg Asn Lys Trp Arg Glu Trp Arg Asp Tyr Gln
 420 425 430

Glu Gln Ile Thr Pro Trp Glu Leu Arg Asn Asn Leu Asp Tyr
 435 440 445

<210> 97
 <211> 1554
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1531)
 <223> RXA00335
 <400> 97
 actacatttg cagccaagtc tactacttga tcttcaaagg tcagcaattg tgaacaaagc 60
 taaaataaa ccgttcgcc catgtcaatg aggagtcacc gtg gcg ttt gaa acc 115
 Val Ala Phe Glu Thr
 1 5
 ccg gaa gaa att gtc aag ttc atc aag gat gaa aac gtc gag ttc gtt 163
 Pro Glu Glu Ile Val Lys Phe Ile Lys Asp Glu Asn Val Glu Phe Val
 10 15 20

gac gtt cga ttc acc gac ctt ccc ggc acc gag cag cac ttc agc atc	211
Asp Val Arg Phe Thr Asp Leu Pro Gly Thr Glu Gln His Phe Ser Ile	
25 30 35	
cca gct gcc agc ttc gat gca gat aca atc gaa gaa ggt ctc gca ttc	259
Pro Ala Ala Ser Phe Asp Ala Asp Thr Ile Glu Glu Gly Leu Ala Phe	
40 45 50	
gac gga tcc tgc atc cgt ggc ttc acc acg atc gac gaa tct gac atg	307
Asp Gly Ser Ser Ile Arg Gly Phe Thr Thr Ile Asp Glu Ser Asp Met	
55 60 65	
aat ctc ctg cca gac ctc gga acg gcc acc ctt gat cca ttc cgc aag	355
Asn Leu Leu Pro Asp Leu Gly Thr Ala Thr Leu Asp Pro Phe Arg Lys	
70 75 80 85	
gca aag acc ctg aac gtt aag ttc ttc gtt cac gat cct ttc acc cgc	403
Ala Lys Thr Leu Asn Val Lys Phe Phe Val His Asp Pro Phe Thr Arg	
90 95 100	
gag gca ttc tcc cgc gac cca cgc aac gtg gca cgc aag gca gag cag	451
Glu Ala Phe Ser Arg Asp Pro Arg Asn Val Ala Arg Lys Ala Glu Gln	
105 110 115	
tac ctg gca tcc acc ggc att gca gac acc tgc aac ttc ggc gcc gag	499
Tyr Leu Ala Ser Thr Gly Ile Ala Asp Thr Cys Asn Phe Gly Ala Glu	
120 125 130	
gct gag ttc tac ctc ttc gac tcc gtt cgc tac tcc acc gag atg aac	547
Ala Glu Phe Tyr Leu Phe Asp Ser Val Arg Tyr Ser Thr Glu Met Asn	
135 140 145	
tcc ggc ttc tac gaa gta gat acc gaa gaa ggc tgg tgg aac cgt ggc	595
Ser Gly Phe Tyr Glu Val Asp Thr Glu Glu Gly Trp Trp Asn Arg Gly	
150 155 160 165	
aag gaa acc aac ctc gac ggc acc cca aac ctg ggc gca aag aac cgc	643
Lys Glu Thr Asn Leu Asp Gly Thr Pro Asn Leu Gly Ala Lys Asn Arg	
170 175 180	
gtc aag ggt ggc tac ttc cca gta gca cca tac gac caa acc gtt gac	691
Val Lys Gly Gly Tyr Phe Pro Val Ala Pro Tyr Asp Gln Thr Val Asp	
185 190 195	
gtg cgc gat gac atg gtt cgc aac ctc gca gct tcc ggc ttc gct ctt	739
Val Arg Asp Asp Met Val Arg Asn Leu Ala Ala Ser Gly Phe Ala Leu	
200 205 210	
gag cgt ttc cac cac gaa gtc ggt ggc gga cag cag gaa atc aac tac	787
Glu Arg Phe His His Glu Val Gly Gly Gly Gln Gln Glu Ile Asn Tyr	
215 220 225	
cgc ttc aac acc atg ctc cac gcg gca gat gat atc cag acc ttc aag	835
Arg Phe Asn Thr Met Leu His Ala Ala Asp Asp Ile Gln Thr Phe Lys	

230	235	240	245	
tac atc atc aag aac acc gct cgc ctc cac ggc aag gct gca acc ttc				883
Tyr Ile Ile Lys Asn Thr Ala Arg Leu His Gly Lys Ala Ala Thr Phe				
	250	255	260	
atg cct aag cca ctg gct ggc gac aac ggt tcc ggc atg cac gct cac				931
Met Pro Lys Pro Leu Ala Gly Asp Asn Gly Ser Gly Met His Ala His				
	265	270	275	
cag tcc ctc tgg aag gac ggc aag cca ctc ttc cac gat gag tcc ggc				979
Gln Ser Leu Trp Lys Asp Gly Lys Pro Leu Phe His Asp Glu Ser Gly				
	280	285	290	
tac gca ggc ctg tcc gac atc gcc cgc tac tac atc ggc ggc atc ctg				1027
Tyr Ala Gly Leu Ser Asp Ile Ala Arg Tyr Tyr Ile Gly Gly Ile Leu				
	295	300	305	
cac cac gca ggc gct gtt ctg gcg ttc acc aac gca acc ctg aac tcc				1075
His His Ala Gly Ala Val Leu Ala Phe Thr Asn Ala Thr Leu Asn Ser				
	310	315	320	325
tac cac cgt ctg gtt cca ggc ttc gag gct cca atc aac ctg gtg tac				1123
Tyr His Arg Leu Val Pro Gly Phe Glu Ala Pro Ile Asn Leu Val Tyr				
	330	335	340	
tca cag cgc aac cgt tcc gct gct gtc cgt atc cca atc acc gga tcc				1171
Ser Gln Arg Asn Arg Ser Ala Ala Val Arg Ile Pro Ile Thr Gly Ser				
	345	350	355	
aac ccg aag gca aag cgc atc gaa ttc cgc gct cca gac cca tca ggc				1219
Asn Pro Lys Ala Lys Arg Ile Glu Phe Arg Ala Pro Asp Pro Ser Gly				
	360	365	370	
aac cca tac ctg ggc ttt gca gcg atg atg atg gcc ggc ctc gac ggc				1267
Asn Pro Tyr Leu Gly Phe Ala Ala Met Met Met Ala Gly Leu Asp Gly				
	375	380	385	
atc aag aac cgc atc gag cca cac gct cca gtg gac aag gac ctc tac				1315
Ile Lys Asn Arg Ile Glu Pro His Ala Pro Val Asp Lys Asp Leu Tyr				
	390	395	400	405
gaa cta cca cca gag gaa gct gca tcc att cca cag gca cca acc tcc				1363
Glu Leu Pro Pro Glu Glu Ala Ala Ser Ile Pro Gln Ala Pro Thr Ser				
	410	415	420	
ctg gaa gca tcc ctg aag gca ctg cag gaa gac acc gac ttc ctc acc				1411
Leu Glu Ala Ser Leu Lys Ala Leu Gln Glu Asp Thr Asp Phe Leu Thr				
	425	430	435	
gag tct gac gtc ttc acc gag gat ctc atc gag gcg tac atc cag tac				1459
Glu Ser Asp Val Phe Thr Glu Asp Leu Ile Glu Ala Tyr Ile Gln Tyr				
	440	445	450	
aag tac gac aac gag atc tcc cca gtt cgc ctg cgc cca acc ccg cag				1507
Lys Tyr Asp Asn Glu Ile Ser Pro Val Arg Leu Arg Pro Thr Pro Gln				

455 460 465
gaa ttg gaa ttg tac ttc gac tgc taattcactt agctagccga tag 1554
Glu Phe Glu Leu Tyr Phe Asp Cys

470 475
<210> 98
<211> 477
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 98
Val Ala Phe Glu Thr Pro Glu Glu Ile Val Lys Phe Ile Lys Asp Glu
1 5 10 15
Asn Val Glu Phe Val Asp Val Arg Phe Thr Asp Leu Pro Gly Thr Glu
20 25 30
Gln His Phe Ser Ile Pro Ala Ala Ser Phe Asp Ala Asp Thr Ile Glu
35 40 45

Glu Gly Leu Ala Phe Asp Gly Ser Ser Ile Arg Gly Phe Thr Thr Ile
50 55 60
Asp Glu Ser Asp Met Asn Leu Leu Pro Asp Leu Gly Thr Ala Thr Leu
65 70 75 80

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

Ser Thr Glu Met Asn Ser Gly Phe Tyr Glu Val Asp Thr Glu Glu Gly
145 150 155 160

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

Gln Glu Ile Asn Tyr Arg Phe Asn Thr Met Leu His Ala Ala Asp Asp
225 230 235 240

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

Ile Gly Gly Ile Leu His His Ala Gly Ala Val Leu Ala Phe Thr Asn

[illegible]

55	60	65	
tat cag gca ctt gaa gca atc ggc gag gat gct cga aac gag ctt gat	355		
Tyr Gln Ala Leu Glu Ala Ile Gly Glu Asp Ala Arg Asn Glu Leu Asp			
70	75	80	85
caa gag att cgc cag gat gaa aaa cta cga gtc cgc ctt ttt gca ttg	403		
Gln Glu Ile Arg Gln Asp Glu Lys Leu Arg Val Arg Leu Phe Ala Leu			
90	95	100	
ttg ggt ggt tcc tcg gct gtc ggt gat cac ttg gtc gcc aat cct ttg	451		
Leu Gly Gly Ser Ser Ala Val Gly Asp His Leu Val Ala Asn Pro Leu			
105	110	115	
cag tgg aaa ctc tta aaa ctt gat gcg cca tcg agg gaa gag atg ttt	499		
Gln Trp Lys Leu Leu Lys Leu Asp Ala Pro Ser Arg Glu Glu Met Phe			
120	125	130	
cag gcg ctg ctg gaa tct gtg aaa gct cag cct gct gtg ctt gag gtt	547		
Gln Ala Leu Leu Glu Ser Val Lys Ala Gln Pro Ala Val Leu Glu Val			
135	140	145	
gag gat ttc agc gat gca cac aac att gcc cga gac gat ttg agc acg	595		
Glu Asp Phe Ser Asp Ala His Asn Ile Ala Arg Asp Asp Leu Ser Thr			
150	155	160	165
cct ggt ttt tac acg gct agt gtt acc ggg cct gaa gca gag cga gtc	643		
Pro Gly Phe Tyr Thr Ala Ser Val Thr Gly Pro Glu Ala Glu Arg Val			
170	175	180	
ttg aaa tgg act tat cgc acg ttg ctg acc cgg att gct gcg cat gat	691		
Leu Lys Trp Thr Tyr Arg Thr Leu Leu Thr Arg Ile Ala Ala His Asp			
185	190	195	
tta gcg ggt acc tat ccc acc gac atg cgg aga aaa ggt ggc gat cct	739		
Leu Ala Gly Thr Tyr Pro Thr Asp Met Arg Arg Lys Gly Gly Asp Pro			
200	205	210	
gtt ccg ttt agc aca gtg acc atg cag ctc agc gac cta gct gat gct	787		
Val Pro Phe Ser Thr Val Thr Met Gln Leu Ser Asp Leu Ala Asp Ala			
215	220	225	
gct ttg act gct gct tta gct gtg gca att gcc aat gtt tat ggt gaa	835		
Ala Leu Thr Ala Ala Leu Ala Val Ala Ile Ala Asn Val Tyr Gly Glu			
230	235	240	245
aag ccg gtt gat tca gct tta tct gtc atc gcg atg ggc aaa tgt ggc	883		
Lys Pro Val Asp Ser Ala Leu Ser Val Ile Ala Met Gly Lys Cys Gly			
250	255	260	
gcg cag gaa ttg aac tac att tca gat gtg gac gtg gtg ttt gtt gca	931		
Ala Gln Glu Leu Asn Tyr Ile Ser Asp Val Asp Val Val Phe Val Ala			
265	270	275	
gag ccg gca aac tct aaa tca aca cgc acc gca gca gag ctc att cgc	979		
Glu Pro Ala Asn Ser Lys Ser Thr Arg Thr Ala Ala Glu Leu Ile Arg			

280	285	290	
atc ggt agc aac tcg ttc ttt gag gtg gat gca gca ctt cgc cca gaa			1027
Ile Gly Ser Asn Ser Phe Phe Glu Val Asp Ala Ala Leu Arg Pro Glu			
295	300	305	
ggt aaa agt ggc gct ctt gtg cgc tct ttg gat tcc cat atg gcg tat			1075
Gly Lys Ser Gly Ala Leu Val Arg Ser Leu Asp Ser His Met Ala Tyr			
310	315	320	325
tac aag cgc tgg gcg gaa acc tgg gag ttt cag gca ctg ctg aaa gct			1123
Tyr Lys Arg Trp Ala Glu Thr Trp Glu Phe Gln Ala Leu Leu Lys Ala			
330	335	340	
cgt ccc atg acg ggt gat att aac ctt ggg cag tcc tat gtg gat gct			1171
Arg Pro Met Thr Gly Asp Ile Asn Leu Gly Gln Ser Tyr Val Asp Ala			
345	350	355	
ctt tca ccg ttg att tgg acg gct agc cag cgg gaa tca ttt gtc aca			1219
Leu Ser Pro Leu Ile Trp Thr Ala Ser Gln Arg Glu Ser Phe Val Thr			
360	365	370	
gat gtc caa gct atg cgc cgt cga gtg ttg gac aat gtt ccg gaa gac			1267
Asp Val Gln Ala Met Arg Arg Arg Val Leu Asp Asn Val Pro Glu Asp			
375	380	385	
ttg cgt gat cgt gag ctg aag ctt ggt cgc ggt ggt ttg agg gat gtg			1315
Leu Arg Asp Arg Glu Leu Lys Leu Gly Arg Gly Gly Leu Arg Asp Val			
390	395	400	405
gag ttt gct gtc cag ctc ctt cag atg gtg cat ggt cgc att gat gag			1363
Glu Phe Ala Val Gln Leu Leu Gln Met Val His Gly Arg Ile Asp Glu			
410	415	420	
acg ttg cgg gtt cgg tca acg gta aat gct ttg cat gtg ttg gtt gat			1411
Thr Leu Arg Val Arg Ser Thr Val Asn Ala Leu His Val Leu Val Asp			
425	430	435	
cag gga tat gtg ggt cgt gaa gac ggg cat aat ctc att gag tcg tat			1459
Gln Gly Tyr Val Gly Arg Glu Asp Gly His Asn Leu Ile Glu Ser Tyr			
440	445	450	
gag ttt ttg cgt ctg ttg gag cat cgc ctt caa ttg gag cgg atc aag			1507
Glu Phe Leu Arg Leu Leu Glu His Arg Leu Gln Leu Glu Arg Ile Lys			
455	460	465	
cgc act cac ttg tta ccg aaa cct gat gac cga atg aat atg cgc tgg			1555
Arg Thr His Leu Leu Pro Lys Pro Asp Asp Arg Met Asn Met Arg Trp			
470	475	480	485
ttg gcg cgc gct tct ggg ttt act ggt tcg atg gag caa agt tcg gcc			1603
Leu Ala Arg Ala Ser Gly Phe Thr Gly Ser Met Glu Gln Ser Ser Ala			
490	495	500	
aaa gct atg gaa cgg cat ttg cgt aag gtt cgt ttg cag att cag tcg			1651
Lys Ala Met Glu Arg His Leu Arg Lys Val Arg Leu Gln Ile Gln Ser			

505	510	515	
ttg cat agt cag ctg ttt tat cgg cca ctg ctg aac tct gtg gtc aac			1699
Leu His Ser Gln Leu Phe Tyr Arg Pro Leu Leu Asn Ser Val Val Asn			
520	525	530	
ttg agc gcg gat gcc atc agg ttg tct ccg gat gct gca aag cta caa			1747
Leu Ser Ala Asp Ala Ile Arg Leu Ser Pro Asp Ala Ala Lys Leu Gln			
535	540	545	
ttg gcg gca ttg gga tac ctg cat cca tca cgt gct tat gaa cac ctg			1795
Leu Ala Ala Leu Gly Tyr Leu His Pro Ser Arg Ala Tyr Glu His Leu			
550	555	560	565
act gct ctt gca tca gga gct agc cgt aaa gcc aag att cag gcg atg			1843
Thr Ala Leu Ala Ser Gly Ala Ser Arg Lys Ala Lys Ile Gln Ala Met			
570	575	580	
ttg ctg ccc acg ttg atg gag tgg ctg tct caa aca gct gaa cca gat			1891
Leu Leu Pro Thr Leu Met Glu Trp Leu Ser Gln Thr Ala Glu Pro Asp			
585	590	595	
gcg gga ttg ctg aat tac cgc aag ctt tct gat gct tcc tat gat cgc			1939
Ala Gly Leu Leu Asn Tyr Arg Lys Leu Ser Asp Ala Ser Tyr Asp Arg			
600	605	610	
agc tgg ttt ttg cgc atg ctg cgt gat gag ggc gta gtg ggg cag cgg			1987
Ser Trp Phe Leu Arg Met Leu Arg Asp Glu Gly Val Val Gly Gln Arg			
615	620	625	
ttg atg cgt att ttg gga aat tct ccc tat att tct gaa ctg att atc			2035
Leu Met Arg Ile Leu Gly Asn Ser Pro Tyr Ile Ser Glu Leu Ile Ile			
630	635	640	645
tcc act ccg gac ttt atg aaa cag ctg ggt gat gcg gcg tct ggt cct			2083
Ser Thr Pro Asp Phe Met Lys Gln Leu Gly Asp Ala Ala Ser Gly Pro			
650	655	660	
aaa ttg ctt gct act gca ccg act cag gtt gtg aaa gca atc aag gca			2131
Lys Leu Leu Ala Thr Ala Pro Thr Gln Val Val Lys Ala Ile Lys Ala			
665	670	675	
acg gtg tgc cgt cat gag tca cct gat cgg gcg atc cag gct gca cga			2179
Thr Val Ser Arg His Glu Ser Pro Asp Arg Ala Ile Gln Ala Ala Arg			
680	685	690	
tcg ctg agg agg cag gag ctg gca cgc att gcc tct gct gat ttg ctc			2227
Ser Leu Arg Arg Gln Glu Leu Ala Arg Ile Ala Ser Ala Asp Leu Leu			
695	700	705	
aac atg ctc act gtt cag gaa gta tgc caa agc ttg tca cta gtc tgg			2275
Asn Met Leu Thr Val Gln Glu Val Cys Gln Ser Leu Ser Leu Val Trp			
710	715	720	725
gat gcg gtg ttg gat gct gcc ttg gat gcg gaa atc cgt gct gca ctt			2323
Asp Ala Val Leu Asp Ala Ala Leu Asp Ala Glu Ile Arg Ala Ala Leu			

730	735	740	
aac gat cca cag aaa cca gat cag cct ctg gcc aat att tct gtg atc			2371
Asn Asp Pro Gln Lys Pro Asp Gln Pro Leu Ala Asn Ile Ser Val Ile			
745	750	755	
ggc atg ggc cgt ttg ggt gga gca gaa ctt gga tac ggt tct gat gcc			2419
Gly Met Gly Arg Leu Gly Gly Ala Glu Leu Gly Tyr Gly Ser Asp Ala			
760	765	770	
gat gtg atg ttt gta tgc gag ccg gta gcc ggt gtg gaa gag cat gag			2467
Asp Val Met Phe Val Cys Glu Pro Val Ala Gly Val Glu Glu His Glu			
775	780	785	
gcc gtc aca tgg tct att gct atc tgt gat tcc atg cgg tcg agg ctt			2515
Ala Val Thr Trp Ser Ile Ala Ile Cys Asp Ser Met Arg Ser Arg Leu			
790	795	800	805
gcc cag cct tcc ggt gat cca cct ttg gag gtg gat ctg ggg ctg cgt			2563
Ala Gln Pro Ser Gly Asp Pro Pro Leu Glu Val Asp Leu Gly Leu Arg			
810	815	820	
cct gaa ggg aga tct ggt gcg att gtg cgc acc gtt gat tcc tat gtg			2611
Pro Glu Gly Arg Ser Gly Ala Ile Val Arg Thr Val Asp Ser Tyr Val			
825	830	835	
aag tac tac gaa aag tgg ggt gaa act tgg gag att cag gcg ctg ctg			2659
Lys Tyr Tyr Glu Lys Trp Gly Glu Thr Trp Glu Ile Gln Ala Leu Leu			
840	845	850	
agg gct gcg tgg gtt gct ggt gat cgt gag ctg ggt att aag ttc ttg			2707
Arg Ala Ala Trp Val Ala Gly Asp Arg Glu Leu Gly Ile Lys Phe Leu			
855	860	865	
gag tcg att gat cgt ttc cgc tac cca gtt gac ggg gca acg cag gcg			2755
Glu Ser Ile Asp Arg Phe Arg Tyr Pro Val Asp Gly Ala Thr Gln Ala			
870	875	880	885
cag ctt cgt gaa gtt cgt cga att aag gcg agg gtg gat aat gag agg			2803
Gln Leu Arg Glu Val Arg Arg Ile Lys Ala Arg Val Asp Asn Glu Arg			
890	895	900	
ctt ccg cgc ggg gct gat cga aat acc cat acc aag ctg ggt cgg gga			2851
Leu Pro Arg Gly Ala Asp Arg Asn Thr His Thr Lys Leu Gly Arg Gly			
905	910	915	
gcg tta act gac atc gag tgg act gtg cag ttg ttg acc atg atg cat			2899
Ala Leu Thr Asp Ile Glu Trp Thr Val Gln Leu Leu Thr Met Met His			
920	925	930	
gct cat gag att ccg gag ctg cac aat acg tcg acg ttg gaa gtt ctt			2947
Ala His Glu Ile Pro Glu Leu His Asn Thr Ser Thr Leu Glu Val Leu			
935	940	945	
gaa gtg ctg gaa aag cat cag att att aac cct gtg cag gtg cag acg			2995

Glu Val Leu Glu Lys His Gln Ile Ile Asn Pro Val Gln Val Gln Thr

950 955 960 965
 ctt cgg gaa gcg tgg ctg acg gca acg gct gct agg aat gcg ctt gtg 3043
 Leu Arg Glu Ala Trp Leu Thr Ala Thr Ala Ala Arg Asn Ala Leu Val

970 975 980
 ctg gtc agg ggt aag aga tta gat cag tta cct act cct ggt ccg cac 3091
 Leu Val Arg Gly Lys Arg Leu Asp Gln Leu Pro Thr Pro Gly Pro His

985 990 995
 ctt gcg cag gtg gct ggt gcg tct ggt tgg gat cca aat gag tac cag 3139
 Leu Ala Gln Val Ala Gly Ala Ser Gly Trp Asp Pro Asn Glu Tyr Gln

1000 1005 1010
 gag tat ttg gaa aac tat ctg aaa gtg acc agg aag agt cgt cag gtt 3187
 Glu Tyr Leu Glu Asn Tyr Leu Lys Val Thr Arg Lys Ser Arg Gln Val

1015 1020 1025
 gtt gat gaa gtc ttc tgg ggt gtg gac tct atg gag caa cgt gag ttt 3235
 Val Asp Glu Val Phe Trp Gly Val Asp Ser Met Glu Gln Arg Glu Phe

1030 1035 1040 1045
 taggtaggtg gtgggagccc caa 3258

<210> 100

<211> 1045

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 100

Met Ser Gly Pro Leu Arg Ser Glu Arg Lys Val Val Gly Phe Val Arg

1 5 10 15

Asp Pro Leu Pro Lys Val Gly Ser Leu Ser Leu Lys Ser Glu His Ala

20 25 30

Gln Ala Asp Leu Glu His Leu Gly Trp Arg Asn Val Glu Ser Leu Asp

35 40

45

Leu Leu Trp Gly Leu Ser Gly Ala Gly Asp Pro Asp Val Ala Leu Asn

50 55 60

Leu Leu Ile Arg Leu Tyr Gln Ala Leu Glu Ala Ile Gly Glu Asp Ala

65 70 75 80

Arg Asn Glu Leu Asp Gln Glu Ile Arg Gln Asp Glu Lys Leu Arg Val

85 90 95

Arg Leu Phe Ala Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ala Val Gly Asp His Leu

100 105 110

Val Ala Asn Pro Leu Gln Trp Lys Leu Leu Lys Leu Asp Ala Pro Ser

115 120 125

Arg Glu Glu Met Phe Gln Ala Leu Leu Glu Ser Val Lys Ala Gln Pro

130 135 140

Ala Val Leu Glu Val Glu Asp Phe Ser Asp Ala His Asn Ile Ala Arg

145 150 155 160

Asp Asp Leu Ser Thr Pro Gly Phe Tyr Thr Ala Ser Val Thr Gly Pro

165 170 175

Glu Ala Glu Arg Val Leu Lys Trp Thr Tyr Arg Thr Leu Leu Thr Arg

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

 Asp Leu Ala Asp Ala Ala Leu Thr Ala Ala Leu Ala Val Ala Ile Ala
 225 230 235 240

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

 Ala Leu Arg Pro Glu Gly Lys Ser Gly Ala Leu Val Arg Ser Leu Asp
 305 310 315 320

 Ser His Met Ala Tyr Tyr Lys Arg Trp Ala Glu Thr Trp Glu Phe Gln
 325 330 335
 Ala Leu Leu Lys Ala Arg Pro Met Thr Gly Asp Ile Asn Leu Gly Gln
 340 345 350
 Ser Tyr Val Asp Ala Leu Ser Pro Leu Ile Trp Thr Ala Ser Gln Arg
 355 360 365
 Glu Ser Phe Val Thr Asp Val Gln Ala Met Arg Arg Arg Val Leu Asp
 370 375 380

 Asn Val Pro Glu Asp Leu Arg Asp Arg Glu Leu Lys Leu Gly Arg Gly
 385 390 395 400

 Gly Leu Arg Asp Val Glu Phe Ala Val Gln Leu Leu Gln Met Val His
 405 410 415
 Gly Arg Ile Asp Glu Thr Leu Arg Val Arg Ser Thr Val Asn Ala Leu
 420 425 430
 His Val Leu Val Asp Gln Gly Tyr Val Gly Arg Glu Asp Gly His Asn
 435 440 445
 Leu Ile Glu Ser Tyr Glu Phe Leu Arg Leu Leu Glu His Arg Leu Gln
 450 455 460

 Leu Glu Arg Ile Lys Arg Thr His Leu Leu Pro Lys Pro Asp Asp Arg
 465 470 475 480

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

 Ala Ala Lys Leu Gln Leu Ala Ala Leu Gly Tyr Leu His Pro Ser Arg

545 550 555 560
 Ala Tyr Glu His Leu Thr Ala Leu Ala Ser Gly Ala Ser Arg Lys Ala
 565 570 575
 Lys Ile Gln Ala Met Leu Leu Pro Thr Leu Met Glu Trp Leu Ser Gln
 580 585 590
 Thr Ala Glu Pro Asp Ala Gly Leu Leu Asn Tyr Arg Lys Leu Ser Asp
 595 600 605
 Ala Ser Tyr Asp Arg Ser Trp Phe Leu Arg Met Leu Arg Asp Glu Gly
 610 615 620

 Val Val Gly Gln Arg Leu Met Arg Ile Leu Gly Asn Ser Pro Tyr Ile
 625 630 635 640

 Ser Glu Leu Ile Ile Ser Thr Pro Asp Phe Met Lys Gln Leu Gly Asp
 645 650 655
 Ala Ala Ser Gly Pro Lys Leu Leu Ala Thr Ala Pro Thr Gln Val Val
 660 665 670
 Lys Ala Ile Lys Ala Thr Val Ser Arg His Glu Ser Pro Asp Arg Ala
 675 680 685
 Ile Gln Ala Ala Arg Ser Leu Arg Arg Gln Glu Leu Ala Arg Ile Ala
 690 695 700

 Ser Ala Asp Leu Leu Asn Met Leu Thr Val Gln Glu Val Cys Gln Ser
 705 710 715 720

 Leu Ser Leu Val Trp Asp Ala Val Leu Asp Ala Ala Leu Asp Ala Glu
 725 730 735
 Ile Arg Ala Ala Leu Asn Asp Pro Gln Lys Pro Asp Gln Pro Leu Ala
 740 745 750
 Asn Ile Ser Val Ile Gly Met Gly Arg Leu Gly Gly Ala Glu Leu Gly
 755 760 765
 Tyr Gly Ser Asp Ala Asp Val Met Phe Val Cys Glu Pro Val Ala Gly
 770 775 780

 Val Glu Glu His Glu Ala Val Thr Trp Ser Ile Ala Ile Cys Asp Ser
 785 790 795 800

 Met Arg Ser Arg Leu Ala Gln Pro Ser Gly Asp Pro Pro Leu Glu Val
 805 810 815
 Asp Leu Gly Leu Arg Pro Glu Gly Arg Ser Gly Ala Ile Val Arg Thr
 820 825 830
 Val Asp Ser Tyr Val Lys Tyr Tyr Glu Lys Trp Gly Glu Thr Trp Glu
 835 840 845
 Ile Gln Ala Leu Leu Arg Ala Ala Trp Val Ala Gly Asp Arg Glu Leu
 850 855 860

 Gly Ile Lys Phe Leu Glu Ser Ile Asp Arg Phe Arg Tyr Pro Val Asp
 865 870 875 880

 Gly Ala Thr Gln Ala Gln Leu Arg Glu Val Arg Arg Ile Lys Ala Arg
 885 890 895
 Val Asp Asn Glu Arg Leu Pro Arg Gly Ala Asp Arg Asn Thr His Thr
 900 905 910
 Lys Leu Gly Arg Gly Ala Leu Thr Asp Ile Glu Trp Thr Val Gln Leu
 915 920 925

Leu Thr Met Met His Ala His Glu Ile Pro Glu Leu His Asn Thr Ser
930 935 940

Thr Leu Glu Val Leu Glu Val Leu Glu Lys His Gln Ile Ile Asn Pro
945 950 955 960

Val Gln Val Gln Thr Leu Arg Glu Ala Trp Leu Thr Ala Thr Ala Ala
965 970 975

Arg Asn Ala Leu Val Leu Val Arg Gly Lys Arg Leu Asp Gln Leu Pro
980 985 990

Thr Pro Gly Pro His Leu Ala Gln Val Ala Gly Ala Ser Gly Trp Asp
995 1000 1005

Pro Asn Glu Tyr Gln Glu Tyr Leu Glu Asn Tyr Leu Lys Val Thr Arg
1010 1015 1020

Lys Ser Arg Gln Val Val Asp Glu Val Phe Trp Gly Val Asp Ser Met
1025 1030 1035 1040

Glu Gln Arg Glu Phe
1045

<210> 101
<211> 861
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(861)
<223> RXN03176
<400> 101

gag ttg gcc gat tac atc ccg gaa cta aaa tct gcg gac cca aac ccg 48
Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro

1 5 10 15
ctg gca gta gcc ctg tgc acc gtt aac gga cac atc tac agc gca ggc 96
Leu Ala Val Ala Leu Cys Thr Val Asn Gly His Ile Tyr Ser Ala Gly

20 25 30
gat gac gac atc gaa ttc acc atg caa agt att tcc aag cca ttt gcc 144
Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala

35 40 45
tac gca ctc gca ctc caa gaa tgc ggc ttt gat gag gtc tct gca tcc 192
Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser

50 55 60
gtg gcc ttg gag ccc tcc ggt gag gcc ttc aac gaa ctt tcc ctc gac 240
Val Ala Leu Glu Pro Ser Gly Glu Ala Phe Asn Glu Leu Ser Leu Asp

65 70 75 80
ggc gaa aac cgc ccc atg aac ccc atg atc aac gcc ggc gcg atc gcc 288
Gly Glu Asn Arg Pro Met Asn Pro Met Ile Asn Ala Gly Ala Ile Ala

85 90 95
atc aac cag ctg atc aac ggc tcc gat tcc acc gtg gaa gac cgc gtg 336

Ile Asn Gln Leu Ile Asn Gly Ser Asp Ser Thr Val Glu Asp Arg Val

100 105 110
gaa aaa atc cga cac tac ttc tct gaa ctt gct gga cgc gaa ctc acc 384
Glu Lys Ile Arg His Tyr Phe Ser Glu Leu Ala Gly Arg Glu Leu Thr

115 120 125
atc gac cgc gtg ctt gcc gaa tcc gaa ctc gcc ggc gcc gac cgc aac 432
Ile Asp Arg Val Leu Ala Glu Ser Glu Leu Ala Gly Ala Asp Arg Asn

130 135 140
ctc tcc atc gcc cac atg ctg cgc aat tac ggc gtc atc gaa gac gaa 480
Leu Ser Ile Ala His Met Leu Arg Asn Tyr Gly Val Ile Glu Asp Glu

145 150 155 160
gcc cac gac gcc gtc ctc agc tac acg ctg caa tgc gcc atc aaa gta 528
Ala His Asp Ala Val Leu Ser Tyr Thr Leu Gln Cys Ala Ile Lys Val

165 170 175
acc acg cgc gac ctc gca gtc atg acc gcc acg ctc gcc gcc ggc ggc 576
Thr Thr Arg Asp Leu Ala Val Met Thr Ala Thr Leu Ala Ala Gly Gly

180 185 190
aca cac cca att acc ggc aag aag ctt ctc gac gcc cgc gtc tgc cgc 624
Thr His Pro Ile Thr Gly Lys Lys Leu Leu Asp Ala Arg Val Cys Arg

195 200 205
ctc acc ctc tcc gtc atg gct tca gca ggc atg tac gac gag gca ggg 672
Leu Thr Leu Ser Val Met Ala Ser Ala Gly Met Tyr Asp Glu Ala Gly

210 215 220
cag tgg ctc tcc acc gta ggc atc ccc gcg aaa tca gga gtc gcc ggc 720
Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly

225 230 235 240
gga ctc atc ggc att ctg cca ggt cag ctg ggc atc gcc aca ttt tcc 768
Gly Leu Ile Gly Ile Leu Pro Gly Gln Leu Gly Ile Ala Thr Phe Ser

245 250 255
cca cgc ctg aac ccc aaa ggc aac agc gtg cgc ggc gta aaa ata ttc 816
Pro Arg Leu Asn Pro Lys Gly Asn Ser Val Arg Gly Val Lys Ile Phe

260 265 270
aaa cag ctt tcc gac gac atg ggc ctc cac ctc atg tcc acc gag 861
Lys Gln Leu Ser Asp Asp Met Gly Leu His Leu Met Ser Thr Glu

275 280 285
<210> 102
<211> 287
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 102
Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro
1 5 10 15
Leu Ala Val Ala Leu Cys Thr Val Asn Gly His Ile Tyr Ser Ala Gly
20 25 30

Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala
35 40 45

Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser
50 55 60
Val Ala Leu Glu Pro Ser Gly Glu Ala Phe Asn Glu Leu Ser Leu Asp
65 70 75 80

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

Leu Ser Ile Ala His Met Leu Arg Asn Tyr Gly Val Ile Glu Asp Glu
145 150 155 160

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

Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly
225 230 235 240

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

275 280 285

<210> 103

<211> 861

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(861)

<223> FRXA02879

<400> 103

gag ttg gcc gat tac atc ccg gaa cta aaa tct gcg gac cca aac ccg 48
Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro

1 5 10 15 96
ctg gca gta gcc ctg tgc acc gtt aac gga cac atc tac agc gca ggc
Leu Ala Val Ala Leu Cys Thr Val Asn Gly His Ile Tyr Ser Ala Gly

20	25	30	
gat gac gac atc gaa ttc acc atg caa agt att tcc aag cca ttt gcc			144
Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala			
35	40	45	
tac gca ctc gca ctc caa gaa tgc ggc ttt gat gag gtc tct gca tcc			192
Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser			
50	55	60	
gtg gcc ttg gag ccc tcc ggt gag gcc ttc aac gaa ctt tcc ctc gac			240
Val Ala Leu Glu Pro Ser Gly Glu Ala Phe Asn Glu Leu Ser Leu Asp			
65	70	75	80
ggc gaa aac cgc ccc atg aac ccc atg atc aac gcc ggc ggc atc gcc			288
Gly Glu Asn Arg Pro Met Asn Pro Met Ile Asn Ala Gly Ala Ile Ala			
85	90	95	
atc aac cag ctg atc aac ggc tcc gat tcc acc gtg gaa gac cgc gtg			336
Ile Asn Gln Leu Ile Asn Gly Ser Asp Ser Thr Val Glu Asp Arg Val			
100	105	110	
gaa aaa atc cga cac tac ttc tct gaa ctt gct gga cgc gaa ctc acc			384
Glu Lys Ile Arg His Tyr Phe Ser Glu Leu Ala Gly Arg Glu Leu Thr			
115	120	125	
atc gac cgc gtg ctt gcc gaa tcc gaa ctc gcc ggc gcc gac cgc aac			432
Ile Asp Arg Val Leu Ala Glu Ser Glu Leu Ala Gly Ala Asp Arg Asn			
130	135	140	
ctc tcc atc gcc cac atg ctg cgc aat tac ggc gtc atc gaa gac gaa			480
Leu Ser Ile Ala His Met Leu Arg Asn Tyr Gly Val Ile Glu Asp Glu			
145	150	155	160
gcc cac gac gcc gtc ctc agc tac acg ctg caa tgc gcc atc aaa gta			528
Ala His Asp Ala Val Leu Ser Tyr Thr Leu Gln Cys Ala Ile Lys Val			
165	170	175	
acc acg cgc gac ctc gca gtc atg acc gcc acg ctc gcc gcc ggc ggc			576
Thr Thr Arg Asp Leu Ala Val Met Thr Ala Thr Leu Ala Ala Gly Gly			
180	185	190	
aca cac cca att acc ggc aag aag ctt ctc gac gcc cgc gtc tgc cgc			624
Thr His Pro Ile Thr Gly Lys Lys Leu Leu Asp Ala Arg Val Cys Arg			
195	200	205	
ctc acc ctc tcc gtc atg gct tca gca ggc atg tac gac gag gca ggg			672
Leu Thr Leu Ser Val Met Ala Ser Ala Gly Met Tyr Asp Glu Ala Gly			
210	215	220	
cag tgg ctc tcc acc gta ggc atc ccc gcg aaa tca gga gtc gcc ggc			720
Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly			
225	230	235	240
gga ctc atc ggc att ctg cca ggt cag ctg ggc atc gcc aca ttt tcc			768
Gly Leu Ile Gly Ile Leu Pro Gly Gln Leu Gly Ile Ala Thr Phe Ser			

245 250 255
 cca cgc ctg aac ccc aaa ggc aac agc gtg cgc ggc gta aaa ata ttc 816
 Pro Arg Leu Asn Pro Lys Gly Asn Ser Val Arg Gly Val Lys Ile Phe

260 265 270
 aaa cag ctt tcc gac gac atg ggc ctc cac ctc atg tcc acc gag 861
 Lys Gln Leu Ser Asp Asp Met Gly Leu His Leu Met Ser Thr Glu

275 280 285
 <210> 104
 <211> 287
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 104
 Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro
 1 5 10 15
 Leu Ala Val Ala Leu Cys Thr Val Asn Gly His Ile Tyr Ser Ala Gly
 20 25 30
 Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala
 35 40 45
 Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser
 50 55 60
 Val Ala Leu Glu Pro Ser Gly Glu Ala Phe Asn Glu Leu Ser Leu Asp
 65 70 75 80
 Gly Glu Asn Arg Pro Met Asn Pro Met Ile Asn Ala Gly Ala Ile Ala
 85 90 95
 Ile Asn Gln Leu Ile Asn Gly Ser Asp Ser Thr Val Glu Asp Arg Val
 100 105 110
 Glu Lys Ile Arg His Tyr Phe Ser Glu Leu Ala Gly Arg Glu Leu Thr
 115 120 125
 Ile Asp Arg Val Leu Ala Glu Ser Glu Leu Ala Gly Ala Asp Arg Asn
 130 135 140
 Leu Ser Ile Ala His Met Leu Arg Asn Tyr Gly Val Ile Glu Asp Glu
 145 150 155 160
 Ala His Asp Ala Val Leu Ser Tyr Thr Leu Gln Cys Ala Ile Lys Val
 165 170 175
 Thr Thr Arg Asp Leu Ala Val Met Thr Ala Thr Leu Ala Ala Gly Gly
 180 185 190
 Thr His Pro Ile Thr Gly Lys Lys Leu Leu Asp Ala Arg Val Cys Arg
 195 200 205
 Leu Thr Leu Ser Val Met Ala Ser Ala Gly Met Tyr Asp Glu Ala Gly
 210 215 220
 Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly
 225 230 235 240
 Gly Leu Ile Gly Ile Leu Pro Gly Gln Leu Gly Ile Ala Thr Phe Ser
 245 250 255
 Pro Arg Leu Asn Pro Lys Gly Asn Ser Val Arg Gly Val Lys Ile Phe
 260 265 270
 Lys Gln Leu Ser Asp Asp Met Gly Leu His Leu Met Ser Thr Glu

275 280 285

<210> 105
 <211> 1155
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1132)
 <223> RXA00278
 <400> 105

ggccacggag ttggtgtccg tcatggtgat gattctgtct gtcgtttctg tgttggttt 60
 gtgggtcggc atccgccccc gtttcagga gtacttataa atg cac gct ttt cga 115
 Met His Ala Phe Arg

1 5
 cgc ccc cct cca ctc acc acg cga gtc ggc gct gca ttg ctg gcc gca 163
 Arg Pro Pro Pro Leu Thr Thr Arg Val Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala

10 15 20
 acg ctg ctt gct tcc tgc act cca aca cct gtg gaa ccg gca gaa acc 211
 Thr Leu Leu Ala Ser Cys Thr Pro Thr Pro Val Glu Pro Ala Glu Thr

25 30 35
 ttg act gct ttg gat ccc gat gcc ggt cca cca ctg cca ccg gat tct 259
 Leu Thr Ala Leu Asp Pro Asp Ala Gly Pro Pro Leu Pro Pro Asp Ser

40 45 50
 tcg att gaa gct ccc ggt gaa aaa gag ccc att gtg gaa gta ata gag 307
 Ser Ile Glu Ala Pro Gly Glu Lys Glu Pro Ile Val Glu Val Ile Glu

55 60 65
 aat tgg cca ggt tct tta cgc ccg gat gat ctg acc cct gag gag cgg 355
 Asn Trp Pro Gly Ser Leu Arg Pro Asp Asp Leu Thr Pro Glu Glu Arg

70 75 80 85
 gta cct ggc atc gtc aac cgg ggt cgc atc att gtg ggt gtg gat caa 403
 Val Pro Gly Ile Val Asn Arg Gly Arg Ile Ile Val Gly Val Asp Gln

90 95 100
 tcg caa aac ttg ctc agt ttc cgt gat ccg gtg act ggt gag ctg cgc 451
 Ser Gln Asn Leu Leu Ser Phe Arg Asp Pro Val Thr Gly Glu Leu Arg

105 110 115
 ggt ttt gaa gtg gaa tta gcg agg gaa att tcc cgc gac att ttc ggt 499
 Gly Phe Glu Val Glu Leu Ala Arg Glu Ile Ser Arg Asp Ile Phe Gly

120 125 130
 gac ccc aat aag gtg gat ttc cga ttc gtc ggc tcg tcc gac cgt ctg 547
 Asp Pro Asn Lys Val Asp Phe Arg Phe Val Gly Ser Ser Asp Arg Leu

135 140 145
 cgt tcc ctt gac caa ggt gat gta gat att gtg att cgt tcc gtc acg 595
 Arg Ser Leu Asp Gln Gly Asp Val Asp Ile Val Ile Arg Ser Val Thr

150 155 160 165

atc acc gac gaa cgc gcc aaa ttg gtg gaa ttt tcc aca ccg tac ctg 643
Ile Thr Asp Glu Arg Ala Lys Leu Val Glu Phe Ser Thr Pro Tyr Leu

170 175 180
cgc acc caa acc cgc atg ttg acc atg gaa tct tca gga atc acg tcc 691
Arg Thr Gln Thr Arg Met Leu Thr Met Glu Ser Ser Gly Ile Thr Ser

185 190 195
atc gca gat cta ccc ggc cac acc att tgt gtc acc gat ggc tcc act 739
Ile Ala Asp Leu Pro Gly His Thr Ile Cys Val Thr Asp Gly Ser Thr

200 205 210
tca ttg cag cga gcc cgc acc att gcg ccg gag gcc tca atc tta aaa 787
Ser Leu Gln Arg Ala Arg Thr Ile Ala Pro Glu Ala Ser Ile Leu Lys

215 220 225
act cgc aat tgg tcc gat tgt ctc atg gcg ttg cag cag cat cag gct 835
Thr Arg Asn Trp Ser Asp Cys Leu Met Ala Leu Gln Gln His Gln Ala

230 235 240 245
cag gtc att ttg ggc gat gat gtc att ttg tcc ggc atc gca gca cag 883
Gln Val Ile Leu Gly Asp Asp Val Ile Leu Ser Gly Ile Ala Ala Gln

250 255 260
gat ccc tac acc gag att ctt gat acc tcc ctc gat tcc cat tcc tat 931
Asp Pro Tyr Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Asp Ser His Ser Tyr

265 270 275
gga gtg gca gcg gca tcg acc act gct gaa aca gac tct tcg ggg ttg 979
Gly Val Ala Ala Ala Ser Thr Thr Ala Glu Thr Asp Ser Ser Gly Leu

280 285 290
att cgg cag gta aac tac aca att gaa cgg atc cgc aca gac cgc atg 1027
Ile Arg Gln Val Asn Tyr Thr Ile Glu Arg Ile Arg Thr Asp Arg Met

295 300 305
tgg tgg aca atg ttc gac gat tgg ttc gga cct tat ctc tgg tcc tac 1075
Trp Trp Thr Met Phe Asp Asp Trp Phe Gly Pro Tyr Leu Trp Ser Tyr

310 315 320 325
ggg cca cca cag ctg cag tac atg cca gag gaa gaa ggg aca gaa aac 1123
Gly Pro Pro Gln Leu Gln Tyr Met Pro Glu Glu Glu Gly Thr Glu Asn

330 335 340
gat gaa gga taatgaagat ttgatccag att 1155
Asp Glu Gly

<210> 106
<211> 344
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 106
Met His Ala Phe Arg Arg Pro Pro Pro Leu Thr Thr Arg Val Gly Ala
1 5 10 15
Ala Leu Leu Ala Ala Thr Leu Leu Ala Ser Cys Thr Pro Thr Pro Val
20 25 30

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

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

Ser Ser Asp Arg Leu Arg Ser Leu Asp Gln Gly Asp Val Asp Ile Val
 145 150 155 160

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

Ala Ser Ile Leu Lys Thr Arg Asn Trp Ser Asp Cys Leu Met Ala Leu
 225 230 235 240

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

Arg Thr Asp Arg Met Trp Trp Thr Met Phe Asp Asp Trp Phe Gly Pro
 305 310 315 320

Tyr Leu Trp Ser Tyr Gly Pro Pro Gln Leu Gln Tyr Met Pro Glu Glu
 325 330 335
 Glu Gly Thr Glu Asn Asp Glu Gly

340

<210> 107

<211> 1035

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1012)

<223> RXA00727

<400> 107

ttattgcacc atggcaggta gtattttgcc catgattgag agtttcaccc gattgcgaat 60
ttcgcagaca ccgcctctga aacggctact gcatagcact ttg cgt ttc ccc aaa 115
Leu Arg Phe Pro Lys

1 5
atc ccc aag cgc gct gta gcg gcg acc gtc ggc atc gtg gca acc tca 163
Ile Pro Lys Arg Ala Val Ala Ala Thr Val Gly Ile Val Ala Thr Ser

10 15 20
ttc acc ttg gct tct tgt gtc acc aat gag gag cag ggc aac cca gat 211
Phe Thr Leu Ala Ser Cys Val Thr Asn Glu Glu Gln Gly Asn Pro Asp

25 30 35
ggc tgg gag cag atc gtt cca gat cct gta ccg gag att cag gcg atg 259
Gly Trp Glu Gln Ile Val Pro Asp Pro Val Pro Glu Ile Gln Ala Met

40 45 50
gtt ccc gaa gct ctg gct cag cgc ggt gtg ctc acc gcc ggt gcc aac 307
Val Pro Glu Ala Leu Ala Gln Arg Gly Val Leu Thr Ala Gly Ala Asn

55 60 65
cca cct ttc cca ccg ttt gag ttt aaa gat tcc gat ggt cag att atc 355
Pro Pro Phe Pro Pro Phe Glu Phe Lys Asp Ser Asp Gly Gln Ile Ile

70 75 80 85
ggc gtg gaa atg gac ctc gtg cgt gca atg gcg ggg gtg atg ggc ttg 403
Gly Val Glu Met Asp Leu Val Arg Ala Met Ala Gly Val Met Gly Leu

90 95 100
gag ttc agc cct cag gag cag gat ttc tcc ctc atc ctt cca tcg gtt 451
Glu Phe Ser Pro Gln Glu Gln Asp Phe Ser Leu Ile Leu Pro Ser Val

105 110 115
caa gct ggc acc ctt gat atc gga gcc tct ggc ttc act gac aac gag 499
Gln Ala Gly Thr Leu Asp Ile Gly Ala Ser Gly Phe Thr Asp Asn Glu

120 125 130
gaa cgc cgc gag aac ttt gat ttc atc gat ttc ctc ttc gca ggt gtg 547
Glu Arg Arg Glu Asn Phe Asp Phe Ile Asp Phe Leu Phe Ala Gly Val

135 140 145
cag tgg gcg cag gca act gat cgt gaa acc cca atc gat ccg gaa aac 595
Gln Trp Ala Gln Ala Thr Asp Arg Glu Thr Pro Ile Asp Pro Glu Asn

150 155 160 165
gcc tgt ggt ctc acc gtt gct gta cag cgc aca acc gtg gca gag acc 643
Ala Cys Gly Leu Thr Val Ala Val Gln Arg Thr Thr Val Ala Glu Thr

170 175 180
gac gat gtc cgt cct cgc tca gct caa tgt gaa gcc gaa ggc aaa gag 691
Asp Asp Val Arg Pro Arg Ser Ala Gln Cys Glu Ala Glu Gly Lys Glu

185 190 195

ccg atc acc att ttg tct tat gaa acc gca gat act gca gct acc gca 739
Pro Ile Thr Ile Leu Ser Tyr Glu Thr Ala Asp Thr Ala Ala Thr Ala

200 205 210
ttg atc ctg gga cgc gca gac gca ctt gct gcg gac tcc cct gtt tca 787
Leu Ile Leu Gly Arg Ala Asp Ala Leu Ala Ala Asp Ser Pro Val Ser

215 220 225
gct tgg gct gca gag cgc tcc gaa ggc cgc atc gaa gtt gtg ggc gat 835
Ala Trp Ala Ala Glu Arg Ser Glu Gly Arg Ile Glu Val Val Gly Asp

230 235 240 245
atg tac ttg gct gcg cca ttt ggt ttc gca ttc ccg ttg gaa tct gac 883
Met Tyr Leu Ala Ala Pro Phe Gly Phe Ala Phe Pro Leu Glu Ser Asp

250 255 260
ctc acc cca gca gca gct gcg gcg ttc caa cac ttg att gac acc ggc 931
Leu Thr Pro Ala Ala Ala Ala Phe Gln His Leu Ile Asp Thr Gly

265 270 275
gat tac cag cgc atc atg gcg caa tgg ggc att gaa gaa ggc ctt ctt 979
Asp Tyr Gln Arg Ile Met Ala Gln Trp Gly Ile Glu Glu Gly Leu Leu

280 285 290
gat gag gcc ctg atc aac gaa cag cca ctc aac tagagccttc cagcaactaa 1032
Asp Glu Ala Leu Ile Asn Glu Gln Pro Leu Asn

295 300
aaa 1035
<210> 108
<211> 304
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 108
Leu Arg Phe Pro Lys Ile Pro Lys Arg Ala Val Ala Ala Thr Val Gly
1 5 10 15
Ile Val Ala Thr Ser Phe Thr Leu Ala Ser Cys Val Thr Asn Glu Glu
20 25 30
Gln Gly Asn Pro Asp Gly Trp Glu Gln Ile Val
Pro Asp Pro Val Pro
35 40 45
Glu Ile Gln Ala Met Val Pro Glu Ala Leu Ala Gln Arg Gly Val Leu
50 55 60
Thr Ala Gly Ala Asn Pro Pro Phe Pro Phe Glu Phe Lys Asp Ser
65 70 75 80
Asp Gly Gln Ile Ile Gly Val Glu Met Asp Leu Val Arg Ala Met Ala
85 90 95
Gly Val Met Gly Leu Glu Phe Ser Pro Gln Glu Gln Asp Phe Ser Leu
100 105 110
Ile Leu Pro Ser Val Gln Ala Gly Thr Leu Asp Ile Gly Ala Ser Gly
115 120 125
Phe Thr Asp Asn Glu Glu Arg Arg Glu Asn Phe Asp Phe Ile Asp Phe
130 135 140
Leu Phe Ala Gly Val Gln Trp Ala Gln Ala Thr Asp Arg Glu Thr Pro

145	150	155	160
Ile Asp Pro Glu Asn Ala Cys Gly Leu Thr Val Ala Val Gln Arg Thr			
	165	170	175
Thr Val Ala Glu Thr Asp Asp Val Arg Pro Arg Ser Ala Gln Cys Glu			
	180	185	190
Ala Glu Gly Lys Glu Pro Ile Thr Ile Leu Ser Tyr Glu Thr Ala Asp			
	195	200	205
Thr Ala Ala Thr Ala Leu Ile Leu Gly Arg Ala Asp Ala Leu Ala Ala			
	210	215	220
Asp Ser Pro Val Ser Ala Trp Ala Ala Glu Arg Ser Glu Gly Arg Ile			
225	230	235	240
Glu Val Val Gly Asp Met Tyr Leu Ala Ala Pro Phe Gly Phe Ala Phe			
	245	250	255
Pro Leu Glu Ser Asp Leu Thr Pro Ala Ala Ala Ala Ala Phe Gln His			
	260	265	270
Leu Ile Asp Thr Gly Asp Tyr Gln Arg Ile Met Ala Gln Trp Gly Ile			
	275	280	285
Glu Glu Gly Leu Leu Asp Glu Ala Leu Ile Asn Glu Gln Pro Leu Asn			
	290	295	300
<210> 109			
<211> 1962			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1939)			
<223> RXA02139			
<400> 109			
tcaggaggat ttttcaatca tgtgcggcct tcttggcata ttgactgcaa atgggaacgc	60		
tgaagcattc gtctctgcac tcgagcgggc cttgccatgc atg cgc cac cgt ggt	115		
		Met Arg His Arg Gly	
		1	5
cct gac gat gcc ggc act tgg cat gac gcc gat gca gcg ttt gga ttc	163		
Pro Asp Asp Ala Gly Thr Trp His Asp Ala Asp Ala Ala Phe Gly Phe			
	10	15	20
aac cgc ctc tcc atc att gat att gca cac tcc cac caa cca ctg cgt	211		
Asn Arg Leu Ser Ile Ile Asp Ile Ala His Ser His Gln Pro Leu Arg			
	25	30	35
tgg gga cct gcg gat gaa ccc gac cgc tac gca atg act ttc aac ggt	259		
Trp Gly Pro Ala Asp Glu Pro Asp Arg Tyr Ala Met Thr Phe Asn Gly			
	40	45	50
gag atc tac aac tac gtt gag ctg cgt aaa gag ctc tcg gat ttg gga	307		
Glu Ile Tyr Asn Tyr Val Glu Leu Arg Lys Glu Leu Ser Asp Leu Gly			
	55	60	65
tat gcc ttt aat act tct ggc gat ggc gag cca att gtt gtc ggt ttc	355		

Tyr Ala Phe Asn Thr Ser Gly Asp Gly Glu Pro Ile Val Val Gly Phe

70 75 80 85
cac cac tgg ggc gag tcc gtg gtc gag cat ctc cgc gga atg ttc ggc 403
His His Trp Gly Glu Ser Val Val Glu His Leu Arg Gly Met Phe Gly

90 95 100
att gcc att tgg gat aca aag gaa aag tcg ctt ttc ctt gcg cgt gat 451
Ile Ala Ile Trp Asp Thr Lys Glu Lys Ser Leu Phe Leu Ala Arg Asp

105 110 115
cag ttc ggc att aag cca ctg ttc tac gca acc acc gag cat ggc acc 499
Gln Phe Gly Ile Lys Pro Leu Phe Tyr Ala Thr Thr Glu His Gly Thr

120 125 130
gtg ttc tcc tca gag aag aag acc atc ttg gag atg gcc gag gag atg 547
Val Phe Ser Ser Glu Lys Lys Thr Ile Leu Glu Met Ala Glu Glu Met

135 140 145
aat cta gat ctg ggc ctt gat aag cgc acc att gag cac tac gtg gac 595
Asn Leu Asp Leu Gly Leu Asp Lys Arg Thr Ile Glu His Tyr Val Asp

150 155 160 165
ttg cag tac gtg ccc gag cca gat acc ctt cac gcg cag att tcc cgc 643
Leu Gln Tyr Val Pro Glu Pro Asp Thr Leu His Ala Gln Ile Ser Arg

170 175 180
ttg gag tca ggc tgc acc gca aca gtt cgt ccg ggc ggc aag ctg gaa 691
Leu Glu Ser Gly Cys Thr Ala Thr Val Arg Pro Gly Gly Lys Leu Glu

185 190 195
cag aag cgt tac ttc aag cct cag ttc cca gta cag aag gtc gta aag 739
Gln Lys Arg Tyr Phe Lys Pro Gln Phe Pro Val Gln Lys Val Val Lys

200 205 210
ggc aag gag cag gac ctc ttc gat cgc att gcc cag gtg ttg gag gat 787
Gly Lys Glu Gln Asp Leu Phe Asp Arg Ile Ala Gln Val Leu Glu Asp

215 220 225
agc gtc gaa aag cat atg cgt gcc gac gtg acc gta ggc tcg ttc ctt 835
Ser Val Glu Lys His Met Arg Ala Asp Val Thr Val Gly Ser Phe Leu

230 235 240 245
ttc ggc ggc att gac tca acc gca att gcg gcg ctt gca aag cgc cac 883
Phe Gly Gly Ile Asp Ser Thr Ala Ile Ala Ala Leu Ala Lys Arg His

250 255 260
aac cct gac ctg ctc acc ttc acc acc ggt ttc gag cgt gaa ggc tac 931
Asn Pro Asp Leu Leu Thr Phe Thr Thr Gly Phe Glu Arg Glu Gly Tyr

265 270 275
tcg gag gtc gat gtg gct gcg gag tcc gcc gct gcg att ggc gct gag 979
Ser Glu Val Asp Val Ala Ala Glu Ser Ala Ala Ala Ile Gly Ala Glu

280 285 290
cac atc gtg aag att gtc tcg cct gag gaa tac gcc aac gcg att cct 1027

His Ile Val Lys Ile Val Ser Pro Glu Glu Tyr Ala Asn Ala Ile Pro

295 300 305
aag atc atg tgg tac ttg gat gat cct gta gct gac cca tca ttg gtc 1075
Lys Ile Met Trp Tyr Leu Asp Asp Pro Val Ala Asp Pro Ser Leu Val

310 315 320 325
ccg ctg tac ttc gtg gca gcg gaa gca cgt aag cac gtc aag gtt gtg 1123
Pro Leu Tyr Phe Val Ala Ala Glu Ala Arg Lys His Val Lys Val Val

330 335 340
ctg tct ggc gag ggc gca gat gag ctg ttc ggt gga tac acc att tac 1171
Leu Ser Gly Glu Gly Ala Asp Glu Leu Phe Gly Gly Tyr Thr Ile Tyr

345 350 355
aag gag ccg cta tcg ctt gct cca ttt gag aag atc cct tcc cca cta 1219
Lys Glu Pro Leu Ser Leu Ala Pro Phe Glu Lys Ile Pro Ser Pro Leu

360 365 370
cgt aaa ggc ctg gga aag ctc agc aag gtt ctg cca gac ggc atg aag 1267
Arg Lys Gly Leu Gly Lys Leu Ser Lys Val Leu Pro Asp Gly Met Lys

375 380 385
ggc aag tcc ctt ctt gag cgt ggc tcc atg acc atg gaa gag cgc tac 1315
Gly Lys Ser Leu Leu Glu Arg Gly Ser Met Thr Met Glu Glu Arg Tyr

390 395 400 405
tac ggc aac gct cgc tcc ttc aat ttc gag cag atg caa cgc gtt att 1363
Tyr Gly Asn Ala Arg Ser Phe Asn Phe Glu Gln Met Gln Arg Val Ile

410 415 420
cca tgg gca aag cgc gaa tgg gac cac cgc gaa gtc act gcg ccg atc 1411
Pro Trp Ala Lys Arg Glu Trp Asp His Arg Glu Val Thr Ala Pro Ile

425 430 435
tac gca cag tcc cgc aac ttt gat cca gta gcc cgc atg caa cac ctg 1459
Tyr Ala Gln Ser Arg Asn Phe Asp Pro Val Ala Arg Met Gln His Leu

440 445 450
gat ctg ttc acc tgg atg cgc ggc gac atc ctg gtc aag gct gac aag 1507
Asp Leu Phe Thr Trp Met Arg Gly Asp Ile Leu Val Lys Ala Asp Lys

455 460 465
atc aac atg gcg aac tcc ctt gag ctg cga gtt cca ttc ttg gat aag 1555
Ile Asn Met Ala Asn Ser Leu Glu Leu Arg Val Pro Phe Leu Asp Lys

470 475 480 485
gaa gtt ttc aag gtt gca gag acc att cct tac gac ctg aag att gcc 1603
Glu Val Phe Lys Val Ala Glu Thr Ile Pro Tyr Asp Leu Lys Ile Ala

490 495 500
aac ggt acc acc aag tac gcg ctg cgc agg gca ctc gag cag att gtt 1651
Asn Gly Thr Thr Lys Tyr Ala Leu Arg Arg Ala Leu Glu Gln Ile Val

505 510 515
ccg cct cac gtt ttg cac cgc aag aag ctg ggc ttc cct gtt ccc atg 1699

Pro Pro His Val Leu His Arg Lys Lys Leu Gly Phe Pro Val Pro Met

520 525 530
cgc cac tgg ctt gcc ggc gat gag ctg ttc ggt tgg gcg cag gac acc 1747
Arg His Trp Leu Ala Gly Asp Glu Leu Phe Gly Trp Ala Gln Asp Thr

535 540 545
atc aag gaa tcc ggt act gaa gat atc ttc aac aag cag gct gtg ctg 1795
Ile Lys Glu Ser Gly Thr Glu Asp Ile Phe Asn Lys Gln Ala Val Leu

550 555 560 565
gat atg ctg aac gag cac cgc gat ggc gtg tca gat cat tcc cgt cga 1843
Asp Met Leu Asn Glu His Arg Asp Gly Val Ser Asp His Ser Arg Arg

570 575 580
ctg tgg act gtt ctg tca ttt atg gtg tgg cac ggc att ttt gtg gaa 1891
Leu Trp Thr Val Leu Ser Phe Met Val Trp His Gly Ile Phe Val Glu

585 590 595
aac cgc att gat cca cag att gag gac cgc tcc tac cca gtc gag ctt 1939
Asn Arg Ile Asp Pro Gln Ile Glu Asp Arg Ser Tyr Pro Val Glu Leu

600 605 610
taagtcttaa agcctaaacc ccc 1962
<210> 110
<211> 613
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 110
Met Arg His Arg Gly Pro Asp Asp Ala Gly Thr Trp His Asp Ala Asp
1 5 10 15
Ala Ala Phe Gly Phe Asn Arg Leu Ser Ile Ile Asp Ile Ala His Ser
20 25 30
His Gln Pro Leu Arg Trp
Gly Pro Ala Asp Glu Pro Asp Arg Tyr Ala
35 40 45
Met Thr Phe Asn Gly Glu Ile Tyr Asn Tyr Val Glu Leu Arg Lys Glu
50 55 60
Leu Ser Asp Leu Gly Tyr Ala Phe Asn Thr Ser Gly Asp Gly Glu Pro
65 70 75 80
Ile Val Val Gly Phe His His Trp Gly Glu Ser Val Val Glu His Leu
85 90 95
Arg Gly Met Phe Gly Ile Ala Ile Trp Asp Thr Lys Glu Lys Ser Leu
100 105 110
Phe Leu Ala Arg Asp Gln Phe Gly Ile Lys Pro Leu Phe Tyr Ala Thr
115 120 125
Thr Glu His Gly Thr Val Phe Ser Ser Glu Lys Lys Thr Ile Leu Glu
130 135 140
Met Ala Glu Glu Met Asn Leu Asp Leu Gly Leu Asp Lys Arg Thr Ile
145 150 155 160
Glu His Tyr Val Asp Leu Gln Tyr Val Pro Glu Pro Asp Thr Leu His
165 170 175
Ala Gln Ile Ser Arg Leu Glu Ser Gly Cys Thr Ala Thr Val Arg Pro

180 185 190
 Gly Gly Lys Leu Glu Gln Lys Arg Tyr Phe Lys Pro Gln Phe Pro Val
 195 200 205
 Gln Lys Val Val Lys Gly Lys Glu Gln Asp Leu Phe Asp Arg Ile Ala
 210 215 220

 Gln Val Leu Glu Asp Ser Val Glu Lys His Met Arg Ala Asp Val Thr
 225 230 235 240

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

 Ala Asn Ala Ile Pro Lys Ile Met Trp Tyr Leu Asp Asp Pro Val Ala
 305 310 315 320

 Asp Pro Ser Leu Val Pro Leu Tyr Phe Val Ala Ala Glu Ala Arg Lys
 325 330 335
 His Val Lys Val Val Leu Ser Gly Glu Gly Ala Asp Glu Leu Phe Gly
 340 345 350
 Gly Tyr Thr Ile Tyr Lys Glu Pro Leu Ser Leu Ala Pro Phe Glu Lys
 355 360 365
 Ile Pro Ser Pro Leu Arg Lys Gly Leu Gly Lys Leu Ser Lys Val Leu
 370 375 380

 Pro Asp Gly Met Lys Gly Lys Ser Leu Leu Glu Arg Gly Ser Met Thr
 385 390 395 400

 Met Glu Glu Arg Tyr Tyr Gly Asn Ala Arg Ser Phe Asn Phe Glu Gln
 405 410 415
 Met Gln Arg Val Ile Pro Trp Ala Lys Arg Glu Trp Asp His Arg Glu
 420 425 430
 Val Thr Ala Pro Ile Tyr Ala Gln Ser Arg Asn Phe Asp Pro Val Ala
 435 440 445
 Arg Met Gln His Leu Asp Leu Phe Thr Trp Met Arg Gly Asp Ile Leu
 450 455 460

 Val Lys Ala Asp Lys Ile Asn Met Ala Asn Ser Leu Glu Leu Arg Val
 465 470 475 480

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

 Trp Ala Gln Asp Thr Ile Lys Glu Ser Gly Thr Glu Asp Ile Phe Asn

545	550	555	560
Lys Gln Ala Val	Leu Asp Met	Leu Asn Glu His	Arg Asp Gly Val Ser
	565	570	575
Asp His Ser Arg	Arg Leu Trp Thr	Val Leu Ser Phe Met	Val Trp His
	580	585	590
Gly Ile Phe Val	Glu Asn Arg Ile	Asp Pro Gln Ile	Glu Asp Arg Ser
	595	600	605
Tyr Pro Val Glu	Leu		
610			
<210>	111		
<211>	1284		
<212>	DNA		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(101)..(1261)		
<223>	RXN00116		
<400>	111		
cgcggcacgc acgctggggg caagcgtcga caagcacaaa ctttttgctt aattgaatcc	60		
tttgcgcacc aatcaatggg ggatcaaata tagtagctgc atg agt aat gac ttc	115		
	Met Ser Asn Asp Phe		
		1	5
gtc gtt tct agg ctt aga ccc ttt ggt gaa acg att ttt gca acc atg	163		
Val Val Ser Arg Leu Arg Pro Phe Gly Glu Thr Ile Phe Ala Thr Met			
	10	15	20
acc cag cga gct gtt gag gcg ggt gca atc aat ctt ggt cag gcc ttt	211		
Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly Phe			
	25	30	35
cct gat gag gat ggt cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag	259		
Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln			
	40	45	50
att ctc ggg gga aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg	307		
Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser			
	55	60	65
ttg agg gca gct gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag	355		
Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu			
	70	75	80
tac aac cct gat tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg	403		
Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala			
	90	95	100
att acg gcg act gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc	451		
Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile			
	105	110	115
gtt ttg gaa ccg tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg	499		

Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala

120 125 130
 ggg gcg acg cgg gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg 547
 Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp

135 140 145
 gat gtg gat gtc gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg cgg 595
 Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg

150 155 160 165
 atg att atc gtt aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct 643
 Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser

170 175 180
 aag aag gcg ttg aag cag ttg gcg ggt gtt gct cgt gcg tat gac ttg 691
 Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala Gly Val Ala Arg Ala Tyr Asp Leu

185 190 195
 ttg gtg ttg tca gat gag gtg tat gag cat ctt gtt ttt gat gat cag 739
 Leu Val Leu Ser Asp Glu Val Tyr Glu His Leu Val Phe Asp Asp Gln

200 205 210
 aag cat gtg agt gtc gcg aag ctg ccc ggt atg tgg gat cgc acg gtg 787
 Lys His Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Gly Met Trp Asp Arg Thr Val

215 220 225
 acg gtg tcg tcg gcg gcg aaa acg ttc aat gtg act ggt tgg aag acg 835
 Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val Thr Gly Trp Lys Thr

230 235 240 245
 ggg tgg gcg ttg gca ccg gag ccg ttg ttg gag gcg gtg ttg aag gcg 883
 Gly Trp Ala Leu Ala Pro Glu Pro Leu Leu Glu Ala Val Leu Lys Ala

250 255 260
 aag cag ttt atg tct tat gtg ggg gct aca cct ttt cag ccg gct gtg 931
 Lys Gln Phe Met Ser Tyr Val Gly Ala Thr Pro Phe Gln Pro Ala Val

265 270 275
 gcg cat gcg att gaa cat gag cag aag tgg gtg tca aag atg tct aag 979
 Ala His Ala Ile Glu His Glu Gln Lys Trp Val Ser Lys Met Ser Lys

280 285 290
 ggg ctt gag ctc aag cgg gat att ttg cgt act gcg tta gat aag gcg 1027
 Gly Leu Glu Leu Lys Arg Asp Ile Leu Arg Thr Ala Leu Asp Lys Ala

295 300 305
 ggg ctg aag act cat gac agt atg ggc acg tat ttc atc gtt gcg gat 1075
 Gly Leu Lys Thr His Asp Ser Met Gly Thr Tyr Phe Ile Val Ala Asp

310 315 320 325
 att ggg gat cgt gat ggt gcg gag ttc tgt ttt gag ttg att gag aag 1123
 Ile Gly Asp Arg Asp Gly Ala Glu Phe Cys Phe Glu Leu Ile Glu Lys

330 335 340
 gtt ggg gtg gcg gcg att ccg gtg cag gcg ttt gtg gat cat ccg aag 1171

Val Gly Val Ala Ala Ile Pro Val Gln Ala Phe Val Asp His Pro Lys

345 350 355
aag tgg tcg tcg aag gtt cgt ttt gcg ttt tgc aaa aaa gaa gag acg 1219
Lys Trp Ser Ser Lys Val Arg Phe Ala Phe Cys Lys Lys Glu Glu Thr

360 365 370
ctc cgc gaa gct gcg gag cgt ctc aag ggg att aag aaa cta 1261
Leu Arg Glu Ala Ala Glu Arg Leu Lys Gly Ile Lys Lys Leu

375 380 385
tagtttgaac aggttgttgg ggg 1284

<210> 112

<211> 387

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 112

Met Ser Asn Asp Phe Val Val Ser Arg Leu Arg Pro Phe Gly Glu Thr

1 5 10 15

Ile Phe Ala Thr Met Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn

20 25 30

Leu Gly Gln Gly Phe Pro Asp Glu

Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu

35 40 45

Ile Ala Ser Glu Gln Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly

50 55 60

Arg Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu

65 70 75 80

Arg Phe Asp Leu Glu Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val

85 90 95

Gly Ala Thr Glu Ala Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro

100 105 110

Gly Asp Glu Val Ile Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala

115 120 125

Ala Ile Ala Leu Ala Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu

130 135 140

Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val

145 150 155 160

Thr Lys Lys Thr Arg Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr

165 170 175

Gly Ser Val Phe Ser Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala Gly Val Ala

180 185 190

Arg Ala Tyr Asp Leu Leu Val Leu Ser Asp Glu Val Tyr Glu His Leu

195 200 205

Val Phe Asp Asp Gln Lys His Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Gly Met

210 215 220

Trp Asp Arg Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val

225 230 235 240

Thr Gly Trp Lys Thr Gly Trp Ala Leu Ala Pro Glu Pro Leu Leu Glu

245 250 255

Ala Val Leu Lys Ala Lys Gln Phe Met Ser Tyr Val Gly Ala Thr Pro

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

 Ala Leu Asp Lys Ala Gly Leu Lys Thr His Asp Ser Met Gly Thr Tyr
 305 310 315 320

 Phe Ile Val Ala Asp Ile Gly Asp Arg Asp Gly Ala Glu Phe Cys Phe
 325 330 335
 Glu Leu Ile Glu Lys Val Gly Val Ala Ala Ile Pro Val Gln Ala Phe
 340 345 350
 Val Asp His Pro Lys Lys Trp Ser Ser Lys Val Arg Phe Ala Phe Cys
 355 360 365
 Lys Lys Glu Glu Thr Leu Arg Glu Ala Ala Glu Arg Leu Lys Gly Ile
 370 375 380

 Lys Lys Leu

 385
 <210> 113
 <211> 607
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(607)
 <223> FRXA00116
 <400> 113
 ttgcgccacc aatcaatggg ggatcaaata tagtagctgc atgagtaatg acttcgtcgt 60
 ttctaggctt agaccctttg gtgaacgat ttttgcaacc atg acc cag cga gct 115
 Met Thr Gln Arg Ala

 1 5
 gtt gag gcg ggt gca atc aat ctt ggt cag ggc ttt cct gat gag gat 163
 Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly Phe Pro Asp Glu Asp

 10 15 20
 ggt cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag att ctc ggg gga 211
 Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln Ile Leu Gly Gly

 25 30 35
 aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg ttg agg gca gct 259
 Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Ala

 40 45 50
 gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag tac aac cct gat 307
 Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu Tyr Asn Pro Asp

 55 60 65
 tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg att acg gcg act 355
 Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala Ile Thr Ala Thr

 70 75 80 85

gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc gtt ttg gaa ccg 403
Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile Val Leu Glu Pro

90 95 100
tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg ggg gcg acg ccg 451
Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala Gly Ala Thr Arg

105 110 115
gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg gat gtg gat gtc 499
Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val

120 125 130
gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg ccg atg att atc gtt 547
Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg Met Ile Ile Val

135 140 145
aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct aag aag gcg ttg 595
Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser Lys Lys Ala Leu

150 155 160 165
aag cag ttg gcg 607
Lys Gln Leu Ala

<210> 114
<211> 169
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 114
Met Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly
1 5 10 15
Phe Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu
20 25 30
Gln Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala
35 40 45
Ser Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg
Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu
50 55 60
Glu Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu
65 70 75 80

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

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

Ser Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala
165

<210> 115
<211> 1230
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1207)

<223> RXN00618

<400> 115

gctgcattag agggctcgtat ctcgatctaa aagcagtacg cagataggct tgtctcttat 60
gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgcgtc atg cag atg ttg gac 115
Met Gln Met Leu Asp

1 5
cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163
Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10 15 20
gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca 211
Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala

25 30 35
gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt 259
Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly

40 45 50
gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat 307
Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr

55 60 65
gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca 355
Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser

70 75 80 85
ggt gga ttc gtg gca tcg ttt atc gcc acc ttg gat cac ggg gat tat 403
Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr Leu Asp His Gly Asp Tyr

90 95 100
gtg gca atg cct acc ccg ggg tac ccg gca tat cgc aat att ctg gaa 451
Val Ala Met Pro Thr Pro Gly Tyr Pro Ala Tyr Arg Asn Ile Leu Glu

105 110 115
tct ttg ggg gcg aag gtt ctg aac ctg cgc tgt act gca gag act cgt 499
Ser Leu Gly Ala Lys Val Leu Asn Leu Arg Cys Thr Ala Glu Thr Arg

120 125 130
ttc cag cca acc gct caa atg ttg gag gaa ctg cca cac aag ccg aag 547
Phe Gln Pro Thr Ala Gln Met Leu Glu Glu Leu Pro His Lys Pro Lys

135 140 145
gct gtt att gtc acc agc cca gga aac cca acg ggc acc atc att gat 595
Ala Val Ile Val Thr Ser Pro Gly Asn Pro Thr Gly Thr Ile Ile Asp

150 155 160 165
ccg gaa gag cta gag gcg atc gcc aag tgg tgc gat gac aat gat gct 643
Pro Glu Glu Leu Glu Arg Ile Ala Lys Trp Cys Asp Asp Asn Asp Ala

170 175 180

gtt ctt atc tct gat gag gac tac cac ggc atg agc ttt ggt cgt ccg	691
Val Leu Ile Ser Asp Glu Asp Tyr His Gly Met Ser Phe Gly Arg Pro	
185 190 195	
ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt acc	739
Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly Thr	
200 205 210	
ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc atc	787
Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile Ile	
215 220 225	
gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct ctt	835
Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser Leu	
230 235 240 245	
tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc ttc	883
Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala Phe	
250 255 260	
act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat cgc	931
Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr Arg	
265 270 275	
gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt ggc	979
Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu Gly	
280 285 290	
act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt tct	1027
Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val Ser	
295 300 305	
gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat gaa	1075
Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp Glu	
310 315 320 325	
gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa ggc	1123
Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu Gly	
330 335 340	
cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc att	1171
His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr Ile	
345 350 355	
gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac	1217
Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys	
360 365	
taggttagtt tcg	1230
<210> 116	
<211> 369	
<212> PRT	
<213> Corynebacterium glutamicum	
<400> 116	
Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp	
1 5 10 15	

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

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

 Pro His Lys Pro Lys Ala Val Ile Val Thr Ser Pro Gly Asn Pro Thr
 145 150 155 160

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

 Val Gly Trp Ile Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn
 225 230 235 240

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

 Trp Val Asp Val Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu
 305 310 315 320

 Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe
 325 330 335
 Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser
 340 345 350
 Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys
 355 360 365
 Lys

<210> 117

<211> 657

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(634)

<223> FRXA00618

<400> 117

cccaacgggc accatcattg atccggaaga gctagagcgc atcgccaagt ggtgcatga 60
caatgatgct gttcttatct ctgatgagga ctaccacggc atg agc ttt ggt cgt 115
Met Ser Phe Gly Arg

1 5
ccg ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt 163
Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly

10 15 20
acc ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc 211
Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile

25 30 35
atc gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct 259
Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser

40 45 50
ctt tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc 307
Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala

55 60 65
ttc act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat 355
Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr

70 75 80 85
cgc gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt 403
Arg Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu

90 95 100
ggc act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt 451
Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val

105 110 115
tct gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat 499
Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp

120 125 130
gaa gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa 547
Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu

135 140 145
ggc cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc 595
Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr

150 155 160 165
att gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac 644
Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys

170 175 657

taggttagtt tcg

<210> 118

<211> 178

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 118

Met Ser Phe Gly Arg Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn

1 5 10 15

Ala Ile Val Val Gly Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp

20 25 30

Arg Val Gly Trp Ile Ile Val Pro Asp Glu

Leu Val Thr Pro Ile Glu

35 40 45

Asn Leu Gln Ala Ser Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala

50 55 60

Ala Gly Arg Ala Ala Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala

65 70 75 80

His Val Glu Ala Tyr Arg Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu

85 90 95

Pro Glu Ile Gly Leu Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr

100 105 110

Leu Trp Val Asp Val Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala

115 120 125

Leu Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp

130 135 140

Phe Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala

145 150 155 160

Ser Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile

165 170 175

Lys Lys

<210> 119

<211> 385

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(385)

<223> FRXA00627

<400> 119

gtctgcattag agggctcgtat ctcgatctaa aagcagtagc cagataggct tgtctcttat 60

gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgcgtc atg cag atg ttg gac 115

Met Gln Met Leu Asp

1 5

cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163

Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10 15 20

gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca 211

Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala

25 30 35
 gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt 259
 Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly

40 45 50
 gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat 307
 Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr

55 60 65
 gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca 355
 Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser

70 75 80 85
 ggt gga ttc gtg gca tcg ttt atc gcc acc 385
 Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr

90 95
 <210> 120
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 120
 Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp
 1 5 10 15
 Thr Leu Met Phe Cys Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala
 20 25 30
 Val Ile Glu Glu Ala Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr
 35 40 45
 Thr Glu Val Ile Gly Asp Arg Glu
 Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp
 50 55 60
 His Ser Ala Thr Tyr Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val
 65 70 75 80
 Thr Thr Gly Ser Ser Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr
 85 90 95
 <210> 121
 <211> 1434
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1411)
 <223> RXA02550
 <400> 121
 gatcttaggc agccgtggga ttacaccctt ttagagctag aacagtaaaa attcacccaa 60
 tagctttcaa ctacgcacac aaagtggcaa cattgagcgg gtg act aca gac aag 115
 Val Thr Thr Asp Lys
 1 5
 cgc aaa acc tct aag acc acc gac acc gcc aac aag gct gtg ggc gcg 163
 Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn Lys Ala Val Gly Ala
 10 15 20
 gat cag gca gcg cgt ccc act cgg cga aca act cgc cgc atc ttc gat 211

Asp Gln Ala Ala Arg Pro Thr Arg Arg Thr Thr Arg Arg Ile Phe Asp

25 30 35
cag tcg gag aag atg aag gac gtg ctg tac gag atc cgt ggc ccg gtg 259
Gln Ser Glu Lys Met Lys Asp Val Leu Tyr Glu Ile Arg Gly Pro Val

40 45 50
gcc gcg gag gcg gaa cgc atg gag ctt gat ggg cat aac atc tta aag 307
Ala Ala Glu Ala Glu Arg Met Glu Leu Asp Gly His Asn Ile Leu Lys

55 60 65
ctc aac acg gga aat cca gcc gtg ttc gga ttc gat gcc ccc gac gtg 355
Leu Asn Thr Gly Asn Pro Ala Val Phe Gly Phe Asp Ala Pro Asp Val

70 75 80 85
att atg cgt gac atg atc gcc aac ctt cca act tcc caa ggg tat tcc 403
Ile Met Arg Asp Met Ile Ala Asn Leu Pro Thr Ser Gln Gly Tyr Ser

90 95 100
acc tcc aaa ggc att att ccg gcc cgg cga gca gtg gtc acc cgc tac 451
Thr Ser Lys Gly Ile Ile Pro Ala Arg Arg Ala Val Val Thr Arg Tyr

105 110 115
gaa gtt gtg ccc gga ttc ccc cac ttc gat gtt gat gat gtg ttc tta 499
Glu Val Val Pro Gly Phe Pro His Phe Asp Val Asp Asp Val Phe Leu

120 125 130
ggc aac ggt gtc tca gaa cta atc acc atg acc acc caa gca ctc ctc 547
Gly Asn Gly Val Ser Glu Leu Ile Thr Met Thr Thr Gln Ala Leu Leu

135 140 145
aac gac ggc gat gaa gtt ctt atc ccc gca ccg gac tac cca ctg tgg 595
Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro Asp Tyr Pro Leu Trp

150 155 160 165
act gcc gca acc tcc ctg gct ggt ggt aag cct gtg cac tac ctc tgt 643
Thr Ala Ala Thr Ser Leu Ala Gly Gly Lys Pro Val His Tyr Leu Cys

170 175 180
gat gag gaa gat gac tgg aac cca tcc atc gaa gac atc aag tcc aaa 691
Asp Glu Glu Asp Asp Trp Asn Pro Ser Ile Glu Asp Ile Lys Ser Lys

185 190 195
atc tca gag aaa acc aaa gct att gtg gtg atc aac ccc aac aac ccc 739
Ile Ser Glu Lys Thr Lys Ala Ile Val Val Ile Asn Pro Asn Asn Pro

200 205 210
acg gga gct gtc tac ccg cgc cgg gtg ttg gaa caa atc gtc gag att 787
Thr Gly Ala Val Tyr Pro Arg Arg Val Leu Glu Gln Ile Val Glu Ile

215 220 225
gca cgc gag cat gac ctg ctg att ttg gcc gat gaa atc tac gac cgc 835
Ala Arg Glu His Asp Leu Leu Ile Leu Ala Asp Glu Ile Tyr Asp Arg

230 235 240 245

att ctc tac gat gat gcc gag cac atc agc ctg gca acc ctt gca cca 883
Ile Leu Tyr Asp Asp Ala Glu His Ile Ser Leu Ala Thr Leu Ala Pro

250 255 260
gat ctc ctt tgc atc aca tac aac ggt cta tcc aag gca tac cgc gtc 931
Asp Leu Leu Cys Ile Thr Tyr Asn Gly Leu Ser Lys Ala Tyr Arg Val

265 270 275
gca gga tac cga gct ggc tgg atg gta ttg act gga cca aag caa tac 979
Ala Gly Tyr Arg Ala Gly Trp Met Val Leu Thr Gly Pro Lys Gln Tyr

280 285 290
gca cgt gga ttt att gag ggc ctc gaa ctc ctc gca ggc act cga ctc 1027
Ala Arg Gly Phe Ile Glu Gly Leu Glu Leu Leu Ala Gly Thr Arg Leu

295 300 305
tgc cca aat gtc cca gct cag cac gct att cag gta gct ctg ggt gga 1075
Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln Val Ala Leu Gly Gly

310 315 320 325
cgc cag tcc atc tac gac ctc act ggc gaa cac ggc cga ctc ctg gaa 1123
Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His Gly Arg Leu Leu Glu

330 335 340
cag cgc aac atg gca tgg acg aaa ctc aac gaa atc cca ggt gtc agc 1171
Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu Ile Pro Gly Val Ser

345 350 355
tgt gtg aaa cca atg gga gct cta tac gcg ttc ccc aag ctc gac ccc 1219
Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe Pro Lys Leu Asp Pro

360 365 370
aac gtg tac gaa atc cac gac gac acc caa ctc atg ctg gat ctt ctc 1267
Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu Met Leu Asp Leu Leu

375 380 385
cgt gcc gag aaa atc ctc atg gtt cag ggc act ggc ttc aac tgg cca 1315
Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr Gly Phe Asn Trp Pro

390 395 400 405
cat cac gat cac ttc cga gtg gtc acc ctg cca tgg gca tcc cag ttg 1363
His His Asp His Phe Arg Val Val Thr Leu Pro Trp Ala Ser Gln Leu

410 415 420
gaa aac gca att gag cgc ctg ggt aac ttc ctg tcc act tac aag cag 1411
Glu Asn Ala Ile Glu Arg Leu Gly Asn Phe Leu Ser Thr Tyr Lys Gln

425 430 435
tagtagttgt taggattcac cac 1434

<210> 122
<211> 437
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 122
Val Thr Thr Asp Lys Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn
1 5 10 15

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

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

 Thr Gln Ala Leu Leu Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro
 145 150 155 160

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

 Gln Ile Val Glu Ile Ala Arg Glu His Asp Leu Leu Ile Leu Ala Asp
 225 230 235 240

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

 Ala Gly Thr Arg Leu Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln
 305 310 315 320

 Val Ala Leu Gly Gly Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His
 325 330 335
 Gly Arg Leu Leu Glu Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu
 340 345 350
 Ile Pro Gly Val Ser Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe
 355 360 365
 Pro Lys Leu Asp Pro Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu
 370 375 380

 Met Leu Asp Leu Leu Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr

385											390											395											400																																	
Gly	Phe	Asn	Trp	Pro	His	His	Asp	His	Phe	Arg	Val	Val	Thr	Leu	Pro																																																			
				405								410								415																																														
Trp	Ala	Ser	Gln	Leu	Glu	Asn	Ala	Ile	Glu	Arg	Leu	Gly	Asn	Phe	Leu																																																			
				420								425								430																																														
Ser	Thr	Tyr	Lys	Gln																																																														
																435																																																		
<210>																123																																																		
<211>																1701																																																		
<212>																DNA																																																		
<213>																Corynebacterium glutamicum																																																		
<220>																																																																		
<221>																CDS																																																		
<222>																(101)..(1678)																																																		
<223>																RXA02193																																																		
<400>																123																																																		
cccccgaaaa																tgtagtgggt										agttccacac										tgcctcttac										aagtacgtag										gataatccac										60
agcaccattg																tgatttcctt										caacttgtga										gaggcagtac										atg tct aag acg agc										115										
																																				Met Ser Lys Thr Ser																														
																																				1										5																				
aac aag tct tca gca gac tca aag aat gac gca aaa gcc gaa gac att																163																																																		
Asn Lys Ser Ser Ala Asp Ser Lys Asn Asp Ala Lys Ala Glu Asp Ile																																																																		
																10										15										20																														
gtg aac ggc gag aac caa atc gcc acg aat gag tcg cag tct tca gac																211																																																		
Val Asn Gly Glu Asn Gln Ile Ala Thr Asn Glu Ser Gln Ser Ser Asp																																																																		
																25										30										35																														
agc gct gca gtt tcg gaa cgt gtc gtc gaa cca aaa acc acg gtt cag																259																																																		
Ser Ala Ala Val Ser Glu Arg Val Val Glu Pro Lys Thr Thr Val Gln																																																																		
																40										45										50																														
aaa aag ttc cga atc gaa tcg gat ctg ctt ggt gaa ctt cag atc cca																307																																																		
Lys Lys Phe Arg Ile Glu Ser Asp Leu Leu Gly Glu Leu Gln Ile Pro																																																																		
																55										60										65																														
tcc cac gca tat tac ggg gtg cac acc ctt cgt gcg gtg gac aac ttc																355																																																		
Ser His Ala Tyr Tyr Gly Val His Thr Leu Arg Ala Val Asp Asn Phe																																																																		
																70										75										80										85																				
caa atc tca cga acc acc atc aac cac gtc cca gat ttc att cgc ggc																403																																																		
Gln Ile Ser Arg Thr Thr Ile Asn His Val Pro Asp Phe Ile Arg Gly																																																																		
																90										95										100																														
atg gtc cag gtg aaa aag gcc gca gct tta gca aac cgc cga ctg cac																451																																																		
Met Val Gln Val Lys Lys Ala Ala Ala Leu Ala Asn Arg Arg Leu His																																																																		
																105										110										115																														
aca ctt cca gca caa aaa gca gaa gca att gtc tgg gct tgt gat cag																499																																																		
Thr Leu Pro Ala Gln Lys Ala Glu Ala Ile Val Trp Ala Cys Asp Gln																																																																		

atc ctc att gag gaa cgc tgt atg gat cag ttc ccc atc gat gtg ttc	547
Ile Leu Ile Glu Glu Arg Cys Met Asp Gln Phe Pro Ile Asp Val Phe	
135 140 145	
cag ggt ggc gca ggt acc tca ctg aac atg aac acc aac gag gtt gtt	595
Gln Gly Gly Ala Gly Thr Ser Leu Asn Met Asn Thr Asn Glu Val Val	
150 155 160 165	
gcc aac ctt gca ctt gag ttc tta ggc cat gaa aag ggc gag tac cac	643
Ala Asn Leu Ala Leu Glu Phe Leu Gly His Glu Lys Gly Glu Tyr His	
170 175 180	
atc ctg cac ccc atg gat gat gtg aac atg tcc cag tcc acc aac gat	691
Ile Leu His Pro Met Asp Asp Val Asn Met Ser Gln Ser Thr Asn Asp	
185 190 195	
tcc tac cca act ggt ttc cgc ctg ggc att tac gct gga ctg cag acc	739
Ser Tyr Pro Thr Gly Phe Arg Leu Gly Ile Tyr Ala Gly Leu Gln Thr	
200 205 210	
ctc atc gct gaa att gat gag ctt cag gtt gcg ttc cgc cac aag ggc	787
Leu Ile Ala Glu Ile Asp Glu Leu Gln Val Ala Phe Arg His Lys Gly	
215 220 225	
aat gag ttt gtc gac atc atc aag atg ggc cgc acc cag ttg cag gat	835
Asn Glu Phe Val Asp Ile Ile Lys Met Gly Arg Thr Gln Leu Gln Asp	
230 235 240 245	
gct gtt ccc atg agc ttg ggc gaa gag ttc cga gca ttc gcg cac aac	883
Ala Val Pro Met Ser Leu Gly Glu Glu Phe Arg Ala Phe Ala His Asn	
250 255 260	
ctc gca gaa gag cag acc gtg ctg cgt gaa gct gcc aac cgt ctc ctc	931
Leu Ala Glu Glu Gln Thr Val Leu Arg Glu Ala Ala Asn Arg Leu Leu	
265 270 275	
gag gtc aat ctt ggt gca acc gca atc ggt act ggt gtg aac act cca	979
Glu Val Asn Leu Gly Ala Thr Ala Ile Gly Thr Gly Val Asn Thr Pro	
280 285 290	
gca ggc tac cgc cac cag gtt gtc gct gct ctg tct gag gtc acc gga	1027
Ala Gly Tyr Arg His Gln Val Val Ala Ala Leu Ser Glu Val Thr Gly	
295 300 305	
ctg gaa cta aag tcc gca cgt gat ctc atc gag gct acc tct gac acc	1075
Leu Glu Leu Lys Ser Ala Arg Asp Leu Ile Glu Ala Thr Ser Asp Thr	
310 315 320 325	
ggt gca tat gtt cat gcg cac tcc gca atc aag cgt gca gcc atg aaa	1123
Gly Ala Tyr Val His Ala His Ser Ala Ile Lys Arg Ala Ala Met Lys	
330 335 340	
ctg tcc aag atc tgt aac gat cta cgt ctg ctg tct tct ggt cct cgt	1171
Leu Ser Lys Ile Cys Asn Asp Leu Arg Leu Leu Ser Ser Gly Pro Arg	
345 350 355	

gct ggc ttg aac gaa atc aac ctg cca cca cgc cag gct ggt tcc tcc 1219
Ala Gly Leu Asn Glu Ile Asn Leu Pro Pro Arg Gln Ala Gly Ser Ser

360 365 370
atc atg cca gcc aag gtc aac cca gtg atc cca gaa gtg gtc aac cag 1267
Ile Met Pro Ala Lys Val Asn Pro Val Ile Pro Glu Val Val Asn Gln

375 380 385
gtc tgc ttc aag gtc ttc ggt aac gat ctc acc gtc acc atg gct gcg 1315
Val Cys Phe Lys Val Phe Gly Asn Asp Leu Thr Val Thr Met Ala Ala

390 395 400 405
gaa gct ggc cag ttg cag ctc aac gtc atg gag cca gtc att ggc gaa 1363
Glu Ala Gly Gln Leu Gln Leu Asn Val Met Glu Pro Val Ile Gly Glu

410 415 420
tcc ctc ttc cag tca ctg cgc atc ctg ggc aat gca gcc aag act ttg 1411
Ser Leu Phe Gln Ser Leu Arg Ile Leu Gly Asn Ala Ala Lys Thr Leu

425 430 435
cgt gag aag tgc gtc gta gga atc acc gcc aac gct gat gtt tgc cgt 1459
Arg Glu Lys Cys Val Val Gly Ile Thr Ala Asn Ala Asp Val Cys Arg

440 445 450
gct tac gtt gat aac tcc atc ggg att atc act tac ctg aac cca ttc 1507
Ala Tyr Val Asp Asn Ser Ile Gly Ile Ile Thr Tyr Leu Asn Pro Phe

455 460 465
ctg ggc cac gac att gga gat cag atc ggt aag gaa gca gcc gaa act 1555
Leu Gly His Asp Ile Gly Asp Gln Ile Gly Lys Glu Ala Ala Glu Thr

470 475 480 485
ggt cga cca gtg cgt gaa ctc atc ctg gaa aag aag ctc atg gat gaa 1603
Gly Arg Pro Val Arg Glu Leu Ile Leu Glu Lys Lys Leu Met Asp Glu

490 495 500
aag acg ctc gag gca gtc ctg tcc aag gag aac ctc atg cac cca atg 1651
Lys Thr Leu Glu Ala Val Leu Ser Lys Glu Asn Leu Met His Pro Met

505 510 515
ttc cgc gga agg ctc tac ttg gag aac taatccaaga tctcgtctga 1698
Phe Arg Gly Arg Leu Tyr Leu Glu Asn

520 525
tac 1701
<210> 124
<211> 526
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 124
Met Ser Lys Thr Ser Asn Lys Ser Ser Ala Asp Ser Lys Asn Asp Ala
1 5 10 15
Lys Ala Glu Asp Ile Val Asn Gly Glu Asn Gln Ile Ala Thr Asn Glu
20 25 30
Ser Gln Ser Ser Asp Ser Ala Ala Val Ser Glu Arg Val
Val Glu Pro

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

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

 Pro Ile Asp Val Phe Gln Gly Gly Ala Gly Thr Ser Leu Asn Met Asn
 145 150 155 160

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

 Phe Arg His Lys Gly Asn Glu Phe Val Asp Ile Ile Lys Met Gly Arg
 225 230 235 240

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

 Ser Glu Val Thr Gly Leu Glu Leu Lys Ser Ala Arg Asp Leu Ile Glu
 305 310 315 320

 Ala Thr Ser Asp Thr Gly Ala Tyr Val His Ala His Ser Ala Ile Lys
 325 330 335
 Arg Ala Ala Met Lys Leu Ser Lys Ile Cys Asn Asp Leu Arg Leu Leu
 340 345 350
 Ser Ser Gly Pro Arg Ala Gly Leu Asn Glu Ile Asn Leu Pro Pro Arg
 355 360 365
 Gln Ala Gly Ser Ser Ile Met Pro Ala Lys Val Asn Pro Val Ile Pro
 370 375 380

 Glu Val Val Asn Gln Val Cys Phe Lys Val Phe Gly Asn Asp Leu Thr
 385 390 395 400

 Val Thr Met Ala Ala Glu Ala Gly Gln Leu Gln Leu Asn Val Met Glu
 405 410 415

Pro Val Ile Gly Glu Ser Leu Phe Gln Ser Leu Arg Ile Leu Gly Asn
420 425 430
Ala Ala Lys Thr Leu Arg Glu Lys Cys Val Val Gly Ile Thr Ala Asn
435 440 445
Ala Asp Val Cys Arg Ala Tyr Val Asp Asn Ser Ile Gly Ile Ile Thr
450 455 460
Tyr Leu Asn Pro Phe Leu Gly His Asp Ile Gly Asp Gln Ile Gly Lys
465 470 475 480
Glu Ala Ala Glu Thr Gly Arg Pro Val Arg Glu Leu Ile Leu Glu Lys
485 490 495
Lys Leu Met Asp Glu Lys Thr Leu Glu Ala Val Leu Ser Lys Glu Asn
500 505 510
Leu Met His Pro Met Phe Arg Gly Arg Leu Tyr Leu Glu Asn
515 520 525
<210> 125
<211> 1098
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1075)
<223> RXA02432
<400> 125
cacgtgattc atttgtgacc aacaaccgaa actgagccag aagactgtca atccccctgct 60
gtgcacataa caactgcagc tagttgatac gctagagcgc atg tcg aag cag cac 115
Met Ser Lys Gln His
1 5
tcc aca cca tta aac aat gat gaa gaa cac act tcc gct cct caa aag 163
Ser Thr Pro Leu Asn Asn Asp Glu Glu His Thr Ser Ala Pro Gln Lys
10 15 20
gtt gcg gta atc acc acg ggc gga acc atc gcc tgt act tcc gac gca 211
Val Ala Val Ile Thr Thr Gly Gly Thr Ile Ala Cys Thr Ser Asp Ala
25 30 35
aat ggg cat ctg ctt ccc acc gtc agc ggt gca gac ctg ctt gcg cca 259
Asn Gly His Leu Leu Pro Thr Val Ser Gly Ala Asp Leu Leu Ala Pro
40 45 50
atc gca cca cgg ttc aat gga gcg cag atc gct ttc gaa atc cac gaa 307
Ile Ala Pro Arg Phe Asn Gly Ala Gln Ile Ala Phe Glu Ile His Glu
55 60 65
atc aac cgc ctt gat tcc tcc tcc atg acg ttt gag gat ctc gat tcc 355
Ile Asn Arg Leu Asp Ser Ser Ser Met Thr Phe Glu Asp Leu Asp Ser
70 75 80 85
atc atc gcc acg gtt cat aag gtg ttg gag gat ccg gat gtt gtt ggc 403
Ile Ile Ala Thr Val His Lys Val Leu Glu Asp Pro Asp Val Val Gly
90 95 100

gta gta gtt acc cac ggc acc gat tcc atg gaa gag tcc gcc atc gcc	451
Val Val Val Thr His Gly Thr Asp Ser Met Glu Glu Ser Ala Ile Ala	
105 110 115	
gta gac acc ttc ctt gat gat ccc cgc cca gtc att ttc acc ggc gcc	499
Val Asp Thr Phe Leu Asp Asp Pro Arg Pro Val Ile Phe Thr Gly Ala	
120 125 130	
caa aaa ccc ttc gat cat ccc gaa gcc gac ggc cca aac aac ctt ttc	547
Gln Lys Pro Phe Asp His Pro Glu Ala Asp Gly Pro Asn Asn Leu Phe	
135 140 145	
gaa gcc tgc ctc atc gca tcc gac ccc tcc gct cgc gga att ggt gca	595
Glu Ala Cys Leu Ile Ala Ser Asp Pro Ser Ala Arg Gly Ile Gly Ala	
150 155 160 165	
ctc att gtc ttc ggt cac gcc gtc atc cct gct cgc ggc tgc gtt aaa	643
Leu Ile Val Phe Gly His Ala Val Ile Pro Ala Arg Gly Cys Val Lys	
170 175 180	
tgg cac acc tct gat gag ctg gcg ttt gca acc aac ggc cct gaa gaa	691
Trp His Thr Ser Asp Glu Leu Ala Phe Ala Thr Asn Gly Pro Glu Glu	
185 190 195	
cca gag cgc ccc gat gcg ctg ccc gta gct aaa ttg gcg gat gtc tct	739
Pro Glu Arg Pro Asp Ala Leu Pro Val Ala Lys Leu Ala Asp Val Ser	
200 205 210	
gtc gaa atc atc ccc gca tac cct ggt gcc acc ggc gca atg gtg gaa	787
Val Glu Ile Ile Pro Ala Tyr Pro Gly Ala Thr Gly Ala Met Val Glu	
215 220 225	
gct gcc atc gct gcc ggt gct caa gga ctt gta gtg gaa gca atg gga	835
Ala Ala Ile Ala Ala Gly Ala Gln Gly Leu Val Val Glu Ala Met Gly	
230 235 240 245	
tca ggc aat gtt ggt tcc cgc atg ggt gat gcc cta ggt aaa gca ctt	883
Ser Gly Asn Val Gly Ser Arg Met Gly Asp Ala Leu Gly Lys Ala Leu	
250 255 260	
gac gct gga att ccc gtg gtg atg agc act agg gtt cct cgt ggt gaa	931
Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Met Ser Thr Arg Val Pro Arg Gly Glu	
265 270 275	
gta tcc gga gtg tat ggc ggt gca ggt gga ggt gcg act ttg gct gcg	979
Val Ser Gly Val Tyr Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ala Thr Leu Ala Ala	
280 285 290	
aag ggc gct gtg gga tct cgc tac ttc aga gct ggt cag gca cgt att	1027
Lys Gly Ala Val Gly Ser Arg Tyr Phe Arg Ala Gly Gln Ala Arg Ile	
295 300 305	
ttg ctc gcg att gcc att gcg acg ggc gca cat ccg gtg acg ctt tac	1075
Leu Leu Ala Ile Ala Ile Ala Thr Gly Ala His Pro Val Thr Leu Tyr	

310															315															320															325															1098
taatttcgcc cttggtcttg cat																																																												
<210> 126																																																												
<211> 325																																																												
<212> PRT																																																												
<213> Corynebacterium glutamicum																																																												
<400> 126																																																												
Met	Ser	Lys	Gln	His	Ser	Thr	Pro	Leu	Asn	Asn	Asp	Glu	Glu	His	Thr																																													
1				5					10					15																																														
Ser	Ala	Pro	Gln	Lys	Val	Ala	Val	Ile	Thr	Thr	Gly	Gly	Thr	Ile	Ala																																													
			20					25					30																																															
Cys	Thr	Ser	Asp	Ala	Asn	Gly	His	Leu	Leu	Pro	Thr	Val	Ser	Gly	Ala																																													
		35					40																																																					
				45																																																								
Asp	Leu	Leu	Ala	Pro	Ile	Ala	Pro	Arg	Phe	Asn	Gly	Ala	Gln	Ile	Ala																																													
	50					55				60																																																		
Phe	Glu	Ile	His	Glu	Ile	Asn	Arg	Leu	Asp	Ser	Ser	Ser	Met	Thr	Phe																																													
65					70				75					80																																														
Glu	Asp	Leu	Asp	Ser	Ile	Ile	Ala	Thr	Val	His	Lys	Val	Leu	Glu	Asp																																													
				85					90					95																																														
Pro	Asp	Val	Val	Gly	Val	Val	Val	Thr	His	Gly	Thr	Asp	Ser	Met	Glu																																													
		100						105					110																																															
Glu	Ser	Ala	Ile	Ala	Val	Asp	Thr	Phe	Leu	Asp	Asp	Pro	Arg	Pro	Val																																													
		115					120					125																																																
Ile	Phe	Thr	Gly	Ala	Gln	Lys	Pro	Phe	Asp	His	Pro	Glu	Ala	Asp	Gly																																													
	130					135					140																																																	
Pro	Asn	Asn	Leu	Phe	Glu	Ala	Cys	Leu	Ile	Ala	Ser	Asp	Pro	Ser	Ala																																													
145					150					155					160																																													
Arg	Gly	Ile	Gly	Ala	Leu	Ile	Val	Phe	Gly	His	Ala	Val	Ile	Pro	Ala																																													
			165					170					175																																															
Arg	Gly	Cys	Val	Lys	Trp	His	Thr	Ser	Asp	Glu	Leu	Ala	Phe	Ala	Thr																																													
		180						185					190																																															
Asn	Gly	Pro	Glu	Glu	Pro	Glu	Arg	Pro	Asp	Ala	Leu	Pro	Val	Ala	Lys																																													
		195					200					205																																																
Leu	Ala	Asp	Val	Ser	Val	Glu	Ile	Ile	Pro	Ala	Tyr	Pro	Gly	Ala	Thr																																													
	210					215					220																																																	
Gly	Ala	Met	Val	Glu	Ala	Ala	Ile	Ala	Ala	Gly	Ala	Gln	Gly	Leu	Val																																													
225				230						235				240																																														
Val	Glu	Ala	Met	Gly	Ser	Gly	Asn	Val	Gly	Ser	Arg	Met	Gly	Asp	Ala																																													
			245					250					255																																															
Leu	Gly	Lys	Ala	Leu	Asp	Ala	Gly	Ile	Pro	Val	Val	Met	Ser	Thr	Arg																																													
		260					265						270																																															
Val	Pro	Arg	Gly	Glu	Val	Ser	Gly	Val	Tyr	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Gly																																													
		275					280					285																																																
Ala	Thr	Leu	Ala	Ala	Lys	Gly	Ala	Val	Gly	Ser	Arg	Tyr	Phe	Arg	Ala																																													
	290																																																											

<210> 127
 <211> 775
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(775)
 <223> RXN03003
 <400> 127
 tcgatgatct gggctcccca ggtggtgcgg ctaagcttgg accacaagat ttgatcacc 60
 caatgatcgc tgcgctgcgg cctcagggcat aatctaacgc atg acc tct cgc acc 115
 Met Thr Ser Arg Thr

 1 5
 ccg ctt gtt tct gtt ctt cct gat ttt ccg tgg gat tgc ctc gct tcc 163
 Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp Asp Ser Leu Ala Ser

 10 15 20
 gca aaa gcc aaa gct gcg tct cac ccg gat ggg atc gtg aat ctt tct 211
 Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly Ile Val Asn Leu Ser

 25 30 35
 gtt ggc act ccg gtt gat ccg gtc gcg ccc agc att cag atc gcg ttg 259
 Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser Ile Gln Ile Ala Leu

 40 45 50
 gca gaa gca gcg ggg ttt tgc ggt tac cct caa acc atc ggc acc ccg 307
 Ala Glu Ala Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln Thr Ile Gly Thr Pro

 55 60 65
 gaa ctc cgc gca gcc atc agg ggc gcg ctt gag cgg cgc tac aac atg 355
 Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu Arg Arg Tyr Asn Met

 70 75 80 85
 aca aag ctt gtc gac gcc tcc ctc ctc ccc gtc gtg ggt acc aag gag 403
 Thr Lys Leu Val Asp Ala Ser Leu Leu Pro Val Val Gly Thr Lys Glu

 90 95 100
 gca att gcc ctt ctt cca ttc gcg ttg ggt att tcc ggc acc gtt gtc 451
 Ala Ile Ala Leu Leu Pro Phe Ala Leu Gly Ile Ser Gly Thr Val Val

 105 110 115
 atc cca gag att gcg tac cca acc tac gaa gtc gct gtc gtg gcc gca 499
 Ile Pro Glu Ile Ala Tyr Pro Thr Tyr Glu Val Ala Val Val Ala Ala

 120 125 130
 gga tgc acc gtg ttg cgt tct gat tgc ctg ttt aag ctc ggc ccg cag 547
 Gly Cys Thr Val Leu Arg Ser Asp Ser Leu Phe Lys Leu Gly Pro Gln

 135 140 145
 atc ccg tgc atg atg ttt atc aac tca cca tcc aac ccc aca ggc aag 595
 Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser Asn Pro Thr Gly Lys

 150 155 160 165
 gtt ctg ggc atc cca cac ttg cgc aag gtt gtg aag tgg gcg cag gaa 643

Val Leu Gly Ile Pro His Leu Arg Lys Val Val Lys Trp Ala Gln Glu

170 175 180
aac aac gtg atc ctc gca gct gat gaa tgc tac ttg ggt ctt ggc tgg 691
Asn Asn Val Ile Leu Ala Ala Asp Glu Cys Tyr Leu Gly Leu Gly Trp

185 190 195
gac gat gaa aac cca ccg atc tca att ttg gat cca cgt gtc tgc gat 739
Asp Asp Glu Asn Pro Pro Ile Ser Ile Leu Asp Pro Arg Val Cys Asp

200 205 210
ggc gac cac acc aac ttg atc gcc att cac tcg ctg 775
Gly Asp His Thr Asn Leu Ile Ala Ile His Ser Leu

215 220 225
<210> 128
<211> 225
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 128
Met Thr Ser Arg Thr Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp
1 5 10 15
Asp Ser Leu Ala Ser Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly
20 25 30
Ile Val Asn Leu Ser Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser
35 40 45
Ile Gln Ile Ala Leu Ala Glu Ala
Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln
50 55 60
Thr Ile Gly Thr Pro Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu
65 70 75 80

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

Lys Leu Gly Pro Gln Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser
145 150 155 160

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

Leu

225

<210> 129

<211> 1206
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1183)
 <223> RXN00508
 <400> 129

agccacgtgt ttaaggatag ttgaaagcgt ggggcaatac tggcactaac cccggcacca 60
 atcgtatttc tgtccgcggt tgggtggcaca atagttcaac atg aac ttg ctg acc 115
 Met Asn Leu Leu Thr

1 5
 acc aaa att gac ctg gat gcc atc gcc cat aac acg agg gtg ctt aaa 163
 Thr Lys Ile Asp Leu Asp Ala Ile Ala His Asn Thr Arg Val Leu Lys

10 15 20
 caa atg gcg ggt ccg gcg aag ctg atg gcg gtg gtg aag gcg aat gca 211
 Gln Met Ala Gly Pro Ala Lys Leu Met Ala Val Val Lys Ala Asn Ala

25 30 35
 tat aac cat ggc gta gag aag gtc gct ccg gtt att gct gct cat ggt 259
 Tyr Asn His Gly Val Glu Lys Val Ala Pro Val Ile Ala Ala His Gly

40 45 50
 gcg gat gcg ttt ggt gtg gca act ctt gcg gag gct atg cag ttg cgt 307
 Ala Asp Ala Phe Gly Val Ala Thr Leu Ala Glu Ala Met Gln Leu Arg

55 60 65
 gat atc ggc atc agc caa gag gtt ttg tgt tgg att tgg aca ccg gag 355
 Asp Ile Gly Ile Ser Gln Glu Val Leu Cys Trp Ile Trp Thr Pro Glu

70 75 80 85
 cag gat ttc cgc gcc gcc att gat cgc aat att gat ttg gct gtt att 403
 Gln Asp Phe Arg Ala Ala Ile Asp Arg Asn Ile Asp Leu Ala Val Ile

90 95 100
 tct ccc gcg cat gcc aaa gcc ttg atc gaa act gat gcg gag cat att 451
 Ser Pro Ala His Ala Lys Ala Leu Ile Glu Thr Asp Ala Glu His Ile

105 110 115
 cgg gtg tcc atc aag att gat tct ggg ttg cat cgt tcg ggt gtg gat 499
 Arg Val Ser Ile Lys Ile Asp Ser Gly Leu His Arg Ser Gly Val Asp

120 125 130
 gag cag gag tgg gag ggc gtg ttc agc gcg ttg gct gct gcc ccg cac 547
 Glu Gln Glu Trp Glu Gly Val Phe Ser Ala Leu Ala Ala Ala Pro His

135 140 145
 att gag gtc acg ggc atg ttc acg cac ttg gcg tgc gcg gat gag cca 595
 Ile Glu Val Thr Gly Met Phe Thr His Leu Ala Cys Ala Asp Glu Pro

150 155 160 165
 gag aat ccg gaa act gat cgc caa att att gct ttt cga cgc gcc ctt 643

Glu Asn Pro Glu Thr Asp Arg Gln Ile Ile Ala Phe Arg Arg Ala Leu

170 175 180
gcg ctc gcc cgc aag cac ggg ctt gag tgc ccg gtc aac cac gta tgc 691
Ala Leu Ala Arg Lys His Gly Leu Glu Cys Pro Val Asn His Val Cys

185 190 195
aac tca cct gca ttc ttg act cga tct gat tta cac atg gag atg gtc 739
Asn Ser Pro Ala Phe Leu Thr Arg Ser Asp Leu His Met Glu Met Val

200 205 210
cga ccg ggt ttg gcc ttt tat ggg ttg gaa ccc gtg gcg gga ctg gag 787
Arg Pro Gly Leu Ala Phe Tyr Gly Leu Glu Pro Val Ala Gly Leu Glu

215 220 225
cat ggt ttg aag ccg gcg atg acg tgg gag gcg aag gtg agc gtc gta 835
His Gly Leu Lys Pro Ala Met Thr Trp Glu Ala Lys Val Ser Val Val

230 235 240 245
aag caa att gaa gct gga caa ggc act tcc tat ggc ctg acc tgg cgc 883
Lys Gln Ile Glu Ala Gly Gln Gly Thr Ser Tyr Gly Leu Thr Trp Arg

250 255 260
gct gag gat cgc ggc ttt gtg gct gtg gtg cct gcg ggc tat gcc gat 931
Ala Glu Asp Arg Gly Phe Val Ala Val Val Pro Ala Gly Tyr Ala Asp

265 270 275
ggc atg ccg cgg cat gcc cag ggg aaa ttc tcc gtc acg att gat ggc 979
Gly Met Pro Arg His Ala Gln Gly Lys Phe Ser Val Thr Ile Asp Gly

280 285 290
ctg gac tat ccg cag gtt ggg cgc gta tgc atg gat cag ttc gtt att 1027
Leu Asp Tyr Pro Gln Val Gly Arg Val Cys Met Asp Gln Phe Val Ile

295 300 305
tct ttg ggc gac aat cca cac ggc gtg gaa gct ggg gcg aag gcc gtg 1075
Ser Leu Gly Asp Asn Pro His Gly Val Glu Ala Gly Ala Lys Ala Val

310 315 320 325
ata ttc ggt gag aat ggg cat gac gca act gat ttt gcg gag cgt tta 1123
Ile Phe Gly Glu Asn Gly His Asp Ala Thr Asp Phe Ala Glu Arg Leu

330 335 340
gac acc att aac tat gag gta gtg tgc cga cca acc ggc cga act gtc 1171
Asp Thr Ile Asn Tyr Glu Val Val Cys Arg Pro Thr Gly Arg Thr Val

345 350 355
cgc gca tat gtt taagtgaata cgtttaagga gca 1206
Arg Ala Tyr Val

360
<210> 130
<211> 361
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 130

Met Asn Leu Leu Thr Thr Lys Ile Asp Leu Asp Ala Ile Ala His Asn
1 5 10 15
Thr Arg Val Leu Lys Gln Met Ala Gly Pro Ala Lys Leu Met Ala Val
20 25 30
Val Lys Ala Asn Ala Tyr Asn His Gly Val Glu Lys Val Ala Pro Val
35 40 45
Ile Ala Ala
His Gly Ala Asp Ala Phe Gly Val Ala Thr Leu Ala Glu
50 55 60
Ala Met Gln Leu Arg Asp Ile Gly Ile Ser Gln Glu Val Leu Cys Trp
65 70 75 80

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

Ala Ala Ala Pro His Ile Glu Val Thr Gly Met Phe Thr His Leu Ala
145 150 155 160

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

Val Ala Gly Leu Glu His Gly Leu Lys Pro Ala Met Thr Trp Glu Ala
225 230 235 240

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

Asp Gln Phe Val Ile Ser Leu Gly Asp Asn Pro His Gly Val Glu Ala
305 310 315 320

Gly Ala Lys Ala Val Ile Phe Gly Glu Asn Gly His Asp Ala Thr Asp
325 330 335
Phe Ala Glu Arg Leu Asp Thr Ile Asn Tyr Glu Val Val Cys Arg Pro
340 345 350
Thr Gly Arg Thr Val Arg Ala Tyr Val

355 360
<210> 131

<211> 1152
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1129)
 <223> RXN00636
 <400> 131
 tcatgggatt cagcaaggcg gccacccgaa ccgtctttgg tggaggagta ggagcgatga 60
 tcgatctggc ccgttcgaac ataaggaata ttctactacc atg atg att gat aca 115
 Met Met Ile Asp Thr

 1 5
 cct gct gtt ctc att gac cgc gag cgc tta act gcc aac att tcc agg 163
 Pro Ala Val Leu Ile Asp Arg Glu Arg Leu Thr Ala Asn Ile Ser Arg

 10 15 20
 atg gca gct cac gcc ggt gcc cat gag att gcc ctg cgt ccg cat gtg 211
 Met Ala Ala His Ala Gly Ala His Glu Ile Ala Leu Arg Pro His Val

 25 30 35
 aaa acg cac aaa atc att gaa att gcg cag atg cag gtc gac gcc ggt 259
 Lys Thr His Lys Ile Ile Glu Ile Ala Gln Met Gln Val Asp Ala Gly

 40 45 50
 gcc cga ggg atc acc tgc gca acc att ggc gag gcg gaa att ttt gcc 307
 Ala Arg Gly Ile Thr Cys Ala Thr Ile Gly Glu Ala Glu Ile Phe Ala

 55 60 65
 ggc gca ggt ttt acg gac atc ttt att gca tat ccg ctg tat cta acc 355
 Gly Ala Gly Phe Thr Asp Ile Phe Ile Ala Tyr Pro Leu Tyr Leu Thr

 70 75 80 85
 gat cat gca gtg caa cgc ctg aac gcg atc ccc gga gaa att tcc att 403
 Asp His Ala Val Gln Arg Leu Asn Ala Ile Pro Gly Glu Ile Ser Ile

 90 95 100
 ggc gtg gat tcg gta gag atg gca cag gcg acg gcg ggt ttg cgg gaa 451
 Gly Val Asp Ser Val Glu Met Ala Gln Ala Thr Ala Gly Leu Arg Glu

 105 110 115
 gat atc aag gct ctg att gaa gtg gat tcg gga cat cgt aga agt gga 499
 Asp Ile Lys Ala Leu Ile Glu Val Asp Ser Gly His Arg Arg Ser Gly

 120 125 130
 gtc acg gcg act gct tca gaa ttg agt cag atc cgc gag gcg ctg ggc 547
 Val Thr Ala Thr Ala Ser Glu Leu Ser Gln Ile Arg Glu Ala Leu Gly

 135 140 145
 agc agg tat gca gga gtg ttt act ttt cct ggg cat tct tat ggc ccg 595
 Ser Arg Tyr Ala Gly Val Phe Thr Phe Pro Gly His Ser Tyr Gly Pro

 150 155 160 165
 gga aat ggt gag cag gca gca gct gat gag ctt cag gct cta aac aac 643

Gly Asn Gly Glu Gln Ala Ala Ala Asp Glu Leu Gln Ala Leu Asn Asn

170 175 180
agc gtc cag cga ctt gct ggc ggc ctg act tct ggc ggt tcc tcg ccg 691
Ser Val Gln Arg Leu Ala Gly Gly Leu Thr Ser Gly Gly Ser Ser Pro

185 190 195
tct gcg cag ttt aca gac gca atc gat gag atg cga cca ggc gtg tat 739
Ser Ala Gln Phe Thr Asp Ala Ile Asp Glu Met Arg Pro Gly Val Tyr

200 205 210
gtg ttt aac gat tcc cag cag atc acc tcg gga gca tgc act gag aag 787
Val Phe Asn Asp Ser Gln Gln Ile Thr Ser Gly Ala Cys Thr Glu Lys

215 220 225
cag gtg gca atg acg gtg ctg tct act gtg gtc agc cga aat gtg tca 835
Gln Val Ala Met Thr Val Leu Ser Thr Val Val Ser Arg Asn Val Ser

230 235 240 245
gat cgt cgg atc att ttg gat gcg gga tcc aaa atc ctc agc act gat 883
Asp Arg Arg Ile Ile Leu Asp Ala Gly Ser Lys Ile Leu Ser Thr Asp

250 255 260
aaa cca gca tgg att gat ggc aat ggt ttt gtt ctg ggg aat cct gaa 931
Lys Pro Ala Trp Ile Asp Gly Asn Gly Phe Val Leu Gly Asn Pro Glu

265 270 275
gcc cga atc tct gct ttg tcg gag cat cac gca acc att ttc tgg cca 979
Ala Arg Ile Ser Ala Leu Ser Glu His His Ala Thr Ile Phe Trp Pro

280 285 290
gat aaa gtg cta ctt cca gta atc ggg gag cag ctc aac atc gtg ccc 1027
Asp Lys Val Leu Leu Pro Val Ile Gly Glu Gln Leu Asn Ile Val Pro

295 300 305
aac cat gcc tgc aac gtg att aat ttg gtg gat gag gtc tac gtt cgg 1075
Asn His Ala Cys Asn Val Ile Asn Leu Val Asp Glu Val Tyr Val Arg

310 315 320 325
gaa gcc gat ggc act ttc cgt acc tgg aag gta gtt gcc cgc ggc aga 1123
Glu Ala Asp Gly Thr Phe Arg Thr Trp Lys Val Val Ala Arg Gly Arg

330 335 340
aac aat tagggaaacc tcttgacctt cac 1152
Asn Asn

<210> 132
<211> 343
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 132
Met Met Ile Asp Thr Pro Ala Val Leu Ile Asp Arg Glu Arg Leu Thr
1 5 10 15
Ala Asn Ile Ser Arg Met Ala Ala His Ala Gly Ala His Glu Ile Ala
20 25 30
Leu Arg Pro His Val Lys Thr His Lys Ile Ile Glu Ile Ala Gln Met

35 40 45
Gln Val Asp Ala Gly Ala Arg Gly
Ile Thr Cys Ala Thr Ile Gly Glu
50 55 60
Ala Glu Ile Phe Ala Gly Ala Gly Phe Thr Asp Ile Phe Ile Ala Tyr
65 70 75 80

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

Arg Glu Ala Leu Gly Ser Arg Tyr Ala Gly Val Phe Thr Phe Pro Gly
145 150 155 160

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

Ala Cys Thr Glu Lys Gln Val Ala Met Thr Val Leu Ser Thr Val Val
225 230 235 240

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

Leu Asn Ile Val Pro Asn His Ala Cys Asn Val Ile Asn Leu Val Asp
305 310 315 320

Glu Val Tyr Val Arg Glu Ala Asp Gly Thr Phe Arg Thr Trp Lys Val
325 330 335
Val Ala Arg Gly Arg Asn Asn

340
<210> 133
<211> 879
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(856)

<223> RXA02536

<400> 133

aagaagtgat cacgcgaacc tgtgtataac ttgcctcaaa ggccttaggc tgtggattat 60
gcgtattgcc ttgcttcaga tctcgacgaa ttccgataag atg gac aac ttc gcc 115
Met Asp Asn Phe Ala

1 5
ctg ctg cgt gat gct gct gaa aaa gct gcg gaa cag ggg gct cgg gtg 163
Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu Gln Gly Ala Arg Val

10 15 20
ttg gtg ttt ccg gag gcg act tcg caa agc ttt ggt acg gga agg ctt 211
Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe Gly Thr Gly Arg Leu

25 30 35
gat act cag gcg gag gag ctc gat ggc gaa ttc tcc acc gcg gta cga 259
Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe Ser Thr Ala Val Arg

40 45 50
aaa tta gcc gat gag ctg gac gtt gtc atc gtt gcg ggc atg ttc acc 307
Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val Ala Gly Met Phe Thr

55 60 65
cct gct gac acc gtg cag gcg ggt gaa aaa acg atc tcg cgc gtc aac 355
Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr Ile Ser Arg Val Asn

70 75 80 85
aac acc gtg ctg att agt ggc gct gga ttg cat cag gga tac aac aaa 403
Asn Thr Val Leu Ile Ser Gly Ala Gly Leu His Gln Gly Tyr Asn Lys

90 95 100
att cac aca tat gac gcg ttc ggt tat agg gaa tcc gac act gtg aaa 451
Ile His Thr Tyr Asp Ala Phe Gly Tyr Arg Glu Ser Asp Thr Val Lys

105 110 115
ccg ggc gat gag ctg gtt gta ttc gag gtc gac gat att aaa ttt ggt 499
Pro Gly Asp Glu Leu Val Val Phe Glu Val Asp Asp Ile Lys Phe Gly

120 125 130
gtg gcg aca tgc tac gat att cga ttc cca gaa cag ttc aaa gac ctc 547
Val Ala Thr Cys Tyr Asp Ile Arg Phe Pro Glu Gln Phe Lys Asp Leu

135 140 145
gcc cgc aac ggt gca cag ata att gtg gtt ccc acg tcg tgg caa gac 595
Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro Thr Ser Trp Gln Asp

150 155 160 165
ggt cct gga aaa tta gaa caa tgg gaa gtc ctc cct cgc gcg cgt gca 643
Gly Pro Gly Lys Leu Glu Gln Trp Glu Val Leu Pro Arg Ala Arg Ala

170 175 180
ctg gat tcc acc tgc tgg atc gta gcg tgt ggg caa gcg cga ctt cca 691
Leu Asp Ser Thr Cys Trp Ile Val Ala Cys Gly Gln Ala Arg Leu Pro

185 190 195
gaa gaa tta cgc gat gaa cga aaa ggc cct acg ggg att ggt cat tcc 739

Glu Glu Leu Arg Asp Glu Arg Lys Gly Pro Thr Gly Ile Gly His Ser

200 205 210
atg gtg aca aac cca cac ggt gaa gta att gct agc gcg ggt tat gag 787
Met Val Thr Asn Pro His Gly Glu Val Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Glu

215 220 225
cca gaa atg ttg atc gcg gat att gat gtc agc ggt ttg gcc aaa att 835
Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser Gly Leu Ala Lys Ile

230 235 240 245
cgg gag gca ttg cct gtt ctt taaccactgt ctaaggaatc act 879
Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu

250
<210> 134
<211> 252
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 134

Met Asp Asn Phe Ala Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu
1 5 10 15
Gln Gly Ala Arg Val Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe
20 25 30
Gly Thr Gly Arg Leu Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe
35 40 45

Ser Thr Ala Val Arg Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val
50 55 60
Ala Gly Met Phe Thr Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr
65 70 75 80

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

Gln Phe Lys Asp Leu Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro
145 150 155 160

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

Ser Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser
225 230 235 240

Gly Leu Ala Lys Ile Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu

245

250

<210> 135

<211> 1635

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1612)

<223> RXS00870

<400> 135

caagacggcg atgtcgccgc cgctgttgat accgcagcgc gacttgttca cacagatatt 60
caacaattca cttcgagag catttaagga atttacacac atg tct gaa cca caa 115
Met Ser Glu Pro Gln

1

5

acc atc tcg cac tgg att gac ggc gcg att tcc cca tcc act tcc ggc 163
Thr Ile Ser His Trp Ile Asp Gly Ala Ile Ser Pro Ser Thr Ser Gly

10

15

20

aag acc gct cct gtc tac aat cct gca act ggc cag gtc acc gcc aat 211
Lys Thr Ala Pro Val Tyr Asn Pro Ala Thr Gly Gln Val Thr Ala Asn

25

30

35

gtt gcg ctg gct agc cag gaa gag atc gat gcc acc atc gct tct gcc 259
Val Ala Leu Ala Ser Gln Glu Glu Ile Asp Ala Thr Ile Ala Ser Ala

40

45

50

acc aag gct gct aag acg tgg ggc aac ctg tct atc gct aag cgc caa 307
Thr Lys Ala Ala Lys Thr Trp Gly Asn Leu Ser Ile Ala Lys Arg Gln

55

60

65

gct gtg ctt ttc aac ttc cgt gag ctg ctg aat gct cgc aag ggt gag 355
Ala Val Leu Phe Asn Phe Arg Glu Leu Leu Asn Ala Arg Lys Gly Glu

70

75

80

85

ctg gcg gag atc atc act gca gag cac ggc aag gtc ttg tcc gat gcc 403
Leu Ala Glu Ile Ile Thr Ala Glu His Gly Lys Val Leu Ser Asp Ala

90

95

100

atg ggt gaa atc ctg cgc ggc cag gaa gtc gtg gag ctt gct acc ggt 451
Met Gly Glu Ile Leu Arg Gly Gln Glu Val Val Glu Leu Ala Thr Gly

105

110

115

ttc cca cac ctg ctt aaa ggt gcg ttc aac gag aac gtc tcc acc ggc 499
Phe Pro His Leu Leu Lys Gly Ala Phe Asn Glu Asn Val Ser Thr Gly

120

125

130

att gat gtg tat tcc ttg aag cag cca ctg ggt gtt gtc ggt atc atc 547
Ile Asp Val Tyr Ser Leu Lys Gln Pro Leu Gly Val Val Gly Ile Ile

135

140

145

agc ccg ttc aac ttc cct gcg atg gtg ccg atg tgg ttt ttc cca atc 595
Ser Pro Phe Asn Phe Pro Ala Met Val Pro Met Trp Phe Phe Pro Ile

150	155	160	165	
gca atc gct gca ggc aac gca gtt att ttg aag cct tca gag aag gat				643
Ala Ile Ala Ala Gly Asn Ala Val Ile Leu Lys Pro Ser Glu Lys Asp				
	170	175	180	
cct tcg gca gcg ctg tgg atg gct cag atc tgg aag gaa gct ggt ctt				691
Pro Ser Ala Ala Leu Trp Met Ala Gln Ile Trp Lys Glu Ala Gly Leu				
	185	190	195	
cca gac ggc gta ttc aac gtg ctc cag ggc gac aag ctg gct gtt gat				739
Pro Asp Gly Val Phe Asn Val Leu Gln Gly Asp Lys Leu Ala Val Asp				
	200	205	210	
ggt ttg ctg aac agc cct gat gtc tct gcg att tcc ttc gtg ggt tcc				787
Gly Leu Leu Asn Ser Pro Asp Val Ser Ala Ile Ser Phe Val Gly Ser				
	215	220	225	
acc cca atc gca aag tac atc tac gag act tcc gcg aag aac ggc aag				835
Thr Pro Ile Ala Lys Tyr Ile Tyr Glu Thr Ser Ala Lys Asn Gly Lys				
	230	235	240	245
cgc gtc cag gcg ttg ggc ggc gcg aag aac cac atg ctg gtg ctg cca				883
Arg Val Gln Ala Leu Gly Gly Ala Lys Asn His Met Leu Val Leu Pro				
	250	255	260	
gat gct gat ctg gat ctg gtt gcc gat cag gca atc aac gca ggt tac				931
Asp Ala Asp Leu Asp Leu Val Ala Asp Gln Ala Ile Asn Ala Gly Tyr				
	265	270	275	
ggc gct gcc ggt gag cgt tgc atg gct gtt tct gtg gtc ttg gct att				979
Gly Ala Ala Gly Glu Arg Cys Met Ala Val Ser Val Val Leu Ala Ile				
	280	285	290	
gaa tct gtt gcc gac gag ctc att gag aag atc aag gag cgc atc gac				1027
Glu Ser Val Ala Asp Glu Leu Ile Glu Lys Ile Lys Glu Arg Ile Asp				
	295	300	305	
acc ctg cgc atc ggc aac ggt gcc ggc gac gag cag ggc gag ccg cac				1075
Thr Leu Arg Ile Gly Asn Gly Ala Gly Asp Glu Gln Gly Glu Pro His				
	310	315	320	325
ctg ggc cca cta atc acc gac gtc cac cgc gac aag gtc gct tct tat				1123
Leu Gly Pro Leu Ile Thr Asp Val His Arg Asp Lys Val Ala Ser Tyr				
	330	335	340	
gtc gac atc gct gag gcc gac ggc gcc aag atc atc gtg gac ggg cgt				1171
Val Asp Ile Ala Glu Ala Asp Gly Ala Lys Ile Ile Val Asp Gly Arg				
	345	350	355	
aac tgc gcc gta gac ggg cac gag gag ggc ttc ttc ttc ggc cct acg				1219
Asn Cys Ala Val Asp Gly His Glu Glu Gly Phe Phe Phe Gly Pro Thr				
	360	365	370	
ctt atc gac gac atc cca ctc acg ttc cgc gcc tac acc gaa gaa atc				1267
Leu Ile Asp Asp Ile Pro Leu Thr Phe Arg Ala Tyr Thr Glu Glu Ile				

375	380	385	
ttc ggc ccg gtc ctc tct gtc gtt cgt gtc gca tcc ttc gac gag gca	1315		
Phe Gly Pro Val Leu Ser Val Val Arg Val Ala Ser Phe Asp Glu Ala			
390	395	400	405
att gag ctg atc aac tcc ggt gaa ttc ggc aac gga acc gca atc ttc	1363		
Ile Glu Leu Ile Asn Ser Gly Glu Phe Gly Asn Gly Thr Ala Ile Phe			
410	415	420	
acc aac gat ggt gga gcg gca cgc cgc ttc cag cat gag atc gaa gtg	1411		
Thr Asn Asp Gly Gly Ala Ala Arg Arg Phe Gln His Glu Ile Glu Val			
425	430	435	
ggc atg atc ggc atc aac gta cca atc cca gtg cct gtt gcg tac cac	1459		
Gly Met Ile Gly Ile Asn Val Pro Ile Pro Val Pro Val Ala Tyr His			
440	445	450	
tcc ttc ggt ggt tgg aag aac tcc ctc ttc ggt gac gcc aag gca tat	1507		
Ser Phe Gly Gly Trp Lys Asn Ser Leu Phe Gly Asp Ala Lys Ala Tyr			
455	460	465	
ggc act caa ggt ttt gat ttc ttc acc agg gaa aag gcg atc acc agc	1555		
Gly Thr Gln Gly Phe Asp Phe Phe Thr Arg Glu Lys Ala Ile Thr Ser			
470	475	480	485
cgt tgg ctc gac cca gca acc cac ggt ggc att aac ctc ggt ttc cca	1603		
Arg Trp Leu Asp Pro Ala Thr His Gly Gly Ile Asn Leu Gly Phe Pro			
490	495	500	
cag aac gat taattgaagg agagcacagg act	1635		
Gln Asn Asp			
<210> 136			
<211> 504			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 136			
Met Ser Glu Pro Gln Thr Ile Ser His Trp Ile Asp Gly Ala Ile Ser			
1 5 10 15			
Pro Ser Thr Ser Gly Lys Thr Ala Pro Val Tyr Asn Pro Ala Thr Gly			
20 25 30			
Gln Val Thr Ala Asn Val Ala Leu Ala Ser Gln Glu Glu Ile Asp Ala			
35 40 45			
Thr Ile Ala Ser Ala Thr Lys Ala			
Ala Lys Thr Trp Gly Asn Leu Ser			
50 55 60			
Ile Ala Lys Arg Gln Ala Val Leu Phe Asn Phe Arg Glu Leu Leu Asn			
65 70 75 80			
Ala Arg Lys Gly Glu Leu Ala Glu Ile Ile Thr Ala Glu His Gly Lys			
85 90 95			
Val Leu Ser Asp Ala Met Gly Glu Ile Leu Arg Gly Gln Glu Val Val			
100 105 110			
Glu Leu Ala Thr Gly Phe Pro His Leu Leu Lys Gly Ala Phe Asn Glu			
115 120 125			
Asn Val Ser Thr Gly Ile Asp Val Tyr Ser Leu Lys Gln Pro Leu Gly			
130 135 140			

Val Val Gly Ile Ile Ser Pro Phe Asn Phe Pro Ala Met Val Pro Met
145 150 155 160

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

Ser Phe Val Gly Ser Thr Pro Ile Ala Lys Tyr Ile Tyr Glu Thr Ser
225 230 235 240

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

Lys Glu Arg Ile Asp Thr Leu Arg Ile Gly Asn Gly Ala Gly Asp Glu
305 310 315 320

Gln Gly Glu Pro His Leu Gly Pro Leu Ile Thr Asp Val His Arg Asp
325 330 335
Lys Val Ala Ser Tyr Val Asp Ile Ala Glu Ala Asp Gly Ala Lys Ile
340 345 350
Ile Val Asp Gly Arg Asn Cys Ala Val Asp Gly His Glu Glu Gly Phe
355 360 365
Phe Phe Gly Pro Thr Leu Ile Asp Asp Ile Pro Leu Thr Phe Arg Ala
370 375 380

Tyr Thr Glu Glu Ile Phe Gly Pro Val Leu Ser Val Val Arg Val Ala
385 390 395 400

Ser Phe Asp Glu Ala Ile Glu Leu Ile Asn Ser Gly Glu Phe Gly Asn
405 410 415
Gly Thr Ala Ile Phe Thr Asn Asp Gly Gly Ala Ala Arg Arg Phe Gln
420 425 430
His Glu Ile Glu Val Gly Met Ile Gly Ile Asn Val Pro Ile Pro Val
435 440 445
Pro Val Ala Tyr His Ser Phe Gly Gly Trp Lys Asn Ser Leu Phe Gly
450 455 460

Asp Ala Lys Ala Tyr Gly Thr Gln Gly Phe Asp Phe Phe Thr Arg Glu
465 470 475 480

Lys Ala Ile Thr Ser Arg Trp Leu Asp Pro Ala Thr His Gly Gly Ile
485 490 495
Asn Leu Gly Phe Pro Gln Asn Asp

500

<210> 137

<211> 531

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(508)

<223> RXS02299

<400> 137

acgcgggggt tgttgccgga tcgaaatatt cctttccttg tcattctcag ctatgatttc 60
taaaacttgc aggacaaccc ccataaggac accacaggac atg ctg cgc acc atc 115
Met Leu Arg Thr Ile

ctc gga agt aag att cac cga gcc act gtc act caa gct gat cta gat 163
Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr Gln Ala Asp Leu Asp

tat gtt ggc tct gta acc atc gac gcc gac ctg gtt cac gcc gcc gga 211
Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu Val His Ala Ala Gly

ttg atc gaa ggc gaa aaa gtt gcc atc gta gac atc acc aac ggc gct 259
Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp Ile Thr Asn Gly Ala

cgt ctg gaa act tat gtc att gtg ggc gac gcc gga acg ggc aat att 307
Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala Gly Thr Gly Asn Ile

tgc atc aat ggt gcc gct gca cac ctt att aat cct ggc gat ctt gtg 355
Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn Pro Gly Asp Leu Val

atc atc atg agc tac ctt cag gca act gat gcg gaa gcc aag gcg tat 403
Ile Ile Met Ser Tyr Leu Gln Ala Thr Asp Ala Glu Ala Lys Ala Tyr

gag cca aag att gtg cac gtg gac gcc gac aac cgc atc gtt gcg ctc 451
Glu Pro Lys Ile Val His Val Asp Ala Asp Asn Arg Ile Val Ala Leu

ggc aac gat ctt gcg gaa gca cta cct gga tcc ggg ctt ttg acg tcg 499
Gly Asn Asp Leu Ala Glu Ala Leu Pro Gly Ser Gly Leu Leu Thr Ser

aga agc att tagcgtttta gctcgccaat att 531
Arg Ser Ile

135

<210> 138

<211> 136

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 138

Met Leu Arg Thr Ile Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr
 1 5 10 15
 Gln Ala Asp Leu Asp Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu
 20 25 30
 Val His Ala Ala Gly Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp
 35 40 45
 Ile Thr Asn Gly
 Ala Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala
 50 55 60
 Gly Thr Gly Asn Ile Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn
 65 70 75 80

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

130

135

<210> 139

<211> 1053

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1030)

<223> RXA01561

<400> 139

gtgccagaa attctgcttg cactcaccca agccgttttag caaattgaac ctcacgttca 60
 taataatggt cattttcatc gagttctaga aaacacaggc atg ctc acc ctc aac 115
 Met Leu Thr Leu Asn

1

5

gat gtc atc acc gcc caa caa cga acc gcc cct cat gtt cga cga acg 163
 Asp Val Ile Thr Ala Gln Gln Arg Thr Ala Pro His Val Arg Arg Thr

10

15

20

cca ctt ttc gaa gca gac ccc atc gac ggc aca caa atc tgg atc aaa 211
 Pro Leu Phe Glu Ala Asp Pro Ile Asp Gly Thr Gln Ile Trp Ile Lys

25

30

35

gca gag ttc ctc caa aag tgc ggc gtg ttc aaa acg cgt gga gca ttc 259
 Ala Glu Phe Leu Gln Lys Cys Gly Val Phe Lys Thr Arg Gly Ala Phe

40

45

50

aac cgc cag ctc gca gct tcg gaa aac gga cta ctc gac cca acg gtt 307
 Asn Arg Gln Leu Ala Ala Ser Glu Asn Gly Leu Leu Asp Pro Thr Val

55

60

65

ggc atc gtc gcg gca tca ggc gga aac gca gga ctc gca aat gct ttt 355
 Gly Ile Val Ala Ala Ser Gly Gly Asn Ala Gly Leu Ala Asn Ala Phe

70	75	80	85	
gcc gca gca tcc tta agc gtt ccc gcc acg gta ttg gtg ccc gaa act				403
Ala Ala Ala Ser Leu Ser Val Pro Ala Thr Val Leu Val Pro Glu Thr				
	90	95	100	
gcc cca caa gta aaa gtt gat cgc ctc aag caa tac ggt gca acc gtg				451
Ala Pro Gln Val Lys Val Asp Arg Leu Lys Gln Tyr Gly Ala Thr Val				
	105	110	115	
caa caa atc gga tct gaa tat gcg gaa gca ttt gag gca gct caa acc				499
Gln Gln Ile Gly Ser Glu Tyr Ala Glu Ala Phe Glu Ala Ala Gln Thr				
	120	125	130	
ttt gag tcg gaa act ggt gct ctg ttt tgc cac gcc tac gac cag ccc				547
Phe Glu Ser Glu Thr Gly Ala Leu Phe Cys His Ala Tyr Asp Gln Pro				
	135	140	145	
gac atc gca gct gga gca ggc gtc att ggg cta gaa att gtc gaa gat				595
Asp Ile Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile Gly Leu Glu Ile Val Glu Asp				
	150	155	160	165
ctt ccc gac gtt gac acc atc gtg gtt gct gtc ggt ggc ggt gga ctc				643
Leu Pro Asp Val Asp Thr Ile Val Val Ala Val Gly Gly Gly Gly Leu				
	170	175	180	
tat gca gga atc gca gcc gtc gta gca gcc cac gac atc aaa gtg gtg				691
Tyr Ala Gly Ile Ala Ala Val Val Ala Ala His Asp Ile Lys Val Val				
	185	190	195	
gcc gtt gaa ccc tcc aaa att cca acc ctg cac aac tca ctc att gcc				739
Ala Val Glu Pro Ser Lys Ile Pro Thr Leu His Asn Ser Leu Ile Ala				
	200	205	210	
ggc caa cca gtc gat gtg aac gtt tct ggt atc gcg gca gat tct ttg				787
Gly Gln Pro Val Asp Val Asn Val Ser Gly Ile Ala Ala Asp Ser Leu				
	215	220	225	
ggg gct cgc caa att gga cga gaa gcc ttt gac atc gca act gcc cat				835
Gly Ala Arg Gln Ile Gly Arg Glu Ala Phe Asp Ile Ala Thr Ala His				
	230	235	240	245
ccc cca ata ggc gtc cta gtg gac gat gaa gca atc atc gca gct cga				883
Pro Pro Ile Gly Val Leu Val Asp Asp Glu Ala Ile Ile Ala Ala Arg				
	250	255	260	
cgc cac ctc tgg gac aac tac cgc atc cct gcc gag cat ggc gct gcc				931
Arg His Leu Trp Asp Asn Tyr Arg Ile Pro Ala Glu His Gly Ala Ala				
	265	270	275	
gca gca ctc gcc tct ctt acc agt gga gca tac aaa cct gca gca gat				979
Ala Ala Leu Ala Ser Leu Thr Ser Gly Ala Tyr Lys Pro Ala Ala Asp				
	280	285	290	
gaa aaa gtg gca gtc att gtg tgc gga gcg aac act gac ctc aca aca				1027
Glu Lys Val Ala Val Ile Val Cys Gly Ala Asn Thr Asp Leu Thr Thr				

295 300 305 1053
ctg tgatgtgatt tcaaacgatc aca
Leu

310
<210> 140
<211> 310
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 140
Met Leu Thr Leu Asn Asp Val Ile Thr Ala Gln Gln Arg Thr Ala Pro
1 5 10 15
His Val Arg Arg Thr Pro Leu Phe Glu Ala Asp Pro Ile Asp Gly Thr
20 25 30
Gln Ile Trp Ile Lys Ala Glu Phe Leu Gln Lys Cys Gly Val Phe Lys
35 40 45
Thr Arg Gly Ala Phe Asn Arg Gln
Leu Ala Ala Ser Glu Asn Gly Leu
50 55 60
Leu Asp Pro Thr Val Gly Ile Val Ala Ala Ser Gly Gly Asn Ala Gly
65 70 75 80

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

Ala Tyr Asp Gln Pro Asp Ile Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile Gly Leu
145 150 155 160

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

Ala Ala Asp Ser Leu Gly Ala Arg Gln Ile Gly Arg Glu Ala Phe Asp
225 230 235 240

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

Thr Asp Leu Thr Thr Leu

305	310			
<210>	141			
<211>	1470			
<212>	DNA			
<213>	Corynebacterium glutamicum			
<220>				
<221>	CDS			
<222>	(101)..(1447)			
<223>	RXA01850			
<400>	141			
ttcgtgcaac ttcagactct tacggaggcg atggaccaa aacaactaca atcaagcaga	60			
tcaccttgta caccaccaga gaaaaggccc accctcagcc atg gct atc agt gtt	115			
	Met Ala Ile Ser Val			
	1	5		
gtt gat cta ttt agc atc ggt atc gga cca tca tcc tca cat acc gtc	163			
Val Asp Leu Phe Ser Ile Gly Ile Gly Pro Ser Ser Ser His Thr Val				
	10	15	20	
ggc ccc atg aga gcc gcc ctc acg tat atc tct gaa ttt ccc agc tgc	211			
Gly Pro Met Arg Ala Ala Leu Thr Tyr Ile Ser Glu Phe Pro Ser Ser				
	25	30	35	
cat gtc gat atc acg ttg cac gga tcc ctt gcc gcc acc ggt aaa ggc	259			
His Val Asp Ile Thr Leu His Gly Ser Leu Ala Ala Thr Gly Lys Gly				
	40	45	50	
cac tgc act gac cgg gcg gta tta ctg ggt ctg gtg gga tgg gaa cca	307			
His Cys Thr Asp Arg Ala Val Leu Leu Gly Leu Val Gly Trp Glu Pro				
	55	60	65	
acg ata gtt ccc att gat gct gca ccc tca ccc ggc gcg ccg att cct	355			
Thr Ile Val Pro Ile Asp Ala Ala Pro Ser Pro Gly Ala Pro Ile Pro				
	70	75	80	85
gcg aaa ggt tct gtg aac ggg cca aag gga acg gtg tgc tat tcc ctg	403			
Ala Lys Gly Ser Val Asn Gly Pro Lys Gly Thr Val Ser Tyr Ser Leu				
	90	95	100	
acg ttt gat cct cat cct ctt cca gaa cac ccc aat gcc gtt acc ttt	451			
Thr Phe Asp Pro His Pro Leu Pro Glu His Pro Asn Ala Val Thr Phe				
	105	110	115	
aaa gga tca acc aca agg act tat ttg tgc gtg ggt ggt ggg ttc att	499			
Lys Gly Ser Thr Thr Arg Thr Tyr Leu Ser Val Gly Gly Gly Phe Ile				
	120	125	130	
atg acg ttg gag gat ttc cgg aag ctg gac gat atc gga tca ggt gtg	547			
Met Thr Leu Glu Asp Phe Arg Lys Leu Asp Asp Ile Gly Ser Gly Val				
	135	140	145	
tca acc att cat cca gag gca gag gtg cct tgt cct ttt cag aag agt	595			
Ser Thr Ile His Pro Glu Ala Glu Val Pro Cys Pro Phe Gln Lys Ser				
150	155	160	165	

tcc caa tta ctc gca tat ggt cgc gat ttt gcg gag gtc atg aag gat	643
Ser Gln Leu Leu Ala Tyr Gly Arg Asp Phe Ala Glu Val Met Lys Asp	
170 175 180	
aat gag cgc tta atc cac ggg gat ctt ggc aca gtg gat gcc cat ttg	691
Asn Glu Arg Leu Ile His Gly Asp Leu Gly Thr Val Asp Ala His Leu	
185 190 195	
gat cga gtg tgg cag att atg cag gag tgc gtg gca caa ggc atc gca	739
Asp Arg Val Trp Gln Ile Met Gln Glu Cys Val Ala Gln Gly Ile Ala	
200 205 210	
acg ccg ggg att tta ccg ggt ggg ttg aat gtg caa cgt cgg gcg ccg	787
Thr Pro Gly Ile Leu Pro Gly Gly Leu Asn Val Gln Arg Arg Ala Pro	
215 220 225	
cag gta cac gcg ctg att agc aac ggg gat acg tgt gag ctg ggt gct	835
Gln Val His Ala Leu Ile Ser Asn Gly Asp Thr Cys Glu Leu Gly Ala	
230 235 240 245	
gat ctt gat gct gtg gag tgg gtg aat ctg tac gcc ttg gcg gtg aat	883
Asp Leu Asp Ala Val Glu Trp Val Asn Leu Tyr Ala Leu Ala Val Asn	
250 255 260	
gaa gaa aac gcc gct ggt ggt cgt gtg gtt act gct ccg act aat ggt	931
Glu Glu Asn Ala Ala Gly Gly Arg Val Val Thr Ala Pro Thr Asn Gly	
265 270 275	
gct gcg ggg att att ccg gcg gtg atg cac tat gcg cgg gat ttt ttg	979
Ala Ala Gly Ile Ile Pro Ala Val Met His Tyr Ala Arg Asp Phe Leu	
280 285 290	
aca ggt ttt ggg gcg gag cag gcg cgg acg ttt ttg tat acc gcg ggt	1027
Thr Gly Phe Gly Ala Glu Gln Ala Arg Thr Phe Leu Tyr Thr Ala Gly	
295 300 305	
gcg gtg ggc atc atc att aag gaa aat gcc tcg atc tct ggc gcg gag	1075
Ala Val Gly Ile Ile Ile Lys Glu Asn Ala Ser Ile Ser Gly Ala Glu	
310 315 320 325	
gtg ggg tgt cag ggt gag gtt ggt tca gcg tcc gcg atg gcg gct gcc	1123
Val Gly Cys Gln Gly Glu Val Gly Ser Ala Ser Ala Met Ala Ala Ala	
330 335 340	
ggg ttg tgt gca gtc tta ggt ggt tct ccg caa cag gtg gaa aac gcc	1171
Gly Leu Cys Ala Val Leu Gly Gly Ser Pro Gln Gln Val Glu Asn Ala	
345 350 355	
gcg gag att gcg ttg gag cac aat ttg gga ttg acg tgc gat ccg gtg	1219
Ala Glu Ile Ala Leu Glu His Asn Leu Gly Leu Thr Cys Asp Pro Val	
360 365 370	
ggc ggg tta gtg cag att ccg tgt att gaa cgc aac gct att gct gcc	1267
Gly Gly Leu Val Gln Ile Pro Cys Ile Glu Arg Asn Ala Ile Ala Ala	
375 380 385	

atg aag tcc atc aat gcg gca agg ctt gcc cgg att ggt gat ggc aac 1315
Met Lys Ser Ile Asn Ala Ala Arg Leu Ala Arg Ile Gly Asp Gly Asn

390 395 400 405
aat cgc gtg agt ttg gat gat gtg gtg gtc acg atg gct gcc acc ggc 1363
Asn Arg Val Ser Leu Asp Asp Val Val Val Thr Met Ala Ala Thr Gly

410 415 420
cgg gac atg ctg acc aaa tat aag gaa acg tcc ctt ggt ggt ttg gca 1411
Arg Asp Met Leu Thr Lys Tyr Lys Glu Thr Ser Leu Gly Gly Leu Ala

425 430 435
acc acc ttg ggc ttc ccg gtg tcg atg acg gag tgt tagcggtacg 1457
Thr Thr Leu Gly Phe Pro Val Ser Met Thr Glu Cys

440 445
gctttaacac ggc 1470
<210> 142
<211> 449
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 142
Met Ala Ile Ser Val Val Asp Leu Phe Ser Ile Gly Ile Gly Pro Ser
1 5 10 15
Ser Ser His Thr Val Gly Pro Met Arg Ala Ala Leu Thr Tyr Ile Ser
20 25 30
Glu Phe Pro Ser Ser His Val Asp Ile Thr
Leu His Gly Ser Leu Ala
35 40 45
Ala Thr Gly Lys Gly His Cys Thr Asp Arg Ala Val Leu Leu Gly Leu
50 55 60
Val Gly Trp Glu Pro Thr Ile Val Pro Ile Asp Ala Ala Pro Ser Pro
65 70 75 80
Gly Ala Pro Ile Pro Ala Lys Gly Ser Val Asn Gly Pro Lys Gly Thr
85 90 95
Val Ser Tyr Ser Leu Thr Phe Asp Pro His Pro Leu Pro Glu His Pro
100 105 110
Asn Ala Val Thr Phe Lys Gly Ser Thr Thr Arg Thr Tyr Leu Ser Val
115 120 125
Gly Gly Gly Phe Ile Met Thr Leu Glu Asp Phe Arg Lys Leu Asp Asp
130 135 140
Ile Gly Ser Gly Val Ser Thr Ile His Pro Glu Ala Glu Val Pro Cys
145 150 155 160
Pro Phe Gln Lys Ser Ser Gln Leu Leu Ala Tyr Gly Arg Asp Phe Ala
165 170 175
Glu Val Met Lys Asp Asn Glu Arg Leu Ile His Gly Asp Leu Gly Thr
180 185 190
Val Asp Ala His Leu Asp Arg Val Trp Gln Ile Met Gln Glu Cys Val
195 200 205
Ala Gln Gly Ile Ala Thr Pro Gly Ile Leu Pro Gly Gly Leu Asn Val
210 215 220
Gln Arg Arg Ala Pro Gln Val His Ala Leu Ile Ser Asn Gly Asp Thr

225	230	235	240
Cys Glu Leu Gly Ala Asp Leu Asp Ala Val Glu Trp Val Asn Leu Tyr			
	245	250	255
Ala Leu Ala Val Asn Glu Glu Asn Ala Ala Gly Gly Arg Val Val Thr			
	260	265	270
Ala Pro Thr Asn Gly Ala Ala Gly Ile Ile Pro Ala Val Met His Tyr			
	275	280	285
Ala Arg Asp Phe Leu Thr Gly Phe Gly Ala Glu Gln Ala Arg Thr Phe			
	290	295	300
Leu Tyr Thr Ala Gly Ala Val Gly Ile Ile Ile Lys Glu Asn Ala Ser			
305	310	315	320
Ile Ser Gly Ala Glu Val Gly Cys Gln Gly Glu Val Gly Ser Ala Ser			
	325	330	335
Ala Met Ala Ala Ala Gly Leu Cys Ala Val Leu Gly Gly Ser Pro Gln			
	340	345	350
Gln Val Glu Asn Ala Ala Glu Ile Ala Leu Glu His Asn Leu Gly Leu			
	355	360	365
Thr Cys Asp Pro Val Gly Gly Leu Val Gln Ile Pro Cys Ile Glu Arg			
	370	375	380
Asn Ala Ile Ala Ala Met Lys Ser Ile Asn Ala Ala Arg Leu Ala Arg			
385	390	395	400
Ile Gly Asp Gly Asn Asn Arg Val Ser Leu Asp Asp Val Val Val Thr			
	405	410	415
Met Ala Ala Thr Gly Arg Asp Met Leu Thr Lys Tyr Lys Glu Thr Ser			
	420	425	430
Leu Gly Gly Leu Ala Thr Thr Leu Gly Phe Pro Val Ser Met Thr Glu			
	435	440	445
Cys			
<210> 143			
<211> 1425			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1402)			
<223> RXA00580			
<400> 143			
ttttatatat gggatatcggc ggtctatgct tgtgggcgta cctgtccgcg gagtgaggtc			60
ttacgcgcgg gattcgtctt gtgaaaggtt agctgacctg atg acc gat gcc cac			115
		Met Thr Asp Ala His	
		1	5
caa gcg gac gat gtc cgt tac cag cca ctg aac gag ctt gat cct gag			163
Gln Ala Asp Asp Val Arg Tyr Gln Pro Leu Asn Glu Leu Asp Pro Glu			
	10	15	20
gtg gct gct gcc atc gct ggg gaa ctt gcc cgt caa cgc gat aca tta			211
Val Ala Ala Ala Ile Ala Gly Glu Leu Ala Arg Gln Arg Asp Thr Leu			

25	30	35	
gag atg atc gcg tct gag aac ttc gtt ccc cgt tct gtt ttg cag gcg			259
Glu Met Ile Ala Ser Glu Asn Phe Val Pro Arg Ser Val Leu Gln Ala			
40	45	50	
cag ggt tct gtt ctt acc aat aag tat gcc gag ggt tac cct ggc cgc			307
Gln Gly Ser Val Leu Thr Asn Lys Tyr Ala Glu Gly Tyr Pro Gly Arg			
55	60	65	
cgt tac tac ggt ggt tgc gaa caa gtt gac atc att gag gat ctt gca			355
Arg Tyr Tyr Gly Gly Cys Glu Gln Val Asp Ile Ile Glu Asp Leu Ala			
70	75	80	85
cgt gat cgt gcg aag gct ctc ttc ggt gca gag ttc gcc aat gtt cag			403
Arg Asp Arg Ala Lys Ala Leu Phe Gly Ala Glu Phe Ala Asn Val Gln			
90	95	100	
cct cac tct ggc gca cag gct aat gct gct gtg ctg atg act ttg gct			451
Pro His Ser Gly Ala Gln Ala Asn Ala Ala Val Leu Met Thr Leu Ala			
105	110	115	
gag cca ggc gac aag atc atg ggt ctg tct ttg gct cat ggt ggt cac			499
Glu Pro Gly Asp Lys Ile Met Gly Leu Ser Leu Ala His Gly Gly His			
120	125	130	
ttg acc cac gga atg aag ttg aac ttc tcc gga aag ctg tac gag gtt			547
Leu Thr His Gly Met Lys Leu Asn Phe Ser Gly Lys Leu Tyr Glu Val			
135	140	145	
gtt gcg tac ggt gtt gat cct gag acc atg cgt gtt gat atg gat cag			595
Val Ala Tyr Gly Val Asp Pro Glu Thr Met Arg Val Asp Met Asp Gln			
150	155	160	165
gtt cgt gag att gct ctg aag gag cag cca aag gta att atc gct ggc			643
Val Arg Glu Ile Ala Leu Lys Glu Gln Pro Lys Val Ile Ile Ala Gly			
170	175	180	
tgg tct gca tac cct cgc cac ctt gat ttc gag gct ttc cag tct att			691
Trp Ser Ala Tyr Pro Arg His Leu Asp Phe Glu Ala Phe Gln Ser Ile			
185	190	195	
gct gcg gaa gtt ggc gcg aag ctg tgg gtc gat atg gct cac ttc gct			739
Ala Ala Glu Val Gly Ala Lys Leu Trp Val Asp Met Ala His Phe Ala			
200	205	210	
ggc ctt gtt gct gct ggt ttg cac cca agc cca gtt cct tac tct gat			787
Gly Leu Val Ala Ala Gly Leu His Pro Ser Pro Val Pro Tyr Ser Asp			
215	220	225	
gtt gtt tct tcc act gtc cac aag act ttg ggt gga cct cgt tcc ggc			835
Val Val Ser Ser Thr Val His Lys Thr Leu Gly Gly Pro Arg Ser Gly			
230	235	240	245
atc att ctg gct aag cag gag tac gcg aag aag ctg aac tct tcc gta			883
Ile Ile Leu Ala Lys Gln Glu Tyr Ala Lys Lys Leu Asn Ser Ser Val			

250	255	260	
ttc cca ggt cag cag ggt ggt cct ttg atg cac gca gtt gct gcg aag			931
Phe Pro Gly Gln Gln Gly Gly Pro Leu Met His Ala Val Ala Ala Lys			
265	270	275	
gct act tct ttg aag att gct ggc act gag cag ttc cgt gac cgt cag			979
Ala Thr Ser Leu Lys Ile Ala Gly Thr Glu Gln Phe Arg Asp Arg Gln			
280	285	290	
gct cgc acg ttg gag ggt gct cgc att ctt gct gag cgt ctg act gct			1027
Ala Arg Thr Leu Glu Gly Ala Arg Ile Leu Ala Glu Arg Leu Thr Ala			
295	300	305	
tct gat gcg aag gcc gct ggc gtg gat gtc ttg acc ggt ggc act gat			1075
Ser Asp Ala Lys Ala Ala Gly Val Asp Val Leu Thr Gly Gly Thr Asp			
310	315	320	325
gtg cac ttg gtt ttg gct gat ctg cgt aac tcc cag atg gat ggc cag			1123
Val His Leu Val Leu Ala Asp Leu Arg Asn Ser Gln Met Asp Gly Gln			
330	335	340	
cag gcg gaa gat ctg ctg cac gag gtt ggt atc act gtg aac cgt aac			1171
Gln Ala Glu Asp Leu Leu His Glu Val Gly Ile Thr Val Asn Arg Asn			
345	350	355	
gcg gtt cct ttc gat cct cgt cca cca atg gtt act tct ggt ctg cgt			1219
Ala Val Pro Phe Asp Pro Arg Pro Pro Met Val Thr Ser Gly Leu Arg			
360	365	370	
att ggt act cct gcg ctg gct acc cgt ggt ttc gat att cct gca ttc			1267
Ile Gly Thr Pro Ala Leu Ala Thr Arg Gly Phe Asp Ile Pro Ala Phe			
375	380	385	
act gag gtt gca gac atc att ggt act gct ttg gct aat ggt aag tcc			1315
Thr Glu Val Ala Asp Ile Ile Gly Thr Ala Leu Ala Asn Gly Lys Ser			
390	395	400	405
gca gac att gag tct ctg cgt ggc cgt gta gca aag ctt gct gca gat			1363
Ala Asp Ile Glu Ser Leu Arg Gly Arg Val Ala Lys Leu Ala Ala Asp			
410	415	420	
tac cca ctg tat gag ggc ttg gaa gac tgg acc atc gtc taagtttttc			1412
Tyr Pro Leu Tyr Glu Gly Leu Glu Asp Trp Thr Ile Val			
425	430		
tttgagtttt cat			1425
<210> 144			
<211> 434			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 144			
Met Thr Asp Ala His Gln Ala Asp Asp Val Arg Tyr Gln Pro Leu Asn			
1 5 10 15			
Glu Leu Asp Pro Glu Val Ala Ala Ala Ile Ala Gly Glu Leu Ala Arg			
20 25 30			
Gln Arg Asp Thr Leu Glu Met Ile Ala			

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

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

Lys Leu Tyr Glu Val Val Ala Tyr Gly Val Asp Pro Glu Thr Met Arg
 145 150 155 160

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

Val Pro Tyr Ser Asp Val Val Ser Ser Thr Val His Lys Thr Leu Gly
 225 230 235 240

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

Glu Arg Leu Thr Ala Ser Asp Ala Lys Ala Ala Gly Val Asp Val Leu
 305 310 315 320

Thr Gly Gly Thr Asp Val His Leu Val Leu Ala Asp Leu Arg Asn Ser
 325 330 335
 Gln Met Asp Gly Gln Gln Ala Glu Asp Leu Leu His Glu Val Gly Ile
 340 345 350
 Thr Val Asn Arg Asn Ala Val Pro Phe Asp Pro Arg Pro Pro Met Val
 355 360 365
 Thr Ser Gly Leu Arg Ile Gly Thr Pro Ala Leu Ala Thr Arg Gly Phe
 370 375 380

Asp Ile Pro Ala Phe Thr Glu Val Ala Asp Ile Ile Gly Thr Ala Leu
 385 390 395 400

Ala Asn Gly Lys Ser Ala Asp Ile Glu Ser Leu Arg Gly Arg Val Ala

405 410 415
 Lys Leu Ala Ala Asp Tyr Pro Leu Tyr Glu Gly Leu Glu Asp Trp Thr
 420 425 430
 Ile Val

 <210> 145
 <211> 401
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (1)..(378)
 <223> RXA01821
 <400> 145
 cga aac agc caa ggc aaa tgg tgc cca agt acg cga tca cca aaa aat 48
 Arg Asn Ser Gln Gly Lys Trp Cys Pro Ser Thr Arg Ser Pro Lys Asn

 1 5 10 15
 acc agc atc gaa gac aac ggc gat cac gta gtc atc caa gca ggc gaa 96
 Thr Ser Ile Glu Asp Asn Gly Asp His Val Val Ile Gln Ala Gly Glu

 20 25 30
 gaa acc aca atc gtg gac cgc gtt atc gtc acc acc ggc agc tgg aca 144
 Glu Thr Thr Ile Val Asp Arg Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Trp Thr

 35 40 45
 agc gag ctc gtg ccc tcc atc gcg cca ctg ctt gaa gtg cga cgc cta 192
 Ser Glu Leu Val Pro Ser Ile Ala Pro Leu Leu Glu Val Arg Arg Leu

 50 55 60
 gtg ctc acc tgg ttc ctg ccc aac aat cca gtg gac ttc caa ccg gaa 240
 Val Leu Thr Trp Phe Leu Pro Asn Asn Pro Val Asp Phe Gln Pro Glu

 65 70 75 80
 aac ctg cca tgc ttc atc cgt gac cgt gat ggc ttc cac gta ttt gga 288
 Asn Leu Pro Cys Phe Ile Arg Asp Arg Asp Gly Phe His Val Phe Gly

 85 90 95
 gca cca tgc gtc gat ggg tac agc atc aaa att gcc gga ttg gat gag 336
 Ala Pro Cys Val Asp Gly Tyr Ser Ile Lys Ile Ala Gly Leu Asp Glu

 100 105 110
 tgg ggc gtt cca tta agc ctc gat cca ccg atg tgc cct cgg 378
 Trp Gly Val Pro Leu Ser Leu Asp Pro Pro Met Cys Pro Arg

 115 120 125
 tgatgtcctg atcccggttc cgg 401
 <210> 146
 <211> 126
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 146
 Arg Asn Ser Gln Gly Lys Trp Cys Pro Ser Thr Arg Ser Pro Lys Asn
 1 5 10 15
 Thr Ser Ile Glu Asp Asn Gly Asp His Val Val Ile Gln Ala Gly Glu

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

 Asn Leu Pro Cys Phe Ile Arg Asp Arg Asp Gly Phe His Val Phe Gly
 85 90 95
 Ala Pro Cys Val Asp Gly Tyr Ser Ile Lys Ile Ala Gly Leu Asp Glu
 100 105 110
 Trp Gly Val Pro Leu Ser Leu Asp Pro Pro Met Cys Pro Arg

 115 120 125
 <210> 147
 <211> 488
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(478)
 <223> RXN02263
 <400> 147
 cctgggcaac ccaagtgtat gaaaacgccc tggaaaaagg cgtcggcacc acattgaacc 60
 tgtgggaatc acccgactg gcttgagaga agaacaaca atg aaa att gcg gta 115
 Met Lys Ile Ala Val

 1 5
 atc ggc ctt gga tca acc ggc tcc atg gca ctg tgg cac tta agt aac 163
 Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu Trp His Leu Ser Asn

 10 15 20
 atc cca ggt gta gag gcc atc ggc ttt gaa caa ttc ggc atc tcc cat 211
 Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln Phe Gly Ile Ser His

 25 30 35
 ggc tac ggc gca ttc aca ggg gag tcc cga ctg ttt cgc atg gcc tac 259
 Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu Phe Arg Met Ala Tyr

 40 45 50
 cac gaa ggc agc acc tac gtt cgc ttg ctc aaa cgc gca cga gca cta 307
 His Glu Gly Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys Arg Ala Arg Ala Leu

 55 60 65
 tgg tca tca ctg agc gag att tcc gga cgc gaa ctc ttc cac aac ttc 355
 Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu Leu Phe His Asn Phe

 70 75 80 85
 ggt gtc tta agc acc ggc aag gaa gac gaa gca ccc ttc caa cgc ctg 403
 Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala Pro Phe Gln Arg Leu

 90 95 100
 gtg gaa tca gtg gaa cgt tat gag ctg cca cat gaa cga ctt acc gcc 451

Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His Glu Arg Leu Thr Ala

105 110 115 488
gcg cag atg cgc agc gtt acc cag gtc tagacttccg
Ala Gln Met Arg Ser Val Thr Gln Val

120 125
<210> 148
<211> 126
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 148
Met Lys Ile Ala Val Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu
1 5 10 15
Trp His Leu Ser Asn Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln
20 25 30
Phe Gly Ile Ser His Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu
35 40 45

Phe Arg Met Ala Tyr His Glu Gly Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys
50 55 60
Arg Ala Arg Ala Leu Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu
65 70 75 80

Leu Phe His Asn Phe Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala
85 90 95
Pro Phe Gln Arg Leu Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His
100 105 110
Glu Arg Leu Thr Ala Ala Gln Met Arg Ser Val Thr Gln Val

115 120 125
<210> 149
<211> 460
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(460)
<223> FRXA02263
<400> 149
cctgggcaac ccaagtgtat gaaaacgccc tggaaaaagg cgtcggcacc acattgaacc 60
tgtgggaatc acccgactg gcttgagaga agaacaaca atg aaa att gcg gta 115
Met Lys Ile Ala Val

1 5
atc ggc ctt gga tca acc ggc tcc atg gca ctg tgg cac tta agt aac 163
Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu Trp His Leu Ser Asn
10 15 20
atc cca ggt gta gag gcc atc ggc ttt gaa caa ttc ggc atc tcc cat 211
Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln Phe Gly Ile Ser His

25 30 35 259
ggc tac ggc gca ttc aca ggg gag tcc cga ctg ttt cgc atg gcc tac

Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu Phe Arg Met Ala Tyr

40 45 50
cac gaa ggc agc acc tac gtt ccg ttg ctc aaa cgc gca cga gca cta 307
His Glu Gly Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys Arg Ala Arg Ala Leu

55 60 65
tgg tca tca ctg agc gag att tcc gga cgc gaa ctc ttc cac aac ttc 355
Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu Leu Phe His Asn Phe

70 75 80 85
ggg gtc tta agc acc ggc aag gaa gac gaa gca ccc ttc caa cgc ctg 403
Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala Pro Phe Gln Arg Leu

90 95 100
gtg gaa tca gtg gaa cgt tat gag ctg cca cat gaa cga ctt acc gcc 451
Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His Glu Arg Leu Thr Ala

105 110 115
gcg cag atg 460
Ala Gln Met

120
<210> 150
<211> 120
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 150
Met Lys Ile Ala Val Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu
1 5 10 15
Trp His Leu Ser Asn Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln
20 25 30
Phe Gly Ile Ser His Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu
35 40 45
Phe Arg Met Ala Tyr His Glu Gly
Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys
50 55 60
Arg Ala Arg Ala Leu Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu
65 70 75 80

Leu Phe His Asn Phe Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala
85 90 95
Pro Phe Gln Arg Leu Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His
100 105 110
Glu Arg Leu Thr Ala Ala Gln Met

115 120
<210> 151
<211> 1251
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1228)
<223> RXA02176

<400> 151

gggtgctagg aactgacagc ttcaggggta tagttgttgg gtcagatcgt taacgatccc 60
 tggccctttt acttccaagc gcagaaagtt gcccgaaagac atg acc gac ttc ccc 115
 Met Thr Asp Phe Pro

1 5
 acc ctg ccc tct gag ttc atc cct ggc gac ggc cgt ttc ggc tgc gga 163
 Thr Leu Pro Ser Glu Phe Ile Pro Gly Asp Gly Arg Phe Gly Cys Gly

10 15 20
 cct tcc aag gtt cga cca gaa cag att cag gct att gtc gac gga tcc 211
 Pro Ser Lys Val Arg Pro Glu Gln Ile Gln Ala Ile Val Asp Gly Ser

25 30 35
 gca tcc gtc atc ggt acc tca cac cgt cag ccg gca gta aaa aac gtc 259
 Ala Ser Val Ile Gly Thr Ser His Arg Gln Pro Ala Val Lys Asn Val

40 45 50
 gtg ggt tca atc cgc gag gga ctc tcc gac ctc ttc tcc ctt cca gaa 307
 Val Gly Ser Ile Arg Glu Gly Leu Ser Asp Leu Phe Ser Leu Pro Glu

55 60 65
 ggc tac gag atc atc ctt tcc cta ggt ggt gcg acc gca ttc tgg gat 355
 Gly Tyr Glu Ile Ile Leu Ser Leu Gly Gly Ala Thr Ala Phe Trp Asp

70 75 80 85
 gca gca acc ttc gga ctc att gaa aag aag tcc ggt cac ctt tct ttc 403
 Ala Ala Thr Phe Gly Leu Ile Glu Lys Lys Ser Gly His Leu Ser Phe

90 95 100
 ggt gag ttc tcc tcc aag ttc gca aag gct tct aag ctt gct cct tgg 451
 Gly Glu Phe Ser Ser Lys Phe Ala Lys Ala Ser Lys Leu Ala Pro Trp

105 110 115
 ctc gac gag cca gag atc gtc acc gca gaa acc ggt gac tct ccg gcc 499
 Leu Asp Glu Pro Glu Ile Val Thr Ala Glu Thr Gly Asp Ser Pro Ala

120 125 130
 cca cag gca ttc gaa ggc gcc gat gtt att gca tgg gca cac aac gaa 547
 Pro Gln Ala Phe Glu Gly Ala Asp Val Ile Ala Trp Ala His Asn Glu

135 140 145
 acc tcc act ggc gcc atg gtt cca gtt ctt cgc ccc gaa ggc tct gaa 595
 Thr Ser Thr Gly Ala Met Val Pro Val Leu Arg Pro Glu Gly Ser Glu

150 155 160 165
 ggc tcc ctg gtt gcc att gac gca acc tcc ggc gct ggt gga ctg cca 643
 Gly Ser Leu Val Ala Ile Asp Ala Thr Ser Gly Ala Gly Gly Leu Pro

170 175 180
 gta gac atc aag aac tcc gat gtt tac tac ttc tcc cca cag aag tgc 691
 Val Asp Ile Lys Asn Ser Asp Val Tyr Tyr Phe Ser Pro Gln Lys Cys

185 190 195
 ttc gca tcc gac ggt ggc ctg tgg ctt gca gcg atg agc cca gca gct 739

Phe Ala Ser Asp Gly Gly Leu Trp Leu Ala Ala Met Ser Pro Ala Ala

200 205 210
ctc gag cgc atc gag aag atc aac gct tcc gat cgc ttc atc cct gag 787
Leu Glu Arg Ile Glu Lys Ile Asn Ala Ser Asp Arg Phe Ile Pro Glu

215 220 225
ttc ctc aac ctg cag acc gca gtg gat aac tcc ctg aag aac cag acc 835
Phe Leu Asn Leu Gln Thr Ala Val Asp Asn Ser Leu Lys Asn Gln Thr

230 235 240 245
tac aac acc cca gct gtt gct acc ttg ctg atg ctg gac aac cag gtc 883
Tyr Asn Thr Pro Ala Val Ala Thr Leu Leu Met Leu Asp Asn Gln Val

250 255 260
aag tgg atg aac tcc aac ggc ggc ctg gat gga atg gtt gct cgc acc 931
Lys Trp Met Asn Ser Asn Gly Gly Leu Asp Gly Met Val Ala Arg Thr

265 270 275
aca gca agc tcc tcc gcc ctg tac aac tgg gct gag gct cgc gag gag 979
Thr Ala Ser Ser Ser Ala Leu Tyr Asn Trp Ala Glu Ala Arg Glu Glu

280 285 290
gca tcc cca tac gtg gca gat gca gct aag cgc tcc ctc gtt gtc ggc 1027
Ala Ser Pro Tyr Val Ala Asp Ala Ala Lys Arg Ser Leu Val Val Gly

295 300 305
acc atc gac ttc gat gac tcc atc gac gca gca gtg atc gct aag ata 1075
Thr Ile Asp Phe Asp Asp Ser Ile Asp Ala Ala Val Ile Ala Lys Ile

310 315 320 325
ctg cgc gca aac ggc atc ctg gac acc gag cct tac cgc aag ctg gga 1123
Leu Arg Ala Asn Gly Ile Leu Asp Thr Glu Pro Tyr Arg Lys Leu Gly

330 335 340
cgc aac cag ctg cgc atc ggt atg ttc cca gcg atc gat tcc acc gat 1171
Arg Asn Gln Leu Arg Ile Gly Met Phe Pro Ala Ile Asp Ser Thr Asp

345 350 355
gtg gaa aag ctc acc gga gca atc gac ttc atc ctc gat ggc ggt ttt 1219
Val Glu Lys Leu Thr Gly Ala Ile Asp Phe Ile Leu Asp Gly Gly Phe

360 365 370
gca agg aag taataccccc actttgaaaa aca 1251
Ala Arg Lys

375
<210> 152
<211> 376
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 152
Met Thr Asp Phe Pro Thr Leu Pro Ser Glu Phe Ile Pro Gly Asp Gly
1 5 10 15
Arg Phe Gly Cys Gly Pro Ser Lys Val Arg Pro Glu Gln Ile Gln Ala
20 25 30

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

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

Trp Ala His Asn Glu Thr Ser Thr Gly Ala Met Val Pro Val Leu Arg
145 150 155 160

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

Arg Phe Ile Pro Glu Phe Leu Asn Leu Gln Thr Ala Val Asp Asn Ser
225 230 235 240

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

Ser Leu Val Val Gly Thr Ile Asp Phe Asp Asp Ser Ile Asp Ala Ala
305 310 315 320

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

370

375

<210> 153

<211> 1422

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1399)

<223> RXN02758

<400> 153

atacatctca cccaattccc cataactaga caattgccc gcaacgactg ataagtctcc 60
aatgtcgtgt tccgcgtca gacatgagac aattgttgcc gtg act gaa ctc atc 115
Val Thr Glu Leu Ile

1 5
cag aat gaa tcc caa gaa atc gct gag ctg gaa gcc ggc cag cag gtt 163
Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu Ala Gly Gln Gln Val

10 15 20
gca ttg cgt gaa ggt tat ctt cct gcg gtg atc aca gtg agc ggt aaa 211
Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile Thr Val Ser Gly Lys

25 30 35
gac cgc cca ggt gtg act gcc gcg ttc ttt agg gtc ttg tcc gct aat 259
Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala Ala Phe Phe Arg Val Leu Ser Ala Asn

40 45 50
cag gtt cag gtc ttg gac gtt gag cag tca atg ttc cgt ggc ttt ttg 307
Gln Val Gln Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met Phe Arg Gly Phe Leu

55 60 65
aac ttg gcg gcg ttt gtg ggt atc gca cct gag cgt gtc gag acc gtc 355
Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu Arg Val Glu Thr Val

70 75 80 85
acc aca ggc ctg act gac acc ctc aag gtg cat gga cag tcc gtg gtg 403
Thr Thr Gly Leu Thr Asp Thr Leu Lys Val His Gly Gln Ser Val Val

90 95 100
gtg gag ctg cag gaa act gtg cag tcg tcc cgt cct cgt tct tcc cat 451
Val Glu Leu Gln Glu Thr Val Gln Ser Ser Arg Pro Arg Ser Ser His

105 110 115
gtt gtt gtg gtg ttg ggt gat ccg gtt gat gcg ttg gat att tcc cgc 499
Val Val Val Val Leu Gly Asp Pro Val Asp Ala Leu Asp Ile Ser Arg

120 125 130
att ggt cag acc ctg gcg gat tac gat gcc aac att gac acc att cgt 547
Ile Gly Gln Thr Leu Ala Asp Tyr Asp Ala Asn Ile Asp Thr Ile Arg

135 140 145
ggt att tcg gat tac cct gtg acc ggc ctg gag ctg aag gtg act gtg 595
Gly Ile Ser Asp Tyr Pro Val Thr Gly Leu Glu Leu Lys Val Thr Val

150 155 160 165
ccg gat gtc agc cct ggt ggt ggt gaa gcg atg cgt aag gcg ctt gct 643
Pro Asp Val Ser Pro Gly Gly Gly Glu Ala Met Arg Lys Ala Leu Ala

170

175

180

gct ctt acc tct gag ctg aat gtg gat att gcg att gag cgt tct ggt	691
Ala Leu Thr Ser Glu Leu Asn Val Asp Ile Ala Ile Glu Arg Ser Gly	
185 190 195	
ttg ctg cgt cgt tct aag cgt ctg gtg tgc ttc gat tgt gat tcc acg	739
Leu Leu Arg Arg Ser Lys Arg Leu Val Cys Phe Asp Cys Asp Ser Thr	
200 205 210	
ttg atc act ggt gag gtc att gag atg ctg gcg gct cac gcg ggc aag	787
Leu Ile Thr Gly Glu Val Ile Glu Met Leu Ala Ala His Ala Gly Lys	
215 220 225	
gaa gct gaa gtt gcg gca gtt act gag cgt gcg atg cgc ggt gag ctc	835
Glu Ala Glu Val Ala Ala Val Thr Glu Arg Ala Met Arg Gly Glu Leu	
230 235 240 245	
gat ttc gag gag tct ctg cgt gag cgt gtg aag gcg ttg gct ggt ttg	883
Asp Phe Glu Glu Ser Leu Arg Glu Arg Val Lys Ala Leu Ala Gly Leu	
250 255 260	
gat gcg tcg gtg atc gat gag gtc gct gcc gct att gag ctg acc cct	931
Asp Ala Ser Val Ile Asp Glu Val Ala Ala Ala Ile Glu Leu Thr Pro	
265 270 275	
ggt gcg cgc acc acg atc cgt acg ctg aac cgc atg ggt tac cag acc	979
Gly Ala Arg Thr Thr Ile Arg Thr Leu Asn Arg Met Gly Tyr Gln Thr	
280 285 290	
gct gtt gtt tcc ggt ggt ttc atc cag gtg ttg gaa ggt ttg gct gag	1027
Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu Glu Gly Leu Ala Glu	
295 300 305	
gag ttg gag ttg gat tat gtc cgc gcc aac act ttg gaa atc gtt gat	1075
Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr Leu Glu Ile Val Asp	
310 315 320 325	
ggc aag ctg acc ggc aac gtc acc gga aag atc gtt gac cgc gct gcg	1123
Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile Val Asp Arg Ala Ala	
330 335 340	
aag gct gag ttc ctc cgt gag ttc gct gcg gat tct ggc ctg aag atg	1171
Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp Ser Gly Leu Lys Met	
345 350 355	
tac cag act gtc gct gtc ggt gat ggc gct aat gac atc gat atg ctc	1219
Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn Asp Ile Asp Met Leu	
360 365 370	
tcc gct gcg ggt ctg ggt gtt gct ttc aac gcg aag cct gcg ctg aag	1267
Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala Lys Pro Ala Leu Lys	
375 380 385	
gag att gcg gat act tcc gtg aac cac cca ttc ctc gac gag gtt ttg	1315
Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe Leu Asp Glu Val Leu	

390 395 400 405
 cac atc atg ggc att tcc cgc gac gag atc gat ctg gcg gat cag gaa 1363
 His Ile Met Gly Ile Ser Arg Asp Glu Ile Asp Leu Ala Asp Gln Glu

 410 415 420
 gac ggc act ttc cac cgc gtt cca ttg acc aat gcc taaagattcg 1409
 Asp Gly Thr Phe His Arg Val Pro Leu Thr Asn Ala

 425 430
 tttctcgacg ccc 1422
 <210> 154
 <211> 433
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 154
 Val Thr Glu Leu Ile Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu
 1 5 10 15
 Ala Gly Gln Gln Val Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile
 20 25 30
 Thr Val Ser Gly Lys Asp Arg Pro Gly Val
 Thr Ala Ala Phe Phe Arg
 35 40 45
 Val Leu Ser Ala Asn Gln Val Gln Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met
 50 55 60
 Phe Arg Gly Phe Leu Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu
 65 70 75 80

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

 Ile Asp Thr Ile Arg Gly Ile Ser Asp Tyr Pro Val Thr Gly Leu Glu
 145 150 155 160

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

 Ala His Ala Gly Lys Glu Ala Glu Val Ala Ala Val Thr Glu Arg Ala
 225 230 235 240

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

Met Gly Tyr Gln Thr Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu
290 295 300

Glu Gly Leu Ala Glu Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr
305 310 315 320

Leu Glu Ile Val Asp Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile
325 330 335
Val Asp Arg Ala Ala Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp
340 345 350
Ser Gly Leu Lys Met Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn
355 360 365
Asp Ile Asp Met Leu Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala
370 375 380

Lys Pro Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe
385 390 395 400

Leu Asp Glu Val Leu His Ile Met Gly Ile Ser Arg Asp Glu Ile Asp
405 410 415
Leu Ala Asp Gln Glu Asp Gly Thr Phe His Arg Val Pro Leu Thr Asn
420 425 430
Ala

<210> 155
<211> 490
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(490)
<223> FRXA02479
<400> 155

atacatctca cccaattccc cataactaga caattgccca gcaacgactg ataagtctcc 60
aatgtcgtgt tccgcgtca gacatgagac aattgttgcc gtg act gaa ctc atc 115
Val Thr Glu Leu Ile

1 5
cag aat gaa tcc caa gaa atc gct gag ctg gaa gcc ggc cag cag gtt 163
Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu Ala Gly Gln Gln Val

10 15 20
gca ttg cgt gaa ggt tat ctt cct gcg gtg atc aca gtg agc ggt aaa 211
Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile Thr Val Ser Gly Lys

25 30 35
gac cgc cca ggt gtg act gcc gcg ttc ttt agg gtc ttg tcc gct aat 259
Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala Ala Phe Phe Arg Val Leu Ser Ala Asn

40 45 50
cag gtt cag gtc ttg gac gtt gag cag tca atg ttc cgt ggc ttt ttg 307
Gln Val Gln Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met Phe Arg Gly Phe Leu

55 60 65
aac ttg gcg gcg ttt gtg ggt atc gca cct gag cgt gtc gag acc gtc 355

Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu Arg Val Glu Thr Val

70 75 80 85
acc aca ggc ctg act gac acc ctc aag gtg cat gga cag tcc gtg gtg 403
Thr Thr Gly Leu Thr Asp Thr Leu Lys Val His Gly Gln Ser Val Val

90 95 100
gtg gag ctg cag gaa act gtg cag tcg tcc cgt cct cgt tct tcc cat 451
Val Glu Leu Gln Glu Thr Val Gln Ser Ser Arg Pro Arg Ser Ser His

105 110 115
gtt gtt gtg gtg ttg ggt gat ccg gtt gat gcg ctg gat 490
Val Val Val Val Leu Gly Asp Pro Val Asp Ala Leu Asp

120 125 130
<210> 156
<211> 130
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 156

Val Thr Glu Leu Ile Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu
1 5 10 15
Ala Gly Gln Gln Val Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile
20 25 30
Thr Val Ser Gly Lys Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala Ala Phe Phe Arg
35 40 45
Val Leu Ser Ala Asn Gln Val Gln
Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met
50 55 60
Phe Arg Gly Phe Leu Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu
65 70 75 80

Arg Val Glu Thr Val Thr Thr Gly Leu Thr Asp Thr Leu Lys Val His
85 90 95
Gly Gln Ser Val Val Val Glu Leu Gln Glu Thr Val Gln Ser Ser Arg
100 105 110
Pro Arg Ser Ser His Val Val Val Val Leu Gly Asp Pro Val Asp Ala
115 120 125
Leu Asp

130
<210> 157
<211> 558
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(535)
<223> FRXA02758
<400> 157
aaggcgttgg ctggtttgga tgcgtcggtg atcgatgagg tcgctgccgc tattgagctg 60
acccttggtg cgcgcaccac gatccgtacg gttgaaccgc atg ggt tac cag acc 115
Met Gly Tyr Gln Thr

1 5
gct gtt gtt tcc ggt ggt ttc atc cag gtg ttg gaa ggt ttg gct gag 163

Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu Glu Gly Leu Ala Glu

10 15 20
gag ttg gag ttg gat tat gtc cgc gcc aac act ttg gaa atc gtt gat 211
Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr Leu Glu Ile Val Asp

25 30 35
ggc aag ctg acc ggc aac gtc acc gga aag atc gtt gac cgc gct gcg 259
Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile Val Asp Arg Ala Ala

40 45 50
aag gct gag ttc ctc cgt gag ttc gct gcg gat tct ggc ctg aag atg 307
Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp Ser Gly Leu Lys Met

55 60 65
tac cag act gtc gct gtc ggt gat ggc gct aat gac atc gat atg ctc 355
Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn Asp Ile Asp Met Leu

70 75 80 85
tcc gct gcg ggt ctg ggt gtt gct ttc aac gcg aag cct gcg ctg aag 403
Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala Lys Pro Ala Leu Lys

90 95 100
gag att gcg gat act tcc gtg aac cac cca ttc ctc gac gag gtt ttg 451
Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe Leu Asp Glu Val Leu

105 110 115
cac atc atg ggc att tcc cgc gac gag atc gat ctg gcg gat cag gaa 499
His Ile Met Gly Ile Ser Arg Asp Glu Ile Asp Leu Ala Asp Gln Glu

120 125 130
gac ggc act ttc cac cgc gtt cca ttg acc aat gcc taaagattcg 545
Asp Gly Thr Phe His Arg Val Pro Leu Thr Asn Ala

135 140 145
tttctcgacg ccc 558
<210> 158
<211> 145
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 158
Met Gly Tyr Gln Thr Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu
1 5 10 15
Glu Gly Leu Ala Glu Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr
20 25 30
Leu Glu Ile Val Asp Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile
35 40
45
Val Asp Arg Ala Ala Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp
50 55 60
Ser Gly Leu Lys Met Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn
65 70 75 80
85 90 95
Asp Ile Asp Met Leu Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala
Lys Pro Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe

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

Ala

145
 <210> 159
 <211> 205
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (72)..(182)
 <223> FRXA02759
 <400> 159
 tcttacttct aagctgaatg tgatattgcg attaagcggt ctggtttgcg gcgtcgttct 60
 aagcgtctgg t gtg ctt cga ttg tat ccc acg ttg atc act ggt gag gtc 110
 Val Leu Arg Leu Tyr Pro Thr Leu Ile Thr Gly Glu Val

1 5 10
 att gag atg ctg gcg gct cac gcg ggc aag gaa gct aaa gtt gcg gca 158
 Ile Glu Met Leu Ala Ala His Ala Gly Lys Glu Ala Lys Val Ala Ala

15 20 25
 gtt act gag cgt gcg atg cgc ggg tgagctcgat ttcgaggagt ctc 205
 Val Thr Glu Arg Ala Met Arg Gly

30 35
 <210> 160
 <211> 37
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 160
 Val Leu Arg Leu Tyr Pro Thr Leu Ile Thr Gly Glu Val Ile Glu Met
 1 5 10 15
 Leu Ala Ala His Ala Gly Lys Glu Ala Lys Val Ala Ala Val Thr Glu
 20 25 30
 Arg Ala Met Arg Gly

35
 <210> 161
 <211> 1188
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1165)
 <223> RXA02501
 <400> 161
 cgcccgaaa gctttaccat ggatacgata ctcaatggag atatccatta tcggtttggc 60
 gtctgtgcgc tcatgaacca ggaaggtttt tgtttgtctc atg agc tct gaa gga 115

Met Ser Ser Glu Gly

1 5

aga aac cac aac tgg gac tac gcc gcc atc ggc acc cca gag gat ttc 163
Arg Asn His Asn Trp Asp Tyr Ala Ala Ile Gly Thr Pro Glu Asp Phe

10 15 20

ctc gcc agc tgg agc gca tcc cgc gga aat cta cga cgc ttt ttc gaa 211
Leu Ala Ser Trp Ser Ala Ser Arg Gly Asn Leu Arg Arg Phe Phe Glu

25 30 35

gac cac gca gcc gcc ccc ata aac gat gcc gcc cag cgc caa gca ggt 259
Asp His Ala Ala Ala Pro Ile Asn Asp Ala Ala Gln Arg Gln Ala Gly

40 45 50

gaa gcc gca gca acc caa gcc gtc gca gcg atc tac ggc atg gag ctc 307
Glu Ala Ala Ala Thr Gln Ala Val Ala Ala Ile Tyr Gly Met Glu Leu

55 60 65

aac gaa ttc aac gca ggt gtc gac gcc gtc gcc ggc gcc atc gaa tct 355
Asn Glu Phe Asn Ala Gly Val Asp Ala Val Ala Gly Ala Ile Glu Ser

70 75 80 85

gcc ggc gcc atc cac gtc agc atc ccc gat ccc gat gtc ccc caa gat 403
Ala Gly Ala Ile His Val Ser Ile Pro Asp Pro Asp Val Pro Gln Asp

90 95 100

gtc gga gcc gca gca ttt ttc gac gtc gac aac acc ctc atc caa ggc 451
Val Gly Ala Ala Ala Phe Phe Asp Val Asp Asn Thr Leu Ile Gln Gly

105 110 115

tcc tcc ctc atc gtt ttc gcc caa gga ctc ttc cgg aag aaa ttc ttc 499
Ser Ser Leu Ile Val Phe Ala Gln Gly Leu Phe Arg Lys Lys Phe Phe

120 125 130

acc atc aaa gaa atc ctc ccc gtg gtg tgg aaa caa gtg aaa ttc aaa 547
Thr Ile Lys Glu Ile Leu Pro Val Val Trp Lys Gln Val Lys Phe Lys

135 140 145

ctc acc ggc tcc gaa aac gcc gac gac gtc tcc cgc ggc cgc gaa caa 595
Leu Thr Gly Ser Glu Asn Ala Asp Asp Val Ser Arg Gly Arg Glu Gln

150 155 160 165

gcc ctc gaa ttc atc aaa ggc cgc ccc gtc caa gaa cta gtt gac ctc 643
Ala Leu Glu Phe Ile Lys Gly Arg Pro Val Gln Glu Leu Val Asp Leu

170 175 180

tgc gaa gaa atc gtc gac caa cgc atg gcc gac aaa atg tgg ccc ggc 691
Cys Glu Glu Ile Val Asp Gln Arg Met Ala Asp Lys Met Trp Pro Gly

185 190 195

acc aaa caa ctc gcc gac atg cac atc gcc gcc ggc cac caa gtc tgg 739
Thr Lys Gln Leu Ala Asp Met His Ile Ala Ala Gly His Gln Val Trp

200 205 210

ctc gtc tcc gca acc ccc gtc caa ctc gcc caa atc ctg gca caa cgc 787

Leu Val Ser Ala Thr Pro Val Gln Leu Ala Gln Ile Leu Ala Gln Arg

215 220 225
ctc ggc ttc acc gga gcg atc ggc aca gtc gca gaa gca aaa gat gga 835
Leu Gly Phe Thr Gly Ala Ile Gly Thr Val Ala Glu Ala Lys Asp Gly

230 235 240 245
gta ttc acc ggc cga ctc gtc ggc gac atc ctc cac gga ccc ggc aaa 883
Val Phe Thr Gly Arg Leu Val Gly Asp Ile Leu His Gly Pro Gly Lys

250 255 260
aga cac gca gtc gca gca ctc gca tcc atc gaa caa ctc gac ctc acc 931
Arg His Ala Val Ala Ala Leu Ala Ser Ile Glu Gln Leu Asp Leu Thr

265 270 275
cga tgc acc gcc tac tcc gac tcc atc aac gac ctc ccc atg ctc tcc 979
Arg Cys Thr Ala Tyr Ser Asp Ser Ile Asn Asp Leu Pro Met Leu Ser

280 285 290
atg gtc ggc acc gcc gtc gca gta aac ccc gac tcc aaa ctc cgc aaa 1027
Met Val Gly Thr Ala Val Ala Val Asn Pro Asp Ser Lys Leu Arg Lys

295 300 305
gaa gcc gaa acc cga ggc tgg gac gtc cgc gat ttc cga agc atc cgc 1075
Glu Ala Glu Thr Arg Gly Trp Asp Val Arg Asp Phe Arg Ser Ile Arg

310 315 320 325
aaa gcc acc cgc gaa tac gga atc ccc gcc ctg gtc acc gcc gca ttc 1123
Lys Ala Thr Arg Glu Tyr Gly Ile Pro Ala Leu Val Thr Ala Ala Phe

330 335 340
agt gtc gcc ggc tgg agt cta cgc cgc cga tgg aga aaa caa 1165
Ser Val Ala Gly Trp Ser Leu Arg Arg Arg Trp Arg Lys Gln

345 350 355
taacgcacag gagccgtttt aag 1188
<210> 162
<211> 355
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 162
Met Ser Ser Glu Gly Arg Asn His Asn Trp Asp Tyr Ala Ala Ile Gly
1 5 10 15
Thr Pro Glu Asp Phe Leu Ala Ser Trp Ser Ala Ser Arg Gly Asn Leu
20 25 30
Arg Arg Phe Phe Glu Asp His Ala Ala Ala Pro Ile Asn Asp Ala Ala
35 40
45
Gln Arg Gln Ala Gly Glu Ala Ala Ala Thr Gln Ala Val Ala Ala Ile
50 55 60
Tyr Gly Met Glu Leu Asn Glu Phe Asn Ala Gly Val Asp Ala Val Ala
65 70 75 80

Gly Ala Ile Glu Ser Ala Gly Ala Ile His Val Ser Ile Pro Asp Pro
85 90 95
Asp Val Pro Gln Asp Val Gly Ala Ala Ala Phe Phe Asp Val Asp Asn

100 105 110
 Thr Leu Ile Gln Gly Ser Ser Leu Ile Val Phe Ala Gln Gly Leu Phe
 115 120 125
 Arg Lys Lys Phe Phe Thr Ile Lys Glu Ile Leu Pro Val Val Trp Lys
 130 135 140

Gln Val Lys Phe Lys Leu Thr Gly Ser Glu Asn Ala Asp Asp Val Ser
 145 150 155 160

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

Ile Leu Ala Gln Arg Leu Gly Phe Thr Gly Ala Ile Gly Thr Val Ala
 225 230 235 240

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

Ser Lys Leu Arg Lys Glu Ala Glu Thr Arg Gly Trp Asp Val Arg Asp
 305 310 315 320

Phe Arg Ser Ile Arg Lys Ala Thr Arg Glu Tyr Gly Ile Pro Ala Leu
 325 330 335
 Val Thr Ala Ala Phe Ser Val Ala Gly Trp Ser Leu Arg Arg Arg Trp
 340 345 350
 Arg Lys Gln

355
 <210> 163
 <211> 558
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(535)
 <223> RXN03105
 <400> 163
 ggttggggtc atcaaaggat gcggacatcg ctgtgggggtt gtgtaataat tgcacctgtg 60
 aggtgccttt ctggcagggtg aatcaggact ctaagcaagc ttg att ctt cca gtt 115
 Leu Ile Leu Pro Val

1 5
 cag gag ggc att tcc tat ttt ccc acg ccg tta cac ctg aat cac atc 163

Gln Glu Gly Ile Ser Tyr Phe Pro Thr Pro Leu His Leu Asn His Ile

10 15 20
 ggt gga tcc agg tta agc gca cat gta gaa gat gaa gat ctc cgc ctc 211
 Gly Gly Ser Arg Leu Ser Ala His Val Glu Asp Glu Asp Leu Arg Leu

25 30 35
 gac cgg gac gca gtc tct gaa ttt ggt cgg aaa acc cac gaa ctc ttc 259
 Asp Arg Asp Ala Val Ser Glu Phe Gly Arg Lys Thr His Glu Leu Phe

40 45 50
 ccc ggg gtc aac cca gag ccc aac cgt ttc agc gtc cac tat gac acc 307
 Pro Gly Val Asn Pro Glu Pro Asn Arg Phe Ser Val His Tyr Asp Thr

55 60 65
 tac act gca gac aaa tct cca att atc gac gcg gtt gac aat gtc att 355
 Tyr Thr Ala Asp Lys Ser Pro Ile Ile Asp Ala Val Asp Asn Val Ile

70 75 80 85
 gtg ctc acc gga gga tcc gga cac gcc ttc aag ctc tct cca gct tat 403
 Val Leu Thr Gly Gly Ser Gly His Ala Phe Lys Leu Ser Pro Ala Tyr

90 95 100
 ggc gaa ctc gca gca caa cga gcg gtc gga aac acc tcg ccg ctg tac 451
 Gly Glu Leu Ala Ala Gln Arg Ala Val Gly Asn Thr Ser Pro Leu Tyr

105 110 115
 agc gaa gac ttt cgg atc gcc tcg cat gaa cca atc aaa gag cgg tgc 499
 Ser Glu Asp Phe Arg Ile Ala Ser His Glu Pro Ile Lys Glu Arg Cys

120 125 130
 acg tat aga aag cta acc ttt tta agt gcg cgg ttt taggggtgaga 545
 Thr Tyr Arg Lys Leu Thr Phe Leu Ser Ala Arg Phe

135 140 145
 atctaacgct gag 558
 <210> 164
 <211> 145
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 164

Leu Ile Leu Pro Val Gln Glu Gly Ile Ser Tyr Phe Pro Thr Pro Leu
 1 5 10 15
 His Leu Asn His Ile Gly Gly Ser Arg Leu Ser Ala His Val Glu Asp
 20 25 30
 Glu Asp Leu Arg Leu Asp Arg Asp Ala Val Ser Glu Phe Gly Arg Lys
 35 40
 45
 Thr His Glu Leu Phe Pro Gly Val Asn Pro Glu Pro Asn Arg Phe Ser
 50 55 60
 Val His Tyr Asp Thr Tyr Thr Ala Asp Lys Ser Pro Ile Ile Asp Ala
 65 70 75 80

Val Asp Asn Val Ile Val Leu Thr Gly Gly Ser Gly His Ala Phe Lys
 85 90 95
 Leu Ser Pro Ala Tyr Gly Glu Leu Ala Ala Gln Arg Ala Val Gly Asn

```

100          105          110
Thr Ser Pro Leu Tyr Ser Glu Asp Phe Arg Ile Ala Ser His Glu Pro
115          120          125
Ile Lys Glu Arg Cys Thr Tyr Arg Lys Leu Thr Phe Leu Ser Ala Arg
130          135          140

Phe

145
<210> 165
<211> 687
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (62)..(664)
<223> RXS01130
<400> 165
agttcgtggc ggatgctgtg aacgtttccg gtggtcgcgt gggcgaagag gttctgtgtg 60
g atg gat ctg gct cgc aag ctt ggt ctt ctt gct ggc aag ctt gtc gac 109
Met Asp Leu Ala Arg Lys Leu Gly Leu Leu Ala Gly Lys Leu Val Asp

1          5          10          15
gcc gcc cca gtc tcc att gag gtt gag gct cga ggc gag ctt tct tcc 157
Ala Ala Pro Val Ser Ile Glu Val Glu Ala Arg Gly Glu Leu Ser Ser

20          25          30
gag cag gtc aat gca ctt ggt ttg tcc gct gtt cgt ggt ttg ttc tcc 205
Glu Gln Val Asn Ala Leu Gly Leu Ser Ala Val Arg Gly Leu Phe Ser

35          40          45
gga att atc gaa gag tcc gtt act ttc gtc aac gct cct cgc att gct 253
Gly Ile Ile Glu Glu Ser Val Thr Phe Val Asn Ala Pro Arg Ile Ala

50          55          60
gaa gag cgt ggc ctg gac atc tcc gtg aag acc aac tct gag tct gtt 301
Glu Glu Arg Gly Leu Asp Ile Ser Val Lys Thr Asn Ser Glu Ser Val

65          70          75          80
act cac cgt tcc gtc ctg cag gtc aag gtc att act ggc agc ggc gcg 349
Thr His Arg Ser Val Leu Gln Val Lys Val Ile Thr Gly Ser Gly Ala

85          90          95
agc gca act gtt gtt ggt gcc ctg act ggt ctt gag cgc gtt gag aag 397
Ser Ala Thr Val Val Gly Ala Leu Thr Gly Leu Glu Arg Val Glu Lys

100          105          110
atc acc cgc atc aat ggc cgt ggc ctg gat ctg cgc gca gag ggt ctg 445
Ile Thr Arg Ile Asn Gly Arg Gly Leu Asp Leu Arg Ala Glu Gly Leu

115          120          125
aac ctc ttc ctg cag tac act gac gct cct ggt gca ctg ggt acc gtt 493
Asn Leu Phe Leu Gln Tyr Thr Asp Ala Pro Gly Ala Leu Gly Thr Val

130          135          140

```

ggt acc aag ctg ggt gct gct ggc atc aac atc gag gct gct gcg ttg 541
Gly Thr Lys Leu Gly Ala Ala Gly Ile Asn Ile Glu Ala Ala Ala Leu

145 150 155 160
act cag gct gag aag ggt gac ggc gct gtc ctg atc ctg cgt gtt gag 589
Thr Gln Ala Glu Lys Gly Asp Gly Ala Val Leu Ile Leu Arg Val Glu

165 170 175
tcc gct gtc tct gaa gag ctg gaa gct gaa atc aac gct gag ttg ggt 637
Ser Ala Val Ser Glu Glu Leu Glu Ala Glu Ile Asn Ala Glu Leu Gly

180 185 190
gct act tcc ttc cag gtt gat ctt gac taattagaga tccatttgct 684
Ala Thr Ser Phe Gln Val Asp Leu Asp

195 200
tga 687

<210> 166

<211> 201

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 166

Met Asp Leu Ala Arg Lys Leu Gly Leu Leu Ala Gly Lys Leu Val Asp

1 5 10 15

Ala Ala Pro Val Ser Ile Glu Val Glu Ala Arg Gly Glu Leu Ser Ser

20 25 30

Glu Gln Val Asn Ala Leu Gly Leu Ser Ala Val Arg Gly Leu

Phe Ser

35 40 45

Gly Ile Ile Glu Glu Ser Val Thr Phe Val Asn Ala Pro Arg Ile Ala

50 55 60

Glu Glu Arg Gly Leu Asp Ile Ser Val Lys Thr Asn Ser Glu Ser Val

65 70 75 80

Thr His Arg Ser Val Leu Gln Val Lys Val Ile Thr Gly Ser Gly Ala

85 90 95

Ser Ala Thr Val Val Gly Ala Leu Thr Gly Leu Glu Arg Val Glu Lys

100 105 110

Ile Thr Arg Ile Asn Gly Arg Gly Leu Asp Leu Arg Ala Glu Gly Leu

115 120 125

Asn Leu Phe Leu Gln Tyr Thr Asp Ala Pro Gly Ala Leu Gly Thr Val

130 135 140

Gly Thr Lys Leu Gly Ala Ala Gly Ile Asn Ile Glu Ala Ala Ala Leu

145 150 155 160

Thr Gln Ala Glu Lys Gly Asp Gly Ala Val Leu Ile Leu Arg Val Glu

165 170 175

Ser Ala Val Ser Glu Glu Leu Glu Ala Glu Ile Asn Ala Glu Leu Gly

180 185 190

Ala Thr Ser Phe Gln Val Asp Leu Asp

195 200

<210> 167

<211> 604

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(604)

<223> RXS03112

<400> 167

gtgagcacgc aatttctttg ctgctgtcta ctgctcgcca gatcctgctg ctgatgcgac 60
gctgcgtgag ggcgagtgga agcgggtcttc tttcaacggt gtg gaa att ttc gga 115
Val Glu Ile Phe Gly

1 5
aaa act gtc ggt atc gtc ggt ttt ggc cac att ggt cag ttg ttt gct 163
Lys Thr Val Gly Ile Val Gly Phe Gly His Ile Gly Gln Leu Phe Ala

10 15 20
cag cgt ctt gct gcg ttt gag acc acc att gtt gct tac gat cct tac 211
Gln Arg Leu Ala Ala Phe Glu Thr Thr Ile Val Ala Tyr Asp Pro Tyr

25 30 35
gct aac cct gct cgt gcg gct cag ctg aac gtt gag ttg gtt gag ttg 259
Ala Asn Pro Ala Arg Ala Ala Gln Leu Asn Val Glu Leu Val Glu Leu

40 45 50
gat gag ctg atg agc cgt tct gac ttt gtc acc att cac ctt cct aag 307
Asp Glu Leu Met Ser Arg Ser Asp Phe Val Thr Ile His Leu Pro Lys

55 60 65
acc aag gaa act gct ggc atg ttt gat gcg cac ctc ctt gct aag tcc 355
Thr Lys Glu Thr Ala Gly Met Phe Asp Ala His Leu Leu Ala Lys Ser

70 75 80 85
aag aag ggc cag atc atc atc aac gct gct cgt ggt ggc ctt gtt gat 403
Lys Lys Gly Gln Ile Ile Ile Asn Ala Ala Arg Gly Gly Leu Val Asp

90 95 100
gag cag gct ttg gct gat gcg att gag tcc ggt cac att cgt ggc gct 451
Glu Gln Ala Leu Ala Asp Ala Ile Glu Ser Gly His Ile Arg Gly Ala

105 110 115
ggt ttc gat gtg tac tcc acc gag cct tgc act gat tct cct ttg ttc 499
Gly Phe Asp Val Tyr Ser Thr Glu Pro Cys Thr Asp Ser Pro Leu Phe

120 125 130
aag ttg cct cag gtt gtt gtg act cct cac ttg ggt gct tct act gaa 547
Lys Leu Pro Gln Val Val Val Thr Pro His Leu Gly Ala Ser Thr Glu

135 140 145
gag gct caa gat cgt gcg ggt act gac att gct gat tct gtg ctc aag 595
Glu Ala Gln Asp Arg Ala Gly Thr Asp Ile Ala Asp Ser Val Leu Lys

150 155 160 165
gcg ctg gct 604
Ala Leu Ala

<210> 168

<211> 168

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 168

```

Val Glu Ile Phe Gly Lys Thr Val Gly Ile Val Gly Phe Gly His Ile
  1             5             10            15
Gly Gln Leu Phe Ala Gln Arg Leu Ala Ala Phe Glu Thr Thr Ile Val
          20             25            30
Ala Tyr Asp Pro Tyr Ala Asn Pro Ala Arg Ala Ala Gln Leu Asn Val
        35             40            45
Glu Leu Val Glu Leu Asp Glu Leu
Met Ser Arg Ser Asp Phe Val Thr
      50             55            60
Ile His Leu Pro Lys Thr Lys Glu Thr Ala Gly Met Phe Asp Ala His
      65             70            75            80

```

```

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

```

```

Gly Ala Ser Thr Glu Glu Ala Gln Asp Arg Ala Gly Thr Asp Ile Ala
145             150            155            160

```

```

Asp Ser Val Leu Lys Ala Leu Ala
          165

```

<210> 169

<211> 1458

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1435)

<223> RXN00969

<400> 169

```

ctatagtggc taggtaccct ttttgttttg gacacatgta ggggtggccga aacaaagtaa 60
taggacaaca acgctcgacc gcgattattt ttggagaatc atg acc tca gca tct 115
                               Met Thr Ser Ala Ser

                               1             5
gcc cca agc ttt aac ccc ggc aag ggt ccc ggc tca gca gtc gga att 163
Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly Ser Ala Val Gly Ile

          10             15            20
gcc ctt tta gga ttc gga aca gtc ggc act gag gtg atg cgt ctg atg 211
Ala Leu Leu Gly Phe Gly Thr Val Gly Thr Glu Val Met Arg Leu Met

          25             30            35
acc gag tac ggt gat gaa ctt gcg cac cgc att ggt ggc cca ctg gag 259
Thr Glu Tyr Gly Asp Glu Leu Ala His Arg Ile Gly Gly Pro Leu Glu

          40             45            50
gtt cgt ggc att gct gtt tct gat atc tca aag cca cgt gaa ggc gtt 307

```

Val Arg Gly Ile Ala Val Ser Asp Ile Ser Lys Pro Arg Glu Gly Val

55 60 65
gca cct gag ctg ctc act gag gac gct ttt gca ctc atc gag cgc gag 355
Ala Pro Glu Leu Leu Thr Glu Asp Ala Phe Ala Leu Ile Glu Arg Glu

70 75 80 85
gat gtt gac atc gtc gtt gag gtt atc ggc ggc att gag tac cca cgt 403
Asp Val Asp Ile Val Val Glu Val Ile Gly Gly Ile Glu Tyr Pro Arg

90 95 100
gag gta gtt ctc gca gct ctg aag gcc ggc aag tct gtt gtt acc gcc 451
Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Lys Ala Gly Lys Ser Val Val Thr Ala

105 110 115
aat aag gct ctt gtt gca gct cac tct gct gag ctt gct gat gca gcg 499
Asn Lys Ala Leu Val Ala Ala His Ser Ala Glu Leu Ala Asp Ala Ala

120 125 130
gaa gcc gca aac gtt gac ctg tac ttc gag gct gct gtt gca tgc gca 547
Glu Ala Ala Asn Val Asp Leu Tyr Phe Glu Ala Ala Val Ala Cys Ala

135 140 145
att cca gtg gtt ggc cca ctg cgt cgc tcc ctg gct ggc gat cag atc 595
Ile Pro Val Val Gly Pro Leu Arg Arg Ser Leu Ala Gly Asp Gln Ile

150 155 160 165
cag tct gtg atg ggc atc gtt aac ggc acc acc aac ttc atc ttg gac 643
Gln Ser Val Met Gly Ile Val Asn Gly Thr Thr Asn Phe Ile Leu Asp

170 175 180
gcc atg gat tcc acc ggc gct gac tat gca gat tct ttg gct gag gca 691
Ala Met Asp Ser Thr Gly Ala Asp Tyr Ala Asp Ser Leu Ala Glu Ala

185 190 195
act cgt ttg ggt tac gcc gaa gct gat cca act gca aac gtc gaa ggc 739
Thr Arg Leu Gly Tyr Ala Glu Ala Asp Pro Thr Ala Asn Val Glu Gly

200 205 210
cat gac gcc gca tcc aag gct gca att ttg gca tgc atc gct ttc cac 787
His Asp Ala Ala Ser Lys Ala Ala Ile Leu Ala Cys Ile Ala Phe His

215 220 225
acc cgt gtt acc gcg gat gat gtg tac tgc gaa ggt att agg aac atc 835
Thr Arg Val Thr Ala Asp Asp Val Tyr Cys Glu Gly Ile Arg Asn Ile

230 235 240 245
aac gct gcc gac att gag gca gca cag cag gca ggc cac acc atc aag 883
Asn Ala Ala Asp Ile Glu Ala Ala Gln Gln Ala Gly His Thr Ile Lys

250 255 260
ttg ttg gcc atc tgt gag aag ttc acc aac aag gaa gga aag tcg gct 931
Leu Leu Ala Ile Cys Glu Lys Phe Thr Asn Lys Glu Gly Lys Ser Ala

265 270 275
att tct gct cgc gtg cac ccg act cta tta cct gtg tcc cac cca ctg 979

Ile Ser Ala Arg Val His Pro Thr Leu Leu Pro Val Ser His Pro Leu

280 285 290
gcg tcg gta aac aag tcc ttt aat gca atc ttt gtt gaa gca gaa gca 1027
Ala Ser Val Asn Lys Ser Phe Asn Ala Ile Phe Val Glu Ala Glu Ala

295 300 305
gct ggt cgc ctg atg ttc tac gga aac ggt gca ggt ggc gcg cca acc 1075
Ala Gly Arg Leu Met Phe Tyr Gly Asn Gly Ala Gly Gly Ala Pro Thr

310 315 320 325
gcg tct gct gtg ctt ggc gac gtc gtt ggt gcc gca cga aac aag gtg 1123
Ala Ser Ala Val Leu Gly Asp Val Val Gly Ala Ala Arg Asn Lys Val

330 335 340
cac ggt ggc cgt gct cca ggt gag tcc acc tac gct aac ctg ccg atc 1171
His Gly Gly Arg Ala Pro Gly Glu Ser Thr Tyr Ala Asn Leu Pro Ile

345 350 355
gct gat ttc ggt gag acc acc act cgt tac cac ctc gac atg gat gtg 1219
Ala Asp Phe Gly Glu Thr Thr Thr Arg Tyr His Leu Asp Met Asp Val

360 365 370
gaa gat cgc gtg ggg gtt ttg gct gaa ttg gct agc ctg ttc tct gag 1267
Glu Asp Arg Val Gly Val Leu Ala Glu Leu Ala Ser Leu Phe Ser Glu

375 380 385
caa gga atc tcc ctg cgt aca atc cga cag gaa gag cgc gat gat gat 1315
Gln Gly Ile Ser Leu Arg Thr Ile Arg Gln Glu Glu Arg Asp Asp Asp

390 395 400 405
gca cgt ctg atc gtg gtc acc cac tct gcg ctg gaa tct gat ctt tcc 1363
Ala Arg Leu Ile Val Val Thr His Ser Ala Leu Glu Ser Asp Leu Ser

410 415 420
cgc acc gtt gaa ctg ctg aag gct aag cct gtt gtt aag gca atc aac 1411
Arg Thr Val Glu Leu Leu Lys Ala Lys Pro Val Val Lys Ala Ile Asn

425 430 435
agt gtg atc cgc ctc gaa agg gac taatcttact gacatggcaa ttg 1458
Ser Val Ile Arg Leu Glu Arg Asp

440 445
<210> 170
<211> 445
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 170
Met Thr Ser Ala Ser Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly
1 5 10 15
Ser Ala Val Gly Ile Ala Leu Leu Gly Phe Gly Thr Val Gly Thr Glu
20 25 30
Val Met Arg Leu Met Thr Glu Tyr Gly Asp Glu Leu Ala His Arg Ile
35 40 45
Gly Gly Pro Leu Glu Val Arg Gly
Ile Ala Val Ser Asp Ile Ser Lys

50	55	60
Pro Arg Glu Gly Val	Ala Pro Glu Leu Leu Thr	Glu Asp Ala Phe Ala
65	70	75
80		
Leu Ile Glu Arg Glu Asp Val Asp Ile Val Val Glu Val Ile Gly Gly		
85	90	95
Ile Glu Tyr Pro Arg Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Lys Ala Gly Lys		
100	105	110
Ser Val Val Thr Ala Asn Lys Ala Leu Val Ala Ala His Ser Ala Glu		
115	120	125
Leu Ala Asp Ala Ala Glu Ala Ala Asn Val Asp Leu Tyr Phe Glu Ala		
130	135	140
Ala Val Ala Cys Ala Ile Pro Val Val Gly Pro Leu Arg Arg Ser Leu		
145	150	155
160		
Ala Gly Asp Gln Ile Gln Ser Val Met Gly Ile Val Asn Gly Thr Thr		
165	170	175
Asn Phe Ile Leu Asp Ala Met Asp Ser Thr Gly Ala Asp Tyr Ala Asp		
180	185	190
Ser Leu Ala Glu Ala Thr Arg Leu Gly Tyr Ala Glu Ala Asp Pro Thr		
195	200	205
Ala Asn Val Glu Gly His Asp Ala Ala Ser Lys Ala Ala Ile Leu Ala		
210	215	220
Cys Ile Ala Phe His Thr Arg Val Thr Ala Asp Asp Val Tyr Cys Glu		
225	230	235
240		
Gly Ile Arg Asn Ile Asn Ala Ala Asp Ile Glu Ala Ala Gln Gln Ala		
245	250	255
Gly His Thr Ile Lys Leu Leu Ala Ile Cys Glu Lys Phe Thr Asn Lys		
260	265	270
Glu Gly Lys Ser Ala Ile Ser Ala Arg Val His Pro Thr Leu Leu Pro		
275	280	285
Val Ser His Pro Leu Ala Ser Val Asn Lys Ser Phe Asn Ala Ile Phe		
290	295	300
Val Glu Ala Glu Ala Ala Gly Arg Leu Met Phe Tyr Gly Asn Gly Ala		
305	310	315
320		
Gly Gly Ala Pro Thr Ala Ser Ala Val Leu Gly Asp Val Val Gly Ala		
325	330	335
Ala Arg Asn Lys Val His Gly Gly Arg Ala Pro Gly Glu Ser Thr Tyr		
340	345	350
Ala Asn Leu Pro Ile Ala Asp Phe Gly Glu Thr Thr Thr Arg Tyr His		
355	360	365
Leu Asp Met Asp Val Glu Asp Arg Val Gly Val Leu Ala Glu Leu Ala		
370	375	380
Ser Leu Phe Ser Glu Gln Gly Ile Ser Leu Arg Thr Ile Arg Gln Glu		
385	390	395
400		
Glu Arg Asp Asp Asp Ala Arg Leu Ile Val Val Thr His Ser Ala Leu		
405	410	415
Glu Ser Asp Leu Ser Arg Thr Val Glu Leu Leu Lys Ala Lys Pro Val		
420	425	430

Val Lys Ala Ile Asn Ser Val Ile Arg Leu Glu Arg Asp

```

          435              440              445
<210> 171
<211> 493
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(493)
<223> FRXA00974
<400> 171
ctatagtggc taggtaccct ttttgttttg gacacatgta ggggtggccga aacaaagtaa 60
taggacaaca acgctcgacc gcgattatit ttggagaatc atg acc tca gca tct   115
                               Met Thr Ser Ala Ser

                               1              5
gcc cca agc ttt aac ccc ggc aag ggt ccc ggc tca gca gtc gga att   163
Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly Ser Ala Val Gly Ile

          10              15              20
gcc ctt tta gga ttc gga aca gtc ggc act gag gtg atg cgt ctg atg   211
Ala Leu Leu Gly Phe Gly Thr Val Gly Thr Glu Val Met Arg Leu Met

          25              30              35
acc gag tac ggt gat gaa ctt gcg cac cgc att ggt ggc cca ctg gag   259
Thr Glu Tyr Gly Asp Glu Leu Ala His Arg Ile Gly Gly Pro Leu Glu

          40              45              50
gtt cgt ggc att gct gtt tct gat atc tca aag cca cgt gaa ggc gtt   307
Val Arg Gly Ile Ala Val Ser Asp Ile Ser Lys Pro Arg Glu Gly Val

          55              60              65
gca cct gag ctg ctc act gag gac gct ttt gca ctc atc gag cgc gag   355
Ala Pro Glu Leu Leu Thr Glu Asp Ala Phe Ala Leu Ile Glu Arg Glu

          70              75              80              85
gat gtt gac atc gtc gtt gag gtt atc ggc ggc att gag tac cca cgt   403
Asp Val Asp Ile Val Val Glu Val Ile Gly Gly Ile Glu Tyr Pro Arg

          90              95              100
gag gta gtt ctc gca gct ctg aag gcc ggc aag tct gtt gtt acc gcc   451
Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Lys Ala Gly Lys Ser Val Val Thr Ala

          105              110              115
aat aag gct ctt gtt gca gct cac tct gct gag ctt gct gat           493
Asn Lys Ala Leu Val Ala Ala His Ser Ala Glu Leu Ala Asp

          120              125              130
<210> 172
<211> 131
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 172
Met Thr Ser Ala Ser Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly

```

[illegible]

Leu Arg Val Val Cys His Asn Asn Ile Pro Gln Ser Arg Gly Leu Gly

90 95 100
tcc tct gct gca gcg gcg gtt gct ggt gtt gct gca gct aat ggt ttg 451
Ser Ser Ala Ala Ala Ala Val Ala Gly Val Ala Ala Ala Asn Gly Leu

105 110 115
gcg gat ttc ccg ctg act caa gag cag att gtt cag ttg tcc tct gcc 499
Ala Asp Phe Pro Leu Thr Gln Glu Gln Ile Val Gln Leu Ser Ser Ala

120 125 130
ttt gaa ggc cac cca gat aat gct gcg gct tct gtg ctg ggt gga gca 547
Phe Glu Gly His Pro Asp Asn Ala Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Ala

135 140 145
gtg gtg tcg tgg aca aat ctg tct atc gac ggc aag agc cag cca cag 595
Val Val Ser Trp Thr Asn Leu Ser Ile Asp Gly Lys Ser Gln Pro Gln

150 155 160 165
tat gct gct gta cca ctt gag gtg cag gac aat att cgt gcg act gcg 643
Tyr Ala Ala Val Pro Leu Glu Val Gln Asp Asn Ile Arg Ala Thr Ala

170 175 180
ctg gtt cct aat ttc cac gca tcc acc gaa gct gtg cgc cga gtc ctt 691
Leu Val Pro Asn Phe His Ala Ser Thr Glu Ala Val Arg Arg Val Leu

185 190 195
ccc act gaa gtc act cac atc gat gcg cga ttt aac gtg tcc cgc gtt 739
Pro Thr Glu Val Thr His Ile Asp Ala Arg Phe Asn Val Ser Arg Val

200 205 210
gca gtg atg atc gtt gcg ttg cag cag cgt cct gat ttg ctg tgg gag 787
Ala Val Met Ile Val Ala Leu Gln Gln Arg Pro Asp Leu Leu Trp Glu

215 220 225
ggt act cgt gac cgt ctg cac cag cct tat cgt gca gaa gtg ttg cct 835
Gly Thr Arg Asp Arg Leu His Gln Pro Tyr Arg Ala Glu Val Leu Pro

230 235 240 245
att acc tct gag tgg gta aac cgc ctg cgc aac cgt ggc tac gcg gca 883
Ile Thr Ser Glu Trp Val Asn Arg Leu Arg Asn Arg Gly Tyr Ala Ala

250 255 260
tac ctt tcc ggt gcc gcc cca acc gcc atg gtg ctg tcc act gag cca 931
Tyr Leu Ser Gly Ala Gly Pro Thr Ala Met Val Leu Ser Thr Glu Pro

265 270 275
att cca gac aag gtt ttg gaa gat gct cgt gag tct ggc att aag gtg 979
Ile Pro Asp Lys Val Leu Glu Asp Ala Arg Glu Ser Gly Ile Lys Val

280 285 290
ctt gag ctt gag gtt gcg gga cca gtc aag gtt gaa gtt aac caa cct 1027
Leu Glu Leu Glu Val Ala Gly Pro Val Lys Val Glu Val Asn Gln Pro

295 300 305
taggcccaac aaggaaggcc ccc 1050

<210> 174
 <211> 309
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <400> 174
 Met Ala Ile Glu Leu Asn Val Gly Arg Lys Val Thr Val Thr Val Pro
 1 5 10 15
 Gly Ser Ser Ala Asn Leu Gly Pro Gly Phe Asp Thr Leu Gly Leu Ala
 20 25 30
 Leu Ser Val Tyr Asp Thr
 Val Glu Val Glu Ile Ile Pro Ser Gly Leu
 35 40 45
 Glu Val Glu Val Phe Gly Glu Gly Gln Gly Glu Val Pro Leu Asp Gly
 50 55 60
 Ser His Leu Val Val Lys Ala Ile Arg Ala Gly Leu Lys Ala Ala Asp
 65 70 75 80

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

 Val Leu Gly Gly Ala Val Val Ser Trp Thr Asn Leu Ser Ile Asp Gly
 145 150 155 160

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

 Asp Leu Leu Trp Glu Gly Thr Arg Asp Arg Leu His Gln Pro Tyr Arg
 225 230 235 240

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

 Glu Val Asn Gln Pro

305
 <210> 175
 <211> 1566
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1543)

<223> RXA00330

<400> 175

gcaacacttt agggatatcgc gtgggcgaag tcaccttttt caacatatat gagacgggtgt 60
gggggagtat tgtgtcaccc cttgggatag ggttatatcc gtg gac tac att tcg 115
Val Asp Tyr Ile Ser

1 5
acg cgt gat gcc agc cgt acc cct gcc cgc ttc agt gat att ttg ctg 163
Thr Arg Asp Ala Ser Arg Thr Pro Ala Arg Phe Ser Asp Ile Leu Leu

10 15 20
ggc ggt cta gca cca gac ggc gga ctg tac ctg cct gca acc tac cct 211
Gly Gly Leu Ala Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Pro Ala Thr Tyr Pro

25 30 35
caa cta gat gat gcc cag ctg agt aaa tgg cgt gag gta tta gcc aac 259
Gln Leu Asp Asp Ala Gln Leu Ser Lys Trp Arg Glu Val Leu Ala Asn

40 45 50
gaa gga tac gca gct ttg gct gct gaa gtt atc tcc ctg ttt gtt gat 307
Glu Gly Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Val Ile Ser Leu Phe Val Asp

55 60 65
gac atc cca gta gaa gac atc aag gcg atc acc gca cgc gcc tac acc 355
Asp Ile Pro Val Glu Asp Ile Lys Ala Ile Thr Ala Arg Ala Tyr Thr

70 75 80 85
tac ccg aag ttc aac agc gaa gac atc gtt cct gtc acc gaa ctc gag 403
Tyr Pro Lys Phe Asn Ser Glu Asp Ile Val Pro Val Thr Glu Leu Glu

90 95 100
gac aac att tac ctg ggc cac ctt tcc gaa ggc cca acc gct gca ttc 451
Asp Asn Ile Tyr Leu Gly His Leu Ser Glu Gly Pro Thr Ala Ala Phe

105 110 115
aaa gac atg gcc atg cag ctg ctc ggc gaa ctt ttc gaa tac gag ctt 499
Lys Asp Met Ala Met Gln Leu Leu Gly Glu Leu Phe Glu Tyr Glu Leu

120 125 130
cgc cgc cgc aac gaa acc atc aac atc ctg ggc gct acc tct ggc gat 547
Arg Arg Arg Asn Glu Thr Ile Asn Ile Leu Gly Ala Thr Ser Gly Asp

135 140 145
acc ggc tcc tct gcg gaa tac gcc atg cgc ggc cgc gag gga atc cgc 595
Thr Gly Ser Ser Ala Glu Tyr Ala Met Arg Gly Arg Glu Gly Ile Arg

150 155 160 165
gta ttc atg ctg acc cca gct ggc cgc atg acc cca ttc cag caa gca 643
Val Phe Met Leu Thr Pro Ala Gly Arg Met Thr Pro Phe Gln Gln Ala

170 175 180
cag atg ttt ggc ctt gac gat cca aac atc ttc aac atc gcc ctc gac 691

Gln Met Phe Gly Leu Asp Asp Pro Asn Ile Phe Asn Ile Ala Leu Asp

185 190 195
 ggc gtt ttc gac gat tgc caa gac gta gtc aag gct gtc tcc gcc gac 739
 Gly Val Phe Asp Asp Cys Gln Asp Val Val Lys Ala Val Ser Ala Asp

200 205 210
 gca gaa ttc aaa aaa gac aac cgc atc ggt gcc gtg aac tcc atc aac 787
 Ala Glu Phe Lys Lys Asp Asn Arg Ile Gly Ala Val Asn Ser Ile Asn

215 220 225
 tgg gca cgc ctt atg gca cag gtt gtg tac tac gtt tcc tca tgg atc 835
 Trp Ala Arg Leu Met Ala Gln Val Val Tyr Tyr Val Ser Ser Trp Ile

230 235 240 245
 cgc acc aca acc agc aat gac caa aag gtc agc ttc tcc gta cca acc 883
 Arg Thr Thr Thr Ser Asn Asp Gln Lys Val Ser Phe Ser Val Pro Thr

250 255 260
 ggc aac ttc ggt gac att tgc gca ggc cac atc gcc cgc caa atg gga 931
 Gly Asn Phe Gly Asp Ile Cys Ala Gly His Ile Ala Arg Gln Met Gly

265 270 275
 ctt ccc atc gat cgc ctc atc gtg gcc acc aac gaa aac gat gtg ctc 979
 Leu Pro Ile Asp Arg Leu Ile Val Ala Thr Asn Glu Asn Asp Val Leu

280 285 290
 gac gag ttc ttc cgt acc ggc gac tac cga gtc cgc agc tcc gca gac 1027
 Asp Glu Phe Phe Arg Thr Gly Asp Tyr Arg Val Arg Ser Ser Ala Asp

295 300 305
 acc cac gag acc tcc tca cct tgc atg gat atc tcc cgc gcc tcc aac 1075
 Thr His Glu Thr Ser Ser Pro Ser Met Asp Ile Ser Arg Ala Ser Asn

310 315 320 325
 ttc gag cgt ttc atc ttc gac ctg ctc ggc cgc gac gcc acc cgc gtc 1123
 Phe Glu Arg Phe Ile Phe Asp Leu Leu Gly Arg Asp Ala Thr Arg Val

330 335 340
 aac gat cta ttt ggt acc cag gtt cgc caa ggc gga ttc tca ctg gct 1171
 Asn Asp Leu Phe Gly Thr Gln Val Arg Gln Gly Gly Phe Ser Leu Ala

345 350 355
 gat gac gcc aac ttt gag aag gct gca gca gaa tac ggt ttc gcc tcc 1219
 Asp Asp Ala Asn Phe Glu Lys Ala Ala Ala Glu Tyr Gly Phe Ala Ser

360 365 370
 gga cga tcc acc cat gct gac cgt gtg gca acc atc gct gac gtg cat 1267
 Gly Arg Ser Thr His Ala Asp Arg Val Ala Thr Ile Ala Asp Val His

375 380 385
 tcc cgc ctc gac gta cta atc gat ccc cac acc gcc gac ggc gtt cac 1315
 Ser Arg Leu Asp Val Leu Ile Asp Pro His Thr Ala Asp Gly Val His

390 395 400 405

gtg gca cgc cag tgg agg gac gag gtc aac acc cca atc atc gtc cta 1363
Val Ala Arg Gln Trp Arg Asp Glu Val Asn Thr Pro Ile Ile Val Leu

410 415 420
gaa act gca ctc cca gtg aaa ttt gcc gac acc atc gtc gaa gca att 1411
Glu Thr Ala Leu Pro Val Lys Phe Ala Asp Thr Ile Val Glu Ala Ile

425 430 435
ggt gaa gca cct caa act cca gag cgt ttc gcc gcg atc atg gat gct 1459
Gly Glu Ala Pro Gln Thr Pro Glu Arg Phe Ala Ala Ile Met Asp Ala

440 445 450
cca ttc aag gtt tcc gac cta cca aac gac acc gat gca gtt aag cag 1507
Pro Phe Lys Val Ser Asp Leu Pro Asn Asp Thr Asp Ala Val Lys Gln

455 460 465
tac ata gtc gat gcg att gca aac act tcc gtg aag taacttgctt 1553
Tyr Ile Val Asp Ala Ile Ala Asn Thr Ser Val Lys

470 475 480
tacgcccaagg cct 1566
<210> 176
<211> 481
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 176
Val Asp Tyr Ile Ser Thr Arg Asp Ala Ser Arg Thr Pro Ala Arg Phe
1 5 10 15
Ser Asp Ile Leu Leu Gly Gly Leu Ala Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu
20 25 30
Pro Ala Thr Tyr Pro Gln Leu Asp Asp Ala
Gln Leu Ser Lys Trp Arg
35 40 45
Glu Val Leu Ala Asn Glu Gly Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Val Ile
50 55 60
Ser Leu Phe Val Asp Asp Ile Pro Val Glu Asp Ile Lys Ala Ile Thr
65 70 75 80
Ala Arg Ala Tyr Thr Tyr Pro Lys Phe Asn Ser Glu Asp Ile Val Pro
85 90 95
Val Thr Glu Leu Glu Asp Asn Ile Tyr Leu Gly His Leu Ser Glu Gly
100 105 110
Pro Thr Ala Ala Phe Lys Asp Met Ala Met Gln Leu Leu Gly Glu Leu
115 120 125
Phe Glu Tyr Glu Leu Arg Arg Arg Asn Glu Thr Ile Asn Ile Leu Gly
130 135 140
Ala Thr Ser Gly Asp Thr Gly Ser Ser Ala Glu Tyr Ala Met Arg Gly
145 150 155 160
Arg Glu Gly Ile Arg Val Phe Met Leu Thr Pro Ala Gly Arg Met Thr
165 170 175
Pro Phe Gln Gln Ala Gln Met Phe Gly Leu Asp Asp Pro Asn Ile Phe
180 185 190
Asn Ile Ala Leu Asp Gly Val Phe Asp Asp Cys Gln Asp Val Val Lys
195 200 205
Ala Val Ser Ala Asp Ala Glu Phe Lys Lys Asp Asn Arg Ile Gly Ala

210	215	220
Val Asn Ser Ile Asn Trp Ala Arg Leu Met Ala Gln Val Val Tyr Tyr		
225	230	235 240
Val Ser Ser Trp Ile Arg Thr Thr Thr Ser Asn Asp Gln Lys Val Ser		
	245	250 255
Phe Ser Val Pro Thr Gly Asn Phe Gly Asp Ile Cys Ala Gly His Ile		
	260	265 270
Ala Arg Gln Met Gly Leu Pro Ile Asp Arg Leu Ile Val Ala Thr Asn		
	275	280 285
Glu Asn Asp Val Leu Asp Glu Phe Phe Arg Thr Gly Asp Tyr Arg Val		
	290	295 300
Arg Ser Ser Ala Asp Thr His Glu Thr Ser Ser Pro Ser Met Asp Ile		
305	310	315 320
Ser Arg Ala Ser Asn Phe Glu Arg Phe Ile Phe Asp Leu Leu Gly Arg		
	325	330 335
Asp Ala Thr Arg Val Asn Asp Leu Phe Gly Thr Gln Val Arg Gln Gly		
	340	345 350
Gly Phe Ser Leu Ala Asp Asp Ala Asn Phe Glu Lys Ala Ala Ala Glu		
	355	360 365
Tyr Gly Phe Ala Ser Gly Arg Ser Thr His Ala Asp Arg Val Ala Thr		
	370	375 380
Ile Ala Asp Val His Ser Arg Leu Asp Val Leu Ile Asp Pro His Thr		
385	390	395 400
Ala Asp Gly Val His Val Ala Arg Gln Trp Arg Asp Glu Val Asn Thr		
	405	410 415
Pro Ile Ile Val Leu Glu Thr Ala Leu Pro Val Lys Phe Ala Asp Thr		
	420	425 430
Ile Val Glu Ala Ile Gly Glu Ala Pro Gln Thr Pro Glu Arg Phe Ala		
	435	440 445
Ala Ile Met Asp Ala Pro Phe Lys Val Ser Asp Leu Pro Asn Asp Thr		
	450	455 460
Asp Ala Val Lys Gln Tyr Ile Val Asp Ala Ile Ala Asn Thr Ser Val		
465	470	475 480

Lys

<210> 177

<211> 1254

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1231)

<223> RXN00403

<400> 177

tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat aactggacg 60
aagtttttagt cttgtccacc cagaacaggc ggttatatttc atg ccc acc etc 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
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
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> 178
 <211> 377
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 178
 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
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
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
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> 179

<211> 1210

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1210)

<223> FRXA00403

<400> 179

tttttcagac tcgtgagaat gcaaaactaga ctagacagag ctgtccatat aactggacg 60
aagtttttagt cttgtccacc cagaacaggc ggttatatttc 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> 180
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 180
 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> 181
 <211> 771
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS

<222> (101)..(748)

<223> RXC01207

<400> 181

cttcatgac tcaccggcag agcgcgtttt gttacagcgc gtaaacgtgt 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 tgc 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> 182
<211> 216
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 182
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> 183
<211> 1419
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1396)
<223> RXC00152
<400> 183
gtcattgata tccaaggcac gaccgcgatt gtatggaaag aagcctaaat ttttaacaat 60

```

caaatagtagc tggccattcc caactaaaac tggagtaacg atg aca gga cta atc 115
 Met Thr Gly Leu Ile

 1 5
 ctc gcc ata gtt ttc ctg gtc ttt gtc gcc gtc gtg gtg atc aag tcc 163
 Leu Ala Ile Val Phe Leu Val Phe Val Ala Val Val Val Ile Lys Ser

 10 15 20
 ata gcc ctg att ccc cag ggt gaa gcc gcc gtc att gaa cgc ctt ggt 211
 Ile Ala Leu Ile Pro Gln Gly Glu Ala Ala Val Ile Glu Arg Leu Gly

 25 30 35
 agc tac acc cgc acc gtt tca ggt ggc ctg acc ctg ctg gtt cca ttc 259
 Ser Tyr Thr Arg Thr Val Ser Gly Gly Leu Thr Leu Leu Val Pro Phe

 40 45 50
 gtg gac cga gta cgc gca agg atc gac acc cgt gag cgc gtg gtc tca 307
 Val Asp Arg Val Arg Ala Arg Ile Asp Thr Arg Glu Arg Val Val Ser

 55 60 65
 ttc cca ccg cag gct gtt att acc caa gac aac ctg acc gtg gcc atc 355
 Phe Pro Pro Gln Ala Val Ile Thr Gln Asp Asn Leu Thr Val Ala Ile

 70 75 80 85
 gat atc gtg gtg acc ttc caa atc aac gaa cca gag cgc gcc atc tac 403
 Asp Ile Val Val Thr Phe Gln Ile Asn Glu Pro Glu Arg Ala Ile Tyr

 90 95 100
 ggc gtg gac aac tac atc gtc ggt gtg gag cag att tct gta gca aca 451
 Gly Val Asp Asn Tyr Ile Val Gly Val Glu Gln Ile Ser Val Ala Thr

 105 110 115
 ctt cga gac gtt gtc ggt ggc atg acc ctg gaa gaa acc ctc act tca 499
 Leu Arg Asp Val Val Gly Gly Met Thr Leu Glu Glu Thr Leu Thr Ser

 120 125 130
 cgt gac gtg atc aac cgc cgc ctc cgt ggc gag ctc gat gca gca acc 547
 Arg Asp Val Ile Asn Arg Arg Leu Arg Gly Glu Leu Asp Ala Ala Thr

 135 140 145
 acc aaa tgg ggc ctg cgc atc agc cgt gtg gaa cta aag gca att gat 595
 Thr Lys Trp Gly Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Leu Lys Ala Ile Asp

 150 155 160 165
 ccg cca cca tcc atc cag caa tcg atg gaa aag cag atg aag gca gac 643
 Pro Pro Pro Ser Ile Gln Gln Ser Met Glu Lys Gln Met Lys Ala Asp

 170 175 180
 cgt gaa aag cgc gcc acc att ttg acc gca gaa ggt cag cgc gaa gcc 691
 Arg Glu Lys Arg Ala Thr Ile Leu Thr Ala Glu Gly Gln Arg Glu Ala

 185 190 195
 gac atc aaa act gcc gaa ggt gaa aag caa gcc aag atc ctc caa gct 739
 Asp Ile Lys Thr Ala Glu Gly Glu Lys Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ala

 200 205 210

gag ggt gaa aag cac gca tcc atc ctg aac gca gaa gca gaa cgc caa 787
Glu Gly Glu Lys His Ala Ser Ile Leu Asn Ala Glu Ala Glu Arg Gln

215 220 225
gcg atg atc ctg cgc gcc gaa ggt gaa cgc gca gca cgc tac ctc cag 835
Ala Met Ile Leu Arg Ala Glu Gly Glu Arg Ala Ala Arg Tyr Leu Gln

230 235 240 245
gcg cag ggt gaa gcc cga gca atc caa aag gtc aac gca gca atc aag 883
Ala Gln Gly Glu Ala Arg Ala Ile Gln Lys Val Asn Ala Ala Ile Lys

250 255 260
tct gcc aag ttg acc cca gag gtt ctt gct tat caa tac ctc gaa aag 931
Ser Ala Lys Leu Thr Pro Glu Val Leu Ala Tyr Gln Tyr Leu Glu Lys

265 270 275
ctt cct aag atc gca gag ggc aac gcc tcc aag atg tgg gtc atc cca 979
Leu Pro Lys Ile Ala Glu Gly Asn Ala Ser Lys Met Trp Val Ile Pro

280 285 290
agc cag ttc tcc gat tct ctg gaa ggt ttt gcg aag cag ttc ggc gca 1027
Ser Gln Phe Ser Asp Ser Leu Glu Gly Phe Ala Lys Gln Phe Gly Ala

295 300 305
aag gat gca gaa ggt gtc ttc cgc tac gaa cca aac acc gtg gat gaa 1075
Lys Asp Ala Glu Gly Val Phe Arg Tyr Glu Pro Asn Thr Val Asp Glu

310 315 320 325
gaa acc cgc gac atc gca aac gcc gac aac gtg gaa gac tgg ttc tcc 1123
Glu Thr Arg Asp Ile Ala Asn Ala Asp Asn Val Glu Asp Trp Phe Ser

330 335 340
acc gaa tca gac cct gaa atc gca gca gca gtc gcc gca gca aac gcc 1171
Thr Glu Ser Asp Pro Glu Ile Ala Ala Ala Val Ala Ala Ala Asn Ala

345 350 355
gtg gcc aac aag cca gtc gat cca gaa ccc ggt gag atc ctt tcc aag 1219
Val Ala Asn Lys Pro Val Asp Pro Glu Pro Gly Glu Ile Leu Ser Lys

360 365 370
aag acc gca cga cgc gtt gaa cct gaa gca gta ttg gag gct ttg caa 1267
Lys Thr Ala Arg Arg Val Glu Pro Glu Ala Val Leu Glu Ala Leu Gln

375 380 385
aac gga acc act aca caa cct gag gtt gag gca gca cct cct acc gca 1315
Asn Gly Thr Thr Thr Gln Pro Glu Val Glu Ala Ala Pro Pro Thr Ala

390 395 400 405
aac ttc gcc caa gaa ttc cct gca cca cag gca aac cct gaa gat tac 1363
Asn Phe Ala Gln Glu Phe Pro Ala Pro Gln Ala Asn Pro Glu Asp Tyr

410 415 420
tcc gac caa cac cga gag aat cct tac gga aac taatcaggca taagaaaagg 1416
Ser Asp Gln His Arg Glu Asn Pro Tyr Gly Asn

425 430

cgg

1419

<210> 184

<211> 432

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 184

Met Thr Gly Leu Ile Leu Ala Ile Val Phe Leu Val Phe Val Ala Val
 1 5 10 15
 Val Val Ile Lys Ser Ile Ala Leu Ile Pro Gln Gly Glu Ala Ala Val
 20 25 30
 Ile Glu Arg Leu Gly Ser Tyr Thr Arg Thr Val
 Ser Gly Gly Leu Thr
 35 40 45
 Leu Leu Val Pro Phe Val Asp Arg Val Arg Ala Arg Ile Asp Thr Arg
 50 55 60
 Glu Arg Val Val Ser Phe Pro Pro Gln Ala Val Ile Thr Gln Asp Asn
 65 70 75 80

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

Leu Asp Ala Ala Thr Thr Lys Trp Gly Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu
 145 150 155 160

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

Glu Ala Glu Arg Gln Ala Met Ile Leu Arg Ala Glu Gly Glu Arg Ala
 225 230 235 240

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

Lys Gln Phe Gly Ala Lys Asp Ala Glu Gly Val Phe Arg Tyr Glu Pro
 305 310 315 320

Asn Thr Val Asp Glu Glu Thr Arg Asp Ile Ala Asn Ala Asp Asn Val
 325 330 335
 Glu Asp Trp Phe Ser Thr Glu Ser Asp Pro Glu Ile Ala Ala Ala Val

340 345 350
 Ala Ala Ala Asn Ala Val Ala Asn Lys Pro Val Asp Pro Glu Pro Gly
 355 360 365
 Glu Ile Leu Ser Lys Lys Thr Ala Arg Arg Val Glu Pro Glu Ala Val
 370 375 380
 Leu Glu Ala Leu Gln Asn Gly Thr Thr Thr Gln Pro Glu Val Glu Ala
 385 390 395 400
 Ala Pro Pro Thr Ala Asn Phe Ala Gln Glu Phe Pro Ala Pro Gln Ala
 405 410 415
 Asn Pro Glu Asp Tyr Ser Asp Gln His Arg Glu Asn Pro Tyr Gly Asn
 420 425 430
 <210> 185
 <211> 1170
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1147)
 <223> RXA00115
 <400> 185
 tggattctcg agtctgtaca cccttgatca aagcccgagt gttccgtaga ttaactttgt 60
 cgtatattgt gacctacacc ccatactggt 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 tgc 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 tgc 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> 186

<211> 349

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 186

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 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> 187				
<211> 1254				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (101)..(1231)				
<223> RXN00403				
<400> 187				
tttttcagac tcgtgagaat gcaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg	60			
aagttttagt ctgtccacc 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	
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> 188
<211> 377
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 188
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 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> 189
<211> 1210
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1210)
<223> FRXA00403
<400> 189

tttttcagac tcgtgagaat gcaaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60
aagtttttagt ctgtgccacc cagaacaggc gggtatttttc 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> 190
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 190
 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 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> 191

<211> 687

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(664)

<223> RXS03158

<400> 191

caaagctcac cgaaggcacc aacgccaaagt tggttgttga caacaccttg gcatecccat 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> 192
<211> 188
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 192
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> 193
<211> 617
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(594)

<223> FRXA00254

<400> 193

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
ggc 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 ttggcgga gca 617

Gln Ala Leu Asn Asn Leu

195
 <210> 194
 <211> 198
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 194
 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> 195
 <211> 1170
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1147)
 <223> RXA02532
 <400> 195
 gatgaatttt taccacccat ctgtacctat taaccctgcg tggcgctccac ccacagtaac 60
 tgtgcaagcg ggacggccag ccagaactcc tgggtgcgccg 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> 196
<211> 349
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 196
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> 197
<211> 861
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(838)
<223> RXS03159
<400> 197

aggggctagt ttacacaaa agtggacagc ttggtctatc attgccagaa gaccggctcct 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> 198

<211> 246

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 198

```

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> 199

<211> 703

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(703)

<223> FRXA02768

<220>

<221> misc_feature

<222> 676, 687, 690, 691, 693

<223> n = a, c, g, or t

<220>

<221> VARIANT

<222> 192

<223> Xaa = His or Gln

<220>

<221> VARIANT

<222> 196

<223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser

<220>

<221> VARIANT

<222> 197

<223> Xaa = Phe, Leu, Ser, Tyr, Cys,

<223> Trp, or STOP CODON

<220>

<221> VARIANT

<222> 198

<223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly

<400> 199

aggggctagt ttacacaaa agtggacagc ttggtctatc attgccagaa gaccggtcct 60
ttagggcca tagaattctg attacaggag ttgatctacc ttg tct ttt gac cca 115
Leu Ser Phe Asp Pro

1 5
aac acc cag ggt ttc tcc act gca tgc 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 tgc 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> 200
<211> 201
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> VARIANT
<222> 192
<223> Xaa = His or Gln
<220>

<221> VARIANT
<222> 196
<223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser
<220>

<221> VARIANT
<222> 197
<223> Xaa = Phe, Leu, Ser, Tyr, Cys,

<223> Trp, or STOP CODON
<220>

<221> VARIANT
<222> 198
<223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly
<400> 200

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> 201
 <211> 1113
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1090)
 <223> RXA00216
 <400> 201
 gtgttgctcg cggccaggca gcagtgtgt acctgcctga cgcggatggt gacatcggtc 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> 202
<211> 330
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 202
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> 203
 <211> 623
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(600)
 <223> RXN00402
 <400> 203
 act gac gaa aag gat gga aag cca gta ttg ccc tac ttc gtc act cca 48
 Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro
 1 5 10 15
 gat gct gct tac cac gga ttg aag tac gca gac ctt ggt gca cca gcc 96
 Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala
 20 25 30
 ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc 144
 Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr
 35 40 45
 ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct gca gtc cag ggc atc gac acc ctt 192
 Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu
 50 55 60
 tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa 240
 Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu
 65 70 75 80
 ttc ctc aac aac cac gag aag gtg gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg 288
 Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu
 85 90 95
 aag gat tcc cct tgg tac gca acc aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac 336
 Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr
 100 105 110
 acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag atc aag ggc ggc aag gat gag gct 384
 Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala
 115 120 125
 tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag cta cac tcc aac ctt gca aac atc 432
 Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile

130 135 140
 ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt cac cca gca acc acc acc cat tca 480
 Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser

 145 150 155 160
 cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc 528
 Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr

 165 170 175
 gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag acc att gat gat atc atc gct gac 576
 Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp

 180 185 190
 ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc tagctttaaa tagactcacc cca 623
 Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

 195 200
 <210> 204
 <211> 200
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 204
 Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro
 1 5 10 15
 Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala
 20 25 30
 Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr
 35 40 45
 Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala
 Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu
 50 55 60
 Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu
 65 70 75 80

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

 Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser
 145 150 155 160

 Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr
 165 170 175
 Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp
 180 185 190
 Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

195 200
 <210> 205
 <211> 599
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(576)

<223> FRXA00402

<400> 205

gta ttg ccc tac ttc gtc act cca gat gct gct tac cac gga ttg aag 48
Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys

1 5 10 15
tac gca gac ctt ggt gca cca gcc ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc 96
Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly

20 25 30
ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct 144
Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala

35 40 45
gca gtc cag ggc atc gac acc ctt tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac 192
Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn

50 55 60
gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa ttc ctc aac aac cac gag aag gtg 240
Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val

65 70 75 80
gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg aag gat tcc cct tgg tac gca acc 288
Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr

85 90 95
aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag 336
Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu

100 105 110
atc aag ggc ggc aag gat gag gct tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag 384
Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys

115 120 125
cta cac tcc aac ctt gca aac atc ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt 432
Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val

130 135 140
cac cca gca acc acc acc cat tca cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca 480
His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala

145 150 155 160
cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag 528
Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu

165 170 175
acc att gat gat atc atc gct gac ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc 576
Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

180 185 190
tagctttaaa tagactcacc cca 599
<210> 206

<211> 192

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 206

```
Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys
  1             5             10             15
Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly
      20             25             30
Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser
Thr Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala
      35             40             45
Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn
      50             55             60
Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val
      65             70             75             80
```

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

```
His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala
      145            150            155            160
```

```
Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu
      165            170            175
Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile
      180            185            190
```

<210> 207

<211> 613

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(613)

<223> RXA00405

<400> 207

```
agaataaatt tataccacac agtctattgc aatagaccaa gctgttcagt aggtgcatg 60
ggagaagaat ttctaataa aaactcttaa ggacctcaa atg cca aag tac gac 115
                                   Met Pro Lys Tyr Asp

                                   1             5
aat tcc aat gct gac cag tgg ggc ttt gaa acc cgc tcc att cac gca 163
Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu Thr Arg Ser Ile His Ala

                                   10            15            20
ggc cag tca gta gac gca cag acc agc gca cga aac ctt ccg atc tac 211
Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg Asn Leu Pro Ile Tyr

                                   25            30            35
caa tcc acc gct ttc gtg ttc gac tcc gct gag cac gcc aag cag cgt 259
```

Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu His Ala Lys Gln Arg

40 45 50
 ttc gca ctt gag gat cta ggc cct gtt tac tcc cgc ctc acc aac cca 307
 Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser Arg Leu Thr Asn Pro

55 60 65
 acc gtt gag gct ttg gaa aac cgc atc gct tcc ctc gaa ggt ggc gtc 355
 Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser Leu Glu Gly Gly Val

70 75 80 85
 cac gct gta gcg ttc tcc tcc gga cag gcc gca acc acc aac gcc att 403
 His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala Thr Thr Asn Ala Ile

90 95 100
 ttg aac ctg gca gga gcg ggc gac cac atc gtc acc tcc cca cgc ctc 451
 Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val Thr Ser Pro Arg Leu

105 110 115
 tac ggt ggc acc gag act cta ttc ctt atc act ctt aac cgc ctg ggt 499
 Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Leu Ile Thr Leu Asn Arg Leu Gly

120 125 130
 atc gat gtt tcc ttc gtg gaa aac ccc gac gac cct gag tcc tgg cag 547
 Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp Pro Glu Ser Trp Gln

135 140 145
 gca gcc gtt cag cca aac acc aaa gca ttc ttc ggc gag act ttc gcc 595
 Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe Gly Glu Thr Phe Ala

150 155 160 165
 aac cca cag gca gac gtc 613
 Asn Pro Gln Ala Asp Val

170
 <210> 208
 <211> 171
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 208
 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
165 170
<210> 209
<211> 551
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(528)
<223> RXA02197
<400> 209
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 ctg 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 ctg 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 ctg 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 gagagggaact 551
<210> 210
<211> 176
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 210
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> 211
<211> 2599
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(2599)
<223> RXN02198
<400> 211
agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcgcttg aaaatgaact acgaatgaaa 60
agttcgggaa ttgtctaate 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							
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							
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							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							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							80							
ttt	ggg	tgc	aac	ctg	cgc	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							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							115							
gat	gag	atg	ggg	cgc	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							130							
tcc	ctg	gga	cct	gga	acg	aag	ctt	cca	tcg	ctg	ggc	cat	gca	cgc	tat	547		
Ser	Leu	Gly	Pro	Gly	Thr	Lys	Leu	Pro	Ser	Leu	Gly	His	Ala	Pro	Tyr			
				135							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							160							
ggg	ggg	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							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							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							210							
atg	ctc	atg	ggg	tct	gag	atc	ggg	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							225							
ctg	ggg	atc	gac	atg	att	ggg	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 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> 212
<211> 833
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 212
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> 213

<211> 2578

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2578)

<223> FRXA02198

<400> 213

agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcggtg aaaatgaact acgaatgaaa 60
agttcgggaa ttgtctaate 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> 214

<211> 826

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 214

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

[illegible]

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 taatttggtt tgacgacgca gta 621
Gln

<210> 216
<211> 166
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 216
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> 217
<211> 621
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(598)

<223> FRXA02906

<400> 217

```

tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60
tagcaggaca agcatactgt tttagticta tgcgtgtgggc 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> 218

<211> 166

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 218

```
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> 219

<211> 1557

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1534)

<223> RXN00132

<400> 219

```
aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtggtgcgcg ttaaaaaagt 60
tttctaatt 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 65 355
 ttg ggc gct gag gtt cgt tgg gct tcc tgc aac att ttc tcc acc cag
 Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn Ile Phe Ser Thr Gln

70 75 80 85 403
 gat gag gct gca gcg gct atc gtt gtc ggc tcc ggc acc gtc gaa gag
 Asp Glu Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser Gly Thr Val Glu Glu

90 95 100 451
 cca gct ggt gtt cca gta ttc gcg tgg aag ggt gag tca ctg gag gag
 Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly Glu Ser Leu Glu Glu

105 110 115 499
 tac tgg tgg tgc atc aac cag atc ttc agc tgg ggc gat gag ctg cca
 Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp Gly Asp Glu Leu Pro

120 125 130 547
 aac atg atc ctc gac gac ggc ggt gac gcc acc atg gct gtt att cgc
 Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr Met Ala Val Ile Arg

135 140 145 595
 ggt cgc gaa tac gag cag gct ggt ctg gtt cca cca gca gag gcc aac
 Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro Pro Ala Glu Ala Asn

150 155 160 165 643
 gat tcc gat gag tac atc gca ttc ttg ggc atg ctg cgt gag gtt ctt
 Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met Leu Arg Glu Val Leu

170 175 180 691
 gct gca gag cct ggc aag tgg ggc aag atc gct gag gcc gtt aag ggt
 Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala Glu Ala Val Lys Gly

185 190 195 739
 gtc acc gag gaa acc acc acc ggt gtg cac cgc ctg tac cac ttc gct
 Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg Leu Tyr His Phe Ala

200 205 210 787
 gaa gaa ggc gtg ctg cct ttc cca gcg atg aac gtc aac gac gct gtc
 Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn Val Asn Asp Ala Val

215 220 225 835
 acc aag tcc aag ttt gat aac aag tac ggc acc cgc cac tcc ctg atc
 Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr Arg His Ser Leu Ile

230 235 240 245 883
 gac ggc atc aac cgc gcc act gac atg ctc atg ggc ggc aag aac gtg
 Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met Gly Gly Lys Asn Val

250 255 260 931
 ctt gtc tgc ggt tac ggc gat gtc ggc aag ggc tgc gct gag gct ttc
 Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly Cys Ala Glu Ala Phe

265 270 275 979
 gac ggc cag ggc gct cgc gtc aag gtc acc gaa gct gac cca atc aac

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 1554
Pro Phe Lys Pro Glu His Tyr Arg Tyr

470 475
gga 1557
<210> 220
<211> 478
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 220

```

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> 221

<211> 128

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(105)

<223> FRXA00132

<400> 221

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> 222

<211> 35

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 222

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> 223

<211> 1396

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1396)
 <223> FRXA01371
 <400> 223
 aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtgggtgcgcg ttaaaaaagt 60
 ttctctaatt ttcatTTTTt 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 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> 224
<211> 432
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 224
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 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> 225																																							
<211> 2358																																							
<212> DNA																																							
<213> Corynebacterium glutamicum																																							
<220>																																							
<221> CDS																																							
<222> (101)..(2335)																																							
<223> RXN02085																																							
<400> 225																																							
caccgcggtga ttctgcgaac 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> 226

<211> 745

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 226

```
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
Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala		415
	420	425
Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met		430
	435	440
Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu		445
	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
Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn		495
	500	505
Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln		510
	515	520
Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr		525
	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
Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu		575
	580	585
Leu Leu Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser		590
	595	600
Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln		605
	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
Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly		655
	660	665
Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala		670
	675	680
Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro		685
	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> 227
<211> 1923
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1900)
<223> FRXA02085
<400> 227

cacccggtga tttcgcgaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tcctagccgg 60
gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttactcac 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> 228

<211> 600

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 228

```
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 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> 229
 <211> 603
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(580)
 <223> FRXA02086
 <400> 229

gatgatcagc cgctggctac cactgctgac caggttgac tggcactgcg cgatgaaatt 60
 aacgatctca tcgaggctgg cgcaagatc 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> 230
<211> 160
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 230

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> 231
<211> 1326
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1303)
<223> RXN02648
<400> 231
atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggttaa 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> 232				
<211> 401				
<212> PRT				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<400> 232				
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> 233
<211> 548
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(525)
<223> FRXA02648
<400> 233

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> 234
 <211> 175
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 234
 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> 235																		
<211> 784																		
<212> DNA																		
<213> Corynebacterium glutamicum																		
<220>																		
<221> CDS																		
<222> (101)..(784)																		
<223> FRXA02658																		
<400> 235																		
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> 236
<211> 228
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 236
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> 237

<211> 408

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(385)

<223> RXC02238

<400> 237

ggcgcttagc caaaacatag agcggtaggg tatgcttadc 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> 238

<211> 95

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 238

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> 239
<211> 1827
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1804)
<223> RXC00128
<400> 239

ccattttccg ttigtcttg 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> 240
<211> 568
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 240

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> 241
<211> 1344
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1321)
<223> RXA02240
<400> 241

cagctagacc acigacattg cagttttaga cagcttggtc tatattgggtt 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> 242
 <211> 407
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 242
 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> 243

<211> 669

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(646)

<223> RXA00780

<400> 243

ccttttaagt ccttctttgc cegtgaataa ttctctggat agtttccacg tgcagttaag 60
tcacgctgtt agacttgccct gcatgctctc gacaataaaa atg atc cgt gaa gat 115
Met Ile Arg Glu Asp

1 5
ctc gca aac gct cgt gaa cac gat cca gca gcc cga ggc gat tta gaa 163
Leu Ala Asn Ala Arg Glu His Asp Pro Ala Ala Arg Gly Asp Leu Glu

10 15 20
aac gca gtg gtt tac tcc gga ctc cac gcc atc tgg gca cat cga gtt 211
Asn Ala Val Val Tyr Ser Gly Leu His Ala Ile Trp Ala His Arg Val

25 30 35
gcc aac agc tgg tgg aaa tcc ggt ttc cgc ggc ccc gcc cgc gta tta 259
Ala Asn Ser Trp Trp Lys Ser Gly Phe Arg Gly Pro Ala Arg Val Leu

40 45 50
gcc caa ttc acc cga ttc ctc acc ggc att gaa att cac ccc ggt gcc 307
Ala Gln Phe Thr Arg Phe Leu Thr Gly Ile Glu Ile His Pro Gly Ala

55 60 65
acc att ggt cgt cgc ttt ttt att gac cac gga atg gga atc gtc atc 355
Thr Ile Gly Arg Arg Phe Phe Ile Asp His Gly Met Gly Ile Val Ile

70 75 80 85
ggc gaa acc gct gaa atc ggc gaa ggc gtc atg ctc tac cac ggc gtc 403
Gly Glu Thr Ala Glu Ile Gly Glu Gly Val Met Leu Tyr His Gly Val

90 95 100
acc ctc ggc gga cag gtt ctc acc caa acc aag cgc cac ccc acg ctc 451
Thr Leu Gly Gly Gln Val Leu Thr Gln Thr Lys Arg His Pro Thr Leu

105 110 115
tgc gac aac gtg aca gtc ggc gcg ggc gca aaa atc tta ggt ccc atc 499
Cys Asp Asn Val Thr Val Gly Ala Gly Ala Lys Ile Leu Gly Pro Ile

120 125 130
acc atc ggc gaa ggc tcc gca att ggc gcc aat gca gtt gtc acc aaa 547
Thr Ile Gly Glu Gly Ser Ala Ile Gly Ala Asn Ala Val Val Thr Lys

135 140 145
gac gtg ccg gca gaa cac atc gca gtc gga att cct gcg gta gca cgc 595
Asp Val Pro Ala Glu His Ile Ala Val Gly Ile Pro Ala Val Ala Arg

150 155 160 165
cca cgt ggc aag aca gag aag atc aag ctc gtc gat ccg gac tat tac 643
Pro Arg Gly Lys Thr Glu Lys Ile Lys Leu Val Asp Pro Asp Tyr Tyr

170 175 180
att taagaacagt tagcgcceta cct 669
Ile

<210> 244

<211> 182

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 244

Met Ile Arg Glu Asp Leu Ala Asn Ala Arg Glu His Asp Pro Ala Ala
 1 5 10 15
 Arg Gly Asp Leu Glu Asn Ala Val Val Tyr Ser Gly Leu His Ala Ile
 20 25 30
 Trp Ala His Arg Val Ala Asn Ser Trp Trp Lys Ser Gly Phe Arg Gly
 35 40 45
 Pro Ala Arg Val Leu Ala Gln Phe
 Thr Arg Phe Leu Thr Gly Ile Glu
 50 55 60
 Ile His Pro Gly Ala Thr Ile Gly Arg Arg Phe Phe Ile Asp His Gly
 65 70 75 80

Met Gly Ile Val Ile Gly Glu Thr Ala Glu Ile Gly Glu Gly Val Met
 85 90 95
 Leu Tyr His Gly Val Thr Leu Gly Gly Gln Val Leu Thr Gln Thr Lys
 100 105 110
 Arg His Pro Thr Leu Cys Asp Asn Val Thr Val Gly Ala Gly Ala Lys
 115 120 125
 Ile Leu Gly Pro Ile Thr Ile Gly Glu Gly Ser Ala Ile Gly Ala Asn
 130 135 140
 Ala Val Val Thr Lys Asp Val Pro Ala Glu His Ile Ala Val Gly Ile
 145 150 155 160

Pro Ala Val Ala Arg Pro Arg Gly Lys Thr Glu Lys Ile Lys Leu Val
 165 170 175
 Asp Pro Asp Tyr Tyr Ile

180

<210> 245

<211> 1056

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1033)

<223> RXA00779

<400> 245

cagaggccac ttcaagtaga tgtttcgtaa ttgtttacag cgtttacgca agcggtcgac 60
 caacaaaaac agcacttcaa tgattggagc accaccgac atg ggc aat gtg tac 115
 Met Gly Asn Val Tyr

1 5
 aac aac atc acc gaa acc atc ggc cac acc cca ctg gta aag ctg aac 163
 Asn Asn Ile Thr Glu Thr Ile Gly His Thr Pro Leu Val Lys Leu Asn

10 15 20
 aag ctc acc gaa ggc ctc gac gca act gtc ctg gtc aag ctt gag tca 211
 Lys Leu Thr Glu Gly Leu Asp Ala Thr Val Leu Val Lys Leu Glu Ser

25 30 35
 ttc aac cca gca aac tcc gtc aag gac cgt atc ggt ctg gcc atc gtt 259
 Phe Asn Pro Ala Asn Ser Val Lys Asp Arg Ile Gly Leu Ala Ile Val

40	45	50	
gaa gat gca gag aag tcc ggt gca ctg aag cca ggc ggc acc atc gtt			307
Glu Asp Ala Glu Lys Ser Gly Ala Leu Lys Pro Gly Gly Thr Ile Val			
55	60	65	
gaa gca acc tcc ggc aac acc ggt atc gca ctg gca atg gtc ggc gct			355
Glu Ala Thr Ser Gly Asn Thr Gly Ile Ala Leu Ala Met Val Gly Ala			
70	75	80	85
gca cgc gga tac aac gtt gtt ctc acc atg ccg gag acc atg tcc aac			403
Ala Arg Gly Tyr Asn Val Val Leu Thr Met Pro Glu Thr Met Ser Asn			
90	95	100	
gag cgt cgc gtt ctc ctc cgc gct tac ggt gca gag atc gtt ctt acc			451
Glu Arg Arg Val Leu Leu Arg Ala Tyr Gly Ala Glu Ile Val Leu Thr			
105	110	115	
cca ggt gca gca ggc atg cag ggt gca aag gac aag gca gac gaa atc			499
Pro Gly Ala Ala Gly Met Gln Gly Ala Lys Asp Lys Ala Asp Glu Ile			
120	125	130	
gtc gct gaa cgc gaa aac gca gtc ctt gct cgc cag ttc gag aac gag			547
Val Ala Glu Arg Glu Asn Ala Val Leu Ala Arg Gln Phe Glu Asn Glu			
135	140	145	
gca aac cca cgc gtc aac cgc gac acc acc gcg aag gaa atc ctc gaa			595
Ala Asn Pro Arg Val Asn Arg Asp Thr Thr Ala Lys Glu Ile Leu Glu			
150	155	160	165
gac acc gac ggc acc gtt gat atc ttc gtt gca agc ttc ggc acc ggc			643
Asp Thr Asp Gly Thr Val Asp Ile Phe Val Ala Ser Phe Gly Thr Gly			
170	175	180	
gga acc gtc acc ggc gtt ggc cag gtc ctg aag gaa aac aac gca gac			691
Gly Thr Val Thr Gly Val Gly Gln Val Leu Lys Glu Asn Asn Ala Asp			
185	190	195	
gta cag gtc tac acc gtc gag cca gaa gcg tcc cca ctt ctg acc gct			739
Val Gln Val Tyr Thr Val Glu Pro Glu Ala Ser Pro Leu Leu Thr Ala			
200	205	210	
ggc aag gct ggt cca cac aag atc cag ggc atc ggc gca aac ttc atc			787
Gly Lys Ala Gly Pro His Lys Ile Gln Gly Ile Gly Ala Asn Phe Ile			
215	220	225	
ccc gag gtc ctg gac cgc aag gtt ctc gac gac gtg ctg acc gtc tcc			835
Pro Glu Val Leu Asp Arg Lys Val Leu Asp Asp Val Leu Thr Val Ser			
230	235	240	245
aac gaa gac gca atc gca ttc tcc cgc aag ctc gct acc gaa gag ggc			883
Asn Glu Asp Ala Ile Ala Phe Ser Arg Lys Leu Ala Thr Glu Glu Gly			
250	255	260	
atc ctc ggc ggt atc tcc acc ggc gca aac atc aag gca gct ctt gac			931
Ile Leu Gly Gly Ile Ser Thr Gly Ala Asn Ile Lys Ala Ala Leu Asp			

265 270 275
 ctt gca gca aag cca gag aac gct ggc aaa acc atc gtc acc gtt gtc 979
 Leu Ala Ala Lys Pro Glu Asn Ala Gly Lys Thr Ile Val Thr Val Val

 280 285 290
 acc gac ttc ggc gag cgc tac gtc tcc acc gtt ctt tac gaa gac atc 1027
 Thr Asp Phe Gly Glu Arg Tyr Val Ser Thr Val Leu Tyr Glu Asp Ile

 295 300 305
 cgc gac taattcttag cgactgttaa cca 1056
 Arg Asp

 310
 <210> 246
 <211> 311
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 246
 Met Gly Asn Val Tyr Asn Asn Ile Thr Glu Thr Ile Gly His Thr Pro
 1 5 10 15
 Leu Val Lys Leu Asn Lys Leu Thr Glu Gly Leu Asp Ala Thr Val Leu
 20 25 30
 Val Lys Leu Glu Ser Phe Asn Pro Ala Asn Ser Val Lys Asp Arg Ile
 35 40 45
 Gly Leu Ala Ile Val
 Glu Asp Ala Glu Lys Ser Gly Ala Leu Lys Pro
 50 55 60
 Gly Gly Thr Ile Val Glu Ala Thr Ser Gly Asn Thr Gly Ile Ala Leu
 65 70 75 80

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

 Gln Phe Glu Asn Glu Ala Asn Pro Arg Val Asn Arg Asp Thr Thr Ala
 145 150 155 160

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

 Gly Ala Asn Phe Ile Pro Glu Val Leu Asp Arg Lys Val Leu Asp Asp
 225 230 235 240

 Val Leu Thr Val Ser Asn Glu Asp Ala Ile Ala Phe Ser Arg Lys Leu
 245 250 255

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

Leu Tyr Glu Asp Ile Arg Asp

305 310

<210> 247

<211> 623

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223> RXN00402

<400> 247

act gac gaa aag gat gga aag cca gta ttg ccc tac ttc gtc act cca 48
 Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro

1 5 10 15
 gat gct gct tac cac gga ttg aag tac gca gac ctt ggt gca cca gcc 96
 Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala

20 25 30
 ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc 144
 Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr

35 40 45
 ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct gca gtc cag ggc atc gac acc ctt 192
 Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu

50 55 60
 tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa 240
 Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu

65 70 75 80
 ttc ctc aac aac cac gag aag gtg gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg 288
 Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu

85 90 95
 aag gat tcc cct tgg tac gca acc aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac 336
 Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr

100 105 110
 acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag atc aag ggc ggc aag gat gag gct 384
 Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala

115 120 125
 tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag cta cac tcc aac ctt gca aac atc 432
 Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile

130

135

140

ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt cac cca gca acc acc acc cat tca 480
Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser

145 150 155 160
cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc 528
Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr

165 170 175
gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag acc att gat gat atc atc gct gac 576
Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp

180 185 190
ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc tagctttaaa tagactcacc cca 623
Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

195 200
<210> 248
<211> 200
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 248
Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro
1 5 10 15
Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala
20 25 30
Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr
35 40 45
Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala
Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu
50 55 60
Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu
65 70 75 80

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

Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser
145 150 155 160

Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr
165 170 175
Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp
180 185 190
Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

195 200
<210> 249
<211> 599
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(576)

<223> FRXA00402

<400> 249

gta ttg ccc tac ttc gtc act cca gat gct gct tac cac gga ttg aag 48
Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys

1 5 10 15
tac gca gac ctt ggt gca cca gcc ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc 96
Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly

20 25 30
ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct 144
Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala

35 40 45
gca gtc cag ggc atc gac acc ctt tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac 192
Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn

50 55 60
gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa ttc ctc aac aac cac gag aag gtg 240
Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val

65 70 75 80
gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg aag gat tcc cct tgg tac gca acc 288
Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr

85 90 95
aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag 336
Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu

100 105 110
atc aag ggc ggc aag gat gag gct tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag 384
Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys

115 120 125
cta cac tcc aac ctt gca aac atc ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt 432
Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val

130 135 140
cac cca gca acc acc acc cat tca cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca 480
His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala

145 150 155 160
cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag 528
Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu

165 170 175
acc att gat gat atc atc gct gac ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc 576
Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

180 185 190
tagctttaaa tagactcacc cca 599
<210> 250

<211> 192
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 250
 Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys
 1 5 10 15
 Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly
 20 25 30
 Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser
 Thr Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala
 35 40 45
 Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn
 50 55 60
 Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val
 65 70 75 80

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

 His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala
 145 150 155 160

 Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu
 165 170 175
 Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile
 180 185 190
 <210> 251
 <211> 613
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(613)
 <223> RXS00405
 <400> 251
 agaataaatt tataccacac agtctattgc aatagaccaa gctgttcagt aggggtgcatg 60
 ggagaagaat ttctaataa aaactcttaa ggacctcaa atg cca aag tac gac 115
 Met Pro Lys Tyr Asp

 1 5
 aat tcc aat gct gac cag tgg ggc ttt gaa acc cgc tcc att cac gca 163
 Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu Thr Arg Ser Ile His Ala

 10 15 20
 ggc cag tca gta gac gca cag acc agc gca cga aac ctt ccg atc tac 211
 Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg Asn Leu Pro Ile Tyr

 25 30 35
 caa tcc acc gct ttc gtg ttc gac tcc gct gag cac gcc aag cag cgt 259

Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu His Ala Lys Gln Arg

40 45 50
 ttc gca ctt gag gat cta ggc cct gtt tac tcc cgc ctc acc aac cca 307
 Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser Arg Leu Thr Asn Pro

55 60 65
 acc gtt gag gct ttg gaa aac cgc atc gct tcc ctc gaa ggt ggc gtc 355
 Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser Leu Glu Gly Gly Val

70 75 80 85
 cac gct gta gcg ttc tcc tcc gga cag gcc gca acc acc aac gcc att 403
 His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala Thr Thr Asn Ala Ile

90 95 100
 ttg aac ctg gca gga gcg ggc gac cac atc gtc acc tcc cca cgc ctc 451
 Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val Thr Ser Pro Arg Leu

105 110 115
 tac ggt ggc acc gag act cta ttc ctt atc act ctt aac cgc ctg ggt 499
 Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Leu Ile Thr Leu Asn Arg Leu Gly

120 125 130
 atc gat gtt tcc ttc gtg gaa aac ccc gac gac cct gag tcc tgg cag 547
 Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp Pro Glu Ser Trp Gln

135 140 145
 gca gcc gtt cag cca aac acc aaa gca ttc ttc ggc gag act ttc gcc 595
 Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe Gly Glu Thr Phe Ala

150 155 160 165
 aac cca cag gca gac gtc 613
 Asn Pro Gln Ala Asp Val

170
 <210> 252
 <211> 171
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 252
 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
165 170
<210> 253
<211> 1812
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1789)
<223> RXC00164
<400> 253
ctgctttgcg ggaggttatg aaatgagtgg ggagacgtcg aaaagcatgc gctttccgtt 60
ggccagcctg ccgcaagtgc ggcgcgaggt ggcccggcag gtg ggt cgt att ccg 115
Val Gly Arg Ile Pro
1 5
cgg gcg aag tgg tgg ttt tta ggc gcg ctg gtg ttg ctg agt gcg ggc 163
Arg Ala Lys Trp Trp Phe Leu Gly Ala Leu Val Leu Leu Ser Ala Gly
10 15 20
gct tat gcg tcg gtg ctg gtg ccg cag gtg ctg ggg cgg att gtg gat 211
Ala Tyr Ala Ser Val Leu Val Pro Gln Val Leu Gly Arg Ile Val Asp
25 30 35
ctg gtg tcc gat ggc gcg cag atg cgt gat ttt gtt gag ctg agt gtg 259
Leu Val Ser Asp Gly Ala Gln Met Arg Asp Phe Val Glu Leu Ser Val
40 45 50
att ctg att gcg gtg gca att gcc ggc gcg gtg ctg agt gcg tgc ggg 307
Ile Leu Ile Ala Val Ala Ile Ala Gly Ala Val Leu Ser Ala Cys Gly
55 60 65
ttc tat gtg gtg tcg cgg att tct gag aag att atc gcc aat ttg agg 355
Phe Tyr Val Val Ser Arg Ile Ser Glu Lys Ile Ile Ala Asn Leu Arg
70 75 80 85
gaa gat atg gtg ggc acc gcg ctt ggg ttg ccc acg cac cag gtg gaa 403
Glu Asp Met Val Gly Thr Ala Leu Gly Leu Pro Thr His Gln Val Glu
90 95 100
gat gcg ggc tct ggc gat ttg gtg agc cgc tcc acc gat gat gtc tcc 451
Asp Ala Gly Ser Gly Asp Leu Val Ser Arg Ser Thr Asp Asp Val Ser
105 110 115
gag cta tcc gca gcg gtg aca gag acc gtc ccg att tta agt tcc tca 499
Glu Leu Ser Ala Ala Val Thr Glu Thr Val Pro Ile Leu Ser Ser Ser

120	125	130	
ctg ttt acc att gcc gcg acg atc att gcg ctg ttt tct ttg gac tgg			547
Leu Phe Thr Ile Ala Ala Thr Ile Ile Ala Leu Phe Ser Leu Asp Trp			
135	140	145	
caa ttt gtg ctc att cct gtc gtg gtg gcg ccg gtg tac tac ttc gcg			595
Gln Phe Val Leu Ile Pro Val Val Val Ala Pro Val Tyr Tyr Phe Ala			
150	155	160	165
tcc aag cac tat ttg agc aag gcg ccg gat cgg tat gcg gca gaa cgc			643
Ser Lys His Tyr Leu Ser Lys Ala Pro Asp Arg Tyr Ala Ala Glu Arg			
170	175	180	
gcg gcg atg gcg gag cgt gcg cga aag gta ctt gag gct att cgc ggg			691
Ala Ala Met Ala Glu Arg Ala Arg Lys Val Leu Glu Ala Ile Arg Gly			
185	190	195	
cgt gca act gtg cgg gcg tat tcc atg gaa gat gcc atg cat aat cag			739
Arg Ala Thr Val Arg Ala Tyr Ser Met Glu Asp Ala Met His Asn Gln			
200	205	210	
att gat cag gcg tcg tgg tct gtg gtg gtc aag ggt att cgt gcg cgc			787
Ile Asp Gln Ala Ser Trp Ser Val Val Val Lys Gly Ile Arg Ala Arg			
215	220	225	
acc acc atg ttg att ttg aac atg tgg atg ctg ttt gcg gaa ttc ctc			835
Thr Thr Met Leu Ile Leu Asn Met Trp Met Leu Phe Ala Glu Phe Leu			
230	235	240	245
atg ctc gcg gtc gcg ttg gtg atc ggc tac aag ctg gtc att gat aat			883
Met Leu Ala Val Ala Leu Val Ile Gly Tyr Lys Leu Val Ile Asp Asn			
250	255	260	
gcg ctg acg atc ggc gcg gtt acc ggt gcc gtg ctg atg att att cgt			931
Ala Leu Thr Ile Gly Ala Val Thr Gly Ala Val Leu Met Ile Ile Arg			
265	270	275	
ctg cgt ggc ccg atg aat atg ttc atg cgc gtg ctc gac acc att caa			979
Leu Arg Gly Pro Met Asn Met Phe Met Arg Val Leu Asp Thr Ile Gln			
280	285	290	
tcc ggc tat gcg tcg ctg gcg cgc atc gtg gga gtt gtt gcg gat ccg			1027
Ser Gly Tyr Ala Ser Leu Ala Arg Ile Val Gly Val Val Ala Asp Pro			
295	300	305	
ccg att cct gtg ccc gac agc ggt gtg aaa gca cct cag ggc aaa gtg			1075
Pro Ile Pro Val Pro Asp Ser Gly Val Lys Ala Pro Gln Gly Lys Val			
310	315	320	325
gaa ttg cgc aac gtc agc ttt agc tat ggc gat tcc tgg gcg gtg aaa			1123
Glu Leu Arg Asn Val Ser Phe Ser Tyr Gly Asp Ser Trp Ala Val Lys			
330	335	340	
gac atc gac atc acg atc aat tcc ggc gaa act gtc gcg ctc gtg ggc			1171
Asp Ile Asp Ile Thr Ile Asn Ser Gly Glu Thr Val Ala Leu Val Gly			

345	350	355	
gca tct ggc gca ggt aag acg acg gtc gcc gcc ttg ctg gcg ggc ttg			1219
Ala Ser Gly Ala Gly Lys Thr Thr Val Ala Ala Leu Leu Ala Gly Leu			
360	365	370	
cgg gtg cca gat caa ggg caa gtg ctt gtc gac gac ttc ccc gtc tct			1267
Arg Val Pro Asp Gln Gly Gln Val Leu Val Asp Asp Phe Pro Val Ser			
375	380	385	
cac ctc tct gac cgc gag cgt atc gcc cgc ttg gcc atg gtc agc cag			1315
His Leu Ser Asp Arg Glu Arg Ile Ala Arg Leu Ala Met Val Ser Gln			
390	395	400	405
gag gtt cat gtt ttc tcc ggc acg ctg cgc cag gat ctc acc ttg gct			1363
Glu Val His Val Phe Ser Gly Thr Leu Arg Gln Asp Leu Thr Leu Ala			
410	415	420	
aaa cca gat gcc tcc gat gag gaa tta gcg cat gct ctt ggg caa gtt			1411
Lys Pro Asp Ala Ser Asp Glu Glu Leu Ala His Ala Leu Gly Gln Val			
425	430	435	
aat gcc ctt gac tgg ttg gag agt ctt cca gaa gga ctg gac acg gtc			1459
Asn Ala Leu Asp Trp Leu Glu Ser Leu Pro Glu Gly Leu Asp Thr Val			
440	445	450	
gtt ggt gcg cga gga atc cag cta gaa cca gtg gtg gct cag cag ttg			1507
Val Gly Ala Arg Gly Ile Gln Leu Glu Pro Val Val Ala Gln Gln Leu			
455	460	465	
gcg ttg gcc cgg gtg ttg ttg ctc aat ccg gcg atc gtc atc atg gat			1555
Ala Leu Ala Arg Val Leu Leu Leu Asn Pro Ala Ile Val Ile Met Asp			
470	475	480	485
gaa gcc acg gca gaa gca gga tcg gcg ggt gcc agc gca ctg gaa gag			1603
Glu Ala Thr Ala Glu Ala Gly Ser Ala Gly Ala Ser Ala Leu Glu Glu			
490	495	500	
gct gca gat gca gtg agc aag aac cgt tcc gca ttg gtg gtg gcg cac			1651
Ala Ala Asp Ala Val Ser Lys Asn Arg Ser Ala Leu Val Val Ala His			
505	510	515	
cgg ttg gat cag gca tcg cgg gct gat cag att ctg gtg atg gat aag			1699
Arg Leu Asp Gln Ala Ser Arg Ala Asp Gln Ile Leu Val Met Asp Lys			
520	525	530	
ggg gag gtt gtg gaa tcc ggt act cac cag gag tta ttg gat cac ggg			1747
Gly Glu Val Val Glu Ser Gly Thr His Gln Glu Leu Leu Asp His Gly			
535	540	545	
ggt att tat cag cgt ctg tgg act gcg tgg agt gtc gga aga			1789
Gly Ile Tyr Gln Arg Leu Trp Thr Ala Trp Ser Val Gly Arg			
550	555	560	
tagttgactg ttcaatgcgt tga			1812
<210> 254			
<211> 563			

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 254

```

Val Gly Arg Ile Pro Arg Ala Lys Trp Trp Phe Leu Gly Ala Leu Val
  1           5           10           15
Leu Leu Ser Ala Gly Ala Tyr Ala Ser Val Leu Val Pro Gln Val Leu
      20           25           30
Gly Arg Ile Val Asp Leu Val Ser
Asp Gly Ala Gln Met Arg Asp Phe
      35           40           45
Val Glu Leu Ser Val Ile Leu Ile Ala Val Ala Ile Ala Gly Ala Val
      50           55           60
Leu Ser Ala Cys Gly Phe Tyr Val Val Ser Arg Ile Ser Glu Lys Ile
      65           70           75           80

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

Phe Ser Leu Asp Trp Gln Phe Val Leu Ile Pro Val Val Val Ala Pro
      145          150          155          160

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

Gly Ile Arg Ala Arg Thr Thr Met Leu Ile Leu Asn Met Trp Met Leu
      225          230          235          240

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

Val Val Ala Asp Pro Pro Ile Pro Val Pro Asp Ser Gly Val Lys Ala
      305          310          315          320

Pro Gln Gly Lys Val Glu Leu Arg Asn Val Ser Phe Ser Tyr Gly Asp
      325          330          335
Ser Trp Ala Val Lys Asp Ile Asp Ile Thr Ile Asn Ser Gly Glu Thr
      340          345          350
Val Ala Leu Val Gly Ala Ser Gly Ala Gly Lys Thr Thr Val Ala Ala
      355          360          365

```

Leu Leu Ala Gly Leu Arg Val Pro Asp Gln Gly Gln Val Leu Val Asp
 370 375 380
 Asp Phe Pro Val Ser His Leu Ser Asp Arg Glu Arg Ile Ala Arg Leu
 385 390 395 400
 Ala Met Val Ser Gln Glu Val His Val Phe Ser Gly Thr Leu Arg Gln
 405 410 415
 Asp Leu Thr Leu Ala Lys Pro Asp Ala Ser Asp Glu Glu Leu Ala His
 420 425 430
 Ala Leu Gly Gln Val Asn Ala Leu Asp Trp Leu Glu Ser Leu Pro Glu
 435 440 445
 Gly Leu Asp Thr Val Val Gly Ala Arg Gly Ile Gln Leu Glu Pro Val
 450 455 460
 Val Ala Gln Gln Leu Ala Leu Ala Arg Val Leu Leu Leu Asn Pro Ala
 465 470 475 480
 Ile Val Ile Met Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ala Gly Ser Ala Gly Ala
 485 490 495
 Ser Ala Leu Glu Glu Ala Ala Asp Ala Val Ser Lys Asn Arg Ser Ala
 500 505 510
 Leu Val Val Ala His Arg Leu Asp Gln Ala Ser Arg Ala Asp Gln Ile
 515 520 525
 Leu Val Met Asp Lys Gly Glu Val Val Glu Ser Gly Thr His Gln Glu
 530 535 540
 Leu Leu Asp His Gly Gly Ile Tyr Gln Arg Leu Trp Thr Ala Trp Ser
 545 550 555 560
 Val Gly Arg
 <210> 255
 <211> 1713
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1690)
 <223> RXC01191
 <400> 255
 cgctgctttc acgcaactga aaccgcaccg gatcaagtta tttggggttg ttctttgtgg 60
 cgtgttggtg gccgtcgcg gggttgtagg gccctgggcg gtg ggt gga ctc gtc 115
 Val Gly Gly Leu Val
 1 5
 gat aag ctc ctt gca acc ccg agc atg cgc gac gtt gta gtg ttc gcg 163
 Asp Lys Leu Leu Ala Thr Pro Ser Met Arg Asp Val Val Val Phe Ala
 10 15 20
 ctg ctt atc gtg gct ggc ggc gtt gtt tcg agc ctg ggc acg tgg tgg 211
 Leu Leu Ile Val Ala Gly Gly Val Val Ser Ser Leu Gly Thr Trp Trp
 25 30 35
 ggc agc gcg ctg atg gcg cgc gcg ttg gag ccg gcg atc gcg ggg ctg 259

Gly Ser Ala Leu Met Ala Arg Ala Leu Glu Pro Ala Ile Ala Gly Leu

40 45 50
cgc gag gat gtg ttg cgc gcg gcg gtg agt ttg gat gcg aac acg att 307
Arg Glu Asp Val Leu Arg Ala Ala Val Ser Leu Asp Ala Asn Thr Ile

55 60 65
gaa acg gcg ggg cgc ggc gac gtg att tcg cgt atc gcg gat gat tcg 355
Glu Thr Ala Gly Arg Gly Asp Val Ile Ser Arg Ile Ala Asp Asp Ser

70 75 80 85
cgg gag gtg tcc act gcg gcg agc acc gtg gtg ccg ctg atg gtg cag 403
Arg Glu Val Ser Thr Ala Ala Ser Thr Val Val Pro Leu Met Val Gln

90 95 100
gcg ggc ttt acc gtg gtg att tcc gcg ttt ggc atg gcg gcg gtt gat 451
Ala Gly Phe Thr Val Val Ile Ser Ala Phe Gly Met Ala Ala Val Asp

105 110 115
tgg cgc ctc ggc ctt gtc ggt ttg gtc gcg atc ccg ctg tat tgg acc 499
Trp Arg Leu Gly Leu Val Gly Leu Val Ala Ile Pro Leu Tyr Trp Thr

120 125 130
acg ttg cgc gtc tat tta ccc cgc tca ggt ccg ctt tat acg cgt gag 547
Thr Leu Arg Val Tyr Leu Pro Arg Ser Gly Pro Leu Tyr Thr Arg Glu

135 140 145
cgc gag gcc ttt ggg gtg cgc acg cag ccg ctt gtc ggc gca gtc gaa 595
Arg Glu Ala Phe Gly Val Arg Thr Gln Arg Leu Val Gly Ala Val Glu

150 155 160 165
ggc gcg gaa acc ttg cgc gct ttc cgc gca gaa gat aca gaa tta aag 643
Gly Ala Glu Thr Leu Arg Ala Phe Arg Ala Glu Asp Thr Glu Leu Lys

170 175 180
cgt atc gac gca gcc tcc ggc gaa gcc gcg gac att tcc att tct gtt 691
Arg Ile Asp Ala Ala Ser Gly Glu Ala Arg Asp Ile Ser Ile Ser Val

185 190 195
ttc agg ttc ctc aca tgg gca ttt tcc cgc aac aac gcg gcg gaa tgc 739
Phe Arg Phe Leu Thr Trp Ala Phe Ser Arg Asn Asn Arg Ala Glu Cys

200 205 210
atc acc ctc gtg ctc atc ttg ggc acc ggc ttt tac ctg gtc aac atc 787
Ile Thr Leu Val Leu Ile Leu Gly Thr Gly Phe Tyr Leu Val Asn Ile

215 220 225
gat ctg gtc acc gtc ggc gca gtc tca acc gcc gca ctg atc ttc cac 835
Asp Leu Val Thr Val Gly Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Ile Phe His

230 235 240 245
cga ctc ttc ggt cca atc ggc acg ctc gtg ggc atg ttc tcc gac atc 883
Arg Leu Phe Gly Pro Ile Gly Thr Leu Val Gly Met Phe Ser Asp Ile

250 255 260
caa tcc gcc agc gca tcg ctg atc cgc atg gtg ggc gtt att aac gcg 931

Gln Ser Ala Ser Ala Ser Leu Ile Arg Met Val Gly Val Ile Asn Ala

265 270 275
gca tcg aac cag gtc agc ggc acc tcg ccg gcg tct gcc agc acc gct 979
Ala Ser Asn Gln Val Ser Gly Thr Ser Pro Ala Ser Ala Ser Thr Ala

280 285 290
tta acg ctt ttc gac gtc tcc cac cac tat cac act gca ccc gtc atc 1027
Leu Thr Leu Phe Asp Val Ser His His Tyr His Thr Ala Pro Val Ile

295 300 305
aag aat gca tcc gtg cag ctg gaa cca ggg gaa cac atc gcc att gtg 1075
Lys Asn Ala Ser Val Gln Leu Glu Pro Gly Glu His Ile Ala Ile Val

310 315 320 325
ggt gcg acc ggc gct ggt aaa agc acg ctc gcc ctc att gcg gca ggc 1123
Gly Ala Thr Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Gly

330 335 340
ctg ctc agc cca act tcc ggg cag gtg gct ctc ggc gga tcg agt ttt 1171
Leu Leu Ser Pro Thr Ser Gly Gln Val Ala Leu Gly Gly Ser Ser Phe

345 350 355
tct aac gtc gaa ccg gaa gca ttg cgc cag aag atc gcg atg gtc agc 1219
Ser Asn Val Glu Pro Glu Ala Leu Arg Gln Lys Ile Ala Met Val Ser

360 365 370
caa gaa atc cac tgc ttc cga gga tct gtt tta gat aat ctt cgt atc 1267
Gln Glu Ile His Cys Phe Arg Gly Ser Val Leu Asp Asn Leu Arg Ile

375 380 385
gca gcg ccc gaa gcc acc gat gcg gac atc cac gcc gtt ctc gcc gat 1315
Ala Arg Pro Glu Ala Thr Asp Ala Asp Ile His Ala Val Leu Ala Asp

390 395 400 405
att ggt gat tcc tgg ttg gag cgc tta ccg caa ggc ata gac acc atc 1363
Ile Gly Asp Ser Trp Leu Glu Arg Leu Pro Gln Gly Ile Asp Thr Ile

410 415 420
gtg ggt gat ggc gct ttc cgt tta acc tct gtg gaa aac cag atc atg 1411
Val Gly Asp Gly Ala Phe Arg Leu Thr Ser Val Glu Asn Gln Ile Met

425 430 435
gcg ctt gct cgc gta cat ttg gcc gac cta gca atc gtc atc ctt gat 1459
Ala Leu Ala Arg Val His Leu Ala Asp Leu Ala Ile Val Ile Leu Asp

440 445 450
gaa gca acg gct gaa tca ggc tct gat cat gca aaa cag ctt gaa gat 1507
Glu Ala Thr Ala Glu Ser Gly Ser Asp His Ala Lys Gln Leu Glu Asp

455 460 465
gca gcc ctt aaa gtc act gaa aac aga tca gcc atc atc gtg gct cac 1555
Ala Ala Leu Lys Val Thr Glu Asn Arg Ser Ala Ile Ile Val Ala His

470 475 480 485

cgc ctc aac caa gcg aaa acc gcc gat cgc atc atc gtc atg gac tcc 1603
 Arg Leu Asn Gln Ala Lys Thr Ala Asp Arg Ile Ile Val Met Asp Ser

 490 495 500
 gga gaa atc ata gaa tct gga acc cat gaa gag ctt cga gcg atc ggc 1651
 Gly Glu Ile Ile Glu Ser Gly Thr His Glu Glu Leu Arg Ala Ile Gly

 505 510 515
 ggc cga tat gaa caa ctg tgg act gcg tgg tct gcg cgc taattagcca 1700
 Gly Arg Tyr Glu Gln Leu Trp Thr Ala Trp Ser Ala Arg

 520 525 530
 cccaagacca cgc 1713
 <210> 256
 <211> 530
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 256
 Val Gly Gly Leu Val Asp Lys Leu Leu Ala Thr Pro Ser Met Arg Asp
 1 5 10 15
 Val Val Val Phe Ala Leu Leu Ile Val Ala Gly Gly Val Val Ser Ser
 20 25 30
 Leu Gly Thr Trp Trp Gly Ser Ala Leu Met Ala Arg Ala Leu Glu Pro
 35 40
 45
 Ala Ile Ala Gly Leu Arg Glu Asp Val Leu Arg Ala Ala Val Ser Leu
 50 55 60
 Asp Ala Asn Thr Ile Glu Thr Ala Gly Arg Gly Asp Val Ile Ser Arg
 65 70 75 80

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

 Leu Tyr Thr Arg Glu Arg Glu Ala Phe Gly Val Arg Thr Gln Arg Leu
 145 150 155 160

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

 Tyr Leu Val Asn Ile Asp Leu Val Thr Val Gly Ala Val Ser Thr Ala
 225 230 235 240

 Ala Leu Ile Phe His Arg Leu Phe Gly Pro Ile Gly Thr Leu Val Gly
 245 250 255
 Met Phe Ser Asp Ile Gln Ser Ala Ser Ala Ser Leu Ile Arg Met Val

260 265 270
 Gly Val Ile Asn Ala Ala Ser Asn Gln Val Ser Gly Thr Ser Pro Ala
 275 280 285
 Ser Ala Ser Thr Ala Leu Thr Leu Phe Asp Val Ser His His Tyr His
 290 295 300

Thr Ala Pro Val Ile Lys Asn Ala Ser Val Gln Leu Glu Pro Gly Glu
 305 310 315 320

His Ile Ala Ile Val Gly Ala Thr Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ala
 325 330 335
 Leu Ile Ala Ala Gly Leu Leu Ser Pro Thr Ser Gly Gln Val Ala Leu
 340 345 350
 Gly Gly Ser Ser Phe Ser Asn Val Glu Pro Glu Ala Leu Arg Gln Lys
 355 360 365
 Ile Ala Met Val Ser Gln Glu Ile His Cys Phe Arg Gly Ser Val Leu
 370 375 380

Asp Asn Leu Arg Ile Ala Arg Pro Glu Ala Thr Asp Ala Asp Ile His
 385 390 395 400

Ala Val Leu Ala Asp Ile Gly Asp Ser Trp Leu Glu Arg Leu Pro Gln
 405 410 415
 Gly Ile Asp Thr Ile Val Gly Asp Gly Ala Phe Arg Leu Thr Ser Val
 420 425 430
 Glu Asn Gln Ile Met Ala Leu Ala Arg Val His Leu Ala Asp Leu Ala
 435 440 445
 Ile Val Ile Leu Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ser Gly Ser Asp His Ala
 450 455 460

Lys Gln Leu Glu Asp Ala Ala Leu Lys Val Thr Glu Asn Arg Ser Ala
 465 470 475 480

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

530
 <210> 257
 <211> 1392
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1369)
 <223> RXA02646
 <400> 257
 ttggaataa aacatatgcc aaagtaggtg caattctagg agaagattac actagtcaac 60
 catgagtga acatacgtgt ctgagaaaag tccaggagtg atg gct agc gga gcg 115
 Met Ala Ser Gly Ala

	1	5	
gag ctg att cgt gcc gcc gac att caa acg gcg cag gca cga att tcc			163
Glu Leu Ile Arg Ala Ala Asp Ile Gln Thr Ala Gln Ala Arg Ile Ser			
	10	15	20
tcc gtc att gca cca act cca ttg cag tat tgc cct cgt ctt tct gag			211
Ser Val Ile Ala Pro Thr Pro Leu Gln Tyr Cys Pro Arg Leu Ser Glu			
	25	30	35
gaa acc gga gcg gaa atc tac ctt aag cgt gag gat ctg cag gat gtt			259
Glu Thr Gly Ala Glu Ile Tyr Leu Lys Arg Glu Asp Leu Gln Asp Val			
	40	45	50
cgt tcc tac aag atc cgc ggt gcg ctg aac tct gga gcg cag ctc acc			307
Arg Ser Tyr Lys Ile Arg Gly Ala Leu Asn Ser Gly Ala Gln Leu Thr			
	55	60	65
caa gag cag cgc gat gca ggt atc gtt gcc gca tct gca ggt aac cat			355
Gln Glu Gln Arg Asp Ala Gly Ile Val Ala Ala Ser Ala Gly Asn His			
	70	75	80
gcc cag ggc gtg gcc tat gtg tgc aag tcc ttg ggc gtt cag gga cgc			403
Ala Gln Gly Val Ala Tyr Val Cys Lys Ser Leu Gly Val Gln Gly Arg			
	90	95	100
atc tat gtt cct gtg cag act cca aag caa aag cgt gac cgc atc atg			451
Ile Tyr Val Pro Val Gln Thr Pro Lys Gln Lys Arg Asp Arg Ile Met			
	105	110	115
gtt cac ggc gga gag ttt gtc tcc ttg gtg gtc act ggc aat aac ttc			499
Val His Gly Gly Glu Phe Val Ser Leu Val Val Thr Gly Asn Asn Phe			
	120	125	130
gac gaa gca tcg gct gca gcg cat gaa gat gca gag cgc acc ggc gca			547
Asp Glu Ala Ser Ala Ala Ala His Glu Asp Ala Glu Arg Thr Gly Ala			
	135	140	145
acg ctg atc gag cct ttc gat gct cgc aac acc gtc atc ggt cag ggc			595
Thr Leu Ile Glu Pro Phe Asp Ala Arg Asn Thr Val Ile Gly Gln Gly			
	150	155	160
acc gtg gct gct gag atc ttg tcg cag ctg act tcc atg ggc aag agt			643
Thr Val Ala Ala Glu Ile Leu Ser Gln Leu Thr Ser Met Gly Lys Ser			
	170	175	180
gca gat cac gtg atg gtt cca gtc ggc ggt ggc gga ctt ctt gca ggt			691
Ala Asp His Val Met Val Pro Val Gly Gly Gly Gly Leu Leu Ala Gly			
	185	190	195
gtg gtc agc tac atg gct gat atg gca cct cgc act gcg atc gtt ggt			739
Val Val Ser Tyr Met Ala Asp Met Ala Pro Arg Thr Ala Ile Val Gly			
	200	205	210
atc gaa cca gcg gga gca gca tcc atg cag gct gca ttg cac aat ggt			787
Ile Glu Pro Ala Gly Ala Ala Ser Met Gln Ala Ala Leu His Asn Gly			

215	220	225	
gga cca atc act ttg gag act gtt gat ccc ttt gtg gac ggc gca gca	835		
Gly Pro Ile Thr Leu Glu Thr Val Asp Pro Phe Val Asp Gly Ala Ala			
230	235	240	245
gtc aaa cgt gtc gga gat ctc aac tac acc atc gtg gag aag aac cag	883		
Val Lys Arg Val Gly Asp Leu Asn Tyr Thr Ile Val Glu Lys Asn Gln			
250	255	260	
ggt cgc gtg cac atg atg agc gcg acc gag ggc gct gtg tgt act gag	931		
Gly Arg Val His Met Met Ser Ala Thr Glu Gly Ala Val Cys Thr Glu			
265	270	275	
atg ctc gat ctt tac caa aac gaa ggc atc atc gcg gag cct gct ggc	979		
Met Leu Asp Leu Tyr Gln Asn Glu Gly Ile Ile Ala Glu Pro Ala Gly			
280	285	290	
gcg ctg tct atc gct ggg ttg aag gaa atg tcc ttt gca gct cgc tct	1027		
Ala Leu Ser Ile Ala Gly Leu Lys Glu Met Ser Phe Ala Ala Arg Ser			
295	300	305	
gtc gtg gtg tgc atc atc tct ggt ggc aac aac gat gtg ctg cgt tat	1075		
Val Val Val Cys Ile Ile Ser Gly Gly Asn Asn Asp Val Leu Arg Tyr			
310	315	320	325
gcg gaa atc gct gag cgc tcc ttg gtg cgc cgc ggt tta aag cac tac	1123		
Ala Glu Ile Ala Glu Arg Ser Leu Val Arg Arg Gly Leu Lys His Tyr			
330	335	340	
ttc ttg gtg aac ttc ccg caa aag cct ggt cag ttg cgt cac ttc ctg	1171		
Phe Leu Val Asn Phe Pro Gln Lys Pro Gly Gln Leu Arg His Phe Leu			
345	350	355	
gaa gat atc ctg gga ccg gat gat gac atc acg ctg ttt gag tac ctc	1219		
Glu Asp Ile Leu Gly Pro Asp Asp Asp Ile Thr Leu Phe Glu Tyr Leu			
360	365	370	
aag cgc aac aac cgt gag acc ggt act gcg ttg gtg ggt att cac ttg	1267		
Lys Arg Asn Asn Arg Glu Thr Gly Thr Ala Leu Val Gly Ile His Leu			
375	380	385	
agt gaa gca tca gga ttg gat tct ttg ctg gaa cgt atg gag gaa tcg	1315		
Ser Glu Ala Ser Gly Leu Asp Ser Leu Leu Glu Arg Met Glu Glu Ser			
390	395	400	405
gca att gat tcc cgt cgc ctc gag ccg ggc acc cct gag tac gaa tac	1363		
Ala Ile Asp Ser Arg Arg Leu Glu Pro Gly Thr Pro Glu Tyr Glu Tyr			
410	415	420	
ttg acc taaacatagc tgaaggccac ctc	1392		
Leu Thr			

<210> 258

<211> 423

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 258

Met Ala Ser Gly Ala Glu Leu Ile Arg Ala Ala Asp Ile Gln Thr Ala
 1 5 10 15
 Gln Ala Arg Ile Ser Ser Val Ile Ala Pro Thr Pro Leu Gln Tyr Cys
 20 25 30
 Pro Arg Leu Ser Glu Glu Thr Gly Ala Glu Ile Tyr Leu Lys Arg Glu
 35 40 45
 Asp Leu Gln Asp Val Arg Ser Tyr
 Lys Ile Arg Gly Ala Leu Asn Ser
 50 55 60
 Gly Ala Gln Leu Thr Gln Glu Gln Arg Asp Ala Gly Ile Val Ala Ala
 65 70 75 80

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

Glu Arg Thr Gly Ala Thr Leu Ile Glu Pro Phe Asp Ala Arg Asn Thr
 145 150 155 160

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

Ala Leu His Asn Gly Gly Pro Ile Thr Leu Glu Thr Val Asp Pro Phe
 225 230 235 240

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

Phe Ala Ala Arg Ser Val Val Val Cys Ile Ile Ser Gly Gly Asn Asn
 305 310 315 320

Asp Val Leu Arg Tyr Ala Glu Ile Ala Glu Arg Ser Leu Val Arg Arg
 325 330 335
 Gly Leu Lys His Tyr Phe Leu Val Asn Phe Pro Gln Lys Pro Gly Gln
 340 345 350
 Leu Arg His Phe Leu Glu Asp Ile Leu Gly Pro Asp Asp Asp Ile Thr
 355 360 365
 Leu Phe Glu Tyr Leu Lys Arg Asn Asn Arg Glu Thr Gly Thr Ala Leu
 370 375 380

Val Gly Ile His Leu Ser Glu Ala Ser Gly Leu Asp Ser Leu Leu Glu
385 390 395 400

Arg Met Glu Glu Ser Ala Ile Asp Ser Arg Arg Leu Glu Pro Gly Thr
405 410 415

Pro Glu Tyr Glu Tyr Leu Thr

420

<210> 259
<211> 966
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(943)
<223> RXA00766
<400> 259

tatggcgctt gaaccacaaa taaagtctgc accgacgccg gtgatcttaa ttgtcgaacc 60
ctacggcggg tccatccggc aacaaaacc caacctacca atg gtt ttt tgg gac 115
Met Val Phe Trp Asp

1 5
gat gca gcc tta acc cga ggc gat ggc atc ttt gaa aca ctc ctc atc 163
Asp Ala Ala Leu Thr Arg Gly Asp Gly Ile Phe Glu Thr Leu Leu Ile

10 15 20
cgc gac gga cat gcc tgc aac gtg cgc cga cac gga gaa cgc ttc aaa 211
Arg Asp Gly His Ala Cys Asn Val Arg Arg His Gly Glu Arg Phe Lys

25 30 35
gca tcg gca gca cta ttg gga ctg cca gag ccg atc ctg gaa gac tgg 259
Ala Ser Ala Ala Leu Leu Gly Leu Pro Glu Pro Ile Leu Glu Asp Trp

40 45 50
gaa aaa gcc acc caa atg ggc atc gaa tcc tgg tac tcc cac ccc aac 307
Glu Lys Ala Thr Gln Met Gly Ile Glu Ser Trp Tyr Ser His Pro Asn

55 60 65
gca ggc gag gcc tca tgc acc tgg acg ctc agc cga ggt cgt tcc tcc 355
Ala Gly Glu Ala Ser Cys Thr Trp Thr Leu Ser Arg Gly Arg Ser Ser

70 75 80 85
acg ggg ctg gcc tca gga tgg tta acc atc acc cca gtc tcc tcc gac 403
Thr Gly Leu Ala Ser Gly Trp Leu Thr Ile Thr Pro Val Ser Ser Asp

90 95 100
aaa ctg gcg caa cgt gaa cac ggt gta tcg gtc atg acc agt tca aga 451
Lys Leu Ala Gln Arg Glu His Gly Val Ser Val Met Thr Ser Ser Arg

105 110 115
gga tat tcc atc gac acc ggc ctc ccc gga atc gga aaa gcc acc cga 499
Gly Tyr Ser Ile Asp Thr Gly Leu Pro Gly Ile Gly Lys Ala Thr Arg

120

125

130

ggc gag cta tct aaa gtg gaa cga acc ccc gca cca tgg ctg aca gtc 547
Gly Glu Leu Ser Lys Val Glu Arg Thr Pro Ala Pro Trp Leu Thr Val

135 140 145
ggc gcc aaa aca cta gcc tac gca gca aac atg gca gcc ctg cgc tac 595
Gly Ala Lys Thr Leu Ala Tyr Ala Ala Asn Met Ala Ala Leu Arg Tyr

150 155 160 165
gcc aaa tca aac gga ttc gac gat gtg atc ttc acc gat ggc gac cgc 643
Ala Lys Ser Asn Gly Phe Asp Asp Val Ile Phe Thr Asp Gly Asp Arg

170 175 180
gtt cta gaa ggc gcc acc tcc acc gta gtg agt ttc aaa ggc gac aaa 691
Val Leu Glu Gly Ala Thr Ser Thr Val Val Ser Phe Lys Gly Asp Lys

185 190 195
atc cgc acc cct tca ccc ggt ggc gac att ctg ccc gga acc acc caa 739
Ile Arg Thr Pro Ser Pro Gly Gly Asp Ile Leu Pro Gly Thr Thr Gln

200 205 210
gca gca ctg ttt gca cac gca acc gaa aaa gga tgg cga tgt aaa gaa 787
Ala Ala Leu Phe Ala His Ala Thr Glu Lys Gly Trp Arg Cys Lys Glu

215 220 225
aaa gac tta agc att gac gat ctt ttc gga gcc gac agc gtg tgg cta 835
Lys Asp Leu Ser Ile Asp Asp Leu Phe Gly Ala Asp Ser Val Trp Leu

230 235 240 245
gtg tcc tcc gtc cgc gga cca gtt cgg gtg acc agg ctg gat gga cac 883
Val Ser Ser Val Arg Gly Pro Val Arg Val Thr Arg Leu Asp Gly His

250 255 260
aaa tta cgg aaa cca gac aat gaa aaa gaa atc aag gcg ctg att acc 931
Lys Leu Arg Lys Pro Asp Asn Glu Lys Glu Ile Lys Ala Leu Ile Thr

265 270 275
aaa gct ctg ggg tagaggctgg cgctgggact tgc 966
Lys Ala Leu Gly

280
<210> 260
<211> 281
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 260
Met Val Phe Trp Asp Asp Ala Ala Leu Thr Arg Gly Asp Gly Ile Phe
1 5 10 15
Glu Thr Leu Leu Ile Arg Asp Gly His Ala Cys Asn Val Arg Arg His
20 25 30
Gly Glu Arg Phe Lys Ala Ser Ala Ala Leu Leu Gly Leu Pro Glu Pro
35 40 45
Ile Leu Glu
Asp Trp Glu Lys Ala Thr Gln Met Gly Ile Glu Ser Trp
50 55 60
Tyr Ser His Pro Asn Ala Gly Glu Ala Ser Cys Thr Trp Thr Leu Ser

[illegible]

gtg acc att gac tgg aac gag tcg gaa ggc tgg cac aac gcc caa tta	259
Val Thr Ile Asp Trp Asn Glu Ser Glu Gly Trp His Asn Ala Gln Leu	
40 45 50	
gtg cca tac gcg ccg att cct atg gat cct gcc acc acc gta ttc cac	307
Val Pro Tyr Ala Pro Ile Pro Met Asp Pro Ala Thr Thr Val Phe His	
55 60 65	
tac gga cag gca att ttt gag gga att aag gcc tac cgc cat tcg gac	355
Tyr Gly Gln Ala Ile Phe Glu Gly Ile Lys Ala Tyr Arg His Ser Asp	
70 75 80 85	
gaa acc atc aag act ttc cgt cct gat gaa aac gcc gag cgt atg cag	403
Glu Thr Ile Lys Thr Phe Arg Pro Asp Glu Asn Ala Glu Arg Met Gln	
90 95 100	
cgt tca gca gct cga atg gca atg cca cag ttg cca acc gag gac ttt	451
Arg Ser Ala Ala Arg Met Ala Met Pro Gln Leu Pro Thr Glu Asp Phe	
105 110 115	
att aaa gca ctt gaa ctg ctg gta gac gcg gat cag gat tgg gtt cct	499
Ile Lys Ala Leu Glu Leu Leu Val Asp Ala Asp Gln Asp Trp Val Pro	
120 125 130	
gag tac ggc gga gaa gct tcc ctc tac ctg cgc cca ttc atg atc tcc	547
Glu Tyr Gly Gly Glu Ala Ser Leu Tyr Leu Arg Pro Phe Met Ile Ser	
135 140 145	
acc gaa att ggc ttg ggt gtc agc cca gct gat gcc tac aag ttc ctg	595
Thr Glu Ile Gly Leu Gly Val Ser Pro Ala Asp Ala Tyr Lys Phe Leu	
150 155 160 165	
gtc atc gca tcc cca gtc ggc gct tac ttc acc ggt gga atc aag cct	643
Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr Gly Gly Ile Lys Pro	
170 175 180	
gtt tcc gtc tgg ctg agc gaa gat tac gtc cgc gct gca ccc ggc gga	691
Val Ser Val Trp Leu Ser Glu Asp Tyr Val Arg Ala Ala Pro Gly Gly	
185 190 195	
act ggt gac gcc aaa ttt gct ggc aac tac gcg gct tct ttg ctt gcc	739
Thr Gly Asp Ala Lys Phe Ala Gly Asn Tyr Ala Ala Ser Leu Leu Ala	
200 205 210	
cag tcc cag gct gcg gaa aag ggc tgt gac cag gtc gta tgg ttg gat	787
Gln Ser Gln Ala Ala Glu Lys Gly Cys Asp Gln Val Val Trp Leu Asp	
215 220 225	
gcc atc gag cac aag tac atc gaa gaa atg ggt ggc atg aac ctt ggg	835
Ala Ile Glu His Lys Tyr Ile Glu Glu Met Gly Gly Met Asn Leu Gly	
230 235 240 245	
ttc atc tac cgc aac ggc gac caa gtc aag cta gtc acc cct gaa ctt	883
Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu Val Thr Pro Glu Leu	
250 255 260	

tcc ggc tca cta ctt cca ggc atc acc cgc aag tca ctt cta caa gta 931
Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys Ser Leu Leu Gln Val

265 270 275
gca cgc gac ttg gga tac gaa gta gaa gag cga aag atc acc acc acc 979
Ala Arg Asp Leu Gly Tyr Glu Val Glu Glu Arg Lys Ile Thr Thr Thr

280 285 290
gag tgg gaa gaa gac gca aag tct ggc gcc atg acc gag gca ttt gct 1027
Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met Thr Glu Ala Phe Ala

295 300 305
tgc ggt act gca gct gtt atc acc cct gtt ggc acc gtg aaa tca gct 1075
Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly Thr Val Lys Ser Ala

310 315 320 325
cac ggc acc ttc gaa gtg aac aac aat gaa gtc gga gaa atc acg atg 1123
His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val Gly Glu Ile Thr Met

330 335 340
aag ctt cgt gaa acc ctc acc gga att cag caa gga aac gtt gaa gac 1171
Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln Gly Asn Val Glu Asp

345 350 355
caa aac gga tgg ctt tac cca ctg gtt ggc taaatcaacc ggttttaaga 1221
Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly

360 365
ccc 1224
<210> 262
<211> 367
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 262
Met Thr Ser Leu Glu Phe Thr Val Thr Arg Thr Glu Asn Pro Thr Ser
1 5 10 15
Pro Asp Arg Leu Lys Glu Ile Leu Ala Ala Pro Lys Phe Gly Lys Phe
20 25 30
Phe Thr Asp His Met Val Thr Ile Asp Trp Asn Glu
Ser Glu Gly Trp
35 40 45
His Asn Ala Gln Leu Val Pro Tyr Ala Pro Ile Pro Met Asp Pro Ala
50 55 60
Thr Thr Val Phe His Tyr Gly Gln Ala Ile Phe Glu Gly Ile Lys Ala
65 70 75 80
Tyr Arg His Ser Asp Glu Thr Ile Lys Thr Phe Arg Pro Asp Glu Asn
85 90 95
Ala Glu Arg Met Gln Arg Ser Ala Ala Arg Met Ala Met Pro Gln Leu
100 105 110
Pro Thr Glu Asp Phe Ile Lys Ala Leu Glu Leu Leu Val Asp Ala Asp
115 120 125
Gln Asp Trp Val Pro Glu Tyr Gly Gly Glu Ala Ser Leu Tyr Leu Arg
130 135 140
Pro Phe Met Ile Ser Thr Glu Ile Gly Leu Gly Val Ser Pro Ala Asp

145 150 155 160

Ala Tyr Lys Phe Leu Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr
 165 170 175

Gly Gly Ile Lys Pro Val Ser Val Trp Leu Ser Glu Asp Tyr Val Arg
 180 185 190

Ala Ala Pro Gly Gly Thr Gly Asp Ala Lys Phe Ala Gly Asn Tyr Ala
 195 200 205

Ala Ser Leu Leu Ala Gln Ser Gln Ala Ala Glu Lys Gly Cys Asp Gln
 210 215 220

Val Val Trp Leu Asp Ala Ile Glu His Lys Tyr Ile Glu Glu Met Gly
 225 230 235 240

Gly Met Asn Leu Gly Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu
 245 250 255

Val Thr Pro Glu Leu Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys
 260 265 270

Ser Leu Leu Gln Val Ala Arg Asp Leu Gly Tyr Glu Val Glu Glu Arg
 275 280 285

Lys Ile Thr Thr Thr Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met
 290 295 300

Thr Glu Ala Phe Ala Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly
 305 310 315 320

Thr Val Lys Ser Ala His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val
 325 330 335

Gly Glu Ile Thr Met Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln
 340 345 350

Gly Asn Val Glu Asp Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly

 355 360 365

<210> 263
 <211> 1076
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(1053)
 <223> FRXA01690
 <400> 263

ccc gat cgt ctg aag gaa att ctt gcc gca ccg aag ttc ggt aag ttc 48
 Pro Asp Arg Leu Lys Glu Ile Leu Ala Ala Pro Lys Phe Gly Lys Phe

 1 5 10 15

ttc acc gac cac atg gtg acc att gac tgg aac gag tcg gaa ggc tgg 96
 Phe Thr Asp His Met Val Thr Ile Asp Trp Asn Glu Ser Glu Gly Trp

 20 25 30

cac aac gcc caa tta gtg cca tac gcg ccg att cct atg gat cct gcc 144
 His Asn Ala Gln Leu Val Pro Tyr Ala Pro Ile Pro Met Asp Pro Ala

 35 40 45

acc acc gta ttc cac tac gga cag gca att ttt gag gga att aag gcc 192

Thr Thr Val Phe His Tyr Gly Gln Ala Ile Phe Glu Gly Ile Lys Ala

50 55 60
tac cgc cat tcg gac gaa acc atc aag act ttc cgt cct gat gaa aac 240
Tyr Arg His Ser Asp Glu Thr Ile Lys Thr Phe Arg Pro Asp Glu Asn

65 70 75 80
gcc gag cgt atg cag cgt tca gca gct cga atg gca atg cca cag ttg 288
Ala Glu Arg Met Gln Arg Ser Ala Ala Arg Met Ala Met Pro Gln Leu

85 90 95
cca acc gag gac ttt att aaa gca ctt gaa ctg ctg gta gac gcg gat 336
Pro Thr Glu Asp Phe Ile Lys Ala Leu Glu Leu Leu Val Asp Ala Asp

100 105 110
cag gat tgg gtt cct gag tac ggc gga gaa gct tcc ctg tac ctg cgc 384
Gln Asp Trp Val Pro Glu Tyr Gly Gly Glu Ala Ser Leu Tyr Leu Arg

115 120 125
cca ttc atg atc tcc acc gaa att ggc ttg ggt gtc agc cca gct gat 432
Pro Phe Met Ile Ser Thr Glu Ile Gly Leu Gly Val Ser Pro Ala Asp

130 135 140
gcc tac aag ttc ctg gtc atc gca tcc cca gtc ggc gct tac ttc acc 480
Ala Tyr Lys Phe Leu Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr

145 150 155 160
ggc gga atc aag cct gtt tcc gtc tgg ctg agc gaa gat tac gtc cgc 528
Gly Gly Ile Lys Pro Val Ser Val Trp Leu Ser Glu Asp Tyr Val Arg

165 170 175
gct gca ccc ggc gga act ggt gac gcc aaa ttt gct ggc aac tac gcg 576
Ala Ala Pro Gly Gly Thr Gly Asp Ala Lys Phe Ala Gly Asn Tyr Ala

180 185 190
gct tct ttg ctt gcc cag tcc cag gct gcg gaa aag ggc tgt gac cag 624
Ala Ser Leu Leu Ala Gln Ser Gln Ala Ala Glu Lys Gly Cys Asp Gln

195 200 205
gtc gta tgg ttg gat gcc atc gag cac aag tac atc gaa gaa atg ggt 672
Val Val Trp Leu Asp Ala Ile Glu His Lys Tyr Ile Glu Glu Met Gly

210 215 220
ggc atg aac ctt ggg ttc atc tac cgc aac ggc gac caa gtc aag cta 720
Gly Met Asn Leu Gly Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu

225 230 235 240
gtc acc cct gaa ctt tcc ggc tca cta ctt cca ggc atc acc cgc aag 768
Val Thr Pro Glu Leu Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys

245 250 255
tca ctt cta caa gta gca cgc gac ttg gga tac gaa gta gaa gag cga 816
Ser Leu Leu Gln Val Ala Arg Asp Leu Gly Tyr Glu Val Glu Glu Arg

260 265 270
aag atc acc acc acc gag tgg gaa gaa gac gca aag tct ggc gcc atg 864

Lys Ile Thr Thr Thr Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met

275 280 285
acc gag gca ttt gct tgc ggt act gca gct gtt atc acc cct gtt ggc 912
Thr Glu Ala Phe Ala Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly

290 295 300
acc gtg aaa tca gct cac ggc acc ttc gaa gtg aac aac aat gaa gtc 960
Thr Val Lys Ser Ala His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val

305 310 315 320
gga gaa atc acg atg aag ctt cgt gaa acc ctc acc gga att cag caa 1008
Gly Glu Ile Thr Met Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln

325 330 335
gga aac gtt gaa gac caa aac gga tgg ctt tac cca ctg gtt ggc 1053
Gly Asn Val Glu Asp Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly

340 345 350
taaatacaacc ggttttaaga ccc 1076
<210> 264
<211> 351
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 264
Pro Asp Arg Leu Lys Glu Ile Leu Ala Ala Pro Lys Phe Gly Lys Phe
1 5 10 15
Phe Thr Asp His Met Val Thr Ile Asp Trp Asn Glu Ser Glu Gly Trp
20 25 30
His Asn Ala Gln Leu Val Pro
Tyr Ala Pro Ile Pro Met Asp Pro Ala
35 40 45
Thr Thr Val Phe His Tyr Gly Gln Ala Ile Phe Glu Gly Ile Lys Ala
50 55 60
Tyr Arg His Ser Asp Glu Thr Ile Lys Thr Phe Arg Pro Asp Glu Asn
65 70 75 80

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

Ala Tyr Lys Phe Leu Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr
145 150 155 160

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

Gly Met Asn Leu Gly Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu
 225 230 235 240

Val Thr Pro Glu Leu Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys
 245 250 255

Ser Leu Leu Gln Val Ala Arg Asp Leu Gly Tyr Glu Val Glu Glu Arg
 260 265 270

Lys Ile Thr Thr Thr Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met
 275 280 285

Thr Glu Ala Phe Ala Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly
 290 295 300

Thr Val Lys Ser Ala His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val
 305 310 315 320

Gly Glu Ile Thr Met Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln
 325 330 335

Gly Asn Val Glu Asp Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly
 340 345 350

<210> 265
 <211> 1782
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1759)
 <223> RXN01026
 <400> 265

gaggtgacat ttatgcctct taatagctat actgtcccat gaaacgatata tttaatctca 60
 tatagtgaga ttacagatt tttaaaggac ggtgagttcc atg acc agc ccc gtg 115
 Met Thr Ser Pro Val

1 5
 gag aac agc acc tca act gag aag ctg acc ctg gca gag aag gtg tgg 163
 Glu Asn Ser Thr Ser Thr Glu Lys Leu Thr Leu Ala Glu Lys Val Trp

10 15 20
 cgc gac cat gtc gtg tcc aag gga gaa aac ggc gag ccc gac ctg ctc 211
 Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly Glu Pro Asp Leu Leu

25 30 35
 tac atc gac ctg cag ctg ctg cat gaa gtg acc tca cca cag gca ttt 259
 Tyr Ile Asp Leu Gln Leu Leu His Glu Val Thr Ser Pro Gln Ala Phe

40 45 50
 gac ggc ctg cgc atg acc ggc cgt aaa ctg cgc cac cca gaa ctg cac 307
 Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg His Pro Glu Leu His

55 60 65
 ctg gcc acc gaa gac cac aac gtg cca acc gaa ggc atc aag act ggc 355
 Leu Ala Thr Glu Asp His Asn Val Pro Thr Glu Gly Ile Lys Thr Gly

70 75 80 85

tca ctg ctg gaa atc aac gac aag att tcc cgc ctg cag gta tct act	403
Ser Leu Leu Glu Ile Asn Asp Lys Ile Ser Arg Leu Gln Val Ser Thr	
90 95 100	
ctg cgc gac aac tgt gaa gaa ttc ggc gtg cgc ctg cac cca atg ggt	451
Leu Arg Asp Asn Cys Glu Glu Phe Gly Val Arg Leu His Pro Met Gly	
105 110 115	
gat gtc cga cag ggc atc gtg cac acc gtc ggc cca cag ctc ggc gca	499
Asp Val Arg Gln Gly Ile Val His Thr Val Gly Pro Gln Leu Gly Ala	
120 125 130	
acc cag cca ggc atg acc att gtg tgc ggt gac tcc cac acc tcc acc	547
Thr Gln Pro Gly Met Thr Ile Val Cys Gly Asp Ser His Thr Ser Thr	
135 140 145	
cac ggt gct ttt ggc tcc atg gca ttc ggc atc ggt acc tca gag gtt	595
His Gly Ala Phe Gly Ser Met Ala Phe Gly Ile Gly Thr Ser Glu Val	
150 155 160 165	
gag cac gtc atg gct act caa acc ctg cca ctg aag cct ttc aag acc	643
Glu His Val Met Ala Thr Gln Thr Leu Pro Leu Lys Pro Phe Lys Thr	
170 175 180	
atg gcc att gaa gtt act ggt gaa ctg cag cca ggt gtt tcc tcc aag	691
Met Ala Ile Glu Val Thr Gly Glu Leu Gln Pro Gly Val Ser Ser Lys	
185 190 195	
gac ctg att ctg gcg att atc gcc aag atc ggc acc ggc ggc gga cag	739
Asp Leu Ile Leu Ala Ile Ile Ala Lys Ile Gly Thr Gly Gly Gly Gln	
200 205 210	
ggc tac gtt ctg gaa tac cgc ggc gaa gca atc cgt aag atg tcc atg	787
Gly Tyr Val Leu Glu Tyr Arg Gly Glu Ala Ile Arg Lys Met Ser Met	
215 220 225	
gat gca cgc atg acc atg tgc aac atg tcc atc gaa gct ggc gca cgt	835
Asp Ala Arg Met Thr Met Cys Asn Met Ser Ile Glu Ala Gly Ala Arg	
230 235 240 245	
gcc ggc atg atc gcc cca gac caa acc acc ttc gac tac gtt gaa ggc	883
Ala Gly Met Ile Ala Pro Asp Gln Thr Thr Phe Asp Tyr Val Glu Gly	
250 255 260	
cgc gaa atg gca cca aag ggc gcc gac tgg gac gaa gca gtt gct tac	931
Arg Glu Met Ala Pro Lys Gly Ala Asp Trp Asp Glu Ala Val Ala Tyr	
265 270 275	
tgg aag acc ctg cca acc gac gaa ggc gca acc ttt gac aag gtc gta	979
Trp Lys Thr Leu Pro Thr Asp Glu Gly Ala Thr Phe Asp Lys Val Val	
280 285 290	
gaa atc gat ggc tcg gca ctg acc cca ttc atc acc tgg ggc acc aac	1027
Glu Ile Asp Gly Ser Ala Leu Thr Pro Phe Ile Thr Trp Gly Thr Asn	
295 300 305	

cca	ggc	cag	ggc	ctg	cca	ctg	ggc	gaa	tcc	gta	cca	agc	cca	gaa	gac	1075
Pro	Gly	Gln	Gly	Leu	Pro	Leu	Gly	Glu	Ser	Val	Pro	Ser	Pro	Glu	Asp	
310					315					320					325	
ttc	acc	aac	gac	aac	gac	aag	gca	gca	gcc	gaa	aag	gca	ctg	cag	tac	1123
Phe	Thr	Asn	Asp	Asn	Asp	Lys	Ala	Ala	Ala	Glu	Lys	Ala	Leu	Gln	Tyr	
				330					335					340		
atg	gac	ctg	gta	cca	gga	acc	cca	ctg	cgc	gac	atc	aag	atc	gac	acc	1171
Met	Asp	Leu	Val	Pro	Gly	Thr	Pro	Leu	Arg	Asp	Ile	Lys	Ile	Asp	Thr	
				345					350					355		
gtc	ttc	ctg	gga	tcc	tgc	acc	aac	gcc	cgc	atc	gaa	gac	ctg	cag	atc	1219
Val	Phe	Leu	Gly	Ser	Cys	Thr	Asn	Ala	Arg	Ile	Glu	Asp	Leu	Gln	Ile	
				360					365					370		
gcc	gct	gac	atc	ctc	aag	ggc	cac	aaa	atc	gcc	gac	ggc	atg	cgc	atg	1267
Ala	Ala	Asp	Ile	Leu	Lys	Gly	His	Lys	Ile	Ala	Asp	Gly	Met	Arg	Met	
				375					380					385		
atg	gtc	gtg	cct	tcc	tcc	acc	tgg	atc	aag	caa	gag	gca	gaa	gcg	ctc	1315
Met	Val	Val	Pro	Ser	Ser	Thr	Trp	Ile	Lys	Gln	Glu	Ala	Glu	Ala	Leu	
390					395					400					405	
gga	ctg	gac	aaa	atc	ttc	acc	gac	gct	ggc	gct	gaa	tgg	cgt	acc	gca	1363
Gly	Leu	Asp	Lys	Ile	Phe	Thr	Asp	Ala	Gly	Ala	Glu	Trp	Arg	Thr	Ala	
				410					415					420		
ggc	tgc	tcc	atg	tgc	ctg	ggc	atg	aac	cca	gac	caa	ctg	aag	cca	ggc	1411
Gly	Cys	Ser	Met	Cys	Leu	Gly	Met	Asn	Pro	Asp	Gln	Leu	Lys	Pro	Gly	
				425					430					435		
gag	cgc	tcc	gca	ttc	acc	tcc	aac	cga	aac	ttc	gaa	gga	cgc	caa	gga	1459
Glu	Arg	Ser	Ala	Phe	Thr	Ser	Asn	Arg	Asn	Phe	Glu	Gly	Arg	Gln	Gly	
				440					445					450		
cca	gga	ggc	cgc	acc	cac	ctg	gta	tcc	cca	gca	gtc	gca	gcc	gcc	acc	1507
Pro	Gly	Gly	Arg	Thr	His	Leu	Val	Ser	Pro	Ala	Val	Ala	Ala	Ala	Thr	
				455					460					465		
gaa	tcc	gcg	gac	cct	gtc	ctc	acc	tgc	aga	tat	cta	agg	aag	gct	aga	1555
Glu	Ser	Ala	Asp	Pro	Val	Leu	Thr	Cys	Arg	Tyr	Leu	Arg	Lys	Ala	Arg	
470					475					480					485	
aaa	caa	tgg	aaa	aat	tta	cca	cct	aca	ccg	gcg	ttg	gcg	ttc	cac	tgc	1603
Lys	Gln	Trp	Lys	Asn	Leu	Pro	Pro	Thr	Pro	Ala	Leu	Ala	Phe	His	Cys	
				490					495					500		
agc	gat	cca	acg	tgg	aca	ccg	acc	aga	tca	tcc	cag	ccg	tct	acc	tca	1651
Ser	Asp	Pro	Thr	Trp	Thr	Pro	Thr	Arg	Ser	Ser	Gln	Pro	Ser	Thr	Ser	
				505					510					515		
agc	gcg	tca	ccc	gga	ccg	gct	tcg	aag	acg	gac	tgt	ttt	cca	act	ggc	1699
Ser	Ala	Ser	Pro	Gly	Pro	Ala	Ser	Lys	Thr	Asp	Cys	Phe	Pro	Thr	Gly	
				520												

```

gcc aaa acg acc cca act ttg tcc tca aca ccg aca cct aca aga acg 1747
Ala Lys Thr Thr Pro Thr Leu Ser Ser Thr Pro Thr Pro Thr Arg Thr

      535              540              545
gct ccg ttc tgc tagcaggccc tgactttggc acc 1782
Ala Pro Phe Ser

550
<210> 266
<211> 553
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 266
Met Thr Ser Pro Val Glu Asn Ser Thr Ser Thr Glu Lys Leu Thr Leu
  1              5              10              15
Ala Glu Lys Val Trp Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly
      20              25              30
Glu Pro Asp Leu Leu Tyr Ile Asp Leu Gln Leu Leu His Glu Val Thr
      35              40              45
Ser Pro Gln
Ala Phe Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg
      50              55              60
His Pro Glu Leu His Leu Ala Thr Glu Asp His Asn Val Pro Thr Glu
      65              70              75              80

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

Ser His Thr Ser Thr His Gly Ala Phe Gly Ser Met Ala Phe Gly Ile
      145             150             155             160

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

Arg Lys Met Ser Met Asp Ala Arg Met Thr Met Cys Asn Met Ser Ile
      225             230             235             240

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

```

Thr Trp Gly Thr Asn Pro Gly Gln Gly Leu Pro Leu Gly Glu Ser Val
305 310 315 320

Pro Ser Pro Glu Asp Phe Thr Asn Asp Asn Asp Lys Ala Ala Ala Glu
325 330 335
Lys Ala Leu Gln Tyr Met Asp Leu Val Pro Gly Thr Pro Leu Arg Asp
340 345 350
Ile Lys Ile Asp Thr Val Phe Leu Gly Ser Cys Thr Asn Ala Arg Ile
355 360 365
Glu Asp Leu Gln Ile Ala Ala Asp Ile Leu Lys Gly His Lys Ile Ala
370 375 380

Asp Gly Met Arg Met Met Val Val Pro Ser Ser Thr Trp Ile Lys Gln
385 390 395 400

Glu Ala Glu Ala Leu Gly Leu Asp Lys Ile Phe Thr Asp Ala Gly Ala
405 410 415
Glu Trp Arg Thr Ala Gly Cys Ser Met Cys Leu Gly Met Asn Pro Asp
420 425 430
Gln Leu Lys Pro Gly Glu Arg Ser Ala Phe Thr Ser Asn Arg Asn Phe
435 440 445
Glu Gly Arg Gln Gly Pro Gly Gly Arg Thr His Leu Val Ser Pro Ala
450 455 460

Val Ala Ala Ala Thr Glu Ser Ala Asp Pro Val Leu Thr Cys Arg Tyr
465 470 475 480

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

Thr Pro Thr Arg Thr Ala Pro Phe Ser

545 550
<210> 267
<211> 1625
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1602)
<223> FRXA01026
<400> 267

gtg tgg cgc gac cat gtc gtg tcc aag gga gaa aac ggc gag ccc gac 48
Val Trp Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly Glu Pro Asp

1 5 10 15
ctc ctc tac atc gac ctg cag ctg ctg cat gaa gtg acc tca cca cag 96

Leu Leu Tyr Ile Asp Leu Gln Leu Leu His Glu Val Thr Ser Pro Gln

20 25 30
gca ttt gac ggc ctg cgc atg acc ggc cgt aaa ctg cgc cac cca gaa 144
Ala Phe Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg His Pro Glu

35 40 45
ctg cac ctg gcc acc gaa gac cac aac gtg cca acc gaa ggc atc aag 192
Leu His Leu Ala Thr Glu Asp His Asn Val Pro Thr Glu Gly Ile Lys

50 55 60
act ggc tca ctg ctg gaa atc aac gac aag att tcc cgc ctg cag gta 240
Thr Gly Ser Leu Leu Glu Ile Asn Asp Lys Ile Ser Arg Leu Gln Val

65 70 75 80
tct act ctg cgc gac aac tgt gaa gaa ttc ggc gtg cgc ctg cac cca 288
Ser Thr Leu Arg Asp Asn Cys Glu Glu Phe Gly Val Arg Leu His Pro

85 90 95
atg ggt gat gtc cga cag ggc atc gtg cac acc gtc ggc cca cag ctc 336
Met Gly Asp Val Arg Gln Gly Ile Val His Thr Val Gly Pro Gln Leu

100 105 110
ggc gca acc cag cca ggc atg acc att gtg tgc ggt gac tcc cac acc 384
Gly Ala Thr Gln Pro Gly Met Thr Ile Val Cys Gly Asp Ser His Thr

115 120 125
tcc acc cac ggt gct ttt ggc tcc atg gca ttc ggc atc ggt acc tca 432
Ser Thr His Gly Ala Phe Gly Ser Met Ala Phe Gly Ile Gly Thr Ser

130 135 140
gag gtt gag cac gtc atg gct act caa acc ctg cca ctg aag cct ttc 480
Glu Val Glu His Val Met Ala Thr Gln Thr Leu Pro Leu Lys Pro Phe

145 150 155 160
aag acc atg gcc att gaa gtt act ggt gaa ctg cag cca ggt gtt tcc 528
Lys Thr Met Ala Ile Glu Val Thr Gly Glu Leu Gln Pro Gly Val Ser

165 170 175
tcc aag gac ctg att ctg gcg att atc gcc aag atc ggc acc ggc ggc 576
Ser Lys Asp Leu Ile Leu Ala Ile Ile Ala Lys Ile Gly Thr Gly Gly

180 185 190
gga cag ggc tac gtt ctg gaa tac cgc ggc gaa gca atc cgt aag atg 624
Gly Gln Gly Tyr Val Leu Glu Tyr Arg Gly Glu Ala Ile Arg Lys Met

195 200 205
tcc atg gat gca cgc atg acc atg tgc aac atg tcc atc gaa gct ggc 672
Ser Met Asp Ala Arg Met Thr Met Cys Asn Met Ser Ile Glu Ala Gly

210 215 220
gca cgt gcc ggc atg atc gcc cca gac caa acc acc ttc gac tac gtt 720
Ala Arg Ala Gly Met Ile Ala Pro Asp Gln Thr Thr Phe Asp Tyr Val

225 230 235 240

gaa ggc cgc gaa atg gca cca aag ggc gcc gac tgg gac gaa gca gtt	768
Glu Gly Arg Glu Met Ala Pro Lys Gly Ala Asp Trp Asp Glu Ala Val	
245 250 255	
gct tac tgg aag acc ctg cca acc gac gaa ggc gca acc ttt gac aag	816
Ala Tyr Trp Lys Thr Leu Pro Thr Asp Glu Gly Ala Thr Phe Asp Lys	
260 265 270	
gtc gta gaa atc gat ggc tcg gca ctg acc cca ttc atc acc tgg ggc	864
Val Val Glu Ile Asp Gly Ser Ala Leu Thr Pro Phe Ile Thr Trp Gly	
275 280 285	
acc aac cca ggc cag ggc ctg cca ctg ggc gaa tcc gta cca agc cca	912
Thr Asn Pro Gly Gln Gly Leu Pro Leu Gly Glu Ser Val Pro Ser Pro	
290 295 300	
gaa gac ttc acc aac gac aac gac aag gca gca gcc gaa aag gca ctg	960
Glu Asp Phe Thr Asn Asp Asn Asp Lys Ala Ala Ala Glu Lys Ala Leu	
305 310 315 320	
cag tac atg gac ctg gta cca gga acc cca ctg cgc gac atc aag atc	1008
Gln Tyr Met Asp Leu Val Pro Gly Thr Pro Leu Arg Asp Ile Lys Ile	
325 330 335	
gac acc gtc ttc ctg gga tcc tgc acc aac gcc cgc atc gaa gac ctg	1056
Asp Thr Val Phe Leu Gly Ser Cys Thr Asn Ala Arg Ile Glu Asp Leu	
340 345 350	
cag atc gcc gct gac atc ctc aag ggc cac aaa atc gcc gac ggc atg	1104
Gln Ile Ala Ala Asp Ile Leu Lys Gly His Lys Ile Ala Asp Gly Met	
355 360 365	
cgc atg atg gtc gtg cct tcc tcc acc tgg atc aag caa gag gca gaa	1152
Arg Met Met Val Val Pro Ser Ser Thr Trp Ile Lys Gln Glu Ala Glu	
370 375 380	
gcg ctc gga ctg gac aaa atc ttc acc gac gct ggc gct gaa tgg cgt	1200
Ala Leu Gly Leu Asp Lys Ile Phe Thr Asp Ala Gly Ala Glu Trp Arg	
385 390 395 400	
acc gca ggc tgc tcc atg tgc ctg ggc atg aac cca gac caa ctg aag	1248
Thr Ala Gly Cys Ser Met Cys Leu Gly Met Asn Pro Asp Gln Leu Lys	
405 410 415	
cca ggc gag cgc tcc gca ttc acc tcc aac cga aac ttc gaa gga cgc	1296
Pro Gly Glu Arg Ser Ala Phe Thr Ser Asn Arg Asn Phe Glu Gly Arg	
420 425 430	
caa gga cca gga ggc cgc acc cac ctg gta tcc cca gca gtc gca gcc	1344
Gln Gly Pro Gly Gly Arg Thr His Leu Val Ser Pro Ala Val Ala Ala	
435 440 445	
gcc acc gaa tcc gcg gac cct gtc ctc acc tgc aga tat cta agg aag	1392
Ala Thr Glu Ser Ala Asp Pro Val Leu Thr Cys Arg Tyr Leu Arg Lys	
450 455 460	

gct aga aaa caa tgg aaa aat tta cca cct aca ccg gcg ttg gcg ttc 1440
Ala Arg Lys Gln Trp Lys Asn Leu Pro Pro Thr Pro Ala Leu Ala Phe

465 470 475 480
cac tgc agc gat cca acg tgg aca ccg acc aga tca tcc cag ccg tct 1488
His Cys Ser Asp Pro Thr Trp Thr Pro Thr Arg Ser Ser Gln Pro Ser

485 490 495
acc tca agc gcg tca ccc gga ccg gct tcg aag acg gac tgt ttt cca 1536
Thr Ser Ser Ala Ser Pro Gly Pro Ala Ser Lys Thr Asp Cys Phe Pro

500 505 510
act ggc gcc aaa acg acc cca act ttg tcc tca aca ccg aca cct aca 1584
Thr Gly Ala Lys Thr Thr Pro Thr Leu Ser Ser Thr Pro Thr Pro Thr

515 520 525
aga acg gct ccg ttc tcg tagcaggccc tgactttggc acc 1625
Arg Thr Ala Pro Phe Ser

530
<210> 268
<211> 534
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 268
Val Trp Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly Glu Pro Asp
1 5 10 15
Leu Leu Tyr Ile Asp Leu Gln Leu Leu His Glu Val Thr Ser Pro Gln
20 25 30
Ala Phe Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg His Pro Glu
35 40 45
Leu
His Leu Ala Thr Glu Asp His Asn Val Pro Thr Glu Gly Ile Lys
50 55 60
Thr Gly Ser Leu Leu Glu Ile Asn Asp Lys Ile Ser Arg Leu Gln Val
65 70 75 80

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

Glu Val Glu His Val Met Ala Thr Gln Thr Leu Pro Leu Lys Pro Phe
145 150 155 160

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

Ala Arg Ala Gly Met Ile Ala Pro Asp Gln Thr Thr Phe Asp Tyr Val
225 230 235 240

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

Glu Asp Phe Thr Asn Asp Asn Asp Lys Ala Ala Ala Glu Lys Ala Leu
305 310 315 320

Gln Tyr Met Asp Leu Val Pro Gly Thr Pro Leu Arg Asp Ile Lys Ile
325 330 335
Asp Thr Val Phe Leu Gly Ser Cys Thr Asn Ala Arg Ile Glu Asp Leu
340 345 350
Gln Ile Ala Ala Asp Ile Leu Lys Gly His Lys Ile Ala Asp Gly Met
355 360 365
Arg Met Met Val Val Pro Ser Ser Thr Trp Ile Lys Gln Glu Ala Glu
370 375 380

Ala Leu Gly Leu Asp Lys Ile Phe Thr Asp Ala Gly Ala Glu Trp Arg
385 390 395 400

Thr Ala Gly Cys Ser Met Cys Leu Gly Met Asn Pro Asp Gln Leu Lys
405 410 415
Pro Gly Glu Arg Ser Ala Phe Thr Ser Asn Arg Asn Phe Glu Gly Arg
420 425 430
Gln Gly Pro Gly Gly Arg Thr His Leu Val Ser Pro Ala Val Ala Ala
435 440 445
Ala Thr Glu Ser Ala Asp Pro Val Leu Thr Cys Arg Tyr Leu Arg Lys
450 455 460

Ala Arg Lys Gln Trp Lys Asn Leu Pro Pro Thr Pro Ala Leu Ala Phe
465 470 475 480

His Cys Ser Asp Pro Thr Trp Thr Pro Thr Arg Ser Ser Gln Pro Ser
485 490 495
Thr Ser Ser Ala Ser Pro Gly Pro Ala Ser Lys Thr Asp Cys Phe Pro
500 505 510
Thr Gly Ala Lys Thr Thr Pro Thr Leu Ser Ser Thr Pro Thr Pro Thr
515 520 525
Arg Thr Ala Pro Phe Ser

530

<210> 269

<211> 1143

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1120)

<223> RXN01127

<400> 269

gccctgcatg atggggtagt gggggttggt gggcaggtac gagctgtgat caatcagcta 60
cactagttaa gtccatatag tgagaaggga atcccacaac atg aaa ctt gct gtt 115
Met Lys Leu Ala Val

1 5
att ggt gga gat ggt atc ggc cca gag gtt act gca gaa gcc ctc aag 163
Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr Ala Glu Ala Leu Lys

10 15 20
gtt cta aac gct gtc cgc gac gac atc gag acc acc gat tat gac ctt 211
Val Leu Asn Ala Val Arg Asp Asp Ile Glu Thr Thr Asp Tyr Asp Leu

25 30 35
ggc gca cgc cgt tac ctc aaa aat ggc gag ctg ctc acc gac gag gat 259
Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu Leu Thr Asp Glu Asp

40 45 50
ctg gca tcc ctg cgc gag cat gac gcg atc ctt ctt ggc gct atc ggt 307
Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu Leu Gly Ala Ile Gly

55 60 65
gca cca ggt tcc gtc cct cca gga att ctc gag cgt ggt ttg ctg ctg 355
Ala Pro Gly Ser Val Pro Pro Gly Ile Leu Glu Arg Gly Leu Leu Leu

70 75 80 85
aag atg cga ttc gca ctg gat cac cac gtg aac ctg cgc cca tcc aag 403
Lys Met Arg Phe Ala Leu Asp His His Val Asn Leu Arg Pro Ser Lys

90 95 100
ctg tac gac ggc gtg gag tcc cca ctg cgt aac cca ggc aag att gat 451
Leu Tyr Asp Gly Val Glu Ser Pro Leu Arg Asn Pro Gly Lys Ile Asp

105 110 115
ttc gtt gtg gtc cgc gaa ggt acc gaa ggc gcc tac act ggc aac ggt 499
Phe Val Val Val Arg Glu Gly Thr Glu Gly Ala Tyr Thr Gly Asn Gly

120 125 130
gga gca atc cgc gtg gga acc cct cac gag att gcc aat gaa acc tcc 547
Gly Ala Ile Arg Val Gly Thr Pro His Glu Ile Ala Asn Glu Thr Ser

135 140 145
gtg aac act cgc tac ggc gct gag cgc gtt att cgc tac gca ttc gag 595
Val Asn Thr Arg Tyr Gly Ala Glu Arg Val Ile Arg Tyr Ala Phe Glu

150 155 160 165
ctg gca cag agc cgc cgc aag aag ctc acc ctc gtg cac aag acc aac 643
Leu Ala Gln Ser Arg Arg Lys Lys Leu Thr Leu Val His Lys Thr Asn

170 175 180
gtc ctg gtt cac ggt ggt ggc ctg tgg cag cgc acc gta gat gag gtt 691
Val Leu Val His Gly Gly Gly Leu Trp Gln Arg Thr Val Asp Glu Val

185 190 195

gca aag gaa tac cca gag gta gcc gtc gat tac aac cac atc gat gca 739
Ala Lys Glu Tyr Pro Glu Val Ala Val Asp Tyr Asn His Ile Asp Ala

200 205 210
gca acc atc tat ctg gtc act gat cct tcc cgc ttc gat gtg att gtt 787
Ala Thr Ile Tyr Leu Val Thr Asp Pro Ser Arg Phe Asp Val Ile Val

215 220 225
acc gat aac ctc ttc ggc gac atc ctc acc gat gag gca ggc gca gtc 835
Thr Asp Asn Leu Phe Gly Asp Ile Leu Thr Asp Glu Ala Gly Ala Val

230 235 240 245
tct ggc gga att ggc ctc gca gca tcc ggc aac atc gat gcc acg ggc 883
Ser Gly Gly Ile Gly Leu Ala Ala Ser Gly Asn Ile Asp Ala Thr Gly

250 255 260
acc aac cct tcc atg ttc gag cca gtc cac ggc tct gca cca gat atc 931
Thr Asn Pro Ser Met Phe Glu Pro Val His Gly Ser Ala Pro Asp Ile

265 270 275
gca ggc cag gga atc gca gac cca acg gca gca atc cta tcc gct gcg 979
Ala Gly Gln Gly Ile Ala Asp Pro Thr Ala Ala Ile Leu Ser Ala Ala

280 285 290
atg ctg ctg cgt cac tta ggt gat gaa gac aac gca gta cgt att gaa 1027
Met Leu Leu Arg His Leu Gly Asp Glu Asp Asn Ala Val Arg Ile Glu

295 300 305
aca gcc atc gca gct gat gtg gct ggc cga gat aac tct cag ccg att 1075
Thr Ala Ile Ala Ala Asp Val Ala Gly Arg Asp Asn Ser Gln Pro Ile

310 315 320 325
tct acc act gag gtg gga gac cgc atc gtc aag gcg ctg caa agc 1120
Ser Thr Thr Glu Val Gly Asp Arg Ile Val Lys Ala Leu Gln Ser

330 335 340
taaatttcaa cgccgacccc ctt 1143
<210> 270
<211> 340
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 270
Met Lys Leu Ala Val Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr
1 5 10 15
Ala Glu Ala Leu Lys Val Leu Asn Ala Val Arg Asp Asp Ile Glu Thr
20 25 30
Thr Asp Tyr Asp Leu Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu
35 40
45
Leu Thr Asp Glu Asp Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu
50 55 60
Leu Gly Ala Ile Gly Ala Pro Gly Ser Val Pro Pro Gly Ile Leu Glu
65 70 75 80
85 90 95
Arg Gly Leu Leu Leu Lys Met Arg Phe Ala Leu Asp His His Val Asn

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

Ala Asn Glu Thr Ser Val Asn Thr Arg Tyr Gly Ala Glu Arg Val Ile
 145 150 155 160

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

Phe Asp Val Ile Val Thr Asp Asn Leu Phe Gly Asp Ile Leu Thr Asp
 225 230 235 240

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

Ala Val Arg Ile Glu Thr Ala Ile Ala Ala Asp Val Ala Gly Arg Asp
 305 310 315 320

Asn Ser Gln Pro Ile Ser Thr Thr Glu Val Gly Asp Arg Ile Val Lys
 325 330 335
 Ala Leu Gln Ser

340

<210> 271

<211> 403

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(403)

<223> FRXA01132

<400> 271

gccctgcatg atggggtagt gggggttggt gggcaggtac gagctgtgat caatcagcta 60
 cactagtga gtcataatag tgagaaggga atccacaac atg aaa ctt gct gtt 115
 Met Lys Leu Ala Val

1 5

att ggt gga gat ggt atc ggc cca gag gtt act gca gaa gcc ctc aag 163

Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr Ala Glu Ala Leu Lys

10 15 20
gtt cta aac gct gtc cgc gac gac atc gag acc acc gat tat gac ctt 211
Val Leu Asn Ala Val Arg Asp Asp Ile Glu Thr Thr Asp Tyr Asp Leu

25 30 35
ggc gca cgc cgt tac ctc aaa aat ggc gag ctg ctc acc gac gag gat 259
Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu Leu Thr Asp Glu Asp

40 45 50
ctg gca tcc ctg cgc gag cat gac gcg atc ctt ctt ggc gct atc ggt 307
Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu Leu Gly Ala Ile Gly

55 60 65
gca cca ggt tcc gtc cct cca gga att ctc gag cgt ggt ttg ctg ctg 355
Ala Pro Gly Ser Val Pro Pro Gly Ile Leu Glu Arg Gly Leu Leu Leu

70 75 80 85
aag atg cga ttc gca ctg gat cac cac gtg aac ctg cgc cca tcc aag 403
Lys Met Arg Phe Ala Leu Asp His His Val Asn Leu Arg Pro Ser Lys

90 95 100
<210> 272
<211> 101
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 272
Met Lys Leu Ala Val Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr
1 5 10 15
Ala Glu Ala Leu Lys Val Leu Asn Ala Val Arg Asp Asp Ile Glu Thr
20 25 30
Thr Asp Tyr Asp Leu Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu
35 40
45
Leu Thr Asp Glu Asp Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu
50 55 60
Leu Gly Ala Ile Gly Ala Pro Gly Ser Val Pro Pro Gly Ile Leu Glu
65 70 75 80

Arg Gly Leu Leu Leu Lys Met Arg Phe Ala Leu Asp His His Val Asn
85 90 95
Leu Arg Pro Ser Lys

100
<210> 273
<211> 1494
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1471)
<223> RXN00536
<400> 273
cggcgggtcc cagaggtctt aacacgaccg gcatcccgtc gcggagtgtg gtgttgccgg 60
tcgtggaccc acccaaaact ttttaagaag gttgaacaca atg tct cct aac gat 115

Met Ser Pro Asn Asp														
1 5														
gca ttc atc tcc gca cct gcc aag atc gaa acc cca gtt ggg cct cgc	163													
Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr Pro Val Gly Pro Arg														
10 15 20														
aac gaa ggc cag cca gca tgg aat aag cag cgt ggc tcc tca atg cca	211													
Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg Gly Ser Ser Met Pro														
25 30 35														
gtt aac cgc tac atg cct ttc gag gtt gag gta gaa gat att tct ctg	259													
Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val Glu Asp Ile Ser Leu														
40 45 50														
ccg gac cgc act tgg cca gat aaa aaa atc acc gtt gca cct cag tgg	307													
Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr Val Ala Pro Gln Trp														
55 60 65														
tgt gct gtt gac ctg cgt gac ggc aac cag gct ctg att gat ccg atg	355													
Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala Leu Ile Asp Pro Met														
70 75 80 85														
tct cct gag cgt aag cgc cgc atg ttt gag ctg ctg gtt cag atg ggc	403													
Ser Pro Glu Arg Lys Arg Arg Met Phe Glu Leu Leu Val Gln Met Gly														
90 95 100														
ttc aaa gaa atc gag gtc ggt ttc cct tca gct tcc cag act gat ttt	451													
Phe Lys Glu Ile Glu Val Gly Phe Pro Ser Ala Ser Gln Thr Asp Phe														
105 110 115														
gat ttc gtt cgt gag atc atc gaa aag ggc atg atc cct gac gat gtc	499													
Asp Phe Val Arg Glu Ile Ile Glu Lys Gly Met Ile Pro Asp Asp Val														
120 125 130														
acc att cag gtt ctg gtt cag gct cgt gag cac ctg att cgc cgt act	547													
Thr Ile Gln Val Leu Val Gln Ala Arg Glu His Leu Ile Arg Arg Thr														
135 140 145														
ttt gaa gct tgc gaa ggc gca aaa aac gtt atc gtg cac ttc tac aac	595													
Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile Val His Phe Tyr Asn														
150 155 160 165														
tcc acc tcc atc ctg cag cgc aac gtg gtg ttc cgc atg gac aag gtg	643													
Ser Thr Ser Ile Leu Gln Arg Asn Val Val Phe Arg Met Asp Lys Val														
170 175 180														
cag gtg aag aag ctg gct acc gat gcc gct gaa cta atc aag acc atc	691													
Gln Val Lys Lys Leu Ala Thr Asp Ala Ala Glu Leu Ile Lys Thr Ile														
185 190 195														
gct cag gat tac cca gac acc aac tgg cgc tgg cag tac tcc cct gag	739													
Ala Gln Asp Tyr Pro Asp Thr Asn Trp Arg Trp Gln Tyr Ser Pro Glu														
200 205 210														
tcc ttc acc ggc act gag gtt gag tac gcc aag gaa gtt gtg gac gca	787													

Ser Phe Thr Gly Thr Glu Val Glu Tyr Ala Lys Glu Val Val Asp Ala

215 220 225
gtt gtt gag gtc atg gat cca act cct gag aac cca atg atc atc aac 835
Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn Pro Met Ile Ile Asn

230 235 240 245
ctg cct tcc acc gtt gag atg atc acc cct aac gtt tac gca gac tcc 883
Leu Pro Ser Thr Val Glu Met Ile Thr Pro Asn Val Tyr Ala Asp Ser

250 255 260
att gaa tgg atg cac cgc aat cta aac cgt cgt gat tcc att atc ctg 931
Ile Glu Trp Met His Arg Asn Leu Asn Arg Arg Asp Ser Ile Ile Leu

265 270 275
tcc ctg cac ccg cac aat gac cgt ggc acc ggc gtt ggc gca gct gag 979
Ser Leu His Pro His Asn Asp Arg Gly Thr Gly Val Gly Ala Ala Glu

280 285 290
ctg ggc tac atg gct ggc gct gac cgc atc gaa ggc tgc ctg ttc ggc 1027
Leu Gly Tyr Met Ala Gly Ala Asp Arg Ile Glu Gly Cys Leu Phe Gly

295 300 305
aac ggc gag cgc acc ggc aac gtc tgc ctg gtc acc ctg gca ctg aac 1075
Asn Gly Glu Arg Thr Gly Asn Val Cys Leu Val Thr Leu Ala Leu Asn

310 315 320 325
atg ctg acc cag ggc gtt gac cct cag ctg gac ttc acc gat ata cgc 1123
Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp Phe Thr Asp Ile Arg

330 335 340
cag atc cgc agc acc gtt gaa tac tgc aac cag ctg cgc gtt cct gag 1171
Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln Leu Arg Val Pro Glu

345 350 355
cgc cac cca tac ggc ggt gac ctg gtc ttc acc gct ttc tcc ggt tcc 1219
Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr Ala Phe Ser Gly Ser

360 365 370
cac cag gac gct gtg aac aag ggt ctg gac gcc atg gct gcc aag gtt 1267
His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala Met Ala Ala Lys Val

375 380 385
cag cca ggt gct agc tcc act gaa gtt tct tgg gag cag ctg cgc gac 1315
Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp Glu Gln Leu Arg Asp

390 395 400 405
acc cga atg gga ggt tcc tta cct gcc tat cga tcc aaa gga tgt cgg 1363
Thr Arg Met Gly Gly Ser Leu Pro Ala Tyr Arg Ser Lys Gly Cys Arg

410 415 420
tcg cga cta cga ggc tgt tat ccg cgt gaa ctc cca gtc cgg caa ggg 1411
Ser Arg Leu Arg Gly Cys Tyr Pro Arg Glu Leu Pro Val Arg Gln Gly

425 430 435
cgg cgt tgc tta cat cat gaa gac cga tca cgg tct gca gat ccc tcg 1459

Arg Arg Cys Leu His His Glu Asp Arg Ser Arg Ser Ala Asp Pro Ser

440 445 450
ctc cat gca ggt tgagttctcc accgttgtcc aga 1494
Leu His Ala Gly

455
<210> 274
<211> 457
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 274
Met Ser Pro Asn Asp Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr
1 5 10 15
Pro Val Gly Pro Arg Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg
20 25 30
Gly Ser Ser Met Pro Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val
35 40 45
Glu Asp Ile
Ser Leu Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr
50 55 60
Val Ala Pro Gln Trp Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala
65 70 75 80

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

Leu Ile Arg Arg Thr Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile
145 150 155 160

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

Glu Val Val Asp Ala Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn
225 230 235 240

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

Gly Cys Leu Phe Gly Asn Gly Glu Arg Thr Gly Asn Val Cys Leu Val
305 310 315 320

Thr Leu Ala Leu Asn Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp
325 330 335

Phe Thr Asp Ile Arg Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln
340 345 350

Leu Arg Val Pro Glu Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr
355 360 365

Ala Phe Ser Gly Ser His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala
370 375 380

Met Ala Ala Lys Val Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp
385 390 395 400

Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Met Gly Gly Ser Leu Pro Ala Tyr Arg
405 410 415

Ser Lys Gly Cys Arg Ser Arg Leu Arg Gly Cys Tyr Pro Arg Glu Leu
420 425 430

Pro Val Arg Gln Gly Arg Arg Cys Leu His His Glu Asp Arg Ser Arg
435 440 445

Ser Ala Asp Pro Ser Leu His Ala Gly

450

455

<210> 275

<211> 1333

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1333)

<223> FRXA00536

<400> 275

cggcgggtcc cagaggtctt aacacgaccg gcatcccgtc gcggagtttg gtgttgccgg 60
tcgtggacc acccaaaact ttttaagaag gttgaacaca atg tct cct aac gat 115
Met Ser Pro Asn Asp

1

5

gca ttc atc tcc gca cct gcc aag atc gaa acc cca gtt ggg cct cgc 163
Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr Pro Val Gly Pro Arg

10

15

20

aac gaa ggc cag cca gca tgg aat aag cag cgt ggc tcc tca atg cca 211
Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg Gly Ser Ser Met Pro

25

30

35

gtt aac cgc tac atg cct ttc gag gtt gag gta gaa gat att tct ctg 259
Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val Glu Asp Ile Ser Leu

40

45

50

ccg gac cgc act tgg cca gat aaa aaa atc acc gtt gca cct cag tgg 307
Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr Val Ala Pro Gln Trp

55

60

65

tgt gct gtt gac ctg cgt gac ggc aac cag gct ctg att gat ccg atg 355

Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala Leu Ile Asp Pro Met

70 75 80 85
tct cct gag cgt aag cgc cgc atg ttt gag ctg ctg gtt cag atg ggc 403
Ser Pro Glu Arg Lys Arg Arg Met Phe Glu Leu Leu Val Gln Met Gly

90 95 100
ttc aaa gaa atc gag gtc ggt ttc cct tca gct tcc cag act gat ttt 451
Phe Lys Glu Ile Glu Val Gly Phe Pro Ser Ala Ser Gln Thr Asp Phe

105 110 115
gat ttc gtt cgt gag atc atc gaa aag ggc atg atc cct gac gat gtc 499
Asp Phe Val Arg Glu Ile Ile Glu Lys Gly Met Ile Pro Asp Asp Val

120 125 130
acc att cag gtt ctg gtt cag gct cgt gag cac ctg att cgc cgt act 547
Thr Ile Gln Val Leu Val Gln Ala Arg Glu His Leu Ile Arg Arg Thr

135 140 145
ttt gaa gct tgc gaa ggc gca aaa aac gtt atc gtg cac ttc tac aac 595
Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile Val His Phe Tyr Asn

150 155 160 165
tcc acc tcc atc ctg cag cgc aac gtg gtg ttc cgc atg gac aag gtg 643
Ser Thr Ser Ile Leu Gln Arg Asn Val Val Phe Arg Met Asp Lys Val

170 175 180
cag gtg aag aag ctg gct acc gat gcc gct gaa cta atc aag acc atc 691
Gln Val Lys Lys Leu Ala Thr Asp Ala Ala Glu Leu Ile Lys Thr Ile

185 190 195
gct cag gat tac cca gac acc aac tgg cgc tgg cag tac tcc cct gag 739
Ala Gln Asp Tyr Pro Asp Thr Asn Trp Arg Trp Gln Tyr Ser Pro Glu

200 205 210
tcc ttc acc ggc act gag gtt gag tac gcc aag gaa gtt gtg gac gca 787
Ser Phe Thr Gly Thr Glu Val Glu Tyr Ala Lys Glu Val Val Asp Ala

215 220 225
gtt gtt gag gtc atg gat cca act cct gag aac cca atg atc atc aac 835
Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn Pro Met Ile Ile Asn

230 235 240 245
ctg cct tcc acc gtt gag atg atc acc cct aac gtt tac gca gac tcc 883
Leu Pro Ser Thr Val Glu Met Ile Thr Pro Asn Val Tyr Ala Asp Ser

250 255 260
att gaa tgg atg cac cgc aat cta aac cgt cgt gat tcc att atc ctg 931
Ile Glu Trp Met His Arg Asn Leu Asn Arg Arg Asp Ser Ile Ile Leu

265 270 275
tcc ctg cac ccg cac aat gac cgt ggc acc ggc gtt ggc gca gct gag 979
Ser Leu His Pro His Asn Asp Arg Gly Thr Gly Val Gly Ala Ala Glu

280 285 290
ctg ggc tac atg gct ggc gct gac cgc atc gaa ggc tgc ctg ttc ggc 1027

Leu Gly Tyr Met Ala Gly Ala Asp Arg Ile Glu Gly Cys Leu Phe Gly

295 300 305
aac ggc gag cgc acc ggc aac gtc tgc ctg gtc acc ctg gca ctg aac 1075
Asn Gly Glu Arg Thr Gly Asn Val Cys Leu Val Thr Leu Ala Leu Asn

310 315 320 325
atg ctg acc cag ggc gtt gac cct cag ctg gac ttc acc gat ata cgc 1123
Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp Phe Thr Asp Ile Arg

330 335 340
cag atc cgc agc acc gtt gaa tac tgc aac cag ctg cgc gtt cct gag 1171
Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln Leu Arg Val Pro Glu

345 350 355
cgc cac cca tac ggc ggt gac ctg gtc ttc acc gct ttc tcc ggt tcc 1219
Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr Ala Phe Ser Gly Ser

360 365 370
cac cag gac gct gtg aac aag ggt ctg gac gcc atg gct gcc aag gtt 1267
His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala Met Ala Ala Lys Val

375 380 385
cag cca ggt gct agc tcc act gaa gtt tct tgg gag cag ctg cgc gac 1315
Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp Glu Gln Leu Arg Asp

390 395 400 405
acc gaa tgg gag gtt cct 1333
Thr Glu Trp Glu Val Pro

410
<210> 276
<211> 411
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 276
Met Ser Pro Asn Asp Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr
1 5 10 15
Pro Val Gly Pro Arg Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg
20 25 30
Gly Ser Ser Met Pro Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val
35 40 45
Glu
Asp Ile Ser Leu Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr
50 55 60
Val Ala Pro Gln Trp Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala
65 70 75 80

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

Leu Ile Arg Arg Thr Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile
145 150 155 160

Val His Phe Tyr Asn Ser Thr Ser Ile Leu Gln Arg Asn Val Val Phe
165 170 175

Arg Met Asp Lys Val Gln Val Lys Lys Leu Ala Thr Asp Ala Ala Glu
180 185 190

Leu Ile Lys Thr Ile Ala Gln Asp Tyr Pro Asp Thr Asn Trp Arg Trp
195 200 205

Gln Tyr Ser Pro Glu Ser Phe Thr Gly Thr Glu Val Glu Tyr Ala Lys
210 215 220

Glu Val Val Asp Ala Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn
225 230 235 240

Pro Met Ile Ile Asn Leu Pro Ser Thr Val Glu Met Ile Thr Pro Asn
245 250 255

Val Tyr Ala Asp Ser Ile Glu Trp Met His Arg Asn Leu Asn Arg Arg
260 265 270

Asp Ser Ile Ile Leu Ser Leu His Pro His Asn Asp Arg Gly Thr Gly
275 280 285

Val Gly Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Met Ala Gly Ala Asp Arg Ile Glu
290 295 300

Gly Cys Leu Phe Gly Asn Gly Glu Arg Thr Gly Asn Val Cys Leu Val
305 310 315 320

Thr Leu Ala Leu Asn Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp
325 330 335

Phe Thr Asp Ile Arg Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln
340 345 350

Leu Arg Val Pro Glu Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr
355 360 365

Ala Phe Ser Gly Ser His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala
370 375 380

Met Ala Ala Lys Val Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp
385 390 395 400

Glu Gln Leu Arg Asp Thr Glu Trp Glu Val Pro
405 410

<210> 277

<211> 714

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(691)

<223> RXN02965

<400> 277

caggaggccg caccacactg gtatccccag cagtcgcagc cgccaccgaa tccgcggacc 60
ctgtcctcac ctgcagatat ctaaggaagg ctagaaaaca atg gaa aaa ttt acc 115
Met Glu Lys Phe Thr

acc tac acc ggc gtt ggc gtt cca ctg cag cga tcc aac gtg gac acc 163
Thr Tyr Thr Gly Val Gly Val Pro Leu Gln Arg Ser Asn Val Asp Thr

10 15 20
gac cag atc atc cca gcc gtc tac ctc aag cgc gtc acc cgg acc ggc 211
Asp Gln Ile Ile Pro Ala Val Tyr Leu Lys Arg Val Thr Arg Thr Gly

25 30 35
ttc gaa gac gga ctg ttt tcc aac tgg cgc caa aac gac ccc aac ttt 259
Phe Glu Asp Gly Leu Phe Ser Asn Trp Arg Gln Asn Asp Pro Asn Phe

40 45 50
gtc ctc aac acc gac acc tac aag aac ggc tcc gtt ctc gta gca ggc 307
Val Leu Asn Thr Asp Thr Tyr Lys Asn Gly Ser Val Leu Val Ala Gly

55 60 65
cct gac ttt ggc acc ggc tcc tcc cgc gag cac gcc gtc tgg gca ctc 355
Pro Asp Phe Gly Thr Gly Ser Ser Arg Glu His Ala Val Trp Ala Leu

70 75 80 85
atg gac tac ggc ttc cgc gct gtc ttc tcc tca cga ttc gcc gac atc 403
Met Asp Tyr Gly Phe Arg Ala Val Phe Ser Ser Arg Phe Ala Asp Ile

90 95 100
ttc cgc ggc aac tcc gga aaa gcg ggc atg ctc acc ggc atc atg gaa 451
Phe Arg Gly Asn Ser Gly Lys Ala Gly Met Leu Thr Gly Ile Met Glu

105 110 115
cag tcc gac atc gaa ctt ctg tgg aag ctc atg gaa caa acc cca ggc 499
Gln Ser Asp Ile Glu Leu Leu Trp Lys Leu Met Glu Gln Thr Pro Gly

120 125 130
ctc gaa ctg acc gtg aac ctg gaa aag cag atc gtc acc gca ggc gac 547
Leu Glu Leu Thr Val Asn Leu Glu Lys Gln Ile Val Thr Ala Gly Asp

135 140 145
gta gtg atc agc ttc gaa gtt gac ccc tac atc cgc tgg cgt ttg atg 595
Val Val Ile Ser Phe Glu Val Asp Pro Tyr Ile Arg Trp Arg Leu Met

150 155 160 165
gaa ggc ctc gac gac gct ggc ctg acc ctg cgc aag ctc gat gaa att 643
Glu Gly Leu Asp Asp Ala Gly Leu Thr Leu Arg Lys Leu Asp Glu Ile

170 175 180
gaa gac tac gag gct aag cgc cct gcg ttt aag cca cgc act aac gct 691
Glu Asp Tyr Glu Ala Lys Arg Pro Ala Phe Lys Pro Arg Thr Asn Ala

185 190 195
taagtttcag tctgatagcg aaa 714
<210> 278
<211> 197
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 278
Met Glu Lys Phe Thr Thr Tyr Thr Gly Val Gly Val Pro Leu Gln Arg
1 5 10 15

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

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

Val Thr Ala Gly Asp Val Val Ile Ser Phe Glu Val Asp Pro Tyr Ile
 145 150 155 160

Arg Trp Arg Leu Met Glu Gly Leu Asp Asp Ala Gly Leu Thr Leu Arg
 165 170 175
 Lys Leu Asp Glu Ile Glu Asp Tyr Glu Ala Lys Arg Pro Ala Phe Lys
 180 185 190
 Pro Arg Thr Asn Ala

195
 <210> 279
 <211> 936
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(913)
 <223> RXN01929
 <400> 279

aaaatttgac tccataacga gaacttaatc gagcaacacc cctgaacagt gaatcaaadc 60
 ggaatttatt tattctgagc tggatcatcac atctatactc atg ccc atg tca ggc 115
 Met Pro Met Ser Gly

1 5
 att gat gca aag aaa atc cgc acc cgt cat ttc cgc gaa gct aaa gta 163
 Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu Ala Lys Val

10 15 20
 aac ggc cag aaa gtt tcg gtt ctc acc agc tat gat gcg ctt tcg gcg 211
 Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala Leu Ser Ala

25 30 35
 cgc att ttt gat gag gct ggc gtc gat atg ctc ctt gtt ggt gat tcc 259
 Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val Gly Asp Ser

40 45 50

gct gcc aac gtt gtg ctg ggt cgc gat acc acc ttg tgc atc acc ttg 307
Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser Ile Thr Leu

55 60 65
gat gag atg att gtg ctg gcc aag gcg gtg acg atc gct acg aag cgt 355
Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala Thr Lys Arg

70 75 80 85
gcg ctt gtg gtg gtt gat ctg ccg ttt ggt acc tat gag gtg agc cca 403
Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu Val Ser Pro

90 95 100
aat cag gcg gtg gag tcc gcg atc cgg gtc atg cgt gaa acg ggt gcg 451
Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu Thr Gly Ala

105 110 115
gct gcg gtg aag atc gag ggt ggc gtg gag atc gcg cag acg att cga 499
Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln Thr Ile Arg

120 125 130
cgc att gtt gat gct gga att ccg gtt gtc ggc cac atc ggg tac acc 547
Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile Gly Tyr Thr

135 140 145
ccg cag tcc gag cat tcc ttg ggc ggc cac gtg gtt cag ggt cgt ggc 595
Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln Gly Arg Gly

150 155 160 165
gcg agt tct gga aag ctc atc gcc gat gcc cgc gcg ttg gag cag gcg 643
Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu Glu Gln Ala

170 175 180
ggt gcg ttt gcg gtt gtg ttg gag atg gtt cca gca gag gca gcg cgc 691
Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu Ala Ala Arg

185 190 195
gag gtt acc gag gat ctt tcc atc acc act atc gga atc ggt gcc ggc 739
Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile Gly Ala Gly

200 205 210
aat ggc aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc 787
Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu

215 220 225
aac cgc ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc 835
Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly

230 235 240 245
gat tcc ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg 883
Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala

250 255 260
ggt acc ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca 933
Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

265 270

936

```

aag
<210> 280
<211> 271
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 280
Met Pro Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe
  1             5             10             15
Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr
      20             25             30
Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val
Asp Met Leu
      35             40             45
Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr
      50             55             60
Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr
      65             70             75             80

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

His Ile Gly Tyr Thr Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val
      145            150            155            160

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

Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu
      225            230            235            240

Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile
      245            250            255
Ala Asp Ile His Ala Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

      260            265            270
<210> 281
<211> 930
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(907)
<223> FRXA01929
<400> 281

```

tgactccata acgagaactt aatcgagcaa caccctgaa cagtgaatca aatcggaatt 60
 tattttattct gagctggica tcacatctat actcatgccc atg tca ggc att gat 115
 Met Ser Gly Ile Asp

 1 5
 gca aag aaa atc cgc acc cgt cat ttc cgc gaa gct aaa gta aac ggc 163
 Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly

 10 15 20
 cag aaa gtt tcg gtt ctc acc agc tat gat gcg ctt tcg gcg cgc att 211
 Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile

 25 30 35
 ttt gat gag gct ggc gtc gat atg ctc ctt gtt ggt gat tcc gct gcc 259
 Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala

 40 45 50
 aac gtt gtg ctg ggt cgc gat acc acc ttg tcg atc acc ttg gat gag 307
 Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu

 55 60 65
 atg att gtg ctg gcc aag gcg gtg acg atc gct acg aag cgt gcg ctt 355
 Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala Thr Lys Arg Ala Leu

 70 75 80 85
 gtg gtg gtt gat ctg ccg ttt ggt acc tat gag gtg agc cca aat cag 403
 Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu Val Ser Pro Asn Gln

 90 95 100
 gcg gtg gag tcc gcg atc cgg gtc atg cgt gaa acg ggt gcg gct gcg 451
 Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu Thr Gly Ala Ala Ala

 105 110 115
 gtg aag atc gag ggt ggc gtg gag atc gcg cag acg att cga cgc att 499
 Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln Thr Ile Arg Arg Ile

 120 125 130
 gtt gat gct gga att ccg gtt gtc ggc cac atc ggg tac acc ccg cag 547
 Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile Gly Tyr Thr Pro Gln

 135 140 145
 tcc gag cat tcc ttg ggc ggc cac gtg gtt cag ggt cgt ggc gcg agt 595
 Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln Gly Arg Gly Ala Ser

 150 155 160 165
 tct gga aag ctc atc gcc gat gcc cgc gcg ttg gag cag gcg ggt gcg 643
 Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu Glu Gln Ala Gly Ala

 170 175 180
 ttt gcg gtt gtg ttg gag atg gtt cca gca gag gca gcg cgc gag gtt 691
 Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu Ala Ala Arg Glu Val

 185 190 195
 acc gag gat ctt tcc atc acc act atc gga atc ggt gcc ggc aat ggc 739
 Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile Gly Ala Gly Asn Gly

200 205 210
aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc aac cgc 787
Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg

215 220 225
ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc gat tcc 835
Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser

230 235 240 245
ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg ggt acc 883
Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala Gly Thr

250 255 260
ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca aag 930
Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

265
<210> 282
<211> 269
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 282

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

Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser
50 55 60
Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala
65 70 75 80

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

Gly Tyr Thr Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln
145 150 155 160

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

Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala

[illegible]

Asn Thr Asn Ile Thr Ile Pro Leu Ile Ala Leu Ala Val Ser Phe Val

135 140 145
gct act tgg ttt gtg cca ctg gca ttc aag atg tct gtc atc atg tcc 595
Ala Thr Trp Phe Val Pro Leu Ala Phe Lys Met Ser Val Ile Met Ser

150 155 160 165
ctg cca atg gct ttt gtt gtg gca acg ctt gcg gtg aga gac att gaa 643
Leu Pro Met Ala Phe Val Val Ala Thr Leu Ala Val Arg Asp Ile Glu

170 175 180
ggc aag agt ggg gaa atc gcc tgc cct cgc gca gtt ttg ttg ggt aat 691
Gly Lys Ser Gly Glu Ile Ala Ser Pro Arg Ala Val Leu Leu Gly Asn

185 190 195
att tcc ttt gcc ttc tac atg gtg caa ttc ccc gtc atg gtg ttt gtg 739
Ile Ser Phe Ala Phe Tyr Met Val Gln Phe Pro Val Met Val Phe Val

200 205 210
cag cgc tat ttc att gct ggc aaa gaa tac ggc ttc ctt ggc tgg gca 787
Gln Arg Tyr Phe Ile Ala Gly Lys Glu Tyr Gly Phe Leu Gly Trp Ala

215 220 225
ttc tat gca gtg gtg tgt ttc atc gtg tgc gtc att ctc gcg tgg gtg 835
Phe Tyr Ala Val Val Cys Phe Ile Val Ser Val Ile Leu Ala Trp Val

230 235 240 245
ctg ttt acc ttc gtt gat gat cct ttg atg aag gcc acg gcg cgc aag 883
Leu Phe Thr Phe Val Asp Asp Pro Leu Met Lys Ala Thr Ala Arg Lys

250 255 260
aag ggg agt agg cgc ttg aag cag tcc aat att ttg gtc cgt gac ctg 931
Lys Gly Ser Arg Arg Leu Lys Gln Ser Asn Ile Leu Val Arg Asp Leu

265 270 275
aaa gtt ctc ttc ggc aaa agc ccc gaa aag ccg tta aaa gtt gag act 979
Lys Val Leu Phe Gly Lys Ser Pro Glu Lys Pro Leu Lys Val Glu Thr

280 285 290
cgc gct gag aat ctc aca gaa aac tcc gaa gct ccc gct aag gta gct 1027
Arg Ala Glu Asn Leu Thr Glu Asn Ser Glu Ala Pro Ala Lys Val Ala

295 300 305
acc gga atc aaa tct tagggaagga aaacatatgg cta 1065
Thr Gly Ile Lys Ser

310
<210> 284
<211> 314
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 284
Val Thr Leu Gly Gly Leu Asn Val Pro Ser Trp Ser Leu Gly Ala Glu
1 5 10 15
Met Leu Phe Tyr Leu Thr Phe Pro Leu Phe Ile Pro Leu Val Arg Lys
20 25 30

Val Lys Gly Val Gly Asn Trp Trp Ala Phe Gly Ile Thr Phe Ala Val
35 40 45

Ser Leu

Ala Leu Ile Thr Val Ile His Phe Tyr Ala Asp Gly Pro Lys
50 55 60

Gly Ile Glu Asn Phe Phe Val Pro Arg Leu Trp Asp Thr Asn Val Ser
65 70 75 80

Pro Val Ala Glu Val His Ala Asp Pro Val Trp Phe Met Gln Glu Glu
85 90 95

Ile Pro Val Leu Glu Ser Tyr Trp Leu Ser Tyr Tyr Phe Pro Leu Thr
100 105 110

Arg Leu Ile Glu Phe Tyr Leu Gly Val Phe Gly Ala Lys Leu Val Ala
115 120 125

Glu Gly Met Phe Lys Asn Thr Asn Ile Thr Ile Pro Leu Ile Ala Leu
130 135 140

Ala Val Ser Phe Val Ala Thr Trp Phe Val Pro Leu Ala Phe Lys Met
145 150 155 160

Ser Val Ile Met Ser Leu Pro Met Ala Phe Val Val Ala Thr Leu Ala
165 170 175

Val Arg Asp Ile Glu Gly Lys Ser Gly Glu Ile Ala Ser Pro Arg Ala
180 185 190

Val Leu Leu Gly Asn Ile Ser Phe Ala Phe Tyr Met Val Gln Phe Pro
195 200 205

Val Met Val Phe Val Gln Arg Tyr Phe Ile Ala Gly Lys Glu Tyr Gly
210 215 220

Phe Leu Gly Trp Ala Phe Tyr Ala Val Val Cys Phe Ile Val Ser Val
225 230 235 240

Ile Leu Ala Trp Val Leu Phe Thr Phe Val Asp Asp Pro Leu Met Lys
245 250 255

Ala Thr Ala Arg Lys Lys Gly Ser Arg Arg Leu Lys Gln Ser Asn Ile
260 265 270

Leu Val Arg Asp Leu Lys Val Leu Phe Gly Lys Ser Pro Glu Lys Pro
275 280 285

Leu Lys Val Glu Thr Arg Ala Glu Asn Leu Thr Glu Asn Ser Glu Ala
290 295 300

Pro Ala Lys Val Ala Thr Gly Ile Lys Ser

305 310

<210> 285

<211> 1137

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1114)

<223> RXS01145

<400> 285

taatgtagtt gtctgcccaa gcgagttaaa ctcccacgat ttacagtggg gggcagacat 60
cttttcacca aaatttttac gaaaggcgag attttctccc atg gct att gaa ctg 115

Met Ala Ile Glu Leu

	1	5	
ctt tat gat gct gac gct gac ctc tcc ttg atc cag ggc cgt aag gtt	163		
Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile Gln Gly Arg Lys Val			
	10	15	20
gcc atc gtt ggc tac ggc tcc cag ggc cac gca cac tcc cag aac ctc	211		
Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala His Ser Gln Asn Leu			
	25	30	35
cgc gat tct ggc gtt gag gtt gtc att ggt ctg cgc gag ggc tcc aag	259		
Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu Arg Glu Gly Ser Lys			
	40	45	50
tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct	307		
Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala			
	55	60	65
gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc	355		
Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr			
	70	75	80
tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca	403		
Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala			
	90	95	100
ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg	451		
Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu			
	105	110	115
atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc	499		
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly			
	120	125	130
cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct	547		
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro			
	135	140	145
tgc ctc atc gca gtc gac cag gac cca acc gga acc gca cag gct ctg	595		
Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly Thr Ala Gln Ala Leu			
	150	155	160
acc ctg tcc tac gca gca gca atc ggt ggc gca cgc gca ggc gtt atc	643		
Thr Leu Ser Tyr Ala Ala Ala Ile Gly Gly Ala Arg Ala Gly Val Ile			
	170	175	180
cca acc acc ttc gaa gct gag acc gtc acc gac ctc ttc ggc gag cag	691		
Pro Thr Thr Phe Glu Ala Glu Thr Val Thr Asp Leu Phe Gly Glu Gln			
	185	190	195
gct gtt ctc tgc ggt ggc acc gag gaa ctg gtc aag gtt ggc ttc gag	739		
Ala Val Leu Cys Gly Gly Thr Glu Glu Leu Val Lys Val Gly Phe Glu			
	200	205	210
gtt ctc acc gaa gct ggc tac gag cca gag atg gca tac ttc gag gtt	787		

Val Leu Thr Glu Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Ala Tyr Phe Glu Val

215 220 225
 ctt cac gag ctc aag ctc atc gtt gac ctc atg ttc gaa ggt ggc atc 835
 Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met Phe Glu Gly Gly Ile

230 235 240 245
 agc aac atg aac tac tct gtt tct gac acc gct gag ttc ggt ggc tac 883
 Ser Asn Met Asn Tyr Ser Val Ser Asp Thr Ala Glu Phe Gly Gly Tyr

250 255 260
 ctc tcc ggc cca cgc gtc atc gat gca gac acc aag tcc cgc atg aag 931
 Leu Ser Gly Pro Arg Val Ile Asp Ala Asp Thr Lys Ser Arg Met Lys

265 270 275
 gac atc ctg acc gat atc cag gac ggc acc ttc acc aag cgc ctc atc 979
 Asp Ile Leu Thr Asp Ile Gln Asp Gly Thr Phe Thr Lys Arg Leu Ile

280 285 290
 gca aac gtt gag aac ggc aac acc gag ctt gag ggc ctt cgt gct tcc 1027
 Ala Asn Val Glu Asn Gly Asn Thr Glu Leu Glu Gly Leu Arg Ala Ser

295 300 305
 tac aac aac cac cca atc gag gag acc ggc gct aag ctc cgc gac ctc 1075
 Tyr Asn Asn His Pro Ile Glu Glu Thr Gly Ala Lys Leu Arg Asp Leu

310 315 320 325
 atg agc tgg gtc aag gtt gac gct cgc gca gaa acc gct taagtgtcac 1124
 Met Ser Trp Val Lys Val Asp Ala Arg Ala Glu Thr Ala

330 335
 ccctttgacg gct 1137
 <210> 286
 <211> 338
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 286
 Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile
 1 5 10 15
 Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala
 20 25 30
 His Ser Gln Asn Leu Arg Asp Ser Gly
 Val Glu Val Val Ile Gly Leu
 35 40 45
 Arg Glu Gly Ser Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
 50 55 60
 Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
 65 70 75 80
 Leu Ala Pro Asp Thr Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu
 85 90 95
 Pro Asn Leu Asn Ala Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn
 100 105 110
 Ile His Phe Asp Leu Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met
 115 120 125
 Val Ala Pro Lys Gly Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp
 130 135 140

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly
145 150 155 160

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

Ala Tyr Phe Glu Val Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met
225 230 235 240

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

Gly Leu Arg Ala Ser Tyr Asn Asn His Pro Ile Glu Glu Thr Gly Ala
305 310 315 320

Lys Leu Arg Asp Leu Met Ser Trp Val Lys Val Asp Ala Arg Ala Glu
325 330 335
Thr Ala

<210> 287
<211> 556
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(556)
<223> FRXA01145
<400> 287

taatgtagtt gtctgccaa gcgagttaaa ctcccacgat ttacagtggg gggcagacat 60
ctttcacca aaatttttac gaaaggcgag attttctccc atg gct att gaa ctg 115
Met Ala Ile Glu Leu

1 5
ctt tat gat gct gac gct gac ctc tcc ttg atc cag ggc cgt aag gtt 163
Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile Gln Gly Arg Lys Val

10 15 20
gcc atc gtt ggc tac ggc tcc cag ggc cac gca cac tcc cag aac ctc 211
Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala His Ser Gln Asn Leu

25 30 35
cgc gat tct ggc gtt gag gtt gtc att ggt ctg cgc gag ggc tcc aag 259

Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu Arg Glu Gly Ser Lys

40 45 50
tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct 307
Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala

55 60 65
gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc 355
Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr

70 75 80 85
tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca 403
Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala

90 95 100
ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg 451
Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu

105 110 115
atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc 499
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly

120 125 130
cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct 547
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro

135 140 145
tgc ctc atc 556
Cys Leu Ile

150
<210> 288
<211> 152
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 288
Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile
1 5 10 15
Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala
20 25 30
His Ser Gln Asn Leu Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu
35 40 45
Arg Glu Gly Ser
Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
50 55 60
Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
65 70 75 80

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

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile

145 150

<210> 289

<211> 1350

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1327)

<223> RXA02375

<400> 289

cttttcaggt ctacgtgtat acgatggtaa cgctatgaat gatacgcaga acacacctga 60
aagcgttcga ttacgggata atctcccaac gccaacccaa atg gcg ccg gtg aca 115
Met Ala Pro Val Thr

1 5
ggg ctt cct gtc acc ccc tac agc cag gaa gca agc atc ggt gcg agc 163
Gly Leu Pro Val Thr Pro Tyr Ser Gln Glu Ala Ser Ile Gly Ala Ser

10 15 20
ttc ccg gca gtg gat ccg gac acc aaa gac agc gcc gca tac gga cat 211
Phe Pro Ala Val Asp Pro Asp Thr Lys Asp Ser Ala Ala Tyr Gly His

25 30 35
gaa tcc gga atg cgt gag cgc atc tcc aac gct aag cga gtg gtg gtg 259
Glu Ser Gly Met Arg Glu Arg Ile Ser Asn Ala Lys Arg Val Val Val

40 45 50
aaa att ggt tgc tcc tca ttg act aac gat gag gac gga cac acc gtc 307
Lys Ile Gly Ser Ser Ser Leu Thr Asn Asp Glu Asp Gly His Thr Val

55 60 65
gat ccc aac cgc atc aac act att gtc aat gcc ttg caa gca cgc atg 355
Asp Pro Asn Arg Ile Asn Thr Ile Val Asn Ala Leu Gln Ala Arg Met

70 75 80 85
gaa gct ggc tgc gac ctc atc gtt gtg tcc tct ggc gca gtg gcc gcg 403
Glu Ala Gly Ser Asp Leu Ile Val Val Ser Ser Gly Ala Val Ala Ala

90 95 100
gga atg gcc ccg ctt gga ttg agc acc cgg ccc acg gaa ttg gca gtc 451
Gly Met Ala Pro Leu Gly Leu Ser Thr Arg Pro Thr Glu Leu Ala Val

105 110 115
aag cag gct gca gca gca gtg ggg caa gtt cac ctc atg cac cag tgg 499
Lys Gln Ala Ala Ala Ala Val Gly Gln Val His Leu Met His Gln Trp

120 125 130
gga cgt tct ttt gcc cgg tat ggt cgc ccc atc ggc cag gtg ctt ctt 547
Gly Arg Ser Phe Ala Arg Tyr Gly Arg Pro Ile Gly Gln Val Leu Leu

135 140 145
acc gca gct gat gca gga aag cgt gat cgt gcg agg aat gcg cag cgt 595

Thr Ala Ala Asp Ala Gly Lys Arg Asp Arg Ala Arg Asn Ala Gln Arg

150 155 160 165
acc atc gac aag ctg cgc att ttg ggc gcg gtt cct atc gtc aat gaa 643
Thr Ile Asp Lys Leu Arg Ile Leu Gly Ala Val Pro Ile Val Asn Glu

170 175 180
aat gac acc gtg gca acc acc ggt gtg aat ttt ggt gac aac gac cga 691
Asn Asp Thr Val Ala Thr Thr Gly Val Asn Phe Gly Asp Asn Asp Arg

185 190 195
ctt gct gca att gtg gcg cac ctg gtg tcg gct gat gct ttg gtg ctg 739
Leu Ala Ala Ile Val Ala His Leu Val Ser Ala Asp Ala Leu Val Leu

200 205 210
ctc agt gac gtg gat gga ctt ttt gat aaa aac cct act gat ccc acc 787
Leu Ser Asp Val Asp Gly Leu Phe Asp Lys Asn Pro Thr Asp Pro Thr

215 220 225
gcg aag ttt att tcc gag gtt cgt gac ggc aat gat ttg aaa ggt gtc 835
Ala Lys Phe Ile Ser Glu Val Arg Asp Gly Asn Asp Leu Lys Gly Val

230 235 240 245
att gcc ggc gac ggc gga aaa gtg ggc acc ggt ggc atg gca tca aag 883
Ile Ala Gly Asp Gly Gly Lys Val Gly Thr Gly Gly Met Ala Ser Lys

250 255 260
gtg tct gct gca cgt ttg gct tcc cga agt ggc gtg cct gtg ctg ttg 931
Val Ser Ala Ala Arg Leu Ala Ser Arg Ser Gly Val Pro Val Leu Leu

265 270 275
acc tct gcg gca aac att ggc cca gca ctg gaa gac gcc cag gtg ggc 979
Thr Ser Ala Ala Asn Ile Gly Pro Ala Leu Glu Asp Ala Gln Val Gly

280 285 290
act gta ttc cac ccc aag gac aac cgc ctc tcc gcg tgg aag ttc tgg 1027
Thr Val Phe His Pro Lys Asp Asn Arg Leu Ser Ala Trp Lys Phe Trp

295 300 305
gct ttg tat gcc gca gat act gca gga aag atc cga ctc gat gac ggc 1075
Ala Leu Tyr Ala Ala Asp Thr Ala Gly Lys Ile Arg Leu Asp Asp Gly

310 315 320 325
gcg gtg gaa gca gtg acc tcc ggt ggt aaa tct ttg ctg gct gtg ggc 1123
Ala Val Glu Ala Val Thr Ser Gly Gly Lys Ser Leu Leu Ala Val Gly

330 335 340
att act gaa atc att ggt gat ttc cag cag ggt gag atc gtg gag atc 1171
Ile Thr Glu Ile Ile Gly Asp Phe Gln Gln Gly Glu Ile Val Glu Ile

345 350 355
ttg gga cct gcc ggc caa atc atc ggg cga ggc gag gtg tcc tac gat 1219
Leu Gly Pro Ala Gly Gln Ile Ile Gly Arg Gly Glu Val Ser Tyr Asp

360 365 370
tct gat acc ttg caa tca atg gtt ggt atg caa acg cag gac ctt cca 1267

Ser Asp Thr Leu Gln Ser Met Val Gly Met Gln Thr Gln Asp Leu Pro

375 380 385
gat ggc atg cag cgc ccg gta gtg cat gca gat tat ctg tcc aac tac 1315
Asp Gly Met Gln Arg Pro Val Val His Ala Asp Tyr Leu Ser Asn Tyr

390 395 400 405
gcc agc cgc gcg taaagcgcgg gcctgctggt ggc 1350
Ala Ser Arg Ala

<210> 290

<211> 409

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 290

Met Ala Pro Val Thr Gly Leu Pro Val Thr Pro Tyr Ser Gln Glu Ala
1 5 10 15
Ser Ile Gly Ala Ser Phe Pro Ala Val Asp Pro Asp Thr Lys Asp Ser
20 25 30
Ala Ala Tyr Gly His Glu Ser Gly Met Arg Glu Arg Ile Ser Asn Ala
35 40 45
Lys Arg Val Val Val Lys Ile Gly
Ser Ser Ser Leu Thr Asn Asp Glu
50 55 60
Asp Gly His Thr Val Asp Pro Asn Arg Ile Asn Thr Ile Val Asn Ala
65 70 75 80

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

Gly Gln Val Leu Leu Thr Ala Ala Asp Ala Gly Lys Arg Asp Arg Ala
145 150 155 160

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

Pro Thr Asp Pro Thr Ala Lys Phe Ile Ser Glu Val Arg Asp Gly Asn
225 230 235 240

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

Asp Ala Gln Val Gly Thr Val Phe His Pro Lys Asp Asn Arg Leu Ser
290 295 300

Ala Trp Lys Phe Trp Ala Leu Tyr Ala Ala Asp Thr Ala Gly Lys Ile
305 310 315 320

Arg Leu Asp Asp Gly Ala Val Glu Ala Val Thr Ser Gly Gly Lys Ser
325 330 335

Leu Leu Ala Val Gly Ile Thr Glu Ile Ile Gly Asp Phe Gln Gln Gly
340 345 350

Glu Ile Val Glu Ile Leu Gly Pro Ala Gly Gln Ile Ile Gly Arg Gly
355 360 365

Glu Val Ser Tyr Asp Ser Asp Thr Leu Gln Ser Met Val Gly Met Gln
370 375 380

Thr Gln Asp Leu Pro Asp Gly Met Gln Arg Pro Val Val His Ala Asp
385 390 395 400

Tyr Leu Ser Asn Tyr Ala Ser Arg Ala
405

<210> 291

<211> 1419

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1396)

<223> RXN02382

<400> 291

gagcagatgg ccaccgaggt cgatgtggtg gctggctact aggcctttta tgggtgtgatc 60
cgacactgtt gcttcttaag ggtctgtata gtgggcaacc atg agt tca acg acc 115
Met Ser Ser Thr Thr

1 5
cta act gat gac caa att cgc gac aat gag cgg acc gaa gtt cta gct 163
Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg Thr Glu Val Leu Ala

10 15 20
aaa gca act gca gct aag aac atc gtc ccg gat att gca gtg ttg ggc 211
Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp Ile Ala Val Leu Gly

25 30 35
acc gga ccg aag aac gca atc ctg cgt gcg gcg gca gat gaa ctc gtt 259
Thr Gly Pro Lys Asn Ala Ile Leu Arg Ala Ala Ala Asp Glu Leu Val

40 45 50
gca cgc agc gca gaa atc atc gaa gcc aac gct tcc gat atc gaa gcg 307
Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala Ser Asp Ile Glu Ala

55 60 65
ggg cgc gca aac ggc atg gaa gaa tcc atg att gat cgc ctt gcc ctt 355
Gly Arg Ala Asn Gly Met Glu Glu Ser Met Ile Asp Arg Leu Ala Leu

70 75 80 85
gat gaa tct cgc att gag ggc atc gct ggc ggt ttg cgc cag gtt gct 403

Asp Glu Ser Arg Ile Glu Gly Ile Ala Gly Gly Leu Arg Gln Val Ala

90 95 100
ggc ctg acc gac cca gtg ggt gaa gta ctg cgc gga cat gtc atg gaa 451
Gly Leu Thr Asp Pro Val Gly Glu Val Leu Arg Gly His Val Met Glu

105 110 115
aac ggc att cag atg aag cag gtc cgt gtg cct ttg ggc gtg atg ggc 499
Asn Gly Ile Gln Met Lys Gln Val Arg Val Pro Leu Gly Val Met Gly

120 125 130
atg gtc tat gaa gcc cgc cct aac gtc acc gtc gac gcc ttc ggc ctg 547
Met Val Tyr Glu Ala Arg Pro Asn Val Thr Val Asp Ala Phe Gly Leu

135 140 145
gca ctc aag tcc gga aac gta gct ttg ctg cgc ggt tcc tcc aca gct 595
Ala Leu Lys Ser Gly Asn Val Ala Leu Leu Arg Gly Ser Ser Thr Ala

150 155 160 165
gtg cat tcc aac acc aag ctc gtg gaa atc ctg cag gac gtc ctc gag 643
Val His Ser Asn Thr Lys Leu Val Glu Ile Leu Gln Asp Val Leu Glu

170 175 180
cgt ttc gag ctg cca cgc gaa acc gtg cag ttg ctg cct tgc caa acc 691
Arg Phe Glu Leu Pro Arg Glu Thr Val Gln Leu Leu Pro Cys Gln Thr

185 190 195
cgc gga tcc gtc caa gat ttg atc acc gca cgc ggc ctc gtt gac gtg 739
Arg Gly Ser Val Gln Asp Leu Ile Thr Ala Arg Gly Leu Val Asp Val

200 205 210
gtc atc cca cgc ggc ggc gca gga cta atc aac gca gtg gtc acc ggt 787
Val Ile Pro Arg Gly Gly Ala Gly Leu Ile Asn Ala Val Val Thr Gly

215 220 225
gcg acc gtg ccc acc att gaa acc ggc acc ggc aac tgc cac ttc tac 835
Ala Thr Val Pro Thr Ile Glu Thr Gly Thr Gly Asn Cys His Phe Tyr

230 235 240 245
atc gat gcc gaa gcc aag ctt gat cag gca atc gcc atg gtc atc aac 883
Ile Asp Ala Glu Ala Lys Leu Asp Gln Ala Ile Ala Met Val Ile Asn

250 255 260
ggc aag acc cgc cgc tgc agc gtg tgc aac gct act gaa acc gcg ctt 931
Gly Lys Thr Arg Arg Cys Ser Val Cys Asn Ala Thr Glu Thr Ala Leu

265 270 275
ctc gac gcc gcc ctc agc gac tca gac aag ctt gca gtc gtc cag gcg 979
Leu Asp Ala Ala Leu Ser Asp Ser Asp Lys Leu Ala Val Val Gln Ala

280 285 290
ctc cag gaa gca gga gtc aca att cat gga cgg gtg gcc gaa ttg gaa 1027
Leu Gln Glu Ala Gly Val Thr Ile His Gly Arg Val Ala Glu Leu Glu

295 300 305
gca ttc ggt gca acc gac gtg gtg gaa gca act gaa act gac tgg gat 1075

Ala Phe Gly Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr Glu Thr Asp Trp Asp

310 315 320 325
tct gag tac ctg tcc ttc gat atc gct gtc gct gtg gtt gac ggt gtg 1123
Ser Glu Tyr Leu Ser Phe Asp Ile Ala Val Ala Val Val Asp Gly Val

330 335 340
gat gga gct ctg gca cac atc gct aag tac agc acc aag cac acc gaa 1171
Asp Gly Ala Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser Thr Lys His Thr Glu

345 350 355
gcg atc gcc acc caa aac att gaa acc gct cag cgc ttt gca gat cgc 1219
Ala Ile Ala Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln Arg Phe Ala Asp Arg

360 365 370
gtc gat gca gca gcg gtg atg ata aac gca tcc acc gcc tac acc gat 1267
Val Asp Ala Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser Thr Ala Tyr Thr Asp

375 380 385
ggg gag cag tac ggc atg ggc gcg gag atc ggc att tcc acc cag aaa 1315
Gly Glu Gln Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly Ile Ser Thr Gln Lys

390 395 400 405
ctg cat gca cgt gga cca atg gcc ctg cca gag ctg acc tcc acc aag 1363
Leu His Ala Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu Leu Thr Ser Thr Lys

410 415 420
tgg att ctg cag ggc aca gga caa att agg cct taagtttgaa gaagtaatca 1416
Trp Ile Leu Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro

425 430
agc 1419
<210> 292
<211> 432
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 292
Met Ser Ser Thr Thr Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg
1 5 10 15
Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp
20 25 30
Ile Ala Val Leu Gly Thr Gly Pro Lys Asn Ala
Ile Leu Arg Ala Ala
35 40 45
Ala Asp Glu Leu Val Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala
50 55 60
Ser Asp Ile Glu Ala Gly Arg Ala Asn Gly Met Glu Glu Ser Met Ile
65 70 75 80
Asp Arg Leu Ala Leu Asp Glu Ser Arg Ile Glu Gly Ile Ala Gly Gly
85 90 95
Leu Arg Gln Val Ala Gly Leu Thr Asp Pro Val Gly Glu Val Leu Arg
100 105 110
Gly His Val Met Glu Asn Gly Ile Gln Met Lys Gln Val Arg Val Pro
115 120 125
Leu Gly Val Met Gly Met Val Tyr Glu Ala Arg Pro Asn Val Thr Val
130 135 140

Asp Ala Phe Gly Leu Ala Leu Lys Ser Gly Asn Val Ala Leu Leu Arg
145 150 155 160

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

Ala Val Val Thr Gly Ala Thr Val Pro Thr Ile Glu Thr Gly Thr Gly
225 230 235 240

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

Val Ala Glu Leu Glu Ala Phe Gly Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr
305 310 315 320

Glu Thr Asp Trp Asp Ser Glu Tyr Leu Ser Phe Asp Ile Ala Val Ala
325 330 335
Val Val Asp Gly Val Asp Gly Ala Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser
340 345 350
Thr Lys His Thr Glu Ala Ile Ala Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln
355 360 365
Arg Phe Ala Asp Arg Val Asp Ala Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser
370 375 380

Thr Ala Tyr Thr Asp Gly Glu Gln Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly
385 390 395 400

Ile Ser Thr Gln Lys Leu His Ala Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu
405 410 415
Leu Thr Ser Thr Lys Trp Ile Leu Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro
420 425 430

<210> 293

<211> 724

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(709)

<223> FRXA02378

<400> 293

gagcagatgg ccaccgaggt cgatgtggtg gctggctact aggcctttta tgggtgcatc 60
cgacactgtt gcttcttaag ggtctgtata gtgggcaacc atg agt tca acg acc 115

Met Ser Ser Thr Thr															
1 5															
cta act gat gac caa att cgc gac aat gag cgg acc gaa gtt cta gct	163														
Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg Thr Glu Val Leu Ala															
10 15 20															
aaa gca act gca gct aag aac atc gtc ccg gat att gca gtg ttg ggc	211														
Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp Ile Ala Val Leu Gly															
25 30 35															
acc gga ccg aag aac gca atc ctg cgt gcg gcg gca gat gaa ctc gtt	259														
Thr Gly Pro Lys Asn Ala Ile Leu Arg Ala Ala Ala Asp Glu Leu Val															
40 45 50															
gca cgc agc gca gaa atc atc gaa gcc aac gct tcc gat atc gaa gcg	307														
Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala Ser Asp Ile Glu Ala															
55 60 65															
ggt cgc gca aac ggc atg gaa gaa tcc atg att gat cgc ctt gcc ctt	355														
Gly Arg Ala Asn Gly Met Glu Glu Ser Met Ile Asp Arg Leu Ala Leu															
70 75 80 85															
gat gaa tct cgc att gag ggc atc gct ggc ggt ttg cgc cag gtt gct	403														
Asp Glu Ser Arg Ile Glu Gly Ile Ala Gly Gly Leu Arg Gln Val Ala															
90 95 100															
ggc ctg acc gac cca gtg ggt gaa gta ctg cgc gga cat gtc atg gaa	451														
Gly Leu Thr Asp Pro Val Gly Glu Val Leu Arg Gly His Val Met Glu															
105 110 115															
aac ggc att cag atg aag cag gtc cgt gtg cct ttg ggc gtg atg ggc	499														
Asn Gly Ile Gln Met Lys Gln Val Arg Val Pro Leu Gly Val Met Gly															
120 125 130															
atg gtc tat gaa gcc cgc cct aac gtc acc gtc gac gcc ttc ggc ctg	547														
Met Val Tyr Glu Ala Arg Pro Asn Val Thr Val Asp Ala Phe Gly Leu															
135 140 145															
gca ctc aag tcc gga aac gta gct ttg ctg cgc ggt tcc tcc aca gct	595														
Ala Leu Lys Ser Gly Asn Val Ala Leu Leu Arg Gly Ser Ser Thr Ala															
150 155 160 165															
gtg cat tcc aac acc aag ctc gtg gaa atc ctg cag gac gta ctc gag	643														
Val His Ser Asn Thr Lys Leu Val Glu Ile Leu Gln Asp Val Leu Glu															
170 175 180															
cgt ttc gag ctg cca cgc gaa acc gtg cag ttg ctg ctt gcc aaa ccc	691														
Arg Phe Glu Leu Pro Arg Glu Thr Val Gln Leu Leu Leu Ala Lys Pro															
185 190 195															
gcg gat ccg tcc aag att tgatcaccgg acgcg	724														
Ala Asp Pro Ser Lys Ile															
200															
<210> 294															

<211> 203

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 294

```
Met Ser Ser Thr Thr Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg
  1           5           10           15
Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp
      20           25           30
Ile Ala Val Leu Gly Thr Gly Pro Lys Asn Ala Ile Leu Arg Ala Ala
      35           40           45
Ala
Asp Glu Leu Val Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala
      50           55           60
Ser Asp Ile Glu Ala Gly Arg Ala Asn Gly Met Glu Glu Ser Met Ile
      65           70           75           80
```

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

```
Asp Ala Phe Gly Leu Ala Leu Lys Ser Gly Asn Val Ala Leu Leu Arg
      145          150          155          160
```

```
Gly Ser Ser Thr Ala Val His Ser Asn Thr Lys Leu Val Glu Ile Leu
      165          170          175
Gln Asp Val Leu Glu Arg Phe Glu Leu Pro Arg Glu Thr Val Gln Leu
      180          185          190
Leu Leu Ala Lys Pro Ala Asp Pro Ser Lys Ile
```

195 200

<210> 295

<211> 623

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223> FRXA02382

<400> 295

```
ccc acc att gaa acc ggc acc ggc aac tgc cac ttc tac atc gat gcc 48
Pro Thr Ile Glu Thr Gly Thr Gly Asn Cys His Phe Tyr Ile Asp Ala

  1           5           10           15
gaa gcc aag ctt gat cag gca atc gcc atg gtc atc aac ggc aag acc 96
Glu Ala Lys Leu Asp Gln Ala Ile Ala Met Val Ile Asn Gly Lys Thr

      20           25           30
cgc cgc tgc agc gtg tgc aac gct act gaa acc gcg ctt ctc gac gcc 144
Arg Arg Cys Ser Val Cys Asn Ala Thr Glu Thr Ala Leu Leu Asp Ala
```


35	40	45	
gcc ctc agc gac tca gac aag ctt gca gtc gtc cag gcg ctc cag gaa	192		
Ala Leu Ser Asp Ser Asp Lys Leu Ala Val Val Gln Ala Leu Gln Glu			
50	55	60	
gca gga gtc aca att cat gga cgg gtg gcc gaa ttg gaa gca ttc ggt	240		
Ala Gly Val Thr Ile His Gly Arg Val Ala Glu Leu Glu Ala Phe Gly			
65	70	75	80
gca acc gac gtg gtg gaa gca act gaa act gac tgg gat tct gag tac	288		
Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr Glu Thr Asp Trp Asp Ser Glu Tyr			
85	90	95	
ctg tcc ttc gat atc gct gtc gct gtg gtt gac ggt gtg gat gga gct	336		
Leu Ser Phe Asp Ile Ala Val Ala Val Val Asp Gly Val Asp Gly Ala			
100	105	110	
ctg gca cac atc gct aag tac agc acc aag cac acc gaa gcg atc gcc	384		
Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser Thr Lys His Thr Glu Ala Ile Ala			
115	120	125	
acc caa aac att gaa acc gct cag cgc ttt gca gat cgc gtc gat gca	432		
Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln Arg Phe Ala Asp Arg Val Asp Ala			
130	135	140	
gca gcg gtg atg ata aac gca tcc acc gcc tac acc gat ggg gag cag	480		
Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser Thr Ala Tyr Thr Asp Gly Glu Gln			
145	150	155	160
tac ggc atg ggc gcg gag atc ggc att tcc acc cag aaa ctg cat gca	528		
Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly Ile Ser Thr Gln Lys Leu His Ala			
165	170	175	
cgt gga cca atg gcc ctg cca gag ctg acc tcc acc aag tgg att ctg	576		
Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu Leu Thr Ser Thr Lys Trp Ile Leu			
180	185	190	
cag ggc aca gga caa att agg cct taagtttgaa gaagtaatca agc	623		
Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro			
195	200		
<210> 296			
<211> 200			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 296			
Pro Thr Ile Glu Thr Gly Thr Gly Asn Cys His Phe Tyr Ile Asp Ala			
1 5 10 15			
Glu Ala Lys Leu Asp Gln Ala Ile Ala Met Val Ile Asn Gly Lys Thr			
20 25 30			
Arg Arg Cys Ser Val Cys Asn Ala Thr Glu Thr Ala Leu Leu Asp Ala			
35 40 45			
Ala Leu Ser Asp Ser Asp Lys Leu			
Ala Val Val Gln Ala Leu Gln Glu			
50 55 60			
Ala Gly Val Thr Ile His Gly Arg Val Ala Glu Leu Glu Ala Phe Gly			

65	70	75	80
Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr Glu Thr Asp Trp Asp Ser Glu Tyr			
	85	90	95
Leu Ser Phe Asp Ile Ala Val Ala Val Val Asp Gly Val Asp Gly Ala			
	100	105	110
Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser Thr Lys His Thr Glu Ala Ile Ala			
	115	120	125
Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln Arg Phe Ala Asp Arg Val Asp Ala			
	130	135	140
Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser Thr Ala Tyr Thr Asp Gly Glu Gln			
	145	150	155
			160
Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly Ile Ser Thr Gln Lys Leu His Ala			
	165	170	175
Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu Leu Thr Ser Thr Lys Trp Ile Leu			
	180	185	190
Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro			
	195	200	
<210> 297			
<211> 933			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(910)			
<223> RXA02499			
<400> 297			
cctggtcatg acgttcgggc cgctggcaat cgtcatgtaa ttgtcgttt tgggcccccg 60			
ctgctgcaaa acaggggtgg ttagtggcag tgtgggaacc atg aca aca att gct 115			
			Met Thr Thr Ile Ala
		1	5
gta atc ggc ggc gga caa atc ggc gag gct tta gtc tca ggt ttg atc 163			
Val Ile Gly Gly Gly Gln Ile Gly Glu Ala Leu Val Ser Gly Leu Ile			
	10	15	20
gcg gcc aac atg aat cca caa aat att cgc gtc acc aac cgt tcg gaa 211			
Ala Ala Asn Met Asn Pro Gln Asn Ile Arg Val Thr Asn Arg Ser Glu			
	25	30	35
gag cgc ggc caa gag ctg cgt gac cgc tac ggc atc ctc aac atg acg 259			
Glu Arg Gly Gln Glu Leu Arg Asp Arg Tyr Gly Ile Leu Asn Met Thr			
	40	45	50
gat aat tcc caa gcc gca gac gaa gcc gac gtg gtg ttc ctg tgc gtg 307			
Asp Asn Ser Gln Ala Ala Asp Glu Ala Asp Val Val Phe Leu Cys Val			
	55	60	65
aag ccg aaa ttt atc gtc gaa gtg ctc tcc gaa atc acc ggc act ttg 355			
Lys Pro Lys Phe Ile Val Glu Val Leu Ser Glu Ile Thr Gly Thr Leu			
70	75	80	85

gat aac aac tcc gca caa agt gtt gtg gtc agc atg gcc gca ggc atc 403
Asp Asn Asn Ser Ala Gln Ser Val Val Val Ser Met Ala Ala Gly Ile

90 95 100
agc atc gct gcc atg gaa gaa agc gcc tct gcg ggg ctc ccc gtc gtg 451
Ser Ile Ala Ala Met Glu Glu Ser Ala Ser Ala Gly Leu Pro Val Val

105 110 115
cgc gtc atg ccg aac act cca atg ctc gtg ggc aag ggc atg tcg act 499
Arg Val Met Pro Asn Thr Pro Met Leu Val Gly Lys Gly Met Ser Thr

120 125 130
gtc acc aaa ggc cgc tac gtt gac gcg gaa cag ttg gaa caa gtc aag 547
Val Thr Lys Gly Arg Tyr Val Asp Ala Glu Gln Leu Glu Gln Val Lys

135 140 145
gac ttg ttg agc acc gtt gga gac gtc ctc gaa gtc gcg gaa tca gac 595
Asp Leu Leu Ser Thr Val Gly Asp Val Leu Glu Val Ala Glu Ser Asp

150 155 160 165
atc gac gca gtc acc gcg atg tcc gga tcc tcc cct gca tac ctg ttc 643
Ile Asp Ala Val Thr Ala Met Ser Gly Ser Ser Pro Ala Tyr Leu Phe

170 175 180
ctt gtg acc gaa gcg ctc att gag gca gga gtt aat cta ggc ctg ccc 691
Leu Val Thr Glu Ala Leu Ile Glu Ala Gly Val Asn Leu Gly Leu Pro

185 190 195
cgc gcg acc gct aaa aag ctc gct gtg gcc tca ttc gaa ggt gct gca 739
Arg Ala Thr Ala Lys Lys Leu Ala Val Ala Ser Phe Glu Gly Ala Ala

200 205 210
acc atg atg aag gaa acc ggc aaa gaa ccc tca gaa ttg cgc gca ggc 787
Thr Met Met Lys Glu Thr Gly Lys Glu Pro Ser Glu Leu Arg Ala Gly

215 220 225
gtt tcc tca ccc gca ggc acc acc gtc gca gcc atc cga gaa ctc gaa 835
Val Ser Ser Pro Ala Gly Thr Thr Val Ala Ala Ile Arg Glu Leu Glu

230 235 240 245
gaa agc gga atc cga ggc gct ttc tac cgc gca gcc caa gct tgc gcc 883
Glu Ser Gly Ile Arg Gly Ala Phe Tyr Arg Ala Ala Gln Ala Cys Ala

250 255 260
gac cga tct gaa gaa ctc gga aag cgc tagaaaccgt tatttccccg 930
Asp Arg Ser Glu Glu Leu Gly Lys Arg

265 270
tta 933
<210> 298
<211> 270
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 298
Met Thr Thr Ile Ala Val Ile Gly Gly Gly Gln Ile Gly Glu Ala Leu
1 5 10 15

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

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

Leu Glu Gln Val Lys Asp Leu Leu Ser Thr Val Gly Asp Val Leu Glu
145 150 155 160

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

Glu Leu Arg Ala Gly Val Ser Ser Pro Ala Gly Thr Thr Val Ala Ala
225 230 235 240

Ile Arg Glu Leu Glu Glu Ser Gly Ile Arg Gly Ala Phe Tyr Arg Ala
245 250 255
Ala Gln Ala Cys Ala Asp Arg Ser Glu Glu Leu Gly Lys Arg

260 265 270

<210> 299
<211> 1296
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1273)
<223> RXS02157
<400> 299
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			
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			
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> 300
<211> 391
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 300
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> 301
<211> 1269
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1246)

<223> RXS02262

<400> 301

gcaccaat t cggacctgaa atccccgagg aaaccgtgcc cgacgccgtg caggtgggcg 60
tcgataagca aaaaatcgct gatactcgaa aggcctcaaa atg acc gca acc tac 115
Met Thr Ala Thr Tyr

1 5
acc act gaa acc gcc atc aat ttc ttg ttc ttg agc gaa ccg gac atg 163
Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu Ser Glu Pro Asp Met

10 15 20
atc gcg gcc gga gtc aaa gac gtc gcg caa tgc gtc gat gtc atg gag 211
Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys Val Asp Val Met Glu

25 30 35
gaa acg ctc gtg ctc ttg gcg cag ggc gac tac aaa atg gcc ggt ttg 259
Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln Gly Asp Tyr Lys Met Ala Gly Leu

40 45 50
aac tcc aac tcg cat ggc gcg atg atc acc ttc ccg gaa aac cca gaa 307
Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe Pro Glu Asn Pro Glu

55 60 65
ttt gaa ggc atg ccc aag gac ggc ccc gac cgc cga ttc atg gcg atg 355
Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg Arg Phe Met Ala Met

70 75 80 85
ccc gca tac ctc ggc ggg cga ttc aaa aac acc ggc gtg aag tgg tac 403
Pro Ala Tyr Leu Gly Gly Arg Phe Lys Asn Thr Gly Val Lys Trp Tyr

90 95 100
gga tcc aac gcg gaa aac aag gcc tca ggc ttg cct cgc tcg atc cac 451
Gly Ser Asn Ala Glu Asn Lys Ala Ser Gly Leu Pro Arg Ser Ile His

105 110 115
acc ttc gtc ctc aac gac acg gtc acc ggt gca ccg aag gcc atc atg 499
Thr Phe Val Leu Asn Asp Thr Val Thr Gly Ala Pro Lys Ala Ile Met

120 125 130
tcc gcg aac ctg ctg tcc gcc tac cgc acc ggc gcg gtt ccc ggc gtg 547
Ser Ala Asn Leu Leu Ser Ala Tyr Arg Thr Gly Ala Val Pro Gly Val

135 140 145
ggc gtg aag cac tta gcg gtc gcc gac gcg aca acc ttg gct gtc gtc 595
Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr Thr Leu Ala Val Val

150 155 160 165
gga cct ggt gtc atg gcg aaa acc atc acc gaa gcg tgc atc gca gag 643
Gly Pro Gly Val Met Ala Lys Thr Ile Thr Glu Ala Cys Ile Ala Glu

170 175 180
cgc cca gga atc acc acc atc aag atc aag gga cgc agc gaa cgc ggc 691

Arg Pro Gly Ile Thr Thr Ile Lys Ile Lys Gly Arg Ser Glu Arg Gly

185 190 195
atc aac gcc ttt gca aca tgg gcg ttg gaa aaa ttc ccc gag atc gaa 739
Ile Asn Ala Phe Ala Thr Trp Ala Leu Glu Lys Phe Pro Glu Ile Glu

200 205 210
gtg gtc gcc gtc gga tct gaa gaa gac gtg gtc aaa gac gcc gac atc 787
Val Val Ala Val Gly Ser Glu Glu Asp Val Val Lys Asp Ala Asp Ile

215 220 225
gtc atc gcc gcc acc acc acg gac gcc gcc ggc tcc tcc gcc ttc cca 835
Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly Ser Ser Ala Phe Pro

230 235 240 245
tac ttc aaa aaa gaa tgg ctc aag ccg ggc gca ttg ctg ctg ctt cca 883
Tyr Phe Lys Lys Glu Trp Leu Lys Pro Gly Ala Leu Leu Leu Leu Pro

250 255 260
gcc gcc ggt cgc ttc gac gac gct tat ttg ctt gac gac gcc cgc ctc 931
Ala Ala Gly Arg Phe Asp Asp Ala Tyr Leu Leu Asp Asp Ala Arg Leu

265 270 275
gtt gtt gac tac atg ggg ctc tac gaa gcc tgg gca gaa gaa tac ggc 979
Val Val Asp Tyr Met Gly Leu Tyr Glu Ala Trp Ala Glu Glu Tyr Gly

280 285 290
cca cag gcc tac caa cta ctc ggc att cca gga acc cac tgg tac gac 1027
Pro Gln Ala Tyr Gln Leu Leu Gly Ile Pro Gly Thr His Trp Tyr Asp

295 300 305
ctg gcg ctg caa gga aaa ctc gac ctt gca aag att tcc cag att ggc 1075
Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys Ile Ser Gln Ile Gly

310 315 320 325
gat atc tgc tcc ggc aag cta ccc gga cgc acc aac gat gag gaa atc 1123
Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr Asn Asp Glu Glu Ile

330 335 340
atc ctc tat tcc gtc ggc ggc atg cca gta gaa gac gtc gcc tgg gca 1171
Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu Asp Val Ala Trp Ala

345 350 355
acc caa gtg tat gaa aac gcc ctg gaa aaa ggc gtc ggc acc aca ttg 1219
Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly Val Gly Thr Thr Leu

360 365 370
aac ctg tgg gaa tca ccc gca ctg gct tgagagaaga aacaacaatg 1266
Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala

375 380
aaa 1269

<210> 302
<211> 382
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 302

```

Met Thr Ala Thr Tyr Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu
  1           5           10           15
Ser Glu Pro Asp Met Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys
  20           25           30
Val Asp Val Met Glu Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln
Gly Asp Tyr
  35           40           45
Lys Met Ala Gly Leu Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe
  50           55           60
Pro Glu Asn Pro Glu Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg
  65           70           75           80

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

Ala Val Pro Gly Val Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr
  145          150          155          160

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

Lys Asp Ala Asp Ile Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly
  225          230          235          240

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

Thr His Trp Tyr Asp Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys
  305          310          315          320

Ile Ser Gln Ile Gly Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr
  325          330          335
Asn Asp Glu Glu Ile Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu
  340          345          350
Asp Val Ala Trp Ala Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly
  355          360          365

```

Val Gly Thr Thr Leu Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala

```

      370              375              380
<210> 303
<211> 1491
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1468)
<223> RXS02970
<400> 303
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> 304
<211> 456
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 304
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> 305
 <211> 1330
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1330)
 <223> FRXA01009
 <400> 305
 aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60
 ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
 Leu Ala Leu Lys Gly

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> 306
<211> 410
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 306
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>	307		
<211>	3579		
<212>	DNA		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(101)..(3556)		
<223>	RXN00023		
<400>	307		
gggattatgt tgggggccac atctgaaat agttgctggg atccatcaca cctacgatgc	60		
gaaacggcac ccacaccgct gatcttgaag gagaaccacc atg acg tcg atg aat	115		
	Met Thr Ser Met Asn		
		1	5
ctg cct att gag ttg gct acg ctg tct gac cag gct gtg gac aag gtg	163		
Leu Pro Ile Glu Leu Ala Thr Leu Ser Asp Gln Ala Val Asp Lys Val			
		10	15
cgc tcc tgg ctg gag tac agc aaa aag gaa agc gtg ccc aat gcc gat	211		
Arg Ser Trp Leu Glu Tyr Ser Lys Lys Glu Ser Val Pro Asn Ala Asp			
		25	30
gcg aag cgt cta gct gca gtg ttg cag gat cct aat ggt ttg gaa ttc	259		
Ala Lys Arg Leu Ala Ala Val Leu Gln Asp Pro Asn Gly Leu Glu Phe			
		40	45
acg gtt ggt ttc gtg gat cga gtg gtt cga act gag gat cgt gaa gcg	307		
Thr Val Gly Phe Val Asp Arg Val Val Arg Thr Glu Asp Arg Glu Ala			
		55	60
gca gcg cat gcg ttg tat gag ttg ggc aag att gct ccg tcg acg atg	355		
Ala Ala His Ala Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Ile Ala Pro Ser Thr Met			
		70	75
tcc ttt ttg gat cgg gcg cag att cag gcc ggt tct ttg gtg ggg cgg	403		
Ser Phe Leu Asp Arg Ala Gln Ile Gln Ala Gly Ser Leu Val Gly Arg			
		90	95
gcg ttg ccg cag gtt gtg gtt cct gcg gcg cgg gct cga atc cgg cag	451		
Ala Leu Pro Gln Val Val Val Pro Ala Ala Arg Ala Arg Ile Arg Gln			
		105	110
atg gtt ggg cac atg att gtg gat gcc cgc gac aag cag ttc gcc aag	499		
Met Val Gly His Met Ile Val Asp Ala Arg Asp Lys Gln Phe Ala Lys			
		120	125
gct gtc gct gag att cag tcg gat ggg cac cgc ctg aac atc aat ttg	547		
Ala Val Ala Glu Ile Gln Ser Asp Gly His Arg Leu Asn Ile Asn Leu			
		135	140
cta ggt gaa gcg gtg ttg ggc cga aag gag gca gcg aag cat ttg gat	595		

Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala Ala Lys His Leu Asp

150 155 160 165
gac acg gtg cgg ttg ttg cgc cgt ccg gat gtg gaa tat gtg tcc atc 643
Asp Thr Val Arg Leu Leu Arg Arg Pro Asp Val Glu Tyr Val Ser Ile

170 175 180
aag gtc tct tcg gtg gca tcg cag att tcg atg tgg ggt ttc gaa gac 691
Lys Val Ser Ser Val Ala Ser Gln Ile Ser Met Trp Gly Phe Glu Asp

185 190 195
acc gtt aat tat gtt gtg gaa cag ctg aca cct tta tat ata gag gcc 739
Thr Val Asn Tyr Val Val Glu Gln Leu Thr Pro Leu Tyr Ile Glu Ala

200 205 210
gcg cgg gcg ccg aaa ggc acg aag ttc atc aac ctg gac atg gag gaa 787
Ala Arg Ala Pro Lys Gly Thr Lys Phe Ile Asn Leu Asp Met Glu Glu

215 220 225
tac cgc gat ctg cgc ctg act atg gag gtg ttc aag cgg ctg ctc tcc 835
Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe Lys Arg Leu Leu Ser

230 235 240 245
aat cca gag ctg cat gaa cta gaa gcc gga att gtg ttg cag gcg tac 883
Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile Val Leu Gln Ala Tyr

250 255 260
ctt ccc gat gcc ctc ggt gca atc cag gac ttg gcg cag ttc ggc cgc 931
Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu Ala Gln Phe Gly Arg

265 270 275
gag cgc gtc aac aca ggc ggg gcg ggc gtt aag gtt cgc ctg gtc aag 979
Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys Val Arg Leu Val Lys

280 285 290
ggg gct aat ttg cct atg gag cac gtc cac gcg cag atc acc ggc tgg 1027
Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala Gln Ile Thr Gly Trp

295 300 305
cca gtt gcc aca gaa cct tcc aaa caa gcc acc gat gcc aat tac aag 1075
Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr Asp Ala Asn Tyr Lys

310 315 320 325
cgc gtc ctc tat tgg acg atg cgc aaa gaa aac atg gag ggc ctg cgc 1123
Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn Met Glu Gly Leu Arg

330 335 340
ctg ggc gtt gcc ggc cac aac ctt ttc gac ata gca ttc gca cat ttg 1171
Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile Ala Phe Ala His Leu

345 350 355
ctc tct gtg gag cgt ggg gta gcg gac cgt gtg gag ttc gaa atg ctg 1219
Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val Glu Phe Glu Met Leu

360 365 370
cag ggc atg gcg tcc gat cag gcg cgc gcc gtc agc gtt gac gtc ggt 1267

Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val Ser Val Asp Val Gly

375 380 385
gag ctg ctg ctt tac gta cca gcc gtg cgc cca caa gaa ttc gac gtg 1315
Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro Gln Glu Phe Asp Val

390 395 400 405
gcc att tct tac ctc gtg cgc cgc ctc gag gaa aac gcc gcg agc gaa 1363
Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu Asn Ala Ala Ser Glu

410 415 420
aac ttc atg tcc gcc atc ttc gac ctc gac gcc gac aac ccg tcc ttc 1411
Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala Asp Asn Pro Ser Phe

425 430 435
aag cga gag gag agc cgc ttc cgc gcc tcc ata tct gac ctc gcc acg 1459
Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile Ser Asp Leu Ala Thr

440 445 450
ctc atc gac gtg ccc gcg ccc ggc ccc aac cac aca caa gac cgc agc 1507
Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His Thr Gln Asp Arg Ser

455 460 465
aaa gag acg ctt ctc gac gcc ccc ctc gtc cca ttt atc aac gag ccc 1555
Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro Phe Ile Asn Glu Pro

470 475 480 485
gac acc aac cca gcg ctc atc caa aac caa cag tgg gcc aca aaa gcc 1603
Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln Trp Ala Thr Lys Ala

490 495 500
gtc gcc acc gca gca gag ccc ggt tgg ttg gaa aaa caa aca aag ccg 1651
Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu Lys Gln Thr Lys Pro

505 510 515
gag gtg ttg gaa gag ggg gac gtc gac aag cta att aac gat gtg cgc 1699
Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu Ile Asn Asp Val Arg

520 525 530
gac gct gct gaa gcg tgg gca gcg cgc cca gcc cgt gaa cgc gct gag 1747
Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala Arg Glu Arg Ala Glu

535 540 545
att ttg tac aag acc gcc gag att ttg cgc gtg cga cgc gga cac ctg 1795
Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val Arg Arg Gly His Leu

550 555 560 565
atc tca gtg acg gcc gcg gag gtg ggc aaa gct gtg gaa caa acc gac 1843
Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala Val Glu Gln Thr Asp

570 575 580
ccg gaa atc tct gaa gcc att gat ttc gcc cgc tac tac gcg cat ttg 1891
Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg Tyr Tyr Ala His Leu

585 590 595
gcc ctg gaa ttg gac gac gta gac aat gcg gaa ttc acc cca gat cgc 1939

Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu Phe Thr Pro Asp Arg

600 605 610
gtc gtt gtg gtg acc ccg ccc tgg aat ttc ccc atc gcg atc ccc gct 1987
Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro Ile Ala Ile Pro Ala

615 620 625
gga tcg act ttc gca gca ctc gcg gcg ggc gct ggc gtg atc cac aaa 2035
Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile His Lys

630 635 640 645
ccc tca aag cct agc caa cat tgc tcc gct gca gtg gtc gaa gcc ctc 2083
Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala Val Val Glu Ala Leu

650 655 660
tgg gaa gcc ggc gtt ccc cgc gag gtt ctg cat tgc att tac cca gct 2131
Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His Cys Ile Tyr Pro Ala

665 670 675
aat cgc gat gtt gga tgt gcg ttg atc agc cat gaa cac gtc gac cgc 2179
Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His Glu His Val Asp Arg

680 685 690
gtc att ttg acc ggc tcc tcc gag acc gcc gcg atg ttc tcc tcc tgg 2227
Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala Met Phe Ser Ser Trp

695 700 705
cga cca gaa ctc acc atc aac ggc gaa acc tcc ggc aaa aac gcc atc 2275
Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser Gly Lys Asn Ala Ile

710 715 720 725
gtg gtc acc cca tct gcc gac cgc gac ctc gcc gtc gcc gac ctg gtg 2323
Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala Val Ala Asp Leu Val

730 735 740
aaa tcc gcc ttc ggc cat gca gga caa aaa tgt tcc gca gcc tcc ctc 2371
Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys Ser Ala Ala Ser Leu

745 750 755
ggc atc ttg gta ggc agc gtc tac gaa tca gaa cgc ttc cgg aaa cag 2419
Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu Arg Phe Arg Lys Gln

760 765 770
ctg gta gac gcc gca tcc tca ctc atc gtc gac tgg cct acc aac ccc 2467
Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp Trp Pro Thr Asn Pro

775 780 785
tcc gca acc gtc gga cca ctc acc gaa ctc ccc agc gat aaa ctc cac 2515
Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro Ser Asp Lys Leu His

790 795 800 805
cac gcc cta acc acc ctc gaa gaa gga gaa agc tgg ctg ctg aaa ccc 2563
His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser Trp Leu Leu Lys Pro

810 815 820
cga caa ctc gac gac acc ggc cga ctc tgg tca ccc ggc atc aaa gaa 2611

Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser Pro Gly Ile Lys Glu

825 830 835
ggc gtc aaa cca gga acc ttc ttc cac ctc aca gaa gta ttc gga cca 2659
Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr Glu Val Phe Gly Pro

840 845 850
gtc ctc ggc ctg atg aaa gcc acc gac ctc aat gaa gcc atc gaa ttc 2707
Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu Phe

855 860 865
caa aac ggc aac gac ttc gga ctc acc ggc gga ctc caa tcc ctc gac 2755
Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly Leu Gln Ser Leu Asp

870 875 880 885
gcc gac gaa gtc cgc acc tgg ctt gac cac gtc gat gtc gga aac gcc 2803
Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val Asp Val Gly Asn Ala

890 895 900
tac gtc aac cgc ggc atc acc ggc gcc att gtc caa cgc caa tcc ttc 2851
Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val Gln Arg Gln Ser Phe

905 910 915
gga ggc tgg aaa aaa tcc tcc gtc ggc ctc gga tcc aaa gcc gga gga 2899
Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly Ser Lys Ala Gly Gly

920 925 930
ccc aac tat gtc atg ctc atg gga acc tgg gcc gac gcg cca agc cac 2947
Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala Asp Ala Pro Ser His

935 940 945
cac gcc cca cgc gaa aca aac ccg ctg atc agc aaa ctg gat ctc ccc 2995
His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser Lys Leu Asp Leu Pro

950 955 960 965
gga gaa gag ctc gaa tgg ctc gaa aaa gcc aac gcc agc gat gaa aca 3043
Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn Ala Ser Asp Glu Thr

970 975 980
gca tgg aac acg gaa ttc ggc agc cca cgc gac ccc tcc ggc ctc gat 3091
Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp Pro Ser Gly Leu Asp

985 990 995
gta gaa gcc aac att ttc cgc tac cga cca gca gag gta gta ctc cga 3139
Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala Glu Val Val Leu Arg

1000 1005 1010
ctc gac gat tcc gcc aca ccc cga gaa act gcc cgc gca ttg ttg gca 3187
Leu Asp Asp Ser Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala Arg Ala Leu Leu Ala

1015 1020 1025
gcc cgt cgc gcc ggg gtt act ccg cga gtt ctt caa aca cca ggt gtt 3235
Ala Arg Arg Ala Gly Val Thr Pro Arg Val Leu Gln Thr Pro Gly Val

1030 1035 1040 1045

tca gag caa gtc cgc gaa gta ttg tcc gct gct gga gtg agt gca gaa 3283
Ser Glu Gln Val Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala Gly Val Ser Ala Glu

1050 1055 1060
aca gtc gat gat tcg gta ttt att tcc aac gtg ttg cgc ggc gaa tac 3331
Thr Val Asp Asp Ser Val Phe Ile Ser Asn Val Leu Arg Gly Glu Tyr

1065 1070 1075
gac gag aac tcc agc gtc cga gtc cgc tac ctg ggc aaa gtt agc gac 3379
Asp Glu Asn Ser Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu Gly Lys Val Ser Asp

1080 1085 1090
act gtc cgt gaa cgc cta tct gta cgg ccc gaa gtt gtt ctg ctt gac 3427
Thr Val Arg Glu Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu Val Val Leu Leu Asp

1095 1100 1105
gat gca gta act gcc tcc ggt cga gtt gaa tta cgt tac tgg ctc aaa 3475
Asp Ala Val Thr Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu Arg Tyr Trp Leu Lys

1110 1115 1120 1125
gaa caa gca att tcc atg acg ttg cac cgt ttt gga aac cca gtt gcg 3523
Glu Gln Ala Ile Ser Met Thr Leu His Arg Phe Gly Asn Pro Val Ala

1130 1135 1140
gcc ttc cac gag ttg gcg gag gaa ctt aaa cgt tgatcgtttt gcgcatgggt 3576
Ala Phe His Glu Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg

1145 1150 3579
cgc
<210> 308
<211> 1152
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 308
Met Thr Ser Met Asn Leu Pro Ile Glu Leu Ala Thr Leu Ser Asp Gln
1 5 10 15
Ala Val Asp Lys Val Arg Ser Trp Leu Glu Tyr Ser Lys Lys Glu Ser
20 25 30
Val Pro Asn Ala Asp Ala Lys Arg Leu Ala
Ala Val Leu Gln Asp Pro
35 40 45
Asn Gly Leu Glu Phe Thr Val Gly Phe Val Asp Arg Val Val Arg Thr
50 55 60
Glu Asp Arg Glu Ala Ala Ala His Ala Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Ile
65 70 75 80

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

Leu Asn Ile Asn Leu Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala

145	150	155	160
Ala Lys His Leu Asp Asp Thr Val Arg Leu Leu Arg Arg Pro Asp Val	165	170	175
Glu Tyr Val Ser Ile Lys Val Ser Ser Val Ala Ser Gln Ile Ser Met	180	185	190
Trp Gly Phe Glu Asp Thr Val Asn Tyr Val Val Glu Gln Leu Thr Pro	195	200	205
Leu Tyr Ile Glu Ala Ala Arg Ala Pro Lys Gly Thr Lys Phe Ile Asn	210	215	220
Leu Asp Met Glu Glu Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe	225	230	240
Lys Arg Leu Leu Ser Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile	245	250	255
Val Leu Gln Ala Tyr Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu	260	265	270
Ala Gln Phe Gly Arg Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys	275	280	285
Val Arg Leu Val Lys Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala	290	295	300
Gln Ile Thr Gly Trp Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr	305	310	315
Asp Ala Asn Tyr Lys Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn	325	330	335
Met Glu Gly Leu Arg Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile	340	345	350
Ala Phe Ala His Leu Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val	355	360	365
Glu Phe Glu Met Leu Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val	370	375	380
Ser Val Asp Val Gly Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro	385	390	400
Gln Glu Phe Asp Val Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu	405	410	415
Asn Ala Ala Ser Glu Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala	420	425	430
Asp Asn Pro Ser Phe Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile	435	440	445
Ser Asp Leu Ala Thr Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His	450	455	460
Thr Gln Asp Arg Ser Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro	465	470	475
Phe Ile Asn Glu Pro Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln	485	490	495
Trp Ala Thr Lys Ala Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu	500	505	510
Lys Gln Thr Lys Pro Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu	515	520	525

Ile Asn Asp Val Arg Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala
530 535 540

Arg Glu Arg Ala Glu Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val
545 550 555 560

Arg Arg Gly His Leu Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala
565 570 575

Val Glu Gln Thr Asp Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg
580 585 590

Tyr Tyr Ala His Leu Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu
595 600 605

Phe Thr Pro Asp Arg Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro
610 615 620

Ile Ala Ile Pro Ala Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala
625 630 635 640

Gly Val Ile His Lys Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala
645 650 655

Val Val Glu Ala Leu Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His
660 665 670

Cys Ile Tyr Pro Ala Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His
675 680 685

Glu His Val Asp Arg Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala
690 695 700

Met Phe Ser Ser Trp Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser
705 710 715 720

Gly Lys Asn Ala Ile Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala
725 730 735

Val Ala Asp Leu Val Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys
740 745 750

Ser Ala Ala Ser Leu Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu
755 760 765

Arg Phe Arg Lys Gln Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp
770 775 780

Trp Pro Thr Asn Pro Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro
785 790 795 800

Ser Asp Lys Leu His His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser
805 810 815

Trp Leu Leu Lys Pro Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser
820 825 830

Pro Gly Ile Lys Glu Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr
835 840 845

Glu Val Phe Gly Pro Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn
850 855 860

Glu Ala Ile Glu Phe Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly
865 870 875 880

Leu Gln Ser Leu Asp Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val
885 890 895

Asp Val Gly Asn Ala Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val
 900 905 910
 Gln Arg Gln Ser Phe Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly
 915 920 925
 Ser Lys Ala Gly Gly Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala
 930 935 940

 Asp Ala Pro Ser His His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser
 945 950 955 960

 Lys Leu Asp Leu Pro Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn
 965 970 975
 Ala Ser Asp Glu Thr Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp
 980 985 990
 Pro Ser Gly Leu Asp Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala
 995 1000 1005
 Glu Val Val Leu Arg Leu Asp Asp Ser Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala
 1010 1015 1020

 Arg Ala Leu Leu Ala Ala Arg Arg Ala Gly Val Thr Pro Arg Val Leu
 1025 1030 1035 1040

 Gln Thr Pro Gly Val Ser Glu Gln Val Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala
 1045 1050 1055
 Gly Val Ser Ala Glu Thr Val Asp Asp Ser Val Phe Ile Ser Asn Val
 1060 1065 1070
 Leu Arg Gly Glu Tyr Asp Glu Asn Ser Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu
 1075 1080 1085
 Gly Lys Val Ser Asp Thr Val Arg Glu Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu
 1090 1095
 1100
 Val Val Leu Leu Asp Asp Ala Val Thr Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu
 1105 1110 1115 1120

 Arg Tyr Trp Leu Lys Glu Gln Ala Ile Ser Met Thr Leu His Arg Phe
 1125 1130 1135
 Gly Asn Pro Val Ala Ala Phe His Glu Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg
 1140 1145 1150

 <210> 309
 <211> 476
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (1)..(453)
 <223> FRXA00023
 <400> 309
 cat ttt ccg ctc cga cca gca gag gta gta ctc cga ctc gac gat tcc 48
 His Phe Pro Leu Arg Pro Ala Glu Val Val Leu Arg Leu Asp Asp Ser

 1 5 10 15
 gcc aca ccc cga gaa act gcc cgc gca ttg ttg gca gcc cgt cgc gcc 96
 Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala Arg Ala Leu Leu Ala Ala Arg Arg Ala

20

25

30

ggg gtt act ccg cga gtt ctt caa aca cca ggt gtt tca gag caa gtc 144
 Gly Val Thr Pro Arg Val Leu Gln Thr Pro Gly Val Ser Glu Gln Val

 35 40 45
 cgc gaa gta ttg tcc gct gct gga gtg agt gca gaa aca gtc gat gat 192
 Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala Gly Val Ser Ala Glu Thr Val Asp Asp

 50 55 60
 tcg gta ttt att tcc aac gtg ttg cgc ggc gaa tac gac gag aac tcc 240
 Ser Val Phe Ile Ser Asn Val Leu Arg Gly Glu Tyr Asp Glu Asn Ser

 65 70 75 80
 agc gtc cga gtc cgc tac ctg ggc aaa gtt agc gac act gtc cgt gaa 288
 Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu Gly Lys Val Ser Asp Thr Val Arg Glu

 85 90 95
 cgc cta tct gta cgg ccc gaa gtt gtt ctg ctt gac gat gca gta act 336
 Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu Val Val Leu Leu Asp Asp Ala Val Thr

 100 105 110
 gcc tcc ggt cga gtt gaa tta cgt tac tgg ctc aaa gaa caa gca att 384
 Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu Arg Tyr Trp Leu Lys Glu Gln Ala Ile

 115 120 125
 tcc atg acg ttg cac cgt ttt gga aac cca gtt gcg gcc ttc cac gag 432
 Ser Met Thr Leu His Arg Phe Gly Asn Pro Val Ala Ala Phe His Glu

 130 135 140
 ttg gcg gag gaa ctt aaa cgt tgatcgtttt gcgcatgggt cgc 476
 Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg

 145 150
 <210> 310
 <211> 151
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 310
 His Phe Pro Leu Arg Pro Ala Glu Val Val Leu Arg Leu Asp Asp Ser
 1 5 10 15
 Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala Arg Ala Leu Leu Ala Ala Arg Arg Ala
 20 25 30
 Gly Val Thr Pro Arg Val Leu Gln Thr Pro Gly Val Ser Glu Gln Val
 35 40 45
 Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala Gly Val Ser Ala Glu Thr Val Asp Asp
 50 55 60
 Ser Val Phe Ile Ser Asn Val Leu Arg Gly Glu Tyr Asp Glu Asn Ser
 65 70 75 80
 Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu Gly Lys Val Ser Asp Thr Val Arg Glu
 85 90 95
 Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu Val Val Leu Leu Asp Asp Ala Val Thr
 100 105 110
 Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu Arg Tyr Trp Leu Lys Glu Gln Ala Ile
 115 120 125
 Ser Met Thr Leu His Arg Phe Gly Asn Pro Val Ala Ala Phe His Glu

130 135 140

Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg

145 150

<210> 311
 <211> 3124
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(3124)
 <223> FRXA02284
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 641 - 647
 <223> n = a, c, g, or t
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 181, 182
 <223> Xaa = any amino acid
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 183
 <223> Xaa = Phe, Ser, Tyr, or Cys
 <400> 311

gggattatgt tgggggccac atctgaaaat agttgctggg atccatcaca cctacgatgc 60
 gaaacggcac ccacaccgct gatcttgaag gagaaccacc atg acg tcg atg aat 115
 Met Thr Ser Met Asn

1 5

ctg cct att gag ttg gct acg ctg tct gac cag gct gtg gac aag gtg 163
 Leu Pro Ile Glu Leu Ala Thr Leu Ser Asp Gln Ala Val Asp Lys Val

10 15 20

cgc tcc tgg ctg gag tac agc aaa aag gaa agc gtg ccc aat gcc gat 211
 Arg Ser Trp Leu Glu Tyr Ser Lys Lys Glu Ser Val Pro Asn Ala Asp

25 30 35

gcg aag cgt cta gct gca gtg ttg cag gat cct aat ggt ttg gaa ttc 259
 Ala Lys Arg Leu Ala Ala Val Leu Gln Asp Pro Asn Gly Leu Glu Phe

40 45 50

acg gtt ggt ttc gtg gat cga gtg gtt cga act gag gat cgt gaa gcg 307
 Thr Val Gly Phe Val Asp Arg Val Val Arg Thr Glu Asp Arg Glu Ala

55 60 65

gca gcg cat gcg ttg tat gag ttg ggc aag att gct ccg tcg acg atg 355
 Ala Ala His Ala Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Ile Ala Pro Ser Thr Met

70 75 80 85

tcc ttt ttg gat cgg gcg cag att cag gcc ggt tct ttg gtg ggg cgg 403
 Ser Phe Leu Asp Arg Ala Gln Ile Gln Ala Gly Ser Leu Val Gly Arg

90 95 100

gcg ttg ccg cag gtt gtg gtt cct gcg gcg cgg gct cga atc cgg cag 451

Ala Leu Pro Gln Val Val Val Pro Ala Ala Arg Ala Arg Ile Arg Gln

105 110 115
atg gtt ggg cac atg att gtg gat gcc cgc gac aag cag ttc gcc aag 499
Met Val Gly His Met Ile Val Asp Ala Arg Asp Lys Gln Phe Ala Lys

120 125 130
gct gtc gct gag att cag tcg gat ggg cac cgc ctg aac atc aat ttg 547
Ala Val Ala Glu Ile Gln Ser Asp Gly His Arg Leu Asn Ile Asn Leu

135 140 145
cta ggt gaa gcg gtg ttg ggc cga aag gaa gca gcg aag cat ttg gat 595
Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala Ala Lys His Leu Asp

150 155 160 165
gac acg gtg cgg ttg ttg cgc cgt ccg gat gtg gaa tat gtg tcn nnn 643
Asp Thr Val Arg Leu Leu Arg Arg Pro Asp Val Glu Tyr Val Ser Xaa

170 175 180
nnn ntc tct tcg gtg gca tcg cag att tcg atg tgg ggt ttc gaa gac 691
Xaa Xaa Ser Ser Val Ala Ser Gln Ile Ser Met Trp Gly Phe Glu Asp

185 190 195
acc gtt aat tat gtt gtg gaa cag ctg aca cct tta tat ata gag ccc 739
Thr Val Asn Tyr Val Val Glu Gln Leu Thr Pro Leu Tyr Ile Glu Pro

200 205 210
gcg cgg gcg ccg aaa ggc acg aag ttc atc aac ctg gac atg gag gaa 787
Ala Arg Ala Pro Lys Gly Thr Lys Phe Ile Asn Leu Asp Met Glu Glu

215 220 225
tac cgc gat ctg cgc ctg act atg gag gtg ttc aag cgg ctg ctc tcc 835
Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe Lys Arg Leu Leu Ser

230 235 240 245
aat cca gag ctg cat gaa cta gaa gcc gga att gtg ttg cag gcg tac 883
Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile Val Leu Gln Ala Tyr

250 255 260
ctt ccc gat gcc ctc ggt gca atc cag gac ttg gcg cag ttc ggc cgc 931
Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu Ala Gln Phe Gly Arg

265 270 275
gag cgc gtc aac aca ggc ggg gcg ggc gtt aag gtt cgc ctg gtc aag 979
Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys Val Arg Leu Val Lys

280 285 290
ggt gct aat ttg cct atg gag cac gtc cac gcg cag atc acc ggc tgg 1027
Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala Gln Ile Thr Gly Trp

295 300 305
cca gtt gcc aca gaa cct tcc aaa caa gcc acc gat gcc aat tac aag 1075
Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr Asp Ala Asn Tyr Lys

310 315 320 325

cgc gtc ctc tat tgg acg atg cgc aaa gaa aac atg gag ggc ctg cgc	1123
Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn Met Glu Gly Leu Arg	
330 335 340	
ctg ggc gtt gcc ggc cac aac ctt ttc gac ata gca ttc gca cat ttg	1171
Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile Ala Phe Ala His Leu	
345 350 355	
ctc tct gtg gag cgt ggg gta gcg gac cgt gtg gag ttc gaa atg ctg	1219
Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val Glu Phe Glu Met Leu	
360 365 370	
cag ggc atg gcg tcc gat cag gcg cgc gcc gtc agc gtt gac gtc ggt	1267
Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val Ser Val Asp Val Gly	
375 380 385	
gag ctg ctg ctt tac gta cca gcc gtg cgc cca caa gaa ttc gac gtg	1315
Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro Gln Glu Phe Asp Val	
390 395 400 405	
gcc att tct tac ctc gtg cgc cgc ctc gag gaa aac gcc gcg agc gaa	1363
Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu Asn Ala Ala Ser Glu	
410 415 420	
aac ttc atg tcc gcc atc ttc gac ctc gac gcc gac aac ccg tcc ttc	1411
Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala Asp Asn Pro Ser Phe	
425 430 435	
aag cga gag gag agc cgc ttc cgc gcc tcc ata tct gac ctc gcc acg	1459
Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile Ser Asp Leu Ala Thr	
440 445 450	
ctc atc gac gtg ccc gcg ccc gcc ccc aac cac aca caa gac cgc agc	1507
Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His Thr Gln Asp Arg Ser	
455 460 465	
aaa gag acg ctt ctc gac gcc ccc ctc gtc cca ttt atc aac gag ccc	1555
Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro Phe Ile Asn Glu Pro	
470 475 480 485	
gac acc aac cca gcg ctc atc caa aac caa cag tgg gcc aca aaa gcc	1603
Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln Trp Ala Thr Lys Ala	
490 495 500	
gtc gcc acc gca gca gag ccc ggt tgg ttg gaa aaa caa aca aag ccg	1651
Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu Lys Gln Thr Lys Pro	
505 510 515	
gag gtg ttg gaa gag ggg gac gtc gac aag cta att aac gat gtg cgc	1699
Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu Ile Asn Asp Val Arg	
520 525 530	
gac gct gct gaa gcg tgg gca gcg cgc cca gcc cgt gaa cgc gct gag	1747
Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala Arg Glu Arg Ala Glu	
535 540 545	

att ttg tac aag acc gcc gag att ttg cgc gtg cga cgc gga cac ctg 1795
Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val Arg Arg Gly His Leu

550 555 560 565
atc tca gtg acg gcc gcg gag gtg ggc aaa gct gtg gaa caa acc gac 1843
Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala Val Glu Gln Thr Asp

570 575 580
ccg gaa atc tct gaa gcc att gat ttc gcc cgc tac tac gcg cat ttg 1891
Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg Tyr Tyr Ala His Leu

585 590 595
gcc ctg gaa ttg gac gac gta gac aat gcg gaa ttc acc cca gat cgc 1939
Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu Phe Thr Pro Asp Arg

600 605 610
gtc gtt gtg gtg acc ccg ccc tgg aat ttc ccc atc gcg atc ccc gct 1987
Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro Ile Ala Ile Pro Ala

615 620 625
gga tcg act ttc gca gca ctc gcg gcg ggc gct ggc gtg atc cac aaa 2035
Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile His Lys

630 635 640 645
ccc tca aag cct agc caa cat tgc tcc gct gca gtg gtc gaa gcc ctc 2083
Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala Val Val Glu Ala Leu

650 655 660
tgg gaa gcc gcg gtt ccc cgc gag gtt ctg cat tgc att tac cca gct 2131
Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His Cys Ile Tyr Pro Ala

665 670 675
aat cgc gat gtt gga tgt gcg ttg atc agc cat gaa cac gtc gac cgc 2179
Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His Glu His Val Asp Arg

680 685 690
gtc att ttg acc ggc tcc tcc gag acc gcc gcg atg ttc tcc tcc tgg 2227
Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala Met Phe Ser Ser Trp

695 700 705
cga cca gaa ctc acc atc aac ggc gaa acc tcc ggc aaa aac gcc atc 2275
Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser Gly Lys Asn Ala Ile

710 715 720 725
gtg gtc acc cca tct gcc gac cgc gac ctc gcc gtc gcc gac ctg gtg 2323
Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala Val Ala Asp Leu Val

730 735 740
aaa tcc gcc ttc ggc cat gca gga caa aaa tgt tcc gca gcc tcc ctc 2371
Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys Ser Ala Ala Ser Leu

745 750 755
ggc atc ttg gta ggc agc gtc tac gaa tca gaa cgc ttc cgg aaa cag 2419
Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu Arg Phe Arg Lys Gln

760 765 770

ctg gta gac gcc gca tcc tca ctc atc gtc gac tgg cct acc aac ccc	2467
Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp Trp Pro Thr Asn Pro	
775 780 785	
tcc gca acc gtc gga cca ctc acc gaa ctc ccc agc gat aaa ctc cac	2515
Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro Ser Asp Lys Leu His	
790 795 800 805	
cac gcc cta acc acc ctc gaa gaa gga gaa agc tgg ctg ctg aaa ccc	2563
His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser Trp Leu Leu Lys Pro	
810 815 820	
cga caa ctc gac gac acc ggc cga ctc tgg tca ccc ggc atc aaa gaa	2611
Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser Pro Gly Ile Lys Glu	
825 830 835	
ggc gtc aaa cca gga acc ttc ttc cac ctc aca gaa gta ttc gga cca	2659
Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr Glu Val Phe Gly Pro	
840 845 850	
gtc ctc ggc ctg atg aaa gcc acc gac ctc aat gaa gcc atc gaa ttc	2707
Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu Phe	
855 860 865	
caa aac ggc aac gac ttc gga ctc acc ggc gga ctc caa tcc ctc gac	2755
Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly Leu Gln Ser Leu Asp	
870 875 880 885	
gcc gac gaa gtc cgc acc tgg ctt gac cac gtc gat gtc gga aac gcc	2803
Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val Asp Val Gly Asn Ala	
890 895 900	
tac gtc aac cgc ggc atc acc ggc gcc att gtc caa cgc caa tcc ttc	2851
Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val Gln Arg Gln Ser Phe	
905 910 915	
gga ggc tgg aaa aaa tcc tcc gtc ggc ctc gga tcc aaa gcc gga gga	2899
Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly Ser Lys Ala Gly Gly	
920 925 930	
ccc aac tat gtc atg ctc atg gga acc tgg gcc gac gcg cca agc cac	2947
Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala Asp Ala Pro Ser His	
935 940 945	
cac gcc cca cgc gaa aca aac ccg ctg atc agc aaa ctg gat ctc ccc	2995
His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser Lys Leu Asp Leu Pro	
950 955 960 965	
gga gaa gag ctc gaa tgg ctc gaa aaa gcc aac gcc agc gat gaa aca	3043
Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn Ala Ser Asp Glu Thr	
970 975 980	
gca tgg aac acg gaa ttc ggc agc cca cgc gac ccc tcc ggc ctc gat	3091
Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp Pro Ser Gly Leu Asp	
985 990 995	

gta gaa gcc aac att ttc cgc tac cga cca gca 3124
Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala

1000 1005

<210> 312
<211> 1008
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> VARIANT
<222> 181, 182
<223> Xaa = any amino acid
<220>
<221> VARIANT
<222> 183
<223> Xaa = Phe, Ser, Tyr, or Cys
<400> 312

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

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

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

Leu Asn Ile Asn Leu Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala
145 150 155 160

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

Leu Asp Met Glu Glu Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe
225 230 235 240

Lys Arg Leu Leu Ser Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile
245 250 255
Val Leu Gln Ala Tyr Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu
260 265 270

Ala Gln Phe Gly Arg Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys
275 280 285
Val Arg Leu Val Lys Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala
290 295 300
Gln Ile Thr Gly Trp Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr
305 310 315 320
Asp Ala Asn Tyr Lys Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn
325 330 335
Met Glu Gly Leu Arg Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile
340 345 350
Ala Phe Ala His Leu Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val
355 360 365
Glu Phe Glu Met Leu Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val
370 375 380
Ser Val Asp Val Gly Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro
385 390 395 400
Gln Glu Phe Asp Val Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu
405 410 415
Asn Ala Ala Ser Glu Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala
420 425 430
Asp Asn Pro Ser Phe Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile
435 440 445
Ser Asp Leu Ala Thr Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His
450 455 460
Thr Gln Asp Arg Ser Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro
465 470 475 480
Phe Ile Asn Glu Pro Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln
485 490 495
Trp Ala Thr Lys Ala Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu
500 505 510
Lys Gln Thr Lys Pro Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu
515 520 525
Ile Asn Asp Val Arg Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala
530 535 540
Arg Glu Arg Ala Glu Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val
545 550 555 560
Arg Arg Gly His Leu Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala
565 570 575
Val Glu Gln Thr Asp Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg
580 585 590
Tyr Tyr Ala His Leu Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu
595 600 605
Phe Thr Pro Asp Arg Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro
610 615 620
Ile Ala Ile Pro Ala Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala
625 630 635 640

Gly Val Ile His Lys Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala
 645 650 655
 Val Val Glu Ala Leu Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His
 660 665 670
 Cys Ile Tyr Pro Ala Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His
 675 680 685
 Glu His Val Asp Arg Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala
 690 695 700

 Met Phe Ser Ser Trp Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser
 705 710 715 720

 Gly Lys Asn Ala Ile Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala
 725 730 735
 Val Ala Asp Leu Val Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys
 740 745 750
 Ser Ala Ala Ser Leu Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu
 755 760 765
 Arg Phe Arg Lys Gln Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp
 770 775 780

 Trp Pro Thr Asn Pro Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro
 785 790 795 800

 Ser Asp Lys Leu His His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser
 805 810 815
 Trp Leu Leu Lys Pro Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser
 820 825 830
 Pro Gly Ile Lys Glu Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr
 835 840 845
 Glu Val Phe Gly Pro Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn
 850 855 860

 Glu Ala Ile Glu Phe Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly
 865 870 875 880

 Leu Gln Ser Leu Asp Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val
 885 890 895
 Asp Val Gly Asn Ala Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val
 900 905 910
 Gln Arg Gln Ser Phe Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly
 915 920 925
 Ser Lys Ala Gly Gly Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala
 930 935 940

 Asp Ala Pro Ser His His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser
 945 950 955 960

 Lys Leu Asp Leu Pro Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn
 965 970 975
 Ala Ser Asp Glu Thr Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp
 980 985 990
 Pro Ser Gly Leu Asp Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala
 995 1000 1005
 <210> 313
 <211> 927
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(904)

<223> RXC02498

<400> 313

caaggtagaa atttgtccgt gggcacttcg tgaaggtgtg atcctcacca ggatcgacaa 60
aggactcgag taacatttac ccggaagga gttggcgaaa atg agt gaa gag aaa 115
Met Ser Glu Glu Lys

1 5
ctc aca gtc gct gag ctg atg gcg cgt gcc gcg aaa gag gga cgc tcc 163
Leu Thr Val Ala Glu Leu Met Ala Arg Ala Ala Lys Glu Gly Arg Ser

10 15 20
acc gat gct ccc cga cga cgc agg cgc cgc agc atc gaa gac ggt ggc 211
Thr Asp Ala Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Ser Ile Glu Asp Gly Gly

25 30 35
gta tcc gtt gct gag ctg acc ggc tcc att cct gcc gtt aag gaa aag 259
Val Ser Val Ala Glu Leu Thr Gly Ser Ile Pro Ala Val Lys Glu Lys

40 45 50
ccc gcg gag tcc aag cac tcc agc gtg ccc atc gat gca cca gca gaa 307
Pro Ala Glu Ser Lys His Ser Ser Val Pro Ile Asp Ala Pro Ala Glu

55 60 65
cct gag gtt gtt gag gcc ccc aag cct gag ccc gcc gaa gaa gta gaa 355
Pro Glu Val Val Glu Ala Pro Lys Pro Glu Pro Ala Glu Glu Val Glu

70 75 80 85
gtg gct tcg gtg gag ggc gac gtc gat aag cag gaa acc cct gag cgt 403
Val Ala Ser Val Glu Gly Asp Val Asp Lys Gln Glu Thr Pro Glu Arg

90 95 100
ccg gcg ccg agc aac gaa gaa acc atg gtg ctg cgc atc gtg gat gaa 451
Pro Ala Pro Ser Asn Glu Glu Thr Met Val Leu Arg Ile Val Asp Glu

105 110 115
aaa gat cca att agc ttg acg acg ggc gcg ttc ccc gtg gtt ccg gca 499
Lys Asp Pro Ile Ser Leu Thr Thr Gly Ala Phe Pro Val Val Pro Ala

120 125 130
gtt gcc gcc aag ccg gcg ccc gta gtg cgc gcg gag aag gac gcc gat 547
Val Ala Ala Lys Pro Ala Pro Val Val Arg Ala Glu Lys Asp Ala Asp

135 140 145
gtg gag act gcc gta aag gca gat ttc gca gag gtg gaa gtc gat aac 595
Val Glu Thr Ala Val Lys Ala Asp Phe Ala Glu Val Glu Val Asp Asn

150 155 160 165
act gac acc acg cag atg gct gtg gtg gaa gaa gtt gac gag gag cca 643
Thr Asp Thr Thr Gln Met Ala Val Val Glu Glu Val Asp Glu Glu Pro

170

175

180

gag caa gaa aac aaa atg tcc gta ttc gcg atc atc atg atg gcg atc 691
Glu Gln Glu Asn Lys Met Ser Val Phe Ala Ile Ile Met Met Ala Ile

185 190 195
gtc gga gtt gtt ctc ggt gtc gtt gta ttc ctc ggc ttt gaa atg ctg 739
Val Gly Val Val Leu Gly Val Val Val Phe Leu Gly Phe Glu Met Leu

200 205 210
tgg gag cgc ctg aac aag tgg atc gtc gct gtt ctg gca gtc ggc gtg 787
Trp Glu Arg Leu Asn Lys Trp Ile Val Ala Val Leu Ala Val Gly Val

215 220 225
acc ttg gga atg gtg ggc atc atc cac gct ttg cgc acc tca cgt gat 835
Thr Leu Gly Met Val Gly Ile Ile His Ala Leu Arg Thr Ser Arg Asp

230 235 240 245
ggt ttc agc atg gtt ctc gca gga atc gtg ggc ctg gtc atg acg ttc 883
Gly Phe Ser Met Val Leu Ala Gly Ile Val Gly Leu Val Met Thr Phe

250 255 260
ggg ccg ctg gca atc gtc atg taatttgcg ttttgggcc ccg 927
Gly Pro Leu Ala Ile Val Met

265
<210> 314
<211> 268
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 314
Met Ser Glu Glu Lys Leu Thr Val Ala Glu Leu Met Ala Arg Ala Ala
1 5 10 15
Lys Glu Gly Arg Ser Thr Asp Ala Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Ser
20 25 30
Ile Glu Asp Gly Gly Val Ser Val Ala Glu Leu Thr Gly Ser Ile Pro
35 40 45
Ala Val Lys Glu Lys Pro Ala Glu Ser Lys His Ser Ser Val Pro Ile
50 55 60
Asp Ala Pro Ala Glu Pro Glu Val Val Glu Ala Pro Lys Pro Glu Pro
65 70 75 80
Ala Glu Glu Val Glu Val Ala Ser Val Glu Gly Asp Val Asp Lys Gln
85 90 95
Glu Thr Pro Glu Arg Pro Ala Pro Ser Asn Glu Glu Thr Met Val Leu
100 105 110
Arg Ile Val Asp Glu Lys Asp Pro Ile Ser Leu Thr Thr Gly Ala Phe
115 120 125
Pro Val Val Pro Ala Val Ala Ala Lys Pro Ala Pro Val Val Arg Ala
130 135 140
Glu Lys Asp Ala Asp Val Glu Thr Ala Val Lys Ala Asp Phe Ala Glu
145 150 155 160
Val Glu Val Asp Asn Thr Asp Thr Thr Gln Met Ala Val Val Glu Glu
165 170 175
Val Asp Glu Glu Pro Glu Gln Glu Asn Lys Met Ser Val Phe Ala Ile

180 185 190
 Ile Met Met Ala Ile Val Gly Val Val Leu Gly Val Val Val Phe Leu
 195 200 205
 Gly Phe Glu Met Leu Trp Glu Arg Leu Asn Lys Trp Ile Val Ala Val
 210 215 220
 Leu Ala Val Gly Val Thr Leu Gly Met Val Gly Ile Ile His Ala Leu
 225 230 235 240
 Arg Thr Ser Arg Asp Gly Phe Ser Met Val Leu Ala Gly Ile Val Gly
 245 250 255
 Leu Val Met Thr Phe Gly Pro Leu Ala Ile Val Met
 260 265
 <210> 315
 <211> 774
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(751)
 <223> RXA01491
 <400> 315
 aacgggtgtga aacacattga agtgtcgttg ggttatccgc gcgaatggga gcattggtct 60
 gggcagcatg tgtggccata tccagtgatg gaggtggaca atg ctg gat gag tct 115
 Met Leu Asp Glu Ser
 1 5
 ttg ttt cca aat tcg gca aag ttt tct ttc att aaa act ggc gat gct 163
 Leu Phe Pro Asn Ser Ala Lys Phe Ser Phe Ile Lys Thr Gly Asp Ala
 10 15 20
 gtt aat tta gac cat ttc cat cag ttg cat ccg ttg gaa aag gca ctg 211
 Val Asn Leu Asp His Phe His Gln Leu His Pro Leu Glu Lys Ala Leu
 25 30 35
 gta gcg cac tcg gtt gat att aga aaa gca gag ttt gga gat gcc agg 259
 Val Ala His Ser Val Asp Ile Arg Lys Ala Glu Phe Gly Asp Ala Arg
 40 45 50
 tgg tgt gca cat cag gca ctc caa gct ttg gga cga gat agc ggt gat 307
 Trp Cys Ala His Gln Ala Leu Gln Ala Leu Gly Arg Asp Ser Gly Asp
 55 60 65
 ccc att ttg cgt ggg gaa cga gga atg cca ttg tgg cct tct tcg gtg 355
 Pro Ile Leu Arg Gly Glu Arg Gly Met Pro Leu Trp Pro Ser Ser Val
 70 75 80 85
 tct ggt tca ttg acc cac act gac gga ttc cga gct gct gtt gtg gcg 403
 Ser Gly Ser Leu Thr His Thr Asp Gly Phe Arg Ala Ala Val Val Ala
 90 95 100
 cca cga ttg ttg gtg cgt tct atg gga ttg gat gcc gaa cct gcg gag 451
 Pro Arg Leu Leu Val Arg Ser Met Gly Leu Asp Ala Glu Pro Ala Glu

105 110 115
 ccg ttg ccc aag gat gtt ttg ggt tca atc gct cgg gtg ggg gag att 499
 Pro Leu Pro Lys Asp Val Leu Gly Ser Ile Ala Arg Val Gly Glu Ile

120 125 130
 cct caa ctt aag cgc ttg gag gaa caa ggt gtg cac tgc gcg gat cgc 547
 Pro Gln Leu Lys Arg Leu Glu Glu Gln Gly Val His Cys Ala Asp Arg

135 140 145
 ctg ctg ttt tgt gcc aag gaa gca aca tac aaa gcg tgg ttc ccg ctg 595
 Leu Leu Phe Cys Ala Lys Glu Ala Thr Tyr Lys Ala Trp Phe Pro Leu

150 155 160 165
 acg cat agg tgg ctt ggt ttt gaa caa gct gag atc gac ttg cgt gat 643
 Thr His Arg Trp Leu Gly Phe Glu Gln Ala Glu Ile Asp Leu Arg Asp

170 175 180
 gat ggc act ttt gtg tcc tat ttg ctg gtt cga cca act cca gtg ccg 691
 Asp Gly Thr Phe Val Ser Tyr Leu Leu Val Arg Pro Thr Pro Val Pro

185 190 195
 ttt att tca ggt aaa tgg gta ctg cgt gat ggt tat gtc ata gct gcg 739
 Phe Ile Ser Gly Lys Trp Val Leu Arg Asp Gly Tyr Val Ile Ala Ala

200 205 210
 act gca gtg act tgaactggat ggagaggata cct 774
 Thr Ala Val Thr

215
 <210> 316
 <211> 217
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 316
 Met Leu Asp Glu Ser Leu Phe Pro Asn Ser Ala Lys Phe Ser Phe Ile
 1 5 10 15
 Lys Thr Gly Asp Ala Val Asn Leu Asp His Phe His Gln Leu His Pro
 20 25 30
 Leu Glu Lys Ala Leu Val Ala His Ser Val Asp Ile Arg Lys Ala Glu
 35 40 45
 Phe Gly Asp
 Ala Arg Trp Cys Ala His Gln Ala Leu Gln Ala Leu Gly
 50 55 60
 Arg Asp Ser Gly Asp Pro Ile Leu Arg Gly Glu Arg Gly Met Pro Leu
 65 70 75 80
 Trp Pro Ser Ser Val Ser Gly Ser Leu Thr His Thr Asp Gly Phe Arg
 85 90 95
 Ala Ala Val Val Ala Pro Arg Leu Leu Val Arg Ser Met Gly Leu Asp
 100 105 110
 Ala Glu Pro Ala Glu Pro Leu Pro Lys Asp Val Leu Gly Ser Ile Ala
 115 120 125
 Arg Val Gly Glu Ile Pro Gln Leu Lys Arg Leu Glu Glu Gln Gly Val
 130 135 140
 His Cys Ala Asp Arg Leu Leu Phe Cys Ala Lys Glu Ala Thr Tyr Lys

145	150	155	160
Ala Trp Phe Pro Leu Thr His Arg Trp Leu Gly Phe Glu Gln Ala Glu			
	165	170	175
Ile Asp Leu Arg Asp Asp Gly Thr Phe Val Ser Tyr Leu Leu Val Arg			
	180	185	190
Pro Thr Pro Val Pro Phe Ile Ser Gly Lys Trp Val Leu Arg Asp Gly			
	195	200	205
Tyr Val Ile Ala Ala Thr Ala Val Thr			
	210	215	
<210> 317			
<211> 1287			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1264)			
<223> RXA02155			
<400> 317			
tgcgcgtcgc accttaaagt agcgccttaa agcggcgctt caaaccaagc gccctaacca	60		
gcaaacacaa caaacacatc taattcagta ggagttccac atg gca gaa aaa ggc	115		
		Met Ala Glu Lys Gly	
		1	5
att acc gcg ccg aaa ggc ttc gtt gct tct gca acg acc gcg ggt att	163		
Ile Thr Ala Pro Lys Gly Phe Val Ala Ser Ala Thr Thr Ala Gly Ile			
	10	15	20
aaa gct tct ggc aat cct gac atg gcg ttg gtg gtt aac cag ggt cca	211		
Lys Ala Ser Gly Asn Pro Asp Met Ala Leu Val Val Asn Gln Gly Pro			
	25	30	35
gag ttt tcc gca gcg gcc gtg ttt aca cgt aac cga gtt ttc gca gcg	259		
Glu Phe Ser Ala Ala Ala Val Phe Thr Arg Asn Arg Val Phe Ala Ala			
	40	45	50
cct gtg aag gtg agc cga gag aac gtt gct gat ggc cag atc agg gct	307		
Pro Val Lys Val Ser Arg Glu Asn Val Ala Asp Gly Gln Ile Arg Ala			
	55	60	65
gtt ttg tac aac gct ggt aat gct aat gcg tgt aat ggt ctg cag ggt	355		
Val Leu Tyr Asn Ala Gly Asn Ala Asn Ala Cys Asn Gly Leu Gln Gly			
	70	75	80
gag aag gat gct cgt gag tct gtt tct cat cta gct caa aat ttg ggc	403		
Glu Lys Asp Ala Arg Glu Ser Val Ser His Leu Ala Gln Asn Leu Gly			
	90	95	100
ttg gag gat tcc gat att ggt gtg tgt tcc act ggt ctt att ggt gag	451		
Leu Glu Asp Ser Asp Ile Gly Val Cys Ser Thr Gly Leu Ile Gly Glu			
	105	110	115
ttg ctt ccg atg gat aag ctc aat gca ggt att gat cag ctg acc gct	499		

Leu Leu Pro Met Asp Lys Leu Asn Ala Gly Ile Asp Gln Leu Thr Ala

120 125 130
gag ggc gct ttg ggt gac aat ggt gca gct gct gcc aag gcg atc atg 547
Glu Gly Ala Leu Gly Asp Asn Gly Ala Ala Ala Ala Lys Ala Ile Met

135 140 145
acc act gac acg gtg gat aag gaa acc gtc gtg ttt gct gat ggt tgg 595
Thr Thr Asp Thr Val Asp Lys Glu Thr Val Val Phe Ala Asp Gly Trp

150 155 160 165
act gtc ggc gga atg ggc aag ggc gtg ggc atg atg gcg ccg tct ctt 643
Thr Val Gly Gly Met Gly Lys Gly Val Gly Met Met Ala Pro Ser Leu

170 175 180
gcc acc atg ctg gtc tgc ttg acc act gat gca tcc gtt act cag gaa 691
Ala Thr Met Leu Val Cys Leu Thr Thr Asp Ala Ser Val Thr Gln Glu

185 190 195
atg gct cag atc gcg ctg gct aat gct acg gcc gtt acg ttt gac acc 739
Met Ala Gln Ile Ala Leu Ala Asn Ala Thr Ala Val Thr Phe Asp Thr

200 205 210
ctg gat att gat gga tca acc tcc acc aat gac acc gtg ttc ctg ctg 787
Leu Asp Ile Asp Gly Ser Thr Ser Thr Asn Asp Thr Val Phe Leu Leu

215 220 225
gca tct ggc gct agc gga atc acc cca act cag gat gaa ctc aac gat 835
Ala Ser Gly Ala Ser Gly Ile Thr Pro Thr Gln Asp Glu Leu Asn Asp

230 235 240 245
gcg gtg tac gca gct tgt tct gat atc gca gcg aag ctt cag gct gat 883
Ala Val Tyr Ala Ala Cys Ser Asp Ile Ala Ala Lys Leu Gln Ala Asp

250 255 260
gca gag ggt gtg acc aag cgc gtt gct gtg aca gtg gtg gga acc acc 931
Ala Glu Gly Val Thr Lys Arg Val Ala Val Thr Val Val Gly Thr Thr

265 270 275
aac aac gag cag gcg att aat gcg gct cgc act gtt gct cgt gac aat 979
Asn Asn Glu Gln Ala Ile Asn Ala Ala Arg Thr Val Ala Arg Asp Asn

280 285 290
ttg ttc aag tgc gca atg ttt gga tct gat cca aac tgg ggt cgc gtg 1027
Leu Phe Lys Cys Ala Met Phe Gly Ser Asp Pro Asn Trp Gly Arg Val

295 300 305
ttg gct gca gtc ggc atg gct gat gct gat atg gaa cca gag aag att 1075
Leu Ala Ala Val Gly Met Ala Asp Ala Asp Met Glu Pro Glu Lys Ile

310 315 320 325
tct gtg ttc ttc aat ggt caa gca gta tgc ctt gat tcc act ggc gct 1123
Ser Val Phe Phe Asn Gly Gln Ala Val Cys Leu Asp Ser Thr Gly Ala

330 335 340
cct ggt gct cgt gag gtg gat ctt tcc ggc gct gac att gat gtc cga 1171

Pro Gly Ala Arg Glu Val Asp Leu Ser Gly Ala Asp Ile Asp Val Arg

345 350 355
att gat ttg ggc acc agt ggg gaa ggc cag gca aca gtt cga acc act 1219
Ile Asp Leu Gly Thr Ser Gly Glu Gly Gln Ala Thr Val Arg Thr Thr

360 365 370
gac ctg agc ttc tcc tac gtg gag atc aac tcc gcg tac agc tct 1264
Asp Leu Ser Phe Ser Tyr Val Glu Ile Asn Ser Ala Tyr Ser Ser

375 380 385
taaaaagaaa cagcactcca act 1287

<210> 318

<211> 388

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 318

Met Ala Glu Lys Gly Ile Thr Ala Pro Lys Gly Phe Val Ala Ser Ala

1 5 10 15

Thr Thr Ala Gly Ile Lys Ala Ser Gly Asn Pro Asp Met Ala Leu Val

20 25 30

Val Asn Gln Gly Pro Glu Phe

Ser Ala Ala Ala Val Phe Thr Arg Asn

35 40 45

Arg Val Phe Ala Ala Pro Val Lys Val Ser Arg Glu Asn Val Ala Asp

50 55 60

Gly Gln Ile Arg Ala Val Leu Tyr Asn Ala Gly Asn Ala Asn Ala Cys

65 70 75 80

Asn Gly Leu Gln Gly Glu Lys Asp Ala Arg Glu Ser Val Ser His Leu

85 90 95

Ala Gln Asn Leu Gly Leu Glu Asp Ser Asp Ile Gly Val Cys Ser Thr

100 105 110

Gly Leu Ile Gly Glu Leu Leu Pro Met Asp Lys Leu Asn Ala Gly Ile

115 120 125

Asp Gln Leu Thr Ala Glu Gly Ala Leu Gly Asp Asn Gly Ala Ala Ala

130 135 140

Ala Lys Ala Ile Met Thr Thr Asp Thr Val Asp Lys Glu Thr Val Val

145 150 155 160

Phe Ala Asp Gly Trp Thr Val Gly Gly Met Gly Lys Gly Val Gly Met

165 170 175

Met Ala Pro Ser Leu Ala Thr Met Leu Val Cys Leu Thr Thr Asp Ala

180 185 190

Ser Val Thr Gln Glu Met Ala Gln Ile Ala Leu Ala Asn Ala Thr Ala

195 200 205

Val Thr Phe Asp Thr Leu Asp Ile Asp Gly Ser Thr Ser Thr Asn Asp

210 215 220

Thr Val Phe Leu Leu Ala Ser Gly Ala Ser Gly Ile Thr Pro Thr Gln

225 230 235 240

Asp Glu Leu Asn Asp Ala Val Tyr Ala Ala Cys Ser Asp Ile Ala Ala

245 250 255

Lys Leu Gln Ala Asp Ala Glu Gly Val Thr Lys Arg Val Ala Val Thr

260 265 270
 Val Val Gly Thr Thr Asn Asn Glu Gln Ala Ile Asn Ala Ala Arg Thr
 275 280 285
 Val Ala Arg Asp Asn Leu Phe Lys Cys Ala Met Phe Gly Ser Asp Pro
 290 295 300
 Asn Trp Gly Arg Val Leu Ala Ala Val Gly Met Ala Asp Ala Asp Met
 305 310 315 320
 Glu Pro Glu Lys Ile Ser Val Phe Phe Asn Gly Gln Ala Val Cys Leu
 325 330 335
 Asp Ser Thr Gly Ala Pro Gly Ala Arg Glu Val Asp Leu Ser Gly Ala
 340 345 350
 Asp Ile Asp Val Arg Ile Asp Leu Gly Thr Ser Gly Glu Gly Gln Ala
 355 360 365
 Thr Val Arg Thr Thr Asp Leu Ser Phe Ser Tyr Val Glu Ile Asn Ser
 370 375 380
 Ala Tyr Ser Ser
 385
 <210> 319
 <211> 1074
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1051)
 <223> RXA02156
 <400> 319
 aaccactgac ctgagcttct cctacgtgga gatcaactcc gcgtacagct cttaaaaaga 60
 aacagcactc caactaaca gcagggaaaa gggcacaggc atg aat gac ttg atc 115
 Met Asn Asp Leu Ile
 1 5
 aaa gat tta ggc tct gag gtg cgc gca aat gtc ctc gct gag gcg ttg 163
 Lys Asp Leu Gly Ser Glu Val Arg Ala Asn Val Leu Ala Glu Ala Leu
 10 15 20
 cca tgg ttg cag cac ttc cgc gac aag att gtt gtc gtg aaa tat ggc 211
 Pro Trp Leu Gln His Phe Arg Asp Lys Ile Val Val Val Lys Tyr Gly
 25 30 35
 gga aac gcc atg gtg gat gat gat ctc aag gct gct ttt gct gcc gac 259
 Gly Asn Ala Met Val Asp Asp Asp Leu Lys Ala Ala Phe Ala Ala Asp
 40 45 50
 atg gtc ttc ttg cgc acc gtg ggc gca aaa cca gtg gtg gtg cac ggt 307
 Met Val Phe Leu Arg Thr Val Gly Ala Lys Pro Val Val Val His Gly
 55 60 65
 ggt gga cct cag att tct gag atg cta aac cgt gtg ggt ctc cag ggc 355
 Gly Gly Pro Gln Ile Ser Glu Met Leu Asn Arg Val Gly Leu Gln Gly
 70 75 80 85

gag ttc aag ggt ggt ttc cgt gtg acc act cct gag gtc atg gac att 403
Glu Phe Lys Gly Gly Phe Arg Val Thr Thr Pro Glu Val Met Asp Ile

90 95 100
gtg cgc atg gtg ctc ttt ggt cag gtc ggt cgc gat tta gtt ggt ttg 451
Val Arg Met Val Leu Phe Gly Gln Val Gly Arg Asp Leu Val Gly Leu

105 110 115
atc aac tct cat ggc cct tac gct gtg gga acc tcc ggt gag gat gcc 499
Ile Asn Ser His Gly Pro Tyr Ala Val Gly Thr Ser Gly Glu Asp Ala

120 125 130
ggc ctg ttt acc gcg cag aag cgc atg gtc aac atc gat ggc gta ccc 547
Gly Leu Phe Thr Ala Gln Lys Arg Met Val Asn Ile Asp Gly Val Pro

135 140 145
act gat att ggt ttg gtc gga gac atc att aat gtc gat gcc tct tcc 595
Thr Asp Ile Gly Leu Val Gly Asp Ile Ile Asn Val Asp Ala Ser Ser

150 155 160 165
ttg atg gat atc atc gag gcc ggt cgc att cct gtg gtc tct acg att 643
Leu Met Asp Ile Ile Glu Ala Gly Arg Ile Pro Val Val Ser Thr Ile

170 175 180
gct cca ggc gaa gac ggc cag att tac aac att aac gcc gat acc gca 691
Ala Pro Gly Glu Asp Gly Gln Ile Tyr Asn Ile Asn Ala Asp Thr Ala

185 190 195
gca ggt gct ttg gct gca gcg att ggt gca gaa cgc ctg ctg gtt ctc 739
Ala Gly Ala Leu Ala Ala Ala Ile Gly Ala Glu Arg Leu Leu Val Leu

200 205 210
acc aat gtg gaa ggt ctg tac acc gat tgg cct gat aag agc tca ctg 787
Thr Asn Val Glu Gly Leu Tyr Thr Asp Trp Pro Asp Lys Ser Ser Leu

215 220 225
gtg tcc aag atc aag gcc acc gag ctg gag gcc att ctt ccg gga ctt 835
Val Ser Lys Ile Lys Ala Thr Glu Leu Glu Ala Ile Leu Pro Gly Leu

230 235 240 245
gat tcc ggc atg att cca aag atg gag tct tgc ttg aac gcg gtg cgt 883
Asp Ser Gly Met Ile Pro Lys Met Glu Ser Cys Leu Asn Ala Val Arg

250 255 260
ggg gga gta agc gct gct cat gtc att gac ggc cgc atc gcg cac tcg 931
Gly Gly Val Ser Ala Ala His Val Ile Asp Gly Arg Ile Ala His Ser

265 270 275
gtg ttg ctg gag ctt ttg acc atg ggt gga att ggc acg atg gtg ctg 979
Val Leu Leu Glu Leu Leu Thr Met Gly Gly Ile Gly Thr Met Val Leu

280 285 290
ccg gat gtt ttt gat cgg gag aat tat cct gaa ggc acc gtt ttt aga 1027
Pro Asp Val Phe Asp Arg Glu Asn Tyr Pro Glu Gly Thr Val Phe Arg

295 300 305

aaa gac gac aag gat ggg gaa ctg taaatgagca cgctggaaac ttg 1074

Lys Asp Asp Lys Asp Gly Glu Leu

310 315

<210> 320

<211> 317

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 320

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

Ala Phe Ala Ala Asp Met Val Phe Leu Arg Thr Val Gly Ala Lys Pro
50 55 60
Val Val Val His Gly Gly Gly Pro Gln Ile Ser Glu Met Leu Asn Arg
65 70 75 80

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

Ile Asp Gly Val Pro Thr Asp Ile Gly Leu Val Gly Asp Ile Ile Asn
145 150 155 160

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

Asp Lys Ser Ser Leu Val Ser Lys Ile Lys Ala Thr Glu Leu Glu Ala
225 230 235 240

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

Gly Thr Val Phe Arg Lys Asp Asp Lys Asp Gly Glu Leu

305 310 315

<210> 321
 <211> 903
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(880)
 <223> RXN02153
 <400> 321

cccacttgca gtttttagctg taggtgggtt ttgcatgct taacccgtct tttatgcaca 60
 cccccgaat gaatcaaaaa tttatgcatg aataatttgc atg atc atg cat aac 115
 Met Ile Met His Asn

1 5
 gtg tat ggt gta act atg aca atc aag gtt gca atc gca gga gcc agt 163
 Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala Ile Ala Gly Ala Ser

10 15 20
 gga tat gcc ggc gga gaa atc ctt cgt ctc ctt tta ggc cat cca gct 211
 Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu Leu Gly His Pro Ala

25 30 35
 tat gca tct ggt gaa cta gaa atc gga gca ctc acc gcg gca tca acc 259
 Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu Thr Ala Ala Ser Thr

40 45 50
 gca ggc agc acg ctc ggt gaa ttg atg cca cac att ccg cag ttg gcg 307
 Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His Ile Pro Gln Leu Ala

55 60 65
 gat cgt gtt att caa gac acc aca gct gaa act cta gcc ggt cat gat 355
 Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr Leu Ala Gly His Asp

70 75 80 85
 gtc gta ttt cta gga ctt cca cac gga ttc tct gca gaa att gca ctt 403
 Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser Ala Glu Ile Ala Leu

90 95 100
 cag ctc gga cca gat gtc aca gtg att gac tgt gca gct gac ttt cgt 451
 Gln Leu Gly Pro Asp Val Thr Val Ile Asp Cys Ala Ala Asp Phe Arg

105 110 115
 ctg caa aat gct gca gat tgg gag aag ttc tac ggc tca gag cac cag 499
 Leu Gln Asn Ala Ala Asp Trp Glu Lys Phe Tyr Gly Ser Glu His Gln

120 125 130
 gga aca tgg cct tat ggc att cca gaa atg cca gga cac cgc gag gct 547
 Gly Thr Trp Pro Tyr Gly Ile Pro Glu Met Pro Gly His Arg Glu Ala

135 140 145
 ctt cgt ggt gct aag cgt gta gca gtg cca gga tgt ttc cca acc ggt 595
 Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly Cys Phe Pro Thr Gly

150 155 160 165
 gca acc ttg gct ctt ctt cct gcg gtt caa gcg gga ctt atc gag cca 643

Ala Thr Leu Ala Leu Leu Pro Ala Val Gln Ala Gly Leu Ile Glu Pro

170 175 180
gat gtt tcc gta gtg tcc atc acc ggc gta tca ggt gca ggt aag aaa 691
Asp Val Ser Val Val Ser Ile Thr Gly Val Ser Gly Ala Gly Lys Lys

185 190 195
gca tct gtt gca cta ctt ggc tgc gaa acc atg ggt tca ctc aag gcg 739
Ala Ser Val Ala Leu Leu Gly Ser Glu Thr Met Gly Ser Leu Lys Ala

200 205 210
tac aac acc tcc gga aag cac cgc cac acc ccg gaa att gcc cag aac 787
Tyr Asn Thr Ser Gly Lys His Arg His Thr Pro Glu Ile Ala Gln Asn

215 220 225
ctc ggc gaa gtc agc gac aag cca gtc aag gtg agc ttc acc cca gtg 835
Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val Ser Phe Thr Pro Val

230 235 240 245
ctt gca ccg tta cct cgc gaa ttc tca cca ctg caa ccg cac ctt 880
Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu Gln Pro His Leu

250 255 260
tgaaagaagg cgttaccgca gaa 903
<210> 322
<211> 260
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 322
Met Ile Met His Asn Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala
1 5 10 15
Ile Ala Gly Ala Ser Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu
20 25 30
Leu Gly His Pro Ala Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu
35 40
45
Thr Ala Ala Ser Thr Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His
50 55 60
Ile Pro Gln Leu Ala Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr
65 70 75 80
Leu Ala Gly His Asp Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser
85 90 95
Ala Glu Ile Ala Leu Gln Leu Gly Pro Asp Val Thr Val Ile Asp Cys
100 105 110
Ala Ala Asp Phe Arg Leu Gln Asn Ala Ala Asp Trp Glu Lys Phe Tyr
115 120 125
Gly Ser Glu His Gln Gly Thr Trp Pro Tyr Gly Ile Pro Glu Met Pro
130 135 140
Gly His Arg Glu Ala Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly
145 150 155 160
Cys Phe Pro Thr Gly Ala Thr Leu Ala Leu Leu Pro Ala Val Gln Ala
165 170 175
Gly Leu Ile Glu Pro Asp Val Ser Val Val Ser Ile Thr Gly Val Ser
180 185 190

Gly Ala Gly Lys Lys Ala Ser Val Ala Leu Leu Gly Ser Glu Thr Met
195 200 205
Gly Ser Leu Lys Ala Tyr Asn Thr Ser Gly Lys His Arg His Thr Pro
210 215 220
Glu Ile Ala Gln Asn Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val
225 230 235 240
Ser Phe Thr Pro Val Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu
245 250 255
Gln Pro His Leu
260
<210> 323
<211> 903
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(880)
<223> FRXA02153
<400> 323
cccacttgca gttttagctg taggtgggtt ttgcatgct taaccctct tttatgcaca 60
cccccgcaat gaatcaaaaa tttatgcatg aataatttgc atg atc atg cat aac 115
Met Ile Met His Asn
1 5
gtg tat ggt gta act atg aca atc aag gtt gca atc gca gga gcc agt 163
Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala Ile Ala Gly Ala Ser
10 15 20
gga tat gcc gcc gga gaa atc ctt cgt ctc ctt tta ggc cat cca gct 211
Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu Leu Gly His Pro Ala
25 30 35
tat gca tct ggt gaa cta gaa atc gga gca ctc acc gcg gca tca acc 259
Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu Thr Ala Ala Ser Thr
40 45 50
gca gcc agc acg ctc ggt gaa ttg atg cca cac att ccg cag ttg gcg 307
Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His Ile Pro Gln Leu Ala
55 60 65
gat cgt gtt att caa gac acc aca gct gaa act cta gcc ggt cat gat 355
Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr Leu Ala Gly His Asp
70 75 80 85
gtc gta ttt cta gga ctt cca cac gga ttc tct gca gaa att gca ctt 403
Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser Ala Glu Ile Ala Leu
90 95 100
cag ctc gga cca gat gtc aca gtg att gac tgt gca gct gac ttt cgt 451
Gln Leu Gly Pro Asp Val Thr Val Ile Asp Cys Ala Ala Asp Phe Arg
105 110 115

ctg caa aat gct gca gat tgg gag aag ttc tac ggc tca gag cac cag 499
Leu Gln Asn Ala Ala Asp Trp Glu Lys Phe Tyr Gly Ser Glu His Gln

120 125 130
gga aca tgg cct tat ggc att cca gaa atg cca gga cac cgc gag gct 547
Gly Thr Trp Pro Tyr Gly Ile Pro Glu Met Pro Gly His Arg Glu Ala

135 140 145
ctt cgt ggt gct aag cgt gta gca gtg cca gga tgt ttc cca acc ggt 595
Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly Cys Phe Pro Thr Gly

150 155 160 165
gca acc ttg gct ctt ctt cct gcg gtt caa gcg gga ctt atc gag cca 643
Ala Thr Leu Ala Leu Leu Pro Ala Val Gln Ala Gly Leu Ile Glu Pro

170 175 180
gat gtt tcc gta gtg tcc atc acc ggc gta tca ggt gca ggt aag aaa 691
Asp Val Ser Val Val Ser Ile Thr Gly Val Ser Gly Ala Gly Lys Lys

185 190 195
gca tct gtt gca cta ctt ggc tcg gaa acc atg ggt tca ctc aag gcg 739
Ala Ser Val Ala Leu Leu Gly Ser Glu Thr Met Gly Ser Leu Lys Ala

200 205 210
tac aac acc tcc gga aag cac cgc cac acc ccg gaa att gcc cag aac 787
Tyr Asn Thr Ser Gly Lys His Arg His Thr Pro Glu Ile Ala Gln Asn

215 220 225
ctc ggc gaa gtc agc gac aag cca gtc aag gtg agc ttc acc cca gtg 835
Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val Ser Phe Thr Pro Val

230 235 240 245
ctt gca ccg tta cct cgc gaa ttc tca cca ctg caa ccg cac ctt 880
Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu Gln Pro His Leu

250 255 260
tgaaagaagg cggtaccgca gaa 903
<210> 324
<211> 260
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 324
Met Ile Met His Asn Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala
1 5 10 15
Ile Ala Gly Ala Ser Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu
20 25 30
Leu Gly His Pro Ala Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu
35 40
45
Thr Ala Ala Ser Thr Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His
50 55 60
Ile Pro Gln Leu Ala Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr
65 70 75 80
Leu Ala Gly His Asp Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser
85 90 95

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

Gly His Arg Glu Ala Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly
 145 150 155 160

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

Glu Ile Ala Gln Asn Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val
 225 230 235 240

Ser Phe Thr Pro Val Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu
 245 250 255

Gln Pro His Leu

260

<210> 325

<211> 414

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(391)

<223> RXA02154

<400> 325

cccagaacct cggcgaagtc agcgacaagc cagtcaaggt gagcttcacc ccagtgcttg 60
 caccgttacc tcgcgaattc tcaccactgc aaccgcacct ttg aaa gaa ggc gtt 115
 Leu Lys Glu Gly Val

1 5

acc gca gaa cag gct cgc gca gta tat gaa gag ttc tat gca cag gaa 163
 Thr Ala Glu Gln Ala Arg Ala Val Tyr Glu Glu Phe Tyr Ala Gln Glu

10 15 20

acc ttc gtg cat gtt ctt cca gaa ggt gca cag cca caa acc caa gca 211
 Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln Pro Gln Thr Gln Ala

25 30 35

gtt ctt ggc tcc aac atg tgc cac gtg cag gta gaa att gat gag gaa 259
 Val Leu Gly Ser Asn Met Cys His Val Gln Val Glu Ile Asp Glu Glu

40 45 50

gca ggc aaa gtc ctt gtt acc tcc gca atc gat aac ctc acc aag gga 307

Ala Gly Lys Val Leu Val Thr Ser Ala Ile Asp Asn Leu Thr Lys Gly

55 60 65
act gcc ggc gcc gct gtt cag tgc atg aac tta agc gtt ggt ttt gat 355
Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu Ser Val Gly Phe Asp

70 75 80 85
gag gca gca ggc ctg cca cag gtc ggc gtc gca cct taaagtagcg 401
Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala Pro

90 95
ccttaaagcg gcg 414
<210> 326
<211> 97
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 326
Leu Lys Glu Gly Val Thr Ala Glu Gln Ala Arg Ala Val Tyr Glu Glu
1 5 10 15
Phe Tyr Ala Gln Glu Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln
20 25 30
Pro Gln Thr Gln Ala Val Leu Gly Ser Asn Met
Cys His Val Gln Val
35 40 45
Glu Ile Asp Glu Glu Ala Gly Lys Val Leu Val Thr Ser Ala Ile Asp
50 55 60
Asn Leu Thr Lys Gly Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu
65 70 75 80

Ser Val Gly Phe Asp Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala
85 90 95
Pro

<210> 327
<211> 1296
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1273)
<223> RXA02157
<400> 327
gggtggaatt ggcacgatgg tgctgccgga tgtttttgat cgggagaatt atcctgaagg 60
cacctgtttt 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 tgc 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 tgc 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 gcc ggt ctt ccc atc 883
Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly Gly Gly Leu Pro Ile

250 255 260
ggc gct tgt ttg gcc act ggc cgt gca gct gaa ttg atg acc cca gcc 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> 328
<211> 391
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 328
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> 329

<211> 1491

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1468)

<223> RXS02970

<400> 329

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
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
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 1491
gcg ttg ttc taagttttct agataacaag gcc
Ala Leu Phe

455
<210> 330
<211> 456
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 330
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> 331
<211> 1330
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1330)
<223> FRXA01009
<400> 331
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> 332
<211> 410
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 332
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> 333

<211> 1080

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1057)

<223> RXA02158

<400> 333

aacattatcc gtttgacccc gccgetggtg atcaccgacg aagaaatcgc agacgcagtc 60
aaggctattg ccgagacaat cgcataaagg actcaaactt atg act tca caa cca 115
Met Thr Ser Gln Pro

cag gtt cgc cat ttt ctg gct gat gat gat ctc acc cct gca gag cag	163
Gln Val Arg His Phe Leu Ala Asp Asp Asp Leu Thr Pro Ala Glu Gln	
10 15 20	
gca gag gtt ttg acc cta gcc gca aag ctc aag gca gcg ccg ttt tcg	211
Ala Glu Val Leu Thr Leu Ala Ala Lys Leu Lys Ala Ala Pro Phe Ser	
25 30 35	
gag cgt cca ctc gag gga cca aag tcc gtt gca gtt ctt ttt gat aag	259
Glu Arg Pro Leu Glu Gly Pro Lys Ser Val Ala Val Leu Phe Asp Lys	
40 45 50	
act tca act cgt act cgc ttc tcc ttc gac gcg ggc atc gct cat ttg	307
Thr Ser Thr Arg Thr Arg Phe Ser Phe Asp Ala Gly Ile Ala His Leu	
55 60 65	
ggg gga cac gcc atc gtc gtg gat tcc ggt agc tca cag atg ggt aag	355
Gly Gly His Ala Ile Val Val Asp Ser Gly Ser Ser Gln Met Gly Lys	
70 75 80 85	
ggc gag tcc ctg cag gac acc gca gct gta ttg tcc cgc tac gtg gaa	403
Gly Glu Ser Leu Gln Asp Thr Ala Ala Val Leu Ser Arg Tyr Val Glu	
90 95 100	
gca att gtg tgg cgc acc tac gca cac agc aat ttc cac gcc atg gcg	451
Ala Ile Val Trp Arg Thr Tyr Ala His Ser Asn Phe His Ala Met Ala	
105 110 115	
gag acg tcc act gtg ccg ctg gtg aac tcc ttg tcc gat gat ctg cac	499
Glu Thr Ser Thr Val Pro Leu Val Asn Ser Leu Ser Asp Asp Leu His	
120 125 130	
cca tgc cag att ctg gct gat ctg cag act atc gtg gaa aac ctc agc	547
Pro Cys Gln Ile Leu Ala Asp Leu Gln Thr Ile Val Glu Asn Leu Ser	
135 140 145	
cct gaa gaa ggc cca gca ggc ctt aag ggt aag aag gct gtg tac ctg	595
Pro Glu Glu Gly Pro Ala Gly Leu Lys Gly Lys Lys Ala Val Tyr Leu	
150 155 160 165	
ggc gat ggc gac aac aac atg gcc aac tcc tac atg att ggc ttt gcc	643
Gly Asp Gly Asp Asn Asn Met Ala Asn Ser Tyr Met Ile Gly Phe Ala	
170 175 180	
acc gcg ggc atg gat att tcc atc atc gct cct gaa ggg ttc cag cct	691
Thr Ala Gly Met Asp Ile Ser Ile Ile Ala Pro Glu Gly Phe Gln Pro	
185 190 195	
cgt gcg gaa ttc gtg gag cgc gcg gaa aag cgt ggc cag gaa acc ggc	739
Arg Ala Glu Phe Val Glu Arg Ala Glu Lys Arg Gly Gln Glu Thr Gly	
200 205 210	
gcg aag gtt gtt gtc acc gac agc ctc gac gag gtt gcc ggc gcc gat	787
Ala Lys Val Val Val Thr Asp Ser Leu Asp Glu Val Ala Gly Ala Asp	
215 220 225	

gtt gtc atc acc gat acc tgg gta tcc atg ggt atg gaa aac gac ggc 835
Val Val Ile Thr Asp Thr Trp Val Ser Met Gly Met Glu Asn Asp Gly

230 235 240 245
atc gat cgc acc aca cct ttc gtt cct tac cag gtc aac gat gag gtc 883
Ile Asp Arg Thr Thr Pro Phe Val Pro Tyr Gln Val Asn Asp Glu Val

250 255 260
atg gcg aaa gct aac gac ggc gcc atc ttc ctg cac tgc ctt cct gcc 931
Met Ala Lys Ala Asn Asp Gly Ala Ile Phe Leu His Cys Leu Pro Ala

265 270 275
tac cgt ggc aaa gaa gtg gca gcc tcc gtg att gat gga cca gcg tcc 979
Tyr Arg Gly Lys Glu Val Ala Ala Ser Val Ile Asp Gly Pro Ala Ser

280 285 290
aaa gtt ttc gat gaa gca gaa aac cgc ctc cac gct cag aaa gca ctg 1027
Lys Val Phe Asp Glu Ala Glu Asn Arg Leu His Ala Gln Lys Ala Leu

295 300 305
ctg gtg tgg ctg ctg gcc aac cag ccg agg taagacatgt cccttggtc 1077
Leu Val Trp Leu Leu Ala Asn Gln Pro Arg

310 315
aac 1080
<210> 334
<211> 319
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 334
Met Thr Ser Gln Pro Gln Val Arg His Phe Leu Ala Asp Asp Asp Leu
1 5 10 15
Thr Pro Ala Glu Gln Ala Glu Val Leu Thr Leu Ala Ala Lys Leu Lys
20 25 30
Ala Ala Pro Phe Ser Glu Arg Pro Leu Glu Gly Pro
Lys Ser Val Ala
35 40 45
Val Leu Phe Asp Lys Thr Ser Thr Arg Thr Arg Phe Ser Phe Asp Ala
50 55 60
Gly Ile Ala His Leu Gly Gly His Ala Ile Val Val Asp Ser Gly Ser
65 70 75 80
Ser Gln Met Gly Lys Gly Glu Ser Leu Gln Asp Thr Ala Ala Val Leu
85 90 95
Ser Arg Tyr Val Glu Ala Ile Val Trp Arg Thr Tyr Ala His Ser Asn
100 105 110
Phe His Ala Met Ala Glu Thr Ser Thr Val Pro Leu Val Asn Ser Leu
115 120 125
Ser Asp Asp Leu His Pro Cys Gln Ile Leu Ala Asp Leu Gln Thr Ile
130 135 140
Val Glu Asn Leu Ser Pro Glu Glu Gly Pro Ala Gly Leu Lys Gly Lys
145 150 155 160
Lys Ala Val Tyr Leu Gly Asp Gly Asp Asn Asn Met Ala Asn Ser Tyr
165 170 175

Met Ile Gly Phe Ala Thr Ala Gly Met Asp Ile Ser Ile Ile Ala Pro
180 185 190
Glu Gly Phe Gln Pro Arg Ala Glu Phe Val Glu Arg Ala Glu Lys Arg
195 200 205
Gly Gln Glu Thr Gly Ala Lys Val Val Val Thr Asp Ser Leu Asp Glu
210 215 220
Val Ala Gly Ala Asp Val Val Ile Thr Asp Thr Trp Val Ser Met Gly
225 230 235 240
Met Glu Asn Asp Gly Ile Asp Arg Thr Thr Pro Phe Val Pro Tyr Gln
245 250 255
Val Asn Asp Glu Val Met Ala Lys Ala Asn Asp Gly Ala Ile Phe Leu
260 265 270
His Cys Leu Pro Ala Tyr Arg Gly Lys Glu Val Ala Ala Ser Val Ile
275 280 285
Asp Gly Pro Ala Ser Lys Val Phe Asp Glu Ala Glu Asn Arg Leu His
290 295 300
Ala Gln Lys Ala Leu Leu Val Trp Leu Leu Ala Asn Gln Pro Arg
305 310 315
<210> 335
<211> 1326
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1303)
<223> RXA02160
<400> 335
ttttcgagga ataccaaccc ttccaacaca ataattttct ttaaaccatcc ttgctgtcca 60
ccacggctgg caaggaactt aaaatgaagg agcacacctc atg act aac cgc atc 115
Met Thr Asn Arg Ile
1 5
gtt ctt gca tac tcc ggc ggt ctg gac acc act gtg gca att cca tac 163
Val Leu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Asp Thr Thr Val Ala Ile Pro Tyr
10 15 20
ctg aag aag atg att gat ggt gaa gtc atc gca gtt tcc ctc gac ctg 211
Leu Lys Lys Met Ile Asp Gly Glu Val Ile Ala Val Ser Leu Asp Leu
25 30 35
ggc cag ggt gga gag aac atg gac aac gtt cgc cag cgt gca ttg gat 259
Gly Gln Gly Gly Glu Asn Met Asp Asn Val Arg Gln Arg Ala Leu Asp
40 45 50
gcc ggt gca gct gag tcc atc gtt gtt gat gca aag gat gag ttc gct 307
Ala Gly Ala Ala Glu Ser Ile Val Val Asp Ala Lys Asp Glu Phe Ala
55 60 65
gag gag tac tgc ctg cca acc atc aag gca aac ggc atg tac atg aag 355
Glu Glu Tyr Cys Leu Pro Thr Ile Lys Ala Asn Gly Met Tyr Met Lys

70	75	80	85	
cag tac cca ctg gtt tct gca atc tcc cgc cca ctg atc gtc aag cac	403			
Gln Tyr Pro Leu Val Ser Ala Ile Ser Arg Pro Leu Ile Val Lys His				
	90	95	100	
ctc gtt gag gct ggc aag cag ttc aac ggt acc cac gtt gca cac ggc	451			
Leu Val Glu Ala Gly Lys Gln Phe Asn Gly Thr His Val Ala His Gly				
	105	110	115	
tgc act ggt aag ggc aac gac cag gtt cgt ttc gag gtc ggc ttc atg	499			
Cys Thr Gly Lys Gly Asn Asp Gln Val Arg Phe Glu Val Gly Phe Met				
	120	125	130	
gac acc gat cca aac ctg gag atc att gca cct gct cgt gac ttc gca	547			
Asp Thr Asp Pro Asn Leu Glu Ile Ile Ala Pro Ala Arg Asp Phe Ala				
	135	140	145	
tgg acc cgc gac aag gct atc gcc ttc gcc gag gag aac aac gtt cca	595			
Trp Thr Arg Asp Lys Ala Ile Ala Phe Ala Glu Glu Asn Asn Val Pro				
	150	155	160	165
atc gag cag tcc gtg aag tcc cca ttc tcc atc gac cag aac gtc tgg	643			
Ile Glu Gln Ser Val Lys Ser Pro Phe Ser Ile Asp Gln Asn Val Trp				
	170	175	180	
ggc cgc gct att gag acc ggt tac ctg gaa gat ctg tgg aat gct cca	691			
Gly Arg Ala Ile Glu Thr Gly Tyr Leu Glu Asp Leu Trp Asn Ala Pro				
	185	190	195	
acc aag gac atc tac gca tac acc gag gat cca gct ctg ggt aac gct	739			
Thr Lys Asp Ile Tyr Ala Tyr Thr Glu Asp Pro Ala Leu Gly Asn Ala				
	200	205	210	
cca gat gag gtc atc atc tcc ttc gag ggt ggc aag cca gtc tcc atc	787			
Pro Asp Glu Val Ile Ile Ser Phe Glu Gly Gly Lys Pro Val Ser Ile				
	215	220	225	
gat ggc cgt cca gtc tcc gta ctg cag gct att gaa gag ctg aac cgt	835			
Asp Gly Arg Pro Val Ser Val Leu Gln Ala Ile Glu Glu Leu Asn Arg				
	230	235	240	245
cgt gca ggc gca cag ggc gtt ggc cgc ctt gac atg gtt gag gac cgt	883			
Arg Ala Gly Ala Gln Gly Val Gly Arg Leu Asp Met Val Glu Asp Arg				
	250	255	260	
ctc gtg ggc atc aag tcc cgc gaa atc tac gaa gca cca ggc gca atc	931			
Leu Val Gly Ile Lys Ser Arg Glu Ile Tyr Glu Ala Pro Gly Ala Ile				
	265	270	275	
gca ctg att aag gct cac gag gct ttg gaa gat gtc acc atc gag cgc	979			
Ala Leu Ile Lys Ala His Glu Ala Leu Glu Asp Val Thr Ile Glu Arg				
	280	285	290	
gaa ctg gct cgc tac aag cgc ggc gtt gac gca cgt tgg gct gag gaa	1027			
Glu Leu Ala Arg Tyr Lys Arg Gly Val Asp Ala Arg Trp Ala Glu Glu				

295 300 305
gta tac gac ggc ctg tgg ttc gga cct ctg aag cgc tcc ctg gac gcg 1075
Val Tyr Asp Gly Leu Trp Phe Gly Pro Leu Lys Arg Ser Leu Asp Ala

310 315 320 325
ttc att gat tcc acc cag gag cac gtc acc ggc gat atc cgc atg gtt 1123
Phe Ile Asp Ser Thr Gln Glu His Val Thr Gly Asp Ile Arg Met Val

330 335 340
ctg cac gca ggt tcc atc acc atc aat ggt cgt cgt tcc agc cac tcc 1171
Leu His Ala Gly Ser Ile Thr Ile Asn Gly Arg Arg Ser Ser His Ser

345 350 355
ctg tac gac ttc aac ctg gct acc tac gac acc ggc gac acc ttc gac 1219
Leu Tyr Asp Phe Asn Leu Ala Thr Tyr Asp Thr Gly Asp Thr Phe Asp

360 365 370
cag acc ctg gct aag ggc ttt gtc cag ctg cac ggt ctg tcc tcc aag 1267
Gln Thr Leu Ala Lys Gly Phe Val Gln Leu His Gly Leu Ser Ser Lys

375 380 385
atc gct aac aag cgc gat cgc gaa gct ggc aac aac taagccacct 1313
Ile Ala Asn Lys Arg Asp Arg Glu Ala Gly Asn Asn

390 395 400
tttcaagcat cca 1326
<210> 336
<211> 401
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 336
Met Thr Asn Arg Ile Val Leu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Asp Thr Thr
1 5 10 15
Val Ala Ile Pro Tyr Leu Lys Lys Met Ile Asp Gly Glu Val Ile Ala
20 25 30
Val Ser Leu Asp Leu Gly Gln Gly Gly Glu
Asn Met Asp Asn Val Arg
35 40 45
Gln Arg Ala Leu Asp Ala Gly Ala Ala Glu Ser Ile Val Val Asp Ala
50 55 60
Lys Asp Glu Phe Ala Glu Glu Tyr Cys Leu Pro Thr Ile Lys Ala Asn
65 70 75 80
Gly Met Tyr Met Lys Gln Tyr Pro Leu Val Ser Ala Ile Ser Arg Pro
85 90 95
Leu Ile Val Lys His Leu Val Glu Ala Gly Lys Gln Phe Asn Gly Thr
100 105 110
His Val Ala His Gly Cys Thr Gly Lys Gly Asn Asp Gln Val Arg Phe
115 120 125
Glu Val Gly Phe Met Asp Thr Asp Pro Asn Leu Glu Ile Ile Ala Pro
130 135 140
Ala Arg Asp Phe Ala Trp Thr Arg Asp Lys Ala Ile Ala Phe Ala Glu
145 150 155 160
Glu Asn Asn Val Pro Ile Glu Gln Ser Val Lys Ser Pro Phe Ser Ile

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

 Lys Pro Val Ser Ile Asp Gly Arg Pro Val Ser Val Leu Gln Ala Ile
 225 230 235 240

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

 Arg Trp Ala Glu Glu Val Tyr Asp Gly Leu Trp Phe Gly Pro Leu Lys
 305 310 315 320

 Arg Ser Leu Asp Ala Phe Ile Asp Ser Thr Gln Glu His Val Thr Gly
 325 330 335
 Asp Ile Arg Met Val Leu His Ala Gly Ser Ile Thr Ile Asn Gly Arg
 340 345 350
 Arg Ser Ser His Ser Leu Tyr Asp Phe Asn Leu Ala Thr Tyr Asp Thr
 355 360 365
 Gly Asp Thr Phe Asp Gln Thr Leu Ala Lys Gly Phe Val Gln Leu His
 370 375 380

 Gly Leu Ser Ser Lys Ile Ala Asn Lys Arg Asp Arg Glu Ala Gly Asn
 385 390 395 400

 Asn
 <210> 337
 <211> 1554
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1531)
 <223> RXN02162
 <400> 337
 gatcgctaac aagcgcgatac gcgaagctgg caacaactaa gccacctttt caagcatcca 60
 gactagaact tcaagtattt agaaagtaga agaacaccac atg gaa cag cac gga 115
 Met Glu Gln His Gly

 1 5
 acc aat gaa ggt gcg ctg tgg ggc ggc cgc ttc tcc ggt gga ccc tcc 163
 Thr Asn Glu Gly Ala Leu Trp Gly Gly Arg Phe Ser Gly Gly Pro Ser

 10 15 20
 gag gcc atg ttc gcc ttg agt gtc tcc act cat ttc gac tgg gtt ttg 211

Glu Ala Met Phe Ala Leu Ser Val Ser Thr His Phe Asp Trp Val Leu

25 30 35
gcc cct tat gat gtg ttg gcc tcc aag gca cac gcc aag gtt ttg cac 259
Ala Pro Tyr Asp Val Leu Ala Ser Lys Ala His Ala Lys Val Leu His

40 45 50
caa gca gat cta ctt tct gat gaa gat cta gcc acc atg ctg gct ggg 307
Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala Thr Met Leu Ala Gly

55 60 65
ctt gat cag ctg ggc aag gat gtc gcc gac gga acc ttc ggt ccg ctg 355
Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly Thr Phe Gly Pro Leu

70 75 80 85
cct tct gat gag gat gtg cac ggc gcg atg gaa cgc ggt gtg att gac 403
Pro Ser Asp Glu Asp Val His Gly Ala Met Glu Arg Gly Val Ile Asp

90 95 100
cgc gtt ggt cct gag gtg ggc ggc cgt ctg cgc gct ggt cgt tcc cgc 451
Arg Val Gly Pro Glu Val Gly Gly Arg Leu Arg Ala Gly Arg Ser Arg

105 110 115
aac gac cag gtg gca acc ctg ttc cgc atg tgg gtc cgc gac gca gtg 499
Asn Asp Gln Val Ala Thr Leu Phe Arg Met Trp Val Arg Asp Ala Val

120 125 130
cgc gac atc gcg ctg gga aca acc gag ctt gtc gac gcc ctc agc gcc 547
Arg Asp Ile Ala Leu Gly Thr Thr Glu Leu Val Asp Ala Leu Ser Ala

135 140 145
caa gct aag gca cat gca ggc gcg atc atg cca ggc aag acc cac ttc 595
Gln Ala Lys Ala His Ala Gly Ala Ile Met Pro Gly Lys Thr His Phe

150 155 160 165
cag gca gct cag ccg gtc ctt ctg gca cac cag ctg ctg gca cac gca 643
Gln Ala Ala Gln Pro Val Leu Leu Ala His Gln Leu Leu Ala His Ala

170 175 180
cag cct ttg ctg cgc gat att gat cgt atc cgt gac ctg gac aag cgt 691
Gln Pro Leu Leu Arg Asp Ile Asp Arg Ile Arg Asp Leu Asp Lys Arg

185 190 195
ctt gcg gtg tct cct tac ggt tcc ggc gca ctt gct ggt tcc tct ttg 739
Leu Ala Val Ser Pro Tyr Gly Ser Gly Ala Leu Ala Gly Ser Ser Leu

200 205 210
aag ctc aac cct gaa gca atc gct gaa gaa ctc ggc ttt gat tcc gca 787
Lys Leu Asn Pro Glu Ala Ile Ala Glu Glu Leu Gly Phe Asp Ser Ala

215 220 225
gca gat aac tcc att gat gcc acc agc tcc cgc gat ttc gca tct gaa 835
Ala Asp Asn Ser Ile Asp Ala Thr Ser Ser Arg Asp Phe Ala Ser Glu

230 235 240 245

acc gcc ttc gtg ctg gcg cag ctt gca gtg gat atg tcc cgc ttg gct	883
Thr Ala Phe Val Leu Ala Gln Leu Ala Val Asp Met Ser Arg Leu Ala	
250 255 260	
gaa gaa atc atc gca tgg tgc acc cca gaa ttt ggt tac atc acc ttg	931
Glu Glu Ile Ile Ala Trp Cys Thr Pro Glu Phe Gly Tyr Ile Thr Leu	
265 270 275	
tct gat tcc tgg tcc aca ggc agc tca atc atg ccg cag aag aag aac	979
Ser Asp Ser Trp Ser Thr Gly Ser Ser Ile Met Pro Gln Lys Lys Asn	
280 285 290	
cct gac gtg gca gag ctg acc cgt ggc aag tct ggt cgc ttg atc ggt	1027
Pro Asp Val Ala Glu Leu Thr Arg Gly Lys Ser Gly Arg Leu Ile Gly	
295 300 305	
aac ctc acc ggt ctg ctg gct acc ctg aag gca cag cct tta gcg tac	1075
Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala Gln Pro Leu Ala Tyr	
310 315 320 325	
aac cgc gac ctg cag gaa gat aag gaa cca atc gta gat tcc gtg gcg	1123
Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile Val Asp Ser Val Ala	
330 335 340	
cag ctc aac ctg ctg ctc cct gca atg act ggt ttg gtt tcc acc ttg	1171
Gln Leu Asn Leu Leu Leu Pro Ala Met Thr Gly Leu Val Ser Thr Leu	
345 350 355	
acc ttc aac acc gag cgc atg cgt gaa ctt gca cca gca ggt ttc acc	1219
Thr Phe Asn Thr Glu Arg Met Arg Glu Leu Ala Pro Ala Gly Phe Thr	
360 365 370	
ctt gcc acc gac ttg gct gag tgg atg gtg cgc cag ggc gtt cca ttc	1267
Leu Ala Thr Asp Leu Ala Glu Trp Met Val Arg Gln Gly Val Pro Phe	
375 380 385	
cgt gag gca cac gaa gca tcc ggc gct tgc gtg cgg atc gcg gag tcc	1315
Arg Glu Ala His Glu Ala Ser Gly Ala Cys Val Arg Ile Ala Glu Ser	
390 395 400 405	
agg gga gtg gac ctt atc gat ctc act gat gaa gaa ctc agt ggc gtt	1363
Arg Gly Val Asp Leu Ile Asp Leu Thr Asp Glu Glu Leu Ser Gly Val	
410 415 420	
gat gca cgt ctg acc cca gag gta cgg gaa gtg ctc acc att gat ggt	1411
Asp Ala Arg Leu Thr Pro Glu Val Arg Glu Val Leu Thr Ile Asp Gly	
425 430 435	
gca gtg gct tcc cgt gca acg cgc ggt gga acc gcg ggc gtg cgg gtt	1459
Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr Ala Gly Val Arg Val	
440 445 450	
gcg gag caa cgc gca cgt gtc gat gcc gca agt acc gct cac gcg gag	1507
Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser Thr Ala His Ala Glu	
455 460 465	

tgg gca cgt gcg ggg gta cgt cga taagcattag tttatggcct gtg 1554
Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg

470 475

<210> 338

<211> 477

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 338

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

Ala Lys Val Leu His Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala
50 55 60
Thr Met Leu Ala Gly Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly
65 70 75 80

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

Asp Ala Leu Ser Ala Gln Ala Lys Ala His Ala Gly Ala Ile Met Pro
145 150 155 160

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

Gly Phe Asp Ser Ala Ala Asp Asn Ser Ile Asp Ala Thr Ser Ser Arg
225 230 235 240

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

Gly Arg Leu Ile Gly Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala

305	310	315	320
Gln Pro Leu Ala Tyr Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile			
	325	330	335
Val Asp Ser Val Ala Gln Leu Asn Leu Leu Leu Pro Ala Met Thr Gly			
	340	345	350
Leu Val Ser Thr Leu Thr Phe Asn Thr Glu Arg Met Arg Glu Leu Ala			
	355	360	365
Pro Ala Gly Phe Thr Leu Ala Thr Asp Leu Ala Glu Trp Met Val Arg			
	370	375	380
Gln Gly Val Pro Phe Arg Glu Ala His Glu Ala Ser Gly Ala Cys Val			
385	390	395	400
Arg Ile Ala Glu Ser Arg Gly Val Asp Leu Ile Asp Leu Thr Asp Glu			
	405	410	415
Glu Leu Ser Gly Val Asp Ala Arg Leu Thr Pro Glu Val Arg Glu Val			
	420	425	430
Leu Thr Ile Asp Gly Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr			
	435	440	445
Ala Gly Val Arg Val Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser			
	450	455	460
Thr Ala His Ala Glu Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg			
465	470	475	
<210>	339		
<211>	906		
<212>	DNA		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(101)..(883)		
<223>	FRXA02161		
<220>			
<221>	misc_feature		
<222>	863		
<223>	n = a, c, g, or t		
<220>			
<221>	VARIANT		
<222>	255		
<223>	Xaa = Cys, Arg, Ser, or Gly		
<400>	339		
gatcgctaac aagcgcgac gcgaagctgg caacaactaa gccacctttt caagcatcca	60		
gactagaact tcaagtattt agaaagtaga agaacaccac atg gaa cag cac gga	115		
		Met Glu Gln His Gly	
		1	5
acc aat gaa ggt gcg ctg tgg ggc ggc cgc ttc tcc ggt gga ccc tcc	163		
Thr Asn Glu Gly Ala Leu Trp Gly Gly Arg Phe Ser Gly Gly Pro Ser			
	10	15	20
gag gcc atg ttc gcc ttg agt gtc tcc act cat ttc gac tgg gtt ttg	211		
Glu Ala Met Phe Ala Leu Ser Val Ser Thr His Phe Asp Trp Val Leu			

gcc cct tat gat gtg ttg gcc tcc aag gca cac gcc aag gtt ttg cac 259
Ala Pro Tyr Asp Val Leu Ala Ser Lys Ala His Ala Lys Val Leu His

40 45 50
caa gca gat cta ctt tct gat gaa gat cta gcc acc atg ctg gct ggg 307
Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala Thr Met Leu Ala Gly

55 60 65
ctt gat cag ctg ggc aag gat gtc gcc gac gga acc ttc ggt ccg ctg 355
Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly Thr Phe Gly Pro Leu

70 75 80 85
cct tct gat gag gat gtg cac ggc gcg atg gaa cgc ggt gtg att gac 403
Pro Ser Asp Glu Asp Val His Gly Ala Met Glu Arg Gly Val Ile Asp

90 95 100
cgc gtt ggt cct gag gtg ggc ggc cgt ctg cgc gct ggt cgt tcc cgc 451
Arg Val Gly Pro Glu Val Gly Gly Arg Leu Arg Ala Gly Arg Ser Arg

105 110 115
aac gac cag gtg gca acc ctg ttc cgc atg tgg gtc cgc gac gca gtg 499
Asn Asp Gln Val Ala Thr Leu Phe Arg Met Trp Val Arg Asp Ala Val

120 125 130
cgc gac atc gcg ctg gga aca acc gag ctt gtc gac gcc ctc agc gcc 547
Arg Asp Ile Ala Leu Gly Thr Thr Glu Leu Val Asp Ala Leu Ser Ala

135 140 145
caa gct aag gca cat gca ggc gcg atc atg cca ggc aag acc cac ttc 595
Gln Ala Lys Ala His Ala Gly Ala Ile Met Pro Gly Lys Thr His Phe

150 155 160 165
cag gca gct cag ccg gtc ctt ctg gca cac cag ctg ctg gca cac gca 643
Gln Ala Ala Gln Pro Val Leu Leu Ala His Gln Leu Leu Ala His Ala

170 175 180
cag cct ttg ctg cgc gat att gat cgt atc cgt gac ctg gac aag cgt 691
Gln Pro Leu Leu Arg Asp Ile Asp Arg Ile Arg Asp Leu Asp Lys Arg

185 190 195
ctt gcg gtg tct cct tac ggt tcc ggc gca ctt gct ggt tcc tct ttg 739
Leu Ala Val Ser Pro Tyr Gly Ser Gly Ala Leu Ala Gly Ser Ser Leu

200 205 210
aag ctc aac cct gaa gca atc gct gaa gaa ctc ggc ttt gat tcc gca 787
Lys Leu Asn Pro Glu Ala Ile Ala Glu Glu Leu Gly Phe Asp Ser Ala

215 220 225
gca gat aac tcc att gat gcc acc agc tcc cgc gat ttc gca tct gaa 835
Ala Asp Asn Ser Ile Asp Ala Thr Ser Ser Arg Asp Phe Ala Ser Glu

230 235 240 245
acc gcc ttc gtg ctg gcg cag ctt gca ngg gga tat gtc ccg ctt ggc 883
Thr Ala Phe Val Leu Ala Gln Leu Ala Xaa Gly Tyr Val Pro Leu Gly

250 255 260

tgaagaaatc atcgcatggt gca

906

<210> 340

<211> 261

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> VARIANT

<222> 255

<223> Xaa = Cys, Arg, Ser, or Gly

<400> 340

Met Glu Gln His Gly Thr Asn Glu Gly Ala Leu Trp Gly Gly Arg Phe

1 5 10 15

Ser Gly Gly Pro Ser Glu Ala Met Phe Ala Leu Ser Val Ser Thr His

20 25

30

Phe Asp Trp Val Leu Ala Pro Tyr Asp Val Leu Ala Ser Lys Ala His

35 40 45

Ala Lys Val Leu His Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala

50 55 60

Thr Met Leu Ala Gly Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly

65 70 75 80

Thr Phe Gly Pro Leu Pro Ser Asp Glu Asp Val His Gly Ala Met Glu

85 90 95

Arg Gly Val Ile Asp Arg Val Gly Pro Glu Val Gly Gly Arg Leu Arg

100 105 110

Ala Gly Arg Ser Arg Asn Asp Gln Val Ala Thr Leu Phe Arg Met Trp

115 120 125

Val Arg Asp Ala Val Arg Asp Ile Ala Leu Gly Thr Thr Glu Leu Val

130 135 140

Asp Ala Leu Ser Ala Gln Ala Lys Ala His Ala Gly Ala Ile Met Pro

145 150 155 160

Gly Lys Thr His Phe Gln Ala Ala Gln Pro Val Leu Leu Ala His Gln

165 170 175

Leu Leu Ala His Ala Gln Pro Leu Leu Arg Asp Ile Asp Arg Ile Arg

180 185 190

Asp Leu Asp Lys Arg Leu Ala Val Ser Pro Tyr Gly Ser Gly Ala Leu

195 200 205

Ala Gly Ser Ser Leu Lys Leu Asn Pro Glu Ala Ile Ala Glu Glu Leu

210 215 220

Gly Phe Asp Ser Ala Ala Asp Asn Ser Ile Asp Ala Thr Ser Ser Arg

225 230 235 240

Asp Phe Ala Ser Glu Thr Ala Phe Val Leu Ala Gln Leu Ala Xaa Gly

245 250 255

Tyr Val Pro Leu Gly

260

<210> 341

<211> 786

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(763)
 <223> FRXA02162
 <220>

<221> misc_feature
 <222> 94
 <223> n = a, c, g, or t
 <400> 341

ctcggtttg attccgcagc agataactcc attgatgcca ccagctcccg cgatttcgca 60
 tctgaaaccg ccttcgtgct ggcgagcgtt gcangtggat atg tcc cgc ttg gct 115
 Met Ser Arg Leu Ala

1 5
 gaa gaa atc atc gca tgg tgc acc cca gaa ttt ggt tac atc acc ttg 163
 Glu Glu Ile Ile Ala Trp Cys Thr Pro Glu Phe Gly Tyr Ile Thr Leu

10 15 20
 tct gat tcc tgg tcc aca ggc agc tca atc atg ccg cag aag aag aac 211
 Ser Asp Ser Trp Ser Thr Gly Ser Ser Ile Met Pro Gln Lys Lys Asn

25 30 35
 cct gac gtg gca gag ctg acc cgt ggc aag tct ggt cgc ttg atc ggt 259
 Pro Asp Val Ala Glu Leu Thr Arg Gly Lys Ser Gly Arg Leu Ile Gly

40 45 50
 aac ctc acc ggt ctg ctg gct acc ctg aag gca cag cct tta gcg tac 307
 Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala Gln Pro Leu Ala Tyr

55 60 65
 aac cgc gac ctg cag gaa gat aag gaa cca atc gta gat tcc gtg gcg 355
 Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile Val Asp Ser Val Ala

70 75 80 85
 cag ctc aac ctg ctg ctc cct gca atg act ggt ttg gtt tcc acc ttg 403
 Gln Leu Asn Leu Leu Leu Pro Ala Met Thr Gly Leu Val Ser Thr Leu

90 95 100
 acc ttc aac acc gag cgc atg cgt gaa ctt gca cca gca ggt ttc acc 451
 Thr Phe Asn Thr Glu Arg Met Arg Glu Leu Ala Pro Ala Gly Phe Thr

105 110 115
 ctt gcc acc gac ttg gct gag tgg atg gtg cgc cag ggc gtt cca ttc 499
 Leu Ala Thr Asp Leu Ala Glu Trp Met Val Arg Gln Gly Val Pro Phe

120 125 130
 cgt gag gca cac gaa gca tcc ggc gct tgc gtg cgg atc gcg gag tcc 547
 Arg Glu Ala His Glu Ala Ser Gly Ala Cys Val Arg Ile Ala Glu Ser

135 140 145
 agg gga gtg gac ctt atc gat ctc act gat gaa gaa ctc agt ggc gtt 595
 Arg Gly Val Asp Leu Ile Asp Leu Thr Asp Glu Glu Leu Ser Gly Val

150 155 160 165
 gat gca cgt ctg acc cca gag gta cgg gaa gtg ctc acc att gat ggt 643

Asp Ala Arg Leu Thr Pro Glu Val Arg Glu Val Leu Thr Ile Asp Gly

170 175 180
gca gtg gct tcc cgt gca acg cgc ggt gga acc gcg ggc gtg cgg gtt 691
Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr Ala Gly Val Arg Val

185 190 195
gcg gag caa cgc gca cgt gtc gat gcc gca agt acc gct cac gcg gag 739
Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser Thr Ala His Ala Glu

200 205 210
tgg gca cgt gcg ggg gta cgt cga taagcattag tttatggcct gtg 786
Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg

215 220
<210> 342
<211> 221
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 342

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

Gly Arg Leu Ile Gly Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala
50 55 60
Gln Pro Leu Ala Tyr Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile
65 70 75 80

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

Arg Ile Ala Glu Ser Arg Gly Val Asp Leu Ile Asp Leu Thr Asp Glu
145 150 155 160

Glu Leu Ser Gly Val Asp Ala Arg Leu Thr Pro Glu Val Arg Glu Val
165 170 175
Leu Thr Ile Asp Gly Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr
180 185 190
Ala Gly Val Arg Val Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser
195 200 205
Thr Ala His Ala Glu Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg

210 215 220
<210> 343
<211> 1269
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1246)

<223> RXA02262

<400> 343

gcaccaat t cggacctgaa atccccgagg aaaccgtgcc cgacgccgtg caggtgggcg 60
tcgataagca aaaaatcgct gatactcgaa aggcctcaaa atg acc gca acc tac 115
Met Thr Ala Thr Tyr

1 5
acc act gaa acc gcc atc aat ttc ttg ttc ttg agc gaa ccg gac atg 163
Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu Ser Glu Pro Asp Met

10 15 20
atc gcg gcc gga gtc aaa gac gtc gcg caa tgc gtc gat gtc atg gag 211
Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys Val Asp Val Met Glu

25 30 35
gaa acg ctc gtg ctc ttg gcg cag ggc gac tac aaa atg gcc ggt ttg 259
Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln Gly Asp Tyr Lys Met Ala Gly Leu

40 45 50
aac tcc aac tcg cat ggc gcg atg atc acc ttc ccg gaa aac cca gaa 307
Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe Pro Glu Asn Pro Glu

55 60 65
ttt gaa ggc atg ccc aag gac ggc ccc gac cgc cga ttc atg gcg atg 355
Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg Arg Phe Met Ala Met

70 75 80 85
ccc gca tac ctc ggc ggg cga ttc aaa aac acc ggc gtg aag tgg tac 403
Pro Ala Tyr Leu Gly Gly Arg Phe Lys Asn Thr Gly Val Lys Trp Tyr

90 95 100
gga tcc aac gcg gaa aac aag gcc tca ggc ttg cct cgc tcg atc cac 451
Gly Ser Asn Ala Glu Asn Lys Ala Ser Gly Leu Pro Arg Ser Ile His

105 110 115
acc ttc gtc ctc aac gac acg gtc acc ggt gca ccg aag gcc atc atg 499
Thr Phe Val Leu Asn Asp Thr Val Thr Gly Ala Pro Lys Ala Ile Met

120 125 130
tcc gcg aac ctg ctg tcc gcc tac cgc acc ggc gcg gtt ccc ggc gtg 547
Ser Ala Asn Leu Leu Ser Ala Tyr Arg Thr Gly Ala Val Pro Gly Val

135 140 145
ggc gtg aag cac tta gcg gtc gcc gac gcg aca acc ttg gct gtc gtc 595
Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr Thr Leu Ala Val Val

150 155 160 165
gga cct ggt gtc atg gcg aaa acc atc acc gaa gcg tgc atc gca gag 643
Gly Pro Gly Val Met Ala Lys Thr Ile Thr Glu Ala Cys Ile Ala Glu

170 175 180
cgc cca gga atc acc acc atc aag atc aag gga cgc agc gaa cgc ggc 691

Arg Pro Gly Ile Thr Thr Ile Lys Ile Lys Gly Arg Ser Glu Arg Gly

185 190 195
atc aac gcc ttt gca aca tgg gcg ttg gaa aaa ttc ccc gag atc gaa 739
Ile Asn Ala Phe Ala Thr Trp Ala Leu Glu Lys Phe Pro Glu Ile Glu

200 205 210
gtg gtc gcc gtc gga tct gaa gaa gac gtg gtc aaa gac gcc gac atc 787
Val Val Ala Val Gly Ser Glu Glu Asp Val Val Lys Asp Ala Asp Ile

215 220 225
gtc atc gcc gcc acc acc acg gac gcc gcc ggc tcc tcc gcc ttc cca 835
Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly Ser Ser Ala Phe Pro

230 235 240 245
tac ttc aaa aaa gaa tgg ctc aag ccg ggc gca ttg ctg ctg ctt cca 883
Tyr Phe Lys Lys Glu Trp Leu Lys Pro Gly Ala Leu Leu Leu Leu Pro

250 255 260
gcc gcc ggt cgc ttc gac gac gct tat ttg ctt gac gac gcc cgc ctc 931
Ala Ala Gly Arg Phe Asp Asp Ala Tyr Leu Leu Asp Asp Ala Arg Leu

265 270 275
gtt gtt gac tac atg ggg ctc tac gaa gcc tgg gca gaa gaa tac ggc 979
Val Val Asp Tyr Met Gly Leu Tyr Glu Ala Trp Ala Glu Glu Tyr Gly

280 285 290
cca cag gcc tac caa cta ctc ggc att cca gga acc cac tgg tac gac 1027
Pro Gln Ala Tyr Gln Leu Leu Gly Ile Pro Gly Thr His Trp Tyr Asp

295 300 305
ctg gcg ctg caa gga aaa ctc gac ctt gca aag att tcc cag att ggc 1075
Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys Ile Ser Gln Ile Gly

310 315 320 325
gat atc tgc tcc ggc aag cta ccc gga cgc acc aac gat gag gaa atc 1123
Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr Asn Asp Glu Glu Ile

330 335 340
atc ctc tat tcc gtc ggc ggc atg cca gta gaa gac gtc gcc tgg gca 1171
Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu Asp Val Ala Trp Ala

345 350 355
acc caa gtg tat gaa aac gcc ctg gaa aaa ggc gtc ggc acc aca ttg 1219
Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly Val Gly Thr Thr Leu

360 365 370
aac ctg tgg gaa tca ccc gca ctg gct tgagagaaga aacaacaatg 1266
Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala

375 380
aaa 1269

<210> 344
<211> 382
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 344

Met Thr Ala Thr Tyr Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu
 1 5 10 15
 Ser Glu Pro Asp Met Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys
 20 25 30
 Val Asp Val Met Glu Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln
 Gly Asp Tyr
 35 40 45
 Lys Met Ala Gly Leu Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe
 50 55 60
 Pro Glu Asn Pro Glu Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg
 65 70 75 80

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

Ala Val Pro Gly Val Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr
 145 150 155 160

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

Lys Asp Ala Asp Ile Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly
 225 230 235 240

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

Thr His Trp Tyr Asp Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys
 305 310 315 320

Ile Ser Gln Ile Gly Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr
 325 330 335
 Asn Asp Glu Glu Ile Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu
 340 345 350
 Asp Val Ala Trp Ala Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly
 355 360 365

Val Gly Thr Thr Leu Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala

```

      370              375              380
<210> 345
<211> 1065
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1042)
<223> RXA00219
<400> 345
tttgccgtac atgcgcgagc acctcctcaa cagcccgcac caccgaccaa tcacataaga 60
cacaagcact aaaacagcat taaagaaaga aagctttttc gtg gcc cgt aag aaa 115
                               Val Ala Arg Lys Lys

                               1              5
aac acg tcc gat caa tcc cgc tcc caa gct gcc aac acg ccc att gct 163
Asn Thr Ser Asp Gln Ser Arg Ser Gln Ala Ala Asn Thr Pro Ile Ala

              10              15              20
ggc acc tat gag ggt gaa tat tcc gtc atc gag ttg gag gcc gat tcc 211
Gly Thr Tyr Glu Gly Glu Tyr Ser Val Ile Glu Leu Glu Ala Asp Ser

              25              30              35
tac acc acc gat ggc tgg ttg atc agc att aat ggc gtg ccc agc tct 259
Tyr Thr Thr Asp Gly Trp Leu Ile Ser Ile Asn Gly Val Pro Ser Ser

              40              45              50
cat att gtc ctg ggg caa ccg cag gca ctg gaa ttt gag tac atg cgg 307
His Ile Val Leu Gly Gln Pro Gln Ala Leu Glu Phe Glu Tyr Met Arg

              55              60              65
tgg atc gct acc ggc gct cgg ggc ttc atc gat gcg cat cag gat gca 355
Trp Ile Ala Thr Gly Ala Arg Ala Phe Ile Asp Ala His Gln Asp Ala

              70              75              80              85
tcc aag ctg cgg att act cac ctc ggc ggc ggt gcg tgc acg atg gcc 403
Ser Lys Leu Arg Ile Thr His Leu Gly Gly Gly Ala Cys Thr Met Ala

              90              95              100
agg tat ttc gcg gat gtt tac ccg cag tca cgc aac act gtc gtg gaa 451
Arg Tyr Phe Ala Asp Val Tyr Pro Gln Ser Arg Asn Thr Val Val Glu

              105              110              115
ttg gat gca gag ctt gcc cgc ctg tcg cgt gaa tgg ttc gac att ccg 499
Leu Asp Ala Glu Leu Ala Arg Leu Ser Arg Glu Trp Phe Asp Ile Pro

              120              125              130
cgc gcg cca cgg gta aag att cgt gtg gat gat gcc cga atg gtg gca 547
Arg Ala Pro Arg Val Lys Ile Arg Val Asp Asp Ala Arg Met Val Ala

              135              140              145
gaa tct ttc act ccc gca agc cgc gat gtg atc atc cgt gac gtt ttt 595

```

Glu Ser Phe Thr Pro Ala Ser Arg Asp Val Ile Ile Arg Asp Val Phe

150 155 160 165
gcc gga gct atc acg ccg cag aac ttc acc acc gtg gag ttc ttt gag 643
Ala Gly Ala Ile Thr Pro Gln Asn Phe Thr Thr Val Glu Phe Phe Glu

170 175 180
cac tgt cac cgt ggc ctt gct ccc ggc gga ttg tac gtt gcc aac tgt 691
His Cys His Arg Gly Leu Ala Pro Gly Gly Leu Tyr Val Ala Asn Cys

185 190 195
ggc gat cat tcg gat ctg cgc gga gct aaa tct gag ctc gcg gga atg 739
Gly Asp His Ser Asp Leu Arg Gly Ala Lys Ser Glu Leu Ala Gly Met

200 205 210
atg gag gtg ttc gag cac gtc gcg gtc atc gcc gat ccc ccg atg ctt 787
Met Glu Val Phe Glu His Val Ala Val Ile Ala Asp Pro Pro Met Leu

215 220 225
aaa ggg cgc cgt tac ggc aac atc att ttg atg ggt tca gac acc gag 835
Lys Gly Arg Arg Tyr Gly Asn Ile Ile Leu Met Gly Ser Asp Thr Glu

230 235 240 245
ttc ttt agc tcc aac agc acg gaa gcg tcc gcg att acc cgt gag ctt 883
Phe Phe Ser Ser Asn Ser Thr Glu Ala Ser Ala Ile Thr Arg Glu Leu

250 255 260
ctt ggc ggc ggc gtt cca gcg cag tac aag gat gaa tcc tgg gtg cgg 931
Leu Gly Gly Gly Val Pro Ala Gln Tyr Lys Asp Glu Ser Trp Val Arg

265 270 275
aaa ttc gcc tcg gga gcc cag gcc cgc cac gat ggg gtc tct acc ctc 979
Lys Phe Ala Ser Gly Ala Gln Ala Arg His Asp Gly Val Ser Thr Leu

280 285 290
caa atg ccg agt gat act cca caa cac cct gcg gaa acg ccg gag cat 1027
Gln Met Pro Ser Asp Thr Pro Gln His Pro Ala Glu Thr Pro Glu His

295 300 305
tca aac aca cag cca taaaaaatc cgtggcgcg tcc 1065
Ser Asn Thr Gln Pro

310
<210> 346
<211> 314
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 346
Val Ala Arg Lys Lys Asn Thr Ser Asp Gln Ser Arg Ser Gln Ala Ala
1 5 10 15
Asn Thr Pro Ile Ala Gly Thr Tyr Glu Gly Glu Tyr Ser Val Ile Glu
20 25 30
Leu Glu Ala Asp Ser Tyr Thr Thr Asp Gly Trp Leu Ile Ser Ile Asn
35 40 45
Gly Val
Pro Ser Ser His Ile Val Leu Gly Gln Pro Gln Ala Leu Glu

50					55					60					
Phe	Glu	Tyr	Met	Arg	Trp	Ile	Ala	Thr	Gly	Ala	Arg	Ala	Phe	Ile	Asp
65					70					75					80
Ala	His	Gln	Asp	Ala	Ser	Lys	Leu	Arg	Ile	Thr	His	Leu	Gly	Gly	Gly
				85					90					95	
Ala	Cys	Thr	Met	Ala	Arg	Tyr	Phe	Ala	Asp	Val	Tyr	Pro	Gln	Ser	Arg
			100					105					110		
Asn	Thr	Val	Val	Glu	Leu	Asp	Ala	Glu	Leu	Ala	Arg	Leu	Ser	Arg	Glu
		115					120					125			
Trp	Phe	Asp	Ile	Pro	Arg	Ala	Pro	Arg	Val	Lys	Ile	Arg	Val	Asp	Asp
	130					135					140				
Ala	Arg	Met	Val	Ala	Glu	Ser	Phe	Thr	Pro	Ala	Ser	Arg	Asp	Val	Ile
145					150					155					160
Ile	Arg	Asp	Val	Phe	Ala	Gly	Ala	Ile	Thr	Pro	Gln	Asn	Phe	Thr	Thr
				165					170					175	
Val	Glu	Phe	Phe	Glu	His	Cys	His	Arg	Gly	Leu	Ala	Pro	Gly	Gly	Leu
			180					185					190		
Tyr	Val	Ala	Asn	Cys	Gly	Asp	His	Ser	Asp	Leu	Arg	Gly	Ala	Lys	Ser
		195					200					205			
Glu	Leu	Ala	Gly	Met	Met	Glu	Val	Phe	Glu	His	Val	Ala	Val	Ile	Ala
	210					215					220				
Asp	Pro	Pro	Met	Leu	Lys	Gly	Arg	Arg	Tyr	Gly	Asn	Ile	Ile	Leu	Met
225					230					235					240
Gly	Ser	Asp	Thr	Glu	Phe	Phe	Ser	Ser	Asn	Ser	Thr	Glu	Ala	Ser	Ala
				245					250					255	
Ile	Thr	Arg	Glu	Leu	Leu	Gly	Gly	Gly	Val	Pro	Ala	Gln	Tyr	Lys	Asp
			260					265					270		
Glu	Ser	Trp	Val	Arg	Lys	Phe	Ala	Ser	Gly	Ala	Gln	Ala	Arg	His	Asp
		275					280					285			
Gly	Val	Ser	Thr	Leu	Gln	Met	Pro	Ser	Asp	Thr	Pro	Gln	His	Pro	Ala
	290					295					300				
Glu	Thr	Pro	Glu	His	Ser	Asn	Thr	Gln	Pro						
305					310										
<210>	347														
<211>	1662														
<212>	DNA														
<213>	Corynebacterium glutamicum														
<220>															
<221>	CDS														
<222>	(101)..(1639)														
<223>	RXA01508														
<400>	347														
ttccggggacg	tttcggtgat	ctcgtggaag	atcccaaact	cggttccggt	gccgtcgtgg	60									

Pro Ile Trp Arg Trp Leu Leu Leu Val Ser Val Ser Ile Cys Ala Ala

10 15 20
tcg ggg ctg gtc tat gag cta gcc ctg gta tcg ctt tcc acc agc ttg 211
Ser Gly Leu Val Tyr Glu Leu Ala Leu Val Ser Leu Ser Thr Ser Leu

25 30 35
aac ggt ggc gga att gta gaa acc tcc ctc atc gtc gca ggt tat gta 259
Asn Gly Gly Gly Ile Val Glu Thr Ser Leu Ile Val Ala Gly Tyr Val

40 45 50
gct gcc ctt gga ctt ggt gca ctg ctg gtc aag ccg ttt ctc aac tgg 307
Ala Ala Leu Gly Leu Gly Ala Leu Leu Val Lys Pro Phe Leu Asn Trp

55 60 65
cct gcg caa acc ttc ctc ggt gtg gaa acc ctc ctt gga ctt att ggt 355
Pro Ala Gln Thr Phe Leu Gly Val Glu Thr Leu Leu Gly Leu Ile Gly

70 75 80 85
ggt tgt tcc gcg ctg gtg ctg tat ttc acc ttc gcg acc atc ggc caa 403
Gly Cys Ser Ala Leu Val Leu Tyr Phe Thr Phe Ala Thr Ile Gly Gln

90 95 100
tcc ctg tgg att ctg gtg att gcc acc gct gca att ggc atc ctg gtc 451
Ser Leu Trp Ile Leu Val Ile Ala Thr Ala Ala Ile Gly Ile Leu Val

105 110 115
ggc gct gaa ctt cca ctg ctg atg acc atg atc cag caa ggc cgc ctc 499
Gly Ala Glu Leu Pro Leu Leu Met Thr Met Ile Gln Gln Gly Arg Leu

120 125 130
gcc gac gcc aaa acc aca gga tct ctg gtt gcc acc ttg aat gct gct 547
Ala Asp Ala Lys Thr Thr Gly Ser Leu Val Ala Thr Leu Asn Ala Ala

135 140 145
gat tac ctt ggc gca ctt tta ggt ggc ctg gcc tgg cct ttt gtg ttg 595
Asp Tyr Leu Gly Ala Leu Leu Gly Gly Leu Ala Trp Pro Phe Val Leu

150 155 160 165
ctg ccg tgg ctt ggc atg atg cgc ggt gcc gca gca gcc gga atg atc 643
Leu Pro Trp Leu Gly Met Met Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gly Met Ile

170 175 180
aac ctc gtt gca gca cta ttc gtg ggc tgt gtg ctg ctg cga cat ttg 691
Asn Leu Val Ala Ala Leu Phe Val Gly Cys Val Leu Leu Arg His Leu

185 190 195
ctt ccg cgc acc cac ttc ttc gta tcc gtg gtg gcg ctt ctt ctc gcg 739
Leu Pro Arg Thr His Phe Phe Val Ser Val Val Ala Leu Leu Leu Ala

200 205 210
atc gca gcg cta gcc acc gtg ttg gtg aaa tcc gac ggg atc gtt gcc 787
Ile Ala Ala Leu Ala Thr Val Leu Val Lys Ser Asp Gly Ile Val Ala

215 220 225
acc gcc cgc gca cag ctc tac cgc gac ccc gtg atc tat tca cac caa 835

Thr Ala Arg Ala Gln Leu Tyr Arg Asp Pro Val Ile Tyr Ser His Gln

230 235 240 245
tct gac tac caa gac atc gta gtg aca gaa cga ggc aaa gac cga cgc 883
Ser Asp Tyr Gln Asp Ile Val Val Thr Glu Arg Gly Lys Asp Arg Arg

250 255 260
ctc tac ctc aat ggc ggt ttg cag tat tcc act cgt gac cag cat aga 931
Leu Tyr Leu Asn Gly Gly Leu Gln Tyr Ser Thr Arg Asp Gln His Arg

265 270 275
tat aca gaa tca ctg gtg tat cca agc ctt aat cca gag gca gaa tcg 979
Tyr Thr Glu Ser Leu Val Tyr Pro Ser Leu Asn Pro Glu Ala Glu Ser

280 285 290
gtg tta atc atc ggc ggt ggc gat ggc ctc gca gca cgg gaa ctc ctc 1027
Val Leu Ile Ile Gly Gly Gly Asp Gly Leu Ala Ala Arg Glu Leu Leu

295 300 305
cga ttc cca tca atg cag atc acc caa gtt gaa tta gac cca gaa gtc 1075
Arg Phe Pro Ser Met Gln Ile Thr Gln Val Glu Leu Asp Pro Glu Val

310 315 320 325
atc gaa gta gcc aac aca gtg ctg cgc tct gac aat ggg gga gcg atg 1123
Ile Glu Val Ala Asn Thr Val Leu Arg Ser Asp Asn Gly Gly Ala Met

330 335 340
gaa gat ccc cgc gtc tcc atc atc gtt gac gac gct ttc acc tgg ctg 1171
Glu Asp Pro Arg Val Ser Ile Ile Val Asp Asp Ala Phe Thr Trp Leu

345 350 355
cgc tcc ggc gga aat aat ggc gaa act tac gat tcc atc atc atc gat 1219
Arg Ser Gly Gly Asn Asn Gly Glu Thr Tyr Asp Ser Ile Ile Ile Asp

360 365 370
ctt ccc gac cca aac aac gac acc atg gcc agg ctg tat tca gaa gag 1267
Leu Pro Asp Pro Asn Asn Asp Thr Met Ala Arg Leu Tyr Ser Glu Glu

375 380 385
ttc tac acc ttg gcc cga gca cga ctg aac gaa caa ggc cgc atg gtg 1315
Phe Tyr Thr Leu Ala Arg Ala Arg Leu Asn Glu Gln Gly Arg Met Val

390 395 400 405
gtg caa tcc tcc agc gcc tac acc act cca gat gtg ttc tgg cga gtt 1363
Val Gln Ser Ser Ser Ala Tyr Thr Thr Pro Asp Val Phe Trp Arg Val

410 415 420
gga gca acc ttg aaa tcg gcg ggc tgt gaa caa gtc atc cca tat cac 1411
Gly Ala Thr Leu Lys Ser Ala Gly Cys Glu Gln Val Ile Pro Tyr His

425 430 435
gtg cat gtt ccc aca ttt ggc gac tgg ggc ttc caa ctg tgt ggc cct 1459
Val His Val Pro Thr Phe Gly Asp Trp Gly Phe Gln Leu Cys Gly Pro

440 445 450
gcc gac atg gaa tta gag ctt cgg gaa gac acc ccg cca ctg act ttc 1507

Ala Asp Met Glu Leu Glu Leu Arg Glu Asp Thr Pro Pro Leu Thr Phe

455 460 465
 ctt aat gat gaa gtt ctg gtg gct gct ggg gtg ttt ggg ttg gat aat 1555
 Leu Asn Asp Glu Val Leu Val Ala Ala Gly Val Phe Gly Leu Asp Asn

470 475 480 485
 cag cct cgt gaa ttg gaa cct tcc acg ctg gat cat ccc cgc gtg gtg 1603
 Gln Pro Arg Glu Leu Glu Pro Ser Thr Leu Asp His Pro Arg Val Val

490 495 500
 gag gat ctg cgc aag gga tac cgc gaa tca ggc gac tagctgcaac 1649
 Glu Asp Leu Arg Lys Gly Tyr Arg Glu Ser Gly Asp

505 510
 gatgcgctgt gtg 1662
 <210> 348
 <211> 513
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 348
 Met Ser Asp Leu Gly Pro Ile Trp Arg Trp Leu Leu Leu Val Ser Val
 1 5 10 15
 Ser Ile Cys Ala Ala Ser Gly Leu Val Tyr Glu Leu Ala Leu Val Ser
 20 25 30
 Leu Ser Thr Ser Leu Asn Gly Gly Gly Ile
 Val Glu Thr Ser Leu Ile
 35 40 45
 Val Ala Gly Tyr Val Ala Ala Leu Gly Leu Gly Ala Leu Leu Val Lys
 50 55 60
 Pro Phe Leu Asn Trp Pro Ala Gln Thr Phe Leu Gly Val Glu Thr Leu
 65 70 75 80

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

Thr Leu Asn Ala Ala Asp Tyr Leu Gly Ala Leu Leu Gly Gly Leu Ala
 145 150 155 160

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

Asp Gly Ile Val Ala Thr Ala Arg Ala Gln Leu Tyr Arg Asp Pro Val

225 230 235 240
 Ile Tyr Ser His Gln Ser Asp Tyr Gln Asp Ile Val Val Thr Glu Arg
 245 250 255
 Gly Lys Asp Arg Arg Leu Tyr Leu Asn Gly Gly Leu Gln Tyr Ser Thr
 260 265 270
 Arg Asp Gln His Arg Tyr Thr Glu Ser Leu Val Tyr Pro Ser Leu Asn
 275 280 285
 Pro Glu Ala Glu Ser Val Leu Ile Ile Gly Gly Gly Asp Gly Leu Ala
 290 295 300

 Ala Arg Glu Leu Leu Arg Phe Pro Ser Met Gln Ile Thr Gln Val Glu
 305 310 315 320

 Leu Asp Pro Glu Val Ile Glu Val Ala Asn Thr Val Leu Arg Ser Asp
 325 330 335
 Asn Gly Gly Ala Met Glu Asp Pro Arg Val Ser Ile Ile Val Asp Asp
 340 345 350
 Ala Phe Thr Trp Leu Arg Ser Gly Gly Asn Asn Gly Glu Thr Tyr Asp
 355 360 365
 Ser Ile Ile Ile Asp Leu Pro Asp Pro Asn Asn Asp Thr Met Ala Arg
 370 375 380

 Leu Tyr Ser Glu Glu Phe Tyr Thr Leu Ala Arg Ala Arg Leu Asn Glu
 385 390 395 400

 Gln Gly Arg Met Val Val Gln Ser Ser Ser Ala Tyr Thr Thr Pro Asp
 405 410 415
 Val Phe Trp Arg Val Gly Ala Thr Leu Lys Ser Ala Gly Cys Glu Gln
 420 425 430
 Val Ile Pro Tyr His Val His Val Pro Thr Phe Gly Asp Trp Gly Phe
 435 440 445
 Gln Leu Cys Gly Pro Ala Asp Met Glu Leu Glu Leu Arg Glu Asp Thr
 450 455 460

 Pro Pro Leu Thr Phe Leu Asn Asp Glu Val Leu Val Ala Ala Gly Val
 465 470 475 480

 Phe Gly Leu Asp Asn Gln Pro Arg Glu Leu Glu Pro Ser Thr Leu Asp
 485 490 495
 His Pro Arg Val Val Glu Asp Leu Arg Lys Gly Tyr Arg Glu Ser Gly
 500 505 510
 Asp

<210> 349

<211> 924

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(901)

<223> RXA01757

<400> 349

cgcttattga acggatgcct ctcgatcaag ccaacgaggc tattgcacgt atttcagctg 60
 gttaaaccacg ttcccgattt gtcttggagc cgaattcata atg cca aca gca agc 115

Met Pro Thr Ala Ser

	1	5	
cca att tat gat gtc gtt gtc gtc gga gcc ggc att tct ggc ctc atc	163		
Pro Ile Tyr Asp Val Val Val Val Gly Ala Gly Ile Ser Gly Leu Ile			
	10	15	20
gcc acg caa ctg ttg gac cgc gca ggt cta aac atc aaa tgc ttc gaa	211		
Ala Thr Gln Leu Leu Asp Arg Ala Gly Leu Asn Ile Lys Cys Phe Glu			
	25	30	35
gcc tgc tca aga gtt ggc ggc cga gca gtg tct gtc caa cag tcc gat	259		
Ala Cys Ser Arg Val Gly Gly Arg Ala Val Ser Val Gln Gln Ser Asp			
	40	45	50
ttg ttc ctg gac ctc ggc gca aca tgg ttc tgg ctc aac gaa cca ctt	307		
Leu Phe Leu Asp Leu Gly Ala Thr Trp Phe Trp Leu Asn Glu Pro Leu			
	55	60	65
gtg cag caa ctc gtc aat aat ctc ggc ctc ggc aca ttc cct cag gcc	355		
Val Gln Gln Leu Val Asn Asn Leu Gly Leu Gly Thr Phe Pro Gln Ala			
	70	75	80
atc gag ggt gat gcg ctt ttt gag acg ctt gtc gac gcc ccg agc cgc	403		
Ile Glu Gly Asp Ala Leu Phe Glu Thr Leu Val Asp Ala Pro Ser Arg			
	90	95	100
ctg cgg ggt aac ccc ata gac gct gct tca ggc agg ttc caa gca ggg	451		
Leu Arg Gly Asn Pro Ile Asp Ala Ala Ser Gly Arg Phe Gln Ala Gly			
	105	110	115
gcc tcc tcg ctt gcg ctc ggg ctt gca gcc cag ctc aag cca gga gtt	499		
Ala Ser Ser Leu Ala Leu Gly Leu Ala Ala Gln Leu Lys Pro Gly Val			
	120	125	130
tta gaa ctc ggg gac ccc gtc cat tct ctc agt gag gaa gat ggg gaa	547		
Leu Glu Leu Gly Asp Pro Val His Ser Leu Ser Glu Glu Asp Gly Glu			
	135	140	145
atc gtt gtg aag tct tcc aaa cag att gtg agg gca aag cac gtc atc	595		
Ile Val Val Lys Ser Ser Lys Gln Ile Val Arg Ala Lys His Val Ile			
	150	155	160
att gcg gtt cca ccg gca ctc gct gcc gag ttg att ggt ttc acc cta	643		
Ile Ala Val Pro Pro Ala Leu Ala Ala Glu Leu Ile Gly Phe Thr Leu			
	170	175	180
gat tta cca gct gac gtg cga aaa gca gcg cat cca caa cat ata gct	691		
Asp Leu Pro Ala Asp Val Arg Lys Ala Ala His Pro Gln His Ile Ala			
	185	190	195
gtg atg aat tgg gca aag gag aaa tac acc tta ccc aca caa gcc gca	739		
Val Met Asn Trp Ala Lys Glu Lys Tyr Thr Leu Pro Thr Gln Ala Ala			
	200	205	210
tcg gct ggg ggt ttt ggg cat gag ctg ttc caa caa cca ctc gga cat	787		

Ser Ala Gly Gly Phe Gly His Glu Leu Phe Gln Gln Pro Leu Gly His

215 220 225
ggg cga att cat tgg gca tca acg gaa gtt gcc act gag ttt ggt gga 835
Gly Arg Ile His Trp Ala Ser Thr Glu Val Ala Thr Glu Phe Gly Gly

230 235 240 245
cac ctt gaa ggc gca gtt cgt gca gga att cag gct gcg ctt caa aca 883
His Leu Glu Gly Ala Val Arg Ala Gly Ile Gln Ala Ala Leu Gln Thr

250 255 260
gga ttt aat cta aaa tct taaacctcgt attttccctg ata 924
Gly Phe Asn Leu Lys Ser

265
<210> 350
<211> 267
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 350

Met Pro Thr Ala Ser Pro Ile Tyr Asp Val Val Val Val Gly Ala Gly
1 5 10 15
Ile Ser Gly Leu Ile Ala Thr Gln Leu Leu Asp Arg Ala Gly Leu Asn
20 25 30
Ile Lys Cys Phe Glu Ala Cys Ser Arg Val Gly Gly Arg Ala Val Ser
35 40 45
Val
Gln Gln Ser Asp Leu Phe Leu Asp Leu Gly Ala Thr Trp Phe Trp
50 55 60
Leu Asn Glu Pro Leu Val Gln Gln Leu Val Asn Asn Leu Gly Leu Gly
65 70 75 80

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

Glu Glu Asp Gly Glu Ile Val Val Lys Ser Ser Lys Gln Ile Val Arg
145 150 155 160

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

Gln Pro Leu Gly His Gly Arg Ile His Trp Ala Ser Thr Glu Val Ala
225 230 235 240

Thr Glu Phe Gly Gly His Leu Glu Gly Ala Val Arg Ala Gly Ile Gln
245 250 255
Ala Ala Leu Gln Thr Gly Phe Asn Leu Lys Ser

260 265

<210> 351
<211> 636
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(613)
<223> RXA02159
<400> 351
tgatggacca gcgtccaaag ttttcgatga agcagaaaac cgcctccacg ctcagaaagc 60
actgctggtg ttgctgctgg ccaaccagcc gaggtgaagac atg tcc ctt ggc tca 115
Met Ser Leu Gly Ser

1 5
acc ccg tca aca ccg gaa aac tta aat ccc gtg act cgc act gca cgc 163
Thr Pro Ser Thr Pro Glu Asn Leu Asn Pro Val Thr Arg Thr Ala Arg

10 15 20
caa gct ctc att ttg cag att ttg gac aaa caa aaa gtc acc agc cag 211
Gln Ala Leu Ile Leu Gln Ile Leu Asp Lys Gln Lys Val Thr Ser Gln

25 30 35
gta caa ctg tct gaa ttg ctg ctg gat gaa ggc atc gat atc acc cag 259
Val Gln Leu Ser Glu Leu Leu Leu Asp Glu Gly Ile Asp Ile Thr Gln

40 45 50
gcc acc ttg tcc cga gat ctc gat gaa ctc ggt gca cgc aag gtt cgc 307
Ala Thr Leu Ser Arg Asp Leu Asp Glu Leu Gly Ala Arg Lys Val Arg

55 60 65
ccc gat ggg gga cgc gcc tac tac gcg gtc ggc cca gta gat agc atc 355
Pro Asp Gly Gly Arg Ala Tyr Tyr Ala Val Gly Pro Val Asp Ser Ile

70 75 80 85
gcc cgc gaa gat ctc cgg ggt ccg tcg gag aag ctg cgc cgc atg ctt 403
Ala Arg Glu Asp Leu Arg Gly Pro Ser Glu Lys Leu Arg Arg Met Leu

90 95 100
gat gaa ctg ctg gtt tct aca gat cat tcc ggc aac atc gcg atg ctg 451
Asp Glu Leu Leu Val Ser Thr Asp His Ser Gly Asn Ile Ala Met Leu

105 110 115
cgc acc ccg ccg gga gct gcc cag tac ctg gca agt ttc atc gat agg 499
Arg Thr Pro Pro Gly Ala Ala Gln Tyr Leu Ala Ser Phe Ile Asp Arg

120 125 130
gtg ggg ctg aaa gaa gtc gtt ggc acc atc gct ggt gat gac acc gtt 547
Val Gly Leu Lys Glu Val Val Gly Thr Ile Ala Gly Asp Asp Thr Val

135 140 145

ttc gtt ctc gcc cgt gat ccg ctc aca ggt aaa gaa cta ggt gaa tta 595
Phe Val Leu Ala Arg Asp Pro Leu Thr Gly Lys Glu Leu Gly Glu Leu

150 155 160 165
ctc agc ggg cgc acc act taaagcgccc ctagtccaag gct 636
Leu Ser Gly Arg Thr Thr

170

<210> 352

<211> 171

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 352

Met Ser Leu Gly Ser Thr Pro Ser Thr Pro Glu Asn Leu Asn Pro Val
1 5 10 15
Thr Arg Thr Ala Arg Gln Ala Leu Ile Leu Gln Ile Leu Asp Lys Gln
20 25 30
Lys Val Thr Ser Gln Val Gln Leu Ser Glu Leu Leu Leu Asp Glu Gly
35 40 45
Ile
Asp Ile Thr Gln Ala Thr Leu Ser Arg Asp Leu Asp Glu Leu Gly
50 55 60
Ala Arg Lys Val Arg Pro Asp Gly Gly Arg Ala Tyr Tyr Ala Val Gly
65 70 75 80

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

Gly Asp Asp Thr Val Phe Val Leu Ala Arg Asp Pro Leu Thr Gly Lys
145 150 155 160

Glu Leu Gly Glu Leu Leu Ser Gly Arg Thr Thr
165 170

<210> 353

<211> 414

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(391)

<223> RXN02154

<400> 353

cccagaacct cggcgaagtc agcgacaagc cagtcaaggt gagcttcacc ccagtgttg 60
cacggttacc tcgcgaattc tcaccactgc aaccgcacct ttg aaa gaa ggc gtt 115
Leu Lys Glu Gly Val

1

5

acc gca gaa cag gct cgc gca gta tat gaa gag ttc tat gca cag gaa 163
Thr Ala Glu Gln Ala Arg Ala Val Tyr Glu Glu Phe Tyr Ala Gln Glu

10 15 20
acc ttc gtg cat gtt ctt cca gaa ggt gca cag cca caa acc caa gca 211
Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln Pro Gln Thr Gln Ala

25 30 35
gtt ctt ggc tcc aac atg tgc cac gtg cag gta gaa att gat gag gaa 259
Val Leu Gly Ser Asn Met Cys His Val Gln Val Glu Ile Asp Glu Glu

40 45 50
gca ggc aaa gtc ctt gtt acc tcc gca atc gat aac ctc acc aag gga 307
Ala Gly Lys Val Leu Val Thr Ser Ala Ile Asp Asn Leu Thr Lys Gly

55 60 65
act gcc ggc gcc gct gtt cag tgc atg aac tta agc gtt ggt ttt gat 355
Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu Ser Val Gly Phe Asp

70 75 80 85
gag gca gca ggc ctg cca cag gtc ggc gtc gca cct taaagtagcg 401
Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala Pro

90 95 414
ccttaaagcg gcg

<210> 354

<211> 97

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 354

Leu Lys Glu Gly Val Thr Ala Glu Gln Ala Arg Ala Val Tyr Glu Glu

1 5 10 15

Phe Tyr Ala Gln Glu Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln

20 25 30

Pro Gln Thr Gln Ala Val Leu Gly Ser Asn Met

Cys His Val Gln Val

35 40 45

Glu Ile Asp Glu Glu Ala Gly Lys Val Leu Val Thr Ser Ala Ile Asp

50 55 60

Asn Leu Thr Lys Gly Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu

65 70 75 80

Ser Val Gly Phe Asp Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala

85 90 95

Pro

<210> 355

<211> 1302

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1279)

<223> RXS00147

<400> 355

attgcatata atgcaatgaa ttgaataaac tacattcagg gttatcaacc agccaatttc 60

ttttaaaaag gcagacacac gaaaggcgac aacagtcacc gtg agt aaa gac acc 115

	Val Ser Lys Asp Thr	
	1 5	
acc acc tac cag gga gtc acc gag atc gga tcc gtt ccg gca tac ctg	163	
Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser Val Pro Ala Tyr Leu		
	10 15 20	
gtt ctt gca gac gga cgt acc ttc acc gga ttt ggc ttt gga gct atc	211	
Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe Gly Phe Gly Ala Ile		
	25 30 35	
ggc acc acc ctt ggt gag gca gtg ttc act acc gcc atg acc ggt tac	259	
Gly Thr Thr Leu Gly Glu Ala Val Phe Thr Thr Ala Met Thr Gly Tyr		
	40 45 50	
caa gaa acc atg acc gat cct tcc tat cac cgc cag att gtt gtg gct	307	
Gln Glu Thr Met Thr Asp Pro Ser Tyr His Arg Gln Ile Val Val Ala		
	55 60 65	
acc gca cca cag atc ggc aac acc ggc tgg aac gat gag gac aac gag	355	
Thr Ala Pro Gln Ile Gly Asn Thr Gly Trp Asn Asp Glu Asp Asn Glu		
	70 75 80 85	
tcc cgc gac ggc aag att tgg gtt gca ggc ctt gtt atc cgc gac ctc	403	
Ser Arg Asp Gly Lys Ile Trp Val Ala Gly Leu Val Ile Arg Asp Leu		
	90 95 100	
gca gca cgt gtg tcc aac tgg cgc gcc acc acc tcc ttg cag cag gaa	451	
Ala Ala Arg Val Ser Asn Trp Arg Ala Thr Thr Ser Leu Gln Gln Glu		
	105 110 115	
atg gca ggc cag ggc atc gtc ggc atc ggc gga atc gac acc cgc gca	499	
Met Ala Gly Gln Gly Ile Val Gly Ile Gly Gly Ile Asp Thr Arg Ala		
	120 125 130	
ctg gtt cgc cac ctg cgc aat gaa ggt tcc att gca gcg ggc atc ttc	547	
Leu Val Arg His Leu Arg Asn Glu Gly Ser Ile Ala Ala Gly Ile Phe		
	135 140 145	
tcc ggc gct gac gca cag cgc cca gtt gaa gaa ctc gta gag atc gtc	595	
Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu Leu Val Glu Ile Val		
	150 155 160 165	
aag aat cag cca gca atg acc ggc gca aac ctc tcc gtt gag gtc tct	643	
Lys Asn Gln Pro Ala Met Thr Gly Ala Asn Leu Ser Val Glu Val Ser		
	170 175 180	
gct gat gaa acc tac gtc atc gaa gct gaa ggc gaa gag cgc cac acc	691	
Ala Asp Glu Thr Tyr Val Ile Glu Ala Glu Gly Glu Glu Arg His Thr		
	185 190 195	
gtc gtg gcc tac gac ctg ggc att aag caa aac acc cca cgt cgt ttc	739	
Val Val Ala Tyr Asp Leu Gly Ile Lys Gln Asn Thr Pro Arg Arg Phe		
	200 205 210	
tct gca cgc ggt gtt cgc acc gtc atc gtg cct gct gaa acc cca ttc	787	

Ser Ala Arg Gly Val Arg Thr Val Ile Val Pro Ala Glu Thr Pro Phe

215 220 225
gag gat atc aag cag tac aac cca tca ggc gtg ttc atc tcc aac ggc 835
Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val Phe Ile Ser Asn Gly

230 235 240 245
cct ggc gat cct gca gca gca gac gtc atg gtt gat atc gtc cgc gaa 883
Pro Gly Asp Pro Ala Ala Ala Asp Val Met Val Asp Ile Val Arg Glu

250 255 260
gtt ctt gaa gcc gac att cca ttc ttt ggc atc tgc ttc ggc aac cag 931
Val Leu Glu Ala Asp Ile Pro Phe Phe Gly Ile Cys Phe Gly Asn Gln

265 270 275
att ctt ggc cgc gca ttc ggc atg gag acc tac aag ctg aag ttc ggc 979
Ile Leu Gly Arg Ala Phe Gly Met Glu Thr Tyr Lys Leu Lys Phe Gly

280 285 290
cac cgc ggc atc aac gtt cca gtg aag aac cac atc acc ggc aag atc 1027
His Arg Gly Ile Asn Val Pro Val Lys Asn His Ile Thr Gly Lys Ile

295 300 305
gac atc acc gcc cag aac cac ggc ttc gca ctc aag ggt gaa gca ggc 1075
Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu Lys Gly Glu Ala Gly

310 315 320 325
cag gaa ttc gag acc gat ttc ggc act gca att gtc acc cac acc tgc 1123
Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile Val Thr His Thr Cys

330 335 340
ctc aac gac ggc gtc gtt gaa ggt att gcg ctg aag tcc gga cgc gca 1171
Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu Lys Ser Gly Arg Ala

345 350 355
tac tcc gtt cag tac cac cca gag gcc gct gcc ggc cca aat gat gca 1219
Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala Gly Pro Asn Asp Ala

360 365 370
agc ccc ctg ttt gac cag ttt gtt gag ctg atg gat gca gac gct cag 1267
Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met Asp Ala Asp Ala Gln

375 380 385
aag aaa ggc gca taaataacat gccaaagcgt tca 1302
Lys Lys Gly Ala

390
<210> 356
<211> 393
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 356
Val Ser Lys Asp Thr Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser
1 5 10 15
Val Pro Ala Tyr Leu Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe
20 25 30

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

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

 Ala Ala Gly Ile Phe Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu
 145 150 155 160

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

 Ala Glu Thr Pro Phe Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val
 225 230 235 240

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

 Ile Thr Gly Lys Ile Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu
 305 310 315 320

 Lys Gly Glu Ala Gly Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile
 325 330 335
 Val Thr His Thr Cys Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu
 340 345 350
 Lys Ser Gly Arg Ala Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala
 355 360 365
 Gly Pro Asn Asp Ala Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met
 370 375 380

 Asp Ala Asp Ala Gln Lys Lys Gly Ala

 385 390

<210> 357
 <211> 924
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(901)
 <223> RXS00905
 <400> 357

cgtgccct ctatgctgct cctagttacc cctgcacaaa tagcggtttt tctcacgcat 60
 tctgcatcga gtcgggtcga cgtatataag gtggaaaggc atg acc caa ttc gaa 115
 Met Thr Gln Phe Glu

1 5
 aac gcg caa gta ctt aaa gag aac atc gaa aac caa cgc gag cag atc 163
 Asn Ala Gln Val Leu Lys Glu Asn Ile Glu Asn Gln Arg Glu Gln Ile

10 15 20
 ttt acc cag ttg aaa gaa att gtg tct ttc aac tcc gtg cac agc gat 211
 Phe Thr Gln Leu Lys Glu Ile Val Ser Phe Asn Ser Val His Ser Asp

25 30 35
 cca aac cta ctg gag gac tac gcc ggc gcg aaa gaa tgg gta aaa gaa 259
 Pro Asn Leu Leu Glu Asp Tyr Ala Gly Ala Lys Glu Trp Val Lys Glu

40 45 50
 aca ctg acc aac gca ggt ctc acc gtc agc gaa ttc gct gcc gaa gat 307
 Thr Leu Thr Asn Ala Gly Leu Thr Val Ser Glu Phe Ala Ala Glu Asp

55 60 65
 gga acc acc aac ttc atc ggc acc cgc aag ggc tcc gaa ggt gca cca 355
 Gly Thr Thr Asn Phe Ile Gly Thr Arg Lys Gly Ser Glu Gly Ala Pro

70 75 80 85
 aag gta ctg ctg tac agc cac ttc gac gtt gtc cca tcc ggc cct ttg 403
 Lys Val Leu Leu Tyr Ser His Phe Asp Val Val Pro Ser Gly Pro Leu

90 95 100
 gat ctc tgg gac acc aat cct ttt gaa ctc acc gag cgc gac gct ggc 451
 Asp Leu Trp Asp Thr Asn Pro Phe Glu Leu Thr Glu Arg Asp Ala Gly

105 110 115
 cac ggc acc cgc tgg tac ggc cgc ggc gcc gct gac tgc aag ggc aac 499
 His Gly Thr Arg Trp Tyr Gly Arg Gly Ala Ala Asp Cys Lys Gly Asn

120 125 130
 ctg gtc atg cac ctc gca gca ctg cgc gcc gtc gaa gcc agc ggc gac 547
 Leu Val Met His Leu Ala Ala Leu Arg Ala Val Glu Ala Ser Gly Asp

135 140 145
 acc aca ctc aac ctc acc tac gtg gtc gag ggc tcc gag gaa atg gga 595
 Thr Thr Leu Asn Leu Thr Tyr Val Val Glu Gly Ser Glu Glu Met Gly

150 155 160 165
 ggc gga gcg ctc agc gcg ctc atc aag gac aag cct gag ctt ttc gac 643

Gly Gly Ala Leu Ser Ala Leu Ile Lys Asp Lys Pro Glu Leu Phe Asp

170 175 180
gca gat gtc atc ttg att gca gac agc gga aac gct tcc gtg ggc acc 691
Ala Asp Val Ile Leu Ile Ala Asp Ser Gly Asn Ala Ser Val Gly Thr

185 190 195
cca acc ttg acc act acc ctg cgc ggt ggc gga cag gtc acc gtc acc 739
Pro Thr Leu Thr Thr Thr Leu Arg Gly Gly Gly Gln Val Thr Val Thr

200 205 210
gtg gac acc ctt gaa ggc gct gtt cac tcc ggc cag aac ggt ggc gct 787
Val Asp Thr Leu Glu Gly Ala Val His Ser Gly Gln Asn Gly Gly Ala

215 220 225
gcc cca gat gct gtt gct gct ctc gtg cgc gtt ctg gat act ttg cgc 835
Ala Pro Asp Ala Val Ala Ala Leu Val Arg Val Leu Asp Thr Leu Arg

230 235 240 245
gat gaa cac gga cgc acc gtt atc gac ggc tgt caa cac cac cgc aaa 883
Asp Glu His Gly Arg Thr Val Ile Asp Gly Cys Gln His His Arg Lys

250 255 260
ctg gaa ggg cga gcc tta tgatccagag actttccgca gcg 924
Leu Glu Gly Arg Ala Leu

265
<210> 358
<211> 267
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 358
Met Thr Gln Phe Glu Asn Ala Gln Val Leu Lys Glu Asn Ile Glu Asn
1 5 10 15
Gln Arg Glu Gln Ile Phe Thr Gln Leu Lys Glu Ile Val Ser Phe Asn
20 25 30
Ser Val His Ser Asp Pro Asn Leu Leu Glu Asp Tyr Ala Gly Ala Lys
35 40 45
Glu
Trp Val Lys Glu Thr Leu Thr Asn Ala Gly Leu Thr Val Ser Glu
50 55 60
Phe Ala Ala Glu Asp Gly Thr Thr Asn Phe Ile Gly Thr Arg Lys Gly
65 70 75 80

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

Glu Ala Ser Gly Asp Thr Thr Leu Asn Leu Thr Tyr Val Val Glu Gly
145 150 155 160

Ser Glu Glu Met Gly Gly Gly Ala Leu Ser Ala Leu Ile Lys Asp Lys
165 170 175
Pro Glu Leu Phe Asp Ala Asp Val Ile Leu Ile Ala Asp Ser Gly Asn
180 185 190
Ala Ser Val Gly Thr Pro Thr Leu Thr Thr Thr Leu Arg Gly Gly Gly
195 200 205
Gln Val Thr Val Thr Val Asp Thr Leu Glu Gly Ala Val His Ser Gly
210 215 220
Gln Asn Gly Gly Ala Ala Pro Asp Ala Val Ala Ala Leu Val Arg Val
225 230 235 240
Leu Asp Thr Leu Arg Asp Glu His Gly Arg Thr Val Ile Asp Gly Cys
245 250 255
Gln His His Arg Lys Leu Glu Gly Arg Ala Leu
260 265
<210> 359
<211> 627
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(604)
<223> RXS00906
<400> 359
accgtggaca cccttgaagg cgctgttcac tccggccaga acggtggcgc tgccccagat 60
gctgttgctg ctctcgtgcg cgttctggat actttgcgcg atg aac acg gac gca 115
Met Asn Thr Asp Ala
1 5
ccg tta tcg acg gct gtc aac acc acc gca aac tgg aag ggc gag cct 163
Pro Leu Ser Thr Ala Val Asn Thr Thr Ala Asn Trp Lys Gly Glu Pro
10 15 20
tat gat cca gag act ttc cgc agc gat gcc ggc atc ctc gac ggt gta 211
Tyr Asp Pro Glu Thr Phe Arg Ser Asp Ala Gly Ile Leu Asp Gly Val
25 30 35
gac atc atg ggc gac ggc gac aac cca gca agc atg ctg tgg tcc agg 259
Asp Ile Met Gly Asp Gly Asp Asn Pro Ala Ser Met Leu Trp Ser Arg
40 45 50
cct gca atc tcc atc acc gga ttc act tcc acc cca gtg gca gaa gca 307
Pro Ala Ile Ser Ile Thr Gly Phe Thr Ser Thr Pro Val Ala Glu Ala
55 60 65
ctc aac gca gtg ccc gca acg gcg tcc gcc aag cta aac ctt cgc gtg 355
Leu Asn Ala Val Pro Ala Thr Ala Ser Ala Lys Leu Asn Leu Arg Val
70 75 80 85
cca gca ggc ctg gaa gca aac gat gtg gcc gag aag ctg aag cag cac 403
Pro Ala Gly Leu Glu Ala Asn Asp Val Ala Glu Lys Leu Lys Gln His
90 95 100

ctg atc aat cac aca cct tgg ggc gca aag atc acg gtg gag atc gat 451
Leu Ile Asn His Thr Pro Trp Gly Ala Lys Ile Thr Val Glu Ile Asp

105 110 115
gac att aac caa ccg ttc tcc acc gat att acc ggc cct gca atg tcc 499
Asp Ile Asn Gln Pro Phe Ser Thr Asp Ile Thr Gly Pro Ala Met Ser

120 125 130
acc ctg gcg tcc tgc ctg agc gct gcg tac gag ggc aag gat ctt gtc 547
Thr Leu Ala Ser Cys Leu Ser Ala Ala Tyr Glu Gly Lys Asp Leu Val

135 140 145
acc gaa ggc agc ggc gga tcc att cca ctg tgt acc gaa ctg att gag 595
Thr Glu Gly Ser Gly Gly Ser Ile Pro Leu Cys Thr Glu Leu Ile Glu

150 155 160 165
gtc aac cca taagcagaat tggcactcta cgg 627
Val Asn Pro

<210> 360

<211> 168

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 360

Met Asn Thr Asp Ala Pro Leu Ser Thr Ala Val Asn Thr Thr Ala Asn
1 5 10 15
Trp Lys Gly Glu Pro Tyr Asp Pro Glu Thr Phe Arg Ser Asp Ala Gly
20 25 30
Ile Leu Asp Gly Val Asp Ile Met Gly Asp Gly Asp Asn Pro Ala Ser
35 40 45
Met Leu Trp Ser Arg Pro Ala Ile
Ser Ile Thr Gly Phe Thr Ser Thr
50 55 60
Pro Val Ala Glu Ala Leu Asn Ala Val Pro Ala Thr Ala Ser Ala Lys
65 70 75 80

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

Gly Lys Asp Leu Val Thr Glu Gly Ser Gly Gly Ser Ile Pro Leu Cys
145 150 155 160

Thr Glu Leu Ile Glu Val Asn Pro

165

<210> 361

<211> 246

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(223)
 <223> RXS00907
 <400> 361
 cctgagcgt gctacgagg gcaaggatct tgcaccgaa ggcagcggcg gatccattcc 60
 actgtgtacc gaactgattg aggtcaaccc ataagcagaa ttg gca ctc tac ggt 115
 Leu Ala Leu Tyr Gly

1 5
 gtg gaa gaa ccc ctc acc gtt atc cac tcc gct aat gaa tct gtt gac 163
 Val Glu Glu Pro Leu Thr Val Ile His Ser Ala Asn Glu Ser Val Asp

10 15 20
 ccc aat gag att cgc gat atc gcc acc gca gaa gca ttg ttc ctg ctc 211
 Pro Asn Glu Ile Arg Asp Ile Ala Thr Ala Glu Ala Leu Phe Leu Leu

25 30 35
 aac tac acc aag tagaccctaa agcagcggtt aac 246
 Asn Tyr Thr Lys

40
 <210> 362
 <211> 41
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 362
 Leu Ala Leu Tyr Gly Val Glu Glu Pro Leu Thr Val Ile His Ser Ala
 1 5 10 15
 Asn Glu Ser Val Asp Pro Asn Glu Ile Arg Asp Ile Ala Thr Ala Glu
 20 25 30
 Ala Leu Phe Leu Leu Asn Tyr Thr Lys

35 40
 <210> 363
 <211> 1281
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1258)
 <223> RXS02001
 <400> 363
 gcggtttcgt catggataag gactgtgttc gggaccattg cgatactcgt gtcaaaaggc 60
 gatagtccag catagaccgt gctttatcga aggtgaaccc atg ccc gtt atc aat 115
 Met Pro Val Ile Asn

1 5
 agt atc gcc agt ttt tcc gac gag atg acc cgc tgg cgg cgt cac ctg 163
 Ser Ile Ala Ser Phe Ser Asp Glu Met Thr Arg Trp Arg Arg His Leu

10 15 20
 cat caa aac ccc gaa atc agc ttt gat tgt gtg gaa act gcg gcc ttc 211
 His Gln Asn Pro Glu Ile Ser Phe Asp Cys Val Glu Thr Ala Ala Phe

25 30 35
 gtg gcc gag cag ctg cgc agc ttc ggg gtg gat gaa att cac acc ggc 259

Val Ala Glu Gln Leu Arg Ser Phe Gly Val Asp Glu Ile His Thr Gly

40 45 50
atc gcg aaa acc ggt atc atc gcc ctg att cac ggg cgc gag gct ggc 307
Ile Ala Lys Thr Gly Ile Ile Ala Leu Ile His Gly Arg Glu Ala Gly

55 60 65
ccc gtc gtc ggc ctg cgc gcc gat atg gac gcg ctg ccg ctg acc gag 355
Pro Val Val Gly Leu Arg Ala Asp Met Asp Ala Leu Pro Leu Thr Glu

70 75 80 85
att acc ggc gtc gac tat gcc tcg acc acc ccc gga aaa atg cac gcc 403
Ile Thr Gly Val Asp Tyr Ala Ser Thr Thr Pro Gly Lys Met His Ala

90 95 100
tgc ggc cac gac ggc cac acg acc atg ctg ctg ggc gcc gcc aaa tat 451
Cys Gly His Asp Gly His Thr Thr Met Leu Leu Gly Ala Ala Lys Tyr

105 110 115
ctg gcc gag acg cgc aat ttc gca ggt acc gtc gcg ctg atc ttc cag 499
Leu Ala Glu Thr Arg Asn Phe Ala Gly Thr Val Ala Leu Ile Phe Gln

120 125 130
cct gcg gaa gaa aac ggc ggc ggc gcg ggc gtt atg gtc gat gaa ggc 547
Pro Ala Glu Glu Asn Gly Gly Gly Ala Gly Val Met Val Asp Glu Gly

135 140 145
gtc ctc gac cgc ttt gcc atc gcc gaa gtc tac gcc ctg cac aac cag 595
Val Leu Asp Arg Phe Ala Ile Ala Glu Val Tyr Ala Leu His Asn Gln

150 155 160 165
ccc ggc ctg ccg ctt ggc cat ttt atg acg aca gcc ggc ccg atc atg 643
Pro Gly Leu Pro Leu Gly His Phe Met Thr Thr Ala Gly Pro Ile Met

170 175 180
gcc gct gtc gac acg ttc gac atc aac att acc gga cgc ggc ggc cac 691
Ala Ala Val Asp Thr Phe Asp Ile Asn Ile Thr Gly Arg Gly Gly His

185 190 195
ggt gcc aaa ccg cac caa acc cgc gac ccc atc gtc gca gcc gtc gga 739
Gly Ala Lys Pro His Gln Thr Arg Asp Pro Ile Val Ala Ala Val Gly

200 205 210
att gtc caa gcg ttt caa acg ata gtc agc cgg aat cac aat ccg gtc 787
Ile Val Gln Ala Phe Gln Thr Ile Val Ser Arg Asn His Asn Pro Val

215 220 225
gag gac ctt gtc gtg tcg gtc acg caa atc cac acc ggc agc gcc gat 835
Glu Asp Leu Val Val Ser Val Thr Gln Ile His Thr Gly Ser Ala Asp

230 235 240 245
aat atc atc ccc gaa acc gcc tat atc aac ggc act gtc cgc acc ttc 883
Asn Ile Ile Pro Glu Thr Ala Tyr Ile Asn Gly Thr Val Arg Thr Phe

250 255 260
aac aaa gac gtg cag gcc atg gtc atc acg cgg atg gaa gaa atc gtc 931

Asn Lys Asp Val Gln Ala Met Val Ile Thr Arg Met Glu Glu Ile Val

265 270 275
gcg ggc caa gct gca gcc tat ggg gtc gag gcg acg ctg acc tac aac 979
Ala Gly Gln Ala Ala Ala Tyr Gly Val Glu Ala Thr Leu Thr Tyr Asn

280 285 290
cgc aac tat ccc gcc acc att aac gac gcc gcc aaa gcc gcc atc gct 1027
Arg Asn Tyr Pro Ala Thr Ile Asn Asp Ala Ala Lys Ala Ala Ile Ala

295 300 305
gcc gaa gtc gcg ggc gag gtc ggc ctc ggg gtc aac ccg aac ggc tcg 1075
Ala Glu Val Ala Gly Glu Val Gly Leu Gly Val Asn Pro Asn Gly Ser

310 315 320 325
cgc ggg atg ggg gcc gag gat ttc tcg tat ttc ctc gaa aag cgc ccg 1123
Arg Gly Met Gly Ala Glu Asp Phe Ser Tyr Phe Leu Glu Lys Arg Pro

330 335 340
ggc gcc tac ctg ttc gtc ggt aat ggc gac agc gcg ggc ctt cac aac 1171
Gly Ala Tyr Leu Phe Val Gly Asn Gly Asp Ser Ala Gly Leu His Asn

345 350 355
ccc gcc tat aat ttc aac gac gag gcc gcg ccc tac ggc gca tcg ttc 1219
Pro Ala Tyr Asn Phe Asn Asp Glu Ala Ala Pro Tyr Gly Ala Ser Phe

360 365 370
ttg gcc cgc atg gca gaa cgc ccc ttg ccg tta aag ggc tgatccatgg 1268
Leu Ala Arg Met Ala Glu Arg Pro Leu Pro Leu Lys Gly

375 380 385
cgctcgaaga tgc 1281
<210> 364
<211> 386
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 364
Met Pro Val Ile Asn Ser Ile Ala Ser Phe Ser Asp Glu Met Thr Arg
1 5 10 15
Trp Arg Arg His Leu His Gln Asn Pro Glu Ile Ser Phe Asp Cys Val
20 25 30
Glu Thr Ala Ala Phe Val Ala Glu Gln
Leu Arg Ser Phe Gly Val Asp
35 40 45
Glu Ile His Thr Gly Ile Ala Lys Thr Gly Ile Ile Ala Leu Ile His
50 55 60
Gly Arg Glu Ala Gly Pro Val Val Gly Leu Arg Ala Asp Met Asp Ala
65 70 75 80
Leu Pro Leu Thr Glu Ile Thr Gly Val Asp Tyr Ala Ser Thr Thr Pro
85 90 95
Gly Lys Met His Ala Cys Gly His Asp Gly His Thr Thr Met Leu Leu
100 105 110
Gly Ala Ala Lys Tyr Leu Ala Glu Thr Arg Asn Phe Ala Gly Thr Val
115 120 125
Ala Leu Ile Phe Gln Pro Ala Glu Glu Asn Gly Gly Gly Ala Gly Val

130 135 140
Met Val Asp Glu Gly Val Leu Asp Arg Phe Ala Ile Ala Glu Val Tyr
145 150 155 160

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

Asn His Asn Pro Val Glu Asp Leu Val Val Ser Val Thr Gln Ile His
225 230 235 240

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

Lys Ala Ala Ile Ala Ala Glu Val Ala Gly Glu Val Gly Leu Gly Val
305 310 315 320

Asn Pro Asn Gly Ser Arg Gly Met Gly Ala Glu Asp Phe Ser Tyr Phe
325 330 335
Leu Glu Lys Arg Pro Gly Ala Tyr Leu Phe Val Gly Asn Gly Asp Ser
340 345 350
Ala Gly Leu His Asn Pro Ala Tyr Asn Phe Asn Asp Glu Ala Ala Pro
355 360 365
Tyr Gly Ala Ser Phe Leu Ala Arg Met Ala Glu Arg Pro Leu Pro Leu
370 375 380

Lys Gly

385

<210> 365

<211> 1386

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1363)

<223> RXS02101

<400> 365

gccatggaat gctccgttga acgcaacagc cttaaataca atcccctcct ataagccaag 60
agtttttagtg tcgctgcgca ggtactctac tatctaattcc atg agc cgc att tca 115
Met Ser Arg Ile Ser

gaa ctt cta aac aat cat ggt gtt gat ctg tgg tgg caa gag gcc gca	163
Glu Leu Leu Asn Asn His Gly Val Asp Leu Ser Trp Gln Glu Ala Ala	
10 15 20	
tat cag gat ttc cac gaa cat cct gag ctg tcc ggc ttc gaa tca gag	211
Tyr Gln Asp Phe His Glu His Pro Glu Leu Ser Gly Phe Glu Ser Glu	
25 30 35	
acc gca gat cgc att cag aaa tac ctg gag cgt ttt gat tgt gag gtg	259
Thr Ala Asp Arg Ile Gln Lys Tyr Leu Glu Arg Phe Asp Cys Glu Val	
40 45 50	
att cca aat gtt ggc ggt tac ggc att ctg gcc gtg ttc cga aat ggg	307
Ile Pro Asn Val Gly Gly Tyr Gly Ile Leu Ala Val Phe Arg Asn Gly	
55 60 65	
tcg aca gat cct ggt gcc cct gtt gcg tta atg cgc gca gat ttc gat	355
Ser Thr Asp Pro Gly Ala Pro Val Ala Leu Met Arg Ala Asp Phe Asp	
70 75 80 85	
ggc ctt ccc gtc aag gaa atc acc gga gtt ccg ttt gct tcc act cgt	403
Gly Leu Pro Val Lys Glu Ile Thr Gly Val Pro Phe Ala Ser Thr Arg	
90 95 100	
atg cgt ccg cat gat ggg gca aat gtc cat gtc atg cac gca tgc ggc	451
Met Arg Pro His Asp Gly Ala Asn Val His Val Met His Ala Cys Gly	
105 110 115	
cac gat gtc cac gtc acc gcg ctg ctt ggt gcg tgt gcc att tta gat	499
His Asp Val His Val Thr Ala Leu Leu Gly Ala Cys Ala Ile Leu Asp	
120 125 130	
gag cgt cgc gat gca tgg gaa ggc acg ttc atc gcg ttg ttc cag cca	547
Glu Arg Arg Asp Ala Trp Glu Gly Thr Phe Ile Ala Leu Phe Gln Pro	
135 140 145	
tcg gag gaa aac tcc caa ggc gct aac aag atg gtc gcc ggc ggt tta	595
Ser Glu Glu Asn Ser Gln Gly Ala Asn Lys Met Val Ala Gly Gly Leu	
150 155 160 165	
gtt gat ctg atc cca cgc cct gat gtg tgc ttt ggc cag cat gta gtc	643
Val Asp Leu Ile Pro Arg Pro Asp Val Cys Phe Gly Gln His Val Val	
170 175 180	
ccc ggt gct gca gga acc gtg atg agc atg cct ggc ggt gct ctg gct	691
Pro Gly Ala Ala Gly Thr Val Met Ser Met Pro Gly Gly Ala Leu Ala	
185 190 195	
gcc tgc gat tcc att gaa atc cgc att cag ggt cgc agc gcc cat ggt	739
Ala Cys Asp Ser Ile Glu Ile Arg Ile Gln Gly Arg Ser Ala His Gly	
200 205 210	
tcc atg cct cat aat tcc atc gat ccc act tat gtt gca gcg atg att	787
Ser Met Pro His Asn Ser Ile Asp Pro Thr Tyr Val Ala Ala Met Ile	
215 220 225	

gtc gtg cga ctc caa gga atc gtg ggc cgc gag gtt tct cca gag gat 835
Val Val Arg Leu Gln Gly Ile Val Gly Arg Glu Val Ser Pro Glu Asp

230 235 240 245
ttc gcc gtt att tct gtg ggc acc ctc cag tcg ggc aac acc aac aac 883
Phe Ala Val Ile Ser Val Gly Thr Leu Gln Ser Gly Asn Thr Asn Asn

250 255 260
acc att cca gca agt gct cgt ttg gtg ttg aac tgc cgt ttc tac aac 931
Thr Ile Pro Ala Ser Ala Arg Leu Val Leu Asn Cys Arg Phe Tyr Asn

265 270 275
gac aaa gtc aag cac aag gtc tac cga gcc atc gaa cgt gtt gtc cgt 979
Asp Lys Val Lys His Lys Val Tyr Arg Ala Ile Glu Arg Val Val Arg

280 285 290
ggg gaa tgc ctt gct tcc ggt att gag gaa gaa cct gtc att gag tac 1027
Gly Glu Cys Leu Ala Ser Gly Ile Glu Glu Glu Pro Val Ile Glu Tyr

295 300 305
ttc gcc cac ggt gat ctc acc aac aac acc cct gtt gtc ttc gat act 1075
Phe Ala His Gly Asp Leu Thr Asn Asn Thr Pro Val Val Phe Asp Thr

310 315 320 325
gtg cgc cct gtc ttc gac gat gtt ttc ggc gag gat tct att gac gct 1123
Val Arg Pro Val Phe Asp Asp Val Phe Gly Glu Asp Ser Ile Asp Ala

330 335 340
tac cgg tgg act gcg tcg gag gat ttc ccc tcc att cct aag gca ttc 1171
Tyr Arg Trp Thr Ala Ser Glu Asp Phe Pro Ser Ile Pro Lys Ala Phe

345 350 355
aac agc cct tac ctg tac tgg acg att ggt gtc acg ccg cgc gat cag 1219
Asn Ser Pro Tyr Leu Tyr Trp Thr Ile Gly Val Thr Pro Arg Asp Gln

360 365 370
tgg aca gaa gcc gta gaa aga gac cgc gtg gca tcg gat gtg cca gcc 1267
Trp Thr Glu Ala Val Glu Arg Asp Arg Val Ala Ser Asp Val Pro Ala

375 380 385
aat cac atg gga gat ttc ctc cct gat tat gcg ccg acg atg tcc gct 1315
Asn His Met Gly Asp Phe Leu Pro Asp Tyr Ala Pro Thr Met Ser Ala

390 395 400 405
gcc acc cgc gca gcc gca gcc gcg ctg ctg acc tac ttg gga act aac 1363
Ala Thr Arg Ala Ala Ala Ala Leu Leu Thr Tyr Leu Gly Thr Asn

410 415 420
taatcatcta gttttctgcg acg 1386
<210> 366
<211> 421
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 366
Met Ser Arg Ile Ser Glu Leu Leu Asn Asn His Gly Val Asp Leu Ser
1 5 10 15

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

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

 Ala Leu Phe Gln Pro Ser Glu Glu Asn Ser Gln Gly Ala Asn Lys Met
 145 150 155 160

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

 Val Ala Ala Met Ile Val Val Arg Leu Gln Gly Ile Val Gly Arg Glu
 225 230 235 240

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

 Pro Val Ile Glu Tyr Phe Ala His Gly Asp Leu Thr Asn Asn Thr Pro
 305 310 315 320

 Val Val Phe Asp Thr Val Arg Pro Val Phe Asp Asp Val Phe Gly Glu
 325 330 335
 Asp Ser Ile Asp Ala Tyr Arg Trp Thr Ala Ser Glu Asp Phe Pro Ser
 340 345 350
 Ile Pro Lys Ala Phe Asn Ser Pro Tyr Leu Tyr Trp Thr Ile Gly Val
 355 360 365
 Thr Pro Arg Asp Gln Trp Thr Glu Ala Val Glu Arg Asp Arg Val Ala
 370 375 380

 Ser Asp Val Pro Ala Asn His Met Gly Asp Phe Leu Pro Asp Tyr Ala

385	390	395	400	
Pro Thr Met Ser Ala Ala Thr Arg Ala Ala Ala Ala Ala Leu Leu Thr				
	405	410	415	
Tyr Leu Gly Thr Asn				
	420			
<210>	367			
<211>	3462			
<212>	DNA			
<213>	Corynebacterium glutamicum			
<220>				
<221>	CDS			
<222>	(101)..(3439)			
<223>	RXS02234			
<400>	367			
accagagggc cgctgccggc ccaaatgatg caagcccctt gtttgaccag tttgttgagc	60			
tgatggatgc agacgctcag aagaaaggcg cataaataac atg cca aag cgt tca	115			
	Met Pro Lys Arg Ser			
		1	5	
gat att aac cac gtc ctc gtc atc ggt tcc ggc ccc atc gtc att ggc	163			
Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly Pro Ile Val Ile Gly				
	10	15	20	
cag gca tgt gaa ttc gac tac tcc ggc acc cag gct tgc cgc gtg ctg	211			
Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln Ala Cys Arg Val Leu				
	25	30	35	
aag gaa gag gga ctg cgc gtc acc ctc atc aac tcc aac cca gca acg	259			
Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn Ser Asn Pro Ala Thr				
	40	45	50	
atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac acc tac gtg gag cca atc	307			
Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr Tyr Val Glu Pro Ile				
	55	60	65	
gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct aag gaa atc gag cag ggc	355			
Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala Lys Glu Ile Glu Gln Gly				
	70	75	80	
cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt ggt ggc cag act gca ctt	403			
His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu Gly Gly Gln Thr Ala Leu				
	90	95	100	
aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctc ggc atc ctg gaa aag tac ggc	451			
Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly Ile Leu Glu Lys Tyr Gly				
	105	110	115	
gtt gaa ctc atc ggt gca gac atc gat gcc att gag cgc ggc gaa gat	499			
Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala Ile Glu Arg Gly Glu Asp				
	120	125	130	
cgc cag aag ttc aag gat att gtc acc acc atc ggt ggc gaa tcc gcg	547			

Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr Ile Gly Gly Glu Ser Ala

135 140 145
cgt tcc cgc gtc tgc cac aac atg gaa gaa gtc cac gag act gtc gca 595
Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val His Glu Thr Val Ala

150 155 160 165
gaa ctc ggc ctt cca gta gtc gtg cgt cca tcc ttc act atg ggt ggc 643
Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro Ser Phe Thr Met Gly Gly

170 175 180
ctg ggc tcc ggt ctt gca tac aac acc gaa gac ctt gag cgc atc gct 691
Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu Asp Leu Glu Arg Ile Ala

185 190 195
ggt ggc gga ctt gct gca tct cct gaa gca aac gtc ttg atc gaa gaa 739
Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala Asn Val Leu Ile Glu Glu

200 205 210
tcc atc ctt ggt tgg aag gaa ttc gag ctc gag ctc atg cgc gat acc 787
Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu Glu Leu Met Arg Asp Thr

215 220 225
gca gac aac gtt gtg gtt atc tgc tcc att gaa aac gtc gac gca ctg 835
Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu Asn Val Asp Ala Leu

230 235 240 245
ggc gtg cac acc ggc gac tct gtc acc gtg gca cct gcc ctg acc ctg 883
Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val Ala Pro Ala Leu Thr Leu

250 255 260
act gac cgt gaa ttc cag aag atg cgc gat cag ggt atc gcc atc atc 931
Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp Gln Gly Ile Ala Ile Ile

265 270 275
cgc gag gtc ggc gtg gac acc ggt gga tgt aac atc cag ttc gcc atc 979
Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys Asn Ile Gln Phe Ala Ile

280 285 290
aac cca gtt gat ggc cgc atc atc acc att gag atg aac cca cgt gtg 1027
Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile Glu Met Asn Pro Arg Val

295 300 305
tct cgt tcc tcc gct ctg gca tcc aag gca acg ggc ttc cca att gcc 1075
Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr Gly Phe Pro Ile Ala

310 315 320 325
aag atg gct gcc aag ctg gct atc gga tac acc ctg gat gag atc acc 1123
Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr Leu Asp Glu Ile Thr

330 335 340
aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg ttt gag ccc acc atc gac 1171
Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe Glu Pro Thr Ile Asp

345 350 355
tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct ttc gag aag ttt gtc ggc 1219

Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe Glu Lys Phe Val Gly

360 365 370
gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag tcc gtc ggt gag gtc atg 1267
Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser Val Gly Glu Val Met

375 380 385
tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg aac aag gca ctg cgt tcc 1315
Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn Lys Ala Leu Arg Ser

390 395 400 405
ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc aag cct gat gag ttc ttc 1363
Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys Pro Asp Glu Phe Phe

410 415 420
gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct gtt ctg gaa gat ctc aag 1411
Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val Leu Glu Asp Leu Lys

425 430 435
cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt gag ctg gca atg cgc ctt 1459
Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu Leu Ala Met Arg Leu

440 445 450
ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca tct tct att gat cct tgg 1507
Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser Ser Ile Asp Pro Trp

455 460 465
ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag ttc cgc cag aag ctc gtt 1555
Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe Arg Gln Lys Leu Val

470 475 480 485
gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg cgc gaa gca aag ttc atg 1603
Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu Arg Glu Ala Lys Phe Met

490 495 500
ggt ctg tcc gac ctg cag atc gca gcc ctt cgc cca gag ttc gct ggc 1651
Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu Arg Pro Glu Phe Ala Gly

505 510 515
gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc cta ggc atc cgc cca gta 1699
Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser Leu Gly Ile Arg Pro Val

520 525 530
ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag ttt gaa gct aag act ccg 1747
Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu Phe Glu Ala Lys Thr Pro

535 540 545
tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca gca gct gag tct gag gtc 1795
Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala Ala Glu Ser Glu Val

550 555 560 565
gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg atc ttg ggc tcc ggt cca 1843
Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile Leu Gly Ser Gly Pro

570 575 580
aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac tac tcc tgt gtt cac gca 1891

Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr Ser Cys Val His Ala

585 590 595
gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa act gtc atg gtc aac tgc 1939
Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr Val Met Val Asn Cys

600 605 610
aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac acc gct gac cgc ctg tac 1987
Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr Ala Asp Arg Leu Tyr

615 620 625
ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg gag gtc tac cac gct gag 2035
Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu Val Tyr His Ala Glu

630 635 640 645
gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc gtc cag ctt ggt ggc cag 2083
Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val Gln Leu Gly Gly Gln

650 655 660
act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag aag gct ggc gtc cct gtc 2131
Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys Lys Ala Gly Val Pro Val

665 670 675
att ggt acc tcc cca gag gca atc gac atg gct gag gac cgt ggc gag 2179
Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met Ala Glu Asp Arg Gly Glu

680 685 690
ttc ggt gca ctg ctg aac cgc gag cag ctt cct gct cca gca ttc ggc 2227
Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu Pro Ala Pro Ala Phe Gly

695 700 705
acc gca acc tct ttc gaa gag gct cgc aca gta gcc gat gag atc agc 2275
Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr Val Ala Asp Glu Ile Ser

710 715 720 725
tac cca gtg ctg gtt cgc cct tcc tac gtc ttg ggt ggc cgt ggc atg 2323
Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val Leu Gly Gly Arg Gly Met

730 735 740
gag att gtc tac gat gag gct tcc ctc gag gat tac atc aac cgc gca 2371
Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu Asp Tyr Ile Asn Arg Ala

745 750 755
act gag ttg tct tct gac cac cca gtg ctg gtt gac cgc ttc cta gac 2419
Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu Val Asp Arg Phe Leu Asp

760 765 770
aac gct att gag atc gac gtc gac gca ctg tgc gac ggc gag gtc 2467
Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu Cys Asp Gly Asp Glu Val

775 780 785
tac ctg gca ggc gtc atg gag cac atc gag gaa gcc ggc att cac tcc 2515
Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu Glu Ala Gly Ile His Ser

790 795 800 805

ggt gac tcc gca tgt gca ctt cct cca atg act ttg ggc gca cag gac 2563
 Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met Thr Leu Gly Ala Gln Asp

810 815 820
 atc gag aag gtc cgc gaa gca acc aag aag ctg gct ctg ggc atc ggt 2611
 Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu Ala Leu Gly Ile Gly

825 830 835
 gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca ctc aag gac gac atc ctc 2659
 Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu Lys Asp Asp Ile Leu

840 845 850
 tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc cgc acc gtg cgc ttc gtc 2707
 Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg Thr Val Pro Phe Val

855 860 865
 tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag gca gca tcc cgt atc gca 2755
 Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala Ala Ser Arg Ile Ala

870 875 880 885
 gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat gag ggc atg att cct acc 2803
 Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu Gly Met Ile Pro Thr

890 895 900
 gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac gct cca atc gct gtg aag 2851
 Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala Pro Ile Ala Val Lys

905 910 915
 gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt cgc cca gat gga aag acc 2899
 Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg Pro Asp Gly Lys Thr

920 925 930
 ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag tcc act ggc gag gtc atg 2947
 Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser Thr Gly Glu Val Met

935 940 945
 ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat gca aag gct gaa gct ggc 2995
 Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala Lys Ala Glu Ala Gly

950 955 960 965
 gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc gtc ttc gtg acc gtg gct 3043
 Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val Phe Val Thr Val Ala

970 975 980
 aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca atc cag cgc ctg gcg ttg 3091
 Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro Ile Gln Arg Leu Ala Leu

985 990 995
 atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc acc gca ggc atg ctg cgc 3139
 Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr Ala Gly Met Leu Arg

1000 1005 1010
 cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc aag gct tcc gac atc cgc 3187
 Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys Ala Ser Asp Ile Arg

1015 1020 1025

gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat cgt atc cgc gaa ggc gaa 3235
Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg Ile Arg Glu Gly Glu

1030 1035 1040 1045
gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt tct gct ggc gct cgc cac 3283
Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser Ala Gly Ala Arg His

1050 1055 1060
gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg acc gtg ggt gtt ccg ctg 3331
Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val Thr Val Gly Val Pro Leu

1065 1070 1075
atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct gtc cag ggc ata gag gcc 3379
Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val Gln Gly Ile Glu Ala

1080 1085 1090
ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg ctg cag gaa ctc gac cac 3427
Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu Gln Glu Leu Asp His

1095 1100 1105 3462
gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc gag
Ala Val Lys Ala

1110
<210> 368
<211> 1113
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 368
Met Pro Lys Arg Ser Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly
1 5 10 15
Pro Ile Val Ile Gly Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln
20 25 30
Ala Cys Arg Val Leu Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn
35 40 45
Ser Asn Pro
Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr
50 55 60
Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala Lys
65 70 75 80

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

Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val
145 150 155 160

His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro Ser
165 170 175
Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu Asp

180 185 190
 Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala Asn
 195 200 205
 Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu Glu
 210 215 220

 Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu
 225 230 235 240

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

 Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr
 305 310 315 320

 Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr
 325 330 335
 Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe
 340 345 350
 Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe
 355 360 365
 Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser
 370 375 380

 Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn
 385 390 395 400

 Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys
 405 410 415
 Pro Asp Glu Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val
 420 425 430
 Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu
 435 440 445
 Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser
 450 455 460

 Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe
 465 470 475 480

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

 Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala

545 550 555 560
 Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile
 565 570 575
 Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr
 580 585 590
 Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr
 595 600 605
 Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr
 610 615 620

 Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu
 625 630 635 640

 Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val
 645 650 655
 Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys Lys
 660 665 670
 Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met Ala
 675 680 685
 Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu Pro
 690 695 700

 Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr Val
 705 710 715 720

 Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val Leu
 725 730 735
 Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu Asp
 740 745 750
 Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu Val
 755 760 765
 Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu Cys
 770 775 780

 Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu Glu
 785 790 795 800

 Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met Thr
 805 810 815
 Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu
 820 825 830
 Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu
 835 840 845
 Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg
 850 855 860

 Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala
 865 870 875 880

 Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu
 885 890 895
 Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala
 900 905 910
 Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg
 915 920 925

Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser
930 935 940

Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala
945 950 955 960

Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val
965 970 975

Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro Ile
980 985 990

Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr
995 1000 1005

Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys
1010 1015 1020

Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg
1025 1030 1035 1040

Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser
1045 1050 1055

Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Val Thr
1060 1065 1070

Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val
1075 1080 1085

Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu
1090 1095

1100

Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala

1105 1110

<210> 369

<211> 3221

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(3198)

<223> FRXA02234

<400> 369

ggc tcc aac cca gca acg atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac 48
Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His

1 5 10 15

acc tac gtg gag cca atc gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct 96
Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala

20 25 30

aag gaa atc gag cag ggc cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt 144
Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu

35 40 45

ggt ggc cag act gca ctt aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctc ggc 192
Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly

50 55 60

atc	ctg	gaa	aag	tac	ggc	gtt	gaa	ctc	atc	ggg	gca	gac	atc	gat	gcc	240
Ile	Leu	Glu	Lys	Tyr	Gly	Val	Glu	Leu	Ile	Gly	Ala	Asp	Ile	Asp	Ala	
65				70				75				80				
att	gag	cgc	ggc	gaa	gat	cgc	cag	aag	ttc	aag	gat	att	gtc	acc	acc	288
Ile	Glu	Arg	Gly	Glu	Asp	Arg	Gln	Lys	Phe	Lys	Asp	Ile	Val	Thr	Thr	
85				90				95								
atc	ggg	ggc	gaa	tcc	gcg	cgt	tcc	cgc	gtc	tgc	cac	aac	atg	gaa	gaa	336
Ile	Gly	Gly	Glu	Ser	Ala	Arg	Ser	Arg	Val	Cys	His	Asn	Met	Glu	Glu	
100				105				110								
gtc	cac	gag	act	gtc	gca	gaa	ctc	ggc	ctt	cca	gta	gtc	gtg	cgt	cca	384
Val	His	Glu	Thr	Val	Ala	Glu	Leu	Gly	Leu	Pro	Val	Val	Val	Arg	Pro	
115				120				125								
tcc	ttc	act	atg	ggg	ggc	ctg	ggc	tcc	ggg	ctt	gca	tac	aac	acc	gaa	432
Ser	Phe	Thr	Met	Gly	Gly	Leu	Gly	Ser	Gly	Leu	Ala	Tyr	Asn	Thr	Glu	
130				135				140								
gac	ctt	gag	cgc	atc	gct	ggg	ggc	gga	ctt	gct	gca	tct	cct	gaa	gca	480
Asp	Leu	Glu	Arg	Ile	Ala	Gly	Gly	Gly	Leu	Ala	Ala	Ser	Pro	Glu	Ala	
145				150				155				160				
aac	gtc	ttg	atc	gaa	gaa	tcc	atc	ctt	ggg	tgg	aag	gaa	ttc	gag	ctc	528
Asn	Val	Leu	Ile	Glu	Glu	Ser	Ile	Leu	Gly	Trp	Lys	Glu	Phe	Glu	Leu	
165				170				175								
gag	ctc	atg	cgc	gat	acc	gca	gac	aac	gtt	gtg	gtt	atc	tgc	tcc	att	576
Glu	Leu	Met	Arg	Asp	Thr	Ala	Asp	Asn	Val	Val	Val	Ile	Cys	Ser	Ile	
180				185				190								
gaa	aac	gtc	gac	gca	ctg	ggc	gtg	cac	acc	ggc	gac	tct	gtc	acc	gtg	624
Glu	Asn	Val	Asp	Ala	Leu	Gly	Val	His	Thr	Gly	Asp	Ser	Val	Thr	Val	
195				200				205								
gca	cct	gcc	ctg	acc	ctg	act	gac	cgt	gaa	ttc	cag	aag	atg	cgc	gat	672
Ala	Pro	Ala	Leu	Thr	Leu	Thr	Asp	Arg	Glu	Phe	Gln	Lys	Met	Arg	Asp	
210				215				220								
cag	ggg	atc	gcc	atc	atc	cgc	gag	gtc	ggc	gtg	gac	acc	ggg	gga	tgt	720
Gln	Gly	Ile	Ala	Ile	Ile	Arg	Glu	Val	Gly	Val	Asp	Thr	Gly	Gly	Cys	
225				230				235				240				
aac	atc	cag	ttc	gcc	atc	aac	cca	gtt	gat	ggc	cgc	atc	atc	acc	att	768
Asn	Ile	Gln	Phe	Ala	Ile	Asn	Pro	Val	Asp	Gly	Arg	Ile	Ile	Thr	Ile	
245				250				255								
gag	atg	aac	cca	cgt	gtg	tct	cgt	tcc	tcc	gct	ctg	gca	tcc	aag	gca	816
Glu	Met	Asn	Pro	Arg	Val	Ser	Arg	Ser	Ser	Ala	Leu	Ala	Ser	Lys	Ala	
260				265				270								
acg	ggc	ttc	cca	att	gcc	aag	atg	gct	gcc	aag	ctg	gct	atc	gga	tac	864
Thr	Gly	Phe	Pro	Ile	Ala	Lys	Met	Ala	Ala	Lys	Leu	Ala	Ile	Gly	Tyr	
275				280				285								

acc ctg gat gag atc acc aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg 912
Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala

290 295 300
ttt gag ccc acc atc gac tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct 960
Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala

305 310 315 320
ttc gag aag ttt gtc ggc gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag 1008
Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys

325 330 335
tcc gtc ggt gag gtc atg tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg 1056
Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu

340 345 350
aac aag gca ctg cgt tcc ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc 1104
Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr

355 360 365
aag cct gat gag ttc ttc gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct 1152
Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala

370 375 380
gtt ctg gaa gat ctc aag cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt 1200
Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val

385 390 395 400
gag ctg gca atg cgc ctt ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca 1248
Glu Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala

405 410 415
tct tct att gat cct tgg ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag 1296
Ser Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln

420 425 430
ttc cgc cag aag ctc gtt gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg 1344
Phe Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu

435 440 445
cgc gaa gca aag ttc atg ggt ctg tcc gac ctg cag atc gca gcc ctt 1392
Arg Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu

450 455 460
cgc cca gag ttc gct ggc gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc 1440
Arg Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser

465 470 475 480
cta ggc atc cgc cca gta ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag 1488
Leu Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu

485 490 495
ttt gaa gct aag act ccg tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca 1536
Phe Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro

500 505 510

gca gct gag tct gag gtc gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg 1584
Ala Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu

515 520 525
atc ttg ggc tcc ggt cca aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac 1632
Ile Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp

530 535 540
tac tcc tgt gtt cac gca gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa 1680
Tyr Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu

545 550 555 560
act gtc atg gtc aac tgc aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac 1728
Thr Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp

565 570 575
acc gct gac cgc ctg tac ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg 1776
Thr Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met

580 585 590
gag gtc tac cac gct gag gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc 1824
Glu Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile

595 600 605
gtc cag ctt ggt ggc cag act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag 1872
Val Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys

610 615 620
aag gct ggc gtc cct gtc att ggt acc tcc cca gag gca atc gac atg 1920
Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met

625 630 635 640
gct gag gac cgt ggc gag ttc ggt gca ctg ctg aac cgc gag cag ctt 1968
Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu

645 650 655
cct gct cca gca ttc ggc acc gca acc tct ttc gaa gag gct cgc aca 2016
Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr

660 665 670
gta gcc gat gag atc agc tac cca gtg ctg gtt cgc cct tcc tac gtc 2064
Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val

675 680 685
ttg ggt ggc cgt ggc atg gag att gtc tac gat gag gct tcc ctc gag 2112
Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu

690 695 700
gat tac atc aac cgc gca act gag ttg tct tct gac cac cca gtg ctg 2160
Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu

705 710 715 720
gtt gac cgc ttc cta gac aac gct att gag atc gac gtc gac gca ctg 2208
Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu

725 730 735

tgc gac ggc gac gag gtc tac ctg gca ggc gtc atg gag cac atc gag	2256
Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu	
740 745 750	
gaa gcc ggc att cac tcc ggt gac tcc gca tgt gca ctt cct cca atg	2304
Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met	
755 760 765	
act ttg ggc gca cag gac atc gag aag gtc cgc gaa gca acc aag aag	2352
Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys	
770 775 780	
ctg gct ctg ggc atc ggt gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca	2400
Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala	
785 790 795 800	
ctc aag gac gac atc ctc tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc	2448
Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser	
805 810 815	
cgc acc gtg ccg ttc gtc tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag	2496
Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys	
820 825 830	
gca gca tcc cgt atc gca gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat	2544
Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp	
835 840 845	
gag ggc atg att cct acc gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac	2592
Glu Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp	
850 855 860	
gct cca atc gct gtg aag gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt	2640
Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg	
865 870 875 880	
cgc cca gat gga aag acc ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag	2688
Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys	
885 890 895	
tcc act ggc gag gtc atg ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat	2736
Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr	
900 905 910	
gca aag gct gaa gct ggc gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc	2784
Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr	
915 920 925	
gtc ttc gtg acc gtg gct aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca	2832
Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro	
930 935 940	
atc cag cgc ctg gcg ttg atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc	2880
Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly	

945 950 955 960
 acc gca ggc atg ctg cgc cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc 2928
 Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu

 965 970 975
 aag gct tcc gac atc cgc gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat 2976
 Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp

 980 985 990
 cgt atc cgc gaa ggc gaa gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt 3024
 Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly

 995 1000 1005
 tct gct ggc gct cgc cac gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg 3072
 Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val

 1010 1015 1020
 acc gtg ggt gtt ccg ctg atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct 3120
 Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala

 1025 1030 1035 1040
 gtc cag ggc ata gag gcc ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg 3168
 Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala

 1045 1050 1055
 ctg cag gaa ctc gac cac gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc 3218
 Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala

 1060 1065
 gag 3221
 <210> 370
 <211> 1066
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 370
 Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His
 1 5 10 15
 Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala
 20 25 30
 Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala
 Val Leu Ala Thr Leu
 35 40 45
 Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly
 50 55 60
 Ile Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala
 65 70 75 80

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

 Asp Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala

145	150	155	160
Asn Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu			
	165	170	175
Glu Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile			
	180	185	190
Glu Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val			
	195	200	205
Ala Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp			
	210	215	220
Gln Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys			
225	230	235	240
Asn Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile			
	245	250	255
Glu Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala			
	260	265	270
Thr Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr			
	275	280	285
Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala			
	290	295	300
Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala			
305	310	315	320
Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys			
	325	330	335
Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu			
	340	345	350
Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr			
	355	360	365
Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala			
	370	375	380
Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val			
385	390	395	400
Glu Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala			
	405	410	415
Ser Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln			
	420	425	430
Phe Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu			
	435	440	445
Arg Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu			
	450	455	460
Arg Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser			
465	470	475	480
Leu Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu			
	485	490	495
Phe Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro			
	500	505	510
Ala Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu			
	515	520	525

Ile Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp
530 535 540

Tyr Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu
545 550 555 560

Thr Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp
565 570 575

Thr Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met
580 585 590

Glu Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile
595 600 605

Val Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys
610 615 620

Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met
625 630 635 640

Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu
645 650 655

Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr
660 665 670

Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val
675 680 685

Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu
690 695 700

Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu
705 710 715 720

Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu
725 730 735

Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu
740 745 750

Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met
755 760 765

Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys
770 775 780

Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala
785 790 795 800

Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser
805 810 815

Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys
820 825 830

Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp
835 840 845

Glu Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp
850 855 860

Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg
865 870 875 880

Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys
885 890 895

Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr
900 905 910
Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr
915 920 925
Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro
930 935 940
Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly
945 950 955 960
Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu
965 970 975
Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp
980 985 990
Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly
995 1000 1005
Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val
1010 1015 1020
Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala
1025 1030 1035 1040
Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala
1045 1050 1055
Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala
1060 1065
<210> 371
<211> 1389
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1366)
<223> RXS02565
<400> 371
ggaaattcga tacagtgcga tgacgcgata ttagaaagaa aaagatgcgc tttagcagca 60
aacccctcacc ctcttcagg aacttatccg caacgcctgc gtg aat gat cta acc 115
Val Asn Asp Leu Thr
1 5
cca gat tca ggt cag gaa att aga aac gcg gaa agc cta gaa cgt ttc 163
Pro Asp Ser Gly Gln Glu Ile Arg Asn Ala Glu Ser Leu Glu Arg Phe
10 15 20
ttt gaa gga acc ccc aac gtt aaa atc acc aag ctg gaa ccg cat ccg 211
Phe Glu Gly Thr Pro Asn Val Lys Ile Thr Lys Leu Glu Pro His Pro
25 30 35
ggc cgg acc tca att atc gtg act gtt cca ggc agc gat cca gat gct 259
Gly Arg Thr Ser Ile Ile Val Thr Val Pro Gly Ser Asp Pro Asp Ala
40 45 50
gag cct tta aca ctg ctt gga cat act gat gtt gtg cct gtt gat ctg 307

Glu Pro Leu Thr Leu Leu Gly His Thr Asp Val Val Pro Val Asp Leu

55 60 65 355
cct aaa tgg act aaa gat cca ttc ggt gcg gag att tcg gat gga cag
Pro Lys Trp Thr Lys Asp Pro Phe Gly Ala Glu Ile Ser Asp Gly Gln

70 75 80 85 403
att tgg ggt aga ggg tcc gtc gat atg ctc ttt att acc gca acc caa
Ile Trp Gly Arg Gly Ser Val Asp Met Leu Phe Ile Thr Ala Thr Gln

90 95 100 451
gcg gcc gtc acc cgt caa gta gcc cgt gaa ggc ggc ctg cgt ggc acg
Ala Ala Val Thr Arg Gln Val Ala Arg Glu Gly Gly Leu Arg Gly Thr

105 110 115 499
ctg aca ttc gtt ggc gtt gct gat gag gaa gcc cgc ggc gga ctc gga
Leu Thr Phe Val Gly Val Ala Asp Glu Glu Ala Arg Gly Gly Leu Gly

120 125 130 547
gcg aag tgg ctt tcc gaa gaa cac caa aac ctc ttc agc tgg aaa aac
Ala Lys Trp Leu Ser Glu Glu His Gln Asn Leu Phe Ser Trp Lys Asn

135 140 145 595
tgc ctc tcc gaa tcc ggt gga tcg cac ctt cca gtc cac gac ggc agc
Cys Leu Ser Glu Ser Gly Gly Ser His Leu Pro Val His Asp Gly Ser

150 155 160 165 643
gac gca gta gta att aac gtt gga gaa aaa ggt gca gct caa cgt cgt
Asp Ala Val Val Ile Asn Val Gly Glu Lys Gly Ala Ala Gln Arg Arg

170 175 180 691
att cac gtc aat ggc gat gct ggt cat ggt tcc att cct ttc gac cgt
Ile His Val Asn Gly Asp Ala Gly His Gly Ser Ile Pro Phe Asp Arg

185 190 195 739
gac agc gct att gtc aag atc ggt gaa gtc gcc cgc cga atc gct gcc
Asp Ser Ala Ile Val Lys Ile Gly Glu Val Ala Arg Arg Ile Ala Ala

200 205 210 787
gcc gat ctg aag gta gcc aag gac gat atc tgg caa ggc ttc gtc caa
Ala Asp Leu Lys Val Ala Lys Asp Asp Ile Trp Gln Gly Phe Val Gln

215 220 225 835
gcg cac cgt ttc gac cca gaa acg gag cag gcg ctt ctt agc ggg acc
Ala His Arg Phe Asp Pro Glu Thr Glu Gln Ala Leu Leu Ser Gly Thr

230 235 240 245 883
tcc cct gag gcc tac gca gag ttc ggc gga ctc tcc cgc ttc gcc cac
Ser Pro Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Gly Gly Leu Ser Arg Phe Ala His

250 255 260 931
gcg gtg tct cat ctc acg atc gcc caa act gtg gtt cgt gca ggt caa
Ala Val Ser His Leu Thr Ile Ala Gln Thr Val Val Arg Ala Gly Gln

265 270 275 979
gcc atc aat gta ttg cca tcg cat gcg tac ttg gaa ctg gat atc cgt

Ala Ile Asn Val Leu Pro Ser His Ala Tyr Leu Glu Leu Asp Ile Arg

280 285 290
acc ctt cca ggc caa acc aat gac tat gtt gat gac acc ctg cgt gct 1027
Thr Leu Pro Gly Gln Thr Asn Asp Tyr Val Asp Asp Thr Leu Arg Ala

295 300 305
gct ctg ggc gat ctt gcc gat gaa gta gaa atc gaa cac ctc atc tct 1075
Ala Leu Gly Asp Leu Ala Asp Glu Val Glu Ile Glu His Leu Ile Ser

310 315 320 325
gaa gaa gca acg gtg agc cca act gat tcc agg ttg tat aac acc ttg 1123
Glu Glu Ala Thr Val Ser Pro Thr Asp Ser Arg Leu Tyr Asn Thr Leu

330 335 340
gaa aaa gtt ctt ggt gat ttc ttc ccc gat gcg cct gtg gtc cca att 1171
Glu Lys Val Leu Gly Asp Phe Phe Pro Asp Ala Pro Val Val Pro Ile

345 350 355
att tcc tct ggt ggc tct gac ctg cgc ttt ggt cgt cga cta ggc ggt 1219
Ile Ser Ser Gly Gly Ser Asp Leu Arg Phe Gly Arg Arg Leu Gly Gly

360 365 370
gtt ggt tat ggt ttt gca gtt cat gca cgt gaa cga act ttg gcg gaa 1267
Val Gly Tyr Gly Phe Ala Val His Ala Arg Glu Arg Thr Leu Ala Glu

375 380 385
gca atg ggg caa ctt cac tcc cat gac gag gcg ctg tac ctg gaa gat 1315
Ala Met Gly Gln Leu His Ser His Asp Glu Ala Leu Tyr Leu Glu Asp

390 395 400 405
ctt gaa ctg act gtt cgg ggt tat gac tcc gtc gtg cgt gaa ttc cta 1363
Leu Glu Leu Thr Val Arg Gly Tyr Asp Ser Val Val Arg Glu Phe Leu

410 415 420
ggc taaaaacatg aagcaggagt ctt 1389
Gly

<210> 372
<211> 422
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 372
Val Asn Asp Leu Thr Pro Asp Ser Gly Gln Glu Ile Arg Asn Ala Glu
1 5 10 15
Ser Leu Glu Arg Phe Phe Glu Gly Thr Pro Asn Val Lys Ile Thr Lys
20 25 30
Leu Glu Pro His Pro Gly Arg Thr Ser Ile Ile Val Thr Val Pro Gly
35 40 45
Ser Asp Pro Asp Ala Glu Pro Leu
Thr Leu Leu Gly His Thr Asp Val
50 55 60
Val Pro Val Asp Leu Pro Lys Trp Thr Lys Asp Pro Phe Gly Ala Glu
65 70 75 80
Ile Ser Asp Gly Gln Ile Trp Gly Arg Gly Ser Val Asp Met Leu Phe

				85						90						95					
Ile	Thr	Ala	Thr	Gln	Ala	Ala	Val	Thr	Arg	Gln	Val	Ala	Arg	Glu	Gly						
			100						105					110							
Gly	Leu	Arg	Gly	Thr	Leu	Thr	Phe	Val	Gly	Val	Ala	Asp	Glu	Glu	Ala						
			115				120					125									
Arg	Gly	Gly	Leu	Gly	Ala	Lys	Trp	Leu	Ser	Glu	Glu	His	Gln	Asn	Leu						
			130				135					140									
Phe	Ser	Trp	Lys	Asn	Cys	Leu	Ser	Glu	Ser	Gly	Gly	Ser	His	Leu	Pro						
145					150					155					160						
Val	His	Asp	Gly	Ser	Asp	Ala	Val	Val	Ile	Asn	Val	Gly	Glu	Lys	Gly						
				165					170					175							
Ala	Ala	Gln	Arg	Arg	Ile	His	Val	Asn	Gly	Asp	Ala	Gly	His	Gly	Ser						
			180					185					190								
Ile	Pro	Phe	Asp	Arg	Asp	Ser	Ala	Ile	Val	Lys	Ile	Gly	Glu	Val	Ala						
			195				200					205									
Arg	Arg	Ile	Ala	Ala	Ala	Asp	Leu	Lys	Val	Ala	Lys	Asp	Asp	Ile	Trp						
			210				215					220									
Gln	Gly	Phe	Val	Gln	Ala	His	Arg	Phe	Asp	Pro	Glu	Thr	Glu	Gln	Ala						
225					230					235					240						
Leu	Leu	Ser	Gly	Thr	Ser	Pro	Glu	Ala	Tyr	Ala	Glu	Phe	Gly	Gly	Leu						
				245					250					255							
Ser	Arg	Phe	Ala	His	Ala	Val	Ser	His	Leu	Thr	Ile	Ala	Gln	Thr	Val						
			260					265					270								
Val	Arg	Ala	Gly	Gln	Ala	Ile	Asn	Val	Leu	Pro	Ser	His	Ala	Tyr	Leu						
			275				280					285									
Glu	Leu	Asp	Ile	Arg	Thr	Leu	Pro	Gly	Gln	Thr	Asn	Asp	Tyr	Val	Asp						
			290				295				300										
Asp	Thr	Leu	Arg	Ala	Ala	Leu	Gly	Asp	Leu	Ala	Asp	Glu	Val	Glu	Ile						
305				310						315					320						
Glu	His	Leu	Ile	Ser	Glu	Glu	Ala	Thr	Val	Ser	Pro	Thr	Asp	Ser	Arg						
				325					330					335							
Leu	Tyr	Asn	Thr	Leu	Glu	Lys	Val	Leu	Gly	Asp	Phe	Phe	Pro	Asp	Ala						
			340					345					350								
Pro	Val	Val	Pro	Ile	Ile	Ser	Ser	Gly	Gly	Ser	Asp	Leu	Arg	Phe	Gly						
			355				360					365									
Arg	Arg	Leu	Gly	Gly	Val	Gly	Tyr	Gly	Phe	Ala	Val	His	Ala	Arg	Glu						
			370				375				380										
Arg	Thr	Leu	Ala	Glu	Ala	Met	Gly	Gln	Leu	His	Ser	His	Asp	Glu	Ala						
385				390						395					400						
Leu	Tyr	Leu	Glu	Asp	Leu	Glu	Leu	Thr	Val	Arg	Gly	Tyr	Asp	Ser	Val						
				405					410					415							
Val																					

420

<210> 373
<211> 525
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(502)

<223> RXS02937

<400> 373

gctaccgcga agaactgtac tagttcttcc atcagcaccc gcagttgtct ttgcaagagt 60
tcgaaacatc caacgcattg gtgacaccgg tgtgtcgcg gtg atc agc aat ggg 115
Val Ile Ser Asn Gly

1 5
gaa ggt ccg gtt gtt gcg ctt cgt ggc gac att gat gcg ttg ccc atg 163
Glu Gly Pro Val Val Ala Leu Arg Gly Asp Ile Asp Ala Leu Pro Met

10 15 20
gcg gag cga tcc ggc aaa gaa tac gca gca acc gga gtg aca cag gtg 211
Ala Glu Arg Ser Gly Lys Glu Tyr Ala Ala Thr Gly Val Thr Gln Val

25 30 35
gat aac acc acc ggt caa gaa act ccg gtg gcg cat acc tgt ggc cac 259
Asp Asn Thr Thr Gly Gln Glu Thr Pro Val Ala His Thr Cys Gly His

40 45 50
gat gtg cat att tca tca ctg ttg ggt gcg gtg cag gcg ttc aat tct 307
Asp Val His Ile Ser Ser Leu Leu Gly Ala Val Gln Ala Phe Asn Ser

55 60 65
cat cgg gaa ttg tgg aac gga acg ttg atg gcc gtt ttc cag cca gcg 355
His Arg Glu Leu Trp Asn Gly Thr Leu Met Ala Val Phe Gln Pro Ala

70 75 80 85
gaa gag acg gca gct ggt gcg agg atg atg gcg gat cag gac aac gcg 403
Glu Glu Thr Ala Ala Gly Ala Arg Met Met Ala Asp Gln Asp Asn Ala

90 95 100
ccg gga aat cac tct cca gcg ttc gcg cca gat atg cag cca act ctt 451
Pro Gly Asn His Ser Pro Ala Phe Ala Pro Asp Met Gln Pro Thr Leu

105 110 115
gat cgt ggt gtg gaa gcg ctg gtt gta gct gct tct gcg tgg cta gta 499
Asp Arg Gly Val Glu Ala Leu Val Val Ala Ala Ser Ala Trp Leu Val

120 125 130
aaa taattggcta atgaatcctt ttc 525
Lys

<210> 374

<211> 134

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 374

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

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

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

 130
 <210> 375
 <211> 966
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(943)
 <223> RXA02194
 <400> 375
 gaaatctccc agctcattta ttggacccag gtcacatcatgg ttgctcgagg cctgaagcca 60
 gaagatatct acaagaacct gtaggagttt taaagcaatc atg ttg aaa atc gct 115
 Met Leu Lys Ile Ala

 1 5
 gtc cca aac aaa ggc tgc ctg tcc gag cgc gcc atg gaa atc ctc gcc 163
 Val Pro Asn Lys Gly Ser Leu Ser Glu Arg Ala Met Glu Ile Leu Ala

 10 15 20
 gaa gca ggc tac gca ggc cgt gga gat tcc aaa tcc ctc aac gtt ttt 211
 Glu Ala Gly Tyr Ala Gly Arg Gly Asp Ser Lys Ser Leu Asn Val Phe

 25 30 35
 gat gaa gca aac aac gtt gaa ttc ttc ttc ctt cgc cct aaa gat atc 259
 Asp Glu Ala Asn Asn Val Glu Phe Phe Phe Leu Arg Pro Lys Asp Ile

 40 45 50
 gcc atc tac gtt gct ggt ggc cag ctc gat ttg ggt atc acc ggc cgc 307
 Ala Ile Tyr Val Ala Gly Gly Gln Leu Asp Leu Gly Ile Thr Gly Arg

 55 60 65
 gac ctt gct cgc gat tcc cag gct gat gtc cac gaa gtt ctt tcc ctc 355
 Asp Leu Ala Arg Asp Ser Gln Ala Asp Val His Glu Val Leu Ser Leu

 70 75 80 85
 ggc ttc ggt tcc tcc act ttc cgt tac gca gca cca gct gat gaa gag 403
 Gly Phe Gly Ser Ser Thr Phe Arg Tyr Ala Ala Pro Ala Asp Glu Glu

 90 95 100
 tgg agc atc gaa aag ctc gac ggc aag cgc atc gct acc tct tac ccc 451

Trp Ser Ile Glu Lys Leu Asp Gly Lys Arg Ile Ala Thr Ser Tyr Pro

105 110 115
aac ctt gtt cgc gat gac ctc gca gca cgt ggg ctt tcc gct gag gtg 499
Asn Leu Val Arg Asp Asp Leu Ala Ala Arg Gly Leu Ser Ala Glu Val

120 125 130
ctc cgc ctc gac ggt gca gta gag gta tcc atc aag ctt ggt gtc gca 547
Leu Arg Leu Asp Gly Ala Val Glu Val Ser Ile Lys Leu Gly Val Ala

135 140 145
gat gcc atc gcc gat gtt gta tcc acc ggc cgc acg ctg cgt cag caa 595
Asp Ala Ile Ala Asp Val Val Ser Thr Gly Arg Thr Leu Arg Gln Gln

150 155 160 165
ggt ctt gca cct ttc ggc gag gtt ctg tgc acc tct gag gct gtc att 643
Gly Leu Ala Pro Phe Gly Glu Val Leu Cys Thr Ser Glu Ala Val Ile

170 175 180
gtt ggc cgc aag gat gaa aag gtc acc cca gag cag cag atc ctg ctt 691
Val Gly Arg Lys Asp Glu Lys Val Thr Pro Glu Gln Gln Ile Leu Leu

185 190 195
cgc cgc atc cag gga att ttg cac gcg cag aac ttc ctc atg ctg gat 739
Arg Arg Ile Gln Gly Ile Leu His Ala Gln Asn Phe Leu Met Leu Asp

200 205 210
tac aac gtc gac cgc gac aac ctg gac gct gcc act gca gta acc cca 787
Tyr Asn Val Asp Arg Asp Asn Leu Asp Ala Ala Thr Ala Val Thr Pro

215 220 225
ggc tta tcc ggc cca acg gta tcc cca ctg gca cgc gac aac tgg gtt 835
Gly Leu Ser Gly Pro Thr Val Ser Pro Leu Ala Arg Asp Asn Trp Val

230 235 240 245
gct gta cgc gcc atg gtg cca cgc agg tca gct aac gcc atc atg gat 883
Ala Val Arg Ala Met Val Pro Arg Arg Ser Ala Asn Ala Ile Met Asp

250 255 260
aag ctt get gga ctc ggc gct gaa gcc atc ctg gct tct gaa atc cgc 931
Lys Leu Ala Gly Leu Gly Ala Glu Ala Ile Leu Ala Ser Glu Ile Arg

265 270 275
atc gcc cgc atc tagttttaac taccgccgaa aat 966
Ile Ala Arg Ile

280
<210> 376
<211> 281
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 376
Met Leu Lys Ile Ala Val Pro Asn Lys Gly Ser Leu Ser Glu Arg Ala
1 5 10 15
Met Glu Ile Leu Ala Glu Ala Gly Tyr Ala Gly Arg Gly Asp Ser Lys
20 25 30

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

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

Lys Leu Gly Val Ala Asp Ala Ile Ala Asp Val Val Ser Thr Gly Arg
145 150 155 160

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

Thr Ala Val Thr Pro Gly Leu Ser Gly Pro Thr Val Ser Pro Leu Ala
225 230 235 240

Arg Asp Asn Trp Val Ala Val Arg Ala Met Val Pro Arg Arg Ser Ala
245 250 255
Asn Ala Ile Met Asp Lys Leu Ala Gly Leu Gly Ala Glu Ala Ile Leu
260 265 270
Ala Ser Glu Ile Arg Ile Ala Arg Ile

275 280

<210> 377
<211> 393
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(370)
<223> RXA02195
<400> 377
tcgagccggc aggtgtcgca aaataaaacc aggtggggga gtgaaattat tcgactaata 60
tcctcccca aacacacatt gataactgtt gtgtggaaga atg tac cga gtg aag 115
Met Tyr Arg Val Lys

1 5
aca ttt gac tcg ctg tac gaa gaa ctt ctt aac cgt gct cag acc cgc 163

Thr Phe Asp Ser Leu Tyr Glu Glu Leu Leu Asn Arg Ala Gln Thr Arg

10 15 20

cct gaa ggg tct gga acc gtg gcc gcc ttg gat aaa ggc atc cat cat 211
Pro Glu Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Leu Asp Lys Gly Ile His His

25 30 35

cta ggt aag aag gtc atc gaa gaa gcc gga gag gtc tgg att gca gcc 259
Leu Gly Lys Lys Val Ile Glu Glu Ala Gly Glu Val Trp Ile Ala Ala

40 45 50

gag tat gag acc gat gaa gag cta gcc gga gaa atc tcc cag ctc att 307
Glu Tyr Glu Thr Asp Glu Glu Leu Ala Gly Glu Ile Ser Gln Leu Ile

55 60 65

tat tgg acc cag gtc atc atg gtt gct cgc ggc ctg aag cca gaa gat 355
Tyr Trp Thr Gln Val Ile Met Val Ala Arg Gly Leu Lys Pro Glu Asp

70 75 80 85

atc tac aag aac ctg taggagtttt aaagcaatca tgt 393
Ile Tyr Lys Asn Leu

90

<210> 378

<211> 90

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 378

Met Tyr Arg Val Lys Thr Phe Asp Ser Leu Tyr Glu Glu Leu Leu Asn

1 5 10 15

Arg Ala Gln Thr Arg Pro Glu Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Leu Asp

20 25 30

Lys Gly Ile His His Leu Gly Lys Lys Val Ile Glu Glu Ala Gly Glu

35 40 45

Val Trp Ile Ala Ala Glu Tyr Glu

Thr Asp Glu Glu Leu Ala Gly Glu

50 55 60

Ile Ser Gln Leu Ile Tyr Trp Thr Gln Val Ile Met Val Ala Arg Gly

65 70 75 80

Leu Lys Pro Glu Asp Ile Tyr Lys Asn Leu

85

90

<210> 379

<211> 477

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(454)

<223> RXA01097

<400> 379

gcgccaacgc agtgcttgcc gcgaccattt tccacttccg cgaagtaacc atcgccgaag 60
taaaggaggac cattaaagat gcaggatttg aggtgcggaa atg agt gac aat cca 115
Met Ser Asp Asn Pro

caa gag tat gag ctg gat tgg gac gtc gaa aag cga tta aag ctt aac 163
Gln Glu Tyr Glu Leu Asp Trp Asp Val Glu Lys Arg Leu Lys Leu Asn

10 15 20
gac gcc ggc ctg gtg ccg gca atc gtc cag gcc gac ggg acc aac gag 211
Asp Ala Gly Leu Val Pro Ala Ile Val Gln Ala Asp Gly Thr Asn Glu

25 30 35
gtc ctc atg atg gcc tgg atg gat acc cac gcg cta gcc tat act ttg 259
Val Leu Met Met Ala Trp Met Asp Thr His Ala Leu Ala Tyr Thr Leu

40 45 50
gcg acc cgc cgt gga acc tat ttt tct agg tcc cgc aac gag tac tgg 307
Ala Thr Arg Arg Gly Thr Tyr Phe Ser Arg Ser Arg Asn Glu Tyr Trp

55 60 65
atc aag ggc ctg acc tct gga aac gtc caa gaa gtc acc gga ctt gcc 355
Ile Lys Gly Leu Thr Ser Gly Asn Val Gln Glu Val Thr Gly Leu Ala

70 75 80 85
ctc gac tgc gac ggc gac acc gtc ctt ctg acc gtg aaa caa acc ggc 403
Leu Asp Cys Asp Gly Asp Thr Val Leu Leu Thr Val Lys Gln Thr Gly

90 95 100
ggg gcg tgc cac act ggt gcc cac aca tgt ttc gac aat gac gtt ttg 451
Gly Ala Cys His Thr Gly Ala His Thr Cys Phe Asp Asn Asp Val Leu

105 110 115
ctg taaaagcaac aacgattaag gaa 477
Leu

<210> 380

<211> 118

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 380

Met Ser Asp Asn Pro Gln Glu Tyr Glu Leu Asp Trp Asp Val Glu Lys

1 5 10 15

Arg Leu Lys Leu Asn Asp Ala Gly Leu Val Pro Ala Ile Val Gln Ala

20 25 30

Asp Gly Thr Asn Glu Val Leu Met Met Ala Trp Met Asp Thr His Ala

35 40 45

Leu Ala Tyr Thr Leu Ala Thr Arg

Arg Gly Thr Tyr Phe Ser Arg Ser

50 55 60

Arg Asn Glu Tyr Trp Ile Lys Gly Leu Thr Ser Gly Asn Val Gln Glu

65 70 75 80

Val Thr Gly Leu Ala Leu Asp Cys Asp Gly Asp Thr Val Leu Leu Thr

85 90 95

Val Lys Gln Thr Gly Gly Ala Cys His Thr Gly Ala His Thr Cys Phe

100 105 110

Asp Asn Asp Val Leu Leu

115

<210> 381

<211> 861
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(838)
 <223> RXA01100
 <400> 381
 gctgtgggct actcaattcc acccagaaaa atcaggtgac gcaggcgcac agctactgcg 60
 aaactggatc aactacatct aacagatagg atcaatattc atg acc ttc act att 115
 Met Thr Phe Thr Ile

 1 5
 ctt cct gca gtc gat gta gtt aac gga caa gca gtt cgc cta gat cag 163
 Leu Pro Ala Val Asp Val Val Asn Gly Gln Ala Val Arg Leu Asp Gln

 10 15 20
 ggc gag gcc ggc act gaa aag tct tat ggc acc cct ttg gaa tcc gca 211
 Gly Glu Ala Gly Thr Glu Lys Ser Tyr Gly Thr Pro Leu Glu Ser Ala

 25 30 35
 ctg aag tgg cag gag cag ggt gca aag tgg ttg cac ttt gtg gac ctg 259
 Leu Lys Trp Gln Glu Gln Gly Ala Lys Trp Leu His Phe Val Asp Leu

 40 45 50
 gac gca gcg ttc aac cgt ggt tcc aac cat gag atg atg gcg gaa att 307
 Asp Ala Ala Phe Asn Arg Gly Ser Asn His Glu Met Met Ala Glu Ile

 55 60 65
 gtc ggc aag ctc gat gtt gat gtg gag ctc act ggc ggt atc cgt gat 355
 Val Gly Lys Leu Asp Val Asp Val Glu Leu Thr Gly Gly Ile Arg Asp

 70 75 80 85
 gat gag tct ctg gag cgc gcg ctg gca acc ggt gca cgt cgt gta aac 403
 Asp Glu Ser Leu Glu Arg Ala Leu Ala Thr Gly Ala Arg Arg Val Asn

 90 95 100
 att ggt acc gct gct ctg gag aag cca gag tgg att gct tct gcg att 451
 Ile Gly Thr Ala Ala Leu Glu Lys Pro Glu Trp Ile Ala Ser Ala Ile

 105 110 115
 caa cgc tat ggc gag aag att gct gtc gat atc gct gtg cgt ttg gaa 499
 Gln Arg Tyr Gly Glu Lys Ile Ala Val Asp Ile Ala Val Arg Leu Glu

 120 125 130
 gat ggt gaa tgg cgc acc cgt gga aac ggt tgg gtc tcc gat ggt ggc 547
 Asp Gly Glu Trp Arg Thr Arg Gly Asn Gly Trp Val Ser Asp Gly Gly

 135 140 145
 gat ctg tgg gaa gtt ctc gag cgt ttg gat tcc caa ggt tgt gca cgt 595
 Asp Leu Trp Glu Val Leu Glu Arg Leu Asp Ser Gln Gly Cys Ala Arg

 150 155 160 165
 ttc gtg gtt acc gat gtg tcc aag gac ggc acc ttg agt ggt cca aat 643

Phe Val Val Thr Asp Val Ser Lys Asp Gly Thr Leu Ser Gly Pro Asn

170 175 180
gtt gag ctg ctg cgt gag gtt gct gca gct aca gac gca cct atc gtg 691
Val Glu Leu Leu Arg Glu Val Ala Ala Ala Thr Asp Ala Pro Ile Val

185 190 195
gca tct ggt gga att tct gtt ttg gaa gat gtt ttg gaa cta gcc aag 739
Ala Ser Gly Gly Ile Ser Val Leu Glu Asp Val Leu Glu Leu Ala Lys

200 205 210
tac cag gat gag ggc att gat tcc gtc atc att ggc aag gca ctt tat 787
Tyr Gln Asp Glu Gly Ile Asp Ser Val Ile Ile Gly Lys Ala Leu Tyr

215 220 225
gag cac aag ttc acc ctc gaa gag gct ttg gct gca gta gaa aag ctc 835
Glu His Lys Phe Thr Leu Glu Glu Ala Leu Ala Ala Val Glu Lys Leu

230 235 240 245
ggg taatacatgg atgctcgtgg gat 861
Gly

<210> 382
<211> 246
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 382

Met Thr Phe Thr Ile Leu Pro Ala Val Asp Val Val Asn Gly Gln Ala
1 5 10 15
Val Arg Leu Asp Gln Gly Glu Ala Gly Thr Glu Lys Ser Tyr Gly Thr
20 25 30
Pro Leu Glu Ser Ala Leu Lys Trp Gln Glu Gln Gly Ala Lys Trp Leu
35 40 45
His Phe Val Asp Leu Asp Ala Ala
Phe Asn Arg Gly Ser Asn His Glu
50 55 60
Met Met Ala Glu Ile Val Gly Lys Leu Asp Val Asp Val Glu Leu Thr
65 70 75 80

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

Val Ser Asp Gly Gly Asp Leu Trp Glu Val Leu Glu Arg Leu Asp Ser
145 150 155 160

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

Leu Glu Leu Ala Lys Tyr Gln Asp Glu Gly Ile Asp Ser Val Ile Ile
 210 215 220

Gly Lys Ala Leu Tyr Glu His Lys Phe Thr Leu Glu Glu Ala Leu Ala
 225 230 235 240

Ala Val Glu Lys Leu Gly
 245

<210> 383
 <211> 756
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(733)
 <223> RXA01101
 <400> 383

atgcgagcta ggccagtgtg gtggatataa aacccttttg gggagaaaga aactcgactg 60
 cggttcttga tcctgaaagc acgtgacata aactatcggc atg acc aaa act gtc 115
 Met Thr Lys Thr Val

1 5
 gcc ctt ctc gac tac gga tct gga aac ctt cgt tct gct caa cgc gca 163
 Ala Leu Leu Asp Tyr Gly Ser Gly Asn Leu Arg Ser Ala Gln Arg Ala

10 15 20
 cta gag cgt gcc ggt gca gaa gtt atc gtg agc tcc gat cca gaa gtt 211
 Leu Glu Arg Ala Gly Ala Glu Val Ile Val Ser Ser Asp Pro Glu Val

25 30 35
 tgc acc aac gct gat ggc ctc cta gtt cct gga gtg ggc gca ttt gat 259
 Cys Thr Asn Ala Asp Gly Leu Leu Val Pro Gly Val Gly Ala Phe Asp

40 45 50
 gcc tgc atg aag ggt ttg aaa aac gtc ttc gga cat cgc att atc gga 307
 Ala Cys Met Lys Gly Leu Lys Asn Val Phe Gly His Arg Ile Ile Gly

55 60 65
 cag cgt ctt gct ggt gga cgt cca gtg atg ggt att tgt gtg ggc atg 355
 Gln Arg Leu Ala Gly Gly Arg Pro Val Met Gly Ile Cys Val Gly Met

70 75 80 85
 cag atc ctg ttc gat gaa ggc gat gag cac ggc att aag tca gct ggt 403
 Gln Ile Leu Phe Asp Glu Gly Asp Glu His Gly Ile Lys Ser Ala Gly

90 95 100
 tgc ggc gag tgg cct ggc aaa gtg gaa cgc ctc caa gcg gag atc ctg 451
 Cys Gly Glu Trp Pro Gly Lys Val Glu Arg Leu Gln Ala Glu Ile Leu

105 110 115
 cct cac atg ggg tgg aac aca ctt gaa atg cct acc aac tca cca atg 499
 Pro His Met Gly Trp Asn Thr Leu Glu Met Pro Thr Asn Ser Pro Met

120 125 130
 ttt gag gga att tca cct gat gag cgt ttc tac ttc gtg cac tcc tat 547

Phe Glu Gly Ile Ser Pro Asp Glu Arg Phe Tyr Phe Val His Ser Tyr

135 140 145
 ggt gtg cgc aag tgg acg ttg gaa acc gac gat ctg acc acg cct cca 595
 Gly Val Arg Lys Trp Thr Leu Glu Thr Asp Asp Leu Thr Thr Pro Pro

150 155 160 165
 gag gtt gtg tgg gcg aag cac gaa aat gat cgt ttt gtg gca gct gtg 643
 Glu Val Val Trp Ala Lys His Glu Asn Asp Arg Phe Val Ala Ala Val

170 175 180
 gaa aac ggc acg ctg tgg gct act caa ttc cac cca gaa aaa tca ggt 691
 Glu Asn Gly Thr Leu Trp Ala Thr Gln Phe His Pro Glu Lys Ser Gly

185 190 195
 gac gca ggc gca cag cta ctg cga aac tgg atc aac tac atc 733
 Asp Ala Gly Ala Gln Leu Leu Arg Asn Trp Ile Asn Tyr Ile

200 205 210
 taacagatag gatcaatatt cat 756
 <210> 384
 <211> 211
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 384
 Met Thr Lys Thr Val Ala Leu Leu Asp Tyr Gly Ser Gly Asn Leu Arg
 1 5 10 15
 Ser Ala Gln Arg Ala Leu Glu Arg Ala Gly Ala Glu Val Ile Val Ser
 20 25 30
 Ser Asp Pro Glu Val Cys Thr Asn Ala
 Asp Gly Leu Leu Val Pro Gly
 35 40 45
 Val Gly Ala Phe Asp Ala Cys Met Lys Gly Leu Lys Asn Val Phe Gly
 50 55 60
 His Arg Ile Ile Gly Gln Arg Leu Ala Gly Gly Arg Pro Val Met Gly
 65 70 75 80

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

Phe Val His Ser Tyr Gly Val Arg Lys Trp Thr Leu Glu Thr Asp Asp
 145 150 155 160

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

Asn Tyr Ile

210

<210> 385

<211> 723

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(700)

<223> RXN01657

<400> 385

cctccgtcat tgccgacgta tcccgcggcc tgggtgaagc catggtgggc atcaacgtat 60
ccgacgttcc agcaccacac cgactcgccg agcgcggctg gtg atc gtt gga gtt 115
Val Ile Val Gly Val

1 5
tta gct ctc cag ggc ggg gtg gaa gaa cac ctc acc gcc ttg gaa gct 163
Leu Ala Leu Gln Gly Gly Val Glu Glu His Leu Thr Ala Leu Glu Ala

10 15 20
ctc gga gcg acg acc cga aaa gta cgt gtg cca aag gac ctt gat ggt 211
Leu Gly Ala Thr Thr Arg Lys Val Arg Val Pro Lys Asp Leu Asp Gly

25 30 35
ctc gaa ggc atc gtc atc ccc ggc ggg gaa tcc acc gtg ttg gac aaa 259
Leu Glu Gly Ile Val Ile Pro Gly Gly Glu Ser Thr Val Leu Asp Lys

40 45 50
ctg gct cgg aca ttc gac gtg gta gaa cct cta gcg aat ctc att cgc 307
Leu Ala Arg Thr Phe Asp Val Val Glu Pro Leu Ala Asn Leu Ile Arg

55 60 65
gac ggc cta ccc gtt ttc gct acc tgc gct ggc ctg atc tat ctg gcg 355
Asp Gly Leu Pro Val Phe Ala Thr Cys Ala Gly Leu Ile Tyr Leu Ala

70 75 80 85
aaa cac ctc gac aac cca gca agg gga caa caa acc ttg gcg gta gtg 403
Lys His Leu Asp Asn Pro Ala Arg Gly Gln Gln Thr Leu Ala Val Val

90 95 100
gac gtg gtg gtg cgt cga aac gca ttt ggc gcc caa cgc gaa tcc ttc 451
Asp Val Val Val Arg Arg Asn Ala Phe Gly Ala Gln Arg Glu Ser Phe

105 110 115
gac acc acc gtg gat gtt tcc ttc gac ggt gca aca ttc ccc gga gtg 499
Asp Thr Thr Val Asp Val Ser Phe Asp Gly Ala Thr Phe Pro Gly Val

120 125 130
cag gcc tcg ttt atc cga gct ccc atc gtc act gct ttt ggt cct acg 547
Gln Ala Ser Phe Ile Arg Ala Pro Ile Val Thr Ala Phe Gly Pro Thr

135 140 145
gta gaa gcg atc gct gct ctc aac ggt ggg gag gtg gtt ggt gta cgc 595

Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu Val Val Gly Val Arg

150 155 160 165
caa ggc aac atc atc gcg ctg tct ttc cat ccc gaa gaa acc ggc gat 643
Gln Gly Asn Ile Ile Ala Leu Ser Phe His Pro Glu Glu Thr Gly Asp

170 175 180
tac cgc atc cac caa gcc tgg ctg gac ctg gtg aga aaa cac gct gaa 691
Tyr Arg Ile His Gln Ala Trp Leu Asp Leu Val Arg Lys His Ala Glu

185 190 195
ctg gcg att tgatgttttc ggtagcgctc tgt 723
Leu Ala Ile

200
<210> 386
<211> 200
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 386
Val Ile Val Gly Val Leu Ala Leu Gln Gly Gly Val Glu Glu His Leu
1 5 10 15
Thr Ala Leu Glu Ala Leu Gly Ala Thr Thr Arg Lys Val Arg Val Pro
20 25 30
Lys Asp Leu Asp Gly Leu Glu Gly Ile Val Ile Pro Gly Gly Glu Ser
35 40 45
Thr Val Leu Asp Lys Leu Ala Arg
Thr Phe Asp Val Val Glu Pro Leu
50 55 60
Ala Asn Leu Ile Arg Asp Gly Leu Pro Val Phe Ala Thr Cys Ala Gly
65 70 75 80

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

Ala Phe Gly Pro Thr Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu
145 150 155 160

Val Val Gly Val Arg Gln Gly Asn Ile Ile Ala Leu Ser Phe His Pro
165 170 175
Glu Glu Thr Gly Asp Tyr Arg Ile His Gln Ala Trp Leu Asp Leu Val
180 185 190
Arg Lys His Ala Glu Leu Ala Ile

195 200
<210> 387
<211> 601
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(601)

<223> FRXA01657

<400> 387

cctccgtcat tgccgacgta tcccgcggcc tgggtgaagc catggtgggc atcaacgtat 60
ccgacgttcc agcaccacac cgactcgccg agcgcggctg gtg atc gtt gga gtt 115
Val Ile Val Gly Val

1 5
tta gct ctc cag ggc ggg gtg gaa gaa cac ctc acc gcc ttg gaa gct 163
Leu Ala Leu Gln Gly Gly Val Glu Glu His Leu Thr Ala Leu Glu Ala

10 15 20
ctc gga gcg acg acc cga aaa gta cgt gtg cca aag gac ctt gat ggt 211
Leu Gly Ala Thr Thr Arg Lys Val Arg Val Pro Lys Asp Leu Asp Gly

25 30 35
ctc gaa ggc atc gtc atc ccc ggc ggg gaa tcc acc gtg ttg gac aaa 259
Leu Glu Gly Ile Val Ile Pro Gly Gly Glu Ser Thr Val Leu Asp Lys

40 45 50
ctg gct cgg aca ttc gac gtg gta gaa cct cta gcg aat ctc att cgc 307
Leu Ala Arg Thr Phe Asp Val Val Glu Pro Leu Ala Asn Leu Ile Arg

55 60 65
gac ggc cta ccc gtt ttc gct acc tgc gct ggc ctg atc tat ctg gcg 355
Asp Gly Leu Pro Val Phe Ala Thr Cys Ala Gly Leu Ile Tyr Leu Ala

70 75 80 85
aaa cac ctc gac aac cca gca agg gga caa caa acc ttg gcg gta gtg 403
Lys His Leu Asp Asn Pro Ala Arg Gly Gln Gln Thr Leu Ala Val Val

90 95 100
gac gtg gtg gtg cgt cga aac gca ttt ggc gcc caa cgc gaa tcc ttc 451
Asp Val Val Val Arg Arg Asn Ala Phe Gly Ala Gln Arg Glu Ser Phe

105 110 115
gac acc acc gtg gat gtt tcc ttc gac ggt gca aca ttc ccc gga gtg 499
Asp Thr Thr Val Asp Val Ser Phe Asp Gly Ala Thr Phe Pro Gly Val

120 125 130
cag gcc tcg ttt atc cga gct ccc atc gtc act gct ttt ggt cct acg 547
Gln Ala Ser Phe Ile Arg Ala Pro Ile Val Thr Ala Phe Gly Pro Thr

135 140 145
gta gaa gcg atc gct gct ctc aac ggt ggg gag gtg gtt ggt gta cgc 595
Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu Val Val Gly Val Arg

150 155 160 165
caa ggc 601
Gln Gly

<210> 388

<211> 167

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 388

```

Val Ile Val Gly Val Leu Ala Leu Gln Gly Gly Val Glu Glu His Leu
  1             5             10             15
Thr Ala Leu Glu Ala Leu Gly Ala Thr Thr Arg Lys Val Arg Val Pro
      20             25             30
Lys Asp Leu Asp Gly Leu Glu Gly Ile Val Ile Pro Gly Gly Glu Ser
      35             40             45
Thr Val Leu Asp Lys Leu Ala Arg
Thr Phe Asp Val Val Glu Pro Leu
      50             55             60
Ala Asn Leu Ile Arg Asp Gly Leu Pro Val Phe Ala Thr Cys Ala Gly
      65             70             75             80

```

```

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

```

```

Ala Phe Gly Pro Thr Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu
145             150             155             160

```

```

Val Val Gly Val Arg Gln Gly
      165

```

<210> 389

<211> 897

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(874)

<223> RXA01098

<400> 389

```

aaaagggtc acgatgtgct gttaagtaag attgaaaaag ttcggttgat gcatgcagat 60
gcaggtaatg accagtcgtt aaatgaggag tacaagtaaa atg ggc gtg gca att 115
Met Gly Val Ala Ile

```

```

      1             5
cga gtt att cct tgc ctg gac gtg gac aac ggc cgg gtt gtt aaa ggc 163
Arg Val Ile Pro Cys Leu Asp Val Asp Asn Gly Arg Val Val Lys Gly

```

```

      10             15             20
gtg aac ttt gaa aac ctc cgc gat gct ggc gat cct gtg gag ttg gca 211
Val Asn Phe Glu Asn Leu Arg Asp Ala Gly Asp Pro Val Glu Leu Ala

```

```

      25             30             35
aag cgc tat gac gag gaa ggg gca gat gag ctg acc ttc ctg gat gtc 259
Lys Arg Tyr Asp Glu Glu Gly Ala Asp Glu Leu Thr Phe Leu Asp Val

```

```

      40             45             50
acc gcc tcg aag cat ggt cgc ggc acc atg ctg gat gtt gtt cga cgc 307

```

Thr Ala Ser Lys His Gly Arg Gly Thr Met Leu Asp Val Val Arg Arg

55 60 65
acc gct gat cag gtg ttc atc cct ctg act gtc ggt ggc ggc gtg cgc 355
Thr Ala Asp Gln Val Phe Ile Pro Leu Thr Val Gly Gly Gly Val Arg

70 75 80 85
agc gaa gaa gat gtt gat caa ttg ctg cgc gct ggc gcc gac aag gtt 403
Ser Glu Glu Asp Val Asp Gln Leu Leu Arg Ala Gly Ala Asp Lys Val

90 95 100
tcg gtg aac acg tct gcg att gcc cgt cca gaa ctg ctg tca gag ctg 451
Ser Val Asn Thr Ser Ala Ile Ala Arg Pro Glu Leu Leu Ser Glu Leu

105 110 115
tcc aag cgt ttt ggt gct cag tgc atc gtg ttg tct gtg gat gcc agg 499
Ser Lys Arg Phe Gly Ala Gln Cys Ile Val Leu Ser Val Asp Ala Arg

120 125 130
cgc gtt cct gaa ggt gga act cct cag cca tct ggt ttt gaa gtc acc 547
Arg Val Pro Glu Gly Gly Thr Pro Gln Pro Ser Gly Phe Glu Val Thr

135 140 145
acc cac ggc ggt tcc aag tcc gca gaa ctt gat gca atc gag tgg gca 595
Thr His Gly Gly Ser Lys Ser Ala Glu Leu Asp Ala Ile Glu Trp Ala

150 155 160 165
aag cgc ggc gaa gag ctg ggc gtt ggc gaa att ctg ctc aac tcc atg 643
Lys Arg Gly Glu Glu Leu Gly Val Gly Glu Ile Leu Leu Asn Ser Met

170 175 180
gac ggc gac ggc acc aaa aac ggc ttt gac cta gag ctg ctg gaa aaa 691
Asp Gly Asp Gly Thr Lys Asn Gly Phe Asp Leu Glu Leu Leu Glu Lys

185 190 195
gtt cgc gca gcc gta tcc att cct gta atc gcc tcc ggc ggc gct ggc 739
Val Arg Ala Ala Val Ser Ile Pro Val Ile Ala Ser Gly Gly Ala Gly

200 205 210
aag gcg gag cat ttc cca cca gct gtt gca gct ggc gcc aac gca gtg 787
Lys Ala Glu His Phe Pro Pro Ala Val Ala Ala Gly Ala Asn Ala Val

215 220 225
ctt gcc gcg acc att ttc cac ttc cgc gaa gta acc atc gcc gaa gta 835
Leu Ala Ala Thr Ile Phe His Phe Arg Glu Val Thr Ile Ala Glu Val

230 235 240 245
aag gga gcc att aaa gat gca gga ttt gag gtg cgg aaa tgagtgacaa 884
Lys Gly Ala Ile Lys Asp Ala Gly Phe Glu Val Arg Lys

250 255
tccacaagag tat 897
<210> 390
<211> 258
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 390

```
Met Gly Val Ala Ile Arg Val Ile Pro Cys Leu Asp Val Asp Asn Gly
  1           5           10           15
Arg Val Val Lys Gly Val Asn Phe Glu Asn Leu Arg Asp Ala Gly Asp
      20           25           30
Pro Val Glu Leu Ala Lys Arg Tyr Asp Glu
Glu Gly Ala Asp Glu Leu
      35           40           45
Thr Phe Leu Asp Val Thr Ala Ser Lys His Gly Arg Gly Thr Met Leu
      50           55           60
Asp Val Val Arg Arg Thr Ala Asp Gln Val Phe Ile Pro Leu Thr Val
      65           70           75           80
```

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

```
Gly Phe Glu Val Thr Thr His Gly Gly Ser Lys Ser Ala Glu Leu Asp
145           150           155           160
```

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

```
Gly Ala Asn Ala Val Leu Ala Ala Thr Ile Phe His Phe Arg Glu Val
225           230           235           240
```

```
Thr Ile Ala Glu Val Lys Gly Ala Ile Lys Asp Ala Gly Phe Glu Val
      245          250          255
```

Arg Lys

<210> 391

<211> 729

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(706)

<223> RXN01104

<400> 391

```
cacttgcgca ctaccattgg tgtgcctgag gaaaatgatg cgtttttgga cgcagctgca 60
gagatcatca agctgaacct gtaagagaga agaatttttc atg act gtc gca cca 115
Met Thr Val Ala Pro
```

aga att ggt acc gca acc cgc acc acc agc gaa tcc gac atc acc gtc 163
Arg Ile Gly Thr Ala Thr Arg Thr Thr Ser Glu Ser Asp Ile Thr Val

10 15 20
gag atc aac ctg gac ggc acc ggc aaa gta gat atc gat acc ggc ctg 211
Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp Ile Asp Thr Gly Leu

25 30 35
cca ttt ttc gac cac atg ctc act gca ttc ggc gtg cac ggc agt ttt 259
Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly Val His Gly Ser Phe

40 45 50
gat ctg aaa gtc cat gcc aag ggc gac atc gag atc gac gca cac cac 307
Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu Ile Asp Ala His His

55 60 65
acc gtg gaa gat acc gcc atc gtg ctc ggc caa gca ctc ctt gac gct 355
Thr Val Glu Asp Thr Ala Ile Val Leu Gly Gln Ala Leu Leu Asp Ala

70 75 80 85
att ggc gac aag aaa ggc atc cgc cgt ttc gca tcc tgc cag ctg ccc 403
Ile Gly Asp Lys Lys Gly Ile Arg Arg Phe Ala Ser Cys Gln Leu Pro

90 95 100
atg gat gag gca tta gtg gag tcc gtg gtg gat atc tcc ggt cgc cca 451
Met Asp Glu Ala Leu Val Glu Ser Val Val Asp Ile Ser Gly Arg Pro

105 110 115
tac ttc gtg atc tcc ggc gaa cca gac cac atg atc acc tcc gtg atc 499
Tyr Phe Val Ile Ser Gly Glu Pro Asp His Met Ile Thr Ser Val Ile

120 125 130
ggt gga cac tac gca acc gtg atc aac gag cac ttc ttt gaa acc ctc 547
Gly Gly His Tyr Ala Thr Val Ile Asn Glu His Phe Phe Glu Thr Leu

135 140 145
gcg ctc aac tcc cga atc acc ctc cac gtg atc tgc cac tac ggc cgc 595
Ala Leu Asn Ser Arg Ile Thr Leu His Val Ile Cys His Tyr Gly Arg

150 155 160 165
gac cct cac cac atc acc gaa gca gag tac aag gct gtt gcc cgt gcg 643
Asp Pro His His Ile Thr Glu Ala Glu Tyr Lys Ala Val Ala Arg Ala

170 175 180
ctg cgc ggt gcc gta gag atg gat cct cgt caa aca gga atc cca tcc 691
Leu Arg Gly Ala Val Glu Met Asp Pro Arg Gln Thr Gly Ile Pro Ser

185 190 195
act aag gga gcg ctc tagacatgaa ctcttctccc atc 729
Thr Lys Gly Ala Leu

200
<210> 392
<211> 202
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 392

Met Thr Val Ala Pro Arg Ile Gly Thr Ala Thr Arg Thr Thr Ser Glu
 1 5 10 15
 Ser Asp Ile Thr Val Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp
 20 25 30
 Ile Asp Thr Gly Leu Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly
 35 40 45
 Val His
 Gly Ser Phe Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu
 50 55 60
 Ile Asp Ala His His Thr Val Glu Asp Thr Ala Ile Val Leu Gly Gln
 65 70 75 80

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

Phe Phe Glu Thr Leu Ala Leu Asn Ser Arg Ile Thr Leu His Val Ile
 145 150 155 160

Cys His Tyr Gly Arg Asp Pro His His Ile Thr Glu Ala Glu Tyr Lys
 165 170 175
 Ala Val Ala Arg Ala Leu Arg Gly Ala Val Glu Met Asp Pro Arg Gln
 180 185 190
 Thr Gly Ile Pro Ser Thr Lys Gly Ala Leu

195 200

<210> 393

<211> 729

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(706)

<223> FRXA01104

<400> 393

cacttgcgca ctaccattgg tgtgcctgag gaaaatgatg cgtttttgga cgcagctgca 60
 gagatcatca agctgaacct gtaagagaga agaatttttc atg act gtc gca cca 115
 Met Thr Val Ala Pro

1 5
 aga att ggt acc gca acc cgc acc acc agc gaa tcc gac atc acc gtc 163
 Arg Ile Gly Thr Ala Thr Arg Thr Thr Ser Glu Ser Asp Ile Thr Val

10 15 20
 gag atc aac ctg gac ggc acc ggc aaa gta gat atc gat acc ggc ctg 211
 Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp Ile Asp Thr Gly Leu

25 30 35
 cca ttt ttc gac cac atg ctc act gca ttc ggc gtg cac ggc agt ttt 259

Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly Val His Gly Ser Phe

40 45 50
gat ctg aaa gtc cat gcc aag ggc gac atc gag atc gac gca cac cac 307
Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu Ile Asp Ala His His

55 60 65
acc gtg gaa gat acc gcc atc gtg ctc ggc caa gca ctc ctt gac gct 355
Thr Val Glu Asp Thr Ala Ile Val Leu Gly Gln Ala Leu Leu Asp Ala

70 75 80 85
att ggc gac aag aaa ggc atc cgc cgt ttc gca tcc tgc cag ctg ccc 403
Ile Gly Asp Lys Lys Gly Ile Arg Arg Phe Ala Ser Cys Gln Leu Pro

90 95 100
atg gat gag gca tta gtg gag tcc gtg gtg gat atc tcc ggt cgc cca 451
Met Asp Glu Ala Leu Val Glu Ser Val Val Asp Ile Ser Gly Arg Pro

105 110 115
tac ttc gtg atc tcc ggc gaa cca gac cac atg atc acc tcc gtg atc 499
Tyr Phe Val Ile Ser Gly Glu Pro Asp His Met Ile Thr Ser Val Ile

120 125 130
ggt gga cac tac gca acc gtg atc aac gag cac ttc ttt gaa acc ctc 547
Gly Gly His Tyr Ala Thr Val Ile Asn Glu His Phe Phe Glu Thr Leu

135 140 145
gcg ctc aac tcc cga atc acc ctc cac gtg atc tgc cac tac ggc cgc 595
Ala Leu Asn Ser Arg Ile Thr Leu His Val Ile Cys His Tyr Gly Arg

150 155 160 165
gac cct cac cac atc acc gaa gca gag tac aag gct gtt gcc cgt gcg 643
Asp Pro His His Ile Thr Glu Ala Glu Tyr Lys Ala Val Ala Arg Ala

170 175 180
ctg cgc ggt gcc gta gag atg gat cct cgt caa aca gga atc cca tcc 691
Leu Arg Gly Ala Val Glu Met Asp Pro Arg Gln Thr Gly Ile Pro Ser

185 190 195
act aag gga gcg ctc tagacatgaa ctcttctccc atc 729
Thr Lys Gly Ala Leu

200
<210> 394
<211> 202
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 394
Met Thr Val Ala Pro Arg Ile Gly Thr Ala Thr Arg Thr Thr Ser Glu
1 5 10 15
Ser Asp Ile Thr Val Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp
20 25 30
Ile Asp Thr Gly Leu Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly
35 40 45
Val His
Gly Ser Phe Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu

50					55					60										
Ile	Asp	Ala	His	His	Thr	Val	Glu	Asp	Thr	Ala	Ile	Val	Leu	Gly	Gln					
65					70					75					80					
Ala	Leu	Leu	Asp	Ala	Ile	Gly	Asp	Lys	Lys	Gly	Ile	Arg	Arg	Phe	Ala					
85					90					95										
Ser	Cys	Gln	Leu	Pro	Met	Asp	Glu	Ala	Leu	Val	Glu	Ser	Val	Val	Asp					
100					105					110										
Ile	Ser	Gly	Arg	Pro	Tyr	Phe	Val	Ile	Ser	Gly	Glu	Pro	Asp	His	Met					
115					120					125										
Ile	Thr	Ser	Val	Ile	Gly	Gly	His	Tyr	Ala	Thr	Val	Ile	Asn	Glu	His					
130					135					140										
Phe	Phe	Glu	Thr	Leu	Ala	Leu	Asn	Ser	Arg	Ile	Thr	Leu	His	Val	Ile					
145					150					155					160					
Cys	His	Tyr	Gly	Arg	Asp	Pro	His	His	Ile	Thr	Glu	Ala	Glu	Tyr	Lys					
165					170					175										
Ala	Val	Ala	Arg	Ala	Leu	Arg	Gly	Ala	Val	Glu	Met	Asp	Pro	Arg	Gln					
180					185					190										
Thr	Gly	Ile	Pro	Ser	Thr	Lys	Gly	Ala	Leu											
195					200															
<210> 395																				
<211> 987																				
<212> DNA																				
<213> Corynebacterium glutamicum																				
<220>																				
<221> CDS																				
<222> (101)..(964)																				
<223> RXN00446																				
<400> 395																				
tgctacgaag	ttatctagta	atgaagttag	tttttccct	ctcccggcag	cagttgatgc	60														
ggtgacggag	gctacttggg	gggctaatacg	gtacccggat	atg ggt gcg gtt gag	115															
				Met Gly Ala Val Glu																
										1		5								
ctc	cgt	gag	gct	ctt	gca	gag	cat	tta	gag	gtt	gag	ttt	gac	cag	gtc					
Leu	Arg	Glu	Ala	Leu	Ala	Glu	His	Leu	Glu	Val	Glu	Phe	Asp	Gln	Val					
10					15					20										
acg	gta	ggt	tgc	ggc	tcg	tct	gcg	ctg	tgt	caa	cag	ctg	gtt	cag	gca					
Thr	Val	Gly	Cys	Gly	Ser	Ser	Ala	Leu	Cys	Gln	Gln	Leu	Val	Gln	Ala					
25					30					35										
acg	tgc	gct	cag	ggc	gat	gag	gtc	att	ttt	cca	tgg	cgc	agc	ttt	gag					
Thr	Cys	Ala	Gln	Gly	Asp	Glu	Val	Ile	Phe	Pro	Trp	Arg	Ser	Phe	Glu					
40					45					50										
gct	tat	cca	att	ttc	gcg	cag	gtc	gcg	ggc	gcc	act	cct	gtt	gcc	att					
Ala	Tyr	Pro	Ile	Phe	Ala	Gln	Val	Ala	Gly	Ala	Thr	Pro	Val	Ala	Ile					
55					60					65										
cgc	ctg	act	gct	gat	cag	aat	cat	gat	ctt	gat	gcg	atg	gca	gcc	gcg					
355																				

Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp Ala Met Ala Ala Ala

70 75 80 85
atc act gat aag acc cgc ctc att ttc atc tgc aac ccc aac aat cct 403
Ile Thr Asp Lys Thr Arg Leu Ile Phe Ile Cys Asn Pro Asn Asn Pro

90 95 100
tcg ggc acc acc atc acc cag gcg cag ttt gat aat ttc atg gaa aag 451
Ser Gly Thr Thr Ile Thr Gln Ala Gln Phe Asp Asn Phe Met Glu Lys

105 110 115
gtt cca aac gat gtc gtt gtt ggg ctg gat gag gct tat ttt gag ttc 499
Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr Phe Glu Phe

120 125 130
aac cgc gcg gac gac acc cca gtt gcc act gag gaa atc cac cgc cac 547
Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile His Arg His

135 140 145
gac aac gtg att ggt ttg cgc acg ttc tcc aag gcg tat ggc ctg gcg 595
Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr Gly Leu Ala

150 155 160 165
ggc ttg cgt gtt ggt tac gcc ttc gga aac gca gag atc atc gca gcg 643
Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile Ile Ala Ala

170 175 180
atg aat aag gtg gct att cct ttc gcg gtg aat tca gca gct cag gcg 691
Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala Ala Gln Ala

185 190 195
gca gcg ctt gcg agt ttg aat tct gcc gat gag ttg atg gaa cgg gtg 739
Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met Glu Arg Val

200 205 210
gag gaa acc gtc gaa aag cgt gat gct gtg gtg tca gcg ctt ggt gct 787
Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala Leu Gly Ala

215 220 225
gcg ccg acg cag gcc aat ttc gtc tgg ctg ccg ggc gag ggc gcc gct 835
Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu Gly Ala Ala

230 235 240 245
gag ttg gcg gct aaa ttg gcc gag cac ggc atc gtg att cgc gcg ttc 883
Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile Arg Ala Phe

250 255 260
ccc gag ggt gcg cgc att tcg gtg acc aac gcc gag gaa act gac aag 931
Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu Thr Asp Lys

265 270 275
ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg tagtctttgg cgttttgcgg 984
Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly

280 285
tgc 987

<210> 396
 <211> 288
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <400> 396
 Met Gly Ala Val Glu Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu His Leu Glu Val
 1 5 10 15
 Glu Phe Asp Gln Val Thr Val Gly Cys Gly Ser Ser Ala Leu Cys Gln
 20 25 30
 Gln Leu Val Gln Ala Thr Cys Ala Gln Gly Asp Glu
 Val Ile Phe Pro
 35 40 45
 Trp Arg Ser Phe Glu Ala Tyr Pro Ile Phe Ala Gln Val Ala Gly Ala
 50 55 60
 Thr Pro Val Ala Ile Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp
 65 70 75 80

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

 Glu Ile His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys
 145 150 155 160

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

 Ser Ala Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro
 225 230 235 240

 Gly Glu Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile
 245 250 255
 Val Ile Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala
 260 265 270
 Glu Glu Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly
 275 280 285
 <210> 397
 <211> 545
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

 <221> CDS
 <222> (1)..(522)
 <223> FRXA00446
 <400> 397

```

atg gaa aag gtt cca aac gat gtc gtt gtt ggg ctg gat gag gct tat 48
Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr

      1              5              10              15
ttt gag ttc aac cgc gcg gac gac acc cca gtt gcc act gag gaa atc 96
Phe Glu Phe Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile

      20              25              30
cac cgc cac gac aac gtg att ggt ttg cgc acg ttc tcc aag gcg tat 144
His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr

      35              40              45
ggc ctg gcg ggc ttg cgt gtt ggt tac gcc ttc gga aac gca gag atc 192
Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile

      50              55              60
atc gca gcg atg aat aag gtg gct att cct ttc gcg gtg aat tca gca 240
Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala

      65              70              75              80
gct cag gcg gca gcg ctt gcg agt ttg aat tct gcc gat gag ttg atg 288
Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met

      85              90              95
gaa cgg gtg gag gaa acc gtc gaa aag cgt gat gct gtg gtg tca gcg 336
Glu Arg Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala

      100             105             110
ctt ggt gct gcg ccg acg cag gcc aat ttc gtc tgg ctg ccg ggc gag 384
Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu

      115             120             125
ggc gcc gct gag ttg gcg gct aaa ttg gcc gag cac ggc atc gtg att 432
Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile

      130             135             140
cgc gcg ttc ccc gag ggt gcg cgc att tgc gtg acc aac gcc gag gaa 480
Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu

      145             150             155             160
act gac aag ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg 522
Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly

      165             170
tagtctttgg cgttttgagg tgc 545
<210> 398
<211> 174
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 398
Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr
      1              5              10              15
Phe Glu Phe Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile
      20              25              30
His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu
Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr

```

35 40 45
 Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile
 50 55 60
 Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala
 65 70 75 80

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

 Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu
 145 150 155 160

 Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly
 165 170

 <210> 399
 <211> 1221
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1198)
 <223> RXA01105
 <400> 399
 ttgtcatcaa ctttgccaac gccgaagatc ttccagcgca cggcgaagca atccgtgcac 60
 gctttgaaaa cctccccacc accgacgagg cctaagaaaa atg acc aaa att act 115
 Met Thr Lys Ile Thr

 1 5
 ttg agc gat ttg cca ttg cgt gaa gaa ctg cgc ggt gag cac gct tac 163
 Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg Gly Glu His Ala Tyr

 10 15 20
 ggc gca ccc cag ctc aac gtt gat att cgc ctc aac acc aac gaa aac 211
 Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu Asn Thr Asn Glu Asn

 25 30 35
 cct tac cca ccg tca gag gca ttg gtc gct gac ttg gtt gcc acc gtg 259
 Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu Val Ala Asp Leu Val Ala Thr Val

 40 45 50
 gat aag atc gcc acc gag ctg aac cgc tac cca gag cgc gat gct gtg 307
 Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro Glu Arg Asp Ala Val

 55 60 65
 gaa ctg cgt gat gag ttg gct gcg tac atc acc aag caa acc ggc gtg 355
 Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr Lys Gln Thr Gly Val

 70 75 80 85
 gct gtc acc agg gat aac ctg tgg gct gcc aat ggt tcc aat gaa att 403

Ala Val Thr Arg Asp Asn Leu Trp Ala Ala Asn Gly Ser Asn Glu Ile

90 95 100
ctg cag cag ctg ctg cag gct ttt ggt gga cct gga cgc acc gcg ttg 451
Leu Gln Gln Leu Leu Gln Ala Phe Gly Gly Pro Gly Arg Thr Ala Leu

105 110 115
gga ttc caa ccc agc tat tcc atg cac cca att ttg gct aaa ggc acc 499
Gly Phe Gln Pro Ser Tyr Ser Met His Pro Ile Leu Ala Lys Gly Thr

120 125 130
cac act gaa ttc att gcg gtg tcc cga ggt gct gat ttc cgc atc gat 547
His Thr Glu Phe Ile Ala Val Ser Arg Gly Ala Asp Phe Arg Ile Asp

135 140 145
atg gat gtg gcg ctg gaa gaa att cgt gca aag cag cct gac att gtt 595
Met Asp Val Ala Leu Glu Glu Ile Arg Ala Lys Gln Pro Asp Ile Val

150 155 160 165
ttt gtc acc acc ccg aac aac ccg acc ggt gat gtg acc tcg ctg gac 643
Phe Val Thr Thr Pro Asn Asn Pro Thr Gly Asp Val Thr Ser Leu Asp

170 175 180
gat gtt gag cgc atc atc aac gtt gcc cca ggc atc gtg atc gtg gat 691
Asp Val Glu Arg Ile Ile Asn Val Ala Pro Gly Ile Val Ile Val Asp

185 190 195
gaa gct tat gcg gaa ttc tcc cca tca cct tca gca acc act ctt ctg 739
Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Ser Pro Ser Pro Ser Ala Thr Thr Leu Leu

200 205 210
gag aag tac cca acc aag ctg gtg gtg tcc cgc acc atg agt aag gct 787
Glu Lys Tyr Pro Thr Lys Leu Val Val Ser Arg Thr Met Ser Lys Ala

215 220 225
ttt gat ttc gca ggt gga cgc ctc ggc tac ttc gtg gcc aac cca gcg 835
Phe Asp Phe Ala Gly Gly Arg Leu Gly Tyr Phe Val Ala Asn Pro Ala

230 235 240 245
ttt atc gac gcc gtg atg cta gtc cgc ctt ccg tat cat ctt tca gcg 883
Phe Ile Asp Ala Val Met Leu Val Arg Leu Pro Tyr His Leu Ser Ala

250 255 260
ctg agc caa gca gcc gca atc gta gcg ctg cgt cac tcc gct gac acg 931
Leu Ser Gln Ala Ala Ala Ile Val Ala Leu Arg His Ser Ala Asp Thr

265 270 275
ctg gga acc gtc gaa aag ctc tct gta gag cgt gtt cgc gtg gca gca 979
Leu Gly Thr Val Glu Lys Leu Ser Val Glu Arg Val Arg Val Ala Ala

280 285 290
cgc ttg gag gaa ctg ggc tac gct gtg gtt cca agt gag tcc aac ttt 1027
Arg Leu Glu Glu Leu Gly Tyr Ala Val Val Pro Ser Glu Ser Asn Phe

295 300 305
gtg ttc ttt gga gat ttc tcc gat cag cac gcg gca tgg cag gca ttt 1075

Val Phe Phe Gly Asp Phe Ser Asp Gln His Ala Ala Trp Gln Ala Phe

310 315 320 325
 ttg gat agg gga gtg ctc atc cgc gat gtg gga atc gct ggg cac ttg 1123
 Leu Asp Arg Gly Val Leu Ile Arg Asp Val Gly Ile Ala Gly His Leu

330 335 340
 cgc act acc att ggt gtg cct gag gaa aat gat gcg ttt ttg gac gca 1171
 Arg Thr Thr Ile Gly Val Pro Glu Glu Asn Asp Ala Phe Leu Asp Ala

345 350 355
 gct gca gag atc atc aag ctg aac ctg taagagagaa gaatttttca 1218
 Ala Ala Glu Ile Ile Lys Leu Asn Leu

360 365
 tga 1221
 <210> 400
 <211> 366
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 400
 Met Thr Lys Ile Thr Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg
 1 5 10 15
 Gly Glu His Ala Tyr Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu
 20 25 30
 Asn Thr Asn Glu Asn Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu
 Val Ala Asp
 35 40 45
 Leu Val Ala Thr Val Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro
 50 55 60
 Glu Arg Asp Ala Val Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr
 65 70 75 80

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

Asp Phe Arg Ile Asp Met Asp Val Ala Leu Glu Glu Ile Arg Ala Lys
 145 150 155 160

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

Thr Met Ser Lys Ala Phe Asp Phe Ala Gly Gly Arg Leu Gly Tyr Phe

[illegible]

tcg att gaa gag tcg att cgt cgc gtc cgc aag gtt cac gct gag caa	403
Ser Ile Glu Glu Ser Ile Arg Arg Val Arg Lys Val His Ala Glu Gln	
90 95 100	
aag cca tcc gag cac acc act gaa ctt tca cca ggt ggc acc gtc act	451
Lys Pro Ser Glu His Thr Thr Glu Leu Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr	
105 110 115	
gag cgt ttc atg ccg att gat cgc gtg gga ctg tac gtt cca ggc ggc	499
Glu Arg Phe Met Pro Ile Asp Arg Val Gly Leu Tyr Val Pro Gly Gly	
120 125 130	
aat gcg gtg tac cca tca agc gtg att atg aat act gtc cca gct caa	547
Asn Ala Val Tyr Pro Ser Ser Val Ile Met Asn Thr Val Pro Ala Gln	
135 140 145	
gag gct ggt gtg aac tcc ctt gtg gtt gcg tcg cct cct cag gct gag	595
Glu Ala Gly Val Asn Ser Leu Val Val Ala Ser Pro Pro Gln Ala Glu	
150 155 160 165	
cac ggt ggc tgg cct cac ccc acc att ttg gcg gcg tgt tcc atc ttg	643
His Gly Gly Trp Pro His Pro Thr Ile Leu Ala Ala Cys Ser Ile Leu	
170 175 180	
ggt gtt gat gag gtg tgg gct gtc ggc ggc ggt cag gcc gtg gcg ttg	691
Gly Val Asp Glu Val Trp Ala Val Gly Gly Gly Gln Ala Val Ala Leu	
185 190 195	
ctg gct tat ggt gat gac gct gca ggt ctc gag cct gtg gat atg atc	739
Leu Ala Tyr Gly Asp Asp Ala Ala Gly Leu Glu Pro Val Asp Met Ile	
200 205 210	
act gga cct ggc aat atc ttt gtc acc gct gcg aag cgc ctg gtc agg	787
Thr Gly Pro Gly Asn Ile Phe Val Thr Ala Ala Lys Arg Leu Val Arg	
215 220 225	
gga gtg gta ggt act gat tct gag gct ggc cct aca gaa atc gct gtg	835
Gly Val Val Gly Thr Asp Ser Glu Ala Gly Pro Thr Glu Ile Ala Val	
230 235 240 245	
ctt gct gat gcc tct gcc aac gcc gtc aac gtt gcc tac gat ctg atc	883
Leu Ala Asp Ala Ser Ala Asn Ala Val Asn Val Ala Tyr Asp Leu Ile	
250 255 260	
agc caa gca gaa cac gat gtc atg gct gcg tcc gtg ctc atc act gac	931
Ser Gln Ala Glu His Asp Val Met Ala Ala Ser Val Leu Ile Thr Asp	
265 270 275	
tcc gag cag ctt gcc aag gac gta aac agg gaa atc gag gcg cgt tac	979
Ser Glu Gln Leu Ala Lys Asp Val Asn Arg Glu Ile Glu Ala Arg Tyr	
280 285 290	
tca atc acg cgc aac gcc gag cgc gtc gca gaa gct ttg cgc ggg gcc	1027
Ser Ile Thr Arg Asn Ala Glu Arg Val Ala Glu Ala Leu Arg Gly Ala	
295 300 305	

cag agt ggc atc gtg ctt gtc gac gac att tcc gtg ggt atc caa gta 1075
Gln Ser Gly Ile Val Leu Val Asp Asp Ile Ser Val Gly Ile Gln Val

310 315 320 325
gcc gat caa tac gca gcg gaa cac ctg gaa atc cac act gag aac gcg 1123
Ala Asp Gln Tyr Ala Ala Glu His Leu Glu Ile His Thr Glu Asn Ala

330 335 340
cgc gcc gta gca gag cag atc acc aac gcg ggt gcg atc ttc gtg ggc 1171
Arg Ala Val Ala Glu Gln Ile Thr Asn Ala Gly Ala Ile Phe Val Gly

345 350 355
gat ttc tca cca gta cca ctg ggt gat tac tcc gca gga tcc aac cac 1219
Asp Phe Ser Pro Val Pro Leu Gly Asp Tyr Ser Ala Gly Ser Asn His

360 365 370
gtg ctg cca acc tct gga tcc gct cgt ttc tcc gca ggt cta tcc acg 1267
Val Leu Pro Thr Ser Gly Ser Ala Arg Phe Ser Ala Gly Leu Ser Thr

375 380 385
cac acg ttc ctt cgc cca gtc aac ctc att gaa tac gat gag gct gct 1315
His Thr Phe Leu Arg Pro Val Asn Leu Ile Glu Tyr Asp Glu Ala Ala

390 395 400 405
ctg aag gac gtc tcg cag gtt gtc atc aac ttt gcc aac gcc gaa gat 1363
Leu Lys Asp Val Ser Gln Val Val Ile Asn Phe Ala Asn Ala Glu Asp

410 415 420
ctt cca gcg cac ggc gaa gca atc cgt gca cgc ttt gaa aac ctc ccc 1411
Leu Pro Ala His Gly Glu Ala Ile Arg Ala Arg Phe Glu Asn Leu Pro

425 430 435
acc acc gac gag gcc taagaaaaat gacaaaaatt act 1449
Thr Thr Asp Glu Ala

440
<210> 402
<211> 442
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 402
Met Leu Asn Val Thr Asp Leu Arg Gly Gln Thr Pro Ser Lys Ser Asp
1 5 10 15
Ile Arg Arg Ala Leu Pro Arg Gly Gly Thr Asp Val Trp Ser Val Leu
20 25 30
Pro Ile Val Gln Pro Val Val Glu Asp Val Gln Asn Arg Gly Ala Glu
35 40 45
Ala Ala
Leu Asp Tyr Gly Glu Lys Phe Asp His Ile Arg Pro Ala Ser
50 55 60
Val Arg Val Pro Ala Glu Val Ile Ala Ala Ala Glu Asn Thr Leu Asp
65 70 75 80

Pro Leu Val Arg Glu Ser Ile Glu Glu Ser Ile Arg Arg Val Arg Lys
85 90 95
Val His Ala Glu Gln Lys Pro Ser Glu His Thr Thr Glu Leu Ser Pro

100 105 110
 Gly Gly Thr Val Thr Glu Arg Phe Met Pro Ile Asp Arg Val Gly Leu
 115 120 125
 Tyr Val Pro Gly Gly Asn Ala Val Tyr Pro Ser Ser Val Ile Met Asn
 130 135 140
 Thr Val Pro Ala Gln Glu Ala Gly Val Asn Ser Leu Val Val Ala Ser
 145 150 155 160
 Pro Pro Gln Ala Glu His Gly Gly Trp Pro His Pro Thr Ile Leu Ala
 165 170 175
 Ala Cys Ser Ile Leu Gly Val Asp Glu Val Trp Ala Val Gly Gly Gly
 180 185 190
 Gln Ala Val Ala Leu Leu Ala Tyr Gly Asp Asp Ala Ala Gly Leu Glu
 195 200 205
 Pro Val Asp Met Ile Thr Gly Pro Gly Asn Ile Phe Val Thr Ala Ala
 210 215 220
 Lys Arg Leu Val Arg Gly Val Val Gly Thr Asp Ser Glu Ala Gly Pro
 225 230 235 240
 Thr Glu Ile Ala Val Leu Ala Asp Ala Ser Ala Asn Ala Val Asn Val
 245 250 255
 Ala Tyr Asp Leu Ile Ser Gln Ala Glu His Asp Val Met Ala Ala Ser
 260 265 270
 Val Leu Ile Thr Asp Ser Glu Gln Leu Ala Lys Asp Val Asn Arg Glu
 275 280 285
 Ile Glu Ala Arg Tyr Ser Ile Thr Arg Asn Ala Glu Arg Val Ala Glu
 290 295 300
 Ala Leu Arg Gly Ala Gln Ser Gly Ile Val Leu Val Asp Asp Ile Ser
 305 310 315 320
 Val Gly Ile Gln Val Ala Asp Gln Tyr Ala Ala Glu His Leu Glu Ile
 325 330 335
 His Thr Glu Asn Ala Arg Ala Val Ala Glu Gln Ile Thr Asn Ala Gly
 340 345 350
 Ala Ile Phe Val Gly Asp Phe Ser Pro Val Pro Leu Gly Asp Tyr Ser
 355 360 365
 Ala Gly Ser Asn His Val Leu Pro Thr Ser Gly Ser Ala Arg Phe Ser
 370 375 380
 Ala Gly Leu Ser Thr His Thr Phe Leu Arg Pro Val Asn Leu Ile Glu
 385 390 395 400
 Tyr Asp Glu Ala Ala Leu Lys Asp Val Ser Gln Val Val Ile Asn Phe
 405 410 415
 Ala Asn Ala Glu Asp Leu Pro Ala His Gly Glu Ala Ile Arg Ala Arg
 420 425 430
 Phe Glu Asn Leu Pro Thr Thr Asp Glu Ala

435 440
 <210> 403
 <211> 876
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(853)

<223> RXC00930

<400> 403

acggcgcacc acacatttgg tgggtgtattg agctatctct gggctgctg agaaaccatt 60
ttccggtgga tgatggaagc tagacgacga aaggagcat atg tct ggc cac tca 115
Met Ser Gly His Ser

1 5
aaa tgg gcg act acc aag cac aag aag gct gct aac gac gcc aag cga 163
Lys Trp Ala Thr Thr Lys His Lys Lys Ala Ala Asn Asp Ala Lys Arg

10 15 20
ggc aag gaa ttt gcc aag ctg atc aag aac atc gaa gtt gcg gca cgt 211
Gly Lys Glu Phe Ala Lys Leu Ile Lys Asn Ile Glu Val Ala Ala Arg

25 30 35
aca ggc ggt gga gat ccg tct gcg aac cca acg ctt gat gac atg atc 259
Thr Gly Gly Gly Asp Pro Ser Ala Asn Pro Thr Leu Asp Asp Met Ile

40 45 50
aag aaa gcc aag aag gct tct gtg ccg aac gat aac atc gaa cgt gca 307
Lys Lys Ala Lys Lys Ala Ser Val Pro Asn Asp Asn Ile Glu Arg Ala

55 60 65
cgc aag cgt ggc tcc ggc gaa gaa gct ggt ggc gct gac tgg atg aac 355
Arg Lys Arg Gly Ser Gly Glu Glu Ala Gly Gly Ala Asp Trp Met Asn

70 75 80 85
atc atg tac gag gga tac ggc ccc aac ggc gtt gcc atg ctt atc gag 403
Ile Met Tyr Glu Gly Tyr Gly Pro Asn Gly Val Ala Met Leu Ile Glu

90 95 100
tgt ctg acc gac aac cgt aac cgc gca gct acc gaa gtt cgc acc gca 451
Cys Leu Thr Asp Asn Arg Asn Arg Ala Ala Thr Glu Val Arg Thr Ala

105 110 115
atg acc aaa aac ggt ggc aac ttg ggc gag tcc ggt tcc gtg tcc tac 499
Met Thr Lys Asn Gly Gly Asn Leu Gly Glu Ser Gly Ser Val Ser Tyr

120 125 130
atg ttc acc cgc acc ggt gtc gtc acc gta caa aag ggc gat ctt agt 547
Met Phe Thr Arg Thr Gly Val Val Thr Val Gln Lys Gly Asp Leu Ser

135 140 145
gaa gat gac gtg ctc atg gct gtt ctt gaa gct ggt gct gaa gaa gtc 595
Glu Asp Asp Val Leu Met Ala Val Leu Glu Ala Gly Ala Glu Glu Val

150 155 160 165
aac gac aac ggc gat ctg ttc gag gtt acc tgc gca cca act gac att 643
Asn Asp Asn Gly Asp Leu Phe Glu Val Thr Cys Ala Pro Thr Asp Ile

170 175 180
cag gct gtt cgc gac gca ctc gtg gaa gct ggc att gaa gta gaa gat 691

Gln Ala Val Arg Asp Ala Leu Val Glu Ala Gly Ile Glu Val Glu Asp

185 190 195
tct gaa tca gac ttc cgg gca tct gtt cag gtc ccc ctg gac gct gac 739
Ser Glu Ser Asp Phe Arg Ala Ser Val Gln Val Pro Leu Asp Ala Asp

200 205 210
ggc gca cgc aag atc ttc aag ctt gtg gac gcg ttg gaa gat tcc gac 787
Gly Ala Arg Lys Ile Phe Lys Leu Val Asp Ala Leu Glu Asp Ser Asp

215 220 225
gat gtg caa aac gtc tac acc aac atc gac ttg agc gat gag gtt ttg 835
Asp Val Gln Asn Val Tyr Thr Asn Ile Asp Leu Ser Asp Glu Val Leu

230 235 240 245
aca gag ctg gaa aac gac tagttcgtat tttccgcact ccg 876
Thr Glu Leu Glu Asn Asp

250
<210> 404
<211> 251
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 404

Met Ser Gly His Ser Lys Trp Ala Thr Thr Lys His Lys Lys Ala Ala
1 5 10 15
Asn Asp Ala Lys Arg Gly Lys Glu Phe Ala Lys Leu Ile Lys Asn Ile
20 25 30
Glu Val Ala Ala Arg Thr Gly Gly Gly Asp Pro Ser Ala Asn Pro Thr
35 40 45
Leu
Asp Asp Met Ile Lys Lys Ala Lys Lys Ala Ser Val Pro Asn Asp
50 55 60
Asn Ile Glu Arg Ala Arg Lys Arg Gly Ser Gly Glu Glu Ala Gly Gly
65 70 75 80

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

Lys Gly Asp Leu Ser Glu Asp Asp Val Leu Met Ala Val Leu Glu Ala
145 150 155 160

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

Leu Glu Asp Ser Asp Asp Val Gln Asn Val Tyr Thr Asn Ile Asp Leu
 225 230 235 240

Ser Asp Glu Val Leu Thr Glu Leu Glu Asn Asp
 245 250

<210> 405
 <211> 547
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(547)
 <223> RXC01096
 <400> 405

accgtgaaac aaaccggcgg tgcgtgccac actggtgccc acacatgttt cgacaatgac 60
 gttttgctgt aaaagcaaca acgattaagg aagaaatctt atg aag cca cgc gtg 115
 Met Lys Pro Arg Val

1 5
 ctg tca gca tta ggc att gga gct ggc gcc ctg gtt gtc tgg atc agc 163
 Leu Ser Ala Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ala Leu Val Val Trp Ile Ser

10 15 20
 tca cgc atg aac tgg gta acc atc gag gct ttc gac gat aaa tca ggt 211
 Ser Arg Met Asn Trp Val Thr Ile Glu Ala Phe Asp Asp Lys Ser Gly

25 30 35
 agt gtc acc caa tct att gtg ggt gca acc tgg tct aca gaa atc atg 259
 Ser Val Thr Gln Ser Ile Val Gly Ala Thr Trp Ser Thr Glu Ile Met

40 45 50
 gcg ctt gca ctt gct ttg ctc gct gcc ttc gcc gcc gcg ttg gtg ctc 307
 Ala Leu Ala Leu Ala Leu Leu Ala Ala Phe Ala Ala Ala Leu Val Leu

55 60 65
 aag cgc atg ggt cgg cgc atc att ggt ggt att tcg gcg ctg atc gcg 355
 Lys Arg Met Gly Arg Arg Ile Ile Gly Gly Ile Ser Ala Leu Ile Ala

70 75 80 85
 gtg ggt gcc agc ctg tct cca ctc gcg ctt ctc acc caa gac cca gac 403
 Val Gly Ala Ser Leu Ser Pro Leu Ala Leu Leu Thr Gln Asp Pro Asp

90 95 100
 gca gaa cgg gcc cga acc ctg ctg acc tcc ggt gtg gcc tca cag aag 451
 Ala Glu Arg Ala Arg Thr Leu Leu Thr Ser Gly Val Ala Ser Gln Lys

105 110 115
 gct aat tcc gga acc ctg ctg tct gat tgg gcg gag atc atc aat acc 499
 Ala Asn Ser Gly Thr Leu Leu Ser Asp Trp Ala Glu Ile Ile Asn Thr

120 125 130
 acc acc cat cca ctg gcg gca gtg gta gcc atg att ggc tgc gcg cta 547
 Thr Thr His Pro Leu Ala Ala Val Val Ala Met Ile Gly Cys Ala Leu

135 140 145

<210> 406
 <211> 149
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 406
 Met Lys Pro Arg Val Leu Ser Ala Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ala Leu
 1 5 10 15
 Val Val Trp Ile Ser Ser Arg Met Asn Trp Val Thr Ile Glu Ala Phe
 20 25 30
 Asp Asp Lys Ser Gly Ser Val Thr Gln Ser Ile Val Gly Ala Thr Trp
 35 40
 45
 Ser Thr Glu Ile Met Ala Leu Ala Leu Ala Leu Leu Ala Ala Phe Ala
 50 55 60
 Ala Ala Leu Val Leu Lys Arg Met Gly Arg Arg Ile Ile Gly Gly Ile
 65 70 75 80
 Ser Ala Leu Ile Ala Val Gly Ala Ser Leu Ser Pro Leu Ala Leu Leu
 85 90 95
 Thr Gln Asp Pro Asp Ala Glu Arg Ala Arg Thr Leu Leu Thr Ser Gly
 100 105 110
 Val Ala Ser Gln Lys Ala Asn Ser Gly Thr Leu Leu Ser Asp Trp Ala
 115 120 125
 Glu Ile Ile Asn Thr Thr Thr His Pro Leu Ala Ala Val Val Ala Met
 130 135 140
 Ile Gly Cys Ala Leu
 145
 <210> 407
 <211> 1020
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(997)
 <223> RXC01656
 <400> 407
 tcggcaagca tggcttcacg gtcctcaaaa aagtgggtcta atgcaagtga ctgaaagtgg 60
 atctaccgct agtccacttt gtggcggttg atcatctgtc atg acc gaa act caa 115
 Met Thr Glu Thr Gln
 1 5
 gaa act tac caa gca acc act cgt gtg aag cgc ggc ctt gcc gac atg 163
 Glu Thr Tyr Gln Ala Thr Thr Arg Val Lys Arg Gly Leu Ala Asp Met
 10 15 20
 ctc aag ggt ggt gtg atc atg gat gtg gtc acc cct gaa caa gcg cgc 211
 Leu Lys Gly Gly Val Ile Met Asp Val Val Thr Pro Glu Gln Ala Arg
 25 30 35
 atc gcc gaa gat gca ggt gcc agc gca gtt atg gca ctc gag cgc gtt 259
 Ile Ala Glu Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Met Ala Leu Glu Arg Val
 40 45 50
 ccc gcc gat atc cgt tct cag ggc ggc gtt gct cgc atg agt gat cct 307

Pro Ala Asp Ile Arg Ser Gln Gly Gly Val Ala Arg Met Ser Asp Pro

55 60 65 355
gac ctg atc gaa gga atc gtc aat gcg gtc tcc atc ccg gtc atg gcg
Asp Leu Ile Glu Gly Ile Val Asn Ala Val Ser Ile Pro Val Met Ala

70 75 80 85 403
aaa gct cgc atc ggt cac ttc gtg gaa gct cag gtt ctg gaa gct ctc
Lys Ala Arg Ile Gly His Phe Val Glu Ala Gln Val Leu Glu Ala Leu

90 95 100 451
ggt gtt gat ttc atc gac gag tcc gaa gtt ctc agc cct gcc gac tac
Gly Val Asp Phe Ile Asp Glu Ser Glu Val Leu Ser Pro Ala Asp Tyr

105 110 115 499
acg cac cac atc aac aag tgg aag ttc gac gtt cct ttc gtc tgt ggc
Thr His His Ile Asn Lys Trp Lys Phe Asp Val Pro Phe Val Cys Gly

120 125 130 547
gcg acc aac ctc ggc gaa gct ttg cga cgc atc acc gaa ggc gct gca
Ala Thr Asn Leu Gly Glu Ala Leu Arg Arg Ile Thr Glu Gly Ala Ala

135 140 145 595
atg atc cgt tcc aag ggc gaa gcc ggc acc ggc gat gtc tct gaa gct
Met Ile Arg Ser Lys Gly Glu Ala Gly Thr Gly Asp Val Ser Glu Ala

150 155 160 165 643
gtc cgt cac ctg cgc acc atc cgc ggc gac atc aat cgc ctg cgc tcc
Val Arg His Leu Arg Thr Ile Arg Gly Asp Ile Asn Arg Leu Arg Ser

170 175 180 691
ctg gat gag gat gaa ctc ttc gtc gcc gcc aag gaa ttc cag gca cca
Leu Asp Glu Asp Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Glu Phe Gln Ala Pro

185 190 195 739
tac gac ctg gtc cgc gaa gtc gcc tcc acc ggc aag ctc cct gtg gtc
Tyr Asp Leu Val Arg Glu Val Ala Ser Thr Gly Lys Leu Pro Val Val

200 205 210 787
acc ttc gtt gca ggt ggc gtc gca acc cca gcc gac gct gca ctc gtg
Thr Phe Val Ala Gly Gly Val Ala Thr Pro Ala Asp Ala Ala Leu Val

215 220 225 835
cgc caa atg ggc gcc gaa ggc gtc ttt gtc ggc tcc ggc atc ttc aaa
Arg Gln Met Gly Ala Glu Gly Val Phe Val Gly Ser Gly Ile Phe Lys

230 235 240 245 883
tcc ggc aat cca gcc gcc cgc gcc gca gcg atc gtc aag gct gca acg
Ser Gly Asn Pro Ala Ala Arg Ala Ala Ala Ile Val Lys Ala Ala Thr

250 255 260 931
ctt ttc gac gac ccc tcc gtc att gcc gac gta tcc cgc ggc ctg ggt
Leu Phe Asp Asp Pro Ser Val Ile Ala Asp Val Ser Arg Gly Leu Gly

265 270 275 979
gaa gcc atg gtg ggc atc aac gta tcc gac gtt cca gca cca cac cga

Glu Ala Met Val Gly Ile Asn Val Ser Asp Val Pro Ala Pro His Arg

280 285 290
ctc gcc gag cgc ggc tgg tgatcgttgg agtttttagct ctc 1020
Leu Ala Glu Arg Gly Trp

295
<210> 408
<211> 299
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 408
Met Thr Glu Thr Gln Glu Thr Tyr Gln Ala Thr Thr Arg Val Lys Arg
1 5 10 15
Gly Leu Ala Asp Met Leu Lys Gly Gly Val Ile Met Asp Val Val Thr
20 25 30
Pro Glu Gln Ala Arg Ile Ala Glu Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Met
35 40 45
Ala
Leu Glu Arg Val Pro Ala Asp Ile Arg Ser Gln Gly Gly Val Ala
50 55 60
Arg Met Ser Asp Pro Asp Leu Ile Glu Gly Ile Val Asn Ala Val Ser
65 70 75 80

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

Thr Glu Gly Ala Ala Met Ile Arg Ser Lys Gly Glu Ala Gly Thr Gly
145 150 155 160

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

Asp Ala Ala Leu Val Arg Gln Met Gly Ala Glu Gly Val Phe Val Gly
225 230 235 240

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

290 295

<210> 409
 <211> 1065
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1042)
 <223> RXC01158
 <400> 409

taggacgttc aaggaattgg ctgaatcaac aagcgccaag gtgggttaagc gccctcggcg 60
 agttatctca aaaaagaaga agaagtctcc tacgggagag atg tcc att gtt gag 115
 Met Ser Ile Val Glu

1 5
 cac atc aaa gag ttt cga cgc cga ctt ctt atc gct ctg gcg ggc atc 163
 His Ile Lys Glu Phe Arg Arg Arg Leu Leu Ile Ala Leu Ala Gly Ile

10 15 20
 ctc gtg ggc acc att atc ggc ttt att tgg tac gat ttc tca ttt tgg 211
 Leu Val Gly Thr Ile Ile Gly Phe Ile Trp Tyr Asp Phe Ser Phe Trp

25 30 35
 cag atc ccc act ttg ggc gag ctg ctg agg gat ccg tac tgt tct ctg 259
 Gln Ile Pro Thr Leu Gly Glu Leu Leu Arg Asp Pro Tyr Cys Ser Leu

40 45 50
 cct gct gaa tcc cgc tgg gcc atg agc gac tca gag gaa tgt cga ctg 307
 Pro Ala Glu Ser Arg Trp Ala Met Ser Asp Ser Glu Glu Cys Arg Leu

55 60 65
 ctc gca acc ggc ccg ttt gat cca ttc atg ctt cgc ctt aaa gta gcg 355
 Leu Ala Thr Gly Pro Phe Asp Pro Phe Met Leu Arg Leu Lys Val Ala

70 75 80 85
 gcg ttg gtg ggt atg gtt ctt ggc tca ccc gtg tgg ctg agc cag ctg 403
 Ala Leu Val Gly Met Val Leu Gly Ser Pro Val Trp Leu Ser Gln Leu

90 95 100
 tgg ggc ttt atc acc cca ggt ttg atg aag aat gag cgc cgt tac acc 451
 Trp Gly Phe Ile Thr Pro Gly Leu Met Lys Asn Glu Arg Arg Tyr Thr

105 110 115
 gca atc ttc gtc acg att gct gtt gtg ctg ttt gtc ggc ggt gct gtt 499
 Ala Ile Phe Val Thr Ile Ala Val Val Leu Phe Val Gly Gly Ala Val

120 125 130
 ctt gcg tac ttc gtc gtt gca tat ggt ttg gag ttc ctc ctt acc att 547
 Leu Ala Tyr Phe Val Val Ala Tyr Gly Leu Glu Phe Leu Leu Thr Ile

135 140 145
 ggt gga gac acc cag gca gcg gcc ctg act ggt gat aag tac ttc gga 595
 Gly Gly Asp Thr Gln Ala Ala Ala Leu Thr Gly Asp Lys Tyr Phe Gly

150 155 160 165

ttc ttg ctc gcg ttg ttg gcg att ttc ggc gtg agc ttc gaa gtt cca 643
 Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ala Ile Phe Gly Val Ser Phe Glu Val Pro

 170 175 180
 ctg gtg atc ggc atg ctc aac att gtg ggt atc ttg cct tac gat gcc 691
 Leu Val Ile Gly Met Leu Asn Ile Val Gly Ile Leu Pro Tyr Asp Ala

 185 190 195
 att aaa gat aag cga cgc atg atc atc atg att ttg ttc gtg ttc gct 739
 Ile Lys Asp Lys Arg Arg Met Ile Ile Met Ile Leu Phe Val Phe Ala

 200 205 210
 gct ttc atg aca ccc ggc cag gat cct ttc acc atg ttg gtg ttg gcg 787
 Ala Phe Met Thr Pro Gly Gln Asp Pro Phe Thr Met Leu Val Leu Ala

 215 220 225
 ctt tca ctc acc gtt ctg gta gag ctt gcc ctg cag ttc tgt cgc ttc 835
 Leu Ser Leu Thr Val Leu Val Glu Leu Ala Leu Gln Phe Cys Arg Phe

 230 235 240 245
 aac gac aaa cgc cgg gac aag aag cgc cca gaa tgg ctt gat ggc gat 883
 Asn Asp Lys Arg Arg Asp Lys Lys Arg Pro Glu Trp Leu Asp Gly Asp

 250 255 260
 gac ctc tct gca tca cca ctg gat act tct gct ggt gga gaa gat gct 931
 Asp Leu Ser Ala Ser Pro Leu Asp Thr Ser Ala Gly Gly Glu Asp Ala

 265 270 275
 cca agc cca gtc gaa acc cca gag gcg gtg gag cct tcg cgg atg ctg 979
 Pro Ser Pro Val Glu Thr Pro Glu Ala Val Glu Pro Ser Arg Met Leu

 280 285 290
 aac cca agt ggg gag gcg tcg ata agc tat aaa ccc ggg cgc gcc gac 1027
 Asn Pro Ser Gly Glu Ala Ser Ile Ser Tyr Lys Pro Gly Arg Ala Asp

 295 300 305
 ttc ggt gac gtg ctc tagggcctag ccaggtaccc tta 1065
 Phe Gly Asp Val Leu

310

<210> 410

<211> 314

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 410

Met Ser Ile Val Glu His Ile Lys Glu Phe Arg Arg Arg Leu Leu Ile

1 5 10 15

Ala Leu Ala Gly Ile Leu Val Gly Thr Ile Ile Gly Phe Ile Trp Tyr

20 25 30

Asp Phe Ser Phe Trp Gln Ile Pro Thr Leu Gly Glu Leu Leu Arg Asp

35 40 45

Pro Tyr

Cys Ser Leu Pro Ala Glu Ser Arg Trp Ala Met Ser Asp Ser

50 55 60

Glu Glu Cys Arg Leu Leu Ala Thr Gly Pro Phe Asp Pro Phe Met Leu

65	70	75	80
Arg Leu Lys Val Ala Ala Leu Val Gly Met Val Leu Gly Ser Pro Val			
85	90	95	
Trp Leu Ser Gln Leu Trp Gly Phe Ile Thr Pro Gly Leu Met Lys Asn			
100	105	110	
Glu Arg Arg Tyr Thr Ala Ile Phe Val Thr Ile Ala Val Val Leu Phe			
115	120	125	
Val Gly Gly Ala Val Leu Ala Tyr Phe Val Val Ala Tyr Gly Leu Glu			
130	135	140	
Phe Leu Leu Thr Ile Gly Gly Asp Thr Gln Ala Ala Ala Leu Thr Gly			
145	150	155	160
Asp Lys Tyr Phe Gly Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ala Ile Phe Gly Val			
165	170	175	
Ser Phe Glu Val Pro Leu Val Ile Gly Met Leu Asn Ile Val Gly Ile			
180	185	190	
Leu Pro Tyr Asp Ala Ile Lys Asp Lys Arg Arg Met Ile Ile Met Ile			
195	200	205	
Leu Phe Val Phe Ala Ala Phe Met Thr Pro Gly Gln Asp Pro Phe Thr			
210	215	220	
Met Leu Val Leu Ala Leu Ser Leu Thr Val Leu Val Glu Leu Ala Leu			
225	230	235	240
Gln Phe Cys Arg Phe Asn Asp Lys Arg Arg Asp Lys Lys Arg Pro Glu			
245	250	255	
Trp Leu Asp Gly Asp Asp Leu Ser Ala Ser Pro Leu Asp Thr Ser Ala			
260	265	270	
Gly Gly Glu Asp Ala Pro Ser Pro Val Glu Thr Pro Glu Ala Val Glu			
275	280	285	
Pro Ser Arg Met Leu Asn Pro Ser Gly Glu Ala Ser Ile Ser Tyr Lys			
290	295	300	
Pro Gly Arg Ala Asp Phe Gly Asp Val Leu			
305	310		
<210> 411			
<211> 1413			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1390)			
<223> RXA02458			
<400> 411			
ttgcggagcc acgactgac ggtcaagtgc tatctcgggt gcatcaataa gcgaatcacc	60		
ggtggtgaac aaaacaaatc ttccacacat aacatctatt atg gtc ttt gtg tct	115		
Met Val Phe Val Ser			
1	5		
gat tgc tct atc tct ttg ccc att tgg gat gct ccg cgc gct cgc ggc	163		
Asp Ser Ser Ile Ser Leu Pro Ile Trp Asp Ala Pro Arg Ala Arg Gly			

10	15	20	
ccc ata gtc tgc gac ctg gct atc cct ggt tcc aag tgc atc acc aac	211		
Pro Ile Val Ser Asp Leu Ala Ile Pro Gly Ser Lys Ser Ile Thr Asn			
25	30	35	
cgc gcc ctc atc ttg gct gcg ctc gca tca act cca tcc acc atc att	259		
Arg Ala Leu Ile Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr Pro Ser Thr Ile Ile			
40	45	50	
gat gtc ctt cgt agt cgt gat acc gat ctc atg act gat ggt cta cgc	307		
Asp Val Leu Arg Ser Arg Asp Thr Asp Leu Met Thr Asp Gly Leu Arg			
55	60	65	
agc ctc gga atc acc att act gaa gag gca gtc gat cgc tac cgc gtt	355		
Ser Leu Gly Ile Thr Ile Thr Glu Glu Ala Val Asp Arg Tyr Arg Val			
70	75	80	85
gag ccc gga cag ttg tct gct ggc tcc gtt gag tgt ggt ctt gct ggt	403		
Glu Pro Gly Gln Leu Ser Ala Gly Ser Val Glu Cys Gly Leu Ala Gly			
90	95	100	
acg gtc atg cgc ttt ttg cct cct gtt gct gct ttc gct gat ggt cct	451		
Thr Val Met Arg Phe Leu Pro Pro Val Ala Ala Phe Ala Asp Gly Pro			
105	110	115	
gtt cat ttt gat ggc gat cct caa gct cgt gtt cgt ccg atg acc agc	499		
Val His Phe Asp Gly Asp Pro Gln Ala Arg Val Arg Pro Met Thr Ser			
120	125	130	
att ttg gat gcg ctg cgt tgc ctt ggt gtg gag gta gac aac aac aat	547		
Ile Leu Asp Ala Leu Arg Ser Leu Gly Val Glu Val Asp Asn Asn Asn			
135	140	145	
ctg cct ttc act gtt aat gct ggt gag gtc cct gag ggt ggc gtg gtt	595		
Leu Pro Phe Thr Val Asn Ala Gly Glu Val Pro Glu Gly Gly Val Val			
150	155	160	165
gag att gat gct tcc ggc tca tct cag ttt gtt tct ggt ctt ttg ctt	643		
Glu Ile Asp Ala Ser Gly Ser Ser Gln Phe Val Ser Gly Leu Leu Leu			
170	175	180	
tca gcg cct cgt ttt aaa aat ggc gtc acc gtt aag cac gtc ggt ggt	691		
Ser Ala Pro Arg Phe Lys Asn Gly Val Thr Val Lys His Val Gly Gly			
185	190	195	
cgt ctg ccg agc atg ccg cat att gag atg acc gtc gat atg ctt cgt	739		
Arg Leu Pro Ser Met Pro His Ile Glu Met Thr Val Asp Met Leu Arg			
200	205	210	
tcc gca ggc att gag atc gaa gag tca gaa aat cag tgg gtt gtt cat	787		
Ser Ala Gly Ile Glu Ile Glu Glu Ser Glu Asn Gln Trp Val Val His			
215	220	225	
cct ggt gag atc ttg ggt cgg acc tgg cgc att gag ccg gat ctt tct	835		

Pro Gly Glu Ile Leu Gly Arg Thr Trp Arg Ile Glu Pro Asp Leu Ser

230 235 240 245
aat gcg act ccg ttc cta gct gcc gct gcg gtc act ggt gga acc atc 883
Asn Ala Thr Pro Phe Leu Ala Ala Ala Val Thr Gly Gly Thr Ile

250 255 260
aag att aac cac tgg cca atc aaa act act cag cct ggc gat gct att 931
Lys Ile Asn His Trp Pro Ile Lys Thr Thr Gln Pro Gly Asp Ala Ile

265 270 275
cgt tcg att ctt gag cgc atg gcc tgc gaa gtt gag ctg gtt gct cag 979
Arg Ser Ile Leu Glu Arg Met Gly Cys Glu Val Glu Leu Val Ala Gln

280 285 290
ggg gaa ggt tac gat ctg tcg gtg act ggt ccg gtt gct ctc aag gcc 1027
Gly Glu Gly Tyr Asp Leu Ser Val Thr Gly Pro Val Ala Leu Lys Gly

295 300 305
att gag atc gat atg tcc gat atc ggt gag ttg acc cct acc gtg gcg 1075
Ile Glu Ile Asp Met Ser Asp Ile Gly Glu Leu Thr Pro Thr Val Ala

310 315 320 325
gcg ttg gct gcg ttg gcg tcg aca gag tct cgt ttg acc ggt att gct 1123
Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr Glu Ser Arg Leu Thr Gly Ile Ala

330 335 340
cat ctt cgt gcc cat gag acg gat cgt ttg gct gcg ttg act gcg gag 1171
His Leu Arg Gly His Glu Thr Asp Arg Leu Ala Ala Leu Thr Ala Glu

345 350 355
atc aac aaa ctt ggt gga aag tgc act gag ctt aag gat ggt ctg ttg 1219
Ile Asn Lys Leu Gly Gly Lys Cys Thr Glu Leu Lys Asp Gly Leu Leu

360 365 370
att gag cct gcg tcg ctg cac ggt ggt gtg tgg cat tca tat gct gat 1267
Ile Glu Pro Ala Ser Leu His Gly Gly Val Trp His Ser Tyr Ala Asp

375 380 385
cac cgt atg gct act gct ggt gcg atc att gcc ctc gcg gtt gat gcc 1315
His Arg Met Ala Thr Ala Gly Ala Ile Ile Gly Leu Ala Val Asp Gly

390 395 400 405
gtt cag gtt gaa gac att aag acc act tcc aaa act ttc cct ggt ttt 1363
Val Gln Val Glu Asp Ile Lys Thr Thr Ser Lys Thr Phe Pro Gly Phe

410 415 420
gaa aat gtt tgg gag gag atg gtt gcc tagacgcagc tatgacgaat 1410
Glu Asn Val Trp Glu Glu Met Val Gly

425 430
ccg 1413

<210> 412
<211> 430
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 412

```

Met Val Phe Val Ser Asp Ser Ser Ile Ser Leu Pro Ile Trp Asp Ala
  1           5           10           15
Pro Arg Ala Arg Gly Pro Ile Val Ser Asp Leu Ala Ile Pro Gly Ser
          20           25           30
Lys Ser Ile Thr Asn Arg Ala Leu Ile Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr
      35           40
          45
Pro Ser Thr Ile Ile Asp Val Leu Arg Ser Arg Asp Thr Asp Leu Met
      50           55           60
Thr Asp Gly Leu Arg Ser Leu Gly Ile Thr Ile Thr Glu Glu Ala Val
      65           70           75           80

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

Val Asp Asn Asn Asn Leu Pro Phe Thr Val Asn Ala Gly Glu Val Pro
      145          150          155          160

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

Gln Trp Val Val His Pro Gly Glu Ile Leu Gly Arg Thr Trp Arg Ile
      225          230          235          240

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

Val Ala Leu Lys Gly Ile Glu Ile Asp Met Ser Asp Ile Gly Glu Leu
      305          310          315          320

Thr Pro Thr Val Ala Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr Glu Ser Arg
          325          330          335
Leu Thr Gly Ile Ala His Leu Arg Gly His Glu Thr Asp Arg Leu Ala
          340          345          350
Ala Leu Thr Ala Glu Ile Asn Lys Leu Gly Gly Lys Cys Thr Glu Leu
          355          360          365
Lys Asp Gly Leu Leu Ile Glu Pro Ala Ser Leu His Gly Gly Val Trp
          370          375          380

```

His Ser Tyr Ala Asp His Arg Met Ala Thr Ala Gly Ala Ile Ile Gly
385 390 395 400

Leu Ala Val Asp Gly Val Gln Val Glu Asp Ile Lys Thr Thr Ser Lys
405 410 415
Thr Phe Pro Gly Phe Glu Asn Val Trp Glu Glu Met Val Gly

420 425 430

<210> 413
<211> 1266
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1243)
<223> RXA02790
<400> 413

tggatgctcg caccgagcc cttgaaccac aatccacaga cacccaagat ttcgacgaga 60
agggaattt cccagatga accaatccg aaaccgccgg atg gag ccc gtc tac 115
Met Glu Pro Val Tyr

1 5
gta aag cgc cgc caa cgg ttt att gcc gtg acg atc gct tca ctc atc 163
Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr Ile Ala Ser Leu Ile

10 15 20
ctc att atc ggt gcc atc atc tat atc ggt gta gcc acc tca aac cgg 211
Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val Ala Thr Ser Asn Arg

25 30 35
acg cca cat gac tat gaa ggc tcc gga aac ggt gtg gtt cag ctg gtc 259
Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly Val Val Gln Leu Val

40 45 50
gaa atc cct gaa ggt tcc tcc ata tca gag ctc ggc cca gag ttg gaa 307
Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu Gly Pro Glu Leu Glu

55 60 65
gaa cga gat atc gtg gcc acc aac tca gcg ttc caa aca gcg gcc agc 355
Glu Arg Asp Ile Val Ala Thr Asn Ser Ala Phe Gln Thr Ala Ala Ser

70 75 80 85
aac aac ccc aac gcg ggt agt gta cag cca ggt ttc tac cgt ctg cag 403
Asn Asn Pro Asn Ala Gly Ser Val Gln Pro Gly Phe Tyr Arg Leu Gln

90 95 100
gaa caa atg aac gca gca gct gca gtg tgc gct ctg ctt gat cca gac 451
Glu Gln Met Asn Ala Ala Ala Val Ser Ala Leu Leu Asp Pro Asp

105 110 115
aac cag gtt gat ctc ctc gac att cac ggc ggc gcc acc ttg atg gac 499
Asn Gln Val Asp Leu Leu Asp Ile His Gly Gly Ala Thr Leu Met Asp

120 125 130

gtc act gtt gtc ggc gga aac acc cgc gcg gga atc tac tcc cag atc 547
Val Thr Val Val Gly Gly Asn Thr Arg Ala Gly Ile Tyr Ser Gln Ile

135 140 145
gcc gcc gtg acc tgc acc gaa ggc tcc gcc aac tgc atc acc gct gag 595
Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn Cys Ile Thr Ala Glu

150 155 160 165
gat ttg cag cag gtt gcc tcc acc gtg tgc cct gca gaa ttg ggt gtc 643
Asp Leu Gln Gln Val Ala Ser Thr Val Ser Pro Ala Glu Leu Gly Val

170 175 180
cca gat tgg gca atc gct gct gtg gaa gct cgc gga act gat cca aag 691
Pro Asp Trp Ala Ile Ala Ala Val Glu Ala Arg Gly Thr Asp Pro Lys

185 190 195
cgc ctc gaa ggc ctg atc atg cct ggc caa tac gtg gtg gat cca tcc 739
Arg Leu Glu Gly Leu Ile Met Pro Gly Gln Tyr Val Val Asp Pro Ser

200 205 210
aac gac gcc cag gga atc ctc acc gat ctg atc acg cga tca gca aac 787
Asn Asp Ala Gln Gly Ile Leu Thr Asp Leu Ile Thr Arg Ser Ala Asn

215 220 225
cat ttc caa gaa acc gac atc acg ggc cgt gca gat gcc atc gga ctt 835
His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala Asp Ala Ile Gly Leu

230 235 240 245
act cca tat gag ctg gtc acc gca gca tct tta atc gag cgc gaa gca 883
Thr Pro Tyr Glu Leu Val Thr Ala Ala Ser Leu Ile Glu Arg Glu Ala

250 255 260
cca gca gga gat ttt gat aag gtc gcc cgc gtc atc ttg aac cgt ctc 931
Pro Ala Gly Asp Phe Asp Lys Val Ala Arg Val Ile Leu Asn Arg Leu

265 270 275
gcc gag cca atg cag ctg caa ttc gac tcc acc gtc aac tac ggt ctg 979
Ala Glu Pro Met Gln Leu Gln Phe Asp Ser Thr Val Asn Tyr Gly Leu

280 285 290
tct gaa caa gaa gta gca acc acc gac gaa gac cgt cag acc gtc acc 1027
Ser Glu Gln Glu Val Ala Thr Thr Asp Glu Asp Arg Gln Thr Val Thr

295 300 305
cca tgg aac act tac gcc atg gac ggc ctg cca caa acc ccc atc gcc 1075
Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro Gln Thr Pro Ile Ala

310 315 320 325
gca gta tcc acc gaa gca ctc caa gcc atg gaa aac cct gca gaa gga 1123
Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu Asn Pro Ala Glu Gly

330 335 340
aac tgg ctg tac ttt gtc acc atc gac acc gat gga acc acc gtg ttc 1171
Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp Gly Thr Thr Val Phe

345 350 355


```

aac gac acc ttc gaa gag cac gaa gcc gac att gag caa gct ttg aac 1219
Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile Glu Gln Ala Leu Asn

          360          365          370
agt ggc gtt cta gac agc aac cga taaggatcag cgaataaaat tgg 1266
Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg

          375          380
<210> 414
<211> 381
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 414
Met Glu Pro Val Tyr Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr
  1             5             10             15
Ile Ala Ser Leu Ile Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val
          20             25             30
Ala Thr Ser Asn Arg Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly
          35             40             45

Val Val Gln Leu Val Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu
  50             55             60
Gly Pro Glu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Val Ala Thr Asn Ser Ala Phe
  65             70             75             80

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

Ile Tyr Ser Gln Ile Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn
145             150             155             160

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

Thr Arg Ser Ala Asn His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala
225             230             235             240

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

```

Arg Gln Thr Val Thr Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro
305 310 315 320

Gln Thr Pro Ile Ala Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu
325 330 335
Asn Pro Ala Glu Gly Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp
340 345 350
Gly Thr Thr Val Phe Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile
355 360 365
Glu Gln Ala Leu Asn Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg

370 375 380

<210> 415
<211> 644
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(621)
<223> RXN00954
<400> 415

gct gtg aag tgg ttc gaa gcg tcc aac ttc acc ttc ctg ttc gca cct 48
Ala Val Lys Trp Phe Glu Ala Ser Asn Phe Thr Phe Leu Phe Ala Pro

1 5 10 15
gcg tac aac cct gcg att gcg cat gtg cag ccg gtt cgc cag gcg ctg 96
Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro Val Arg Gln Ala Leu

20 25 30
aaa ttc ccc acc atc ttc aac acg ctt gga cca ttg ctg tcc ccg gcg 144
Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr Leu Gly Pro Leu Leu Ser Pro Ala

35 40 45
cgc ccg gag cgt cag atc atg ggc gtg gcc aat gcc aat cat gga cag 192
Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn Ala Asn His Gly Gln

50 55 60
ctc atc gcc gag gtc ttc cgc gag ttg ggc cgt aca cgc gcg ctt gtt 240
Leu Ile Ala Glu Val Phe Arg Glu Leu Gly Arg Thr Arg Ala Leu Val

65 70 75 80
gtg cat ggc gca ggc acc gat gag atc gca gtc cac ggc acc acc ttg 288
Val His Gly Ala Gly Thr Asp Glu Ile Ala Val His Gly Thr Thr Leu

85 90 95
gtg tgg gag ctt aaa gaa gac ggc acc atc gag cat tac acc atc gag 336
Val Trp Glu Leu Lys Glu Asp Gly Thr Ile Glu His Tyr Thr Ile Glu

100 105 110
cct gag gac ctt ggc ctt ggc cgc tac acc ctt gag gat ctc gta ggt 384
Pro Glu Asp Leu Gly Leu Gly Arg Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Val Gly

115 120 125
ggc ctc ggc act gag aac gcc gaa gct atg cgc gct act ttc gcg ggc 432

Gly Leu Gly Thr Glu Asn Ala Glu Ala Met Arg Ala Thr Phe Ala Gly

130 135 140
acc ggc cct gat gca cac cgt gat gcg ttg gct gcg tcc gca ggt gcg 480
Thr Gly Pro Asp Ala His Arg Asp Ala Leu Ala Ala Ser Ala Gly Ala

145 150 155 160
atg ttc tac ctc aac ggc gat gtc gac tcc ttg aaa gat ggt gca caa 528
Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu Lys Asp Gly Ala Gln

165 170 175
aag gcg ctt tcc ttg ctt gcc gac ggc acc acc cag gca tgg ttg gcc 576
Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr Gln Ala Trp Leu Ala

180 185 190
aag cac gaa gag atc gat tac tca gaa aag gag tct tcc aat gac 621
Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu Ser Ser Asn Asp

195 200 205
tagtaataat ctgcccacag tgt 644
<210> 416
<211> 207
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 416
Ala Val Lys Trp Phe Glu Ala Ser Asn Phe Thr Phe Leu Phe Ala Pro
1 5 10 15
Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro Val Arg Gln Ala Leu
20 25 30
Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr
Leu Gly Pro Leu Leu Ser Pro Ala
35 40 45
Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn Ala Asn His Gly Gln
50 55 60
Leu Ile Ala Glu Val Phe Arg Glu Leu Gly Arg Thr Arg Ala Leu Val
65 70 75 80

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

Thr Gly Pro Asp Ala His Arg Asp Ala Leu Ala Ala Ser Ala Gly Ala
145 150 155 160

Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu Lys Asp Gly Ala Gln
165 170 175
Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr Gln Ala Trp Leu Ala
180 185 190
Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu Ser Ser Asn Asp

195 200 205

<210> 417
 <211> 611
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(588)
 <223> FRXA00954
 <400> 417

ttc ctg ttc gca cct gcg tac aac cct gcg att gcg cat gtg cag ccg 48
 Phe Leu Phe Ala Pro Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro

1 5 10 15
 gtt cgc cag gcg ctg aaa ttc ccc acc atc ttc aac acg ctt gga cca 96
 Val Arg Gln Ala Leu Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr Leu Gly Pro

20 25 30
 ttg ctg tcc ccg gcg cgc ccg gag cgt cag atc atg ggc gtg gcc aat 144
 Leu Leu Ser Pro Ala Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn

35 40 45
 gcc aat cat gga cag ctc atc gcc gag gtc ttc cgc gag ttg ggc cgt 192
 Ala Asn His Gly Gln Leu Ile Ala Glu Val Phe Arg Glu Leu Gly Arg

50 55 60
 aca cgc gcg ctt gtt gtg cat ggc gca ggc acc gat gag atc gca gtc 240
 Thr Arg Ala Leu Val Val His Gly Ala Gly Thr Asp Glu Ile Ala Val

65 70 75 80
 cac ggc acc acc ttg gtg tgg gag ctt aaa gaa gac ggc acc atc gag 288
 His Gly Thr Thr Leu Val Trp Glu Leu Lys Glu Asp Gly Thr Ile Glu

85 90 95
 cat tac acc atc gag cct gag gac ctt ggc ctt ggc cgc tac acc ctt 336
 His Tyr Thr Ile Glu Pro Glu Asp Leu Gly Leu Gly Arg Tyr Thr Leu

100 105 110
 gag gat ctc gta ggt ggc ctc ggc act gag aac gcc gaa gct atg cgc 384
 Glu Asp Leu Val Gly Gly Leu Gly Thr Glu Asn Ala Glu Ala Met Arg

115 120 125
 gct act ttc gcg ggc acc ggc cct gat gca cac cgt gat gcg ttg gct 432
 Ala Thr Phe Ala Gly Thr Gly Pro Asp Ala His Arg Asp Ala Leu Ala

130 135 140
 gcg tcc gca ggt gcg atg ttc tac ctc aac ggc gat gtc gac tcc ttg 480
 Ala Ser Ala Gly Ala Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu

145 150 155 160
 aaa gat ggt gca caa aag gcg ctt tcc ttg ctt gcc gac ggc acc acc 528
 Lys Asp Gly Ala Gln Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr

165 170 175
 cag gca tgg ttg gcc aag cac gaa gag atc gat tac tca gaa aag gag 576

Gln Ala Trp Leu Ala Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu

180 185 190
tct tcc aat gac tagtaataat ctgcccacag tgt 611
Ser Ser Asn Asp

195
<210> 418
<211> 196
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 418
Phe Leu Phe Ala Pro Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro
1 5 10 15
Val Arg Gln Ala Leu Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr Leu Gly Pro
20 25 30
Leu Leu Ser Pro Ala Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn
35 40 45
Ala Asn His
Gly Gln Leu Ile Ala Glu Val Phe Arg Glu Leu Gly Arg
50 55 60
Thr Arg Ala Leu Val Val His Gly Ala Gly Thr Asp Glu Ile Ala Val
65 70 75 80

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

Ala Ser Ala Gly Ala Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu
145 150 155 160

Lys Asp Gly Ala Gln Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr
165 170 175
Gln Ala Trp Leu Ala Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu
180 185 190
Ser Ser Asn Asp

195
<210> 419
<211> 1677
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1654)
<223> RXN00957
<400> 419
aaccggcaag ccctggatcg aatgaagctc gcagcgagta attatttgat gtttccaga 60
aaggcttcag cccacaatg atttctcgg taggtgcccc atg agc acg aat ccc 115

Met Ser Thr Asn Pro

	1	5	
cat gtt ttc tcc cta gat gtc cgc tat cac gag gat gct tct gca ttg	163		
His Val Phe Ser Leu Asp Val Arg Tyr His Glu Asp Ala Ser Ala Leu			
	10	15	20
ttt gcc cac ttg ggt ggc aca acc gca gat gat gca gcc ctg ttg gaa	211		
Phe Ala His Leu Gly Gly Thr Thr Ala Asp Asp Ala Ala Leu Leu Glu			
	25	30	35
agc gct gat atc acc acc aag aat ggt att tct tcc ctc gcg gtg ttg	259		
Ser Ala Asp Ile Thr Thr Lys Asn Gly Ile Ser Ser Leu Ala Val Leu			
	40	45	50
aag agt tcg gtg cgc att acg tgc acg ggc aac acg gtg gta acg cag	307		
Lys Ser Ser Val Arg Ile Thr Cys Thr Gly Asn Thr Val Val Thr Gln			
	55	60	65
cgc ctg acg gac tcg ggt agg gca gtg gtt gcg cgc cta acg cag cag	355		
Pro Leu Thr Asp Ser Gly Arg Ala Val Val Ala Arg Leu Thr Gln Gln			
	70	75	80
ctt ggc cag tac aac acc gca gag aac acc ttt agc ttc ccc gcc tca	403		
Leu Gly Gln Tyr Asn Thr Ala Glu Asn Thr Phe Ser Phe Pro Ala Ser			
	90	95	100
gat gcg gtt gat gag cgc gag cgc ctc acc gca cca agc acc atc gaa	451		
Asp Ala Val Asp Glu Arg Glu Arg Leu Thr Ala Pro Ser Thr Ile Glu			
	105	110	115
gtg ctg cgc aag ttg cag ttc gag tcc ggt tac agc gac gcg tcc ctg	499		
Val Leu Arg Lys Leu Gln Phe Glu Ser Gly Tyr Ser Asp Ala Ser Leu			
	120	125	130
cca ctg ctc atg ggc ggt ttc gcg ttt gat ttc tta gaa acc ttt gaa	547		
Pro Leu Leu Met Gly Gly Phe Ala Phe Asp Phe Leu Glu Thr Phe Glu			
	135	140	145
acg ctc ccc gct gtc gag gag agc gtc aac act tac ccc gat tac cag	595		
Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val Asn Thr Tyr Pro Asp Tyr Gln			
	150	155	160
ttc gtc ctc gcg gaa atc gtc ctg gac atc aat cac cag gac cag acc	643		
Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp Ile Asn His Gln Asp Gln Thr			
	170	175	180
gcc aaa ctc gcc ggc gtc tcc aac gcc cca ggc gag ctc gag gcc gag	691		
Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala Pro Gly Glu Leu Glu Ala Glu			
	185	190	195
ctc aac aag ctt tca ttg ctt atc gac gcc gcc ctc ccc gca acc gaa	739		
Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp Ala Ala Leu Pro Ala Thr Glu			
	200	205	210
cac gcc tac caa acc acc cct cac gac ggc gac act ctt cgc gtt gtg	787		

His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp Gly Asp Thr Leu Arg Val Val

215 220 225
gct gat att ccc gat gct cag ttc cgc acc cag atc aat gag ctg aaa 835
Ala Asp Ile Pro Asp Ala Gln Phe Arg Thr Gln Ile Asn Glu Leu Lys

230 235 240 245
gaa aac att tac aac ggt gac atc tac caa gtt gtc ccg gcg cgc act 883
Glu Asn Ile Tyr Asn Gly Asp Ile Tyr Gln Val Val Pro Ala Arg Thr

250 255 260
ttc acc gca cca tgt cct gat gca ttc gct gct tat ctg cag ctg cgt 931
Phe Thr Ala Pro Cys Pro Asp Ala Phe Ala Ala Tyr Leu Gln Leu Arg

265 270 275
gcc acc aac ccg tcg ccg tac atg ttc tat atc cgt ggc ctc aac gaa 979
Ala Thr Asn Pro Ser Pro Tyr Met Phe Tyr Ile Arg Gly Leu Asn Glu

280 285 290
ggc cgc tcc tat gaa ctt ttt ggc gca tcc cct gag tcc aac ctc aag 1027
Gly Arg Ser Tyr Glu Leu Phe Gly Ala Ser Pro Glu Ser Asn Leu Lys

295 300 305
ttc acc gct gct aac cgt gag ctg cag ctg tac cca atc gca ggt acc 1075
Phe Thr Ala Ala Asn Arg Glu Leu Gln Leu Tyr Pro Ile Ala Gly Thr

310 315 320 325
cgc ccc cgt gga ctc aac cca gat ggc tcc atc aac gat gag cta gat 1123
Arg Pro Arg Gly Leu Asn Pro Asp Gly Ser Ile Asn Asp Glu Leu Asp

330 335 340
atc cgc aat gag ttg gat atg cgc act gat gcc aaa gag atc gcg gag 1171
Ile Arg Asn Glu Leu Asp Met Arg Thr Asp Ala Lys Glu Ile Ala Glu

345 350 355
cac acc atg ctt gtc gat ctc gcc cgc aac gac ctg gcc cgc gtc tcg 1219
His Thr Met Leu Val Asp Leu Ala Arg Asn Asp Leu Ala Arg Val Ser

360 365 370
gtc cca gcg tcg cgc cgg gtt gcg gat ctt ttg cag gtg gat cgc tat 1267
Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp Leu Leu Gln Val Asp Arg Tyr

375 380 385
tcc cgc gtg atg cac ttg gtg tcc cgt gtg acg gcg acg ttg gac cca 1315
Ser Arg Val Met His Leu Val Ser Arg Val Thr Ala Thr Leu Asp Pro

390 395 400 405
gag ctt gat gct ttg gac gcc tat cgg gcg tgc atg aat atg ggc acg 1363
Glu Leu Asp Ala Leu Asp Ala Tyr Arg Ala Cys Met Asn Met Gly Thr

410 415 420
ttg acc ggc gct ccg aag ttg cgc gct atg gag ctg ttg cgc ggc gtc 1411
Leu Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Ala Met Glu Leu Leu Arg Gly Val

425 430 435
gaa aag cgc agg cgt ggt tct tat ggt ggg gca gtg ggg tac ctg cgc 1459

Glu Lys Arg Arg Arg Gly Ser Tyr Gly Gly Ala Val Gly Tyr Leu Arg

440 445 450
ggc aat ggc gat atg gat aat tgc att gtt att cgt tgc ggc ttt gtc 1507
Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile Val Ile Arg Ser Ala Phe Val

455 460 465
cag gat ggt gtg gct gct gtg cag gct ggt gct ggt gtg gtc cgc gat 1555
Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gln Ala Gly Ala Gly Val Val Arg Asp

470 475 480 485
tct aat cct caa tct gaa gcc gat gag acg ttg cac aag ggc tat gcc 1603
Ser Asn Pro Gln Ser Glu Ala Asp Glu Thr Leu His Lys Ala Tyr Ala

490 495 500
gtg ttg aat gcc att gcg ctt gct gct ggt tcc act ttg gag gtc atc 1651
Val Leu Asn Ala Ile Ala Leu Ala Ala Gly Ser Thr Leu Glu Val Ile

505 510 515
cga tgacacacgt tgttctcatt gat 1677
Arg

<210> 420
<211> 518
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 420
Met Ser Thr Asn Pro His Val Phe Ser Leu Asp Val Arg Tyr His Glu
1 5 10 15
Asp Ala Ser Ala Leu Phe Ala His Leu Gly Gly Thr Thr Ala Asp Asp
20 25 30
Ala Ala Leu Leu Glu Ser Ala Asp Ile Thr Thr Lys Asn Gly Ile Ser
35 40 45
Ser Leu Ala Val Leu Lys Ser Ser
Val Arg Ile Thr Cys Thr Gly Asn
50 55 60
Thr Val Val Thr Gln Pro Leu Thr Asp Ser Gly Arg Ala Val Val Ala
65 70 75 80

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

Leu Glu Thr Phe Glu Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val Asn Thr
145 150 155 160

Tyr Pro Asp Tyr Gln Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp Ile Asn
165 170 175
His Gln Asp Gln Thr Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala Pro Gly
180 185 190
Glu Leu Glu Ala Glu Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp Ala Ala

195 200 205
 Leu Pro Ala Thr Glu His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp Gly Asp
 210 215 220

 Thr Leu Arg Val Val Ala Asp Ile Pro Asp Ala Gln Phe Arg Thr Gln
 225 230 235 240

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

 Glu Ser Asn Leu Lys Phe Thr Ala Ala Asn Arg Glu Leu Gln Leu Tyr
 305 310 315 320

 Pro Ile Ala Gly Thr Arg Pro Arg Gly Leu Asn Pro Asp Gly Ser Ile
 325 330 335
 Asn Asp Glu Leu Asp Ile Arg Asn Glu Leu Asp Met Arg Thr Asp Ala
 340 345 350
 Lys Glu Ile Ala Glu His Thr Met Leu Val Asp Leu Ala Arg Asn Asp
 355 360 365
 Leu Ala Arg Val Ser Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp Leu Leu
 370 375 380

 Gln Val Asp Arg Tyr Ser Arg Val Met His Leu Val Ser Arg Val Thr
 385 390 395 400

 Ala Thr Leu Asp Pro Glu Leu Asp Ala Leu Asp Ala Tyr Arg Ala Cys
 405 410 415
 Met Asn Met Gly Thr Leu Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Ala Met Glu
 420 425 430
 Leu Leu Arg Gly Val Glu Lys Arg Arg Arg Gly Ser Tyr Gly Gly Ala
 435 440 445
 Val Gly Tyr Leu Arg Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile Val Ile
 450 455 460

 Arg Ser Ala Phe Val Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gln Ala Gly Ala
 465 470 475 480

 Gly Val Val Arg Asp Ser Asn Pro Gln Ser Glu Ala Asp Glu Thr Leu
 485 490 495
 His Lys Ala Tyr Ala Val Leu Asn Ala Ile Ala Leu Ala Ala Gly Ser
 500 505 510
 Thr Leu Glu Val Ile Arg

515
 <210> 421
 <211> 1151
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS

<222> (1)..(1128)

<223> FRXA00957

<400> 421

gat ttc tta gaa acc ttt gaa acg ctc ccc gct gtc gag gag agc gtc 48
Asp Phe Leu Glu Thr Phe Glu Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val

1 5 10 15
aac act tac ccc gat tac cag ttc gtc ctc gcg gaa atc gtc ctg gac 96
Asn Thr Tyr Pro Asp Tyr Gln Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp

20 25 30
atc aat cac cag gac cag acc gcc aaa ctc gcc ggc gtc tcc aac gcc 144
Ile Asn His Gln Asp Gln Thr Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala

35 40 45
cca ggc gag ctc gag gcc gag ctc aac aag ctt tca ttg ctt atc gac 192
Pro Gly Glu Leu Glu Ala Glu Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp

50 55 60
gcc gcc ctc ccc gca acc gaa cac gcc tac caa acc acc cct cac gac 240
Ala Ala Leu Pro Ala Thr Glu His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp

65 70 75 80
ggc gac act ctt cgc gtt gtg gct gat att ccc gat gct cag ttc cgc 288
Gly Asp Thr Leu Arg Val Val Ala Asp Ile Pro Asp Ala Gln Phe Arg

85 90 95
acc cag atc aat gag ctg aaa gaa aac att tac aac ggt gac atc tac 336
Thr Gln Ile Asn Glu Leu Lys Glu Asn Ile Tyr Asn Gly Asp Ile Tyr

100 105 110
caa gtt gtc ccg gcg cgc act ttc acc gca cca tgt cct gat gca ttc 384
Gln Val Val Pro Ala Arg Thr Phe Thr Ala Pro Cys Pro Asp Ala Phe

115 120 125
gct gct tat ctg cag ctg cgt gcc acc aac ccg tcg ccg tac atg ttc 432
Ala Ala Tyr Leu Gln Leu Arg Ala Thr Asn Pro Ser Pro Tyr Met Phe

130 135 140
tat atc cgt ggc ctc aac gaa ggc cgc tcc tat gaa ctt ttt ggc gca 480
Tyr Ile Arg Gly Leu Asn Glu Gly Arg Ser Tyr Glu Leu Phe Gly Ala

145 150 155 160
tcc cct gag tcc aac ctc aag ttc acc gct gct aac cgt gag ctg cag 528
Ser Pro Glu Ser Asn Leu Lys Phe Thr Ala Ala Asn Arg Glu Leu Gln

165 170 175
ctg tac cca atc gca ggt acc cgc ccc cgt gga ctc aac cca gat ggc 576
Leu Tyr Pro Ile Ala Gly Thr Arg Pro Arg Gly Leu Asn Pro Asp Gly

180 185 190
tcc atc aac gat gag cta gat atc cgc aat gag ttg gat atg cgc act 624
Ser Ile Asn Asp Glu Leu Asp Ile Arg Asn Glu Leu Asp Met Arg Thr

195

200

205

gat gcc aaa gag atc gcg gag cac acc atg ctt gtc gat ctc gcc cgc 672
Asp Ala Lys Glu Ile Ala Glu His Thr Met Leu Val Asp Leu Ala Arg

210 215 220
aac gac ctg gcc cgc gtc tcg gtc cca gcg tcg cgc cgg gtt gcg gat 720
Asn Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp

225 230 235 240
ctt ttg cag gtg gat cgc tat tcc cgc gtg atg cac ttg gtg tcc cgt 768
Leu Leu Gln Val Asp Arg Tyr Ser Arg Val Met His Leu Val Ser Arg

245 250 255
gtg acg gcg acg ttg gac cca gag ctt gat gct ttg gac gcc tat cgg 816
Val Thr Ala Thr Leu Asp Pro Glu Leu Asp Ala Leu Asp Ala Tyr Arg

260 265 270
gcg tgc atg aat atg ggc acg ttg acc ggc gct ccg aag ttg cgc gct 864
Ala Cys Met Asn Met Gly Thr Leu Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Ala

275 280 285
atg gag ctg ttg cgc ggc gtc gaa aag cgc agg cgt ggt tct tat ggt 912
Met Glu Leu Leu Arg Gly Val Glu Lys Arg Arg Arg Gly Ser Tyr Gly

290 295 300
ggg gca gtg ggg tac ctg cgc ggc aat ggc gat atg gat aat tgc att 960
Gly Ala Val Gly Tyr Leu Arg Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile

305 310 315 320
gtt att cgt tcg gcg ttt gtc cag gat ggt gtg gct gct gtg cag gct 1008
Val Ile Arg Ser Ala Phe Val Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gln Ala

325 330 335
ggt gct ggt gtg gtc cgc gat tct aat cct caa tct gaa gcc gat gag 1056
Gly Ala Gly Val Val Arg Asp Ser Asn Pro Gln Ser Glu Ala Asp Glu

340 345 350
acg ttg cac aag gcg tat gcc gtg ttg aat gcc att gcg ctt gct gct 1104
Thr Leu His Lys Ala Tyr Ala Val Leu Asn Ala Ile Ala Leu Ala Ala

355 360 365
ggt tcc act ttg gag gtc atc cga tgacacacgt tggttcatt gat 1151
Gly Ser Thr Leu Glu Val Ile Arg

370 375
<210> 422
<211> 376
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 422
Asp Phe Leu Glu Thr Phe Glu Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val
1 5 10 15
Asn Thr Tyr Pro Asp Tyr Gln Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp
20 25 30
Ile Asn His Gln Asp Gln Thr Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala
35 40 45

Pro Gly Glu Leu Glu Ala Glu Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp
50 55 60
Ala Ala Leu Pro Ala Thr Glu His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp
65 70 75 80

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

Tyr Ile Arg Gly Leu Asn Glu Gly Arg Ser Tyr Glu Leu Phe Gly Ala
145 150 155 160

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

Asn Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp
225 230 235 240

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

Gly Ala Val Gly Tyr Leu Arg Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile
305 310 315 320

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

370 375

<210> 423

<211> 1068

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1045)
 <223> RXA02687
 <400> 423
 caaaaccatg ctcgcgggg gagagttggg ccaagcggtt cgctaattga gcaacagaca 60
 tggacaccca ccttagttcg gcgggttaag ctgtgtaacc atg agc gac gca cca 115
 Met Ser Asp Ala Pro
 1 5
 act gtt gtg gcc tat ttg ggg cct gcc gga acc ttc acc gaa gaa gcc 163
 Thr Val Val Ala Tyr Leu Gly Pro Ala Gly Thr Phe Thr Glu Glu Ala
 10 15 20
 ctc tac aaa ttt gcc gac gcc ggc gta ttc ggc gac ggt gag atc gag 211
 Leu Tyr Lys Phe Ala Asp Ala Gly Val Phe Gly Asp Gly Glu Ile Glu
 25 30 35
 cag cta cca gcc aaa tcg cca caa gaa gct gtc gac gcc gtc cgc cac 259
 Gln Leu Pro Ala Lys Ser Pro Gln Glu Ala Val Asp Ala Val Arg His
 40 45 50
 ggc acc gcc cag ttc gcg gtg gtc gcc atc gaa aac ttc gtc gac ggc 307
 Gly Thr Ala Gln Phe Ala Val Val Ala Ile Glu Asn Phe Val Asp Gly
 55 60 65
 ccc gtc acc ccc acc ttc gac gcc ctt gac cag ggc tcc aac gtg caa 355
 Pro Val Thr Pro Thr Phe Asp Ala Leu Asp Gln Gly Ser Asn Val Gln
 70 75 80 85
 atc atc gcc gaa gaa gaa ctc gac atc gcc ttt tcc atc atg gtc cgg 403
 Ile Ile Ala Glu Glu Glu Leu Asp Ile Ala Phe Ser Ile Met Val Arg
 90 95 100
 cca ggg act tcg ctt gcc gac gtc aaa acc ctc gcc acc cac ccg gtt 451
 Pro Gly Thr Ser Leu Ala Asp Val Lys Thr Leu Ala Thr His Pro Val
 105 110 115
 ggg tac caa caa gtg aaa aac tgg atg gca acc acc att ccg gac gcc 499
 Gly Tyr Gln Gln Val Lys Asn Trp Met Ala Thr Thr Ile Pro Asp Ala
 120 125 130
 atg tat ctt tca gca agc tcc aac ggc gcc ggc gca caa atg gtt gcc 547
 Met Tyr Leu Ser Ala Ser Ser Asn Gly Ala Gly Ala Gln Met Val Ala
 135 140 145
 gaa gga acc gcc gac gca gcc gca gcg ccc tcc cgc gca gcc gaa ctc 595
 Glu Gly Thr Ala Asp Ala Ala Ala Ala Pro Ser Arg Ala Ala Glu Leu
 150 155 160 165
 ttc gga ctg gaa cgc ctt gtt gat gat gtc gcc gac gtc cgt ggc gcc 643
 Phe Gly Leu Glu Arg Leu Val Asp Asp Val Ala Asp Val Arg Gly Ala
 170 175 180
 cgc acc cgc ttc gtt gct gtc caa gcc caa gca gcc gtt tcc gaa ccg 691
 Arg Thr Arg Phe Val Ala Val Gln Ala Gln Ala Ala Val Ser Glu Pro

```

185          190          195
acc ggc cac gac cgc acc tcc gtc att ttc tcc cta ccg aat gtg cca 739
Thr Gly His Asp Arg Thr Ser Val Ile Phe Ser Leu Pro Asn Val Pro

200          205          210
ggc agc ctc gtg cgc gcc ctc aac gaa ttc gcc atc cgc ggc gtt gac 787
Gly Ser Leu Val Arg Ala Leu Asn Glu Phe Ala Ile Arg Gly Val Asp

215          220          225
ctc acc cgc atc gaa tcc cgc ccc acc cgc aaa gtc ttc gga acc tac 835
Leu Thr Arg Ile Glu Ser Arg Pro Thr Arg Lys Val Phe Gly Thr Tyr

230          235          240          245
cgc ttc cac ctg gac ata tcc gga cat atc cgc gat atc ccc gtc gcc 883
Arg Phe His Leu Asp Ile Ser Gly His Ile Arg Asp Ile Pro Val Ala

250          255          260
gaa gcc ctc cgc gca ctc cac ctc caa gcc gaa gaa ctc gtc ttc gtc 931
Glu Ala Leu Arg Ala Leu His Leu Gln Ala Glu Glu Leu Val Phe Val

265          270          275
ggc tcc tgg ccc tcc aac cgt gcg gaa gac agc acg ccc caa acc gac 979
Gly Ser Trp Pro Ser Asn Arg Ala Glu Asp Ser Thr Pro Gln Thr Asp

280          285          290
caa cta gct aag cta cac aag gcg gac gaa tgg gtt cgc gca gca agc 1027
Gln Leu Ala Lys Leu His Lys Ala Asp Glu Trp Val Arg Ala Ala Ser

295          300          305
gaa gga agg aaa ctt aac tagccatggc cggccggatt att 1068
Glu Gly Arg Lys Leu Asn

310          315
<210> 424
<211> 315
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 424
Met Ser Asp Ala Pro Thr Val Val Ala Tyr Leu Gly Pro Ala Gly Thr
1          5          10          15
Phe Thr Glu Glu Ala Leu Tyr Lys Phe Ala Asp Ala Gly Val Phe Gly
20          25          30
Asp Gly Glu Ile Glu Gln Leu Pro Ala Lys Ser Pro Gln Glu Ala Val
35          40          45
Asp Ala Val Arg His Gly Thr Ala
Gln Phe Ala Val Val Ala Ile Glu
50          55          60
Asn Phe Val Asp Gly Pro Val Thr Pro Thr Phe Asp Ala Leu Asp Gln
65          70          75          80

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

```

Thr Ile Pro Asp Ala Met Tyr Leu Ser Ala Ser Ser Asn Gly Ala Gly
130 135 140

Ala Gln Met Val Ala Glu Gly Thr Ala Asp Ala Ala Ala Ala Pro Ser
145 150 155 160

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

Ile Arg Gly Val Asp Leu Thr Arg Ile Glu Ser Arg Pro Thr Arg Lys
225 230 235 240

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

Val Arg Ala Ala Ser Glu Gly Arg Lys Leu Asn

305 310 315

<210> 425

<211> 1353

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1330)

<223> RXN01698

<400> 425

cgctagtgcc tgcagttatg tcgctttttg acgtcgaaaa gcaattttta aaagcccttg 60
gggtgggctg gatacgtctt ctgcggcctt tcgtgcgata atg cta ggc atg ctt 115
Met Leu Gly Met Leu

1 5
cga tgg act aca gca ggt gaa tcc cac ggc cag gcg ctt atc gcc acg 163
Arg Trp Thr Thr Ala Gly Glu Ser His Gly Gln Ala Leu Ile Ala Thr

10 15 20
gtt gaa cac atg cca gca ggc gtg ccc gtg act aaa gat gag gtc tcg 211
Val Glu His Met Pro Ala Gly Val Pro Val Thr Lys Asp Glu Val Ser

25 30 35
tat caa ttg gcg cgc cga cgc ctt gga tat ggt cgc ggc gct cgc atg 259
Tyr Gln Leu Ala Arg Arg Arg Leu Gly Tyr Gly Arg Gly Ala Arg Met

40	45	50	
aag ttt gag caa gac gcg ttg acc ttc ctc acc ggc atc cgc cac ggc	307		
Lys Phe Glu Gln Asp Ala Leu Thr Phe Leu Thr Gly Ile Arg His Gly			
55	60	65	
ctc act ttg ggt agc ccc atc tca atc atg atc ggc aac act gag tgg	355		
Leu Thr Leu Gly Ser Pro Ile Ser Ile Met Ile Gly Asn Thr Glu Trp			
70	75	80	85
gat aag tgg acc acc atc atg tcc tct gac gct ttg gac atg gaa gac	403		
Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala Leu Asp Met Glu Asp			
90	95	100	
cca gat aac gtt gcg gcg atg tct tcg ggt cgg ggc gca aaa ctg act	451		
Pro Asp Asn Val Ala Ala Met Ser Ser Gly Arg Gly Ala Lys Leu Thr			
105	110	115	
cgt ccg cgt cca ggc cac gct gat tac gca ggc atg ctc aag tac gga	499		
Arg Pro Arg Pro Gly His Ala Asp Tyr Ala Gly Met Leu Lys Tyr Gly			
120	125	130	
ttc gat gat gcc cgc aac gtg ctg gag cgt tct tca gcc cgt gag acg	547		
Phe Asp Asp Ala Arg Asn Val Leu Glu Arg Ser Ser Ala Arg Glu Thr			
135	140	145	
gca gca cgc gtg gca gca gca acc gtt gcg cgt tcc ttc ctg cgt gaa	595		
Ala Ala Arg Val Ala Ala Ala Thr Val Ala Arg Ser Phe Leu Arg Glu			
150	155	160	165
acc ttg ggc gtg gaa gtg ctt tcc cac gta att tcc att ggt gcg tcc	643		
Thr Leu Gly Val Glu Val Leu Ser His Val Ile Ser Ile Gly Ala Ser			
170	175	180	
gag cct tac act ggc gcg gag cca acc ttt gca gat att caa gca atc	691		
Glu Pro Tyr Thr Gly Ala Glu Pro Thr Phe Ala Asp Ile Gln Ala Ile			
185	190	195	
gat gat tcc cca gtt cgt gca ttc ggt aaa gac gct gaa gaa tcc atg	739		
Asp Asp Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Lys Asp Ala Glu Glu Ser Met			
200	205	210	
atc gcg gaa atc gag gcc gca aag aaa gcc ggc gat acc ctc ggt ggc	787		
Ile Ala Glu Ile Glu Ala Ala Lys Lys Ala Gly Asp Thr Leu Gly Gly			
215	220	225	
atc gtg gaa gtg att gtt gaa ggc ctg ccc atc ggt ttg ggc tca cac	835		
Ile Val Glu Val Ile Val Glu Gly Leu Pro Ile Gly Leu Gly Ser His			
230	235	240	245
att tct ggc gaa gat cgc ctc gat gcg cag atc gca gct gca ctc atg	883		
Ile Ser Gly Glu Asp Arg Leu Asp Ala Gln Ile Ala Ala Ala Leu Met			
250	255	260	
ggc att cag gcc atc aag ggc gtg gaa atc ggt gac ggt ttc gaa gaa	931		
Gly Ile Gln Ala Ile Lys Gly Val Glu Ile Gly Asp Gly Phe Glu Glu			

265 270 275
 gct cgt cga cgt ggc tcc gaa gcc cac gat gaa gtg ttc ctg gat gac 979
 Ala Arg Arg Arg Gly Ser Glu Ala His Asp Glu Val Phe Leu Asp Asp

 280 285 290
 aac ggc gta tac cgc aac acc aac cgt gca ggt ggc ctc gaa ggc ggc 1027
 Asn Gly Val Tyr Arg Asn Thr Asn Arg Ala Gly Gly Leu Glu Gly Gly

 295 300 305
 atg acc aac ggt gaa acc ctg cgc gtt cgt gct ggc atg aag cca att 1075
 Met Thr Asn Gly Glu Thr Leu Arg Val Arg Ala Gly Met Lys Pro Ile

 310 315 320 325
 tct act gtg cct cgc gcc ctg aaa acc att gat atg gaa aac ggc aag 1123
 Ser Thr Val Pro Arg Ala Leu Lys Thr Ile Asp Met Glu Asn Gly Lys

 330 335 340
 gca gca acc gga atc cac cag cgt tcc gac gtg tgc gct gtt cca gcc 1171
 Ala Ala Thr Gly Ile His Gln Arg Ser Asp Val Cys Ala Val Pro Ala

 345 350 355
 gcc ggt gtc gtt gca gaa gca atg gtc acc ctg gtt ctc gcc cgc gca 1219
 Ala Gly Val Val Ala Glu Ala Met Val Thr Leu Val Leu Ala Arg Ala

 360 365 370
 gtc ctg cag aaa ttc ggc ggt gac tcc ctg agc gaa acc aag agc aac 1267
 Val Leu Gln Lys Phe Gly Gly Asp Ser Leu Ser Glu Thr Lys Ser Asn

 375 380 385
 att gac acc tac ctc aaa aac att gag gaa cga atg aaa ttc gaa ggt 1315
 Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg Met Lys Phe Glu Gly

 390 395 400 405
 tta gag gat gga gcg taatgaagtg aatgatcaaa ttc 1353
 Leu Glu Asp Gly Ala

 410
 <210> 426
 <211> 410
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 426
 Met Leu Gly Met Leu Arg Trp Thr Thr Ala Gly Glu Ser His Gly Gln
 1 5 10 15
 Ala Leu Ile Ala Thr Val Glu His Met Pro Ala Gly Val Pro Val Thr
 20 25 30
 Lys Asp Glu Val Ser Tyr Gln Leu Ala Arg Arg Arg Leu Gly Tyr Gly
 35 40 45
 Arg Gly Ala Arg Met Lys Phe Glu
 Gln Asp Ala Leu Thr Phe Leu Thr
 50 55 60
 Gly Ile Arg His Gly Leu Thr Leu Gly Ser Pro Ile Ser Ile Met Ile
 65 70 75 80

 Gly Asn Thr Glu Trp Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala
 85 90 95

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

Ser Ala Arg Glu Thr Ala Ala Arg Val Ala Ala Ala Thr Val Ala Arg
145 150 155 160

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

Asp Thr Leu Gly Gly Ile Val Glu Val Ile Val Glu Gly Leu Pro Ile
225 230 235 240

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

Gly Leu Glu Gly Gly Met Thr Asn Gly Glu Thr Leu Arg Val Arg Ala
305 310 315 320

Gly Met Lys Pro Ile Ser Thr Val Pro Arg Ala Leu Lys Thr Ile Asp
325 330 335
Met Glu Asn Gly Lys Ala Ala Thr Gly Ile His Gln Arg Ser Asp Val
340 345 350
Cys Ala Val Pro Ala Ala Gly Val Val Ala Glu Ala Met Val Thr Leu
355 360 365
Val Leu Ala Arg Ala Val Leu Gln Lys Phe Gly Gly Asp Ser Leu Ser
370 375 380

Glu Thr Lys Ser Asn Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg
385 390 395 400

Met Lys Phe Glu Gly Leu Glu Asp Gly Ala
405 410

<210> 427

<211> 1013

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(990)

<223> FRXA01698

<400> 427

ggc aac act gag tgg gat aag tgg acc acc atc atg tcc tct gac gct 48
Gly Asn Thr Glu Trp Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala

1 5 10 15
ttg gac atg gaa gac cca gat aac gtt gcg gcg atg tct tcg ggt cgg 96
Leu Asp Met Glu Asp Pro Asp Asn Val Ala Ala Met Ser Ser Gly Arg

20 25 30
ggc gca aaa ctg act cgt ccg cgt cca ggc cac gct gat tac gca ggc 144
Gly Ala Lys Leu Thr Arg Pro Arg Pro Gly His Ala Asp Tyr Ala Gly

35 40 45
atg ctc aag tac gga ttc gat gat gcc cgc aac gtg ctg gag cgt tct 192
Met Leu Lys Tyr Gly Phe Asp Asp Ala Arg Asn Val Leu Glu Arg Ser

50 55 60
tca gcc cgt gag acg gca gca cgc gtg gca gca gca acc gtt gcg cgt 240
Ser Ala Arg Glu Thr Ala Ala Arg Val Ala Ala Ala Thr Val Ala Arg

65 70 75 80
tcc ttc ctg cgt gaa acc ttg ggc gtg gaa gtg ctt tcc cac gta att 288
Ser Phe Leu Arg Glu Thr Leu Gly Val Glu Val Leu Ser His Val Ile

85 90 95
tcc att ggt gcg tcc gag cct tac act ggc gcg gag cca acc ttt gca 336
Ser Ile Gly Ala Ser Glu Pro Tyr Thr Gly Ala Glu Pro Thr Phe Ala

100 105 110
gat att caa gca atc gat gat tcc cca gtt cgt gca ttc ggt aaa gac 384
Asp Ile Gln Ala Ile Asp Asp Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Lys Asp

115 120 125
gct gaa gaa tcc atg atc gcg gaa atc gag gcc gca aag aaa gcc ggc 432
Ala Glu Glu Ser Met Ile Ala Glu Ile Glu Ala Ala Lys Lys Ala Gly

130 135 140
gat acc ctc ggt ggc atc gtg gaa gtg att gtt gaa ggc ctg ccc atc 480
Asp Thr Leu Gly Gly Ile Val Glu Val Ile Val Glu Gly Leu Pro Ile

145 150 155 160
ggt ttg ggc tca cac att tct ggc gaa gat cgc ctc gat gcg cag atc 528
Gly Leu Gly Ser His Ile Ser Gly Glu Asp Arg Leu Asp Ala Gln Ile

165 170 175
gca gct gca ctc atg ggc att cag gcc atc aag ggc gtg gaa atc ggt 576
Ala Ala Ala Leu Met Gly Ile Gln Ala Ile Lys Gly Val Glu Ile Gly

180 185 190
gac ggt ttc gaa gaa gct cgt cga cgt ggc tcc gaa gcc cac gat gaa 624
Asp Gly Phe Glu Glu Ala Arg Arg Arg Gly Ser Glu Ala His Asp Glu

195 200 205
gtg ttc ctg gat gac aac ggc gta tac cgc aac acc aac cgt gca ggt 672

Val Phe Leu Asp Asp Asn Gly Val Tyr Arg Asn Thr Asn Arg Ala Gly

210 215 220
ggc ctc gaa ggc ggc atg acc aac ggt gaa acc ctg cgc gtt cgt gct 720
Gly Leu Glu Gly Gly Met Thr Asn Gly Glu Thr Leu Arg Val Arg Ala

225 230 235 240
ggc atg aag cca att tct act gtg cct cgc gcc ctg aaa acc att gat 768
Gly Met Lys Pro Ile Ser Thr Val Pro Arg Ala Leu Lys Thr Ile Asp

245 250 255
atg gaa aac ggc aag gca gca acc gga atc cac cag cgt tcc gac gtg 816
Met Glu Asn Gly Lys Ala Ala Thr Gly Ile His Gln Arg Ser Asp Val

260 265 270
tgc gct gtt cca gcc gcc ggt gtc gtt gca gaa gca atg gtc acc ctg 864
Cys Ala Val Pro Ala Ala Gly Val Val Ala Glu Ala Met Val Thr Leu

275 280 285
gtt ctc gcc cgc gca gtc ctg cag aaa ttc ggc ggt gac tcc ctg agc 912
Val Leu Ala Arg Ala Val Leu Gln Lys Phe Gly Gly Asp Ser Leu Ser

290 295 300
gaa acc aag agc aac att gac acc tac ctc aaa aac att gag gaa cga 960
Glu Thr Lys Ser Asn Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg

305 310 315 320
atg aaa ttc gaa ggt tta gag gat gga gcg taatgaagtg aatgatcaaa 1010
Met Lys Phe Glu Gly Leu Glu Asp Gly Ala

325 330
ttc 1013
<210> 428
<211> 330
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 428
Gly Asn Thr Glu Trp Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala
1 5 10 15
Leu Asp Met Glu Asp Pro Asp Asn Val Ala Ala Met Ser Ser Gly Arg
20 25 30
Gly Ala Lys Leu Thr Arg Pro Arg Pro Gly His Ala Asp Tyr Ala Gly
35 40
45
Met Leu Lys Tyr Gly Phe Asp Asp Ala Arg Asn Val Leu Glu Arg Ser
50 55 60
Ser Ala Arg Glu Thr Ala Ala Arg Val Ala Ala Thr Val Ala Arg
65 70 75 80
85 90 95
Ser Ile Gly Ala Ser Glu Pro Tyr Thr Gly Ala Glu Pro Thr Phe Ala
100 105 110
Asp Ile Gln Ala Ile Asp Asp Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Lys Asp
115 120 125
Ala Glu Glu Ser Met Ile Ala Glu Ile Glu Ala Ala Lys Lys Ala Gly
130 135 140

Asp Thr Leu Gly Gly Ile Val Glu Val Ile Val Glu Gly Leu Pro Ile
145 150 155 160

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

Gly Leu Glu Gly Gly Met Thr Asn Gly Glu Thr Leu Arg Val Arg Ala
225 230 235 240

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

Glu Thr Lys Ser Asn Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg
305 310 315 320

Met Lys Phe Glu Gly Leu Glu Asp Gly Ala
325 330

<210> 429
<211> 906
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(883)
<223> RXA01095
<400> 429
gaaacccag gtcaaagcta ggggtgtggca ccctgatttc tttcgccatg tgtgttcggg 60
ataaccttaa acacagcatt ggttgaagg aggttggggc atg gtt gca aca gag 115
Met Val Ala Thr Glu

1 5
aac cgc atg ttg atg gaa atc gct gcg gaa ata tcg gct cgg gaa gca 163
Asn Arg Met Leu Met Glu Ile Ala Ala Glu Ile Ser Ala Arg Glu Ala

10 15 20
acg ctt ggt ttt caa gaa gtc aaa act aaa tct cga tca gca ggt ctc 211
Thr Leu Gly Phe Gln Glu Val Lys Thr Lys Ser Arg Ser Ala Gly Leu

25 30 35
acg gcg gct ttc gat att gct tca gtc ttt ttt tcg tct gga tgt aat 259
Thr Ala Ala Phe Asp Ile Ala Ser Val Phe Phe Ser Ser Gly Cys Asn

40	45	50	
gtc gta gtc gcc ttt gat cgt ttt gca tcc aat tgg tct gat cat tcg			307
Val Val Val Ala Phe Asp Arg Phe Ala Ser Asn Trp Ser Asp His Ser			
55	60	65	
gat cat gtg gac tac gct gca cag gtt gcg ggt ttt ggc gca tca atg			355
Asp His Val Asp Tyr Ala Ala Gln Val Ala Gly Phe Gly Ala Ser Met			
70	75	80	85
ctt gca tat acg gtg cgc agg gga cag ttt gat acc gca gta cgc gat			403
Leu Ala Tyr Thr Val Arg Arg Gly Gln Phe Asp Thr Ala Val Arg Asp			
90	95	100	
atc agg gac atc aaa tct gaa gta gac att ccc att ctg ctt cat gat			451
Ile Arg Asp Ile Lys Ser Glu Val Asp Ile Pro Ile Leu Leu His Asp			
105	110	115	
ccc atc atc gat ccg tat caa atc cac gaa gcc cgc gtc atg ggc atc			499
Pro Ile Ile Asp Pro Tyr Gln Ile His Glu Ala Arg Val Met Gly Ile			
120	125	130	
gac gct ctt caa ttc ccc gta tgg gcg atg gaa caa gct cga ctg gaa			547
Asp Ala Leu Gln Phe Pro Val Trp Ala Met Glu Gln Ala Arg Leu Glu			
135	140	145	
tct ttg gtg gac cgc acc gaa tca ttg ggc atg aca gcc atc gtg tct			595
Ser Leu Val Asp Arg Thr Glu Ser Leu Gly Met Thr Ala Ile Val Ser			
150	155	160	165
gtg cga aac cac gaa gaa gcg cat cgt gca gtg gac gca gga gcg aca			643
Val Arg Asn His Glu Glu Ala His Arg Ala Val Asp Ala Gly Ala Thr			
170	175	180	
gtg gta gca att gat att act ggt tat acc ggc tca ctc act ttg cct			691
Val Val Ala Ile Asp Ile Thr Gly Tyr Thr Gly Ser Leu Thr Leu Pro			
185	190	195	
gaa gcg ttt tcg ggt atc acc caa ttc atg ccc aaa gag gta gcc cgc			739
Glu Ala Phe Ser Gly Ile Thr Gln Phe Met Pro Lys Glu Val Ala Arg			
200	205	210	
att gtg ctc gga ggt tgc agc agc cct aaa gaa ctc atg cgg ttt gca			787
Ile Val Leu Gly Gly Cys Ser Ser Pro Lys Glu Leu Met Arg Phe Ala			
215	220	225	
cga cat tct gca gac gcc atc ttt gtt cca cat gca gac ctc gcc acc			835
Arg His Ser Ala Asp Ala Ile Phe Val Pro His Ala Asp Leu Ala Thr			
230	235	240	245
aca aaa tct ctt gtg aca gca ggt atg cat cca gcg tgc cca tcg cgt			883
Thr Lys Ser Leu Val Thr Ala Gly Met His Pro Ala Cys Pro Ser Arg			
250	255	260	
tgaagaggtg ctctgtggtc agc			906
<210> 430			
<211> 261			

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 430

Met Val Ala Thr Glu Asn Arg Met Leu Met Glu Ile Ala Ala Glu Ile
1 5 10 15

Ser Ala Arg Glu Ala Thr Leu Gly Phe Gln Glu Val Lys Thr Lys Ser
20 25 30

Arg Ser Ala Gly Leu Thr Ala

Ala Phe Asp Ile Ala Ser Val Phe Phe

35 40 45

Ser Ser Gly Cys Asn Val Val Val Ala Phe Asp Arg Phe Ala Ser Asn
50 55 60

Trp Ser Asp His Ser Asp His Val Asp Tyr Ala Ala Gln Val Ala Gly
65 70 75 80

Phe Gly Ala Ser Met Leu Ala Tyr Thr Val Arg Arg Gly Gln Phe Asp
85 90 95

Thr Ala Val Arg Asp Ile Arg Asp Ile Lys Ser Glu Val Asp Ile Pro
100 105 110

Ile Leu Leu His Asp Pro Ile Ile Asp Pro Tyr Gln Ile His Glu Ala
115 120 125

Arg Val Met Gly Ile Asp Ala Leu Gln Phe Pro Val Trp Ala Met Glu
130 135 140

Gln Ala Arg Leu Glu Ser Leu Val Asp Arg Thr Glu Ser Leu Gly Met
145 150 155 160

Thr Ala Ile Val Ser Val Arg Asn His Glu Glu Ala His Arg Ala Val
165 170 175

Asp Ala Gly Ala Thr Val Val Ala Ile Asp Ile Thr Gly Tyr Thr Gly
180 185 190

Ser Leu Thr Leu Pro Glu Ala Phe Ser Gly Ile Thr Gln Phe Met Pro
195 200 205

Lys Glu Val Ala Arg Ile Val Leu Gly Gly Cys Ser Ser Pro Lys Glu
210 215 220

Leu Met Arg Phe Ala Arg His Ser Ala Asp Ala Ile Phe Val Pro His
225 230 235 240

Ala Asp Leu Ala Thr Thr Lys Ser Leu Val Thr Ala Gly Met His Pro
245 250 255

Ala Cys Pro Ser Arg

260

<210> 431

<211> 1545

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1522)

<223> RXA00955

<400> 431

gatggtgcac aaaaggcgct ttccttgctt gccgacggca ccaccaggc atggttgccc 60
aagcacgaag agatcgatta ctcagaaaag gagtcttcca atg act agt aat aat 115

Met Thr Ser Asn Asn

1 5

ctg ccc aca gtg ttg gaa agc atc gtc gag ggt cgt cgc gga cac ctg 163
Leu Pro Thr Val Leu Glu Ser Ile Val Glu Gly Arg Arg Gly His Leu

10 15 20

gag gaa att cgc gct cgc atc gct cac gtg gat gtg gat gcg ctt cca 211
Glu Glu Ile Arg Ala Arg Ile Ala His Val Asp Val Asp Ala Leu Pro

25 30 35

aaa tcc acc cgt tct ctg ttt gat tcc ctc aac cag ggt agg gga ggg 259
Lys Ser Thr Arg Ser Leu Phe Asp Ser Leu Asn Gln Gly Arg Gly Gly

40 45 50

gcg cgt ttc atc atg gag tgc aag tcc gca tcg cct tct ttg gga atg 307
Ala Arg Phe Ile Met Glu Cys Lys Ser Ala Ser Pro Ser Leu Gly Met

55 60 65

att cgt gag cac tac cag ccg ggt gaa atc gct cgc gtg tac tct cgc 355
Ile Arg Glu His Tyr Gln Pro Gly Glu Ile Ala Arg Val Tyr Ser Arg

70 75 80 85

tac gcc agc ggc att tcc gtg ctg tgc gag ccg gat cgt ttt ggt ggc 403
Tyr Ala Ser Gly Ile Ser Val Leu Cys Glu Pro Asp Arg Phe Gly Gly

90 95 100

gat tac gat cac ctc gct acc gtt gcc gct acc tct cat ctt ccg gtg 451
Asp Tyr Asp His Leu Ala Thr Val Ala Ala Thr Ser His Leu Pro Val

105 110 115

ctg tgc aaa gac ttc atc att gat cct gtc cag gta cac gcg gcg cgt 499
Leu Cys Lys Asp Phe Ile Ile Asp Pro Val Gln Val His Ala Ala Arg

120 125 130

tac ttt ggt gct gat gcc atc ctg ctc atg ctc tct gtg ctt gat gat 547
Tyr Phe Gly Ala Asp Ala Ile Leu Leu Met Leu Ser Val Leu Asp Asp

135 140 145

gaa gag tac gca gca ctc gct gcc gag gct gcg cgt ttt gat ctg gat 595
Glu Glu Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Ala Ala Arg Phe Asp Leu Asp

150 155 160 165

atc ctc acc gag gtt att gat gag gag gaa gtc gcc cgc gcc atc aag 643
Ile Leu Thr Glu Val Ile Asp Glu Glu Glu Val Ala Arg Ala Ile Lys

170 175 180

ctg ggt gcg aag atc ttt ggc gtc aac cac cgc aac ctg cat gat ctg 691
Leu Gly Ala Lys Ile Phe Gly Val Asn His Arg Asn Leu His Asp Leu

185 190 195

tcc att gat ttg gat cgt tca cgt cgc ctg tcc aag ctc att cca gca 739
Ser Ile Asp Leu Asp Arg Ser Arg Arg Leu Ser Lys Leu Ile Pro Ala

200 205 210

gat gcc gtg ctc gtg tct gag tct ggc gtg cgc gat acc gaa acc gtc 787

Asp Ala Val Leu Val Ser Glu Ser Gly Val Arg Asp Thr Glu Thr Val

215 220 225
cgc cag cta ggt ggg cac tcc aat gca ttc ctc gtt ggc tcc cag ctg 835
Arg Gln Leu Gly Gly His Ser Asn Ala Phe Leu Val Gly Ser Gln Leu

230 235 240 245
acc agc cag gaa aac gtc gat ctg gca gcc cgc gaa tta gtc tac ggc 883
Thr Ser Gln Glu Asn Val Asp Leu Ala Ala Arg Glu Leu Val Tyr Gly

250 255 260
ccc aac aaa gtc tgc gga ctc acc tca cca agt gca gca caa acc gct 931
Pro Asn Lys Val Cys Gly Leu Thr Ser Pro Ser Ala Ala Gln Thr Ala

265 270 275
cgc gca gcg ggt gcg gtc tac ggc ggg ctc atc ttc gaa gag gca tcg 979
Arg Ala Ala Gly Ala Val Tyr Gly Gly Leu Ile Phe Glu Glu Ala Ser

280 285 290
cca cgc aat gtt tca cgt gaa aca ttg caa aaa atc atc gcc gca gag 1027
Pro Arg Asn Val Ser Arg Glu Thr Leu Gln Lys Ile Ile Ala Ala Glu

295 300 305
ccc aac ctg cgc tac gtc gcg gtc agc cgt cgc acc tcc ggg tac aag 1075
Pro Asn Leu Arg Tyr Val Ala Val Ser Arg Arg Thr Ser Gly Tyr Lys

310 315 320 325
gat ttg ctt gtc gac ggc atc ttc gcc gta caa atc cac gcc cca ctg 1123
Asp Leu Leu Val Asp Gly Ile Phe Ala Val Gln Ile His Ala Pro Leu

330 335 340
cag gac agc gtc gaa gca gaa aag gca ttg atc gcc gcc gtt cgt gaa 1171
Gln Asp Ser Val Glu Ala Glu Lys Ala Leu Ile Ala Ala Val Arg Glu

345 350 355
gag gtt gga ccg cag gtc cag gtc tgg cgc gcg atc tcg atg tcc agc 1219
Glu Val Gly Pro Gln Val Gln Val Trp Arg Ala Ile Ser Met Ser Ser

360 365 370
ccc ttg ggg gct gaa gtg gca gct gcg gtg gag ggt gac gtc gat aag 1267
Pro Leu Gly Ala Glu Val Ala Ala Ala Val Glu Gly Asp Val Asp Lys

375 380 385
cta att ctt gat gcc cat gaa ggt ggc agc ggg gaa gta ttc gac tgg 1315
Leu Ile Leu Asp Ala His Glu Gly Gly Ser Gly Glu Val Phe Asp Trp

390 395 400 405
gct acg gtg ccg gcc gct gtg aag gca aag tct ttg ctc gcg gga ggc 1363
Ala Thr Val Pro Ala Ala Val Lys Ala Lys Ser Leu Leu Ala Gly Gly

410 415 420
atc tct ccg gac aac gct gcg cag gca ctc gct gtg ggc tgc gca ggt 1411
Ile Ser Pro Asp Asn Ala Ala Gln Ala Leu Ala Val Gly Cys Ala Gly

425 430 435
ttg gac atc aac tct ggc gtg gaa tac ccc gcc ggt gca ggc acg tgg 1459

Leu Asp Ile Asn Ser Gly Val Glu Tyr Pro Ala Gly Ala Gly Thr Trp

440 445 450
gct ggg gcg aaa gac gcc ggc gcg ctg ctg aaa att tta gcg acc atc 1507
Ala Gly Ala Lys Asp Ala Gly Ala Leu Leu Lys Ile Leu Ala Thr Ile

455 460 465
tcc aca ttc cat tac taaaggttta aataggatca tga 1545
Ser Thr Phe His Tyr

470
<210> 432
<211> 474
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 432
Met Thr Ser Asn Asn Leu Pro Thr Val Leu Glu Ser Ile Val Glu Gly
1 5 10 15
Arg Arg Gly His Leu Glu Glu Ile Arg Ala Arg Ile Ala His Val Asp
20 25 30
Val Asp Ala Leu Pro Lys Ser Thr Arg Ser Leu Phe Asp Ser Leu Asn
35 40 45
Gln Gly
Arg Gly Gly Ala Arg Phe Ile Met Glu Cys Lys Ser Ala Ser
50 55 60
Pro Ser Leu Gly Met Ile Arg Glu His Tyr Gln Pro Gly Glu Ile Ala
65 70 75 80

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

Ser Val Leu Asp Asp Glu Glu Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Ala Ala
145 150 155 160

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

Asp Thr Glu Thr Val Arg Gln Leu Gly Gly His Ser Asn Ala Phe Leu
225 230 235 240

Val Gly Ser Gln Leu Thr Ser Gln Glu Asn Val Asp Leu Ala Ala Arg
245 250 255
Glu Leu Val Tyr Gly Pro Asn Lys Val Cys Gly Leu Thr Ser Pro Ser
260 265 270

Ala Ala Gln Thr Ala Arg Ala Ala Gly Ala Val Tyr Gly Gly Leu Ile
275 280 285
Phe Glu Glu Ala Ser Pro Arg Asn Val Ser Arg Glu Thr Leu Gln Lys
290 295 300

Ile Ile Ala Ala Glu Pro Asn Leu Arg Tyr Val Ala Val Ser Arg Arg
305 310 315 320

Thr Ser Gly Tyr Lys Asp Leu Leu Val Asp Gly Ile Phe Ala Val Gln
325 330 335
Ile His Ala Pro Leu Gln Asp Ser Val Glu Ala Glu Lys Ala Leu Ile
340 345 350
Ala Ala Val Arg Glu Glu Val Gly Pro Gln Val Gln Val Trp Arg Ala
355 360 365
Ile Ser Met Ser Ser Pro Leu Gly Ala Glu Val Ala Ala Ala Val Glu
370 375 380

Gly Asp Val Asp Lys Leu Ile Leu Asp Ala His Glu Gly Gly Ser Gly
385 390 395 400

Glu Val Phe Asp Trp Ala Thr Val Pro Ala Ala Val Lys Ala Lys Ser
405 410 415
Leu Leu Ala Gly Gly Ile Ser Pro Asp Asn Ala Ala Gln Ala Leu Ala
420 425 430
Val Gly Cys Ala Gly Leu Asp Ile Asn Ser Gly Val Glu Tyr Pro Ala
435 440 445
Gly Ala Gly Thr Trp Ala Gly Ala Lys Asp Ala Gly Ala Leu Leu Lys
450 455 460

Ile Leu Ala Thr Ile Ser Thr Phe His Tyr

465 470

<210> 433
<211> 494
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(471)
<223> RXA02814
<400> 433

gcc aaa aac cta gaa gaa cac tcc tac gtg gtc aac cac ctg cgc acc 48
Ala Lys Asn Leu Glu Glu His Ser Tyr Val Val Asn His Leu Arg Thr

1 5 10 15
atc ctg gaa cca ctg tgc tca caa ttc gac gcc cca aca gtt cct gaa 96
Ile Leu Glu Pro Leu Cys Ser Gln Phe Asp Ala Pro Thr Val Pro Glu

20 25 30
ctg acc aaa acc aac gaa atg tgg cac ctc gca aca ccc atc gtt ggc 144
Leu Thr Lys Thr Asn Glu Met Trp His Leu Ala Thr Pro Ile Val Gly

35 40 45
acc ctc aag tac cca cac atc acc gca cta gaa cta gcc ata cga aca 192

Thr Leu Lys Tyr Pro His Ile Thr Ala Leu Glu Leu Ala Ile Arg Thr

50 55 60
cac ccc acc ccc gcg atc tgt ggc acc ccc acc gac gcc gcc gaa gcc 240
His Pro Thr Pro Ala Ile Cys Gly Thr Pro Thr Asp Ala Ala Glu Ala

65 70 75 80
ctc atc atc gaa gcg gaa tcc ccc cga aac ttc tac gcc gga gca gcc 288
Leu Ile Ile Glu Ala Glu Ser Pro Arg Asn Phe Tyr Ala Gly Ala Ala

85 90 95
ggc tgg tgt gac tcc acc gga gac ggc gaa tac atg gta gcc atc cgc 336
Gly Trp Cys Asp Ser Thr Gly Asp Gly Glu Tyr Met Val Ala Ile Arg

100 105 110
tgc gcc gaa gta tcc gaa gac gga acc tgg gcc aga gca tgg gca ggc 384
Cys Ala Glu Val Ser Glu Asp Gly Thr Trp Ala Arg Ala Trp Ala Gly

115 120 125
gga ggc atc gtc gcc gaa tca gac gcc caa gaa gag ttt gat gaa acc 432
Gly Gly Ile Val Ala Glu Ser Asp Ala Gln Glu Glu Phe Asp Glu Thr

130 135 140
acc gcg aag ctc caa acc atc atg cgc tcg ctt ggt ttg tgagatgtgg 481
Thr Ala Lys Leu Gln Thr Ile Met Arg Ser Leu Gly Leu

145 150 155
tcttaaaaca ccg 494
<210> 434
<211> 157
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 434
Ala Lys Asn Leu Glu Glu His Ser Tyr Val Val Asn His Leu Arg Thr
1 5 10 15
Ile Leu Glu Pro Leu Cys Ser Gln Phe Asp Ala Pro Thr Val Pro Glu
20 25 30
Leu Thr Lys Thr Asn Glu Met Trp His Leu
Ala Thr Pro Ile Val Gly
35 40 45
Thr Leu Lys Tyr Pro His Ile Thr Ala Leu Glu Leu Ala Ile Arg Thr
50 55 60
His Pro Thr Pro Ala Ile Cys Gly Thr Pro Thr Asp Ala Ala Glu Ala
65 70 75 80
Leu Ile Ile Glu Ala Glu Ser Pro Arg Asn Phe Tyr Ala Gly Ala Ala
85 90 95
Gly Trp Cys Asp Ser Thr Gly Asp Gly Glu Tyr Met Val Ala Ile Arg
100 105 110
Cys Ala Glu Val Ser Glu Asp Gly Thr Trp Ala Arg Ala Trp Ala Gly
115 120 125
Gly Gly Ile Val Ala Glu Ser Asp Ala Gln Glu Glu Phe Asp Glu Thr
130 135 140
Thr Ala Lys Leu Gln Thr Ile Met Arg Ser Leu Gly Leu

145	150	155	
<210> 435			
<211> 803			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(780)			
<223> RXA00229			
<400> 435			
gag gcg aaa ggc ctc gcg cag gga cgt gcg acg gtg tac agg cgc atc			48
Glu Ala Lys Gly Leu Ala Gln Gly Arg Ala Thr Val Tyr Arg Arg Ile			
1	5	10	15
gac acg ctt ggg tcg cgt gct tcc ggg caa gat tta aat acg ctt ctc			96
Asp Thr Leu Gly Ser Arg Ala Ser Gly Gln Asp Leu Asn Thr Leu Leu			
20	25	30	
gac gcc gcc ctc tac ctt ggc ttc agc ggc ctg aac atc act cac ccg			144
Asp Ala Ala Leu Tyr Leu Gly Phe Ser Gly Leu Asn Ile Thr His Pro			
35	40	45	
tac aag caa gca gta tta ccc ctg ctt ggc gaa gtc tcc gaa caa gcc			192
Tyr Lys Gln Ala Val Leu Pro Leu Leu Gly Glu Val Ser Glu Gln Ala			
50	55	60	
acc caa ctc ggc gca gtg aat act gtc gtt atg gac gcc acc ggc cac			240
Thr Gln Leu Gly Ala Val Asn Thr Val Val Met Asp Ala Thr Gly His			
65	70	75	80
acc acc ggc cac aac acc gac gtc tcc gga ttt ggc cgc gga atg gaa			288
Thr Thr Gly His Asn Thr Asp Val Ser Gly Phe Gly Arg Gly Met Glu			
85	90	95	
gaa ggc ctc ccc aac gcc aag ctc gat tcc gtc gtg cag gtc ggc gcc			336
Glu Gly Leu Pro Asn Ala Lys Leu Asp Ser Val Val Gln Val Gly Ala			
100	105	110	
ggc ggc gta gaa aac gca gtg gca tac gcc ctg gtc acc cac ggt gtg			384
Gly Gly Val Glu Asn Ala Val Ala Tyr Ala Leu Val Thr His Gly Val			
115	120	125	
cag aaa ctt cag gtc gct gac ctc gac act tcc cgc gcg cag gca ctg			432
Gln Lys Leu Gln Val Ala Asp Leu Asp Thr Ser Arg Ala Gln Ala Leu			
130	135	140	
gca gat gtc atc aac aac gca gtc ggc cgt gaa gcc gtc gtg gga gta			480
Ala Asp Val Ile Asn Asn Ala Val Gly Arg Glu Ala Val Val Gly Val			
145	150	155	160
gac gcc cgc ggc atc gaa gac gtc atc gcc gcc gcc gac gga gta gtc			528
Asp Ala Arg Gly Ile Glu Asp Val Ile Ala Ala Ala Asp Gly Val Val			
165	170	175	
aac gca acc ccc atg gga atg cca gca cac ccc ggc acc gcc ttt gat			576

Asn Ala Thr Pro Met Gly Met Pro Ala His Pro Gly Thr Ala Phe Asp

180 185 190
gtc agc tgc ctc acc aag gat cac tgg gtt ggc gac gtc gtg tac atg 624
Val Ser Cys Leu Thr Lys Asp His Trp Val Gly Asp Val Val Tyr Met

195 200 205
ccc atc gaa act gaa ctt ctc aaa gcc gcc cgt gcc ctc ggc tgc gaa 672
Pro Ile Glu Thr Glu Leu Leu Lys Ala Ala Arg Ala Leu Gly Cys Glu

210 215 220
acc ctc gac gga acc cgc atg gca atc cac caa gcc gtc gat gcc ttc 720
Thr Leu Asp Gly Thr Arg Met Ala Ile His Gln Ala Val Asp Ala Phe

225 230 235 240
cga ctg ttc acc ggc ctc gaa ccc gac gtc tcc cgc atg cgg gaa act 768
Arg Leu Phe Thr Gly Leu Glu Pro Asp Val Ser Arg Met Arg Glu Thr

245 250 255
ttc ctg tcc ctc taaaagagtc agtaaacct cga 803
Phe Leu Ser Leu

260
<210> 436
<211> 260
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 436

Glu Ala Lys Gly Leu Ala Gln Gly Arg Ala Thr Val Tyr Arg Arg Ile
1 5 10 15
Asp Thr Leu Gly Ser Arg Ala Ser Gly Gln Asp Leu Asn Thr Leu Leu
20 25 30
Asp Ala Ala Leu Tyr Leu Gly Phe Ser Gly Leu Asn Ile Thr His Pro
35 40 45
Tyr Lys Gln Ala Val Leu Pro Leu
Leu Gly Glu Val Ser Glu Gln Ala
50 55 60
Thr Gln Leu Gly Ala Val Asn Thr Val Val Met Asp Ala Thr Gly His
65 70 75 80

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

Ala Asp Val Ile Asn Asn Ala Val Gly Arg Glu Ala Val Val Gly Val
145 150 155 160

Asp Ala Arg Gly Ile Glu Asp Val Ile Ala Ala Ala Asp Gly Val Val
165 170 175
Asn Ala Thr Pro Met Gly Met Pro Ala His Pro Gly Thr Ala Phe Asp
180 185 190

Val Ser Cys Leu Thr Lys Asp His Trp Val Gly Asp Val Val Tyr Met
195 200 205
Pro Ile Glu Thr Glu Leu Leu Lys Ala Ala Arg Ala Leu Gly Cys Glu
210 215 220
Thr Leu Asp Gly Thr Arg Met Ala Ile His Gln Ala Val Asp Ala Phe
225 230 235 240
Arg Leu Phe Thr Gly Leu Glu Pro Asp Val Ser Arg Met Arg Glu Thr
245 250 255
Phe Leu Ser Leu
260
<210> 437
<211> 927
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(904)
<223> RXA02093
<400> 437
ggcgaggaatt tcccgaaaac ttccaccaat aatcaagcca tatcccacac aatcaggcat 60
ttgctcttcc ttgctccgc atgagtataa aatcactgtc atg gtc aac tac gtc 115
Met Val Asn Tyr Val
1 5
gac agg gaa aca acc ctg tgc atc tct ctc gct gct cgt cca tcc aac 163
Asp Arg Glu Thr Thr Leu Cys Ile Ser Leu Ala Ala Arg Pro Ser Asn
10 15 20
cat ggt gtt cgt ttc cac aac tgg ctt tac gct gaa ctt gga ttg aac 211
His Gly Val Arg Phe His Asn Trp Leu Tyr Ala Glu Leu Gly Leu Asn
25 30 35
tac ctg tac aag gct gtt gcc cca gca gat atc acc gct gca gtc gca 259
Tyr Leu Tyr Lys Ala Val Ala Pro Ala Asp Ile Thr Ala Ala Val Ala
40 45 50
ggt atc cgt ggt ctg aac att cgc ggc gca ggt gtc tcc atg cca tac 307
Gly Ile Arg Gly Leu Asn Ile Arg Gly Ala Gly Val Ser Met Pro Tyr
55 60 65
aag agc gat gtc atc cca ctc atc gat gag ttg cat cct tcc gca gag 355
Lys Ser Asp Val Ile Pro Leu Ile Asp Glu Leu His Pro Ser Ala Glu
70 75 80 85
cgc ata cgt tct gtt aac acc atc gtc aac aat gac gga cac ctt gtc 403
Arg Ile Arg Ser Val Asn Thr Ile Val Asn Asn Asp Gly His Leu Val
90 95 100
gga tac aac acc gac tac act gcg gtg tac cac ctc ctt gaa gaa cac 451
Gly Tyr Asn Thr Asp Tyr Thr Ala Val Tyr His Leu Leu Glu Glu His
105 110 115

cgc gtg aac ccc aat gca cga gta gct atc aag gga tcc ggc ggc atg 499
Arg Val Asn Pro Asn Ala Arg Val Ala Ile Lys Gly Ser Gly Gly Met

120 125 130
gcc aat gct gtt gtt gca gct ctt gct gag tat ggt ctg agt ggc acc 547
Ala Asn Ala Val Val Ala Ala Leu Ala Glu Tyr Gly Leu Ser Gly Thr

135 140 145
gtc gtt gcc cgc aac cac acc acc ggt tct gcg cta gct tcc cgt tac 595
Val Val Ala Arg Asn His Thr Thr Gly Ser Ala Leu Ala Ser Arg Tyr

150 155 160 165
ggg tgg gaa tac tcc gca act gtt ccg gaa gac gca aaa att ttg gtt 643
Gly Trp Glu Tyr Ser Ala Thr Val Pro Glu Asp Ala Lys Ile Leu Val

170 175 180
aat gta acc cca atg gga atg aat gga cct gac caa gac gtt gta tct 691
Asn Val Thr Pro Met Gly Met Asn Gly Pro Asp Gln Asp Val Val Ser

185 190 195
ttt ggt gag gat gaa gta gac cga gcc gac gta atc ttt gac tgc gta 739
Phe Gly Glu Asp Glu Val Asp Arg Ala Asp Val Ile Phe Asp Cys Val

200 205 210
gca ttc ccc gtc gag acc cca ctg att aag ttg gcc aag gaa aag ggt 787
Ala Phe Pro Val Glu Thr Pro Leu Ile Lys Leu Ala Lys Glu Lys Gly

215 220 225
aag caa acc atc gac ggc gga gaa gtt gcc gct ctt cag gca gca gag 835
Lys Gln Thr Ile Asp Gly Gly Glu Val Ala Ala Leu Gln Ala Ala Glu

230 235 240 245
cag ttc cac ctc tac acc gga gtt ctt cca acc aac gac cag atc att 883
Gln Phe His Leu Tyr Thr Gly Val Leu Pro Thr Asn Asp Gln Ile Ile

250 255 260
gct gcg gag gag ttc tcc aag taaattctc tcccctattt tta 927
Ala Ala Glu Glu Phe Ser Lys

265
<210> 438
<211> 268
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 438
Met Val Asn Tyr Val Asp Arg Glu Thr Thr Leu Cys Ile Ser Leu Ala
1 5 10 15
Ala Arg Pro Ser Asn His Gly Val Arg Phe His Asn Trp Leu Tyr Ala
20 25 30
Glu Leu Gly Leu Asn Tyr Leu Tyr Lys Ala Val Ala Pro Ala Asp Ile
35 40 45
Thr Ala Ala Val Ala Gly Ile Arg Gly Leu Asn Ile Arg Gly Ala Gly
50 55 60
Val Ser Met Pro Tyr Lys Ser Asp Val Ile Pro Leu Ile Asp Glu Leu

65	70	75	80
His Pro Ser Ala Glu Arg Ile Arg Ser Val Asn Thr Ile Val Asn Asn			
	85	90	95
Asp Gly His Leu Val Gly Tyr Asn Thr Asp Tyr Thr Ala Val Tyr His			
	100	105	110
Leu Leu Glu Glu His Arg Val Asn Pro Asn Ala Arg Val Ala Ile Lys			
	115	120	125
Gly Ser Gly Gly Met Ala Asn Ala Val Val Ala Ala Leu Ala Glu Tyr			
	130	135	140
Gly Leu Ser Gly Thr Val Val Ala Arg Asn His Thr Thr Gly Ser Ala			
145	150	155	160
Leu Ala Ser Arg Tyr Gly Trp Glu Tyr Ser Ala Thr Val Pro Glu Asp			
	165	170	175
Ala Lys Ile Leu Val Asn Val Thr Pro Met Gly Met Asn Gly Pro Asp			
	180	185	190
Gln Asp Val Val Ser Phe Gly Glu Asp Glu Val Asp Arg Ala Asp Val			
	195	200	205
Ile Phe Asp Cys Val Ala Phe Pro Val Glu Thr Pro Leu Ile Lys Leu			
	210	215	220
Ala Lys Glu Lys Gly Lys Gln Thr Ile Asp Gly Gly Glu Val Ala Ala			
225	230	235	240
Leu Gln Ala Ala Glu Gln Phe His Leu Tyr Thr Gly Val Leu Pro Thr			
	245	250	255
Asn Asp Gln Ile Ile Ala Ala Glu Glu Phe Ser Lys			
	260	265	
<210> 439			
<211> 951			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(928)			
<223> RXA02791			
<400> 439			
accgtgttca acgacacctt cgaagagcac gaagccgaca ttgagcaagc tttgaacagt			60
ggcgttcttag acagcaaccg ataaggatca gcaataaaaa ttg ggt tct cac atc			115
			Leu Gly Ser His Ile
		1	5
act cac cgg gcg gcc gta ctc ggc tca ccc atc gag cat tcc aaa tcc			163
Thr His Arg Ala Ala Val Leu Gly Ser Pro Ile Glu His Ser Lys Ser			
	10	15	20
cca gtc ctc cac aac acc ggc tat aaa gcc ctc gga ctg gac caa tgg			211
Pro Val Leu His Asn Thr Gly Tyr Lys Ala Leu Gly Leu Asp Gln Trp			
	25	30	35
gaa tac gac cgc ttt gag tgc acc ggc gac atg ctc ccc ggc atc gtc			259

Glu Tyr Asp Arg Phe Glu Cys Thr Gly Asp Met Leu Pro Gly Ile Val

40 45 50
tcc ggc gct gat gaa acc tac tgc gga ttc tcc gtc acc atg ccg tct 307
Ser Gly Ala Asp Glu Thr Tyr Cys Gly Phe Ser Val Thr Met Pro Ser

55 60 65
aaa ttc gca gct ctt gaa ttc gcc gac gaa gta acc gaa cgc gcc tgc 355
Lys Phe Ala Ala Leu Glu Phe Ala Asp Glu Val Thr Glu Arg Ala Cys

70 75 80 85
gcc atc ggc tcc gca aac acc ttg ctg cgc acg gcc acc gga tgg cgc 403
Ala Ile Gly Ser Ala Asn Thr Leu Leu Arg Thr Ala Thr Gly Trp Arg

90 95 100
gcc gac aac acc gac gtc gac ggc atc agg gga gct ctc ggt gaa ctc 451
Ala Asp Asn Thr Asp Val Asp Gly Ile Arg Gly Ala Leu Gly Glu Leu

105 110 115
ctc ggc ggc gca tca ctg gcc ggc aaa cac gcc atc gtc atc ggc tcc 499
Leu Gly Gly Ala Ser Leu Ala Gly Lys His Ala Ile Val Ile Gly Ser

120 125 130
ggc ggc acc gca cgc ccc gcc atc tgg gca ctc atc gaa gcc ggg gtc 547
Gly Gly Thr Ala Arg Pro Ala Ile Trp Ala Leu Ile Glu Ala Gly Val

135 140 145
gcc cgg atc acg gtg ctc aac cgc tcc gat cgc acc gcc gaa ctg caa 595
Ala Arg Ile Thr Val Leu Asn Arg Ser Asp Arg Thr Ala Glu Leu Gln

150 155 160 165
acg ctt ttc gac gaa acc ccc acc acc ttg gcc tac gcc ccg ctc gag 643
Thr Leu Phe Asp Glu Thr Pro Thr Thr Leu Ala Tyr Ala Pro Leu Glu

170 175 180
cat ctc cac atc gaa gcc gac gtc gta gtc tct aca gtg ccc tcc gca 691
His Leu His Ile Glu Ala Asp Val Val Val Ser Thr Val Pro Ser Ala

185 190 195
gca atc gca ggc ctc gaa gac acc ctt gcg atc gcc cca gtc ctc gac 739
Ala Ile Ala Gly Leu Glu Asp Thr Leu Ala Ile Ala Pro Val Leu Asp

200 205 210
gtc atc tac gac ccc tgg cca aca cca ctc gta gaa gtc aca cga gcc 787
Val Ile Tyr Asp Pro Trp Pro Thr Pro Leu Val Glu Val Thr Arg Ala

215 220 225
aaa ggc ctc aaa gct gtc gga ggc cac gtc atg ctg gca cac cag tcc 835
Lys Gly Leu Lys Ala Val Gly Gly His Val Met Leu Ala His Gln Ser

230 235 240 245
tac gga cag ttt gaa caa ttc acc gga atg gat gca ccc cgc gat gcc 883
Tyr Gly Gln Phe Glu Gln Phe Thr Gly Met Asp Ala Pro Arg Asp Ala

250 255 260
atg cgt gag gct ttg gaa gag tct tta ggc atc tca gaa gaa cac 928

Met Arg Glu Ala Leu Glu Glu Ser Leu Gly Ile Ser Glu Glu His

265 270 275 951
taagtcctccg ccacctcctc aac

<210> 440

<211> 276

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 440

Leu Gly Ser His Ile Thr His Arg Ala Ala Val Leu Gly Ser Pro Ile
1 5 10 15

Glu His Ser Lys Ser Pro Val Leu His Asn Thr Gly Tyr Lys Ala Leu
20 25 30

Gly Leu Asp Gln Trp Glu Tyr Asp
Arg Phe Glu Cys Thr Gly Asp Met

35 40 45
Leu Pro Gly Ile Val Ser Gly Ala Asp Glu Thr Tyr Cys Gly Phe Ser
50 55 60

Val Thr Met Pro Ser Lys Phe Ala Ala Leu Glu Phe Ala Asp Glu Val
65 70 75 80

Thr Glu Arg Ala Cys Ala Ile Gly Ser Ala Asn Thr Leu Leu Arg Thr
85 90 95

Ala Thr Gly Trp Arg Ala Asp Asn Thr Asp Val Asp Gly Ile Arg Gly
100 105 110

Ala Leu Gly Glu Leu Leu Gly Gly Ala Ser Leu Ala Gly Lys His Ala
115 120 125

Ile Val Ile Gly Ser Gly Gly Thr Ala Arg Pro Ala Ile Trp Ala Leu
130 135 140

Ile Glu Ala Gly Val Ala Arg Ile Thr Val Leu Asn Arg Ser Asp Arg
145 150 155 160

Thr Ala Glu Leu Gln Thr Leu Phe Asp Glu Thr Pro Thr Thr Leu Ala
165 170 175

Tyr Ala Pro Leu Glu His Leu His Ile Glu Ala Asp Val Val Val Ser
180 185 190

Thr Val Pro Ser Ala Ala Ile Ala Gly Leu Glu Asp Thr Leu Ala Ile
195 200 205

Ala Pro Val Leu Asp Val Ile Tyr Asp Pro Trp Pro Thr Pro Leu Val
210 215 220

Glu Val Thr Arg Ala Lys Gly Leu Lys Ala Val Gly Gly His Val Met
225 230 235 240

Leu Ala His Gln Ser Tyr Gly Gln Phe Glu Gln Phe Thr Gly Met Asp
245 250 255

Ala Pro Arg Asp Ala Met Arg Glu Ala Leu Glu Glu Ser Leu Gly Ile
260 265 270

Ser Glu Glu His

275

<210> 441

<211> 693

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(670)

<223> RXA01699

<400> 441

ctgcagaaat tcggcgggtga ctccctgagc gaaaccaaga gcaacattga cacctacctc 60
 aaaaacattg aggaacgaat gaaattcgaa ggttttagagg atg gag cgt aat gaa 115
 Met Glu Arg Asn Glu

1 5
 gtg aat gat caa att cac tta gat cat caa tca gat gac acc tct gaa 163
 Val Asn Asp Gln Ile His Leu Asp His Gln Ser Asp Asp Thr Ser Glu

10 15 20
 tgc tcc tgc ccg atc gtg gtt ctt gtg ggt ttg cca gga gct gga aaa 211
 Cys Ser Cys Pro Ile Val Val Leu Val Gly Leu Pro Gly Ala Gly Lys

25 30 35
 tcc acc att gga cgt cga tta gcg cgc gcc tta aac act gaa ctc gtc 259
 Ser Thr Ile Gly Arg Arg Leu Ala Arg Ala Leu Asn Thr Glu Leu Val

40 45 50
 gac tcc gac gaa ctg att gag cgc gcc acc gga aaa gcc tgt ggc gcc 307
 Asp Ser Asp Glu Leu Ile Glu Arg Ala Thr Gly Lys Ala Cys Gly Ala

55 60 65
 gtg ttc agc gag ctc ggc gag cca gcc ttc cgc gag ctc gag gcc atc 355
 Val Phe Ser Glu Leu Gly Glu Pro Ala Phe Arg Glu Leu Glu Ala Ile

70 75 80 85
 cac gtg gcc gaa gca ctg aaa tcc tcc gga gtg gtg agc ttg gga ggc 403
 His Val Ala Glu Ala Leu Lys Ser Ser Gly Val Val Ser Leu Gly Gly

90 95 100
 gga tct gtg ctg aca gaa tcc acc cgt gaa ctg ctc aaa ggc cag gac 451
 Gly Ser Val Leu Thr Glu Ser Thr Arg Glu Leu Leu Lys Gly Gln Asp

105 110 115
 gtg gtc tgg atc gac gtg cca gta gaa gaa ggc atc agg cgc acc gca 499
 Val Val Trp Ile Asp Val Pro Val Glu Glu Gly Ile Arg Arg Thr Ala

120 125 130
 aac gag cgt tcc cgc ccc gtg ctg caa gcc gcc gac ccc gcc gag cac 547
 Asn Glu Arg Ser Arg Pro Val Leu Gln Ala Ala Asp Pro Ala Glu His

135 140 145
 tac cgc aac ctg gtg aaa gtg cgc acc ccg ttg tac gaa gag gtg gca 595
 Tyr Arg Asn Leu Val Lys Val Arg Thr Pro Leu Tyr Glu Glu Val Ala

150 155 160 165
 acc tac cga ctt cgc acc aac aac cgc agc ccc cag caa gtg gtg gca 643
 Thr Tyr Arg Leu Arg Thr Asn Asn Arg Ser Pro Gln Gln Val Val Ala

170 175 180
 gca gtg ttg cat cat cta gaa atc gat taattaaacc gggcacctga 690

Ala Val Leu His His Leu Glu Ile Asp

185 190 693

tta

<210> 442

<211> 190

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 442

Met Glu Arg Asn Glu Val Asn Asp Gln Ile His Leu Asp His Gln Ser

1 5 10 15

Asp Asp Thr Ser Glu Cys Ser Cys Pro Ile Val Val Leu Val Gly Leu

20 25 30

Pro Gly Ala Gly Lys Ser Thr Ile Gly Arg Arg Leu Ala Arg Ala Leu

35 40

45

Asn Thr Glu Leu Val Asp Ser Asp Glu Leu Ile Glu Arg Ala Thr Gly

50 55 60

Lys Ala Cys Gly Ala Val Phe Ser Glu Leu Gly Glu Pro Ala Phe Arg

65 70 75 80

Glu Leu Glu Ala Ile His Val Ala Glu Ala Leu Lys Ser Ser Gly Val

85 90 95

Val Ser Leu Gly Gly Ser Val Leu Thr Glu Ser Thr Arg Glu Leu

100 105 110

Leu Lys Gly Gln Asp Val Val Trp Ile Asp Val Pro Val Glu Glu Gly

115 120 125

Ile Arg Arg Thr Ala Asn Glu Arg Ser Arg Pro Val Leu Gln Ala Ala

130 135 140

Asp Pro Ala Glu His Tyr Arg Asn Leu Val Lys Val Arg Thr Pro Leu

145 150 155 160

Tyr Glu Glu Val Ala Thr Tyr Arg Leu Arg Thr Asn Asn Arg Ser Pro

165 170 175

Gln Gln Val Val Ala Ala Val Leu His His Leu Glu Ile Asp

180 185 190

<210> 443

<211> 959

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (97)..(936)

<223> RXA00952

<400> 443

catcctcgtc tccctatccg gccgtggcga caaggacgtt gaccacgtgc gccgcaccct 60

cgaagaaaat ccagaactga tctgaagga caaccg atg agc cgt tac gac gat 114

Met Ser Arg Tyr Asp Asp

1 5

ctt ttt gca cgc ctc gac acg gca ggg gag ggc gcc ttt gtt ccc ttc 162

Leu Phe Ala Arg Leu Asp Thr Ala Gly Glu Gly Ala Phe Val Pro Phe

10	15	20	
atc atg ctg agc gac cct tca cca gag gag gct ttc cag atc atc tcc			210
Ile Met Leu Ser Asp Pro Ser Pro Glu Glu Ala Phe Gln Ile Ile Ser			
25	30	35	
aca gca atc gaa gct ggc gca gat gca ctg gaa ctt ggc gta cct ttc			258
Thr Ala Ile Glu Ala Gly Ala Asp Ala Leu Glu Leu Gly Val Pro Phe			
40	45	50	
tcc gac cca gtt gcc gat ggc ccc acc gtc gcg gaa tcc cac ctc cgc			306
Ser Asp Pro Val Ala Asp Gly Pro Thr Val Ala Glu Ser His Leu Arg			
55	60	65	70
gca ctc gac ggc ggc gcc acc gta gac agc gca ctc gag cag atc aag			354
Ala Leu Asp Gly Gly Ala Thr Val Asp Ser Ala Leu Glu Gln Ile Lys			
75	80	85	
cgc gtg cgc gca gcc tac cca gag gtt ccc atc gga atg ctc atc tac			402
Arg Val Arg Ala Ala Tyr Pro Glu Val Pro Ile Gly Met Leu Ile Tyr			
90	95	100	
ggc aac gtt cct ttc acc cgt ggc ttg gat cgc ttc tac caa gag ttc			450
Gly Asn Val Pro Phe Thr Arg Gly Leu Asp Arg Phe Tyr Gln Glu Phe			
105	110	115	
gct gaa gct ggc gca gac tcc atc ctc ctg cca gac gtc cca gtc cga			498
Ala Glu Ala Gly Ala Asp Ser Ile Leu Leu Pro Asp Val Pro Val Arg			
120	125	130	
gaa ggc gca ccg ttt tct gca gca gct gca gca gcc gga att gat ccc			546
Glu Gly Ala Pro Phe Ser Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ile Asp Pro			
135	140	145	150
att tac atc gct ccg gcc aac gcc agc gag aaa acc ctc gag ggt gtc			594
Ile Tyr Ile Ala Pro Ala Asn Ala Ser Glu Lys Thr Leu Glu Gly Val			
155	160	165	
tcc gcc gca tca aag ggc tac atc tac gcc atc tcc cgc gac ggc gtc			642
Ser Ala Ala Ser Lys Gly Tyr Ile Tyr Ala Ile Ser Arg Asp Gly Val			
170	175	180	
acc ggc acc gaa cgt gaa tca tcc acc gac ggc ctg tcc gca gtg gtg			690
Thr Gly Thr Glu Arg Glu Ser Ser Thr Asp Gly Leu Ser Ala Val Val			
185	190	195	
gac aac atc aag aaa ttt gat ggc gca ccc atc ctc ttg ggc ttc ggc			738
Asp Asn Ile Lys Lys Phe Asp Gly Ala Pro Ile Leu Leu Gly Phe Gly			
200	205	210	
atc tca tcc cct cag cac gtg gca gac gcg att gca gcg ggt gct tcc			786
Ile Ser Ser Pro Gln His Val Ala Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Ser			
215	220	225	230
ggg gcg atc acg ggt tcc gcg atc acc aag atc att gct tcc cac tgc			834
Gly Ala Ile Thr Gly Ser Ala Ile Thr Lys Ile Ile Ala Ser His Cys			

235 240 245
gaa ggt gag cac ccg aac ccg tcc acc att cga gat atg gac ggt ttg 882
Glu Gly Glu His Pro Asn Pro Ser Thr Ile Arg Asp Met Asp Gly Leu

250 255 260
aag aag gat ctc act gag ttc atc tct gcg atg aag gca gcg acc aag 930
Lys Lys Asp Leu Thr Glu Phe Ile Ser Ala Met Lys Ala Ala Thr Lys

265 270 275
aag gtt taggccttta aatgtggcaa tgt 959
Lys Val

280
<210> 444
<211> 280
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 444

Met Ser Arg Tyr Asp Asp Leu Phe Ala Arg Leu Asp Thr Ala Gly Glu
1 5 10 15
Gly Ala Phe Val Pro Phe Ile Met Leu Ser Asp Pro Ser Pro Glu Glu
20 25 30
Ala Phe Gln Ile Ile Ser Thr Ala Ile Glu Ala Gly Ala Asp Ala Leu
35 40 45
Glu Leu Gly Val Pro Phe Ser Asp
Pro Val Ala Asp Gly Pro Thr Val
50 55 60
Ala Glu Ser His Leu Arg Ala Leu Asp Gly Gly Ala Thr Val Asp Ser
65 70 75 80

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

Ala Ala Gly Ile Asp Pro Ile Tyr Ile Ala Pro Ala Asn Ala Ser Glu
145 150 155 160

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

Ile Ala Ala Gly Ala Ser Gly Ala Ile Thr Gly Ser Ala Ile Thr Lys
225 230 235 240

Ile Ile Ala Ser His Cys Glu Gly Glu His Pro Asn Pro Ser Thr Ile
245 250 255

Arg Asp Met Asp Gly Leu Lys Lys Asp Leu Thr Glu Phe Ile Ser Ala
260 265 270
Met Lys Ala Ala Thr Lys Lys Val

275 280

<210> 445
<211> 1237
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1237)
<223> RXN00956
<400> 445
gccggtgcag gcacgtgggc tggggcgaaa gacgccggcg cgctgctgaa aatttttagcg 60
accatctcca cattccatta ctaaagggtt aaataggatc atg act gaa aaa gaa 115
Met Thr Glu Lys Glu

1 5
aac ttg ggc ggc tcc acg ctg ctg cct gca tac ttc ggt gaa ttc ggc 163
Asn Leu Gly Gly Ser Thr Leu Leu Pro Ala Tyr Phe Gly Glu Phe Gly

10 15 20
ggc cag ttc gtc gcg gaa tcc ctc ctg cct gct ctc gac cag ctg gag 211
Gly Gln Phe Val Ala Glu Ser Leu Leu Pro Ala Leu Asp Gln Leu Glu

25 30 35
aag gcc ttc gtt gac gcg acc aac agc cca gag ttc cgc gaa gaa ctc 259
Lys Ala Phe Val Asp Ala Thr Asn Ser Pro Glu Phe Arg Glu Glu Leu

40 45 50
ggc ggc tac ctc cgc gat tac ctc ggc cgc cca acc ccg ctg acc gaa 307
Gly Gly Tyr Leu Arg Asp Tyr Leu Gly Arg Pro Thr Pro Leu Thr Glu

55 60 65
tgc tcc aac ctg cca ctc gca ggc gaa ggc aaa ggc ttt gcg cgg atc 355
Cys Ser Asn Leu Pro Leu Ala Gly Glu Gly Lys Gly Phe Ala Arg Ile

70 75 80 85
ttc ctc aag cgc gaa gac ctc gtc cac ggc ggt gca cac aaa act aac 403
Phe Leu Lys Arg Glu Asp Leu Val His Gly Gly Ala His Lys Thr Asn

90 95 100
cag gtg atc ggc cag gtg ctg ctt gcc aag cgc atg ggc aaa acc cgc 451
Gln Val Ile Gly Gln Val Leu Leu Ala Lys Arg Met Gly Lys Thr Arg

105 110 115
atc atc gca gag acc ggc gca ggc cag cac ggc acc gcc acc gct ctc 499
Ile Ile Ala Glu Thr Gly Ala Gly Gln His Gly Thr Ala Thr Ala Leu

120 125 130
gca tgt gcg ctc atg ggc ctc gag tgc gtt gtc tac atg ggc gcc aag 547
Ala Cys Ala Leu Met Gly Leu Glu Cys Val Val Tyr Met Gly Ala Lys

135 140 145

gac gtt gcc cgc cag cag ccc aac gtc tac cgc atg cag ctg cac ggc 595
Asp Val Ala Arg Gln Gln Pro Asn Val Tyr Arg Met Gln Leu His Gly

150 155 160 165
gcg aag gtc atc ccc gtg gaa tct ggt tcc ggc acc ctg aag gac gcc 643
Ala Lys Val Ile Pro Val Glu Ser Gly Ser Gly Thr Leu Lys Asp Ala

170 175 180
gtg aat gaa gcg ctg cgc gat tgg acc gca acc ttc cac gag tcc cac 691
Val Asn Glu Ala Leu Arg Asp Trp Thr Ala Thr Phe His Glu Ser His

185 190 195
tac ctt ctc ggc acc ccc gcc ggc ccg cac cca ttc cca acc atc gtg 739
Tyr Leu Leu Gly Thr Pro Ala Gly Pro His Pro Phe Pro Thr Ile Val

200 205 210
cgt gaa ttc cac aag gtg atc tct gag gaa gcc aag gca cag atg cta 787
Arg Glu Phe His Lys Val Ile Ser Glu Glu Ala Lys Ala Gln Met Leu

215 220 225
gag cgc acc ggc aag ctt ccc gac gtt gtg gtc gcc tgt gtc ggt ggt 835
Glu Arg Thr Gly Lys Leu Pro Asp Val Val Val Ala Cys Val Gly Gly

230 235 240 245
ggc tcc aac gcc atc ggc atg ttc gca gac ttc att gac gat gaa ggt 883
Gly Ser Asn Ala Ile Gly Met Phe Ala Asp Phe Ile Asp Asp Glu Gly

250 255 260
gta gag ctc gtc ggc gct gag cca gcc ggt gaa ggc ctc gac tcc ggc 931
Val Glu Leu Val Gly Ala Glu Pro Ala Gly Glu Gly Leu Asp Ser Gly

265 270 275
aag cac ggc gca acc atc acc aac ggt cag atc ggc atc ctg cac ggc 979
Lys His Gly Ala Thr Ile Thr Asn Gly Gln Ile Gly Ile Leu His Gly

280 285 290
acc cgt tcc tac ctg atg cgc aac tcc gac ggc caa gtg gaa gag tcc 1027
Thr Arg Ser Tyr Leu Met Arg Asn Ser Asp Gly Gln Val Glu Glu Ser

295 300 305
tac tcc atc tcc gcc gga ctt gat tac cca ggc gtc ggc cca cag cac 1075
Tyr Ser Ile Ser Ala Gly Leu Asp Tyr Pro Gly Val Gly Pro Gln His

310 315 320 325
gca cac ctg cac gcc acc ggc cgc gcc acc tac gtt ggt atc acc gac 1123
Ala His Leu His Ala Thr Gly Arg Ala Thr Tyr Val Gly Ile Thr Asp

330 335 340
gcc gaa gcc ctc caa gca ttc cag tac ctc gcc cgc tac gaa ggc atc 1171
Ala Glu Ala Leu Gln Ala Phe Gln Tyr Leu Ala Arg Tyr Glu Gly Ile

345 350 355
atc ccc gca ctg gaa tcc tca cac gcg ttc gcc tac gca ctc aag cgc 1219
Ile Pro Ala Leu Glu Ser Ser His Ala Phe Ala Tyr Ala Leu Lys Arg

360 365 370

gcc aag acc gcc gaa gta
Ala Lys Thr Ala Glu Val

1237

375
<210> 446
<211> 379
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 446
Met Thr Glu Lys Glu Asn Leu Gly Gly Ser Thr Leu Leu Pro Ala Tyr
1 5 10 15
Phe Gly Glu Phe Gly Gly Gln Phe Val Ala Glu Ser Leu Leu Pro Ala
20 25 30
Leu Asp Gln Leu Glu Lys Ala Phe Val Asp Ala Thr Asn Ser Pro Glu
35 40 45
Phe
Arg Glu Glu Leu Gly Gly Tyr Leu Arg Asp Tyr Leu Gly Arg Pro
50 55 60
Thr Pro Leu Thr Glu Cys Ser Asn Leu Pro Leu Ala Gly Glu Gly Lys
65 70 75 80

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

Tyr Met Gly Ala Lys Asp Val Ala Arg Gln Gln Pro Asn Val Tyr Arg
145 150 155 160

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

Lys Ala Gln Met Leu Glu Arg Thr Gly Lys Leu Pro Asp Val Val Val
225 230 235 240

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

Gln Val Glu Glu Ser Tyr Ser Ile Ser Ala Gly Leu Asp Tyr Pro Gly

305											310											315											320																																																														
Val	Gly	Pro	Gln	His	Ala	His	Leu	His	Ala	Thr	Gly	Arg	Ala	Thr	Tyr																																																																																
					325					330					335																																																																																
Val	Gly	Ile	Thr	Asp	Ala	Glu	Ala	Leu	Gln	Ala	Phe	Gln	Tyr	Leu	Ala																																																																																
					340					345					350																																																																																
Arg	Tyr	Glu	Gly	Ile	Ile	Pro	Ala	Leu	Glu	Ser	Ser	His	Ala	Phe	Ala																																																																																
					355					360					365																																																																																
Tyr	Ala	Leu	Lys	Arg	Ala	Lys	Thr	Ala	Glu	Val																																																																																					
					370					375																																																																																					
<210>																447																																																																															
<211>																1231																																																																															
<212>																DNA																																																																															
<213>																Corynebacterium glutamicum																																																																															
<220>																																																																																															
<221>																CDS																																																																															
<222>																(101)..(1231)																																																																															
<223>																FRXA00956																																																																															
<400>																447																																																																															
gccggtgcag																gcacgtgggc										tggggcgaaa										gacgccggcg										cgctgctgaa										aatattagcg										60																													
accatctcca																cattccatta										ctaaaggttt										aatagggatc										atg act										gaa aaa										gaa										115																			
																																														Met										Thr										Glu										Lys										Glu									
																																																								1																				5																			
aac ttg																ggc ggc										tcc acg										ctg ctg										cct gca										tac ttc										ggt gaa										ttc ggc										163									
Asn Leu																Gly Gly										Ser Thr										Leu Leu										Pro Ala										Tyr Phe										Gly Glu										Phe Gly																			
																10										15										20																																																											
ggc cag																ttc gtc										gcg gaa										tcc ctc										ctg cct										gct ctc										gac cag										ctg gag										211									
Gly Gln																Phe Val										Ala Glu										Ser Leu										Leu Pro										Ala Leu										Asp Gln										Leu Glu																			
																25										30										35																																																											
aag gcc																ttc gtt										gac gcg										acc aac										agc cca										gag ttc										cgc gaa										gaa ctc										259									
Lys Ala																Phe Val										Asp Ala										Thr Asn										Ser Pro										Glu Phe										Arg Glu										Glu Leu																			
																40										45										50																																																											
ggc ggc																tac ctc										cgc gat										tac ctc										ggc cgc										cca acc										cgc ctg										acc gaa										307									
Gly Gly																Tyr Leu										Arg Asp										Tyr Leu										Gly Arg										Pro Thr										Pro Leu										Thr Glu																			
																55										60										65																																																											
tgc tcc																aac ctg										cca ctc										gca ggc										gaa ggc										aaa ggc										ttt gcg										cgg atc										355									
Cys Ser																Asn Leu										Pro Leu										Ala Gly										Glu Gly										Lys Gly										Phe Ala										Arg Ile																			
																70										75										80										85																																																	
ttc ctc																aag cgc										gaa gac										ctc gtc										cac ggc										ggt gca										cac aaa										act aac										403									
Phe Leu																Lys Arg										Glu Asp										Leu Val										His Gly										Gly Ala										His Lys										Thr Asn																			
																90										95										100																																																											
cag gtg																atc ggc										cag gtg										ctg ctt										gcc aag										cgc atg										ggc aaa										acc cgc										451									
Gln Val																Ile Gly										Gln Val										Leu Leu										Ala Lys										Arg Met										Gly Lys										Thr Arg																			
																105										110										115																																																											
atc atc																gca gag										acc ggc										gca ggc										cag cac										ggc acc										gcc acc										gct ctc										499									

Ile Ile Ala Glu Thr Gly Ala Gly Gln His Gly Thr Ala Thr Ala Leu

120 125 130
gca tgt gcg ctc atg ggc ctc gag tgc gtt gtc tac atg ggc gcc aag 547
Ala Cys Ala Leu Met Gly Leu Glu Cys Val Val Tyr Met Gly Ala Lys

135 140 145
gac gtt gcc cgc cag cag ccc aac gtc tac cgc atg cag ctg cac ggc 595
Asp Val Ala Arg Gln Gln Pro Asn Val Tyr Arg Met Gln Leu His Gly

150 155 160 165
gcg aag gtc atc ccc gtg gaa tct ggt tcc ggc acc ctg aag gac gcc 643
Ala Lys Val Ile Pro Val Glu Ser Gly Ser Gly Thr Leu Lys Asp Ala

170 175 180
gtg aat gaa gcg ctg cgc gat tgg acc gca acc ttc cac gag tcc cac 691
Val Asn Glu Ala Leu Arg Asp Trp Thr Ala Thr Phe His Glu Ser His

185 190 195
tac ctt ctc ggc acc ccc gcc ggc ccg cac cca ttc cca acc atc gtg 739
Tyr Leu Leu Gly Thr Pro Ala Gly Pro His Pro Phe Pro Thr Ile Val

200 205 210
cgt gaa ttc cac aag gtg atc tct gag gaa gcc aag gca cag atg cta 787
Arg Glu Phe His Lys Val Ile Ser Glu Glu Ala Lys Ala Gln Met Leu

215 220 225
gag cgc acc ggc aag ctt ccc gac gtt gtg gtc gcc tgt gtc ggt ggt 835
Glu Arg Thr Gly Lys Leu Pro Asp Val Val Val Ala Cys Val Gly Gly

230 235 240 245
ggc tcc aac gcc atc ggc atg ttc gca gac ttc att gac gat gaa ggt 883
Gly Ser Asn Ala Ile Gly Met Phe Ala Asp Phe Ile Asp Asp Glu Gly

250 255 260
gta gag ctc gtc ggc gct gag cca gcc ggt gaa ggc ctc gac tcc ggc 931
Val Glu Leu Val Gly Ala Glu Pro Ala Gly Glu Gly Leu Asp Ser Gly

265 270 275
aag cac ggc gca acc atc acc aac ggt cag atc ggc atc ctg cac ggc 979
Lys His Gly Ala Thr Ile Thr Asn Gly Gln Ile Gly Ile Leu His Gly

280 285 290
acc cgt tcc tac ctg atg cgc aac tcc gac ggc caa gtg gaa gag tcc 1027
Thr Arg Ser Tyr Leu Met Arg Asn Ser Asp Gly Gln Val Glu Glu Ser

295 300 305
tac tcc atc tcc gcc gga ctt gat tac cca ggc gtc ggc cca cag cac 1075
Tyr Ser Ile Ser Ala Gly Leu Asp Tyr Pro Gly Val Gly Pro Gln His

310 315 320 325
gca cac ctg cac gcc acc ggc cgc gcc acc tac gtt ggt atc acc gac 1123
Ala His Leu His Ala Thr Gly Arg Ala Thr Tyr Val Gly Ile Thr Asp

330 335 340
gcc gaa gcc ctc caa gca ttc cag tac ctc gcc cgc tac gaa ggc atc 1171

Ala Glu Ala Leu Gln Ala Phe Gln Tyr Leu Ala Arg Tyr Glu Gly Ile

345 350 355
atc ccc gca ctg gaa tcc tca cac gcg ttc gcc tac gca ctc aag cgc 1219
Ile Pro Ala Leu Glu Ser Ser His Ala Phe Ala Tyr Ala Leu Lys Arg

360 365 370
gcc aag acc gcc 1231
Ala Lys Thr Ala

375
<210> 448
<211> 377
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 448

Met Thr Glu Lys Glu Asn Leu Gly Gly Ser Thr Leu Leu Pro Ala Tyr
1 5 10 15
Phe Gly Glu Phe Gly Gly Gln Phe Val Ala Glu Ser Leu Leu Pro Ala
20 25 30
Leu Asp Gln Leu Glu Lys Ala Phe Val Asp Ala Thr Asn Ser Pro Glu
35 40 45
Phe Arg Glu
Glu Leu Gly Gly Tyr Leu Arg Asp Tyr Leu Gly Arg Pro
50 55 60
Thr Pro Leu Thr Glu Cys Ser Asn Leu Pro Leu Ala Gly Glu Gly Lys
65 70 75 80

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

Tyr Met Gly Ala Lys Asp Val Ala Arg Gln Gln Pro Asn Val Tyr Arg
145 150 155 160

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

Lys Ala Gln Met Leu Glu Arg Thr Gly Lys Leu Pro Asp Val Val Val
225 230 235 240

Ala Cys Val Gly Gly Gly Ser Asn Ala Ile Gly Met Phe Ala Asp Phe
245 250 255
Ile Asp Asp Glu Gly Val Glu Leu Val Gly Ala Glu Pro Ala Gly Glu
260 265 270

Gly Leu Asp Ser Gly Lys His Gly Ala Thr Ile Thr Asn Gly Gln Ile
 275 280 285
 Gly Ile Leu His Gly Thr Arg Ser Tyr Leu Met Arg Asn Ser Asp Gly
 290 295 300

Gln Val Glu Glu Ser Tyr Ser Ile Ser Ala Gly Leu Asp Tyr Pro Gly
 305 310 315 320

Val Gly Pro Gln His Ala His Leu His Ala Thr Gly Arg Ala Thr Tyr
 325 330 335
 Val Gly Ile Thr Asp Ala Glu Ala Leu Gln Ala Phe Gln Tyr Leu Ala
 340 345 350
 Arg Tyr Glu Gly Ile Ile Pro Ala Leu Glu Ser Ser His Ala Phe Ala
 355 360 365
 Tyr Ala Leu Lys Arg Ala Lys Thr Ala

370 375
 <210> 449
 <211> 1401
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1378)
 <223> RXA00064
 <400> 449

tccccataaa cgctagagt agtggcttga ggctactgct ctttttttgt gccctttttt 60
 ggctcgtcta ttttgccacc acatgcggag gtacgcagtt atg agt tca gtt tcg 115
 Met Ser Ser Val Ser

1 5
 ctg cag gat ttt gat gca gag cga att ggt ttg ttc cac gag gac att 163
 Leu Gln Asp Phe Asp Ala Glu Arg Ile Gly Leu Phe His Glu Asp Ile

10 15 20
 aag cgc aag ttt gat gag ctc aag tca aaa aat ctg aag ctg gat ctt 211
 Lys Arg Lys Phe Asp Glu Leu Lys Ser Lys Asn Leu Lys Leu Asp Leu

25 30 35
 act cgc ggt aag cct tcg tcg gag cag ttg gat ttc gct gat gag ttg 259
 Thr Arg Gly Lys Pro Ser Ser Glu Gln Leu Asp Phe Ala Asp Glu Leu

40 45 50
 ttg gcg ttg cct ggt aag ggt gat ttc aag gct gcg gat ggt act gat 307
 Leu Ala Leu Pro Gly Lys Gly Asp Phe Lys Ala Ala Asp Gly Thr Asp

55 60 65
 gtc cgt aac tat ggc ggg ctg gat ggc atc gtt gat att cgc cag att 355
 Val Arg Asn Tyr Gly Gly Leu Asp Gly Ile Val Asp Ile Arg Gln Ile

70 75 80 85
 tgg gcg gat ttg ctg ggt gtt cct gtg gag cag gtc ttg gcg ggg gat 403
 Trp Ala Asp Leu Leu Gly Val Pro Val Glu Gln Val Leu Ala Gly Asp

90 95 100

gct tgc agc ttg aac atc atg ttt gat gtg atc agc tgg tgc tac att	451
Ala Ser Ser Leu Asn Ile Met Phe Asp Val Ile Ser Trp Ser Tyr Ile	
105 110 115	
ttc ggt aac aat gat tgc gtt cag cct tgg tgc aag gaa gaa acc gtt	499
Phe Gly Asn Asn Asp Ser Val Gln Pro Trp Ser Lys Glu Glu Thr Val	
120 125 130	
aag tgg att tgc cct gtt ccg ggc tat gat cgc cat ttc tcc atc acg	547
Lys Trp Ile Cys Pro Val Pro Gly Tyr Asp Arg His Phe Ser Ile Thr	
135 140 145	
gag cgt ttc ggc ttt gag atg att tct gtg cca atg aat gaa gac ggc	595
Glu Arg Phe Gly Phe Glu Met Ile Ser Val Pro Met Asn Glu Asp Gly	
150 155 160 165	
cct gat atg gat gct gtt gag gaa ttg gtg aag aat ccg cag gtt aag	643
Pro Asp Met Asp Ala Val Glu Glu Leu Val Lys Asn Pro Gln Val Lys	
170 175 180	
ggc atg tgg gtt gtt ccg gtg ttt tct aac ccg act ggt ttc acg gtg	691
Gly Met Trp Val Val Pro Val Phe Ser Asn Pro Thr Gly Phe Thr Val	
185 190 195	
aca gaa gac gtc gca aag cgt cta agc gca atg gaa acc gca gct ccg	739
Thr Glu Asp Val Ala Lys Arg Leu Ser Ala Met Glu Thr Ala Ala Pro	
200 205 210	
gac ttc cgc gtt gtg tgg gat aat gcc tac gcc gtt cat acg ctg acc	787
Asp Phe Arg Val Val Trp Asp Asn Ala Tyr Ala Val His Thr Leu Thr	
215 220 225	
gat gaa ttc cct gag gtt atc gat atc gtc ggg ctt ggt gag gcc gct	835
Asp Glu Phe Pro Glu Val Ile Asp Ile Val Gly Leu Gly Glu Ala Ala	
230 235 240 245	
ggc aac ccg aac cgt ttc tgg gcg ttc act tct act tgc aag atc act	883
Gly Asn Pro Asn Arg Phe Trp Ala Phe Thr Ser Thr Ser Lys Ile Thr	
250 255 260	
ctc gcg ggt gcg ggc gtg tgc ttc ttc ctc acc tct gcg gag aac cgc	931
Leu Ala Gly Ala Gly Val Ser Phe Phe Leu Thr Ser Ala Glu Asn Arg	
265 270 275	
aag tgg tac acc ggc cat gcg ggt atc cgt ggc att ggc cct aac aag	979
Lys Trp Tyr Thr Gly His Ala Gly Ile Arg Gly Ile Gly Pro Asn Lys	
280 285 290	
gtc aat cag ttg gct cat gcg cgt tac ttt ggc gat gct gag gga gtg	1027
Val Asn Gln Leu Ala His Ala Arg Tyr Phe Gly Asp Ala Glu Gly Val	
295 300 305	
cgc gcg gtg atg cgt aag cat gct gcg tgc ttg gct ccg aag ttc aac	1075
Arg Ala Val Met Arg Lys His Ala Ala Ser Leu Ala Pro Lys Phe Asn	

310 315 320 325
aag gtt ctg gag att ctg gat tct cgc ctt gct gag tac ggt gtc gcg 1123
Lys Val Leu Glu Ile Leu Asp Ser Arg Leu Ala Glu Tyr Gly Val Ala

330 335 340
cag tgg act gtc cct gcg ggc ggt tac ttc att tcc ctt gat gtg gtt 1171
Gln Trp Thr Val Pro Ala Gly Gly Tyr Phe Ile Ser Leu Asp Val Val

345 350 355
cct ggt acg gcg tct cgc gtg gct gag ttg gct aag gaa gcc ggc atc 1219
Pro Gly Thr Ala Ser Arg Val Ala Glu Leu Ala Lys Glu Ala Gly Ile

360 365 370
gcg ttg acg ggt gcg ggt tct tct tac ccg ctg cgt cag gat ccg gag 1267
Ala Leu Thr Gly Ala Gly Ser Ser Tyr Pro Leu Arg Gln Asp Pro Glu

375 380 385
aac aaa aat ctc cgt ttg gca ccg tcg ctg cct cca gtt gag gaa ctt 1315
Asn Lys Asn Leu Arg Leu Ala Pro Ser Leu Pro Pro Val Glu Glu Leu

390 395 400 405
gag gtt gcc atg gat ggc gtg gct acc tgt gtg ctg ttg gca gca gcg 1363
Glu Val Ala Met Asp Gly Val Ala Thr Cys Val Leu Leu Ala Ala Ala

410 415 420
gag cat tac gct aac taaaagtgaac tacagcggag aca 1401
Glu His Tyr Ala Asn

425
<210> 450
<211> 426
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 450
Met Ser Ser Val Ser Leu Gln Asp Phe Asp Ala Glu Arg Ile Gly Leu
1 5 10 15
Phe His Glu Asp Ile Lys Arg Lys Phe Asp Glu Leu Lys Ser Lys Asn
20 25 30
Leu Lys Leu Asp Leu Thr Arg Gly Lys Pro Ser Ser Glu Gln Leu Asp
35 40 45
Phe Ala
Asp Glu Leu Leu Ala Leu Pro Gly Lys Gly Asp Phe Lys Ala
50 55 60
Ala Asp Gly Thr Asp Val Arg Asn Tyr Gly Gly Leu Asp Gly Ile Val
65 70 75 80

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

His Phe Ser Ile Thr Glu Arg Phe Gly Phe Glu Met Ile Ser Val Pro

145				150				155				160			
Met	Asn	Glu	Asp	Gly	Pro	Asp	Met	Asp	Ala	Val	Glu	Glu	Leu	Val	Lys
				165				170				175			
Asn	Pro	Gln	Val	Lys	Gly	Met	Trp	Val	Val	Pro	Val	Phe	Ser	Asn	Pro
				180				185				190			
Thr	Gly	Phe	Thr	Val	Thr	Glu	Asp	Val	Ala	Lys	Arg	Leu	Ser	Ala	Met
				195				200				205			
Glu	Thr	Ala	Ala	Pro	Asp	Phe	Arg	Val	Val	Trp	Asp	Asn	Ala	Tyr	Ala
				210				215				220			

Val His Thr Leu Thr Asp Glu Phe Pro Glu Val Ile Asp Ile Val Gly
225 230 235 240

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

Asp Ala Glu Gly Val Arg Ala Val Met Arg Lys His Ala Ala Ser Leu
305 310 315 320

Ala	Pro	Lys	Phe	Asn	Lys	Val	Leu	Glu	Ile	Leu	Asp	Ser	Arg	Leu	Ala
			325						330					335	
Glu	Tyr	Gly	Val	Ala	Gln	Trp	Thr	Val	Pro	Ala	Gly	Gly	Tyr	Phe	Ile
			340						345					350	
Ser	Leu	Asp	Val	Val	Pro	Gly	Thr	Ala	Ser	Arg	Val	Ala	Glu	Leu	Ala
			355						360				365		
Lys	Glu	Ala	Gly	Ile	Ala	Leu	Thr	Gly	Ala	Gly	Ser	Ser	Tyr	Pro	Leu
			370						375				380		

Arg Gln Asp Pro Glu Asn Lys Asn Leu Arg Leu Ala Pro Ser Leu Pro
385 390 395 400

Pro Val Glu Glu Leu Glu Val Ala Met Asp Gly Val Ala Thr Cys Val
405 410 415
Leu Leu Ala Ala Ala Glu His Tyr Ala Asn

420 425

<210> 451

<211> 1143

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

$\langle 222 \rangle$ (101).. (1120)

<223> RXN00448

<400> 451

ccatttacct tcaactaagg tagccgtaac tgcaaagctc aggccatcct cttcagtgtt 60
catagagata accgtagtag gtatgtgcca cacttgtcag gtg act acc aaa gac 115

												Val	Thr	Thr	Lys	Asp						
												1				5						
att	tcc	cgc	cca	gta	tgc	atc	ctg	ggc	ctc	ggc	ctc	atc	ggc	gga	tcc	163						
Ile	Ser	Arg	Pro	Val	Cys	Ile	Leu	Gly	Leu	Gly	Leu	Ile	Gly	Gly	Ser							
												10				15		20				
ctc	ctc	cgc	gac	ctc	cat	gca	gcc	aac	cac	tcc	gtc	ttc	ggc	tac	aac	211						
Leu	Leu	Arg	Asp	Leu	His	Ala	Ala	Asn	His	Ser	Val	Phe	Gly	Tyr	Asn							
												25				30		35				
cgc	tca	cgc	tcc	ggc	gct	aaa	tca	gcc	gtc	gac	gaa	ggc	ttc	gac	gtt	259						
Arg	Ser	Arg	Ser	Gly	Ala	Lys	Ser	Ala	Val	Asp	Glu	Gly	Phe	Asp	Val							
												40				45		50				
tcc	gcc	gat	ctt	gaa	gca	acc	ctc	cag	cgt	gca	gcc	gcc	gaa	gat	gcg	307						
Ser	Ala	Asp	Leu	Glu	Ala	Thr	Leu	Gln	Arg	Ala	Ala	Ala	Glu	Asp	Ala							
												55				60		65				
ctc	atc	gtc	ctc	gcg	gtc	ccc	atg	acc	gca	atc	gat	tcg	ctt	ctc	gac	355						
Leu	Ile	Val	Leu	Ala	Val	Pro	Met	Thr	Ala	Ile	Asp	Ser	Leu	Leu	Asp							
												70				75		80		85		
gcc	gtc	cac	acc	cac	gca	cca	aac	aac	ggc	ttc	acc	gac	gtc	gta	tcc	403						
Ala	Val	His	Thr	His	Ala	Pro	Asn	Asn	Gly	Phe	Thr	Asp	Val	Val	Ser							
												90				95		100				
gta	aaa	acc	gcc	gtc	tac	gac	gca	gta	aaa	gcc	cgc	aac	atg	caa	cac	451						
Val	Lys	Thr	Ala	Val	Tyr	Asp	Ala	Val	Lys	Ala	Arg	Asn	Met	Gln	His							
												105				110		115				
cgt	tat	gtg	gga	tcc	cac	ccc	atg	gca	ggc	acc	gcc	aac	tcc	ggc	tgg	499						
Arg	Tyr	Val	Gly	Ser	His	Pro	Met	Ala	Gly	Thr	Ala	Asn	Ser	Gly	Trp							
												120				125		130				
agc	gca	tcc	atg	gac	gga	ctg	ttc	aaa	cga	gca	gta	tgg	gtg	gtc	acc	547						
Ser	Ala	Ser	Met	Asp	Gly	Leu	Phe	Lys	Arg	Ala	Val	Trp	Val	Val	Thr							
												135				140		145				
ttc	gac	cag	ctt	ttc	gac	ggc	acc	gac	atc	aac	tcc	acc	tgg	atc	agc	595						
Phe	Asp	Gln	Leu	Phe	Asp	Gly	Thr	Asp	Ile	Asn	Ser	Thr	Trp	Ile	Ser							
												150				155		160		165		
atc	tgg	aaa	gac	gtc	gtc	caa	atg	gca	ctc	gcc	gtg	ggc	gct	gaa	gtt	643						
Ile	Trp	Lys	Asp	Val	Val	Gln	Met	Ala	Leu	Ala	Val	Gly	Ala	Glu	Val							
												170				175		180				
gtc	cca	tcc	cga	gtt	ggc	cca	cac	gat	gca	gca	gca	gca	cga	gtg	tct	691						
Val	Pro	Ser	Arg	Val	Gly	Pro	His	Asp	Ala	Ala	Ala	Ala	Arg	Val	Ser							
												185				190		195				
cat	tta	aca	cac	atc	ctg	gct	gaa	acc	ctc	gcc	atc	gtc	ggt	gac	aac	739						
His	Leu	Thr	His	Ile	Leu	Ala	Glu	Thr	Leu	Ala	Ile	Val	Gly	Asp	Asn							
												200				205		210				
ggt	ggc	gca	ctg	tct	ctc	tct	tta	gcc	gct	ggc	agc	tac	cgc	gac	tcc	787						

Gly Gly Ala Leu Ser Leu Ser Leu Ala Ala Gly Ser Tyr Arg Asp Ser

215 220 225
acc cgc gtt gca ggc acc gac cca gga ctc gtc cgc gcc atg tgt gaa 835
Thr Arg Val Ala Gly Thr Asp Pro Gly Leu Val Arg Ala Met Cys Glu

230 235 240 245
agc aac gcc ggc cca ctg gtc aaa gcc ctc gac gaa gca ctg gcg atc 883
Ser Asn Ala Gly Pro Leu Val Lys Ala Leu Asp Glu Ala Leu Ala Ile

250 255 260
ctc cac gaa gcc cgc gaa ggc ctc acc gca gaa cag cca aac atc gag 931
Leu His Glu Ala Arg Glu Gly Leu Thr Ala Glu Gln Pro Asn Ile Glu

265 270 275
caa ctt gcc gac aac ggc tac cga tcc cgc atc cgc tac gaa gcc cgc 979
Gln Leu Ala Asp Asn Gly Tyr Arg Ser Arg Ile Arg Tyr Glu Ala Arg

280 285 290
tcc ggc cag cga cgc gcc aaa gaa tcc gtt agc cct acc atc acc tca 1027
Ser Gly Gln Arg Arg Ala Lys Glu Ser Val Ser Pro Thr Ile Thr Ser

295 300 305
tcc agg cca gtg ctc cgt ctc cac ccg ggc aca cca aac tgg gag aag 1075
Ser Arg Pro Val Leu Arg Leu His Pro Gly Thr Pro Asn Trp Glu Lys

310 315 320 325
cag ctc atc cac gct gaa acc ctc ggc gca cgg atc gaa gtg ttc 1120
Gln Leu Ile His Ala Glu Thr Leu Gly Ala Arg Ile Glu Val Phe

330 335 340
tagttttatc ggctgatgat tct 1143
<210> 452
<211> 340
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 452
Val Thr Thr Lys Asp Ile Ser Arg Pro Val Cys Ile Leu Gly Leu Gly
1 5 10 15
Leu Ile Gly Gly Ser Leu Leu Arg Asp Leu His Ala Ala Asn His Ser
20 25 30
Val Phe Gly Tyr Asn Arg Ser Arg Ser Gly Ala Lys Ser Ala Val Asp
35 40
45
Glu Gly Phe Asp Val Ser Ala Asp Leu Glu Ala Thr Leu Gln Arg Ala
50 55 60
Ala Ala Glu Asp Ala Leu Ile Val Leu Ala Val Pro Met Thr Ala Ile
65 70 75 80

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

Val Trp Val Val Thr Phe Asp Gln Leu Phe Asp Gly Thr Asp Ile Asn
145 150 155 160

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

Ser Tyr Arg Asp Ser Thr Arg Val Ala Gly Thr Asp Pro Gly Leu Val
225 230 235 240

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

Pro Thr Ile Thr Ser Ser Arg Pro Val Leu Arg Leu His Pro Gly Thr
305 310 315 320

Pro Asn Trp Glu Lys Gln Leu Ile His Ala Glu Thr Leu Gly Ala Arg
325 330 335
Ile Glu Val Phe

340

<210> 453

<211> 689

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(666)

<223> FRXA00448

<400> 453

tat gtg gga tcc cac ccc atg gca ggc acc gcc aac tcc ggc tgg agc 48
Tyr Val Gly Ser His Pro Met Ala Gly Thr Ala Asn Ser Gly Trp Ser

1 5 10 15
gca tcc atg gac gga ctg ttc aaa cga gca gta tgg gtg gtc acc ttc 96
Ala Ser Met Asp Gly Leu Phe Lys Arg Ala Val Trp Val Val Thr Phe

20 25 30
gac cag ctt ttc gac ggc acc gac atc aac tcc acc tgg atc agc atc 144
Asp Gln Leu Phe Asp Gly Thr Asp Ile Asn Ser Thr Trp Ile Ser Ile

35 40 45
tgg aaa gac gtc gtc caa atg gca ctc gcc gtg ggc gct gaa gtt gtc 192

Trp Lys Asp Val Val Gln Met Ala Leu Ala Val Gly Ala Glu Val Val

50 55 60
cca tcc cga gtt ggc cca cac gat gca gca gca gca cga gtg tct cat 240
Pro Ser Arg Val Gly Pro His Asp Ala Ala Ala Ala Arg Val Ser His

65 70 75 80
tta aca cac atc ctg gct gaa acc ctc gcc atc gtc ggt gac aac ggt 288
Leu Thr His Ile Leu Ala Glu Thr Leu Ala Ile Val Gly Asp Asn Gly

85 90 95
ggc gca ctg tct ctc tct tta gcc gct ggc agc tac cgc gac tcc acc 336
Gly Ala Leu Ser Leu Ser Leu Ala Ala Gly Ser Tyr Arg Asp Ser Thr

100 105 110
cgc gtt gca ggc acc gac cca gga ctc gtc cgc gcc atg tgt gaa agc 384
Arg Val Ala Gly Thr Asp Pro Gly Leu Val Arg Ala Met Cys Glu Ser

115 120 125
aac gcc ggc cca ctg gtc aaa gcc ctc gac gaa gca ctg gcg atc ctc 432
Asn Ala Gly Pro Leu Val Lys Ala Leu Asp Glu Ala Leu Ala Ile Leu

130 135 140
cac gaa gcc cgc gaa ggc ctc acc gca gaa cag cca aac atc gag caa 480
His Glu Ala Arg Glu Gly Leu Thr Ala Glu Gln Pro Asn Ile Glu Gln

145 150 155 160
ctt gcc gac aac ggc tac cga tcc cgc atc cgc tac gaa gcc cgc tcc 528
Leu Ala Asp Asn Gly Tyr Arg Ser Arg Ile Arg Tyr Glu Ala Arg Ser

165 170 175
ggc cag cga cgc gcc aaa gaa tcc gtt agc cct acc atc acc tca tcc 576
Gly Gln Arg Arg Ala Lys Glu Ser Val Ser Pro Thr Ile Thr Ser Ser

180 185 190
agg cca gtg ctc cgt ctc cac ccg ggc aca cca aac tgg gag aag cag 624
Arg Pro Val Leu Arg Leu His Pro Gly Thr Pro Asn Trp Glu Lys Gln

195 200 205
ctc atc cac get gaa acc ctc ggc gca cgg atc gaa gtg ttc 666
Leu Ile His Ala Glu Thr Leu Gly Ala Arg Ile Glu Val Phe

210 215 220
tagttttatc ggctgatgat tct 689
<210> 454
<211> 222
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 454
Tyr Val Gly Ser His Pro Met Ala Gly Thr Ala Asn Ser Gly Trp Ser
1 5 10 15
Ala Ser Met Asp Gly Leu Phe Lys Arg Ala Val Trp Val Val Thr Phe
20 25 30
Asp Gln Leu Phe Asp Gly Thr Asp Ile
Asn Ser Thr Trp Ile Ser Ile
35 40 45

Trp Lys Asp Val Val Gln Met Ala Leu Ala Val Gly Ala Glu Val Val
 50 55 60
 Pro Ser Arg Val Gly Pro His Asp Ala Ala Ala Arg Val Ser His
 65 70 75 80

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

His Glu Ala Arg Glu Gly Leu Thr Ala Glu Gln Pro Asn Ile Glu Gln
 145 150 155 160

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

210 215 220

<210> 455

<211> 346

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(346)

<223> FRXA00452

<400> 455

ccatttacct tcaactaagg tagccgtaac tgcaaagctc aggccatcct cttcagtgtt 60
 catagagata accgtagtag gtatgtgcca cacttgtcag gtg act acc aaa gac 115
 Val Thr Thr Lys Asp

1 5
 att tcc cgc cca gta tgc atc ctg ggc ctc ggc ctc atc ggc gga tcc 163
 Ile Ser Arg Pro Val Cys Ile Leu Gly Leu Gly Leu Ile Gly Gly Ser

10 15 20
 ctc ctc cgc gac ctc cat gca gcc aac cac tcc gtc ttc ggc tac aac 211
 Leu Leu Arg Asp Leu His Ala Ala Asn His Ser Val Phe Gly Tyr Asn

25 30 35
 cgc tca cgc tcc ggc gct aaa tca gcc gtc gac gaa ggc ttc gac gtt 259
 Arg Ser Arg Ser Gly Ala Lys Ser Ala Val Asp Glu Gly Phe Asp Val

40 45 50
 tcc gcc gat ctt gaa gca acc ctc cag cgt gca gcc gcc gaa gat gcg 307
 Ser Ala Asp Leu Glu Ala Thr Leu Gln Arg Ala Ala Ala Glu Asp Ala

55	60	65	
ctc atc gtc ctc gcg gtc ccc atg acc gca atc gat tcg			346
Leu Ile Val Leu Ala Val Pro Met Thr Ala Ile Asp Ser			
70	75	80	
<210> 456			
<211> 82			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 456			
Val Thr Thr Lys Asp Ile Ser Arg Pro Val Cys Ile Leu Gly Leu Gly			
1 5 10 15			
Leu Ile Gly Gly Ser Leu Leu Arg Asp Leu His Ala Ala Asn His Ser			
20 25 30			
Val Phe Gly Tyr Asn Arg Ser Arg Ser Gly Ala Lys Ser Ala Val Asp			
35 40 45			
Glu Gly Phe Asp Val Ser Ala Asp Leu Glu Ala Thr Leu Gln Arg Ala			
50 55 60			
Ala Ala Glu Asp Ala Leu Ile Val Leu Ala Val Pro Met Thr Ala Ile			
65 70 75 80			
Asp Ser			
<210> 457			
<211> 1248			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1225)			
<223> RXA00584			
<400> 457			
tagttgtgcc acctaaaacg cgaacagaac cggagtcgag cagcacctcc ccgcaagggt	60		
agaggggctg cttttttgtt tcctaaattc accccatccc atg cat agc cct gaa	115		
Met His Ser Pro Glu			
1 5			
agg caa gaa aaa atg agt tct cca gtc tca ctc gaa aac gcg gcg tca	163		
Arg Gln Glu Lys Met Ser Ser Pro Val Ser Leu Glu Asn Ala Ala Ser			
10 15 20			
acc agc aac aag cgc gtc gtg gct ttc cac gag ctg cct agc cct aca	211		
Thr Ser Asn Lys Arg Val Val Ala Phe His Glu Leu Pro Ser Pro Thr			
25 30 35			
gat ctc atc gcc gca aac cca ctg aca cca aag cag gct tcc aag gtg	259		
Asp Leu Ile Ala Ala Asn Pro Leu Thr Pro Lys Gln Ala Ser Lys Val			
40 45 50			
gag cag gat cgc cag gac atc gct gat atc ttc gct ggc gac gat gac	307		
Glu Gln Asp Arg Gln Asp Ile Ala Asp Ile Phe Ala Gly Asp Asp Asp			
55 60 65			
cgc ctc gtt gtc gtt gtg gga cct tgc tca gtt cac gat cct gaa gca	355		

Arg Leu Val Val Val Val Gly Pro Cys Ser Val His Asp Pro Glu Ala

70 75 80 85
gcc atc gat tac gca aac cgc ctg gct ccg ctg gca aag cgc ctt gat 403
Ala Ile Asp Tyr Ala Asn Arg Leu Ala Pro Leu Ala Lys Arg Leu Asp

90 95 100
cag gac ctc aag att gtc atg cgc gtg tac ttc gag aag cct cgc acc 451
Gln Asp Leu Lys Ile Val Met Arg Val Tyr Phe Glu Lys Pro Arg Thr

105 110 115
atc gtc gga tgg aag gga ttg atc aat gat cct cac ctc aac gaa acc 499
Ile Val Gly Trp Lys Gly Leu Ile Asn Asp Pro His Leu Asn Glu Thr

120 125 130
tac gac atc cca gag ggc ttg cgc att gcg cgc aaa gtg ctt atc gac 547
Tyr Asp Ile Pro Glu Gly Leu Arg Ile Ala Arg Lys Val Leu Ile Asp

135 140 145
gtt gtg aac ctt gat ctc cca gtc ggc tgc gaa ttc ctc gaa cca aac 595
Val Val Asn Leu Asp Leu Pro Val Gly Cys Glu Phe Leu Glu Pro Asn

150 155 160 165
agc cct cag tac tac gcc gac act gtc gca tgg gga gca atc ggc gct 643
Ser Pro Gln Tyr Tyr Ala Asp Thr Val Ala Trp Gly Ala Ile Gly Ala

170 175 180
cgt acc acc gaa tct cag gtg cac cgc cag ctg gct tct ggg atg tct 691
Arg Thr Thr Glu Ser Gln Val His Arg Gln Leu Ala Ser Gly Met Ser

185 190 195
atg cca att ggt ttc aag aac gga act gac gga aac atc cag gtt gca 739
Met Pro Ile Gly Phe Lys Asn Gly Thr Asp Gly Asn Ile Gln Val Ala

200 205 210
gtc gac gcg gta cag gct gcc cag aac cca cac ttc ttc ttc gga acc 787
Val Asp Ala Val Gln Ala Ala Gln Asn Pro His Phe Phe Phe Gly Thr

215 220 225
tcc gac gac ggc gcg ctg agc gtc gtg gag acc gca ggc aac agc aac 835
Ser Asp Asp Gly Ala Leu Ser Val Val Glu Thr Ala Gly Asn Ser Asn

230 235 240 245
tcc cac atc att ttg cgc ggc ggt acc tcc ggc ccg aat cat gat gca 883
Ser His Ile Ile Leu Arg Gly Gly Thr Ser Gly Pro Asn His Asp Ala

250 255 260
gct tcg gtg gag gcc gtc gtc gag aag ctt ggt gaa aac gct cgt ctc 931
Ala Ser Val Glu Ala Val Val Glu Lys Leu Gly Glu Asn Ala Arg Leu

265 270 275
atg atc gat gct tcc cat gct aac tcc ggc aag gat cat atc cga cag 979
Met Ile Asp Ala Ser His Ala Asn Ser Gly Lys Asp His Ile Arg Gln

280 285 290
gtt gag gtt gtt cgt gaa atc gca gag cag att tct ggc ggt tct gaa 1027

Val Glu Val Val Arg Glu Ile Ala Glu Gln Ile Ser Gly Gly Ser Glu

295 300 305
gct gtg gct gga atc atg att gag tcc ttc ctc gtt ggt ggc gca cag 1075
Ala Val Ala Gly Ile Met Ile Glu Ser Phe Leu Val Gly Gly Ala Gln

310 315 320 325
aac ctt gat cct gcg aaa ttg cgc atc aat ggc ggt gaa ggc ctg gtg 1123
Asn Leu Asp Pro Ala Lys Leu Arg Ile Asn Gly Gly Glu Gly Leu Val

330 335 340
tac gga cag tct gtg acc gat aag tgc atc gat att gac acc acc atc 1171
Tyr Gly Gln Ser Val Thr Asp Lys Cys Ile Asp Ile Asp Thr Thr Ile

345 350 355
gat ttg ctc gct gag ctg gcc gca gca gta agg gaa cgc cga gca gca 1219
Asp Leu Leu Ala Glu Leu Ala Ala Ala Val Arg Glu Arg Arg Ala Ala

360 365 370
gcc aag taattaaggcg ctagactg tta 1248
Ala Lys

375
<210> 458
<211> 375
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 458
Met His Ser Pro Glu Arg Gln Glu Lys Met Ser Ser Pro Val Ser Leu
1 5 10 15
Glu Asn Ala Ala Ser Thr Ser Asn Lys Arg Val Val Ala Phe His Glu
20 25 30
Leu Pro Ser Pro Thr Asp Leu Ile Ala Ala Asn Pro Leu Thr Pro Lys
35 40 45
Gln Ala Ser Lys Val Glu Gln Asp
Arg Gln Asp Ile Ala Asp Ile Phe
50 55 60
Ala Gly Asp Asp Asp Arg Leu Val Val Val Val Gly Pro Cys Ser Val
65 70 75 80
His Asp Pro Glu Ala Ala Ile Asp Tyr Ala Asn Arg Leu Ala Pro Leu
85 90 95
Ala Lys Arg Leu Asp Gln Asp Leu Lys Ile Val Met Arg Val Tyr Phe
100 105 110
Glu Lys Pro Arg Thr Ile Val Gly Trp Lys Gly Leu Ile Asn Asp Pro
115 120 125
His Leu Asn Glu Thr Tyr Asp Ile Pro Glu Gly Leu Arg Ile Ala Arg
130 135 140
Lys Val Leu Ile Asp Val Val Asn Leu Asp Leu Pro Val Gly Cys Glu
145 150 155 160
Phe Leu Glu Pro Asn Ser Pro Gln Tyr Tyr Ala Asp Thr Val Ala Trp
165 170 175
Gly Ala Ile Gly Ala Arg Thr Thr Glu Ser Gln Val His Arg Gln Leu
180 185 190

Ala Ser Gly Met Ser Met Pro Ile Gly Phe Lys Asn Gly Thr Asp Gly
 195 200 205
 Asn Ile Gln Val Ala Val Asp Ala Val Gln Ala Ala Gln Asn Pro His
 210 215 220

Phe Phe Phe Gly Thr Ser Asp Asp Gly Ala Leu Ser Val Val Glu Thr
 225 230 235 240

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

Ser Gly Gly Ser Glu Ala Val Ala Gly Ile Met Ile Glu Ser Phe Leu
 305 310 315 320

Val Gly Gly Ala Gln Asn Leu Asp Pro Ala Lys Leu Arg Ile Asn Gly
 325 330 335
 Gly Glu Gly Leu Val Tyr Gly Gln Ser Val Thr Asp Lys Cys Ile Asp
 340 345 350
 Ile Asp Thr Thr Ile Asp Leu Leu Ala Glu Leu Ala Ala Val Arg
 355 360 365
 Glu Arg Arg Ala Ala Ala Lys

370 375
 <210> 459
 <211> 1983
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1960)
 <223> RXA00579
 <400> 459

tcgtctaagt ttttctttga gttttcatat gtagaaggca tcgtcggctt cggcctggcg 60
 gtgcttttct cgttggtttg tggttttgtc agaggatgtc atg cgc gtt tta att 115
 Met Arg Val Leu Ile

1 5
 att gat aat tat gat tct ttc acg ttt aat ctc gcc acc tat gtg gaa 163
 Ile Asp Asn Tyr Asp Ser Phe Thr Phe Asn Leu Ala Thr Tyr Val Glu

10 15 20
 gag gtt acg ggt cag gca cct gtg gtg gtg cct aat gat caa gaa ata 211
 Glu Val Thr Gly Gln Ala Pro Val Val Val Pro Asn Asp Gln Glu Ile

25 30 35
 gat gag atg ctt ttc gac gcc gtc atc ctc tca cct ggc ccg ggc cac 259
 Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser Pro Gly Pro Gly His

40 45 50

gcc ggc gtt gcg gct gat ttt ggt atc tgt gca ggc gtc att gag cgt 307
Ala Gly Val Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala Gly Val Ile Glu Arg

55 60 65
gca cgc gtt ccg att ttg ggt gtg tgt tta ggc cac cag ggc att gcg 355
Ala Arg Val Pro Ile Leu Gly Val Cys Leu Gly His Gln Gly Ile Ala

70 75 80 85
ttg gcc tat ggc ggt gat gtt gat ttg gcg ccc agg ccg gtc cac ggt 403
Leu Ala Tyr Gly Gly Asp Val Asp Leu Ala Pro Arg Pro Val His Gly

90 95 100
gag gtt tcg cag atc acc cat gat ggt tca ggt tta ttt gca ggc atc 451
Glu Val Ser Gln Ile Thr His Asp Gly Ser Gly Leu Phe Ala Gly Ile

105 110 115
cct gaa acg ttt gag gcg gtg cgt tat cac tcg atg gtg gca acc cgc 499
Pro Glu Thr Phe Glu Ala Val Arg Tyr His Ser Met Val Ala Thr Arg

120 125 130
ttg ccg gag tca ttg aaa gct aca gct acc agc gat gat ggt ttg atc 547
Leu Pro Glu Ser Leu Lys Ala Thr Ala Thr Ser Asp Asp Gly Leu Ile

135 140 145
atg gca ttg gca cat gaa gtg ctt ccg cag tgg ggt gtg caa ttt cat 595
Met Ala Leu Ala His Glu Val Leu Pro Gln Trp Gly Val Gln Phe His

150 155 160 165
ccg gaa tct att ggt gga caa ttc ggc cat cag atc att aag aac ttc 643
Pro Glu Ser Ile Gly Gly Gln Phe Gly His Gln Ile Ile Lys Asn Phe

170 175 180
ctt aat tta gcg cgc aca tat cgc tgg caa ctc acg gag aaa act att 691
Leu Asn Leu Ala Arg Thr Tyr Arg Trp Gln Leu Thr Glu Lys Thr Ile

185 190 195
ccg ctc agc gtt gat tca gca gcg gtt ttt gaa aca ttc ttt gcc cat 739
Pro Leu Ser Val Asp Ser Ala Ala Val Phe Glu Thr Phe Phe Ala His

200 205 210
tcc tcc cat gct ttt tgg ctc gat gat gcc caa gga acc agc tat ctt 787
Ser Ser His Ala Phe Trp Leu Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ser Tyr Leu

215 220 225
ggt gat gcc agc ggt cct ctc gca cgc aca aaa acc cat aat gtc ggc 835
Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys Thr His Asn Val Gly

230 235 240 245
gag ggg gat ttc ttc acc tgg cta aag gag gat ctc gcc gcc aac tca 883
Glu Gly Asp Phe Phe Thr Trp Leu Lys Glu Asp Leu Ala Ala Asn Ser

250 255 260
gtt gcg ccc ggt caa ggt ttt cgt ctt ggc tgg gtt ggt tac gtt ggt 931
Val Ala Pro Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Trp Val Gly Tyr Val Gly

265 270 275

tat gag ctt aaa gcg gaa gct ggc gca cgg gct gcg cac act tcg agt	979		
Tyr Glu Leu Lys Ala Glu Ala Gly Ala Arg Ala Ala His Thr Ser Ser			
280	285	290	
ctt ccg gat gcg cac ctc att ttt gcc gat cgc gcc atc gca gtg gaa	1027		
Leu Pro Asp Ala His Leu Ile Phe Ala Asp Arg Ala Ile Ala Val Glu			
295	300	305	
tcg gat cag gtt cgg ttg ctg gcg ttg ggg gag cag gac gag tgg ttt	1075		
Ser Asp Gln Val Arg Leu Leu Ala Leu Gly Glu Gln Asp Glu Trp Phe			
310	315	320	325
gaa gaa acc atc aag aag ctg cat aat ctt gtc gcc ccg cgg ata cct	1123		
Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val Ala Pro Arg Ile Pro			
330	335	340	
gcg tcc gga cac ctc gct ttg cag gtt cga gat tcc aaa gat gag tat	1171		
Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp Ser Lys Asp Glu Tyr			
345	350	355	
ctc gac aaa att cgc aga gcc cag gag ctg att act cgc ggc gaa tcg	1219		
Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile Thr Arg Gly Glu Ser			
360	365	370	
tat gaa atc tgc ctg acc aca aaa ctt cag ggc acc act gat gtg gcc	1267		
Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly Thr Thr Asp Val Ala			
375	380	385	
cct ctg gct gcc tat cta gca ctg cgt ggg gcc aat ccc acc gca tat	1315		
Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala Asn Pro Thr Ala Tyr			
390	395	400	405
ggt gcg tat ctt cag ctg ggg gat acc tct att ttg agt tcc tcg ccg	1363		
Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile Leu Ser Ser Ser Pro			
410	415	420	
gag cgg ttc atc acc att gat tcg gca ggg tat gtg gaa tca aag ccc	1411		
Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr Val Glu Ser Lys Pro			
425	430	435	
att aaa ggc acc agg ccg cgt ggg cga aca gcg caa gaa gac caa gaa	1459		
Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala Gln Glu Asp Gln Glu			
440	445	450	
atc att gct gag ctg cgc agt aat cct aaa gat cgt gca gaa aac ttg	1507		
Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp Arg Ala Glu Asn Leu			
455	460	465	
atg atc gtg gat ttg gtc cgc aac gac tta gcc cgc ggc gct ttg ccc	1555		
Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala Arg Gly Ala Leu Pro			
470	475	480	485
acc aca gtt aaa aca tcc aag ctt ttc gac gtc gaa acc tac gcc aca	1603		
Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val Glu Thr Tyr Ala Thr			
490	495	500	

gtc cac caa ctt gtc agc acc gtc tct gca gag ttg ggg cca cgc agt 1651
Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu Leu Gly Pro Arg Ser

505 510 515
ccg att gag tgc gtg cgc gca gca ttc ccc ggt ggt tcg atg act ggt 1699
Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly Gly Ser Met Thr Gly

520 525 530
gcc cca aag ctg cgc acc atg gag atc atc gat gag ctg gag gca gct 1747
Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp Glu Leu Glu Ala Ala

535 540 545
cct cgc ggt att tac tca ggt ggc ttg gga tat ttt tcc ctc gac ggc 1795
Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr Phe Ser Leu Asp Gly

550 555 560 565
gca gtt gat ctc tcc atg gtg atc aga act ctc gtc atc cag aac aat 1843
Ala Val Asp Leu Ser Met Val Ile Arg Thr Leu Val Ile Gln Asn Asn

570 575 580
cac gtg gag tac gga gtg ggc ggt gca ctt ctt gct ctg tct gat ccg 1891
His Val Glu Tyr Gly Val Gly Gly Ala Leu Leu Ala Leu Ser Asp Pro

585 590 595
gag gct gag tgg gag gaa atc cgc gtt aaa tca cgg cct ctg ctg aat 1939
Glu Ala Glu Trp Glu Glu Ile Arg Val Lys Ser Arg Pro Leu Leu Asn

600 605 610
ttg ttt ggg gtt gaa ttc cca tgacgtacct cgtgtgggac ggt 1983
Leu Phe Gly Val Glu Phe Pro

615 620
<210> 460
<211> 620
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 460
Met Arg Val Leu Ile Ile Asp Asn Tyr Asp Ser Phe Thr Phe Asn Leu
1 5 10 15
Ala Thr Tyr Val Glu Glu Val Thr Gly Gln Ala Pro Val Val Val Pro
20 25 30
Asn Asp Gln Glu Ile Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser
35 40 45
Pro Gly Pro Gly His Ala Gly Val
Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala
50 55 60
Gly Val Ile Glu Arg Ala Arg Val Pro Ile Leu Gly Val Cys Leu Gly
65 70 75 80

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

130	135	140			
Asp Asp Gly Leu Ile Met Ala Leu Ala His Glu Val Leu Pro Gln Trp					
145	150	155			160
Gly Val Gln Phe His Pro Glu Ser Ile Gly Gly Gln Phe Gly His Gln					
	165	170			175
Ile Ile Lys Asn Phe Leu Asn Leu Ala Arg Thr Tyr Arg Trp Gln Leu					
	180	185			190
Thr Glu Lys Thr Ile Pro Leu Ser Val Asp Ser Ala Ala Val Phe Glu					
	195	200			205
Thr Phe Phe Ala His Ser Ser His Ala Phe Trp Leu Asp Asp Ala Gln					
	210	215			220
Gly Thr Ser Tyr Leu Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys					
225	230	235			240
Thr His Asn Val Gly Glu Gly Asp Phe Phe Thr Trp Leu Lys Glu Asp					
	245	250			255
Leu Ala Ala Asn Ser Val Ala Pro Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Trp					
	260	265			270
Val Gly Tyr Val Gly Tyr Glu Leu Lys Ala Glu Ala Gly Ala Arg Ala					
	275	280			285
Ala His Thr Ser Ser Leu Pro Asp Ala His Leu Ile Phe Ala Asp Arg					
	290	295			300
Ala Ile Ala Val Glu Ser Asp Gln Val Arg Leu Leu Ala Leu Gly Glu					
305	310	315			320
Gln Asp Glu Trp Phe Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val					
	325	330			335
Ala Pro Arg Ile Pro Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp					
	340	345			350
Ser Lys Asp Glu Tyr Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile					
	355	360			365
Thr Arg Gly Glu Ser Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly					
	370	375			380
Thr Thr Asp Val Ala Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala					
385	390	395			400
Asn Pro Thr Ala Tyr Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile					
	405	410			415
Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr					
	420	425			430
Val Glu Ser Lys Pro Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala					
	435	440			445
Gln Glu Asp Gln Glu Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp					
	450	455			460
Arg Ala Glu Asn Leu Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala					
465	470	475			480
Arg Gly Ala Leu Pro Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val					
	485	490			495
Glu Thr Tyr Ala Thr Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu					

500 505 510
 Leu Gly Pro Arg Ser Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly
 515 520 525
 Gly Ser Met Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp
 530 535 540

 Glu Leu Glu Ala Ala Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr
 545 550 555 560

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

 610 615 620
 <210> 461
 <211> 747
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(724)
 <223> RXA00958
 <400> 461
 attctaattcc tcaatctgaa gccgatgaga cgttgacaaa ggcgtatgcc gtgttgaatg 60
 ccattgcgct tgctgctggt tccactttgg aggtcatccg atg aca cac gtt gtt 115
 Met Thr His Val Val

 1 5
 ctc att gat aat cac gat tct ttt gtc tac aac ctg gtg gat gcg ttc 163
 Leu Ile Asp Asn His Asp Ser Phe Val Tyr Asn Leu Val Asp Ala Phe

 10 15 20
 gcc gtg gcc ggt tat aag tgc acg gtg ttc cgc aat acg gtg cca gtg 211
 Ala Val Ala Gly Tyr Lys Cys Thr Val Phe Arg Asn Thr Val Pro Val

 25 30 35
 gaa acc att ttg gca gcc aac ccg gac ctg atc tgc ctt tca cct gga 259
 Glu Thr Ile Leu Ala Ala Asn Pro Asp Leu Ile Cys Leu Ser Pro Gly

 40 45 50
 cct ggt tac cct gcc gat gcg ggc aac atg atg gcg ctg atc gag cgc 307
 Pro Gly Tyr Pro Ala Asp Ala Gly Asn Met Met Ala Leu Ile Glu Arg

 55 60 65
 aca ctc ggc cag att cct tta ctg ggt att tgc ctc ggc tac cag gca 355
 Thr Leu Gly Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ile Cys Leu Gly Tyr Gln Ala

 70 75 80 85
 ctc atc gaa tac cac ggc ggc aag gtt gag cct tgt ggc cct gtg cac 403
 Leu Ile Glu Tyr His Gly Gly Lys Val Glu Pro Cys Gly Pro Val His

90	95	100	
ggc acc acc gac aac atg atc ctt act gat gca ggt gtg cag agc cct			451
Gly Thr Thr Asp Asn Met Ile Leu Thr Asp Ala Gly Val Gln Ser Pro			
105	110	115	
gtt ttt gca ggt ctt gcc act gat gtt gag cct gat cat cca gaa atc			499
Val Phe Ala Gly Leu Ala Thr Asp Val Glu Pro Asp His Pro Glu Ile			
120	125	130	
cca ggc cgc aag gtt cca att ggc cgt tat cac tca ctg ggc tgc gtg			547
Pro Gly Arg Lys Val Pro Ile Gly Arg Tyr His Ser Leu Gly Cys Val			
135	140	145	
gtt gcc cca gac ggt att gaa tca cta ggt acc tgt tcc tcg gag att			595
Val Ala Pro Asp Gly Ile Glu Ser Leu Gly Thr Cys Ser Ser Glu Ile			
150	155	160	165
ggg gat gtc atc atg gcg gca cgc acc acc gat gga aag gcc att ggc			643
Gly Asp Val Ile Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp Gly Lys Ala Ile Gly			
170	175	180	
ctg cag ttt cac cct gag tca gtg cta agc cca acg ggt cct gtc att			691
Leu Gln Phe His Pro Glu Ser Val Leu Ser Pro Thr Gly Pro Val Ile			
185	190	195	
ttg tcc cgc tgt gtc gaa cag ctt ctc gcg aac taataaaaaa aggatttgat			744
Leu Ser Arg Cys Val Glu Gln Leu Leu Ala Asn			
200	205		
tca			747
<210> 462			
<211> 208			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 462			
Met Thr His Val Val Leu Ile Asp Asn His Asp Ser Phe Val Tyr Asn			
1 5 10 15			
Leu Val Asp Ala Phe Ala Val Ala Gly Tyr Lys Cys Thr Val Phe Arg			
20 25 30			
Asn Thr Val Pro Val Glu Thr Ile Leu Ala Ala Asn			
Pro Asp Leu Ile			
35 40 45			
Cys Leu Ser Pro Gly Pro Gly Tyr Pro Ala Asp Ala Gly Asn Met Met			
50 55 60			
Ala Leu Ile Glu Arg Thr Leu Gly Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ile Cys			
65 70 75 80			
Leu Gly Tyr Gln Ala Leu Ile Glu Tyr His Gly Gly Lys Val Glu Pro			
85 90 95			
Cys Gly Pro Val His Gly Thr Thr Asp Asn Met Ile Leu Thr Asp Ala			
100 105 110			
Gly Val Gln Ser Pro Val Phe Ala Gly Leu Ala Thr Asp Val Glu Pro			
115 120 125			
Asp His Pro Glu Ile Pro Gly Arg Lys Val Pro Ile Gly Arg Tyr His			
130 135 140			
Ser Leu Gly Cys Val Val Ala Pro Asp Gly Ile Glu Ser Leu Gly Thr			

145	150										155					160				
Cys	Ser	Ser	Glu	Ile	Gly	Asp	Val	Ile	Met	Ala	Ala	Arg	Thr	Thr	Asp					
				165					170					175						
Gly	Lys	Ala	Ile	Gly	Leu	Gln	Phe	His	Pro	Glu	Ser	Val	Leu	Ser	Pro					
				180					185					190						
Thr	Gly	Pro	Val	Ile	Leu	Ser	Arg	Cys	Val	Glu	Gln	Leu	Leu	Ala	Asn					
				195					200					205						
<210> 463																				
<211> 469																				
<212> DNA																				
<213> Corynebacterium glutamicum																				
<220>																				
<221> CDS																				
<222> (101)..(469)																				
<223> RXN03007																				
<400> 463																				
cagtttcacc ctgagtcagt gctaagccca acgggtcctg tcattttgtc ccgctgtgtc 60																				
gaacagcttc tcgcgaacta ataaaaaaag gatttgattc atg act tct cca gca 115																				
Met Thr Ser Pro Ala																				
1 5																				
aca ctg aaa gtt ctc aac gcc tac ttg gat aac ccc act cca acc ctg 163																				
Thr Leu Lys Val Leu Asn Ala Tyr Leu Asp Asn Pro Thr Pro Thr Leu																				
10 15 20																				
gag gag gca att gag gtg ttc acc ccg ctg acc gtg ggt gaa tac gat 211																				
Glu Glu Ala Ile Glu Val Phe Thr Pro Leu Thr Val Gly Glu Tyr Asp																				
25 30 35																				
gac gtg cac atc gca gcg ctg ctt gcc acc atc cgt act cgc ggt gag 259																				
Asp Val His Ile Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ile Arg Thr Arg Gly Glu																				
40 45 50																				
cag ttc gct gat att gcc ggc gct gcc aag gcg ttc ctc gcg gcg gct 307																				
Gln Phe Ala Asp Ile Ala Gly Ala Ala Lys Ala Phe Leu Ala Ala Ala																				
55 60 65																				
cgt ccg ttc ccg att act ggc gca ggt ttg cta gat tcc gct ggt act 355																				
Arg Pro Phe Pro Ile Thr Gly Ala Gly Leu Leu Asp Ser Ala Gly Thr																				
70 75 80 85																				
ggt ggc gac ggt gcc aac acc atc aac atc acc acc ggc gca tcc ctg 403																				
Gly Gly Asp Gly Ala Asn Thr Ile Asn Ile Thr Thr Gly Ala Ser Leu																				
90 95 100																				
atc gca gca tcc ggt gga gtg aag ctg gtt aag cac ggc aac cgt tcg 451																				
Ile Ala Ala Ser Gly Gly Val Lys Leu Val Lys His Gly Asn Arg Ser																				
105 110 115																				
gtg agc tcc aag tcc ggc 469																				
Val Ser Ser Lys Ser Gly																				
120																				
<210> 464																				

<211> 123
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 464

Met Thr Ser Pro Ala Thr Leu Lys Val Leu Asn Ala Tyr Leu Asp Asn
1 5 10 15
Pro Thr Pro Thr Leu Glu Glu Ala Ile Glu Val Phe Thr Pro Leu Thr
20 25 30
Val Gly Glu Tyr Asp Asp Val His Ile Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ile
35 40 45
Arg
Thr Arg Gly Glu Gln Phe Ala Asp Ile Ala Gly Ala Ala Lys Ala
50 55 60
Phe Leu Ala Ala Ala Arg Pro Phe Pro Ile Thr Gly Ala Gly Leu Leu
65 70 75 80

Asp Ser Ala Gly Thr Gly Gly Asp Gly Ala Asn Thr Ile Asn Ile Thr
85 90 95
Thr Gly Ala Ser Leu Ile Ala Ala Ser Gly Gly Val Lys Leu Val Lys
100 105 110
His Gly Asn Arg Ser Val Ser Ser Lys Ser Gly
115 120

<210> 465
<211> 564
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(541)
<223> RXN02918
<400> 465

agattgtcgc ttttccatt tctccgggtt ttctggaact ttttggcgt atgctgggaa 60
tgattctatt attgccaat cagaaagcag gagagaccgc atg agc gaa atc cta 115
Met Ser Glu Ile Leu
1 5
gaa acc tat tgg gca ccc cac ttt gga aaa acc gaa gaa gcc aca gca 163
Glu Thr Tyr Trp Ala Pro His Phe Gly Lys Thr Glu Glu Ala Thr Ala
10 15 20
ctc gtt tca tac ctg gca caa gct tcc ggc gat ccc att gag gtt cac 211
Leu Val Ser Tyr Leu Ala Gln Ala Ser Gly Asp Pro Ile Glu Val His
25 30 35
acc ctg ttc ggg gat tta ggt tta gac gga ctc tct gga aac tac acc 259
Thr Leu Phe Gly Asp Leu Gly Leu Asp Gly Leu Ser Gly Asn Tyr Thr
40 45 50
gac act gag att gac ggc tac ggc gac gca ttc ctg ctg gtt gca gcg 307
Asp Thr Glu Ile Asp Gly Tyr Gly Asp Ala Phe Leu Leu Val Ala Ala
55 60 65
cta tcc gtg ttg atg gct gaa aac aaa gca aca ggt ggc gtg aat ctg 355

Leu Ser Val Leu Met Ala Glu Asn Lys Ala Thr Gly Gly Val Asn Leu

70 75 80 85
 ggt gag ctt ggg gga gct gat aaa tcg atc cgg ctg cat gtt gaa tcc 403
 Gly Glu Leu Gly Gly Ala Asp Lys Ser Ile Arg Leu His Val Glu Ser

90 95 100
 aag gag aac acc caa atc aac acc gca ttg aag tat ttt gcg ctc tcc 451
 Lys Glu Asn Thr Gln Ile Asn Thr Ala Leu Lys Tyr Phe Ala Leu Ser

105 110 115
 cca gaa gac cac gca gca gca gat cgc ttc gat gag gat gac ctg tct 499
 Pro Glu Asp His Ala Ala Ala Asp Arg Phe Asp Glu Asp Asp Leu Ser

120 125 130
 gag ctt gcc aac ttg agt gaa gag ctg cgc gga cag ctg gac 541
 Glu Leu Ala Asn Leu Ser Glu Glu Leu Arg Gly Gln Leu Asp

135 140 145
 taattgtctc ccatttaagg agt 564

<210> 466

<211> 147

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 466

Met Ser Glu Ile Leu Glu Thr Tyr Trp Ala Pro His Phe Gly Lys Thr

1 5 10 15
 Glu Glu Ala Thr Ala Leu Val Ser Tyr Leu Ala Gln Ala Ser Gly Asp

20 25 30
 Pro Ile Glu Val His Thr Leu Phe Gly
 Asp Leu Gly Leu Asp Gly Leu

35 40 45
 Ser Gly Asn Tyr Thr Asp Thr Glu Ile Asp Gly Tyr Gly Asp Ala Phe

50 55 60
 Leu Leu Val Ala Ala Leu Ser Val Leu Met Ala Glu Asn Lys Ala Thr
 65 70 75 80

Gly Gly Val Asn Leu Gly Glu Leu Gly Gly Ala Asp Lys Ser Ile Arg
 85 90 95

Leu His Val Glu Ser Lys Glu Asn Thr Gln Ile Asn Thr Ala Leu Lys
 100 105 110

Tyr Phe Ala Leu Ser Pro Glu Asp His Ala Ala Ala Asp Arg Phe Asp
 115 120 125

Glu Asp Asp Leu Ser Glu Leu Ala Asn Leu Ser Glu Glu Leu Arg Gly
 130 135 140

Gln Leu Asp

145

<210> 467

<211> 735

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(712)

<223> RXN01116

<400> 467

tgccaggaat ttacgtcaac cgcgtcgtcc acgttggacc gcaggaaacc ggaatcgaaa 60
acaggacggt gtctaactaa tgacttggga tcataaccaa atg gca gcc cgc gtt 115
Met Ala Ala Arg Val

1 5
gcc cag gaa ctt gaa gac ggc cag tac gtc aac ctc ggc atc ggc atg 163
Ala Gln Glu Leu Glu Asp Gly Gln Tyr Val Asn Leu Gly Ile Gly Met

10 15 20
cct aca ctt atc ccc ggc tac ctg cct gag gga cta gag gtt atc ctt 211
Pro Thr Leu Ile Pro Gly Tyr Leu Pro Glu Gly Leu Glu Val Ile Leu

25 30 35
cac tcc gaa aac ggt gtg ctg ggc gtt gga cct tac cca act gaa gag 259
His Ser Glu Asn Gly Val Leu Gly Val Gly Pro Tyr Pro Thr Glu Glu

40 45 50
gaa ctt gat cct gag ctg atc aac gcc ggc aag gaa acc atc acg gtt 307
Glu Leu Asp Pro Glu Leu Ile Asn Ala Gly Lys Glu Thr Ile Thr Val

55 60 65
gca cct ggc gca tcc tac ttc tcc tct tct gat tct ttc gcc atg atc 355
Ala Pro Gly Ala Ser Tyr Phe Ser Ser Ser Asp Ser Phe Ala Met Ile

70 75 80 85
cgc tcc aag tct gtc gac gtt gca gtc ttg ggc gtt atg gaa gtc tcc 403
Arg Ser Lys Ser Val Asp Val Ala Val Leu Gly Val Met Glu Val Ser

90 95 100
cag tac ggc gac ctg gcc aac tgg atg att ccc ggc aag ctg gtc aag 451
Gln Tyr Gly Asp Leu Ala Asn Trp Met Ile Pro Gly Lys Leu Val Lys

105 110 115
ggt atg ggt ggc gca atg gat ctg gtg cac ggc gca tcc aag atc atc 499
Gly Met Gly Gly Ala Met Asp Leu Val His Gly Ala Ser Lys Ile Ile

120 125 130
gcc atg acc gat cac atc acc aag aag ggc gct ccg aag atc ctt aag 547
Ala Met Thr Asp His Ile Thr Lys Lys Gly Ala Pro Lys Ile Leu Lys

135 140 145
gag tgt cgc ctc cca ctg act ggc gcg aag tgc gtg gac atg att gtc 595
Glu Cys Arg Leu Pro Leu Thr Gly Ala Lys Cys Val Asp Met Ile Val

150 155 160 165
acc acc cac gct gtg ttc tct gtg gac cct gaa gaa ggc ctc acg ctc 643
Thr Thr His Ala Val Phe Ser Val Asp Pro Glu Glu Gly Leu Thr Leu

170 175 180
atc gag tgc gcc gac ggt gtc acc gtt gag gaa ctc cgc gaa atc acc 691
Ile Glu Cys Ala Asp Gly Val Thr Val Glu Glu Leu Arg Glu Ile Thr

185 190 195
gaa gcc gat ttc aaa gtt gct taagcaaacg ctgcgcaatt aag 735

Glu Ala Asp Phe Lys Val Ala

200
 <210> 468
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 468
 Met Ala Ala Arg Val Ala Gln Glu Leu Glu Asp Gly Gln Tyr Val Asn
 1 5 10 15
 Leu Gly Ile Gly Met Pro Thr Leu Ile Pro Gly Tyr Leu Pro Glu Gly
 20 25 30
 Leu Glu Val Ile Leu His Ser Glu Asn Gly Val Leu Gly Val Gly Pro
 35 40 45
 Tyr Pro Thr Glu Glu Glu Leu Asp Pro Glu Leu Ile Asn Ala Gly Lys
 50 55 60
 Glu Thr Ile Thr Val Ala Pro Gly Ala Ser Tyr Phe Ser Ser Ser Asp
 65 70 75 80

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

Pro Lys Ile Leu Lys Glu Cys Arg Leu Pro Leu Thr Gly Ala Lys Cys
 145 150 155 160

Val Asp Met Ile Val Thr Thr His Ala Val Phe Ser Val Asp Pro Glu
 165 170 175
 Glu Gly Leu Thr Leu Ile Glu Cys Ala Asp Gly Val Thr Val Glu Glu
 180 185 190
 Leu Arg Glu Ile Thr Glu Ala Asp Phe Lys Val Ala

195 200
 <210> 469
 <211> 876
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(853)
 <223> RXN01115
 <400> 469
 ctcaccgcat gcagcgtgaa aacactcagt acggactggc caccatgtgc atcggtggcg 60
 gccagggtct tgcagctgtc tttgaaaagg agaactaaaa atg gct att ttg cac 115
 Met Ala Ile Leu His
 1 5
 agc gtt tcc tac gga act tcc gac aac acc ttg gtg ttc att ggc tcg 163
 Ser Val Ser Tyr Gly Thr Ser Asp Asn Thr Leu Val Phe Ile Gly Ser

10	15	20	
ttg ggt tcc acc acc gac atg tgg ctg cca cag ctg gat gcc ttg cat	211		
Leu Gly Ser Thr Thr Asp Met Trp Leu Pro Gln Leu Asp Ala Leu His			
25	30	35	
aag gat ttc cgc gtc atc gct gtt gat cac cgc gga cat ggt ctg tct	259		
Lys Asp Phe Arg Val Ile Ala Val Asp His Arg Gly His Gly Leu Ser			
40	45	50	
gaa ctc atc gaa ggc acc ccc act gtg gcg gat ctg gcg cag gat gtg	307		
Glu Leu Ile Glu Gly Thr Pro Thr Val Ala Asp Leu Ala Gln Asp Val			
55	60	65	
ctg gat acc ctc gat gac ctg ggt gtc gga aac ttc ggc gtc atc gga	355		
Leu Asp Thr Leu Asp Asp Leu Gly Val Gly Asn Phe Gly Val Ile Gly			
70	75	80	85
cta tct ctc ggc gga gcg gtt gca caa tac ttg gcg gcc acc tct gat	403		
Leu Ser Leu Gly Gly Ala Val Ala Gln Tyr Leu Ala Ala Thr Ser Asp			
90	95	100	
cgt gtc acc aag gca gca ttc atg tgt acc gct gca aaa ttc ggc gag	451		
Arg Val Thr Lys Ala Ala Phe Met Cys Thr Ala Ala Lys Phe Gly Glu			
105	110	115	
ccc cag ggc tgg cta gat cgc gcc gca gcg tgc cgc gaa aac ggc act	499		
Pro Gln Gly Trp Leu Asp Arg Ala Ala Ala Cys Arg Glu Asn Gly Thr			
120	125	130	
ggt tct ctg tcc gaa gct gtg atc cag cgc tgg ttc tcc ccc act tgg	547		
Gly Ser Leu Ser Glu Ala Val Ile Gln Arg Trp Phe Ser Pro Thr Trp			
135	140	145	
ttg gag aac aac cca gcg tcc cgc gag cac ttc gaa gcc atg gtt gcc	595		
Leu Glu Asn Asn Pro Ala Ser Arg Glu His Phe Glu Ala Met Val Ala			
150	155	160	165
ggc acc cca tct gag ggt tac gcg ctg tgc tgc gag gcg ttg gca acc	643		
Gly Thr Pro Ser Glu Gly Tyr Ala Leu Cys Cys Glu Ala Leu Ala Thr			
170	175	180	
tgg gat ttc acc gat cgc ctg gga gaa atc acc gtg cca gtg ctc acc	691		
Trp Asp Phe Thr Asp Arg Leu Gly Glu Ile Thr Val Pro Val Leu Thr			
185	190	195	
atc gca ggt gcc gat gac ccc tcc act cct cca gca acc gtg cag atc	739		
Ile Ala Gly Ala Asp Asp Pro Ser Thr Pro Pro Ala Thr Val Gln Ile			
200	205	210	
att gcc gat ggc gtt ggc ggc gag tcc cgc gca gag gtc cta agc cca	787		
Ile Ala Asp Gly Val Gly Gly Glu Ser Arg Ala Glu Val Leu Ser Pro			
215	220	225	
gcc gcg cac gta cca acc gtg gaa cgt cca aac gag gta aat gaa ctg	835		

Ala Ala His Val Pro Thr Val Glu Arg Pro Asn Glu Val Asn Glu Leu

230 235 240 245
cta gca cag cat ttc gct taatgttgta ggcattgttca caa 876
Leu Ala Gln His Phe Ala

250
<210> 470
<211> 251
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 470
Met Ala Ile Leu His Ser Val Ser Tyr Gly Thr Ser Asp Asn Thr Leu
1 5 10 15
Val Phe Ile Gly Ser Leu Gly Ser Thr Thr Asp Met Trp Leu Pro Gln
20 25 30
Leu Asp Ala Leu His Lys Asp Phe Arg Val Ile Ala Val Asp His Arg
35 40 45
Gly
His Gly Leu Ser Glu Leu Ile Glu Gly Thr Pro Thr Val Ala Asp
50 55 60
Leu Ala Gln Asp Val Leu Asp Thr Leu Asp Asp Leu Gly Val Gly Asn
65 70 75 80

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

Phe Ser Pro Thr Trp Leu Glu Asn Asn Pro Ala Ser Arg Glu His Phe
145 150 155 160

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

Glu Val Leu Ser Pro Ala Ala His Val Pro Thr Val Glu Arg Pro Asn
225 230 235 240

Glu Val Asn Glu Leu Leu Ala Gln His Phe Ala
245 250

<210> 471
<211> 1284
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1261)

<223> RXS00116

<400> 471

cgcggcacgc acgtggggg caagcgtcga caagcacaaa ctttttgctt aattgaatcc 60
tttgcgcacc aatcaatggg ggatcaaata tagtagctgc atg agt aat gac ttc 115
Met Ser Asn Asp Phe

1 5
gtc gtt tct agg ctt aga ccc ttt ggt gaa acg att ttt gca acc atg 163
Val Val Ser Arg Leu Arg Pro Phe Gly Glu Thr Ile Phe Ala Thr Met

10 15 20
acc cag cga gct gtt gag gcg ggt gca atc aat ctt ggt cag ggc ttt 211
Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly Phe

25 30 35
cct gat gag gat ggt cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag 259
Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln

40 45 50
att ctc ggg gga aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg 307
Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser

55 60 65
ttg agg gca gct gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag 355
Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu

70 75 80 85
tac aac cct gat tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg 403
Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala

90 95 100
att acg gcg act gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc 451
Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile

105 110 115
gtt ttg gaa ccg tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg 499
Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala

120 125 130
ggg gcg acg cgg gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg 547
Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp

135 140 145
gat gtg gat gtc gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg cgg 595
Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg

150 155 160 165
atg att atc gtt aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct 643
Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser

170 175 180
aag aag gcg ttg aag cag ttg gcg ggt gtt gct cgt gcg tat gac ttg 691
Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala Gly Val Ala Arg Ala Tyr Asp Leu

185 190 195

ttg gtg ttg tca gat gag gtg tat gag cat ctt gtt ttt gat gat cag	739
Leu Val Leu Ser Asp Glu Val Tyr Glu His Leu Val Phe Asp Asp Gln	
200 205 210	
aag cat gtg agt gtc gcg aag ctg ccc ggt atg tgg gat cgc acg gtg	787
Lys His Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Gly Met Trp Asp Arg Thr Val	
215 220 225	
acg gtg tcg tcg gcg gcg aaa acg ttc aat gtg act ggt tgg aag acg	835
Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val Thr Gly Trp Lys Thr	
230 235 240 245	
ggg tgg gcg ttg gca ccg gag ccg ttg ttg gag gcg gtg ttg aag gcg	883
Gly Trp Ala Leu Ala Pro Glu Pro Leu Leu Glu Ala Val Leu Lys Ala	
250 255 260	
aag cag ttt atg tct tat gtg ggg gct aca cct ttt cag ccg gct gtg	931
Lys Gln Phe Met Ser Tyr Val Gly Ala Thr Pro Phe Gln Pro Ala Val	
265 270 275	
gcg cat gcg att gaa cat gag cag aag tgg gtg tca aag atg tct aag	979
Ala His Ala Ile Glu His Glu Gln Lys Trp Val Ser Lys Met Ser Lys	
280 285 290	
ggg ctt gag ctc aag ccg gat att ttg cgt act gcg tta gat aag gcg	1027
Gly Leu Glu Leu Lys Arg Asp Ile Leu Arg Thr Ala Leu Asp Lys Ala	
295 300 305	
ggg ctg aag act cat gac agt atg ggc acg tat ttc atc gtt gcg gat	1075
Gly Leu Lys Thr His Asp Ser Met Gly Thr Tyr Phe Ile Val Ala Asp	
310 315 320 325	
att ggg gat cgt gat ggt gcg gag ttc tgt ttt gag ttg att gag aag	1123
Ile Gly Asp Arg Asp Gly Ala Glu Phe Cys Phe Glu Leu Ile Glu Lys	
330 335 340	
gtt ggg gtg gcg gcg att ccg gtg cag gcg ttt gtg gat cat ccg aag	1171
Val Gly Val Ala Ala Ile Pro Val Gln Ala Phe Val Asp His Pro Lys	
345 350 355	
aag tgg tcg tcg aag gtt cgt ttt gcg ttt tgc aaa aaa gaa gag acg	1219
Lys Trp Ser Ser Lys Val Arg Phe Ala Phe Cys Lys Lys Glu Glu Thr	
360 365 370	
ctc cgc gaa gct gcg gag cgt ctc aag ggg att aag aaa cta	1261
Leu Arg Glu Ala Ala Glu Arg Leu Lys Gly Ile Lys Lys Leu	
375 380 385	
tagtttgaac aggttgttgg ggg	1284
<210> 472	
<211> 387	
<212> PRT	
<213> Corynebacterium glutamicum	
<400> 472	
Met Ser Asn Asp Phe Val Val Ser Arg Leu Arg Pro Phe Gly Glu Thr	
1 5 10 15	

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

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

 Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val
 145 150 155 160

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

 Trp Asp Arg Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val
 225 230 235 240

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

 Ala Leu Asp Lys Ala Gly Leu Lys Thr His Asp Ser Met Gly Thr Tyr
 305 310 315 320

 Phe Ile Val Ala Asp Ile Gly Asp Arg Asp Gly Ala Glu Phe Cys Phe
 325 330 335
 Glu Leu Ile Glu Lys Val Gly Val Ala Ala Ile Pro Val Gln Ala Phe
 340 345 350
 Val Asp His Pro Lys Lys Trp Ser Ser Lys Val Arg Phe Ala Phe Cys
 355 360 365
 Lys Lys Glu Glu Thr Leu Arg Glu Ala Ala Glu Arg Leu Lys Gly Ile
 370 375 380

Lys Lys Leu

385

<210> 473

<211> 607

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(607)

<223> FRXA00116

<400> 473

tttgcgcacc aatcaatggg ggatcaaata tagtagctgc atgagtaatg acttcgtcgt 60
ttctaggcctt agaccctttg gtgaaacgat ttttgcaacc atg acc cag cga gct 115
Met Thr Gln Arg Ala

1 5
gtt gag gcg ggt gca atc aat ctt ggt cag ggc ttt cct gat gag gat 163
Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly Phe Pro Asp Glu Asp

10 15 20
ggc cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag att ctc ggg gga 211
Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln Ile Leu Gly Gly

25 30 35
aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg ttg agg gca gct 259
Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Ala

40 45 50
gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag tac aac cct gat 307
Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu Tyr Asn Pro Asp

55 60 65
tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg att acg gcg act 355
Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala Ile Thr Ala Thr

70 75 80 85
gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc gtt ttg gaa ccg 403
Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile Val Leu Glu Pro

90 95 100
tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg ggg gcg acg cgg 451
Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala Gly Ala Thr Arg

105 110 115
gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg gat gtg gat gtc 499
Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val

120 125 130
gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg cgg atg att atc gtt 547
Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg Met Ile Ile Val

135 140 145
aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct aag aag gcg ttg 595

Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser Lys Lys Ala Leu

150	155	160	165
aag cag ttg gcg			607
Lys Gln Leu Ala			

<210> 474

<211> 169

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 474

Met	Thr	Gln	Arg	Ala	Val	Glu	Ala	Gly	Ala	Ile	Asn	Leu	Gly	Gln	Gly
1				5					10					15	
Phe	Pro	Asp	Glu	Asp	Gly	Pro	Arg	Arg	Met	Leu	Glu	Ile	Ala	Ser	Glu
			20					25					30		
Gln	Ile	Leu	Gly	Gly	Asn	Asn	Gln	Tyr	Ser	Ala	Gly	Arg	Gly	Asp	Ala
		35					40					45			
Ser	Leu	Arg	Ala	Ala	Val	Ala	Arg								
Asp	His	Leu	Glu	Arg	Phe	Asp	Leu								
		50				55				60					
Glu	Tyr	Asn	Pro	Asp	Ser	Glu	Val	Leu	Ile	Thr	Val	Gly	Ala	Thr	Glu
65					70				75					80	

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

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

Ser Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala
165

<210> 475

<211> 843

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(820)

<223> RXS00391

<400> 475

atctttaga tccaccgca attctgggag atctcgagga cgcaatctct ggaagaaaac 60
tttctcccc atccctgtac aagataaaac ccgtgcacag ttg ctg cgc gat tct 115
Leu Leu Arg Asp Ser

caa cga gtt ggc ctc gcc atc gat cct tcg atc gct ttg gtg atg gcc 163
Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile Ala Leu Val Met Ala

act tct ggt tct aca ggt acc ccg aag ggc gct cag ctc act ccg ttg 211

Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala Gln Leu Thr Pro Leu

25 30 35
aat ttg gtg agt tcc gcc gat gct acg cat cag ttt tta ggt ggc gaa 259
Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln Phe Leu Gly Gly Glu

40 45 50
ggc cag tgg ttg ctt gcc atg cca gca cac cac att gca ggc atg cag 307
Gly Gln Trp Leu Leu Ala Met Pro Ala His His Ile Ala Gly Met Gln

55 60 65
gtg ctt ctt cga agc ctc att gct gga gtt gag cca cta gct att gat 355
Val Leu Leu Arg Ser Leu Ile Ala Gly Val Glu Pro Leu Ala Ile Asp

70 75 80 85
ctc agc aca ggt ttt cac att gac gct ttc gca ggc gcc gcg gca gaa 403
Leu Ser Thr Gly Phe His Ile Asp Ala Phe Ala Gly Ala Ala Ala Glu

90 95 100
ctg aaa aat acc ggc gac cgc gtc tat aca tcc ttg act cca atg cag 451
Leu Lys Asn Thr Gly Asp Arg Val Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Gln

105 110 115
tta ctt aaa gca atg gac tcc ttg caa ggc att gaa gcc ctg aaa ctt 499
Leu Leu Lys Ala Met Asp Ser Leu Gln Gly Ile Glu Ala Leu Lys Leu

120 125 130
ttt gat gtc att ctt gtt ggc ggt gct gca ttg tct aag cag gcc cga 547
Phe Asp Val Ile Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu Ser Lys Gln Ala Arg

135 140 145
att tct gcg gag cag cta gac atc aac att gtc acc acc tac ggc tcc 595
Ile Ser Ala Glu Gln Leu Asp Ile Asn Ile Val Thr Thr Tyr Gly Ser

150 155 160 165
tca gag act tca ggt ggc tgc gtt tat gat ggc aag ccc att ccc ggc 643
Ser Glu Thr Ser Gly Gly Cys Val Tyr Asp Gly Lys Pro Ile Pro Gly

170 175 180
gcg aaa gtc cgt att tcg gat gag cgc att gag ttg ggt ggc ccg atg 691
Ala Lys Val Arg Ile Ser Asp Glu Arg Ile Glu Leu Gly Gly Pro Met

185 190 195
att gcg cag ggc tac aga aat gca cct gaa cat ccg gat ttc gcc aac 739
Ile Ala Gln Gly Tyr Arg Asn Ala Pro Glu His Pro Asp Phe Ala Asn

200 205 210
gag ggt tgg ttt acc acc tct gat tca ggt gaa ctc cac gac ggg att 787
Glu Gly Trp Phe Thr Thr Ser Asp Ser Gly Glu Leu His Asp Gly Ile

215 220 225
ctc acc gtg act ggt cgc gtg gat acc cgt cat tgattccggt ggattgaagt 840
Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His

230 235 240

tgc 843

<210> 476
 <211> 240
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 476

Leu Leu Arg Asp Ser Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile
 1 5 10 15
 Ala Leu Val Met Ala Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala
 20 25 30
 Gln Leu Thr Pro Leu Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln
 35 40
 45
 Phe Leu Gly Gly Glu Gly Gln Trp Leu Leu Ala Met Pro Ala His His
 50 55 60
 Ile Ala Gly Met Gln Val Leu Leu Arg Ser Leu Ile Ala Gly Val Glu
 65 70 75 80

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

Ser Lys Gln Ala Arg Ile Ser Ala Glu Gln Leu Asp Ile Asn Ile Val
 145 150 155 160

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

Leu His Asp Gly Ile Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His
 225 230 235 240

<210> 477
 <211> 1017
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(994)
 <223> RXS00393
 <400> 477

tctattcatt tcacaatagc gtttcacact ccccatagc ctgccgaacg tatttcaagc 60
 aattgcgcga tcgagtatgt gatggggaaa gatagaggtt atg tct cac acg gaa 115
 Met Ser His Thr Glu

ccc cag ccg aat tct gta act ttg tcc gat tgg att caa ggc gca cgc	163
Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp Ile Gln Gly Ala Arg	
10 15 20	
ccg cgt acc tgg gca aat gcg ttc gcg cct gtc att gcc ggt tca ggt	211
Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly	
25 30 35	
gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg	259
Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala	
40 45 50	
ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat	307
Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp	
55 60 65	
tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac cgc acc ggt cct ctg	355
Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu	
70 75 80 85	
cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg	403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala	
90 95 100	
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc ggc acc gcg ctg agc	451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser	
105 110 115	
ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc ggc atc ctg tgt gtg ctg	499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu	
120 125 130	
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg	547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly	
135 140 145	
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg	595
Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met	
150 155 160 165	
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc	643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala	
170 175 180	
gcc gca gtt ggc gtg ggg tcg atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac	691
Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn	
185 190 195	
aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc ctc	739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu	
200 205 210	
gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg	787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu	
215 220 225	

att tcc acg ccg ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg 835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp

230 235 240 245
cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca 883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala

250 255 260
ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccc gtc atc 931
Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Val Ile

265 270 275
ggc tca aca ggg cgc gcc atg gcg ttg tgg gcc gtg ctc acg ggc ctg 979
Gly Ser Thr Gly Arg Ala Met Ala Leu Trp Ala Val Leu Thr Gly Leu

280 285 290
gca tta gcg ttt agc taaaacgctt ttcgacgctc ccc 1017
Ala Leu Ala Phe Ser

295
<210> 478
<211> 298
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 478
Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp
1 5 10 15
Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
20 25 30
Ile Ala Gly Ser Gly Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp
35 40 45
Lys Ala
Leu Leu Ala Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val
50 55 60
Asn Tyr Ala Asn Asp Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp
65 70 75 80

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

Tyr Gly Tyr Arg Gly Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly
145 150 155 160

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

Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu
225 230 235 240

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

290 295
<210> 479
<211> 1005
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(982)
<223> FRXA00393
<400> 479

tctattcatt tcacaatagc gtttcacact ccccatagc ctgccgaacg tatttcaagc 60
aattgcgcga tcgagtatgt gatggggaaa gatagaggtt atg tct cac acg gaa 115
Met Ser His Thr Glu

1 5
ccc cag ccg aat tct gta act ttg tcc gat tgg att caa ggc gca cgc 163
Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp Ile Gln Gly Ala Arg

10 15 20
ccg cgt acc tgg gca aat gcg ttc gcg cct gtc att gcc ggt tca ggt 211
Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly

25 30 35
gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg 259
Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala

40 45 50
ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat 307
Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp

55 60 65
tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac cgc acc ggt cct ctg 355
Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu

70 75 80 85
cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg 403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala

90 95 100
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc ggc acc gcg ctg agc 451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser

105 110 115

ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc ggc atc ctg tgt gtg ctg 499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu

120 125 130
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg 547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly

135 140 145
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg 595
Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met

150 155 160 165
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc 643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala

170 175 180
gcc gca gtt ggc gtg ggg tgc atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac 691
Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn

185 190 195
aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc ctc 739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu

200 205 210
gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg 787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu

215 220 225
att tcc acg ccg ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg 835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp

230 235 240 245
cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca 883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala

250 255 260
ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccg tca tgc 931
Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Ser Ser

265 270 275
gct caa cag ggc gcg cca tgg cgt tgt ggg ccg tgc tca ccg gcc tgg 979
Ala Gln Gln Gly Ala Pro Trp Arg Cys Gly Pro Cys Ser Arg Ala Trp

280 285 290
cat tagcgttttag ctaaaacgct ttt 1005
His

<210> 480
<211> 294
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 480
Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp
1 5 10 15
Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
20 25 30

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

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

Tyr Gly Tyr Arg Gly Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly
 145 150 155 160

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

Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu
 225 230 235 240

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

290
 <210> 481
 <211> 987
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(964)
 <223> RXS00446
 <400> 481
 tgctacgaag ttatctagta atgaagtttag tttttccct ctcgccgcag cagttgatgc 60
 ggtgacggag gctacttggg gggctaactg gtaccggat atg ggt gcg gtt gag 115
 Met Gly Ala Val Glu

ctc cgt gag gct ctt gca gag cat tta gag gtt gag ttt gac cag gtc	163
Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu His Leu Glu Val Glu Phe Asp Gln Val	
10 15 20	
acg gta ggt tgc ggc tgc tct gcg ctg tgt caa cag ctg gtt cag gca	211
Thr Val Gly Cys Gly Ser Ser Ala Leu Cys Gln Gln Leu Val Gln Ala	
25 30 35	
acg tgc gct cag ggc gat gag gtc att ttt cca tgg cgc agc ttt gag	259
Thr Cys Ala Gln Gly Asp Glu Val Ile Phe Pro Trp Arg Ser Phe Glu	
40 45 50	
gct tat cca att ttc gcg cag gtc gcg ggc gcc act cct gtt gcc att	307
Ala Tyr Pro Ile Phe Ala Gln Val Ala Gly Ala Thr Pro Val Ala Ile	
55 60 65	
ccg ctg act gct gat cag aat cat gat ctt gat gcg atg gca gcc gcg	355
Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp Ala Met Ala Ala Ala	
70 75 80 85	
atc act gat aag acc cgc ctc att ttc atc tgc aac ccc aac aat cct	403
Ile Thr Asp Lys Thr Arg Leu Ile Phe Ile Cys Asn Pro Asn Asn Pro	
90 95 100	
tgc ggc acc acc atc acc cag gcg cag ttt gat aat ttc atg gaa aag	451
Ser Gly Thr Thr Ile Thr Gln Ala Gln Phe Asp Asn Phe Met Glu Lys	
105 110 115	
gtt cca aac gat gtc gtt gtt ggg ctg gat gag gct tat ttt gag ttc	499
Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr Phe Glu Phe	
120 125 130	
aac cgc gcg gac gac acc cca gtt gcc act gag gaa atc cac cgc cac	547
Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile His Arg His	
135 140 145	
gac aac gtg att ggt ttg cgc acg ttc tcc aag gcg tat ggc ctg gcg	595
Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr Gly Leu Ala	
150 155 160 165	
ggc ttg cgt gtt ggt tac gcc ttc gga aac gca gag atc atc gca gcg	643
Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile Ile Ala Ala	
170 175 180	
atg aat aag gtg gct att cct ttc gcg gtg aat tca gca gct cag gcg	691
Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala Ala Gln Ala	
185 190 195	
gca gcg ctt gcg agt ttg aat tct gcc gat gag ttg atg gaa cgg gtg	739
Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met Glu Arg Val	
200 205 210	
gag gaa acc gtc gaa aag cgt gat gct gtg gtg tca gcg ctt ggt gct	787
Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala Leu Gly Ala	
215 220 225	

gcg ccg acg cag gcc aat ttc gtc tgg ctg ccg ggc gag ggc gcc gct 835
Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu Gly Ala Ala

230 235 240 245
gag ttg gcg gct aaa ttg gcc gag cac ggc atc gtg att cgc gcg ttc 883
Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile Arg Ala Phe

250 255 260
ccc gag ggt gcg cgc att tcg gtg acc aac gcc gag gaa act gac aag 931
Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu Thr Asp Lys

265 270 275
ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg tagtctttgg cgttttgagg 984
Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly

280 285
tgc 987
<210> 482
<211> 288
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 482
Met Gly Ala Val Glu Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu His Leu Glu Val
1 5 10 15
Glu Phe Asp Gln Val Thr Val Gly Cys Gly Ser Ser Ala Leu Cys Gln
20 25 30
Gln Leu Val Gln Ala Thr Cys Ala Gln Gly Asp Glu
Val Ile Phe Pro
35 40 45
Trp Arg Ser Phe Glu Ala Tyr Pro Ile Phe Ala Gln Val Ala Gly Ala
50 55 60
Thr Pro Val Ala Ile Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp
65 70 75 80

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

Glu Ile His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys
145 150 155 160

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

Ser Ala Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro

225	230	235	240													
Gly	Glu	Gly	Ala	Ala	Glu	Leu	Ala	Ala	Lys	Leu	Ala	Glu	His	Gly	Ile	
			245					250						255		
Val	Ile	Arg	Ala	Phe	Pro	Glu	Gly	Ala	Arg	Ile	Ser	Val	Thr	Asn	Ala	
			260					265					270			
Glu	Glu	Thr	Asp	Lys	Leu	Leu	Arg	Ala	Trp	Glu	Ala	Ile	Asn	Ala	Gly	
			275				280					285				
<210> 483																
<211> 545																
<212> DNA																
<213> Corynebacterium glutamicum																
<220>																
<221> CDS																
<222> (1)..(522)																
<223> FRXA00446																
<400> 483																
atg	gaa	aag	gtt	cca	aac	gat	gtc	gtt	gtt	ggg	ctg	gat	gag	gct	tat	48
Met	Glu	Lys	Val	Pro	Asn	Asp	Val	Val	Val	Gly	Leu	Asp	Glu	Ala	Tyr	
1				5					10					15		
ttt	gag	ttc	aac	cgc	gcg	gac	gac	acc	cca	gtt	gcc	act	gag	gaa	atc	96
Phe	Glu	Phe	Asn	Arg	Ala	Asp	Asp	Thr	Pro	Val	Ala	Thr	Glu	Glu	Ile	
				20					25					30		
cac	cgc	cac	gac	aac	gtg	att	ggg	ttg	cgc	acg	ttc	tcc	aag	gcg	tat	144
His	Arg	His	Asp	Asn	Val	Ile	Gly	Leu	Arg	Thr	Phe	Ser	Lys	Ala	Tyr	
				35					40					45		
ggc	ctg	gcg	ggc	ttg	cgt	gtt	ggg	tac	gcc	ttc	gga	aac	gca	gag	atc	192
Gly	Leu	Ala	Gly	Leu	Arg	Val	Gly	Tyr	Ala	Phe	Gly	Asn	Ala	Glu	Ile	
				50					55					60		
atc	gca	gcg	atg	aat	aag	gtg	gct	att	cct	ttc	gcg	gtg	aat	tca	gca	240
Ile	Ala	Ala	Met	Asn	Lys	Val	Ala	Ile	Pro	Phe	Ala	Val	Asn	Ser	Ala	
				65					70					75		
gct	cag	gcg	gca	gcg	ctt	gcg	agt	ttg	aat	tct	gcc	gat	gag	ttg	atg	288
Ala	Gln	Ala	Ala	Ala	Leu	Ala	Ser	Leu	Asn	Ser	Ala	Asp	Glu	Leu	Met	
				85					90					95		
gaa	cgg	gtg	gag	gaa	acc	gtc	gaa	aag	cgt	gat	gct	gtg	gtg	tca	gcg	336
Glu	Arg	Val	Glu	Glu	Thr	Val	Glu	Lys	Arg	Asp	Ala	Val	Val	Ser	Ala	
				100					105					110		
ctt	ggg	gct	gcg	ccg	acg	cag	gcc	aat	ttc	gtc	tgg	ctg	ccg	ggc	gag	384
Leu	Gly	Ala	Ala	Pro	Thr	Gln	Ala	Asn	Phe	Val	Trp	Leu	Pro	Gly	Glu	
				115					120					125		
ggc	gcc	gct	gag	ttg	gcg	gct	aaa	ttg	gcc	gag	cac	ggc	atc	gtg	att	432
Gly	Ala	Ala	Glu	Leu	Ala	Ala	Lys	Leu	Ala	Glu	His	Gly	Ile	Val	Ile	
				130					135					140		
cgc	cgc	ttc	ccc	gag	ggg	gcg	cgc	att	tcg	gtg	acc	aac	gcc	gag	gaa	480

Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu

145 150 155 160

act gac aag ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg 522

Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly

165 170

tagtcttttg cgttttgcg tgc 545

<210> 484

<211> 174

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 484

Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr

1 5 10 15

Phe Glu Phe Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile

20 25 30

His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu

Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr

35 40 45

Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile

50 55 60

Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala

65 70 75 80

Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met

85 90 95

Glu Arg Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala

100 105 110

Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu

115 120 125

Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile

130 135 140

Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu

145 150 155 160

Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly

165 170

<210> 485

<211> 1230

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1207)

<223> RXS00618

<400> 485

gtcgcattag agggctgtat ctcgatctaa aagcagtacg cagataggct tgtctcttat 60

gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgcgtc atg cag atg ttg gac 115

Met Gln Met Leu Asp

1 5

cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163

Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10	15	20	
gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca	211		
Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala			
25	30	35	
gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt	259		
Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly			
40	45	50	
gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat	307		
Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr			
55	60	65	
gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca	355		
Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser			
70	75	80	85
ggt gga ttc gtg gca tcg ttt atc gcc acc ttg gat cac ggg gat tat	403		
Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr Leu Asp His Gly Asp Tyr			
90	95	100	
gtg gca atg cct acc ccg ggg tac ccg gca tat cgc aat att ctg gaa	451		
Val Ala Met Pro Thr Pro Gly Tyr Pro Ala Tyr Arg Asn Ile Leu Glu			
105	110	115	
tct ttg ggg gcg aag gtt ctg aac ctg cgc tgt act gca gag act cgt	499		
Ser Leu Gly Ala Lys Val Leu Asn Leu Arg Cys Thr Ala Glu Thr Arg			
120	125	130	
ttc cag cca acc gct caa atg ttg gag gaa ctg cca cac aag ccg aag	547		
Phe Gln Pro Thr Ala Gln Met Leu Glu Glu Leu Pro His Lys Pro Lys			
135	140	145	
gct gtt att gtc acc agc cca gga aac cca acg ggc acc atc att gat	595		
Ala Val Ile Val Thr Ser Pro Gly Asn Pro Thr Gly Thr Ile Ile Asp			
150	155	160	165
ccg gaa gag cta gag cgc atc gcc aag tgg tgc gat gac aat gat gct	643		
Pro Glu Glu Leu Glu Arg Ile Ala Lys Trp Cys Asp Asp Asn Asp Ala			
170	175	180	
gtt ctt atc tct gat gag gac tac cac ggc atg agc ttt ggt cgt ccg	691		
Val Leu Ile Ser Asp Glu Asp Tyr His Gly Met Ser Phe Gly Arg Pro			
185	190	195	
ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt acc	739		
Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly Thr			
200	205	210	
ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc atc	787		
Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile Ile			
215	220	225	
gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct ctt	835		

Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser Leu

230 235 240 245
tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc ttc 883
Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala Phe

250 255 260
act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat cgc 931
Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr Arg

265 270 275
gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt ggc 979
Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu Gly

280 285 290
act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt tct 1027
Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val Ser

295 300 305
gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat gaa 1075
Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp Glu

310 315 320 325
gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa ggc 1123
Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu Gly

330 335 340
cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc att 1171
His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr Ile

345 350 355
gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac 1217
Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys

360 365
taggttagtt tcg 1230
<210> 486
<211> 369
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 486
Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp
1 5 10 15
Thr Leu Met Phe Cys Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala
20 25 30
Val Ile Glu Glu Ala Glu Ile Ala Leu Arg
Ser Gly Pro Leu Gly Tyr
35 40 45
Thr Glu Val Ile Gly Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp
50 55 60
His Ser Ala Thr Tyr Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val
65 70 75 80
Thr Thr Gly Ser Ser Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr Leu
85 90 95
Asp His Gly Asp Tyr Val Ala Met Pro Thr Pro Gly Tyr Pro Ala Tyr

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

Pro His Lys Pro Lys Ala Val Ile Val Thr Ser Pro Gly Asn Pro Thr
 145 150 155 160

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

Val Gly Trp Ile Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn
 225 230 235 240

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

Trp Val Asp Val Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu
 305 310 315 320

Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe
 325 330 335
 Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser
 340 345 350
 Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys
 355 360 365
 Lys

<210> 487

<211> 657

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(634)

<223> FRXA00618

<400> 487

cccaacgggc accatcattg atccggaaga gctagagcgc atcgccaagt ggtgcgatga 60
 caatgatgct gttcttatct ctgatgagga ctaccacggc atg agc ttt ggt cgt 115
 Met Ser Phe Gly Arg

ccg ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt 163
Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly

10 15 20
acc ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc 211
Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile

25 30 35
atc gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct 259
Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser

40 45 50
ctt tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc 307
Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala

55 60 65
ttc act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat 355
Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr

70 75 80 85
cgc gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt 403
Arg Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu

90 95 100
ggc act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt 451
Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val

105 110 115
tct gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat 499
Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp

120 125 130
gaa gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa 547
Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu

135 140 145
ggc cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc 595
Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr

150 155 160 165
att gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac 644
Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys

170 175
taggttagtt tcg 657
<210> 488
<211> 178
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 488
Met Ser Phe Gly Arg Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn
1 5 10 15
Ala Ile Val Val Gly Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp
20 25 30
Arg Val Gly Trp Ile Ile Val Pro Asp Glu
Leu Val Thr Pro Ile Glu
35 40 45

Asn Leu Gln Ala Ser Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala
50 55 60
Ala Gly Arg Ala Ala Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala
65 70 75 80

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

Phe Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala
145 150 155 160

Ser Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile
165 170 175
Lys Lys

<210> 489
<211> 385
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(385)
<223> FRXA00627
<400> 489
gctgcattag agggctcgtat ctgcgtctaa aagcagtacg cagataggct tgtctcttat 60
gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgcgctc atg cag atg ttg gac 115
Met Gln Met Leu Asp

1 5
cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163
Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10 15 20
gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca 211
Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala

25 30 35
gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt 259
Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly

40 45 50
gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat 307
Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr

55 60 65
gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca 355
Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser

70 75 80 85

ggt gga ttc gtg gca tgc ttt atc gcc acc 385
 Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr

90 95

<210> 490
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 490

Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp
 1 5 10 15
 Thr Leu Met Phe Cys Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala
 20 25 30
 Val Ile Glu Glu Ala Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr
 35 40 45
 Thr Glu Val Ile Gly Asp Arg Glu
 Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp
 50 55 60
 His Ser Ala Thr Tyr Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val
 65 70 75 80

Thr Thr Gly Ser Ser Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr
 85 90 95

<210> 491
 <211> 1221
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1198)
 <223> RXS01105
 <400> 491

ttgtcatcaa ctttgccaac gccgaagatc ttccagcgca cggcgaagca atccgtgcac 60
 gctttgaaaa cctccccacc accgacgagg cctaagaaaa atg acc aaa att act 115
 Met Thr Lys Ile Thr

1 5
 ttg agc gat ttg cca ttg cgt gaa gaa ctg cgc ggt gag cac gct tac 163
 Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg Gly Glu His Ala Tyr

10 15 20
 ggc gca ccc cag ctc aac gtt gat att cgc ctc aac acc aac gaa aac 211
 Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu Asn Thr Asn Glu Asn

25 30 35
 cct tac cca ccg tca gag gca ttg gtc gct gac ttg gtt gcc acc gtg 259
 Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu Val Ala Asp Leu Val Ala Thr Val

40 45 50
 gat aag atc gcc acc gag ctg aac cgc tac cca gag cgc gat gct gtg 307
 Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro Glu Arg Asp Ala Val

55 60 65
 gaa ctg cgt gat gag ttg gct gcg tac atc acc aag caa acc ggc gtg 355
 Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr Lys Gln Thr Gly Val

70	75	80	85	
gct gtc acc agg gat aac ctg tgg gct gcc aat ggt tcc aat gaa att	403			
Ala Val Thr Arg Asp Asn Leu Trp Ala Ala Asn Gly Ser Asn Glu Ile				
	90	95	100	
ctg cag cag ctg ctg cag gct ttt ggt gga cct gga cgc acc gcg ttg	451			
Leu Gln Gln Leu Leu Gln Ala Phe Gly Gly Pro Gly Arg Thr Ala Leu				
	105	110	115	
gga ttc caa ccc agc tat tcc atg cac cca att ttg gct aaa ggc acc	499			
Gly Phe Gln Pro Ser Tyr Ser Met His Pro Ile Leu Ala Lys Gly Thr				
	120	125	130	
cac act gaa ttc att gcg gtg tcc cga ggt gct gat ttc cgc atc gat	547			
His Thr Glu Phe Ile Ala Val Ser Arg Gly Ala Asp Phe Arg Ile Asp				
	135	140	145	
atg gat gtg gcg ctg gaa gaa att cgt gca aag cag cct gac att gtt	595			
Met Asp Val Ala Leu Glu Glu Ile Arg Ala Lys Gln Pro Asp Ile Val				
	150	155	160	165
ttt gtc acc acc ccg aac aac ccg acc ggt gat gtg acc tcg ctg gac	643			
Phe Val Thr Thr Pro Asn Asn Pro Thr Gly Asp Val Thr Ser Leu Asp				
	170	175	180	
gat gtt gag cgc atc atc aac gtt gcc cca ggc atc gtg atc gtg gat	691			
Asp Val Glu Arg Ile Ile Asn Val Ala Pro Gly Ile Val Ile Val Asp				
	185	190	195	
gaa gct tat gcg gaa ttc tcc cca tca cct tca gca acc act ctt ctg	739			
Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Ser Pro Ser Pro Ser Ala Thr Thr Leu Leu				
	200	205	210	
gag aag tac cca acc aag ctg gtg gtg tcc cgc acc atg agt aag gct	787			
Glu Lys Tyr Pro Thr Lys Leu Val Val Ser Arg Thr Met Ser Lys Ala				
	215	220	225	
ttt gat ttc gca ggt gga cgc ctc ggc tac ttc gtg gcc aac cca gcg	835			
Phe Asp Phe Ala Gly Gly Arg Leu Gly Tyr Phe Val Ala Asn Pro Ala				
	230	235	240	245
ttt atc gac gcc gtg atg cta gtc cgc ctt ccg tat cat ctt tca gcg	883			
Phe Ile Asp Ala Val Met Leu Val Arg Leu Pro Tyr His Leu Ser Ala				
	250	255	260	
ctg agc caa gca gcc gca atc gta gcg ctg cgt cac tcc gct gac acg	931			
Leu Ser Gln Ala Ala Ala Ile Val Ala Leu Arg His Ser Ala Asp Thr				
	265	270	275	
ctg gga acc gtc gaa aag ctc tct gta gag cgt gtt cgc gtg gca gca	979			
Leu Gly Thr Val Glu Lys Leu Ser Val Glu Arg Val Arg Val Ala Ala				
	280	285	290	
cgc ttg gag gaa ctg ggc tac gct gtg gtt cca agt gag tcc aac ttt	1027			
Arg Leu Glu Glu Leu Gly Tyr Ala Val Val Pro Ser Glu Ser Asn Phe				

295	300	305	
gtg ttc ttt gga gat ttc tcc gat cag cac gcg gca tgg cag gca ttt			1075
Val Phe Phe Gly Asp Phe Ser Asp Gln His Ala Ala Trp Gln Ala Phe			
310	315	320	325
ttg gat agg gga gtg ctc atc cgc gat gtg gga atc gct ggg cac ttg			1123
Leu Asp Arg Gly Val Leu Ile Arg Asp Val Gly Ile Ala Gly His Leu			
330	335	340	
cgc act acc att ggt gtg cct gag gaa aat gat gcg ttt ttg gac gca			1171
Arg Thr Thr Ile Gly Val Pro Glu Glu Asn Asp Ala Phe Leu Asp Ala			
345	350	355	
gct gca gag atc atc aag ctg aac ctg taagagagaa gaatttttca			1218
Ala Ala Glu Ile Ile Lys Leu Asn Leu			
360	365		
tga			1221
<210> 492			
<211> 366			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 492			
Met Thr Lys Ile Thr Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg			
1 5 10 15			
Gly Glu His Ala Tyr Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu			
20 25 30			
Asn Thr Asn Glu Asn Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu			
Val Ala Asp			
35 40 45			
Leu Val Ala Thr Val Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro			
50 55 60			
Glu Arg Asp Ala Val Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr			
65 70 75 80			
Lys Gln Thr Gly Val Ala Val Thr Arg Asp Asn Leu Trp Ala Ala Asn			
85 90 95			
Gly Ser Asn Glu Ile Leu Gln Gln Leu Leu Gln Ala Phe Gly Gly Pro			
100 105 110			
Gly Arg Thr Ala Leu Gly Phe Gln Pro Ser Tyr Ser Met His Pro Ile			
115 120 125			
Leu Ala Lys Gly Thr His Thr Glu Phe Ile Ala Val Ser Arg Gly Ala			
130 135 140			
Asp Phe Arg Ile Asp Met Asp Val Ala Leu Glu Glu Ile Arg Ala Lys			
145 150 155 160			
Gln Pro Asp Ile Val Phe Val Thr Thr Pro Asn Asn Pro Thr Gly Asp			
165 170 175			
Val Thr Ser Leu Asp Asp Val Glu Arg Ile Ile Asn Val Ala Pro Gly			
180 185 190			
Ile Val Ile Val Asp Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Ser Pro Ser Pro Ser			
195 200 205			
Ala Thr Thr Leu Leu Glu Lys Tyr Pro Thr Lys Leu Val Val Ser Arg			
210 215 220			
Thr Met Ser Lys Ala Phe Asp Phe Ala Gly Gly Arg Leu Gly Tyr Phe			

[illegible]

cct gct gtt gct gaa gct gcg cat gcc cat atc ccg ttg att gtg ctc	403
Pro Ala Val Ala Glu Ala Ala His Ala His Ile Pro Leu Ile Val Leu	
90 95 100	
tct gct gac cgt cct gca cat ttg gtg gga acg ggg gcg agc caa acg	451
Ser Ala Asp Arg Pro Ala His Leu Val Gly Thr Gly Ala Ser Gln Thr	
105 110 115	
att aac cag acc ggt att ttt ggt gat ctt gca ccg acg gtc ggt atc	499
Ile Asn Gln Thr Gly Ile Phe Gly Asp Leu Ala Pro Thr Val Gly Ile	
120 125 130	
act gag ctg gat cag gta gcg cag att gct gaa agc ctt gct cag ggg	547
Thr Glu Leu Asp Gln Val Ala Gln Ile Ala Glu Ser Leu Ala Gln Gly	
135 140 145	
gct tcc cag att ccg cgt cat ttc aat ctt gca ctt gat gtt cct ttg	595
Ala Ser Gln Ile Pro Arg His Phe Asn Leu Ala Leu Asp Val Pro Leu	
150 155 160 165	
gtt gct cct gaa ctg cca gag ctt cat ggt gag gca gtt gga gca tca	643
Val Ala Pro Glu Leu Pro Glu Leu His Gly Glu Ala Val Gly Ala Ser	
170 175 180	
tgg acg cat cgc tgg atc aac cac ggt gag gtg acc gtg gac ctg ggg	691
Trp Thr His Arg Trp Ile Asn His Gly Glu Val Thr Val Asp Leu Gly	
185 190 195	
gag cac acc ctc gtg att gcc ggt gat gaa gca tgg gaa gtg gaa ggg	739
Glu His Thr Leu Val Ile Ala Gly Asp Glu Ala Trp Glu Val Glu Gly	
200 205 210	
ctg gaa gat gtg ccc acc atc gct gaa cct act gca cca aag cct tat	787
Leu Glu Asp Val Pro Thr Ile Ala Glu Pro Thr Ala Pro Lys Pro Tyr	
215 220 225	
aat ccg gtg cac cca ctg gct gct gaa atc ttg ctg aag gag cag gtc	835
Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu Leu Lys Glu Gln Val	
230 235 240 245	
tcc gcg gaa ggc tat gtg gta aac acc agg cct gat cat gtg atc gtg	883
Ser Ala Glu Gly Tyr Val Val Asn Thr Arg Pro Asp His Val Ile Val	
250 255 260	
gtg gga cac ccc acg ctg cac cgc gga gtg ttg aag ttg atg tca gat	931
Val Gly His Pro Thr Leu His Arg Gly Val Leu Lys Leu Met Ser Asp	
265 270 275	
cct ggc att aaa tta act gtg ctt tca cgc acc gat atc atc act gat	979
Pro Gly Ile Lys Leu Thr Val Leu Ser Arg Thr Asp Ile Ile Thr Asp	
280 285 290	
ccc ggc cgc cat gcc gat cag gtg ggc agc aca gtg aaa gtc acc ggc	1027
Pro Gly Arg His Ala Asp Gln Val Gly Ser Thr Val Lys Val Thr Gly	
295 300 305	

acc cag gaa aag cag tgg cta aag atc tgt tgc gca gca tca gaa ctt 1075
Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser Ala Ala Ser Glu Leu

310 315 320 325
gcg gcc gat ggt gtg cgt gac gtc ctg gac aac caa gaa ttc ggt ttc 1123
Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn Gln Glu Phe Gly Phe

330 335 340
acc ggc ctc cat gtt gcc gca gcc gtg gcg gat acc tta ggc acc ggc 1171
Thr Gly Leu His Val Ala Ala Ala Val Ala Asp Thr Leu Gly Thr Gly

345 350 355
gat act ctc ttt gct gca gca tcc aac tca atc cgt gac ctc tcc ctg 1219
Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile Arg Asp Leu Ser Leu

360 365 370
gtg ggt atg cct ttt gat ggc gtg gat acc ttc tcc cca cga ggt gtc 1267
Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe Ser Pro Arg Gly Val

375 380 385
gca ggc att gat ggt tct gtt gct caa gca atc ggc act tca ctt gct 1315
Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile Gly Thr Ser Leu Ala

390 395 400 405
gtg cag tcc cgc cac ccc gat gaa atc cgc gcg cca cgc act gtg gcc 1363
Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala Pro Arg Thr Val Ala

410 415 420
ctt ctg ggc gat ctg tgc ttc ctt cac gat att ggc gga ctg ctc atc 1411
Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile Gly Gly Leu Leu Ile

425 430 435
ggc cct gat gaa cca cgc cca gaa aac ctc acc atc gtg gtc tcc aac 1459
Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr Ile Val Val Ser Asn

440 445 450
gac aac ggt ggc gga atc ttc gaa ctc cta gaa acc ggc gca gat ggt 1507
Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu Thr Gly Ala Asp Gly

455 460 465
ctc cgc ccc aac ttc gag cgt gct ttc ggt acc cca cac gac gcg tcc 1555
Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr Pro His Asp Ala Ser

470 475 480 485
atc gcg gat ctc tgc gca ggc tac ggc att gaa cac caa gtg gta gac 1603
Ile Ala Asp Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Ile Glu His Gln Val Val Asp

490 495 500
aac ctc caa gac ctc atc atc gcg cta gtt gat acc acc gaa gta tcc 1651
Asn Leu Gln Asp Leu Ile Ile Ala Leu Val Asp Thr Thr Glu Val Ser

505 510 515
gga ttc acc att att gaa gct tgc acc gtc cga gat acc cgc cgt gca 1699
Gly Phe Thr Ile Ile Glu Ala Ser Thr Val Arg Asp Thr Arg Arg Ala

520 525 530

```

caa cag caa gct ctc atg gac acg gtg cac taaatggagt ggtaccaagt 1749
Gln Gln Gln Ala Leu Met Asp Thr Val His

535 540
gcg 1752
<210> 494
<211> 543
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 494
Met Ser Ser Thr Pro Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ala Val Ile Asp Ser
1 5 10 15
Leu Ala Pro His Val Thr Asp Val Val Leu Cys Pro Gly Ser Arg Asn
20 25 30
Ser Pro Leu Ser Leu Glu Leu Leu Ala Arg Gln Asp
Leu Arg Val His
35 40 45
Val Arg Ile Asp Glu Arg Ser Ala Ser Phe Leu Ala Leu Ser Leu Ala
50 55 60
Arg Thr Gln Ala Arg Pro Val Ala Val Val Met Thr Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

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

Ser Leu Ala Gln Gly Ala Ser Gln Ile Pro Arg His Phe Asn Leu Ala
145 150 155 160

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

Ala Pro Lys Pro Tyr Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu
225 230 235 240

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

Val Lys Val Thr Gly Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser

```

305	310	315	320	
Ala Ala Ser Glu Leu Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn				
	325	330	335	
Gln Glu Phe Gly Phe Thr Gly Leu His Val Ala Ala Ala Val Ala Asp				
	340	345	350	
Thr Leu Gly Thr Gly Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile				
	355	360	365	
Arg Asp Leu Ser Leu Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe				
	370	375	380	
Ser Pro Arg Gly Val Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile				
385	390	395	400	
Gly Thr Ser Leu Ala Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala				
	405	410	415	
Pro Arg Thr Val Ala Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile				
	420	425	430	
Gly Gly Leu Leu Ile Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr				
	435	440	445	
Ile Val Val Ser Asn Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu				
	450	455	460	
Thr Gly Ala Asp Gly Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr				
465	470	475	480	
Pro His Asp Ala Ser Ile Ala Asp Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Ile Glu				
	485	490	495	
His Gln Val Val Asp Asn Leu Gln Asp Leu Ile Ile Ala Leu Val Asp				
	500	505	510	
Thr Thr Glu Val Ser Gly Phe Thr Ile Ile Glu Ala Ser Thr Val Arg				
	515	520	525	
Asp Thr Arg Arg Ala Gln Gln Gln Ala Leu Met Asp Thr Val His				
530	535	540		
<210> 495				
<211> 1434				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (101)..(1411)				
<223> RXS02550				
<400> 495				
gatcttaggc agccgtggga ttacaccctt ttagagctag aacagtaaaa attcacccaa				60
tagctttcaa ctacgcacac aaagtggcaa cattgagcgg gtg act aca gac aag				115
			Val Thr Thr Asp Lys	
			1	5
cgc aaa acc tct aag acc acc gac acc gcc aac aag gct gtg ggc gcg				163
Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn Lys Ala Val Gly Ala				
	10	15	20	
gat cag gca gcg cgt ccc act cgg cga aca act cgc cgc atc ttc gat				211

Asp Gln Ala Ala Arg Pro Thr Arg Arg Thr Thr Arg Arg Ile Phe Asp

25 30 35
cag tcg gag aag atg aag gac gtg ctg tac gag atc cgt ggc ccg gtg 259
Gln Ser Glu Lys Met Lys Asp Val Leu Tyr Glu Ile Arg Gly Pro Val

40 45 50
gcc gcg gag gcg gaa cgc atg gag ctt gat ggg cat aac atc tta aag 307
Ala Ala Glu Ala Glu Arg Met Glu Leu Asp Gly His Asn Ile Leu Lys

55 60 65
ctc aac acg gga aat cca gcc gtg ttc gga ttc gat gcc ccc gac gtg 355
Leu Asn Thr Gly Asn Pro Ala Val Phe Gly Phe Asp Ala Pro Asp Val

70 75 80 85
att atg cgt gac atg atc gcc aac ctt cca act tcc caa ggg tat tcc 403
Ile Met Arg Asp Met Ile Ala Asn Leu Pro Thr Ser Gln Gly Tyr Ser

90 95 100
acc tcc aaa ggc att att ccg gcc cgg cga gca gtg gtc acc cgc tac 451
Thr Ser Lys Gly Ile Ile Pro Ala Arg Arg Ala Val Val Thr Arg Tyr

105 110 115
gaa gtt gtg ccc gga ttc ccc cac ttc gat gtt gat gat gtg ttc tta 499
Glu Val Val Pro Gly Phe Pro His Phe Asp Val Asp Asp Val Phe Leu

120 125 130
ggc aac ggt gtc tca gaa cta atc acc atg acc acc caa gca ctc ctc 547
Gly Asn Gly Val Ser Glu Leu Ile Thr Met Thr Thr Gln Ala Leu Leu

135 140 145
aac gac ggc gat gaa gtt ctt atc ccc gca ccg gac tac cca ctg tgg 595
Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro Asp Tyr Pro Leu Trp

150 155 160 165
act gcc gca acc tcc ctg gct ggt ggt aag cct gtg cac tac ctc tgt 643
Thr Ala Ala Thr Ser Leu Ala Gly Gly Lys Pro Val His Tyr Leu Cys

170 175 180
gat gag gaa gat gac tgg aac cca tcc atc gaa gac atc aag tcc aaa 691
Asp Glu Glu Asp Asp Trp Asn Pro Ser Ile Glu Asp Ile Lys Ser Lys

185 190 195
atc tca gag aaa acc aaa gct att gtg gtg atc aac ccc aac aac ccc 739
Ile Ser Glu Lys Thr Lys Ala Ile Val Val Ile Asn Pro Asn Asn Pro

200 205 210
acg gga gct gtc tac ccg cgc cgg gtg ttg gaa caa atc gtc gag att 787
Thr Gly Ala Val Tyr Pro Arg Arg Val Leu Glu Gln Ile Val Glu Ile

215 220 225
gca cgc gag cat gac ctg ctg att ttg gcc gat gaa atc tac gac cgc 835
Ala Arg Glu His Asp Leu Leu Ile Leu Ala Asp Glu Ile Tyr Asp Arg

230 235 240 245

att ctc tac gat gat gcc gag cac atc agc ctg gca acc ctt gca cca 883
Ile Leu Tyr Asp Asp Ala Glu His Ile Ser Leu Ala Thr Leu Ala Pro

250 255 260
gat ctc ctt tgc atc aca tac aac ggt cta tcc aag gca tac cgc gtc 931
Asp Leu Leu Cys Ile Thr Tyr Asn Gly Leu Ser Lys Ala Tyr Arg Val

265 270 275
gca gga tac cga gct ggc tgg atg gta ttg act gga cca aag caa tac 979
Ala Gly Tyr Arg Ala Gly Trp Met Val Leu Thr Gly Pro Lys Gln Tyr

280 285 290
gca cgt gga ttt att gag ggc ctc gaa ctc ctc gca ggc act cga ctc 1027
Ala Arg Gly Phe Ile Glu Gly Leu Glu Leu Leu Ala Gly Thr Arg Leu

295 300 305
tgc cca aat gtc cca gct cag cac gct att cag gta gct ctg ggt gga 1075
Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln Val Ala Leu Gly Gly

310 315 320 325
cgc cag tcc atc tac gac ctc act ggc gaa cac ggc cga ctc ctg gaa 1123
Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His Gly Arg Leu Leu Glu

330 335 340
cag cgc aac atg gca tgg acg aaa ctc aac gaa atc cca ggt gtc agc 1171
Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu Ile Pro Gly Val Ser

345 350 355
tgt gtg aaa cca atg gga gct cta tac gcg ttc ccc aag ctc gac ccc 1219
Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe Pro Lys Leu Asp Pro

360 365 370
aac gtg tac gaa atc cac gac gac acc caa ctc atg ctg gat ctt ctc 1267
Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu Met Leu Asp Leu Leu

375 380 385
cgt gcc gag aaa atc ctc atg gtt cag ggc act ggc ttc aac tgg cca 1315
Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr Gly Phe Asn Trp Pro

390 395 400 405
cat cac gat cac ttc cga gtg gtc acc ctg cca tgg gca tcc cag ttg 1363
His His Asp His Phe Arg Val Val Thr Leu Pro Trp Ala Ser Gln Leu

410 415 420
gaa aac gca att gag cgc ctg ggt aac ttc ctg tcc act tac aag cag 1411
Glu Asn Ala Ile Glu Arg Leu Gly Asn Phe Leu Ser Thr Tyr Lys Gln

425 430 435
tagtagttgt taggattcac cac 1434
<210> 496
<211> 437
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 496
Val Thr Thr Asp Lys Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn
1 5 10 15

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

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

 Thr Gln Ala Leu Leu Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro
 145 150 155 160

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

 Gln Ile Val Glu Ile Ala Arg Glu His Asp Leu Leu Ile Leu Ala Asp
 225 230 235 240

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

 Ala Gly Thr Arg Leu Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln
 305 310 315 320

 Val Ala Leu Gly Gly Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His
 325 330 335
 Gly Arg Leu Leu Glu Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu
 340 345 350
 Ile Pro Gly Val Ser Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe
 355 360 365
 Pro Lys Leu Asp Pro Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu
 370 375 380

 Met Leu Asp Leu Leu Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr

[illegible]

gtt gaa ggc gga cgc ctc cac att ttg gaa gtc caa cgc ctc atc cgc 547
Val Glu Gly Gly Arg Leu His Ile Leu Glu Val Gln Arg Leu Ile Arg

135 140 145
acc atg cct aaa gtt gtc atc gca gta gtc aac ggc tgg gca gcc ggc 595
Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn Gly Trp Ala Ala Gly

150 155 160 165
ggg ggc cac tcc ctc cat gtc gtt tgc gac ctc acc atc gct tcc cgc 643
Gly Gly His Ser Leu His Val Val Cys Asp Leu Thr Ile Ala Ser Arg

170 175 180
caa gaa gca cgc ttc aag caa acc gac gct gac gtg gga tcc ttc gac 691
Gln Glu Ala Arg Phe Lys Gln Thr Asp Ala Asp Val Gly Ser Phe Asp

185 190 195
gct ggc tac ggc tcc gcc tac cta gcg aaa atg gtc gga cag aaa aac 739
Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Tyr Leu Ala Lys Met Val Gly Gln Lys Asn

200 205 210
gcc cgc gaa atc ttc ttc ctc gga cgc acc tac gac gcc gaa cgc atg 787
Ala Arg Glu Ile Phe Phe Leu Gly Arg Thr Tyr Asp Ala Glu Arg Met

215 220 225
caa caa atg ggc gca gtc aac atc gtg gcc gac cac ggc gac cta gaa 835
Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp His Gly Asp Leu Glu

230 235 240 245
aaa gaa gcc atc caa gca gcc cgc gaa atc aac acc aaa tcc ccc acc 883
Lys Glu Ala Ile Gln Ala Ala Arg Glu Ile Asn Thr Lys Ser Pro Thr

250 255 260
ggg caa cgc atg ctg aaa ttc gcc ttc aat ctc acc gac gat ggc ctc 931
Gly Gln Arg Met Leu Lys Phe Ala Phe Asn Leu Thr Asp Asp Gly Leu

265 270 275
atg gga caa caa gtc ttc gcc ggc gaa gcc acc cgc ctg gcc tac atg 979
Met Gly Gln Gln Val Phe Ala Gly Glu Ala Thr Arg Leu Ala Tyr Met

280 285 290
acg gat gaa gcc gta gag ggt aag gaa gca ttc cta gaa aag cgc gaa 1027
Thr Asp Glu Ala Val Glu Gly Lys Glu Ala Phe Leu Glu Lys Arg Glu

295 300 305
ccc aac tgg aat gaa ttc cct tac tac tac tagtgagttc atggggtcct 1077
Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr

310 315
aaa 1080
<210> 498
<211> 319
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 498
Met Ser Asn Tyr Ser Thr Asp Asn Pro Phe Asp Pro Thr Gln Trp Ala
1 5 10 15

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

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

Gln Arg Leu Ile Arg Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn
 145 150 155 160

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

Asp Ala Glu Arg Met Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp
 225 230 235 240

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

Leu Glu Lys Arg Glu Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr

305 310 315

<210> 499

<211> 384

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(361)

<223> RXS02908

<400> 499

gccaacgagg gttggtttac cacctctgat tcaggtgaac tccacgacgg gattctcacc 60

gtgactggtc gcgtggatac ccgtcattga ttccgggtgga ttg aag ttg cac cca 115
Leu Lys Leu His Pro

1 5
gag gta ctg gaa cgt gcc atc gca gat att aaa ggt gtc acc gcg gcg 163
Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys Gly Val Thr Ala Ala

10 15 20
tgt gtt gtg ggt att ccc gat ccc cga tta ggc caa gca att gtg gcc 211
Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly Gln Ala Ile Val Ala

25 30 35
gcg tac tcc gga tcg atc agt ccg tct gaa gtt att gaa ggc ctc gac 259
Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val Ile Glu Gly Leu Asp

40 45 50
gat cta cct cgt tgg cag ctt ccc aaa cgg ctg aag cat ctg gaa tct 307
Asp Leu Pro Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu Lys His Leu Glu Ser

55 60 65
ttg ccc agc att ggt cct gga aaa gct gat cga cgt gct atc gcg aag 355
Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg Arg Ala Ile Ala Lys

70 75 80 85
ctg ttt tagtcttcat tcttgctggc tgc 384
Leu Phe

<210> 500

<211> 87

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 500

Leu Lys Leu His Pro Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys

1 5 10 15

Gly Val Thr Ala Ala Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly

20 25 30

Gln Ala Ile Val Ala Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val

35 40 45

Ile Glu Gly Leu Asp Asp Leu Pro

Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu

50 55 60

Lys His Leu Glu Ser Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg

65 70 75 80

Arg Ala Ile Ala Lys Leu Phe

85

<210> 501

<211> 775

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(775)

<223> RXS03003

<400> 501

tcgatgatct gggctcccca ggtggtgcgg ctaagcttgg accacaagat ttgatcacc 60

caatgatcgc tgcgctgccg cctcaggcat aatctaacgc atg acc tct cgc acc	115
Met Thr Ser Arg Thr	
1 5	
ccg ctt gtt tct gtt ctt cct gat ttt ccg tgg gat tcg ctc gct tcc	163
Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp Asp Ser Leu Ala Ser	
10 15 20	
gca aaa gcc aaa gct gcg tct cac ccg gat ggg atc gtg aat ctt tct	211
Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly Ile Val Asn Leu Ser	
25 30 35	
gtt ggc act ccg gtt gat ccg gtc gcg ccc agc att cag atc gcg ttg	259
Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser Ile Gln Ile Ala Leu	
40 45 50	
gca gaa gca gcg ggg ttt tcg ggt tac cct caa acc atc ggc acc ccg	307
Ala Glu Ala Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln Thr Ile Gly Thr Pro	
55 60 65	
gaa ctc cgc gca gcc atc agg ggc gcg ctt gag ccg cgc tac aac atg	355
Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu Arg Arg Tyr Asn Met	
70 75 80 85	
aca aag ctt gtc gac gcc tcc ctc ctc ccc gtc gtg ggt acc aag gag	403
Thr Lys Leu Val Asp Ala Ser Leu Leu Pro Val Val Gly Thr Lys Glu	
90 95 100	
gca att gcc ctt ctt cca ttc gcg ttg ggt att tcc ggc acc gtt gtc	451
Ala Ile Ala Leu Leu Pro Phe Ala Leu Gly Ile Ser Gly Thr Val Val	
105 110 115	
atc cca gag att gcg tac cca acc tac gaa gtc gct gtc gtg gcc gca	499
Ile Pro Glu Ile Ala Tyr Pro Thr Tyr Glu Val Ala Val Val Ala Ala	
120 125 130	
gga tgc acc gtg ttg cgt tct gat tcg ctg ttt aag ctc ggc ccg cag	547
Gly Cys Thr Val Leu Arg Ser Asp Ser Leu Phe Lys Leu Gly Pro Gln	
135 140 145	
atc ccg tcg atg atg ttt atc aac tca cca tcc aac ccc aca ggc aag	595
Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser Asn Pro Thr Gly Lys	
150 155 160 165	
gtt ctg ggc atc cca cac ttg cgc aag gtt gtg aag tgg gcg cag gaa	643
Val Leu Gly Ile Pro His Leu Arg Lys Val Val Lys Trp Ala Gln Glu	
170 175 180	
aac aac gtg atc ctc gca gct gat gaa tgc tac ttg ggt ctt ggc tgg	691
Asn Asn Val Ile Leu Ala Ala Asp Glu Cys Tyr Leu Gly Leu Gly Trp	
185 190 195	
gac gat gaa aac cca ccg atc tca att ttg gat cca cgt gtc tgc gat	739
Asp Asp Glu Asn Pro Pro Ile Ser Ile Leu Asp Pro Arg Val Cys Asp	
200 205 210	

ggc gac cac acc aac ttg atc gcc att cac tcg ctg 775
Gly Asp His Thr Asn Leu Ile Ala Ile His Ser Leu

215 220 225
<210> 502
<211> 225
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 502
Met Thr Ser Arg Thr Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp
1 5 10 15
Asp Ser Leu Ala Ser Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly
20 25 30
Ile Val Asn Leu Ser Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser
35 40 45
Ile Gln Ile Ala Leu Ala Glu Ala
Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln
50 55 60
Thr Ile Gly Thr Pro Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu
65 70 75 80

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

Lys Leu Gly Pro Gln Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser
145 150 155 160

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

Leu

225
<210> 503
<211> 390
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(367)
<223> RXS03026
<400> 503
gttggcggcg cagtatcgtg aggtgcggga cctcgagcgg ggaatccaa actagcatcc 60
cgaactagcc cccaacaac aattagaaat ggaacctaaa atg cct gga aaa att 115

Met Pro Gly Lys Ile

1 5
ctc ctt ctc aac ggc cca aac ctg aac atg ctg ggc aaa cgc gag cct 163
Leu Leu Leu Asn Gly Pro Asn Leu Asn Met Leu Gly Lys Arg Glu Pro

10 15 20
gac att tac gga cac gac acc ttg gaa gac gtc gtc gcg ctg gca acc 211
Asp Ile Tyr Gly His Asp Thr Leu Glu Asp Val Val Ala Leu Ala Thr

25 30 35
gct gag gct gcg aaa cac ggc ctt gag gtt gag gcg ctg cag agc aat 259
Ala Glu Ala Ala Lys His Gly Leu Glu Val Glu Ala Leu Gln Ser Asn

40 45 50
cac caa ggt gag cta atc gat gcg ctg cac aac gct cgc ggg acc cac 307
His Gln Gly Glu Leu Ile Asp Ala Leu His Asn Ala Arg Gly Thr His

55 60 65
atc ggt tgc gtg att aac ccc ggc ggc ctg act aca ctt cgg tgg cgc 355
Ile Gly Cys Val Ile Asn Pro Gly Gly Leu Thr Thr Leu Arg Trp Arg

70 75 80 85
ttt tgg atg ctg tgaaggcgtc tgaagcttcct acc 390
Phe Trp Met Leu

<210> 504

<211> 89

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 504

Met Pro Gly Lys Ile Leu Leu Leu Asn Gly Pro Asn Leu Asn Met Leu

1 5 10 15
Gly Lys Arg Glu Pro Asp Ile Tyr Gly His Asp Thr Leu Glu Asp Val

20 25 30
Val Ala Leu Ala Thr Ala Glu Ala Ala Lys His Gly Leu Glu Val Glu

35 40 45
Ala Leu Gln Ser Asn His Gln Gly

Glu Leu Ile Asp Ala Leu His Asn

50 55 60
Ala Arg Gly Thr His Ile Gly Cys Val Ile Asn Pro Gly Gly Leu Thr

65 70 75 80
Thr Leu Arg Trp Arg Phe Trp Met Leu

85

<210> 505

<211> 621

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(598)

<223> RXS03074

<400> 505

tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60

tagcaggaca agcatactgt tttagtctta 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> 506
<211> 166
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 506
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> 507
 <211> 3075
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(3052)
 <223> RXC01434
 <400> 507
 ggttttctgc gcaccgtgat gattgggtgcg gcgctgtcgc cggccatcgc ttcggcgcttc 60
 aacactgccac acacgtgcc caacctgac actggaaatc gtg ttg ggt gcg gtg 115
 Val Leu Gly Ala Val

 1 5
 ctg aca tcg ctg gtt att ccg gtc ctt acc cgc gcg gaa aaa gaa gac 163
 Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg Ala Glu Lys Glu Asp

 10 15 20
 gcc gac ggc ggt tcc ggg ttc ttc agg cgg ctg ctc acc ctg tcg gtg 211
 Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu Leu Thr Leu Ser Val

 25 30 35
 acg ctg ctg ggt ggt gtc acc atc ctg tcg att atc ggc gcg ccg ctg 259
 Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile Ile Gly Ala Pro Leu

 40 45 50
 ctg aca cgg atg atg ctg tcc tct gag gga caa gtc aac gtg gtc atg 307
 Leu Thr Arg Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln Val Asn Val Val Met

 55 60 65
 tcc acg gcc ttt gcg tat tgg ctg ctg cca cag att ttc ttc tac ggc 355
 Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln Ile Phe Phe Tyr Gly

 70 75 80 85

ctg ttt gcc ctg ttc atg gct gtg ttg aac acc cgt gaa gtg ttc aaa	403
Leu Phe Ala Leu Phe Met Ala Val Leu Asn Thr Arg Glu Val Phe Lys	
90 95 100	
ccc ggc gcg tgg gca cct gtt gtc aac aat gtg atc acc ttg acc gtg	451
Pro Gly Ala Trp Ala Pro Val Val Asn Asn Val Ile Thr Leu Thr Val	
105 110 115	
ctg ggc gtg tac atg gtg ctg cct gcg cgt ttg cac ccg cat gag cag	499
Leu Gly Val Tyr Met Val Leu Pro Ala Arg Leu His Pro His Glu Gln	
120 125 130	
gtg ggc att ttt gat ccg cag atc att ttc ctc ggc gtg ggc acc acc	547
Val Gly Ile Phe Asp Pro Gln Ile Ile Phe Leu Gly Val Gly Thr Thr	
135 140 145	
ctt ggt gtg gtt gca cag tgt cta atc atg att ccg tac ctg cgt cgc	595
Leu Gly Val Val Ala Gln Cys Leu Ile Met Ile Pro Tyr Leu Arg Arg	
150 155 160 165	
gcg ggc att gat atg cgc cct ctg tgg ggt atc gat gcg cgt ttg aag	643
Ala Gly Ile Asp Met Arg Pro Leu Trp Gly Ile Asp Ala Arg Leu Lys	
170 175 180	
caa ttc ggt ggc atg gcg atg gcg atc atc gtg tac gtg gca atc tcc	691
Gln Phe Gly Gly Met Ala Met Ala Ile Ile Val Tyr Val Ala Ile Ser	
185 190 195	
cag ttc ggt tac atc atc acc act cgc att gcg tgc att gca gac gat	739
Gln Phe Gly Tyr Ile Ile Thr Thr Arg Ile Ala Ser Ile Ala Asp Asp	
200 205 210	
gct gcg ccg ttt att tat cag cag cac tgg atg ttg ctg caa gtt cct	787
Ala Ala Pro Phe Ile Tyr Gln Gln His Trp Met Leu Leu Gln Val Pro	
215 220 225	
tat ggc atc atc ggc gtc acc ttg ctc acc gcg att atg ccg cga ctg	835
Tyr Gly Ile Ile Gly Val Thr Leu Leu Thr Ala Ile Met Pro Arg Leu	
230 235 240 245	
tcc cgc aac gcg gca gac ggc gat gat agg gca gta gtc tct gac ctt	883
Ser Arg Asn Ala Ala Asp Gly Asp Asp Arg Ala Val Val Ser Asp Leu	
250 255 260	
cag ttg ggt tcc aag cta acc ttc atc gca ctg atc ccc atc gtg gtg	931
Gln Leu Gly Ser Lys Leu Thr Phe Ile Ala Leu Ile Pro Ile Val Val	
265 270 275	
ttc ttc acc gcc ttc ggt gtc cct att gcc aat ggc ctt ttt gcc tac	979
Phe Phe Thr Ala Phe Gly Val Pro Ile Ala Asn Gly Leu Phe Ala Tyr	
280 285 290	
ggc caa ttc gat gcc aac gcc gcc aac atc ctt ggt tgg act ctg agc	1027
Gly Gln Phe Asp Ala Asn Ala Ala Asn Ile Leu Gly Trp Thr Leu Ser	
295 300 305	

ttc tct gct ttc acg ctg att cct tac gct ttg gtg ctg cta cat ctg	1075
Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu Val Leu Leu His Leu	
310	315
cgt gtg ttt tat gcg cgt gaa gag gtc tgg acc cca acc ttc atc atc	1123
Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr Pro Thr Phe Ile Ile	
330	335
gcc ggc atc acc gcc acc aag gtc gtg ctt tcc ctg ttg gca ccg ctg	1171
Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser Leu Leu Ala Pro Leu	
345	350
ctg tcg agc tcc ccg gag cgt gtg gtg gtg ctt ctt ggt gcg gcc aac	1219
Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu Leu Gly Ala Ala Asn	
360	365
ggg ttc agt ttc atc acc ggc gcg gtc atc ggc gcg tat ctg ttg cgc	1267
Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly Ala Tyr Leu Leu Arg	
375	380
aac aaa ctc ggc ctg ttg ggt atg cgc tct ttg gct aaa acc tcc ctg	1315
Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu Ala Lys Thr Ser Leu	
390	395
tgg gcg ttg ggc tct gcg gcg gtt ggt gca gca gca gca tgg gcg ttg	1363
Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala Ala Ala Trp Ala Leu	
410	415
ggg tgg ctg att caa gcc gtc gtg ggc gat ttc ttg ctg ggc act cta	1411
Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe Leu Leu Gly Thr Leu	
425	430
agc tcc gta ggc tac ttg ttg aac ctg gct gtg ttg ggt gtc ttc ttc	1459
Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val Leu Gly Val Phe Phe	
440	445
atc ttc gtc acc ggc atc gtg ttg tca cgt tct ggt ttg ccg gag gtc	1507
Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser Gly Leu Pro Glu Val	
455	460
caa aac ttg ggc cag gca ctg acc cgc atc cca ggt ttg agc cgg ttt	1555
Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro Gly Leu Ser Arg Phe	
470	475
att cgc ccg aat acc aag atc tct ttg gat gtc ggc gaa gtc tcc gag	1603
Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val Gly Glu Val Ser Glu	
490	495
cag gat ttc tcc acc cag ctg gtc gcg cca agc gag ttc gca gca acc	1651
Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser Glu Phe Ala Ala Thr	
505	510
cct gtg ccg cca ccg atg tcc gcc ggt att gtc cgc gga cct cgc ctg	1699
Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val Arg Gly Pro Arg Leu	
520	525
530	

gtt ccc ggc gcc cca gtc ggc gac ggt cgt ttc cgt ctg ctc gcc gat	1747
Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe Arg Leu Leu Ala Asp	
535 540 545	
cac ggc ggc gtc caa ggc gcg cgt ttc tgg cag gcc cgc gag atc gcc	1795
His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln Ala Arg Glu Ile Ala	
550 555 560 565	
acc ggc aag gaa gtc gcg ctg atc ttt gtg gat act tcc gcc aac gcc	1843
Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp Thr Ser Gly Asn Ala	
570 575 580	
cca ttt gcg cca ctg tct tcg gca gcc gca gcg gcc atc gcc tac gag	1891
Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Gly Ile Ala Tyr Glu	
585 590 595	
gtg cag cgc cgc acc aag aag ctg gcc agc ttg gcc agc ttg gcg gta	1939
Val Gln Arg Arg Thr Lys Lys Leu Ala Ser Leu Gly Ser Leu Ala Val	
600 605 610	
gcc ccc aac atc cac tcc gag gcg tac cgc aac ggt tgc ctc att gtg	1987
Ala Pro Asn Ile His Ser Glu Ala Tyr Arg Asn Gly Cys Leu Ile Val	
615 620 625	
gcc gat tgg gtg cct ggc tcc agc ttg agc gcc gtc gcg gaa tcc ggt	2035
Ala Asp Trp Val Pro Gly Ser Ser Leu Ser Ala Val Ala Glu Ser Gly	
630 635 640 645	
gcc gat ccc cgc gcc gcc gcg ttc gcg ctc gcg gaa cta act gaa acc	2083
Ala Asp Pro Arg Ala Ala Ala Phe Ala Leu Ala Glu Leu Thr Glu Thr	
650 655 660	
atc ggc gag gcc cac gag atg ggt atc ccg gcc gcc ttg gac aac aag	2131
Ile Gly Glu Ala His Glu Met Gly Ile Pro Ala Gly Leu Asp Asn Lys	
665 670 675	
tgc cga att cgt atc aac acc gac ggc cat gcc gtc ctc gcc ttg ccg	2179
Cys Arg Ile Arg Ile Asn Thr Asp Gly His Ala Val Leu Ala Leu Pro	
680 685 690	
gcg att ttg ccc gat gcc tca gag ctc cgc gac gcc aag tcc ctg gcc	2227
Ala Ile Leu Pro Asp Ala Ser Glu Leu Arg Asp Ala Lys Ser Leu Ala	
695 700 705	
tcg gcc gcc gag atg ctt atc gac gcg acc ctc gct ccc agc gac gtc	2275
Ser Ala Ala Glu Met Leu Ile Asp Ala Thr Leu Ala Pro Ser Asp Val	
710 715 720 725	
aag gca atg gtc act gaa gcc cag ggg cta gct aca gaa gac aat ccc	2323
Lys Ala Met Val Thr Glu Ala Gln Gly Leu Ala Thr Glu Asp Asn Pro	
730 735 740	
gat tac gca tca ctt gcc atg gcg atg cgc acc tgc gga ctg ttc acc	2371
Asp Tyr Ala Ser Leu Ala Met Ala Met Arg Thr Cys Gly Leu Phe Thr	
745 750 755	

gag gaa cca acc cac ctt gtg gtg aag aag gaa aag aca cca aag cct	2419
Glu Glu Pro Thr His Leu Val Val Lys Lys Glu Lys Thr Pro Lys Pro	
760 765 770	
gcg aca cgt gat ggt ttc ggt gcc tcc gac tac acc gtc aag ggc atg	2467
Ala Thr Arg Asp Gly Phe Gly Ala Ser Asp Tyr Thr Val Lys Gly Met	
775 780 785	
gca gcc atc gcc gct gtg gtg atc atc ttg gtt tcc ctg gtg gcc gcc	2515
Ala Ala Ile Ala Ala Val Val Ile Ile Leu Val Ser Leu Val Ala Ala	
790 795 800 805	
ggt acc gcg ttc ctc acc agc ttc ttc ggc agc agc acc aac gaa caa	2563
Gly Thr Ala Phe Leu Thr Ser Phe Phe Gly Ser Ser Thr Asn Glu Gln	
810 815 820	
tcc ccg ttg gcc tct gtt gaa gcc acc acc tct gca aca cca gaa cct	2611
Ser Pro Leu Ala Ser Val Glu Ala Thr Thr Ser Ala Thr Pro Glu Pro	
825 830 835	
gtg ggg cca ccg gtc tac ctg gat ctg gat caa gcc cgc acg tgg gat	2659
Val Gly Pro Pro Val Tyr Leu Asp Leu Asp Gln Ala Arg Thr Trp Asp	
840 845 850	
gac ggt gca gga aca gat gtc acc gac gtc acc gac ggc aac acc tcc	2707
Asp Gly Ala Gly Thr Asp Val Thr Asp Val Thr Asp Gly Asn Thr Ser	
855 860 865	
acc gca tgg acc tcc acc ggc ggc gac ggc ctc cta gtt gac ctg tcc	2755
Thr Ala Trp Thr Ser Thr Gly Gly Asp Gly Leu Leu Val Asp Leu Ser	
870 875 880 885	
acg cct gcc cgc ctc gac cgc gtc atc ttg acc acc ggc acc ggc tcc	2803
Thr Pro Ala Arg Leu Asp Arg Val Ile Leu Thr Thr Gly Thr Gly Ser	
890 895 900	
gac agc aac gtg acc tcg acc gtg aag atc tac gca ttc aac gac gcc	2851
Asp Ser Asn Val Thr Ser Thr Val Lys Ile Tyr Ala Phe Asn Asp Ala	
905 910 915	
tca cca cac tcc ctg tcg gaa ggc atc gag atc ggc acc gtg gat tat	2899
Ser Pro His Ser Leu Ser Glu Gly Ile Glu Ile Gly Thr Val Asp Tyr	
920 925 930	
tcc ggc cgc agt ctc agc cac agc atc cgc gat tcc tcc aag ctt ccg	2947
Ser Gly Arg Ser Leu Ser His Ser Ile Arg Asp Ser Ser Lys Leu Pro	
935 940 945	
ggt cag gtg gaa tcc gtg gtg att ctg gtc gat gag gtt cgt tcc tca	2995
Gly Gln Val Glu Ser Val Val Ile Leu Val Asp Glu Val Arg Ser Ser	
950 955 960 965	
caa acc tca gac acc aat cca cag atg cag atc gct gaa gta caa ctt	3043
Gln Thr Ser Asp Thr Asn Pro Gln Met Gln Ile Ala Glu Val Gln Leu	
970 975 980	

gtt ggt tgg taaattacgc gtttgtgatt gac
Val Gly Trp

3075

<210> 508

<211> 984

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 508

Val Leu Gly Ala Val Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg
1 5 10 15
Ala Glu Lys Glu Asp Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu
20 25 30
Leu Thr Leu Ser Val Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile
35 40 45
Ile Gly Ala Pro Leu Leu Thr Arg
Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln
50 55 60
Val Asn Val Val Met Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln
65 70 75 80

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

Gly Val Gly Thr Thr Leu Gly Val Val Ala Gln Cys Leu Ile Met Ile
145 150 155 160

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

Leu Leu Gln Val Pro Tyr Gly Ile Ile Gly Val Thr Leu Leu Thr Ala
225 230 235 240

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

Gly Trp Thr Leu Ser Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu
305 310 315 320

Val Leu Leu His Leu Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr
325 330 335
Pro Thr Phe Ile Ile Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser
340 345 350
Leu Leu Ala Pro Leu Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu
355 360 365
Leu Gly Ala Ala Asn Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly
370 375 380
Ala Tyr Leu Leu Arg Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu
385 390 395 400
Ala Lys Thr Ser Leu Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala
405 410 415
Ala Ala Trp Ala Leu Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe
420 425 430
Leu Leu Gly Thr Leu Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val
435 440 445
Leu Gly Val Phe Phe Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser
450 455 460
Gly Leu Pro Glu Val Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro
465 470 475 480
Gly Leu Ser Arg Phe Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val
485 490 495
Gly Glu Val Ser Glu Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser
500 505 510
Glu Phe Ala Ala Thr Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val
515 520 525
Arg Gly Pro Arg Leu Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe
530 535 540
Arg Leu Leu Ala Asp His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln
545 550 555 560
Ala Arg Glu Ile Ala Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp
565 570 575
Thr Ser Gly Asn Ala Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Ala
580 585 590
Gly Ile Ala Tyr Glu Val Gln Arg Arg Thr Lys Lys Leu Ala Ser Leu
595 600 605
Gly Ser Leu Ala Val Ala Pro Asn Ile His Ser Glu Ala Tyr Arg Asn
610 615 620
Gly Cys Leu Ile Val Ala Asp Trp Val Pro Gly Ser Ser Leu Ser Ala
625 630 635 640
Val Ala Glu Ser Gly Ala Asp Pro Arg Ala Ala Ala Phe Ala Leu Ala
645 650 655
Glu Leu Thr Glu Thr Ile Gly Glu Ala His Glu Met Gly Ile Pro Ala
660 665 670
Gly Leu Asp Asn Lys Cys Arg Ile Arg Ile Asn Thr Asp Gly His Ala
675 680 685
Val Leu Ala Leu Pro Ala Ile Leu Pro Asp Ala Ser Glu Leu Arg Asp
690 695 700

Ala Lys Ser Leu Ala Ser Ala Ala Glu Met Leu Ile Asp Ala Thr Leu
705 710 715 720

Ala Pro Ser Asp Val Lys Ala Met Val Thr Glu Ala Gln Gly Leu Ala
725 730 735
Thr Glu Asp Asn Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Ala Met Ala Met Arg Thr
740 745 750
Cys Gly Leu Phe Thr Glu Glu Pro Thr His Leu Val Val Lys Lys Glu
755 760 765
Lys Thr Pro Lys Pro Ala Thr Arg Asp Gly Phe Gly Ala Ser Asp Tyr
770 775 780

Thr Val Lys Gly Met Ala Ala Ile Ala Ala Val Val Ile Ile Leu Val
785 790 795 800

Ser Leu Val Ala Ala Gly Thr Ala Phe Leu Thr Ser Phe Phe Gly Ser
805 810 815
Ser Thr Asn Glu Gln Ser Pro Leu Ala Ser Val Glu Ala Thr Thr Ser
820 825 830
Ala Thr Pro Glu Pro Val Gly Pro Pro Val Tyr Leu Asp Leu Asp Gln
835 840 845
Ala Arg Thr Trp Asp Asp Gly Ala Gly Thr Asp Val Thr Asp Val Thr
850 855 860

Asp Gly Asn Thr Ser Thr Ala Trp Thr Ser Thr Gly Gly Asp Gly Leu
865 870 875 880

Leu Val Asp Leu Ser Thr Pro Ala Arg Leu Asp Arg Val Ile Leu Thr
885 890 895
Thr Gly Thr Gly Ser Asp Ser Asn Val Thr Ser Thr Val Lys Ile Tyr
900 905 910
Ala Phe Asn Asp Ala Ser Pro His Ser Leu Ser Glu Gly Ile Glu Ile
915 920 925
Gly Thr Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Leu Ser His Ser Ile Arg Asp
930 935 940

Ser Ser Lys Leu Pro Gly Gln Val Glu Ser Val Val Ile Leu Val Asp
945 950 955 960

Glu Val Arg Ser Ser Gln Thr Ser Asp Thr Asn Pro Gln Met Gln Ile
965 970 975
Ala Glu Val Gln Leu Val Gly Trp

980

<210> 509

<211> 930

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(907)

<223> RXC02080

<400> 509

cgtaaattcg aagcgagctt ctaattctag caagcttggt gatggagtat cctgccaaaa 60
tttgtcctgt tgcttattgt gcaggaattc ggaggcggac atg tca atc gag tgg 115

Met Ser Ile Glu Trp

	1	5	
tta caa att gtt gaa tta gga gcg atc ttt ggt gca ggt ttc ctc gca	163		
Leu Gln Ile Val Glu Leu Gly Ala Ile Phe Gly Ala Gly Phe Leu Ala			
	10	15	20
gga agc atc aat gta att gtc gga gca gga aca tta gtg tcg ttt cct	211		
Gly Ser Ile Asn Val Ile Val Gly Ala Gly Thr Leu Val Ser Phe Pro			
	25	30	35
att ctc gtg ttc ctg ggc ctt cca ccg ttg act gcc acc atc gcc aac	259		
Ile Leu Val Phe Leu Gly Leu Pro Pro Leu Thr Ala Thr Ile Ala Asn			
	40	45	50
acc atc ggc atc gtt cct gga agt att tcg ggt gtg gtt gct tat aga	307		
Thr Ile Gly Ile Val Pro Gly Ser Ile Ser Gly Val Val Ala Tyr Arg			
	55	60	65
cgt gaa cta cac gcc cat gta aaa acc atc aga ttt ctg ctg cca gca	355		
Arg Glu Leu His Ala His Val Lys Thr Ile Arg Phe Leu Leu Pro Ala			
	70	75	80
tca atc ctc gga ggg atc acc ggc gcc tcg ctc ttg ctg cat ttc tcc	403		
Ser Ile Leu Gly Gly Ile Thr Gly Ala Ser Leu Leu Leu His Phe Ser			
	90	95	100
gca gat gtt ttt aca gca gta att ccc tgg ctg att gga ttc ggc acg	451		
Ala Asp Val Phe Thr Ala Val Ile Pro Trp Leu Ile Gly Phe Gly Thr			
	105	110	115
ctg ttg gtt atc gca ggt cca tca att aag aag cat gtt ggc gct cat	499		
Leu Leu Val Ile Ala Gly Pro Ser Ile Lys Lys His Val Gly Ala His			
	120	125	130
act tca ggt ggc atc tct gct ggg ttt agg caa ttg cct ttc ccg agc	547		
Thr Ser Gly Gly Ile Ser Ala Gly Phe Arg Gln Leu Pro Phe Pro Ser			
	135	140	145
cga acc acc ttc atc gtc tca gta tgt ggt gcc ctg ttg ctg ggc atg	595		
Arg Thr Thr Phe Ile Val Ser Val Cys Gly Ala Leu Leu Leu Gly Met			
	150	155	160
tat gga ggg tac ttc agc gca gct caa ggc att ctt ctc atc gca ttg	643		
Tyr Gly Gly Tyr Phe Ser Ala Ala Gln Gly Ile Leu Leu Ile Ala Leu			
	170	175	180
ctt ggc atc aca tca acg ctg cag atg cag gaa ctc aac gcc atc aaa	691		
Leu Gly Ile Thr Ser Thr Leu Gln Met Gln Glu Leu Asn Ala Ile Lys			
	185	190	195
aac ctc aca gtg gcg gca gtt aat ctc atc gca gcc agt gtt ttt ata	739		
Asn Leu Thr Val Ala Ala Val Asn Leu Ile Ala Ala Ser Val Phe Ile			
	200	205	210
atc atc tcc cct gag ttg atc tcc tgg ccg acc gtt gcc tta atc gcg	787		

Ile Ile Ser Pro Glu Leu Ile Ser Trp Pro Thr Val Ala Leu Ile Ala

215 220 225
 ctt ggc tca gct tta ggt gga tac atc ggc gga cgg tac gcc cgc cga 835
 Leu Gly Ser Ala Leu Gly Gly Tyr Ile Gly Gly Arg Tyr Ala Arg Arg

230 235 240 245
 ctt cgc ccc agt gtt ttt aga gca ttt gtg gtc atc gtc gga atc acc 883
 Leu Arg Pro Ser Val Phe Arg Ala Phe Val Val Ile Val Gly Ile Thr

250 255 260
 acg gtc atc gtt atg acg atc ggt taatgcagca gactagtaac ccc 930
 Thr Val Ile Val Met Thr Ile Gly

265
 <210> 510
 <211> 269
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 510

Met Ser Ile Glu Trp Leu Gln Ile Val Glu Leu Gly Ala Ile Phe Gly
 1 5 10 15
 Ala Gly Phe Leu Ala Gly Ser Ile Asn Val Ile Val Gly Ala Gly Thr
 20 25 30
 Leu Val Ser Phe Pro Ile Leu Val Phe Leu Gly Leu Pro Pro Leu Thr
 35 40 45

Ala Thr Ile Ala Asn Thr Ile Gly Ile Val Pro Gly Ser Ile Ser Gly
 50 55 60
 Val Val Ala Tyr Arg Arg Glu Leu His Ala His Val Lys Thr Ile Arg
 65 70 75 80

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

Leu Pro Phe Pro Ser Arg Thr Thr Phe Ile Val Ser Val Cys Gly Ala
 145 150 155 160

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

Val Ala Leu Ile Ala Leu Gly Ser Ala Leu Gly Gly Tyr Ile Gly Gly
 225 230 235 240

Arg Tyr Ala Arg Arg Leu Arg Pro Ser Val Phe Arg Ala Phe Val Val
245 250 255
Ile Val Gly Ile Thr Thr Val Ile Val Met Thr Ile Gly
260 265
<210> 511
<211> 669
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(646)
<223> RXC02789
<400> 511
ttcttcgta cggtatgct taaaagctaa atttgtcttt gtgccttgca acacattaat 60
ttcttaacac taaacaatgg aaaggttaagc gggtttttct atg aag gtt tcc gcc 115
Met Lys Val Ser Ala
1 5
gat aca ccc ggt cac gat gat cca ggc cca ggc cgg cgc ctt ggc tta 163
Asp Thr Pro Gly His Asp Asp Pro Gly Pro Gly Arg Arg Leu Gly Leu
10 15 20
gat gtc ggc acc gtg cgc atc gga gtg gca gcc tct gac cgc gat gcc 211
Asp Val Gly Thr Val Arg Ile Gly Val Ala Ala Ser Asp Arg Asp Ala
25 30 35
aag ctt gcc atg cct gtg gaa acc gtt ccg cgg gaa act gga ttc aaa 259
Lys Leu Ala Met Pro Val Glu Thr Val Pro Arg Glu Thr Gly Phe Lys
40 45 50
ggg cca gac ctg gcc gat att gat cgg ttg gtc gcc atc gtt gag gaa 307
Gly Pro Asp Leu Ala Asp Ile Asp Arg Leu Val Ala Ile Val Glu Glu
55 60 65
tac aac gcc gtg gaa gtc att gtt ggt cta ccc aca gat ctg cag gga 355
Tyr Asn Ala Val Glu Val Ile Val Gly Leu Pro Thr Asp Leu Gln Gly
70 75 80 85
aat ggc tcc gcc agt gtg aag cat gca aag gaa att gct ttc cgc gtc 403
Asn Gly Ser Ala Ser Val Lys His Ala Lys Glu Ile Ala Phe Arg Val
90 95 100
cgt cgg cgc ctc acc aat gct gga aag aac att ccg gta cgg ctt ggc 451
Arg Arg Arg Leu Thr Asn Ala Gly Lys Asn Ile Pro Val Arg Leu Gly
105 110 115
gac gaa cgc ctc acc acc gtc gtg gcc acc caa gcc ttg cgg gcc tca 499
Asp Glu Arg Leu Thr Thr Val Val Ala Thr Gln Ala Leu Arg Ala Ser
120 125 130
gga gtc agc gaa aaa gcg gga cgt aaa gtt att gat caa gct gcc gca 547
Gly Val Ser Glu Lys Ala Gly Arg Lys Val Ile Asp Gln Ala Ala Ala
135 140 145

gta gaa atc ctt caa acc tgg ttg gat gct cgc acc cga gcc ctt gaa 595
Val Glu Ile Leu Gln Thr Trp Leu Asp Ala Arg Thr Arg Ala Leu Glu

150 155 160 165
cca caa tcc aca gac acc caa gat ttc gac gag aag gga aat ttc cca 643
Pro Gln Ser Thr Asp Thr Gln Asp Phe Asp Glu Lys Gly Asn Phe Pro

170 175 180
gga tgaaccaaat ccgaaaccgc cgg 669
Gly

<210> 512

<211> 182

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 512

Met Lys Val Ser Ala Asp Thr Pro Gly His Asp Asp Pro Gly Pro Gly
1 5 10 15
Arg Arg Leu Gly Leu Asp Val Gly Thr Val Arg Ile Gly Val Ala Ala
20 25 30
Ser Asp Arg Asp Ala Lys Leu Ala Met Pro Val Glu Thr Val Pro Arg
35 40 45
Glu Thr Gly Phe Lys Gly Pro Asp
Leu Ala Asp Ile Asp Arg Leu Val
50 55 60
Ala Ile Val Glu Glu Tyr Asn Ala Val Glu Val Ile Val Gly Leu Pro
65 70 75 80

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

Asp Gln Ala Ala Ala Val Glu Ile Leu Gln Thr Trp Leu Asp Ala Arg
145 150 155 160

Thr Arg Ala Leu Glu Pro Gln Ser Thr Asp Thr Gln Asp Phe Asp Glu
165 170 175
Lys Gly Asn Phe Pro Gly

180

<210> 513

<211> 903

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(880)

<223> RXC02295

<400> 513

ttcccatgct aatccgcgaa aatggcactt caacagccat atactttaaa caacacaaat 60
gatgcaagac tgataccggg atgtgatagg agcgcaccac atg ggg ttg gaa tta 115

Met Gly Leu Glu Leu

	1	5	
gca gct agc ggg tgg ggc atc ctc atc gca ggc gcc gcc gta gcc gga	163		
Ala Ala Ser Gly Trp Gly Ile Leu Ile Ala Gly Ala Ala Val Ala Gly			
	10	15	20
tgg atc gac gca gta atc ggc ggt ggc gga ctc gtc ctc atc ccg ctg	211		
Trp Ile Asp Ala Val Ile Gly Gly Gly Gly Leu Val Leu Ile Pro Leu			
	25	30	35
atc ctc gcg gtc atg ccg caa ctc gca cct gtg aca gcg ctg gcc tcc	259		
Ile Leu Ala Val Met Pro Gln Leu Ala Pro Val Thr Ala Leu Ala Ser			
	40	45	50
aac aaa ctg gca gcc gtc acc ggc acg gca tcg gcg gca ttc acc ctg	307		
Asn Lys Leu Ala Ala Val Thr Gly Thr Ala Ser Ala Ala Phe Thr Leu			
	55	60	65
gtc agg cgc gtc aaa ccc gac aaa aaa ctg ctt gcg ctc tac gtt ctg	355		
Val Arg Arg Val Lys Pro Asp Lys Lys Leu Leu Ala Leu Tyr Val Leu			
	70	75	80
gtg gca gct gtg tgc tcc ggt gca ggc gcc ctg gct gcg agt ctc att	403		
Val Ala Ala Val Cys Ser Gly Ala Gly Ala Leu Ala Ala Ser Leu Ile			
	90	95	100
gac aaa caa atc atg cga ccg ctg atc atc gtg ttg atg ctg gtc gtt	451		
Asp Lys Gln Ile Met Arg Pro Leu Ile Ile Val Leu Met Leu Val Val			
	105	110	115
ggc ctg atc gtg gtg ttc aaa cca aac ttc gga acc ggc gaa agc aaa	499		
Gly Leu Ile Val Val Phe Lys Pro Asn Phe Gly Thr Gly Glu Ser Lys			
	120	125	130
gcc ctg ccc acc gga tgg aaa cgc tgg gcc gcc atc gtt gca gtc gga	547		
Ala Leu Pro Thr Gly Trp Lys Arg Trp Ala Ala Ile Val Ala Val Gly			
	135	140	145
ctc atc gca gcc tac gac ggc atc ttc gga ccc gga acc ggc atg ttc	595		
Leu Ile Ala Ala Tyr Asp Gly Ile Phe Gly Pro Gly Thr Gly Met Phe			
	150	155	160
ctc atc atg gcg ttc acc gca ctg ctc tcc caa aat ttc ctg tcc tcc	643		
Leu Ile Met Ala Phe Thr Ala Leu Leu Ser Gln Asn Phe Leu Ser Ser			
	170	175	180
gca gcc atg gcg aag gtc gta aac acc gca aca aac ctg ggt gcg cta	691		
Ala Ala Met Ala Lys Val Val Asn Thr Ala Thr Asn Leu Gly Ala Leu			
	185	190	195
att gta ttc atc atc ggc ggc cac atg tgg tgg acc cta gga ctc gtg	739		
Ile Val Phe Ile Ile Gly Gly His Met Trp Trp Thr Leu Gly Leu Val			
	200	205	210
ctg gca gtc gcc aat gtc gca ggc gca caa ctc ggt gcc cga acg gtg	787		

Leu Ala Val Ala Asn Val Ala Gly Ala Gln Leu Gly Ala Arg Thr Val

215 220 225
 ctt ggt ggc ggt acc agg cta att aga tac gca cta cta acc ctg gtt 835
 Leu Gly Gly Gly Thr Arg Leu Ile Arg Tyr Ala Leu Leu Thr Leu Val

230 235 240 245
 gtc gtc atg agc gtc tac ctc acc tgg caa caa atc caa gga atg 880
 Val Val Met Ser Val Tyr Leu Thr Trp Gln Gln Ile Gln Gly Met

250 255 260
 tagataagtc ggggcaaaact cta 903
 <210> 514
 <211> 260
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 514
 Met Gly Leu Glu Leu Ala Ala Ser Gly Trp Gly Ile Leu Ile Ala Gly
 1 5 10 15
 Ala Ala Val Ala Gly Trp Ile Asp Ala Val Ile Gly Gly Gly Gly Leu
 20 25 30
 Val Leu Ile Pro Leu Ile Leu Ala Val Met Pro Gln Leu Ala Pro Val
 35 40
 45
 Thr Ala Leu Ala Ser Asn Lys Leu Ala Ala Val Thr Gly Thr Ala Ser
 50 55 60
 Ala Ala Phe Thr Leu Val Arg Arg Val Lys Pro Asp Lys Lys Leu Leu
 65 70 75 80

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

Ile Val Ala Val Gly Leu Ile Ala Ala Tyr Asp Gly Ile Phe Gly Pro
 145 150 155 160

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

Gly Ala Arg Thr Val Leu Gly Gly Gly Thr Arg Leu Ile Arg Tyr Ala
 225 230 235 240

Leu Leu Thr Leu Val Val Val Met Ser Val Tyr Leu Thr Trp Gln Gln
 245 250 255

Ile Gln Gly Met

260

<210> 515

<211> 1132

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1132)

<223> RXN03063

<400> 515

tgtctacaac ttgcacctca tggacatatt aacttcgttg cctcggagag aatactcadc 60
acctagacaa cagtttgtat ctcacctcac aggaggaacc gtg gaa gat ctc tca 115
Val Glu Asp Leu Ser

1

5

tac cgc atc ccg cag tgc cgc acc gtg gcc gag cag gtg cca ggg ccg 163
Tyr Arg Ile Pro Gln Ser Arg Thr Val Ala Glu Gln Val Pro Gly Pro

10

15

20

aag tgc aaa gcg ctg gat gag cgt cga caa gca gca gta gca cga gca 211
Lys Ser Lys Ala Leu Asp Glu Arg Arg Gln Ala Ala Val Ala Arg Ala

25

30

35

ctt gca ccg ggt ctg cct gga tac gtg gtg gac gca gac ggt ggc atc 259
Leu Ala Pro Gly Leu Pro Gly Tyr Val Val Asp Ala Asp Gly Gly Ile

40

45

50

ttg gct gac gcg gac ggc aac cgt ttc atc gac ctg gcc tcc ggc atc 307
Leu Ala Asp Ala Asp Gly Asn Arg Phe Ile Asp Leu Ala Ser Gly Ile

55

60

65

gcc gtg acc acg gtc ggc gga tcc aac gcg gcc gtc gcg aaa gcc gtc 355
Ala Val Thr Thr Val Gly Gly Ser Asn Ala Ala Val Ala Lys Ala Val

70

75

80

85

ggc gcc gca gct gcc cgc ttc acc cac acc tgc ttc atg gtc tca cct 403
Gly Ala Ala Ala Ala Arg Phe Thr His Thr Cys Phe Met Val Ser Pro

90

95

100

tat gaa act tac gtg gcc atg gcg gag aga ctc aac gcc ttg act cca 451
Tyr Glu Thr Tyr Val Ala Met Ala Glu Arg Leu Asn Ala Leu Thr Pro

105

110

115

ggc gat cac gac aag aag agc gcg ctg ttt aac tct ggc gcc gaa gcc 499
Gly Asp His Asp Lys Lys Ser Ala Leu Phe Asn Ser Gly Ala Glu Ala

120

125

130

gtg gaa aac gcc gtc aag gtg gca cgc gcc tac acc ggc aag ggc gcg 547
Val Glu Asn Ala Val Lys Val Ala Arg Ala Tyr Thr Gly Lys Gly Ala

135

140

145

gtc gtg gtg ttc gac aac gcg tac cac gga cgg acc aac ctc acc atg 595

Val Val Val Phe Asp Asn Ala Tyr His Gly Arg Thr Asn Leu Thr Met

150 155 160 165
gcg atg acc gcg aag aac cgc cca tac aag tcc gga ttc gga cca cta 643
Ala Met Thr Ala Lys Asn Arg Pro Tyr Lys Ser Gly Phe Gly Pro Leu

170 175 180
gcc gca gac gtc tac cgt gca cca atg tct tac cca ctg cgc gac gga 691
Ala Ala Asp Val Tyr Arg Ala Pro Met Ser Tyr Pro Leu Arg Asp Gly

185 190 195
ctg tcc ggc ccg gaa gcc gca gag cgc gcg atc tcc gtg atc gaa tcc 739
Leu Ser Gly Pro Glu Ala Ala Glu Arg Ala Ile Ser Val Ile Glu Ser

200 205 210
cag gtc gga gcc gaa aac ctc gcc tgc gtg gtc att gaa ccg atc cag 787
Gln Val Gly Ala Glu Asn Leu Ala Cys Val Val Ile Glu Pro Ile Gln

215 220 225
ggc gaa ggc gga ttc atc gtc ccc gca cca gga ttc ctc gca gcc att 835
Gly Glu Gly Gly Phe Ile Val Pro Ala Pro Gly Phe Leu Ala Ala Ile

230 235 240 245
tcc acc tgg tgc cgc gag aac gac gtg gtg ttc atc gcc gat gaa atc 883
Ser Thr Trp Cys Arg Glu Asn Asp Val Val Phe Ile Ala Asp Glu Ile

250 255 260
caa tct ggc ttc ctg cgc acc ggc gac tgg ttc gcc agc gac gca gaa 931
Gln Ser Gly Phe Leu Arg Thr Gly Asp Trp Phe Ala Ser Asp Ala Glu

265 270 275
ggc gtg atc ccc gac gtc atc acc gca aaa ggc atc gcc ggc ggc 979
Gly Val Ile Pro Asp Val Ile Thr Thr Ala Lys Gly Ile Ala Gly Gly

280 285 290
atg cca cta tcc gca gtg acc ggc cgc gca gaa atc atg gac gca ccc 1027
Met Pro Leu Ser Ala Val Thr Gly Arg Ala Glu Ile Met Asp Ala Pro

295 300 305
ggc ccc ggc gcg ctc ggc gga acc tac ggc gga aac ccc gtt gct tgc 1075
Gly Pro Gly Ala Leu Gly Gly Thr Tyr Gly Gly Asn Pro Val Ala Cys

310 315 320 325
gcc gcg gca ctt gca gcc att gaa gtg atg gaa caa gcc gac ctt aag 1123
Ala Ala Ala Leu Ala Ala Ile Glu Val Met Glu Gln Ala Asp Leu Lys

330 335 340
acc cgc gcg 1132
Thr Arg Ala

<210> 516
<211> 344
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 516
Val Glu Asp Leu Ser Tyr Arg Ile Pro Gln Ser Arg Thr Val Ala Glu

1 5 10 15
 Gln Val Pro Gly Pro Lys Ser Lys Ala Leu Asp Glu Arg Arg Gln Ala
 20 25 30
 Ala Val Ala Arg Ala Leu Ala Pro Gly Leu Pro Gly Tyr Val Val Asp
 35 40 45
 Ala Asp Gly Gly Ile Leu Ala Asp
 Ala Asp Gly Asn Arg Phe Ile Asp
 50 55 60
 Leu Ala Ser Gly Ile Ala Val Thr Thr Val Gly Gly Ser Asn Ala Ala
 65 70 75 80

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

 Thr Gly Lys Gly Ala Val Val Val Phe Asp Asn Ala Tyr His Gly Arg
 145 150 155 160

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

 Ile Glu Pro Ile Gln Gly Glu Gly Gly Phe Ile Val Pro Ala Pro Gly
 225 230 235 240

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

 Ile Met Asp Ala Pro Gly Pro Gly Ala Leu Gly Gly Thr Tyr Gly Gly
 305 310 315 320

 Asn Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala Leu Ala Ala Ile Glu Val Met Glu
 325 330 335
 Gln Ala Asp Leu Lys Thr Arg Ala

340

<210> 517

<211> 1491

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1468)

<223> RXN02970

<400> 517

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> 518
<211> 456
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 518
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> 519			
<211> 1330			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1330)			
<223> FRXA01009			
<400> 519			
aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag			60
ttattttaag 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> 520
<211> 410
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 520
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> 521
 <211> 1998

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1975)

<223> RXA01551

<400> 521

cactacgtag gcgtacccca ccatcaccgc gtcgaaaagc gccctctctt aacccccgca 60
agggggtaac ttttacgcgc acgcgtgcaa cgcgctagtt ttg aag gca gtc ccc 115
Leu Lys Ala Val Pro

1 5
acg ggc gcc cga gca cgg gct gag atc gcg ctg att gct gcg cga gca 163
Thr Gly Ala Arg Ala Arg Ala Glu Ile Ala Leu Ile Ala Ala Arg Ala

10 15 20
ccg ttt gaa cct gtc cgg tta gca ccg gcg aag gaa gag agg aat ggt 211
Pro Phe Glu Pro Val Arg Leu Ala Pro Ala Lys Glu Glu Arg Asn Gly

25 30 35
gca atg acg cct acc caa aat gag atc cac ccg aaa cat agc tac tcc 259
Ala Met Thr Pro Thr Gln Asn Glu Ile His Pro Lys His Ser Tyr Ser

40 45 50
ccc atc cgc aag gac ggt ctc gag gtc ccg gag acc gaa atc cgc etc 307
Pro Ile Arg Lys Asp Gly Leu Glu Val Pro Glu Thr Glu Ile Arg Leu

55 60 65
gat gac tcg cca agc ggc ccc aac gaa ccc ttc cgc atc tac cgc acc 355
Asp Asp Ser Pro Ser Gly Pro Asn Glu Pro Phe Arg Ile Tyr Arg Thr

70 75 80 85
cgt ggc cca gaa acc aac ccc aag cag gga ctt ccg cgg ctg cgc gag 403
Arg Gly Pro Glu Thr Asn Pro Lys Gln Gly Leu Pro Arg Leu Arg Glu

90 95 100
tca tgg atc acc gcc cgc ggc gac gtt gcc acc tat cag ggg cgc gag 451
Ser Trp Ile Thr Ala Arg Gly Asp Val Ala Thr Tyr Gln Gly Arg Glu

105 110 115
cgt ttg ctt atc gac gac ggc cgc tcg gca atg cgt cga ggt caa gct 499
Arg Leu Leu Ile Asp Asp Gly Arg Ser Ala Met Arg Arg Gly Gln Ala

120 125 130
tcg gct gag tgg aaa ggc caa aaa cca gct cct ttg aag gcg cta cct 547
Ser Ala Glu Trp Lys Gly Gln Lys Pro Ala Pro Leu Lys Ala Leu Pro

135 140 145
ggc aaa aga gtc acc caa atg gcc tat gca cgt gct ggc gtg att act 595
Gly Lys Arg Val Thr Gln Met Ala Tyr Ala Arg Ala Gly Val Ile Thr

150 155 160 165
cgt gaa atg gag ttt gta gcg ctg cgc gaa cac gtt gat gcg gag ttt 643
Arg Glu Met Glu Phe Val Ala Leu Arg Glu His Val Asp Ala Glu Phe

170	175	180	
gtg cgc tct gag gtg gcg cgc ggt cgg gcc att att ccc aac aac gtc			691
Val Arg Ser Glu Val Ala Arg Gly Arg Ala Ile Ile Pro Asn Asn Val			
185	190	195	
aac cac ccc gaa tct gaa ccg atg att att ggt cgc aaa ttt ttg acc			739
Asn His Pro Glu Ser Glu Pro Met Ile Ile Gly Arg Lys Phe Leu Thr			
200	205	210	
aaa atc aac gcc aat att ggc aat tct gcg gtc acc tct tca atc gag			787
Lys Ile Asn Ala Asn Ile Gly Asn Ser Ala Val Thr Ser Ser Ile Glu			
215	220	225	
gaa gag gtg tcc aag ctg cag tgg gcc acg cgc tgg ggt gcc gat acc			835
Glu Glu Val Ser Lys Leu Gln Trp Ala Thr Arg Trp Gly Ala Asp Thr			
230	235	240	245
gtg atg gat cta tcc acc ggc gat gat att cac acc acc cgc gaa tgg			883
Val Met Asp Leu Ser Thr Gly Asp Asp Ile His Thr Thr Arg Glu Trp			
250	255	260	
att atc cgc aac tcc ccc gtt cct atc ggc acc gtc ccg atc tac caa			931
Ile Ile Arg Asn Ser Pro Val Pro Ile Gly Thr Val Pro Ile Tyr Gln			
265	270	275	
gcg ctg gaa aaa gta aat ggc gtg gcc gca gac ctt aac tgg gaa gta			979
Ala Leu Glu Lys Val Asn Gly Val Ala Ala Asp Leu Asn Trp Glu Val			
280	285	290	
ttc cgc gat acc atc att gag cag tgt gaa caa ggc gtg gac tat atg			1027
Phe Arg Asp Thr Ile Ile Glu Gln Cys Glu Gln Gly Val Asp Tyr Met			
295	300	305	
acc atc cac gcc ggc gtc ctg ctg gct tat atc cca ctg act acc cgt			1075
Thr Ile His Ala Gly Val Leu Leu Ala Tyr Ile Pro Leu Thr Thr Arg			
310	315	320	325
cgt gtc acc ggc att gtc tcc cgc ggc gga tcc att atg gcc ggt tgg			1123
Arg Val Thr Gly Ile Val Ser Arg Gly Gly Ser Ile Met Ala Gly Trp			
330	335	340	
tgt ctg gcg cat cac cgc gaa tca ttc ctc tac gag cat ttc gac gag			1171
Cys Leu Ala His His Arg Glu Ser Phe Leu Tyr Glu His Phe Asp Glu			
345	350	355	
ctg tgc gaa atc ttt gca caa tat gac gtc gca ttc tcc ctc ggt gat			1219
Leu Cys Glu Ile Phe Ala Gln Tyr Asp Val Ala Phe Ser Leu Gly Asp			
360	365	370	
ggc cta cgc ccc gga tcg ctt gcc gat gcc aac gac gcc gcg caa ttc			1267
Gly Leu Arg Pro Gly Ser Leu Ala Asp Ala Asn Asp Ala Ala Gln Phe			
375	380	385	
gcc gag ctg aaa acc att ggt gag ctc acc caa cgc gcc tgg gaa tac			1315

Ala Glu Leu Lys Thr Ile Gly Glu Leu Thr Gln Arg Ala Trp Glu Tyr

390 395 400 405
gat gta caa gta atg gtc gaa gga cct gga cac gtg cca cta aac atg 1363
Asp Val Gln Val Met Val Glu Gly Pro Gly His Val Pro Leu Asn Met

410 415 420
atc cag gaa aac aac gag ctg gaa caa aag tgg gca gcg gac gca cct 1411
Ile Gln Glu Asn Asn Glu Leu Glu Gln Lys Trp Ala Ala Asp Ala Pro

425 430 435
ttt tac act ctt gga cca cta gtt acc gac atc gct cca ggt tat gac 1459
Phe Tyr Thr Leu Gly Pro Leu Val Thr Asp Ile Ala Pro Gly Tyr Asp

440 445 450
cac atc act tct gcc att ggt gca gct cac atc gcc atg ggt ggc acc 1507
His Ile Thr Ser Ala Ile Gly Ala Ala His Ile Ala Met Gly Gly Thr

455 460 465
gcc atg ctg tgt tat gtc acc ccg aaa gaa cac ctt ggc ctg ccc aac 1555
Ala Met Leu Cys Tyr Val Thr Pro Lys Glu His Leu Gly Leu Pro Asn

470 475 480 485
cgt gac gac gtc aaa acc ggc gta atc acc tac aag ctc gct gcc cac 1603
Arg Asp Asp Val Lys Thr Gly Val Ile Thr Tyr Lys Leu Ala Ala His

490 495 500
gca gca gat gtg gcc aag ggt cat ccc ggc gcg cgt gcc tgg gac gac 1651
Ala Ala Asp Val Ala Lys Gly His Pro Gly Ala Arg Ala Trp Asp Asp

505 510 515
gcc atg agt aaa gcg cgt ttt gaa ttc cgt tgg aat gat cag ttt gcg 1699
Ala Met Ser Lys Ala Arg Phe Glu Phe Arg Trp Asn Asp Gln Phe Ala

520 525 530
ctc tcc ctc gac ccc gac act gca atc gct tat cac gac gaa acc ctg 1747
Leu Ser Leu Asp Pro Asp Thr Ala Ile Ala Tyr His Asp Glu Thr Leu

535 540 545
ccg gca gag cct gcg aaa acc gca cac ttc tgt tca atg tgt ggc ccg 1795
Pro Ala Glu Pro Ala Lys Thr Ala His Phe Cys Ser Met Cys Gly Pro

550 555 560 565
aag ttc tgc tcc atg cga att agc cag gac att cgc gat atg ttt ggc 1843
Lys Phe Cys Ser Met Arg Ile Ser Gln Asp Ile Arg Asp Met Phe Gly

570 575 580
gat caa atc gcg gaa ttg ggg atg cct ggg gtt ggg gat tct tct agt 1891
Asp Gln Ile Ala Glu Leu Gly Met Pro Gly Val Gly Asp Ser Ser Ser

585 590 595
gct gtt gct tct agt ggg gca ccg gag ggg atg gct gag aaa tcc cgg 1939
Ala Val Ala Ser Ser Gly Ala Arg Glu Gly Met Ala Glu Lys Ser Arg

600 605 610
gaa ttt att gct ggt ggt gcg gag gtt tat cgg cgt tagacagagc 1985

Glu Phe Ile Ala Gly Gly Ala Glu Val Tyr Arg Arg

615 620 625 1998
gatcccgat agc

<210> 522

<211> 625

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 522

Leu Lys Ala Val Pro Thr Gly Ala Arg Ala Arg Ala Glu Ile Ala Leu
1 5 10 15

Ile Ala Ala Arg Ala Pro Phe Glu Pro Val Arg Leu Ala Pro Ala Lys
20 25 30

Glu Glu Arg Asn Gly Ala Met Thr Pro Thr Gln Asn Glu Ile His Pro
35 40

Lys His Ser Tyr Ser Pro Ile Arg Lys Asp Gly Leu Glu Val Pro Glu
50 55 60

Thr Glu Ile Arg Leu Asp Asp Ser Pro Ser Gly Pro Asn Glu Pro Phe
65 70 75 80

Arg Ile Tyr Arg Thr Arg Gly Pro Glu Thr Asn Pro Lys Gln Gly Leu
85 90 95

Pro Arg Leu Arg Glu Ser Trp Ile Thr Ala Arg Gly Asp Val Ala Thr
100 105 110

Tyr Gln Gly Arg Glu Arg Leu Leu Ile Asp Asp Gly Arg Ser Ala Met
115 120 125

Arg Arg Gly Gln Ala Ser Ala Glu Trp Lys Gly Gln Lys Pro Ala Pro
130 135 140

Leu Lys Ala Leu Pro Gly Lys Arg Val Thr Gln Met Ala Tyr Ala Arg
145 150 155 160

Ala Gly Val Ile Thr Arg Glu Met Glu Phe Val Ala Leu Arg Glu His
165 170 175

Val Asp Ala Glu Phe Val Arg Ser Glu Val Ala Arg Gly Arg Ala Ile
180 185 190

Ile Pro Asn Asn Val Asn His Pro Glu Ser Glu Pro Met Ile Ile Gly
195 200 205

Arg Lys Phe Leu Thr Lys Ile Asn Ala Asn Ile Gly Asn Ser Ala Val
210 215 220

Thr Ser Ser Ile Glu Glu Glu Val Ser Lys Leu Gln Trp Ala Thr Arg
225 230 235 240

Trp Gly Ala Asp Thr Val Met Asp Leu Ser Thr Gly Asp Asp Ile His
245 250 255

Thr Thr Arg Glu Trp Ile Ile Arg Asn Ser Pro Val Pro Ile Gly Thr
260 265 270

Val Pro Ile Tyr Gln Ala Leu Glu Lys Val Asn Gly Val Ala Ala Asp
275 280 285

Leu Asn Trp Glu Val Phe Arg Asp Thr Ile Ile Glu Gln Cys Glu Gln
290 295 300

Gly Val Asp Tyr Met Thr Ile His Ala Gly Val Leu Leu Ala Tyr Ile

305 310 315 320
 Pro Leu Thr Thr Arg Arg Val Thr Gly Ile Val Ser Arg Gly Gly Ser
 325 330 335
 Ile Met Ala Gly Trp Cys Leu Ala His His Arg Glu Ser Phe Leu Tyr
 340 345 350
 Glu His Phe Asp Glu Leu Cys Glu Ile Phe Ala Gln Tyr Asp Val Ala
 355 360 365
 Phe Ser Leu Gly Asp Gly Leu Arg Pro Gly Ser Leu Ala Asp Ala Asn
 370 375 380

 Asp Ala Ala Gln Phe Ala Glu Leu Lys Thr Ile Gly Glu Leu Thr Gln
 385 390 395 400

 Arg Ala Trp Glu Tyr Asp Val Gln Val Met Val Glu Gly Pro Gly His
 405 410 415
 Val Pro Leu Asn Met Ile Gln Glu Asn Asn Glu Leu Glu Gln Lys Trp
 420 425 430
 Ala Ala Asp Ala Pro Phe Tyr Thr Leu Gly Pro Leu Val Thr Asp Ile
 435 440 445
 Ala Pro Gly Tyr Asp His Ile Thr Ser Ala Ile Gly Ala Ala His Ile
 450 455 460

 Ala Met Gly Gly Thr Ala Met Leu Cys Tyr Val Thr Pro Lys Glu His
 465 470 475 480

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

 His Asp Glu Thr Leu Pro Ala Glu Pro Ala Lys Thr Ala His Phe Cys
 545 550 555 560

 Ser Met Cys Gly Pro Lys Phe Cys Ser Met Arg Ile Ser Gln Asp Ile
 565 570 575
 Arg Asp Met Phe Gly Asp Gln Ile Ala Glu Leu Gly Met Pro Gly Val
 580 585 590
 Gly Asp Ser Ser Ser Ala Val Ala Ser Ser Gly Ala Arg Glu Gly Met
 595 600 605
 Ala Glu Lys Ser Arg Glu Phe Ile Ala Gly Gly Ala Glu Val Tyr Arg
 610 615 620

Arg

625

<210> 523

<211> 1013

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(990)

<223> RXA01019

<400> 523

act ttg gcg cac tca ctt tca ttc ccg gat tcg ctt cgc gac ggg cca 48
Thr Leu Ala His Ser Leu Ser Phe Pro Asp Ser Leu Arg Asp Gly Pro

1 5 10 15
acc gtt gga gac ctc ggg gaa ttt gaa gtg att cgg gta atc acg gag 96
Thr Val Gly Asp Leu Gly Glu Phe Glu Val Ile Arg Val Ile Thr Glu

20 25 30
caa gct gga tca tct ctc aac ggc gat gac gca gct gtg ctt cgg cat 144
Gln Ala Gly Ser Ser Leu Asn Gly Asp Asp Ala Ala Val Leu Arg His

35 40 45
gca tca ccc aat tcc agg gct gtt gtc acc acc gac atg ttg gtt gcg 192
Ala Ser Pro Asn Ser Arg Ala Val Val Thr Thr Asp Met Leu Val Ala

50 55 60
ggg agg cat ttc caa ttg gat tgg tcc acc ccg gaa caa ata ggg cag 240
Gly Arg His Phe Gln Leu Asp Trp Ser Thr Pro Glu Gln Ile Gly Gln

65 70 75 80
aag gcg att gtg cag aac ttt gct gat att gag gcg atg ggt gca cgt 288
Lys Ala Ile Val Gln Asn Phe Ala Asp Ile Glu Ala Met Gly Ala Arg

85 90 95
cca gta gcc gca ttg ttg gcg att tcc gcc ccc aca cac acc ccc gtg 336
Pro Val Ala Ala Leu Leu Ala Ile Ser Ala Pro Thr His Thr Pro Val

100 105 110
gag ttt gtc cga ggc tta gcc cgt ggc atg aat caa cgc ttg gag gag 384
Glu Phe Val Arg Gly Leu Ala Arg Gly Met Asn Gln Arg Leu Glu Glu

115 120 125
tac tcc gcg gaa ctt gtt ggc gga gac atc acc agc ggg gac tcc ttg 432
Tyr Ser Ala Glu Leu Val Gly Gly Asp Ile Thr Ser Gly Asp Ser Leu

130 135 140
gtt att get gta act gca att ggt caa ctg ggt gga tcc ttg cca gag 480
Val Ile Ala Val Thr Ala Ile Gly Gln Leu Gly Gly Ser Leu Pro Glu

145 150 155 160
ctg acg ttg gga cgt gcc cga cca gga cag acc ctg gtg gcc cac gga 528
Leu Thr Leu Gly Arg Ala Arg Pro Gly Gln Thr Leu Val Ala His Gly

165 170 175
aag atc ggt tac tcc gca gca ggc ctt gct cta ctg cag cac ttt ggt 576
Lys Ile Gly Tyr Ser Ala Ala Gly Leu Ala Leu Leu Gln His Phe Gly

180 185 190
cca gac aac gtt cca gag cac ctt cgc ccc ttg gtg gat gca cac tgc 624
Pro Asp Asn Val Pro Glu His Leu Arg Pro Leu Val Asp Ala His Cys

195

200

205

gca cca gtt ctc acc cca ggc cga ggc atg gtg gca cgc gct gct gga 672
Ala Pro Val Leu Thr Pro Gly Arg Gly Met Val Ala Arg Ala Ala Gly

210 215 220
gcg acc gcc atg act gat aac tcg gac gga ctg att gtg gat ctt aac 720
Ala Thr Ala Met Thr Asp Asn Ser Asp Gly Leu Ile Val Asp Leu Asn

225 230 235 240
caa atg gcc atg aag tct ggt gtg cgc atc gat gtg gat tcc tgt agc 768
Gln Met Ala Met Lys Ser Gly Val Arg Ile Asp Val Asp Ser Cys Ser

245 250 255
atc agc ccc gat gaa ctc ctt agc gaa gcc gct tcc gta ctc gga aca 816
Ile Ser Pro Asp Glu Leu Leu Ser Glu Ala Ala Ser Val Leu Gly Thr

260 265 270
gac gcc tgg cga tgg atc tta agc ggc ggg gaa gac cac acc ctg ctc 864
Asp Ala Trp Arg Trp Ile Leu Ser Gly Gly Glu Asp His Thr Leu Leu

275 280 285
tct acg acg ttt ggc gat gcc ccc tct gga ttc cgc acc atc ggc caa 912
Ser Thr Thr Phe Gly Asp Ala Pro Ser Gly Phe Arg Thr Ile Gly Gln

290 295 300
gtc acc aaa aca cgc cac gaa gac ctc gtc acc gta gat aag aaa acc 960
Val Thr Lys Thr Arg His Glu Asp Leu Val Thr Val Asp Lys Lys Thr

305 310 315 320
ccc gca ttt tcc gat gga tgg aga agc ttc taatgaccaa caccctatgg 1010
Pro Ala Phe Ser Asp Gly Trp Arg Ser Phe

325 330
aat 1013
<210> 524
<211> 330
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 524
Thr Leu Ala His Ser Leu Ser Phe Pro Asp Ser Leu Arg Asp Gly Pro
1 5 10 15
Thr Val Gly Asp Leu Gly Glu Phe Glu Val Ile Arg Val Ile Thr Glu
20 25 30
Gln Ala Gly Ser Ser Leu Asn Gly Asp Asp Ala Ala Val Leu Arg His
35 40
45
Ala Ser Pro Asn Ser Arg Ala Val Val Thr Thr Asp Met Leu Val Ala
50 55 60
Gly Arg His Phe Gln Leu Asp Trp Ser Thr Pro Glu Gln Ile Gly Gln
65 70 75 80

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

130 135 140

Val Ile Ala Val Thr Ala Ile Gly Gln Leu Gly Gly Ser Leu Pro Glu
145 150 155 160

Leu Thr Leu Gly Arg Ala Arg Pro Gly Gln Thr Leu Val Ala His Gly
165 170 175

Lys Ile Gly Tyr Ser Ala Ala Gly Leu Ala Leu Leu Gln His Phe Gly
180 185 190

Pro Asp Asn Val Pro Glu His Leu Arg Pro Leu Val Asp Ala His Cys
195 200 205

Ala Pro Val Leu Thr Pro Gly Arg Gly Met Val Ala Arg Ala Ala Gly
210 215 220

Ala Thr Ala Met Thr Asp Asn Ser Asp Gly Leu Ile Val Asp Leu Asn
225 230 235 240

Gln Met Ala Met Lys Ser Gly Val Arg Ile Asp Val Asp Ser Cys Ser
245 250 255

Ile Ser Pro Asp Glu Leu Leu Ser Glu Ala Ala Ser Val Leu Gly Thr
260 265 270

Asp Ala Trp Arg Trp Ile Leu Ser Gly Gly Glu Asp His Thr Leu Leu
275 280 285

Ser Thr Thr Phe Gly Asp Ala Pro Ser Gly Phe Arg Thr Ile Gly Gln
290 295 300

Val Thr Lys Thr Arg His Glu Asp Leu Val Thr Val Asp Lys Lys Thr
305 310 315 320

Pro Ala Phe Ser Asp Gly Trp Arg Ser Phe
325 330

<210> 525
<211> 706
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(706)
<223> RXA01352
<400> 525

gtgcccaatg cattgggctg agattgcgcg ctgttgctgc gcgggaccgt tcgaacctgt 60
ctggtaaca ccagcgaagg aagcgaggat tgattgtccc gtg ttt gaa aat cgt 115
Val Phe Glu Asn Arg

1 5

ttt gac ctg cgt tgt tat gtt gtg act ggt gcg ggc tcg gtg gat gag 163
Phe Asp Leu Arg Cys Tyr Val Val Thr Gly Ala Gly Ser Val Asp Glu

10 15 20

gtt gtg cac act gcg tct gct gcg gct cgt ggt ggc gcg ggt gtg gtg 211
Val Val His Thr Ala Ser Ala Ala Ala Arg Gly Gly Ala Gly Val Val

25 30 35

cag gtg cgt tca aag cct att tcg cca gaa gcg atg agg gag ttg gca 259

Gln Val Arg Ser Lys Pro Ile Ser Pro Glu Ala Met Arg Glu Leu Ala

40 45 50
tca aag gtt gcg ctt gag gtt gcg cgg tgc agc cca aca acg agg gtg 307
Ser Lys Val Ala Leu Glu Val Ala Arg Cys Ser Pro Thr Thr Arg Val

55 60 65
ctt atc gac gac cac ctc cac gtt gct tct tcc tta atg cgc gaa gga 355
Leu Ile Asp Asp His Leu His Val Ala Ser Ser Leu Met Arg Glu Gly

70 75 80 85
ctc ccg att cac ggt gtg cat ctt ggg cag gat gat atg tgc gtg ctt 403
Leu Pro Ile His Gly Val His Leu Gly Gln Asp Asp Met Ser Val Leu

90 95 100
gag gct cgt gag ttg ttg ggg cct gag gcg atc att ggg ttg act act 451
Glu Ala Arg Glu Leu Leu Gly Pro Glu Ala Ile Ile Gly Leu Thr Thr

105 110 115
gga acc cta gaa ctt gtg gcg gcg gcg aat gag ctg tcc gat gtg ttg 499
Gly Thr Leu Glu Leu Val Ala Ala Ala Asn Glu Leu Ser Asp Val Leu

120 125 130
gat tac atc ggt gct ggg ccg ttt cgg aag act ccc acc aag gat tca 547
Asp Tyr Ile Gly Ala Gly Pro Phe Arg Lys Thr Pro Thr Lys Asp Ser

135 140 145
ggt cgg cca ccg att ggc ctt gcg ggt tat ccc cct ttg gtg gaa ttg 595
Gly Arg Pro Pro Ile Gly Leu Ala Gly Tyr Pro Pro Leu Val Glu Leu

150 155 160 165
tcc aag gtg ccg atc gtt gcg att ggt gat gtc acc cct gcc gat gtg 643
Ser Lys Val Pro Ile Val Ala Ile Gly Asp Val Thr Pro Ala Asp Val

170 175 180
cgc gct ctc agc gca acc ggt gtg gct ggc gtt gcc atg gtg cgg gct 691
Arg Ala Leu Ser Ala Thr Gly Val Ala Gly Val Ala Met Val Arg Ala

185 190 195
ttt tct gaa tct gat 706
Phe Ser Glu Ser Asp

200
<210> 526
<211> 202
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 526
Val Phe Glu Asn Arg Phe Asp Leu Arg Cys Tyr Val Val Thr Gly Ala
1 5 10 15
Gly Ser Val Asp Glu Val Val His Thr Ala Ser Ala Ala Ala Arg Gly
20 25 30
Gly Ala Gly Val Val Gln Val Arg Ser Lys Pro Ile Ser Pro Glu Ala
35 40 45
Met Arg
Glu Leu Ala Ser Lys Val Ala Leu Glu Val Ala Arg Cys Ser

50 55 60
 Pro Thr Thr Arg Val Leu Ile Asp Asp His Leu His Val Ala Ser Ser
 65 70 75 80

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

 Pro Thr Lys Asp Ser Gly Arg Pro Pro Ile Gly Leu Ala Gly Tyr Pro
 145 150 155 160

 Pro Leu Val Glu Leu Ser Lys Val Pro Ile Val Ala Ile Gly Asp Val
 165 170 175
 Thr Pro Ala Asp Val Arg Ala Leu Ser Ala Thr Gly Val Ala Gly Val
 180 185 190
 Ala Met Val Arg Ala Phe Ser Glu Ser Asp

 195 200
 <210> 527
 <211> 944
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (1)..(921)
 <223> RXA01381
 <400> 527
 tcc gca ggc gtt gga acc atc acg gtc atc gat gac gac acc gtc gac 48
 Ser Ala Gly Val Gly Thr Ile Thr Val Ile Asp Asp Asp Thr Val Asp

 1 5 10 15
 att tcc aac att cac cgc caa atc ctc ttc ggc gca agc gat gtc ggt 96
 Ile Ser Asn Ile His Arg Gln Ile Leu Phe Gly Ala Ser Asp Val Gly

 20 25 30
 cga ccc aag gtc gag gtt gcc gcc gag cgc ctc aaa gaa ctc caa cca 144
 Arg Pro Lys Val Glu Val Ala Ala Glu Arg Leu Lys Glu Leu Gln Pro

 35 40 45
 gac atc acc gtc aac gcg ttg cac gaa cgg atc act cca gaa aac gcc 192
 Asp Ile Thr Val Asn Ala Leu His Glu Arg Ile Thr Pro Glu Asn Ala

 50 55 60
 tgc gag ctg ctc aat tcc gtg gac ctc gtc tta gac ggc tcc gat tct 240
 Cys Glu Leu Leu Asn Ser Val Asp Leu Val Leu Asp Gly Ser Asp Ser

 65 70 75 80
 ttc tcc aca aaa tac tta gtg tct gat gcc gcc gaa atc acc gga act 288
 Phe Ser Thr Lys Tyr Leu Val Ser Asp Ala Ala Glu Ile Thr Gly Thr

85	90	95	
ccc ctc atc tgg gca acg gta ctg cgc ttt cac ggc gaa ctg gca ctc			336
Pro Leu Ile Trp Ala Thr Val Leu Arg Phe His Gly Glu Leu Ala Leu			
100	105	110	
ttc aac tct ggc ccc gac cac cgc gga gtc ggc ctg cgc gac gtc ttc			384
Phe Asn Ser Gly Pro Asp His Arg Gly Val Gly Leu Arg Asp Val Phe			
115	120	125	
ccc gaa caa ccc tcc gcc gat ttc gtc cct gac tgc gcc acc gct ggt			432
Pro Glu Gln Pro Ser Ala Asp Phe Val Pro Asp Cys Ala Thr Ala Gly			
130	135	140	
gtt ctt ggc gcc acc aca gcc acc atc ggc gca ctc atg gcc act cac			480
Val Leu Gly Ala Thr Thr Ala Thr Ile Gly Ala Leu Met Ala Thr His			
145	150	155	160
gcc atc gga ttt ctc aca gaa atc ggc gac gtc caa cca ggc aca atc			528
Ala Ile Gly Phe Leu Thr Glu Ile Gly Asp Val Gln Pro Gly Thr Ile			
165	170	175	
ctc tcc tac gac gca ttc ccc gcc gcc acg cgc agc ttc cgc gtc tcc			576
Leu Ser Tyr Asp Ala Phe Pro Ala Ala Thr Arg Ser Phe Arg Val Ser			
180	185	190	
gcc gac ccg gcg cgc cca ctg gtc acc cgc ctc cgc gcc tcc tac gag			624
Ala Asp Pro Ala Arg Pro Leu Val Thr Arg Leu Arg Ala Ser Tyr Glu			
195	200	205	
gca gcg cgc acc gat aca act tcg ctt atc gac gcc acc ctc aac ggc			672
Ala Ala Arg Thr Asp Thr Thr Ser Leu Ile Asp Ala Thr Leu Asn Gly			
210	215	220	
tcc ctc acc gcc ctc gat atc cga gag cca cat gaa gtt ctg ctc aaa			720
Ser Leu Thr Ala Leu Asp Ile Arg Glu Pro His Glu Val Leu Leu Lys			
225	230	235	240
gac ctc ccc gag ggc gca acg tca ctg aag ctc ccc tta agc cag atc			768
Asp Leu Pro Glu Gly Ala Thr Ser Leu Lys Leu Pro Leu Ser Gln Ile			
245	250	255	
acc tcg gac agc gac att tta gag gca ctg tct gga atc gac ggc gac			816
Thr Ser Asp Ser Asp Ile Leu Glu Ala Leu Ser Gly Ile Asp Gly Asp			
260	265	270	
att ttg gtc tac tgc gct tcg gga atc cgc agt tcc gac ttc atc gac			864
Ile Leu Val Tyr Cys Ala Ser Gly Ile Arg Ser Ser Asp Phe Ile Asp			
275	280	285	
aac tac tcc cac ctc ggc cac aaa ttt gtg aat ctt ccc ggt ggg gtc			912
Asn Tyr Ser His Leu Gly His Lys Phe Val Asn Leu Pro Gly Gly Val			
290	295	300	
aac gcg ctg tagctgtcaa ttttaagagc cag			944

Asn Ala Leu

305

<210> 528

<211> 307

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 528

```

Ser Ala Gly Val Gly Thr Ile Thr Val Ile Asp Asp Asp Thr Val Asp
 1           5           10           15
Ile Ser Asn Ile His Arg Gln Ile Leu Phe Gly Ala Ser Asp Val Gly
      20           25           30
Arg Pro Lys Val Glu Val Ala Ala Glu Arg Leu Lys Glu Leu Gln Pro
      35           40           45
Asp Ile Thr Val
Asn Ala Leu His Glu Arg Ile Thr Pro Glu Asn Ala
      50           55           60
Cys Glu Leu Leu Asn Ser Val Asp Leu Val Leu Asp Gly Ser Asp Ser
 65           70           75           80

```

```

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

```

```

Val Leu Gly Ala Thr Thr Ala Thr Ile Gly Ala Leu Met Ala Thr His
145           150           155           160

```

```

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

```

```

Ser Leu Thr Ala Leu Asp Ile Arg Glu Pro His Glu Val Leu Leu Lys
225           230           235           240

```

```

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

```

Asn Ala Leu

305

<210> 529

<211> 259
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(259)
 <223> RXA01360
 <400> 529

gtggcaatca acgccgcggt cgtaccacaga tcccagtggt cacgcgccat ttgtgacaac 60
 gattccgtag aagtcttcac cgcaattcag ggaggttaaa atg ctg cat att gct 115
 Met Leu His Ile Ala

1 5
 gat aaa act ttc gat tcc cac ctc atc atg ggc acc ggc gga gcc acc 163
 Asp Lys Thr Phe Asp Ser His Leu Ile Met Gly Thr Gly Gly Ala Thr

10 15 20
 tct cag gcg ttg ctg gag gaa tcc ctt gtc gcc agt gga act caa ttg 211
 Ser Gln Ala Leu Leu Glu Glu Ser Leu Val Ala Ser Gly Thr Gln Leu

25 30 35
 acc acc gtg gcg atg cgt cga cac caa gca acc acc tct agc gga gaa 259
 Thr Thr Val Ala Met Arg Arg His Gln Ala Thr Thr Ser Ser Gly Glu

40 45 50

<210> 530

<211> 53

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 530

Met Leu His Ile Ala Asp Lys Thr Phe Asp Ser His Leu Ile Met Gly

1 5 10 15

Thr Gly Gly Ala Thr Ser Gln Ala Leu Leu Glu Glu Ser Leu Val Ala

20 25 30

Ser Gly Thr Gln Leu Thr Thr Val Ala Met Arg Arg His Gln Ala Thr

35 40

45

Thr Ser Ser Gly Glu

50

<210> 531

<211> 629

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (1)..(606)
 <223> RXA01361
 <400> 531

gcc gac gct gtg atc tct att gat ggc cac gat ccg tgt ttg acc gtg 48
 Ala Asp Ala Val Ile Ser Ile Asp Gly His Asp Pro Cys Leu Thr Val

1 5 10 15
 acg atg aat tcg ggg gtg agg gtt gcg tcg aaa agc gtt gtt gtt ttg 96

Thr Met Asn Ser Gly Val Arg Val Ala Ser Lys Ser Val Val Val Leu

20 25 30
gcg gcg ggc ctg ggc gcc gca agc att ccc ggc tgg ttt gag ggc gcg 144
Ala Ala Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ile Pro Gly Trp Phe Glu Gly Ala

35 40 45
aac cca ttg cag ttg agg ccg gtg tac ggc gat att gtg cgc gtg cgc 192
Asn Pro Leu Gln Leu Arg Pro Val Tyr Gly Asp Ile Val Arg Val Arg

50 55 60
gtg ccg gag cga ctg cag ccg atg gtc acc aag gtg gtg cgc ggg ttt 240
Val Pro Glu Arg Leu Gln Pro Met Val Thr Lys Val Val Arg Gly Phe

65 70 75 80
gtg gaa gat cgt cag att tat atc att ccg cgt acc gat ggc acc ctc 288
Val Glu Asp Arg Gln Ile Tyr Ile Ile Pro Arg Thr Asp Gly Thr Leu

85 90 95
gcg atc ggc gcg aca agc cgt gag gat cac ccg caa cct cga acg ggc 336
Ala Ile Gly Ala Thr Ser Arg Glu Asp His Pro Gln Pro Arg Thr Gly

100 105 110
gca gtg cat gat ttg cta cgc gat gct atc cgt ttg att ccg ggc att 384
Ala Val His Asp Leu Leu Arg Asp Ala Ile Arg Leu Ile Pro Gly Ile

115 120 125
gaa gaa acc gaa ttt atc gaa gtc acc tgc ggc gcc cgc ccc ggc acc 432
Glu Glu Thr Glu Phe Ile Glu Val Thr Cys Gly Ala Arg Pro Gly Thr

130 135 140
ccg gat gac ctg ccg tac ctg gga tgg gtt gga tcc aat gtg att gcg 480
Pro Asp Asp Leu Pro Tyr Leu Gly Trp Val Gly Ser Asn Val Ile Ala

145 150 155 160
tcc aca gga tat ttc cgc cat gga att ttg ctg tca gcc ctt ggt gca 528
Ser Thr Gly Tyr Phe Arg His Gly Ile Leu Leu Ser Ala Leu Gly Ala

165 170 175
cgc get gcc gtt gat atg gca acc aac cag cca ctg ttc ccc act ctt 576
Arg Ala Ala Val Asp Met Ala Thr Asn Gln Pro Leu Phe Pro Thr Leu

180 185 190
gat gtg tgc gat ccg ttt cgc cac caa att taaggatttt tcacaagtga 626
Asp Val Cys Asp Pro Phe Arg His Gln Ile

195 200
tta 629
<210> 532
<211> 202
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 532
Ala Asp Ala Val Ile Ser Ile Asp Gly His Asp Pro Cys Leu Thr Val
1 5 10 15
Thr Met Asn Ser Gly Val Arg Val Ala Ser Lys Ser Val Val Val Leu

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

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

 Pro Asp Asp Leu Pro Tyr Leu Gly Trp Val Gly Ser Asn Val Ile Ala
 145 150 155 160

 Ser Thr Gly Tyr Phe Arg His Gly Ile Leu Leu Ser Ala Leu Gly Ala
 165 170 175
 Arg Ala Ala Val Asp Met Ala Thr Asn Gln Pro Leu Phe Pro Thr Leu
 180 185 190
 Asp Val Cys Asp Pro Phe Arg His Gln Ile

 195 200
 <210> 533
 <211> 927
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(904)
 <223> RXA01208
 <400> 533
 tactaggcac ggggtgccaa ccggatggaa aaattccgga ggctgagaaa acaccgttg 60
 aacctgctct agctcgctact agcgaaggga tggccttaac gtg gct aac tcg ttt 115
 Val Ala Asn Ser Phe

 1 5
 ttg gat tct tta act ctt gtt cga caa aac act ccc ctt gtt cag tgt 163
 Leu Asp Ser Leu Thr Leu Val Arg Gln Asn Thr Pro Leu Val Gln Cys

 10 15 20
 ttg acc aac tct gtg gtc atg caa ttc acg gcc aat gtg ttg ctt gcc 211
 Leu Thr Asn Ser Val Val Met Gln Phe Thr Ala Asn Val Leu Leu Ala

 25 30 35
 gcg ggt gcg acc cct gcg atg gtg gat act cca gct gaa tcg gca gaa 259
 Ala Gly Ala Thr Pro Ala Met Val Asp Thr Pro Ala Glu Ser Ala Glu

 40 45 50
 ttc gcc gct gtg gcc aat gga gtg ctc atc aat gcg gga act cct tct 307

Phe Ala Ala Val Ala Asn Gly Val Leu Ile Asn Ala Gly Thr Pro Ser

55 60 65 355
gcg gag caa tac caa ggc atg acc aag gcc att gag ggt gca cga aaa
Ala Glu Gln Tyr Gln Gly Met Thr Lys Ala Ile Glu Gly Ala Arg Lys

70 75 80 85 403
gct ggc aca cca tgg gtg tta gac cca gtt gct gtg ggt ggg ttg tcg
Ala Gly Thr Pro Trp Val Leu Asp Pro Val Ala Val Gly Gly Leu Ser

90 95 100 451
gag agg acc aag tat gcg gag gga atc gtc gat aag cag cct gcc gca
Glu Arg Thr Lys Tyr Ala Glu Gly Ile Val Asp Lys Gln Pro Ala Ala

105 110 115 499
att cgt gga aac gcc tca gag gtc gtg gcg ctt gcg ggg ctc ggt gcc
Ile Arg Gly Asn Ala Ser Glu Val Val Ala Leu Ala Gly Leu Gly Ala

120 125 130 547
ggt ggg cgc ggc gta gac gcg acc gat tcc gtg gaa gtg gcg ttg gag
Gly Gly Arg Gly Val Asp Ala Thr Asp Ser Val Glu Val Ala Leu Glu

135 140 145 595
gcg gcg caa ttg ttg gcc aag cgc act ggt ggc gtc gtg gct gtc tct
Ala Ala Gln Leu Leu Ala Lys Arg Thr Gly Gly Val Val Ala Val Ser

150 155 160 165 643
ggt gcg gag gac ttg att gtg tct gcg gat cgg gtg acg tgg ttg cgt
Gly Ala Glu Asp Leu Ile Val Ser Ala Asp Arg Val Thr Trp Leu Arg

170 175 180 691
tcg ggg gat ccg atg ttg cag ctg gtg att ggc act gga tgc tct ttg
Ser Gly Asp Pro Met Leu Gln Leu Val Ile Gly Thr Gly Cys Ser Leu

185 190 195 739
ggc gcg ctg aca gct gca tat cta ggc gcc acg gtt gac tca gat att
Gly Ala Leu Thr Ala Ala Tyr Leu Gly Ala Thr Val Asp Ser Asp Ile

200 205 210 787
tcc gcg cac gat gct gtg ttg gct gcg cat gcc cat gtg ggt gct gct
Ser Ala His Asp Ala Val Leu Ala Ala His Ala His Val Gly Ala Ala

215 220 225 835
ggc cag att gca gca cag aag gca tcg gcg cca ggc agc ttt gcg gtg
Gly Gln Ile Ala Ala Gln Lys Ala Ser Ala Pro Gly Ser Phe Ala Val

230 235 240 245 883
gcg ttt att gat gcg ctt tat gac gtg gat gcc cag gct gtg gcc tcg
Ala Phe Ile Asp Ala Leu Tyr Asp Val Asp Ala Gln Ala Val Ala Ser

250 255 260 927
ttg gtt gat gtg cga gag gcc tgaaaagtac gtgactgatt ttt
Leu Val Asp Val Arg Glu Ala

265
<210> 534

<211> 268

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 534

```
Val Ala Asn Ser Phe Leu Asp Ser Leu Thr Leu Val Arg Gln Asn Thr
  1           5           10           15
Pro Leu Val Gln Cys Leu Thr Asn Ser Val Val Met Gln Phe Thr Ala
          20           25           30
Asn Val Leu Leu Ala Ala Gly Ala Thr Pro Ala Met Val Asp Thr Pro
      35           40           45
```

```
Ala Glu Ser Ala Glu Phe Ala Ala Val Ala Asn Gly Val Leu Ile Asn
  50           55           60
Ala Gly Thr Pro Ser Ala Glu Gln Tyr Gln Gly Met Thr Lys Ala Ile
  65           70           75           80
```

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

```
Glu Val Ala Leu Glu Ala Ala Gln Leu Leu Ala Lys Arg Thr Gly Gly
  145           150           155           160
```

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

```
His Val Gly Ala Ala Gly Gln Ile Ala Ala Gln Lys Ala Ser Ala Pro
  225           230           235           240
```

```
Gly Ser Phe Ala Val Ala Phe Ile Asp Ala Leu Tyr Asp Val Asp Ala
          245           250           255
Gln Ala Val Ala Ser Leu Val Asp Val Arg Glu Ala
```

260 265

<210> 535

<211> 1023

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1000)

<223> RXA00838

<400> 535

```
tcgtctaata gtgctgccaa tccaccggcc attgatgact cctttgtaga gaaggggtag 60
tgcttacaaa tcttatctgt gctcaggcaa gatagcaggt atg aaa att gcg atc 115
```


Met Lys Ile Ala Ile

	1	5	
gtt ggc gct ggt gca gtt ggt gga tat ttc gga gcg ttg tta caa gaa	163		
Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Gln Glu			
	10	15	20
tct ggt gca gat atc acg atg gtt gca cgt gga cga aca tta gaa gcc	211		
Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly Arg Thr Leu Glu Ala			
	25	30	35
ttg aag tct aaa gga ctc cac atc aac gat gca aga ggc gaa cgc tac	259		
Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala Arg Gly Glu Arg Tyr			
	40	45	50
gta cca att cct gca gtt gcg agc gtg caa gaa cta aaa gat gca gat	307		
Val Pro Ile Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu Leu Lys Asp Ala Asp			
	55	60	65
gta gtg atg att gct act aaa gca tta tcg cgg tct tta gat ctc gct	355		
Val Val Met Ile Ala Thr Lys Ala Leu Ser Arg Ser Leu Asp Leu Ala			
	70	75	80
gaa ctt ttg ggt ggg ata cct gcg aat tcg gtg gtc gcg att act cag	403		
Glu Leu Leu Gly Gly Ile Pro Ala Asn Ser Val Val Ala Ile Thr Gln			
	90	95	100
aat tcg att gaa tct gct gat cta gca gcg aag agt atc ggt gct gat	451		
Asn Ser Ile Glu Ser Ala Asp Leu Ala Ala Lys Ser Ile Gly Ala Asp			
	105	110	115
cgt gtg tgg cct ggt gtg gtt cgt ggg ttc ttt gtt cat gag ggg cca	499		
Arg Val Trp Pro Gly Val Val Arg Gly Phe Phe Val His Glu Gly Pro			
	120	125	130
gcc tca gtg tca tac aag gga ggc cca ctg tcc tac acg ttt ggt gat	547		
Ala Ser Val Ser Tyr Lys Gly Gly Pro Leu Ser Tyr Thr Phe Gly Asp			
	135	140	145
tct ggt gaa ctt tct agg caa ttc gca agc act ctt gaa cag gcc ggt	595		
Ser Gly Glu Leu Ser Arg Gln Phe Ala Ser Thr Leu Glu Gln Ala Gly			
	150	155	160
att gac gga gtt ctg cat ccc gat att ttg gtg gat gtg tgg gag aaa	643		
Ile Asp Gly Val Leu His Pro Asp Ile Leu Val Asp Val Trp Glu Lys			
	170	175	180
gcc atg ttc gta gag gtt ttc ggc ggg ttg ggg gct ttc gtc gaa aag	691		
Ala Met Phe Val Glu Val Phe Gly Gly Leu Gly Ala Phe Val Glu Lys			
	185	190	195
caa tta ggt acc ttg cgt acg cat ttt agg gct tcc ctg gaa gcc ttg	739		
Gln Leu Gly Thr Leu Arg Thr His Phe Arg Ala Ser Leu Glu Ala Leu			
	200	205	210
atg gaa gag gtg gct gag gtg gct cgc gcg gca ggt gtt gcg ttg ccg	787		

Met Glu Glu Val Ala Glu Val Ala Arg Ala Ala Gly Val Ala Leu Pro

215 220 225
agc gat gcg gtg gag cgc acc atg aat ttt gcg gat cgg atg cct gag 835
Ser Asp Ala Val Glu Arg Thr Met Asn Phe Ala Asp Arg Met Pro Glu

230 235 240 245
aat tcg acg agt tcg atg cag cgt gat ttg gcc gcg gga gtg gct agt 883
Asn Ser Thr Ser Ser Met Gln Arg Asp Leu Ala Ala Gly Val Ala Ser

250 255 260
gag ctt gag gct cag aca ggt gca att gtg cgg gca gcg cac aaa gtg 931
Glu Leu Glu Ala Gln Thr Gly Ala Ile Val Arg Ala Ala His Lys Val

265 270 275
ggt gtg aaa act ccg ctt cat gac ctt att tat gct ggt ctt aag ctg 979
Gly Val Lys Thr Pro Leu His Asp Leu Ile Tyr Ala Gly Leu Lys Leu

280 285 290
aaa gaa gag gaa aat tca ctt tagggataga atcaagatcc atg 1023
Lys Glu Glu Glu Asn Ser Leu

295 300
<210> 536
<211> 300
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 536

Met Lys Ile Ala Ile Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly
1 5 10 15
Ala Leu Leu Gln Glu Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly
20 25 30
Arg Thr Leu Glu Ala Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala
35 40 45
Arg Gly Glu Arg Tyr Val Pro Ile
Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu
50 55 60
Leu Lys Asp Ala Asp Val Val Met Ile Ala Thr Lys Ala Leu Ser Arg
65 70 75 80

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

Tyr Thr Phe Gly Asp Ser Gly Glu Leu Ser Arg Gln Phe Ala Ser Thr
145 150 155 160

Leu Glu Gln Ala Gly Ile Asp Gly Val Leu His Pro Asp Ile Leu Val
165 170 175
Asp Val Trp Glu Lys Ala Met Phe Val Glu Val Phe Gly Gly Leu Gly
180 185 190

Ala Phe Val Glu Lys Gln Leu Gly Thr Leu Arg Thr His Phe Arg Ala
195 200 205
Ser Leu Glu Ala Leu Met Glu Glu Val Ala Glu Val Ala Arg Ala Ala
210 215 220

Gly Val Ala Leu Pro Ser Asp Ala Val Glu Arg Thr Met Asn Phe Ala
225 230 235 240

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

290 295 300
<210> 537
<211> 693
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(670)
<223> RXA02400
<400> 537
aggtgcccc aacgttgcc tttgactgca aattttccga aagaatccat aaactacttc 60
tttaagtcgc cagattaaag tcgtcaatga aaggacatac atg tct att tcc cgc 115
Met Ser Ile Ser Arg

1 5
acc gtc ttc ggc atc gca gcc acc gca gcc ctg tct gca gct ctc gtt 163
Thr Val Phe Gly Ile Ala Ala Thr Ala Ala Leu Ser Ala Ala Leu Val

10 15 20
gcg tgt tct cca cct cac cag cag gat tcc cca gtc cag cgc acc aat 211
Ala Cys Ser Pro Pro His Gln Gln Asp Ser Pro Val Gln Arg Thr Asn

25 30 35
gag atc ttg act act tct cag aac cca act tct gcg agc agc acc tca 259
Glu Ile Leu Thr Thr Ser Gln Asn Pro Thr Ser Ala Ser Ser Thr Ser

40 45 50
acc tct tcc gca acg act act tcc tca gct cct gtg gaa gag gac gta 307
Thr Ser Ser Ala Thr Thr Thr Ser Ser Ala Pro Val Glu Glu Asp Val

55 60 65
gag atc gtt gtt tca cca gca gcg ttg gtg gac ggt gag cag gtt acc 355
Glu Ile Val Val Ser Pro Ala Ala Leu Val Asp Gly Glu Gln Val Thr

70 75 80 85
ttc gaa atc tct gga ctt gat cca gag ggc ggc tac tac gca gcg atc 403
Phe Glu Ile Ser Gly Leu Asp Pro Glu Gly Gly Tyr Tyr Ala Ala Ile

90 95 100

tgc gat tcc gta gcg aac cct ggt aac cca gtt cct tct tgc acc ggc 451
Cys Asp Ser Val Ala Asn Pro Gly Asn Pro Val Pro Ser Cys Thr Gly

105 110 115
gaa atg gct gat ttc acg tcc cag gca tgg ttg agc aac tcc cag ccc 499
Glu Met Ala Asp Phe Thr Ser Gln Ala Trp Leu Ser Asn Ser Gln Pro

120 125 130
ggc gcg act gta gag atc gca gaa gac ggc acc gca act gtg gag ctt 547
Gly Ala Thr Val Glu Ile Ala Glu Asp Gly Thr Ala Thr Val Glu Leu

135 140 145
gaa gct acc gca acc ggc act ggc ttg gac tgc acc act cag gct tgt 595
Glu Ala Thr Ala Thr Gly Thr Gly Leu Asp Cys Thr Thr Gln Ala Cys

150 155 160 165
gta gcg aag gtc ttc ggc gat cat acc gaa ggt ttc cgc gat gtt gct 643
Val Ala Lys Val Phe Gly Asp His Thr Glu Gly Phe Arg Asp Val Ala

170 175 180
gaa gtc cca gtt act ttc gca gcc gct taagttttct taaaacgcac 690
Glu Val Pro Val Thr Phe Ala Ala Ala

185 190
tca 693
<210> 538
<211> 190
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 538
Met Ser Ile Ser Arg Thr Val Phe Gly Ile Ala Ala Thr Ala Ala Leu
1 5 10 15
Ser Ala Ala Leu Val Ala Cys Ser Pro Pro His Gln Gln Asp Ser Pro
20 25 30
Val Gln Arg Thr Asn Glu Ile Leu Thr Thr Ser Gln Asn Pro Thr Ser
35 40
45
Ala Ser Ser Thr Ser Thr Ser Ser Ala Thr Thr Thr Ser Ser Ala Pro
50 55 60
Val Glu Glu Asp Val Glu Ile Val Val Ser Pro Ala Ala Leu Val Asp
65 70 75 80
Gly Glu Gln Val Thr Phe Glu Ile Ser Gly Leu Asp Pro Glu Gly Gly
85 90 95
Tyr Tyr Ala Ala Ile Cys Asp Ser Val Ala Asn Pro Gly Asn Pro Val
100 105 110
Pro Ser Cys Thr Gly Glu Met Ala Asp Phe Thr Ser Gln Ala Trp Leu
115 120 125
Ser Asn Ser Gln Pro Gly Ala Thr Val Glu Ile Ala Glu Asp Gly Thr
130 135 140
Ala Thr Val Glu Leu Glu Ala Thr Ala Thr Gly Thr Gly Leu Asp Cys
145 150 155 160
Thr Thr Gln Ala Cys Val Ala Lys Val Phe Gly Asp His Thr Glu Gly
165 170 175

Phe Arg Asp Val Ala Glu Val Pro Val Thr Phe Ala Ala Ala

```

180              185              190
<210> 539
<211> 1528
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1528)
<223> RXN01209
<400> 539
cagattgcag cacagaaggc atcggcgcca ggcagctttg cgggtggcgtt tattgatgcg 60
ctttatgacg tggatgcccc ggctgtggcc tcgttggttg atg tgc gag agg cct 115
Met Cys Glu Arg Pro

1              5
gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt 163
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val

10              15              20
ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att 211
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile

25              30              35
tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg 259
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val

40              45              50
gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctc tgc gat gct 307
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala

55              60              65
cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag 355
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu

70              75              80              85
ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa 403
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln

90              95              100
gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa 451
Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu

105              110              115
aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt 499
Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly

120              125              130
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg 547
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala

135              140              145
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag 595

```

Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu

150 155 160 165
 atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga 643
 Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly

170 175 180
 ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac 691
 Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp

185 190 195
 ggt ctg tgc gtg gtc tct gaa atc atg acc gcc gcc aat cca gca gct 739
 Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala Ala Asn Pro Ala Ala

200 205 210
 gcg gca act cgc ctg cgg act gct ttt caa cct act ttc tcg cct gaa 787
 Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro Thr Phe Ser Pro Glu

215 220 225
 act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat 835
 Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn

230 235 240 245
 tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca 883
 Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr

250 255 260
 ggt ggt gca ggt att cag gct gat ctg aag tcc att gca gca ggt ggc 931
 Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser Ile Ala Ala Gly Gly

265 270 275
 ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac 979
 Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His

280 285 290
 ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag 1027
 Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln

295 300 305
 ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc 1075
 Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly

310 315 320 325
 atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt 1123
 Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly

330 335 340
 tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc 1171
 Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr

345 350 355
 agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc 1219
 Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg

360 365 370
 ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc 1267

Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala

375 380 385
gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct 1315
Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala

390 395 400 405
cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag 1363
Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys

410 415 420
ggt gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc 1411
Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro

425 430 435
gac ggc tcg gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac 1459
Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn

440 445 450
tcc cat ggc aca ggc tgt tcg ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc 1507
Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile

455 460 465
gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa 1528
Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

470 475
<210> 540
<211> 476
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 540
Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
1 5 10 15
Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile
20 25 30
Val Asp Ser Ala Ile Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp
35 40 45
Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys
50 55 60
Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu
65 70 75 80
Asp Ile Ala Val Glu Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp
85 90 95
Thr Pro Tyr Thr Gln Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu
100 105 110
Gly Leu Ser Ile Glu Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln
115 120 125
Cys Ala Glu Thr Gly Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro
130 135 140
Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val
145 150 155 160

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

Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln
225 230 235 240

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

Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val
325 330 335
Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro
340 345 350
Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu
355 360 365
Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn
370 375 380

Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met
385 390 395 400

Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr
405 410 415
Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn
420 425 430
Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
435 440 445
Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
450 455 460

Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

465 470 475

<210> 541

<211> 1528

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1528)

<223> FRXA01209

<400> 541

cagattgcag cacagaaggc atcgcgccca ggcagctttg cggtagcggtt tattgatgcg 60
ctttatgacg tggatgcccc ggctgtggcc tcgttggttg atg tgc gag agg cct 115
Met Cys Glu Arg Pro

1 5
gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt 163
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val

10 15 20
ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att 211
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile

25 30 35
tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg 259
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val

40 45 50
gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctc tgc gat gct 307
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala

55 60 65
cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag 355
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu

70 75 80 85
ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa 403
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln

90 95 100
gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa 451
Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu

105 110 115
aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt 499
Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly

120 125 130
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg 547
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala

135 140 145
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag 595
Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu

150 155 160 165
atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga 643
Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly

170 175 180
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac 691
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp

185 190 195
ggt ctg tgc gtg gtc tct gaa atc atg acc gcc gcc aat cca gca gct 739

Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala Ala Asn Pro Ala Ala

200 205 210
gcg gca act cgc ctg cgg act gct ttt caa cct act ttc tcg cct gaa 787
Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro Thr Phe Ser Pro Glu

215 220 225
act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat 835
Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn

230 235 240 245
tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca 883
Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr

250 255 260
ggg ggt gca ggt att cag gct gat ctg aag tcc att gca gca ggt ggc 931
Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser Ile Ala Ala Gly Gly

265 270 275
ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac 979
Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His

280 285 290
ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag 1027
Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln

295 300 305
ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc 1075
Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly

310 315 320 325
atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt 1123
Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly

330 335 340
tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc 1171
Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr

345 350 355
agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc 1219
Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg

360 365 370
ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc 1267
Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala

375 380 385
gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct 1315
Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala

390 395 400 405
cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag 1363
Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys

410 415 420
ggg gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc 1411

Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro

425 430 435
gac ggc tgc gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac 1459
Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn

440 445 450
tcc cat ggc aca ggc tgt tgc ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc 1507
Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile

455 460 465
gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa 1528
Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

470 475
<210> 542
<211> 476
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 542
Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
1 5 10 15
Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile
20 25 30
Val Asp Ser Ala Ile Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp
35 40 45

Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys
50 55 60
Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu
65 70 75 80

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

Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val
145 150 155 160

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

Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln
225 230 235 240

Gly Ala Phe Val Asn Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala
245 250 255
Gly Thr Asp Pro Thr Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser
260 265 270
Ile Ala Ala Gly Gly Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val
275 280 285
Ala Gln Asn Thr His Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr
290 295 300
Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp
305 310 315 320
Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val
325 330 335
Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro
340 345 350
Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu
355 360 365
Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn
370 375 380
Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met
385 390 395 400
Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr
405 410 415
Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn
420 425 430
Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
435 440 445
Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
450 455 460
Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu
465 470 475
<210> 543
<211> 723
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(700)
<223> RXN01413
<400> 543
tttgcctat tggaagaagt aaattccaca ctttacttt ccaatacttc ttttggtgag 60
cgggttttct cagcgtttta ccatctgaaa ccatctgaga ttg acc cat ctg ttc 115
Leu Thr His Leu Phe
1 5
tta gaa ctc gat gag cgt tta gta ctg ggt gtt cag caa gat ggt tac 163
Leu Glu Leu Asp Glu Arg Leu Val Leu Gly Val Gln Gln Asp Gly Tyr
10 15 20
caa tgg act gag cat ttg ttc cgg ctg cca ctg caa cat ctc cgt aac 211

Gln Trp Thr Glu His Leu Phe Arg Leu Pro Leu Gln His Leu Arg Asn

25 30 35
 tcg ccc aat gac ctg cag gga ttg aag ata cga tgg tgt gaa ctt tat 259
 Ser Pro Asn Asp Leu Gln Gly Leu Lys Ile Arg Trp Cys Glu Leu Tyr

40 45 50
 tcc aca acg ggg aaa gat caa ggg gta gaa ctt ctg cct caa gca acc 307
 Ser Thr Thr Gly Lys Asp Gln Gly Val Glu Leu Leu Pro Gln Ala Thr

55 60 65
 gtc gtt acc cca aat aac ttc gag gct tcc acc ctc tcc ggc ctt gag 355
 Val Val Thr Pro Asn Asn Phe Glu Ala Ser Thr Leu Ser Gly Leu Glu

70 75 80 85
 aag ctt gag acc gtc gag gac ctc aag gag gct gcc cgc ctc att tat 403
 Lys Leu Glu Thr Val Glu Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile Tyr

90 95 100
 gag caa ggc ccc cag tac gta gtc gtc aag ggt ggc atg gac ttc ccc 451
 Glu Gln Gly Pro Gln Tyr Val Val Val Lys Gly Gly Met Asp Phe Pro

105 110 115
 ggc gag aac gcc gtg gat gtg ctt ttc gac gga tcc tcc tac cac gtc 499
 Gly Glu Asn Ala Val Asp Val Leu Phe Asp Gly Ser Ser Tyr His Val

120 125 130
 ttc tct gag cca aag att ggt gaa gag cgc gtt tcc ggc gca gtc tgc 547
 Phe Ser Glu Pro Lys Ile Gly Glu Glu Arg Val Ser Gly Ala Val Cys

135 140 145
 acc ttc gca gct gtt atc acc gca gag cta gca aag ggt gct gag gtt 595
 Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Ala Glu Val

150 155 160 165
 gta gac cca gtg gca acc gca aag cgt gtg gtc acc cgt gcg gtt caa 643
 Val Asp Pro Val Ala Thr Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Gln

170 175 180
 gat gct gtt gca tcc aac gca cct ttt acc tcc gta tgg ctt gct gag 691
 Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu

185 190 195
 gac aac aag tagagtttta aaataccgat caa 723
 Asp Asn Lys

200
 <210> 544
 <211> 200
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 544
 Leu Thr His Leu Phe Leu Glu Leu Asp Glu Arg Leu Val Leu Gly Val
 1 5 10 15
 Gln Gln Asp Gly Tyr Gln Trp Thr Glu His Leu Phe Arg Leu Pro Leu
 20 25 30

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

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

Ser Gly Ala Val Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala Glu Leu Ala
 145 150 155 160

Lys Gly Ala Glu Val Val Asp Pro Val Ala Thr Ala Lys Arg Val Val
 165 170 175
 Thr Arg Ala Val Gln Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro Phe Thr Ser
 180 185 190
 Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

195 200
 <210> 545
 <211> 795
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(772)
 <223> RXN01617
 <400> 545

tcagaagcta ccggcggcgc cggcatccag gttgatttga agaccttcca gcatttaaga 60
 tgtttatggc attgggtcca tcacatgctt ggggtggcctt ttg atc cta aag aca 115
 Leu Ile Leu Lys Thr

1 5
 act gga atc acc gtt ttg tcc cgg ttt gat gcg cag gtt atc gct aat 163
 Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala Gln Val Ile Ala Asn

10 15 20
 cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg aag atc 211
 Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val Lys Ile

25 30 35
 ggt atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc gct ttg 259
 Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr Ala Leu

40 45 50
 gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg atc tgc 307

Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu Ile Cys

55 60 65 355
aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc ctt cgc
Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala Leu Arg

70 75 80 85 403
gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac ttc gag
Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn Phe Glu

90 95 100 451
gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac gac ctg
Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp Asp Leu

105 110 115 499
aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac gtc gtt
Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr Val Val

120 125 130 547
gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac gta ctt
Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp Val Leu

135 140 145 595
ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc ggc gac
Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile Gly Asp

150 155 160 165 643
gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc acc gca
Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala

170 175 180 691
gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc gct aag
Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr Ala Lys

185 190 195 739
cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac gca ccg
Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro

200 205 210 792
ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt aaacaagctc
Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

215 220 795
cct
<210> 546
<211> 224
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 546
Leu Ile Leu Lys Thr Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala
1 5 10 15
Gln Val Ile Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu
20 25 30
Asp Val Val Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala
Thr Ile Asp Thr
35 40 45

Val Ala Thr Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp
 50 55 60
 Pro Val Leu Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr
 65 70 75 80

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

Ala Val Asp Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu
 145 150 155 160

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

<210> 547

<211> 638

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(615)

<223> FRXA01617

<400> 547

gct aat cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg 48
 Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val

1 5 10 15
 aag atc ggt atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc 96
 Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr

20 25 30
 gct ttg gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg 144
 Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu

35 40 45
 atc tgc aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc 192
 Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala

50 55 60
 ctt cgc gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac 240
 Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn

65 70 75 80


```

ttc gag gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac 288
Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp

      85              90              95
gac ctg aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac 336
Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr

      100             105             110
gtc gtt gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac 384
Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp

      115             120             125
gta ctt ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc 432
Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile

      130             135             140
ggc gac gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc 480
Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile

      145             150             155             160
acc gca gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc 528
Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr

      165             170             175
gct aag cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac 576
Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn

      180             185             190
gca ccg ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt 625
Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

      195             200             205
aaacaagctc cct 638
<210> 548
<211> 205
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 548
Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val
  1             5             10             15
Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr
      20             25             30
Ala Leu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu
      35             40
      45
Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala
      50             55             60
Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn
      65             70             75             80

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

```

130 135 140

Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile
145 150 155 160

Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr
165 170 175

Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn
180 185 190

Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

195 200 205

<210> 549
<211> 915
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(892)
<223> RXS01807
<400> 549

gctcaccgag ctggacacca agctccgcgc agtgcaggaa gaacacggcg agctggaaat 60
gcagtggctg gaactcggcg aggaaatcga gggctagtgc atg ccg tgc gca ggc 115
Met Pro Ser Ala Gly

1 5

gag gag att tta gag cag cgc gca cag ctg gag ttt gat cag cgc cgc 163
Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu Phe Asp Gln Arg Arg

10 15 20

gcc gat gtg gtg atg atc ggc agc cag gtg gtt tat ggt tcc gtg ggg 211
Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val Tyr Gly Ser Val Gly

25 30 35

ctc agt gct gcc att ccg gtg atg cac aac gaa ggc ctc cgc gtg gtc 259
Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu Gly Leu Arg Val Val

40 45 50

gct gtc ccc acc gtg gtg tta agt tcc atg ccg cgt tat gca agt tct 307
Ala Val Pro Thr Val Val Leu Ser Ser Met Pro Arg Tyr Ala Ser Ser

55 60 65

cac cgc cag ccg atg tgc gac caa tgg ctc gcc gac gcg ctg caa gac 355
His Arg Gln Pro Met Ser Asp Gln Trp Leu Ala Asp Ala Leu Gln Asp

70 75 80 85

ctg gtg gat ctg ggg att atc gat gag gtt tcc acc att tcc acc ggc 403
Leu Val Asp Leu Gly Ile Ile Asp Glu Val Ser Thr Ile Ser Thr Gly

90 95 100

tat ttt acc tcc gct tct cag gtg cgt gtg gtc gct gcg tgg ctg cag 451
Tyr Phe Thr Ser Ala Ser Gln Val Arg Val Val Ala Ala Trp Leu Gln

105 110 115

aaa atc cgc gaa acc cat ccg cat gtg cgc atc gtg gtg gat ccc atc 499

Lys Ile Arg Glu Thr His Pro His Val Arg Ile Val Val Asp Pro Ile

120 125 130
atg ggg gac agt gac gtg gga att tat gtc gcc gac gag atc gca acc 547
Met Gly Asp Ser Asp Val Gly Ile Tyr Val Ala Asp Glu Ile Ala Thr

135 140 145
gcc atc tgc cag gac tta tgc cct ctg gct acc gga atc att ccc aat 595
Ala Ile Cys Gln Asp Leu Cys Pro Leu Ala Thr Gly Ile Ile Pro Asn

150 155 160 165
gct ttc gag ctc tcc cac atg gtt ggc tcc ggc gat ccg cgc tcg ctg 643
Ala Phe Glu Leu Ser His Met Val Gly Ser Gly Asp Pro Arg Ser Leu

170 175 180
ctc ggc ccg ttt ggc gag tgg atc atc atc acc agc gcc act gaa act 691
Leu Gly Pro Phe Gly Glu Trp Ile Ile Ile Thr Ser Ala Thr Glu Thr

185 190 195
gtg ggc acc acc gtc acc cgc atc gtc acc cgt gac agc gtc cag gaa 739
Val Gly Thr Thr Val Thr Arg Ile Val Thr Arg Asp Ser Val Gln Glu

200 205 210
atc gcc tcc gcc acc gtc gat acc acg gcc aaa ggg gca ggc gac gtc 787
Ile Ala Ser Ala Thr Val Asp Thr Thr Ala Lys Gly Ala Gly Asp Val

215 220 225
tac gcc gca gca tta atc gcc gcc ctg cat aaa gat ttt tcg ctt atc 835
Tyr Ala Ala Ala Leu Ile Ala Ala Leu His Lys Asp Phe Ser Leu Ile

230 235 240 245
gac gcc gcc agc cac gca tcc aac acc gtc tgc gcc ggc ctg cag acc 883
Asp Ala Ala Ser His Ala Ser Asn Thr Val Cys Ala Gly Leu Gln Thr

250 255 260
aaa gcg ctt taggtttcgt ccgtctctga cag 915
Lys Ala Leu

<210> 550

<211> 264

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 550

Met Pro Ser Ala Gly Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu

1 5 10 15

Phe Asp Gln Arg Arg Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val

20 25 30

Tyr Gly Ser Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu

35 40 45

Gly Leu Arg Val Val Ala Val Pro

Thr Val Val Leu Ser Ser Met Pro

50 55 60

Arg Tyr Ala Ser Ser His Arg Gln Pro Met Ser Asp Gln Trp Leu Ala

65 70 75 80

Asp Ala Leu Gln Asp Leu Val Asp Leu Gly Ile Ile Asp Glu Val Ser

[illegible]

Val Glu Gln Leu Ser Glu Arg Arg Ala Glu Ile Asn Ala Leu Asn Val

55 60 65
 ttt cct gtt cca gat gca gac act gga tca aac atg acc tac acc atg 355
 Phe Pro Val Pro Asp Ala Asp Thr Gly Ser Asn Met Thr Tyr Thr Met

70 75 80 85
 aca gct gcg ttg gat gaa gcg ctg aaa ctg ggg gag ttg ggt gat gtc 403
 Thr Ala Ala Leu Asp Glu Ala Leu Lys Leu Gly Glu Leu Gly Asp Val

90 95 100
 gca agg att act gag gct ttg gct gtt ggt tct gtg cgt gga gcc cga 451
 Ala Arg Ile Thr Glu Ala Leu Ala Val Gly Ser Val Arg Gly Ala Arg

105 110 115
 gga aat tct gga gta gtc ctt agt cag gtc ctt cgc gct att gct cag 499
 Gly Asn Ser Gly Val Val Leu Ser Gln Val Leu Arg Ala Ile Ala Gln

120 125 130
 gca gct gct gac ggg gtt att gat ggc cac aca atc caa gaa gcg cta 547
 Ala Ala Ala Asp Gly Val Ile Asp Gly His Thr Ile Gln Glu Ala Leu

135 140 145
 tcc att gct cgc tcc cta gtt gat cgc gca att aca gat cct gtg gag 595
 Ser Ile Ala Arg Ser Leu Val Asp Arg Ala Ile Thr Asp Pro Val Glu

150 155 160 165
 ggc act gtt gtc act gtg ttg cgt tct 622
 Gly Thr Val Val Thr Val Leu Arg Ser

170
 <210> 552
 <211> 174
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 552
 Met Ser Ser Ser Glu Ser Ser Arg Ser Glu Gly Ser Gln Pro Ala Pro
 1 5 10 15
 Ser Val Gln Pro Glu Arg Arg Ala Asp Ser Thr Gly Ala Pro Ala Ala
 20 25 30
 Ala Ser Lys Glu Ala Ser Gln Gln Met Asp Ala Ala Gly Val Leu Glu
 35 40 45

Trp Ala Arg Thr Ala Val Glu Gln Leu Ser Glu Arg Arg Ala Glu Ile
 50 55 60
 Asn Ala Leu Asn Val Phe Pro Val Pro Asp Ala Asp Thr Gly Ser Asn
 65 70 75 80

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

Ile Gln Glu Ala Leu Ser Ile Ala Arg Ser Leu Val Asp Arg Ala Ile
145 150 155 160

Thr Asp Pro Val Glu Gly Thr Val Val Thr Val Leu Arg Ser
165 170

<210> 553
<211> 1107
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1084)
<223> RXN02246
<400> 553
tgccgacgct ggctgggatg ccttcgttgc aggttccgct gtgtacggcg ctgaggatcc 60
caacaaggcg atccaggagt tgcgagcact cgcgcagtaa atg gat gtt gcg cac 115
Met Asp Val Ala His

1 5
gcg tta gat ctg gcc cac cac gtg tca gat caa gtc cga ggc acc acc 163
Ala Leu Asp Leu Ala His His Val Ser Asp Gln Val Arg Gly Thr Thr

10 15 20
agc cct aat ccg cca gtc ggc gct gtc att ttg gac gcc gac ggc gag 211
Ser Pro Asn Pro Pro Val Gly Ala Val Ile Leu Asp Ala Asp Gly Glu

25 30 35
gtc gtt ggc gtt ggc gcc acg gca cct cct ggt ggc ccg cac gcc gaa 259
Val Val Gly Val Gly Ala Thr Ala Pro Pro Gly Gly Pro His Ala Glu

40 45 50
gtg gtg gcg ctt gca gct gcc gga gtg cgt gcc aac ggg ggc acg gcg 307
Val Val Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Arg Ala Asn Gly Gly Thr Ala

55 60 65
gtg gtc acc ctc gag ccg tgc aac cat tac ggc cgc acg ggt cca tgt 355
Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Asn His Tyr Gly Arg Thr Gly Pro Cys

70 75 80 85
tcc aag gcg ctt ctc gac gcc ggg atc gca cac gtg ttt tac gcc aat 403
Ser Lys Ala Leu Leu Asp Ala Gly Ile Ala His Val Phe Tyr Ala Asn

90 95 100
gcg gat ccc ttc ccg tca gcc gct ggg ggc ggt gcc ttt ttg gcg gag 451
Ala Asp Pro Phe Pro Ser Ala Ala Gly Gly Gly Ala Phe Leu Ala Glu

105 110 115
gcg ggc gtc gat acg cat ttt tta gat gag cgg atc agg gca ctg gag 499
Ala Gly Val Asp Thr His Phe Leu Asp Glu Arg Ile Arg Ala Leu Glu

120 125 130
ccc tgg ctg gtt gcg acg cgt ctg ggc agg ccc cat gtc acg ttg aag 547
Pro Trp Leu Val Ala Thr Arg Leu Gly Arg Pro His Val Thr Leu Lys

135 140 145

ttt gcg tcc acc gtg gac ggt ttt gct ggt gcc acc gat ggc acc agc 595
 Phe Ala Ser Thr Val Asp Gly Phe Ala Gly Ala Thr Asp Gly Thr Ser

 150 155 160 165
 cag tgg att acc ggg ccg gat gcg cgg gcg ttt gtg cac gaa gat cga 643
 Gln Trp Ile Thr Gly Pro Asp Ala Arg Ala Phe Val His Glu Asp Arg

 170 175 180
 agt aaa aga gat gcg atc atc gtg ggt acc ggt act gcg ttg act gat 691
 Ser Lys Arg Asp Ala Ile Ile Val Gly Thr Gly Thr Ala Leu Thr Asp

 185 190 195
 aat ccc tcc ttg acg gcg cgg acc gat acg ggt ctt tat gaa aat caa 739
 Asn Pro Ser Leu Thr Ala Arg Thr Asp Thr Gly Leu Tyr Glu Asn Gln

 200 205 210
 ccc agg cgc gtt gtt att ggc tcc cgc gag gtt cca gca gat tcc aac 787
 Pro Arg Arg Val Val Ile Gly Ser Arg Glu Val Pro Ala Asp Ser Asn

 215 220 225
 ttg gct cgc ttg gga tat gag cag tac gcg gga ata cca gag gct tta 835
 Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly Ile Pro Glu Ala Leu

 230 235 240 245
 tca gcg ctg tgg gat aaa ggg tgc cga gac att tta atc gaa ggt ggc 883
 Ser Ala Leu Trp Asp Lys Gly Cys Arg Asp Ile Leu Ile Glu Gly Gly

 250 255 260
 cca acg tta gct ggg gca gcg ctg cgc tta ggc att gtt gat cag gtg 931
 Pro Thr Leu Ala Gly Ala Ala Leu Arg Leu Gly Ile Val Asp Gln Val

 265 270 275
 cag gcc tat gtt gcc ccc gct ttg ttg ggc gct gga cga tca gtg att 979
 Gln Ala Tyr Val Ala Pro Ala Leu Leu Gly Ala Gly Arg Ser Val Ile

 280 285 290
 aac tgg cca caa gaa acc acg atg gat cag att atg cgt ttt gac acc 1027
 Asn Trp Pro Gln Glu Thr Thr Met Asp Gln Ile Met Arg Phe Asp Thr

 295 300 305
 acg tcc gtg aga cag ttg ggt tca gat gta ttg ata gaa atg atg aga 1075
 Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu Ile Glu Met Met Arg

 310 315 320 325
 aag gaa cac taaatgttca caggtattgt cga 1107
 Lys Glu His

 <210> 554
 <211> 328
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 554
 Met Asp Val Ala His Ala Leu Asp Leu Ala His His Val Ser Asp Gln
 1 5 10 15
 Val Arg Gly Thr Thr Ser Pro Asn Pro Pro Val Gly Ala Val Ile Leu
 20 25 30

Asp Ala Asp Gly Glu Val Val Gly Val Gly Ala Thr Ala Pro Pro Gly
 35 40 45
 Gly Pro His Ala Glu Val Val Ala
 Leu Ala Ala Ala Gly Val Arg Ala
 50 55 60
 Asn Gly Gly Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Asn His Tyr Gly
 65 70 75 80

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

His Val Thr Leu Lys Phe Ala Ser Thr Val Asp Gly Phe Ala Gly Ala
 145 150 155 160

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

Pro Ala Asp Ser Asn Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly
 225 230 235 240

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

Met Arg Phe Asp Thr Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu
 305 310 315 320

Ile Glu Met Met Arg Lys Glu His
 325

<210> 555

<211> 1107

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1084)

<223> FRXA02246

<400> 555


```

tgccgacgct ggcgtggatg ccttcgttgc aggttccgct gtgtacggcg ctgaggatcc 60
caacaaggcg atccaggagt tgcgagcact cgcgcagtaa atg gat gtt gcg cac 115
Met Asp Val Ala His

1 5
gcg tta gat ctg gcc cac cac gtg tca gat caa gtc cga ggc acc acc 163
Ala Leu Asp Leu Ala His His Val Ser Asp Gln Val Arg Gly Thr Thr

10 15 20
agc cct aat ccg cca gtc ggc gct gtc att ttg gac gcc gac ggc gag 211
Ser Pro Asn Pro Pro Val Gly Ala Val Ile Leu Asp Ala Asp Gly Glu

25 30 35
gtc gtt ggc gtt ggc gcc acg gca cct cct ggt ggc ccg cac gcc gaa 259
Val Val Gly Val Gly Ala Thr Ala Pro Pro Gly Gly Pro His Ala Glu

40 45 50
gtg gtg gcg ctt gca gct gcc gga gtg cgt gcc aac ggg ggc acg gcg 307
Val Val Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Arg Ala Asn Gly Gly Thr Ala

55 60 65
gtg gtc acc ctc gag ccg tgc aac cat tac ggc cgc acg ggt cca tgt 355
Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Asn His Tyr Gly Arg Thr Gly Pro Cys

70 75 80 85
tcc aag gcg ctt ctc gac gcc ggg atc gca cac gtg ttt tac gcc aat 403
Ser Lys Ala Leu Leu Asp Ala Gly Ile Ala His Val Phe Tyr Ala Asn

90 95 100
gcg gat ccc ttc ccg tca gcc gct ggg ggc ggt gcc ttt ttg gcg gag 451
Ala Asp Pro Phe Pro Ser Ala Ala Gly Gly Gly Ala Phe Leu Ala Glu

105 110 115
gcg ggc gtc gat acg cat ttt tta gat gag cgg atc agg gca ctg gag 499
Ala Gly Val Asp Thr His Phe Leu Asp Glu Arg Ile Arg Ala Leu Glu

120 125 130
ccc tgg ctg gtt gcg acg cgt ctg ggc agg ccc cat gtc acg ttg aag 547
Pro Trp Leu Val Ala Thr Arg Leu Gly Arg Pro His Val Thr Leu Lys

135 140 145
ttt gcg tcc acc gtg gac ggt ttt gct ggt gcc acc gat ggc acc agc 595
Phe Ala Ser Thr Val Asp Gly Phe Ala Gly Ala Thr Asp Gly Thr Ser

150 155 160 165
cag tgg att acc ggg ccg gat gcg cgg gcg ttt gtg cac gaa gat cga 643
Gln Trp Ile Thr Gly Pro Asp Ala Arg Ala Phe Val His Glu Asp Arg

170 175 180
agt aaa aga gat gcg atc atc gtg ggt acc ggt act gcg ttg act gat 691
Ser Lys Arg Asp Ala Ile Ile Val Gly Thr Gly Thr Ala Leu Thr Asp

185 190 195
aat ccc tcc ttg acg gcg cgg acc gat acg ggt ctt tat gaa aat caa 739
Asn Pro Ser Leu Thr Ala Arg Thr Asp Thr Gly Leu Tyr Glu Asn Gln

```

200	205	210	
ccc agg cgc gtt gtt att ggc tcc cgc gag gtt cca gca gat tcc aac			787
Pro Arg Arg Val Val Ile Gly Ser Arg Glu Val Pro Ala Asp Ser Asn			
215	220	225	
ttg gct cgc ttg gga tat gag cag tac gcg gga ata cca gag gct tta			835
Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly Ile Pro Glu Ala Leu			
230	235	240	245
tca gcg ctg tgg gat aaa ggg tgc cga gac att tta atc gaa ggt ggc			883
Ser Ala Leu Trp Asp Lys Gly Cys Arg Asp Ile Leu Ile Glu Gly Gly			
250	255	260	
cca acg tta gct ggg gca gcg ctg cgc tta ggc att gtt gat cag gtg			931
Pro Thr Leu Ala Gly Ala Ala Leu Arg Leu Gly Ile Val Asp Gln Val			
265	270	275	
cag gcc tat gtt gcc ccc gct ttg ttg ggc gct gga cga tca gtg att			979
Gln Ala Tyr Val Ala Pro Ala Leu Leu Gly Ala Gly Arg Ser Val Ile			
280	285	290	
aac tgg cca caa gaa acc acg atg gat cag att atg cgt ttt gac acc			1027
Asn Trp Pro Gln Glu Thr Thr Met Asp Gln Ile Met Arg Phe Asp Thr			
295	300	305	
acg tcc gtg aga cag ttg ggt tca gat gta ttg ata gaa atg atg aga			1075
Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu Ile Glu Met Met Arg			
310	315	320	325
aag gaa cac taaatgttca caggtattgt cga			1107
Lys Glu His			
<210> 556			
<211> 328			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 556			
Met Asp Val Ala His Ala Leu Asp Leu Ala His His Val Ser Asp Gln			
1 5 10 15			
Val Arg Gly Thr Thr Ser Pro Asn Pro Pro Val Gly Ala Val Ile Leu			
20 25 30			
Asp Ala Asp Gly Glu Val Val Gly Val Gly Ala Thr Ala Pro Pro Gly			
35 40 45			
Gly Pro His Ala Glu Val Val Ala			
Leu Ala Ala Ala Gly Val Arg Ala			
50 55 60			
Asn Gly Gly Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Asn His Tyr Gly			
65 70 75 80			
Arg Thr Gly Pro Cys Ser Lys Ala Leu Leu Asp Ala Gly Ile Ala His			
85 90 95			
Val Phe Tyr Ala Asn Ala Asp Pro Phe Pro Ser Ala Ala Gly Gly Gly			
100 105 110			
Ala Phe Leu Ala Glu Ala Gly Val Asp Thr His Phe Leu Asp Glu Arg			
115 120 125			
Ile Arg Ala Leu Glu Pro Trp Leu Val Ala Thr Arg Leu Gly Arg Pro			
130 135 140			

His Val Thr Leu Lys Phe Ala Ser Thr Val Asp Gly Phe Ala Gly Ala
145 150 155 160

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

Pro Ala Asp Ser Asn Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly
225 230 235 240

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

Met Arg Phe Asp Thr Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu
305 310 315 320

Ile Glu Met Met Arg Lys Glu His
325

<210> 557

<211> 756

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(733)

<223> RXA02247

<400> 557

acaagaaacc acgatggatc agattatgcg ttttgacacc acgtccgtga gacagtggg 60
ttcagatgta ttgatagaaa tgatgagaaa ggaacactaa atg ttc aca ggt att 115
Met Phe Thr Gly Ile

1 5
gtc gag gag ctt ggc tcc gtt gca ggc gtg gaa cat ctg gga gat tcc 163
Val Glu Glu Leu Gly Ser Val Ala Gly Val Glu His Leu Gly Asp Ser

10 15 20
atc cgg atg cag att tcc gcg tcc acc gtt tta gag ggt gtg cat ttg 211
Ile Arg Met Gln Ile Ser Ala Ser Thr Val Leu Glu Gly Val His Leu

25 30 35
ggg gat tcc att tct gtc aat ggt gtg tgc ttg aca gtg gcg tcc ttt 259
Gly Asp Ser Ile Ser Val Asn Gly Val Cys Leu Thr Val Ala Ser Phe

40	45	50	
ggc gag gga cat ttc act gca gac ctc atg cag gaa acc tta gat cgc	307		
Gly Glu Gly His Phe Thr Ala Asp Leu Met Gln Glu Thr Leu Asp Arg			
55	60	65	
agc tcc ctg ggc gca tta tcc acc ggt agc aaa gtc aac ctt gag cgc	355		
Ser Ser Leu Gly Ala Leu Ser Thr Gly Ser Lys Val Asn Leu Glu Arg			
70	75	80	85
gcc atg gca gcc gat ggc cgt ctg ggt gga cac atc atg caa ggc cat	403		
Ala Met Ala Ala Asp Gly Arg Leu Gly Gly His Ile Met Gln Gly His			
90	95	100	
gtt gat gcc acc acc tcg ctg atc aag cgc acc agc tca gag aac tgg	451		
Val Asp Ala Thr Thr Ser Leu Ile Lys Arg Thr Ser Ser Glu Asn Trp			
105	110	115	
gat gtt ctg cgt ttt gag ctg cca gct gat ttg gct cgc tat gtg gtg	499		
Asp Val Leu Arg Phe Glu Leu Pro Ala Asp Leu Ala Arg Tyr Val Val			
120	125	130	
gaa aaa ggc tcc atc gca ctc aat ggc aca tcc ttg act gta tcg tct	547		
Glu Lys Gly Ser Ile Ala Leu Asn Gly Thr Ser Leu Thr Val Ser Ser			
135	140	145	
ttg ggt gat gat tgg ttt gag gtt tcc ctg att ccc acc acc ttg cgc	595		
Leu Gly Asp Asp Trp Phe Glu Val Ser Leu Ile Pro Thr Thr Leu Arg			
150	155	160	165
gac acc acc cac ggc gaa ctg gcg gta ggg gat atc gta aac att gag	643		
Asp Thr Thr His Gly Glu Leu Ala Val Gly Asp Ile Val Asn Ile Glu			
170	175	180	
gtt gat gtg atc gct aag tac gtc gaa cgc atg atg acg cgc ggc gtg	691		
Val Asp Val Ile Ala Lys Tyr Val Glu Arg Met Met Thr Arg Gly Val			
185	190	195	
gct gga aac act ccc aat gac tac acc gat ttc acg aga gac	733		
Ala Gly Asn Thr Pro Asn Asp Tyr Thr Asp Phe Thr Arg Asp			
200	205	210	
taggttagac aacgtgagtg aac	756		
<210> 558			
<211> 211			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 558			
Met Phe Thr Gly Ile Val Glu Glu Leu Gly Ser Val Ala Gly Val Glu			
1 5 10 15			
His Leu Gly Asp Ser Ile Arg Met Gln Ile Ser Ala Ser Thr Val Leu			
20 25 30			
Glu Gly Val His Leu Gly Asp Ser Ile			
Ser Val Asn Gly Val Cys Leu			
35 40 45			
Thr Val Ala Ser Phe Gly Glu Gly His Phe Thr Ala Asp Leu Met Gln			
50 55 60			
Glu Thr Leu Asp Arg Ser Ser Leu Gly Ala Leu Ser Thr Gly Ser Lys			

65	70	75	80
Val Asn Leu Glu Arg Ala Met Ala Ala Asp Gly Arg Leu Gly Gly His			
	85	90	95
Ile Met Gln Gly His Val Asp Ala Thr Thr Ser Leu Ile Lys Arg Thr			
	100	105	110
Ser Ser Glu Asn Trp Asp Val Leu Arg Phe Glu Leu Pro Ala Asp Leu			
	115	120	125
Ala Arg Tyr Val Val Glu Lys Gly Ser Ile Ala Leu Asn Gly Thr Ser			
	130	135	140
Leu Thr Val Ser Ser Leu Gly Asp Asp Trp Phe Glu Val Ser Leu Ile			
145	150	155	160
Pro Thr Thr Leu Arg Asp Thr Thr His Gly Glu Leu Ala Val Gly Asp			
	165	170	175
Ile Val Asn Ile Glu Val Asp Val Ile Ala Lys Tyr Val Glu Arg Met			
	180	185	190
Met Thr Arg Gly Val Ala Gly Asn Thr Pro Asn Asp Tyr Thr Asp Phe			
	195	200	205
Thr Arg Asp			
210			
<210> 559			
<211> 1389			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1366)			
<223> RXN02248			
<400> 559			
gatgtgatcg ctaagtacgt cgaacgcatg atgacgcgcg gcgtggetgg aaacactccc			60
aatgactaca ccgatttcac gagagactag gttagacaac gtg agt gaa cat gag			115
		Val Ser Glu His Glu	
		1	5
cag gca cac agc caa tta gat tct gtt gaa gag gcc atc gct gac atc			163
Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu Ala Ile Ala Asp Ile			
	10	15	20
gct gcg ggt aaa gcc gtc gtg gtg gta gat gat gaa gat cgt gaa aat			211
Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp Glu Asp Arg Glu Asn			
	25	30	35
gaa ggc gac atc atc ttt gcc gcc gaa tta gcc act cca gaa tta gtc			259
Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala Thr Pro Glu Leu Val			
	40	45	50
gct ttc atg gtg cgt tat tcc tcg gga tac atc tgt gcg cca tta acc			307
Ala Phe Met Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile Cys Ala Pro Leu Thr			
	55	60	65
gca aag gat gca gat cgt ctt gat ctg cct ccg atg acc gcg cac aat			355

Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro Met Thr Ala His Asn

70 75 80 85
cag gat gcc cgc ggc acc gct tac acc gtg acc gtt gat gcc aac acc 403
Gln Asp Ala Arg Gly Thr Ala Tyr Thr Val Thr Val Asp Ala Asn Thr

90 95 100
ggc acc aca ggc att tct gca aca gac cgc gcc cac act ttg cgc ttg 451
Gly Thr Thr Gly Ile Ser Ala Thr Asp Arg Ala His Thr Leu Arg Leu

105 110 115
ctt gct gat cca gaa gcc gac cgc acg gat ttc acc cgt ccc gga cac 499
Leu Ala Asp Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Phe Thr Arg Pro Gly His

120 125 130
gtt gtg cca ctg cgt gct cgt gaa ggt ggc gtc ttg gtg cgc gct gga 547
Val Val Pro Leu Arg Ala Arg Glu Gly Gly Val Leu Val Arg Ala Gly

135 140 145
cac acc gaa gca gct gtc gat ttg gct cgc gct gca ggc ctg cgc cca 595
His Thr Glu Ala Ala Val Asp Leu Ala Arg Ala Ala Gly Leu Arg Pro

150 155 160 165
gca ggt gtt atc tgc gaa gtg gtc agt gaa gag gac ccc acc ggc atg 643
Ala Gly Val Ile Cys Glu Val Val Ser Glu Glu Asp Pro Thr Gly Met

170 175 180
gct cgg gtt cct gag ctg cgc cgc ttc tgc gat gag cac gat ctg aag 691
Ala Arg Val Pro Glu Leu Arg Arg Phe Cys Asp Glu His Asp Leu Lys

185 190 195
ctg atc tct att gag cag ctc att gag tgg cgt cgc aag aat gaa att 739
Leu Ile Ser Ile Glu Gln Leu Ile Glu Trp Arg Arg Lys Asn Glu Ile

200 205 210
ttg gtg gag cgc cag gtg gaa act gtg ctg cct acc gat ttc ggc acg 787
Leu Val Glu Arg Gln Val Glu Thr Val Leu Pro Thr Asp Phe Gly Thr

215 220 225
ttc aag gct gtt ggt tac cgt tcc atc atc gat ggc acc gag ctt gtt 835
Phe Lys Ala Val Gly Tyr Arg Ser Ile Ile Asp Gly Thr Glu Leu Val

230 235 240 245
gcc att gtt gcc ggc gac gtg gca tcc gac ggt ggc gaa aac gtc ctg 883
Ala Ile Val Ala Gly Asp Val Ala Ser Asp Gly Gly Glu Asn Val Leu

250 255 260
gtt cga gtc cac tct gag tgc ttg act ggt gat gtt ttt gga tcc cgg 931
Val Arg Val His Ser Glu Cys Leu Thr Gly Asp Val Phe Gly Ser Arg

265 270 275
cgc tgc gac tgt gga cag cag ctg cac gag tct ttg cgc ctg atc cag 979
Arg Cys Asp Cys Gly Gln Gln Leu His Glu Ser Leu Arg Leu Ile Gln

280 285 290
gaa gct ggt cgg gga gta gtg gtg tac atg cgt ggg cat gag gga cga 1027

Glu Ala Gly Arg Gly Val Val Val Tyr Met Arg Gly His Glu Gly Arg

295 300 305
ggc att ggt ctg ctc gcc aag cta cgc gcc tac caa ctc cag gat gaa 1075
Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr Gln Leu Gln Asp Glu

310 315 320 325
ggt gcc gac acc gtc gat gcc aac ctc gca ctt ggt ctt cca gcc gat 1123
Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu Gly Leu Pro Ala Asp

330 335 340
gcc cgc gaa ttt ggc acc agc gcc cag att ctc tac gac ttg ggt gtg 1171
Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu Tyr Asp Leu Gly Val

345 350 355
cgc tcg ctc aac ttg atc agc aac aac cca gcc aag aag gtg gga ctt 1219
Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala Lys Lys Val Gly Leu

360 365 370
gaa ggc cac ggc att tcc att gcc agc cga acc ccc atc cct gtt gct 1267
Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr Pro Ile Pro Val Ala

375 380 385
gtt cat gaa gac aat gtt cga tac ctg aaa acc aag cgt gac cgc atg 1315
Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr Lys Arg Asp Arg Met

390 395 400 405
gga cat gac ctc cca gat gtc gca ctg tgg gaa caa gag cac cca gaa 1363
Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu Gln Glu His Pro Glu

410 415 420
aac taaggagcac aacaatggct aaa 1389
Asn

<210> 560
<211> 422
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 560
Val Ser Glu His Glu Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu
1 5 10 15
Ala Ile Ala Asp Ile Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp
20 25 30
Glu Asp Arg Glu Asn Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala
35 40 45
Thr Pro Glu Leu Val Ala Phe Met
Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile
50 55 60
Cys Ala Pro Leu Thr Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro
65 70 75 80

Met Thr Ala His Asn Gln Asp Ala Arg Gly Thr Ala Tyr Thr Val Thr
85 90 95
Val Asp Ala Asn Thr Gly Thr Thr Gly Ile Ser Ala Thr Asp Arg Ala
100 105 110
His Thr Leu Arg Leu Leu Ala Asp Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Phe

115	120	125
Thr Arg Pro Gly His Val Val Pro Leu Arg Ala Arg Glu Gly Gly Val		
130	135	140
Leu Val Arg Ala Gly His Thr Glu Ala Ala Val Asp Leu Ala Arg Ala		
145	150	155
160		
Ala Gly Leu Arg Pro Ala Gly Val Ile Cys Glu Val Val Ser Glu Glu		
165	170	175
Asp Pro Thr Gly Met Ala Arg Val Pro Glu Leu Arg Arg Phe Cys Asp		
180	185	190
Glu His Asp Leu Lys Leu Ile Ser Ile Glu Gln Leu Ile Glu Trp Arg		
195	200	205
Arg Lys Asn Glu Ile Leu Val Glu Arg Gln Val Glu Thr Val Leu Pro		
210	215	220
Thr Asp Phe Gly Thr Phe Lys Ala Val Gly Tyr Arg Ser Ile Ile Asp		
225	230	235
240		
Gly Thr Glu Leu Val Ala Ile Val Ala Gly Asp Val Ala Ser Asp Gly		
245	250	255
Gly Glu Asn Val Leu Val Arg Val His Ser Glu Cys Leu Thr Gly Asp		
260	265	270
Val Phe Gly Ser Arg Arg Cys Asp Cys Gly Gln Gln Leu His Glu Ser		
275	280	285
Leu Arg Leu Ile Gln Glu Ala Gly Arg Gly Val Val Val Tyr Met Arg		
290	295	300
Gly His Glu Gly Arg Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr		
305	310	315
320		
Gln Leu Gln Asp Glu Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu		
325	330	335
Gly Leu Pro Ala Asp Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu		
340	345	350
Tyr Asp Leu Gly Val Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala		
355	360	365
Lys Lys Val Gly Leu Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr		
370	375	380
Pro Ile Pro Val Ala Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr		
385	390	395
400		
Lys Arg Asp Arg Met Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu		
405	410	415
Gln Glu His Pro Glu Asn		

420

<210> 561

<211> 1389

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1366)

<223> FRXA02248

<400> 561

gatgtgatcg ctaagtacgt cgaacgcatg atgacgcgcg gcgtggctgg aaacactccc 60
aatgactaca ccgatttcac gagagactag gttagacaac gtg agt gaa cat gag 115
Val Ser Glu His Glu

1 5
cag gca cac agc caa tta gat tct gtt gaa gag gcc atc gct gac atc 163
Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu Ala Ile Ala Asp Ile

10 15 20
gct gcg ggt aaa gcc gtc gtg gtg gta gat gat gaa gat cgt gaa aat 211
Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp Glu Asp Arg Glu Asn

25 30 35
gaa ggc gac atc atc ttt gcc gcc gaa tta gcc act cca gaa tta gtc 259
Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala Thr Pro Glu Leu Val

40 45 50
gct ttc atg gtg cgt tat tcc tcg gga tac atc tgt gcg cca tta acc 307
Ala Phe Met Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile Cys Ala Pro Leu Thr

55 60 65
gca aag gat gca gat cgt ctt gat ctg cct ccg atg acc gcg cac aat 355
Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro Met Thr Ala His Asn

70 75 80 85
cag gat gcc cgc ggc acc gct tac acc gtg acc gtt gat gcc aac acc 403
Gln Asp Ala Arg Gly Thr Ala Tyr Thr Val Thr Val Asp Ala Asn Thr

90 95 100
ggc acc aca ggc att tct gca aca gac cgc gcc cac act ttg cgc ttg 451
Gly Thr Thr Gly Ile Ser Ala Thr Asp Arg Ala His Thr Leu Arg Leu

105 110 115
ctt gct gat cca gaa gcc gac cgc acg gat ttc acc cgt ccc gga cac 499
Leu Ala Asp Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Phe Thr Arg Pro Gly His

120 125 130
gtt gtg cca ctg cgt gct cgt gaa ggt ggc gtc ttg gtg cgc gct gga 547
Val Val Pro Leu Arg Ala Arg Glu Gly Gly Val Leu Val Arg Ala Gly

135 140 145
cac acc gaa gca gct gtc gat ttg gct cgc gct gca ggc ctg cgc cca 595
His Thr Glu Ala Ala Val Asp Leu Ala Arg Ala Ala Gly Leu Arg Pro

150 155 160 165
gca ggt gtt atc tgc gaa gtg gtc agt gaa gag gac ccc acc ggc atg 643
Ala Gly Val Ile Cys Glu Val Val Ser Glu Glu Asp Pro Thr Gly Met

170 175 180
gct cgg gtt cct gag ctg cgc cgc ttc tgc gat gag cac gat ctg aag 691
Ala Arg Val Pro Glu Leu Arg Arg Phe Cys Asp Glu His Asp Leu Lys

185 190 195
ctg atc tct att gag cag ctc att gag tgg cgt cgc aag aat gaa att 739

Leu Ile Ser Ile Glu Gln Leu Ile Glu Trp Arg Arg Lys Asn Glu Ile

200 205 210
 ttg gtg gag cgc cag gtg gaa act gtg ctg cct acc gat ttc ggc acg 787
 Leu Val Glu Arg Gln Val Glu Thr Val Leu Pro Thr Asp Phe Gly Thr

215 220 225
 ttc aag gct gtt ggt tac cgt tcc atc atc gat ggc acc gag ctt gtt 835
 Phe Lys Ala Val Gly Tyr Arg Ser Ile Ile Asp Gly Thr Glu Leu Val

230 235 240 245
 gcc att gtt gcc ggc gac gtg gca tcc gac ggt ggc gaa aac gtc ctg 883
 Ala Ile Val Ala Gly Asp Val Ala Ser Asp Gly Gly Glu Asn Val Leu

250 255 260
 gtt cga gtc cac tct gag tgc ttg act ggt gat gtt ttt gga tcc cgg 931
 Val Arg Val His Ser Glu Cys Leu Thr Gly Asp Val Phe Gly Ser Arg

265 270 275
 cgc tgc gac tgt gga cag cag ctg cac gag tct ttg cgc ctg atc cag 979
 Arg Cys Asp Cys Gly Gln Gln Leu His Glu Ser Leu Arg Leu Ile Gln

280 285 290
 gaa gct ggt cgg gga gta gtg gtg tac atg cgt ggg cat gag gga cga 1027
 Glu Ala Gly Arg Gly Val Val Val Tyr Met Arg Gly His Glu Gly Arg

295 300 305
 ggc att ggt ctg ctc gcc aag cta cgc gcc tac caa ctc cag gat gaa 1075
 Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr Gln Leu Gln Asp Glu

310 315 320 325
 ggt gcc gac acc gtc gat gcc aac ctc gca ctt ggt ctt cca gcc gat 1123
 Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu Gly Leu Pro Ala Asp

330 335 340
 gcc cgc gaa ttt ggc acc agc gcc cag att ctc tac gac ttg ggt gtg 1171
 Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu Tyr Asp Leu Gly Val

345 350 355
 cgc tgc ctc aac ttg atc agc aac aac cca gcc aag aag gtg gga ctt 1219
 Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala Lys Lys Val Gly Leu

360 365 370
 gaa ggc cac ggc att tcc att gcc agc cga acc ccc atc cct gtt gct 1267
 Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr Pro Ile Pro Val Ala

375 380 385
 gtt cat gaa gac aat gtt cga tac ctg aaa acc aag cgt gac cgc atg 1315
 Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr Lys Arg Asp Arg Met

390 395 400 405
 gga cat gac ctc cca gat gtc gca ctg tgg gaa caa gag cac cca gaa 1363
 Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu Gln Glu His Pro Glu

410 415 420
 aac taaggagcac aacaatggct aaa 1389

Asn

<210> 562

<211> 422

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 562

```

Val Ser Glu His Glu Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu
 1          5          10          15
Ala Ile Ala Asp Ile Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp
      20          25          30
Glu Asp Arg Glu Asn Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala
      35          40          45
Thr Pro Glu Leu Val Ala Phe Met
Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile
      50          55          60
Cys Ala Pro Leu Thr Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro
 65          70          75          80

```

```

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

```

```

Leu Val Arg Ala Gly His Thr Glu Ala Ala Val Asp Leu Ala Arg Ala
145          150          155          160

```

```

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

```

```

Thr Asp Phe Gly Thr Phe Lys Ala Val Gly Tyr Arg Ser Ile Ile Asp
225          230          235          240

```

```

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

```

```

Gly His Glu Gly Arg Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr
305          310          315          320

```

Gln Leu Gln Asp Glu Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu

325 330 335
 Gly Leu Pro Ala Asp Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu
 340 345 350
 Tyr Asp Leu Gly Val Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala
 355 360 365
 Lys Lys Val Gly Leu Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr
 370 375 380

 Pro Ile Pro Val Ala Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr
 385 390 395 400

 Lys Arg Asp Arg Met Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu
 405 410 415
 Gln Glu His Pro Glu Asn

 420
 <210> 563
 <211> 600
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(577)
 <223> RXN02249
 <400> 563
 atgttcgata cctgaaaacc aagcgtgacc gcatgggaca tgacctccca gatgtcgcac 60
 tgtgggaaca agagcaccca gaaaactaag gagcacaaca atg gct aaa gaa gga 115
 Met Ala Lys Glu Gly

 1 5
 ttg ccg gca gtc gaa ctc ccc gac gcc agc gga tta aaa gtc gcc gta 163
 Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly Leu Lys Val Ala Val

 10 15 20
 gtc acc gca cgg tgg aac gca gaa atc tgc gac cgc ctg cac aag cac 211
 Val Thr Ala Arg Trp Asn Ala Glu Ile Cys Asp Arg Leu His Lys His

 25 30 35
 gca gta gat gcg gga cgt gca gca gga gca acg gtg agc gaa tac cgc 259
 Ala Val Asp Ala Gly Arg Ala Ala Gly Ala Thr Val Ser Glu Tyr Arg

 40 45 50
 gtc atc ggc gcc ctg gaa ctt cca gtc gta gtg caa gaa ctg gca cgc 307
 Val Ile Gly Ala Leu Glu Leu Pro Val Val Val Gln Glu Leu Ala Arg

 55 60 65
 acc cat gac gca gta gtt gcc ttg ggc tgt gtc gtt cgt ggc ggc acc 355
 Thr His Asp Ala Val Val Ala Leu Gly Cys Val Val Arg Gly Gly Thr

 70 75 80 85
 cca cac ttt gat tac gtg tgc gac tct gtc acc gaa ggc ctc acc cgc 403
 Pro His Phe Asp Tyr Val Cys Asp Ser Val Thr Glu Gly Leu Thr Arg

 90 95 100
 att gct ctt gat act tcc acc cca atc ggc aac ggt gtg ttg act acc 451

Ile Ala Leu Asp Thr Ser Thr Pro Ile Gly Asn Gly Val Leu Thr Thr

105 110 115
aac acc gaa gag caa gcc gtg gaa cgc tcc ggt gga gaa ggc tct gta 499
Asn Thr Glu Glu Gln Ala Val Glu Arg Ser Gly Gly Glu Gly Ser Val

120 125 130
gag gac aaa ggc gca gag gca atg gtc gct gca ctc gat act gcc ctc 547
Glu Asp Lys Gly Ala Glu Ala Met Val Ala Ala Leu Asp Thr Ala Leu

135 140 145
gtg ctt tct caa att cgt gca act gag ggt tagactgttc tttaaaaggt 597
Val Leu Ser Gln Ile Arg Ala Thr Glu Gly

150 155
ttg 600
<210> 564
<211> 159
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 564
Met Ala Lys Glu Gly Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly
1 5 10 15
Leu Lys Val Ala Val Val Thr Ala Arg Trp Asn Ala Glu Ile Cys Asp
20 25 30
Arg Leu His Lys His Ala Val Asp Ala Gly Arg Ala Ala
Gly Ala Thr
35 40 45
Val Ser Glu Tyr Arg Val Ile Gly Ala Leu Glu Leu Pro Val Val Val
50 55 60
Gln Glu Leu Ala Arg Thr His Asp Ala Val Val Ala Leu Gly Cys Val
65 70 75 80

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

Leu Asp Thr Ala Leu Val Leu Ser Gln Ile Arg Ala Thr Glu Gly

145 150 155
<210> 565
<211> 600
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(577)
<223> FRXA02249
<400> 565
atgttcgata cctgaaaacc aagcgtgacc gcatgggaca tgacctcca gatgtcgac 60
tgtgggaaca agagcaccca gaaaactaag gagcacaaca atg gct aaa gaa gga 115

Met Ala Lys Glu Gly

	1	5	
ttg ccg gca gtc gaa ctc ccc gac gcc agc gga tta aaa gtc gcc gta			163
Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly Leu Lys Val Ala Val			
	10	15	20
gtc acc gca cgg tgg aac gca gaa atc tgc gac cgc ctg cac aag cac			211
Val Thr Ala Arg Trp Asn Ala Glu Ile Cys Asp Arg Leu His Lys His			
	25	30	35
gca gta gat gcg gga cgt gca gca gga gca acg gtg agc gaa tac cgc			259
Ala Val Asp Ala Gly Arg Ala Ala Gly Ala Thr Val Ser Glu Tyr Arg			
	40	45	50
gtc atc ggc gcc ctg gaa ctt cca gtc gta gtg caa gaa ctg gca cgc			307
Val Ile Gly Ala Leu Glu Leu Pro Val Val Val Gln Glu Leu Ala Arg			
	55	60	65
acc cat gac gca gta gtt gcc ttg ggc tgt gtc gtt cgt ggc ggc acc			355
Thr His Asp Ala Val Val Ala Leu Gly Cys Val Val Arg Gly Gly Thr			
	70	75	80
cca cac ttt gat tac gtg tgc gac tct gtc acc gaa ggc ctc acc cgc			403
Pro His Phe Asp Tyr Val Cys Asp Ser Val Thr Glu Gly Leu Thr Arg			
	90	95	100
att gct ctt gat act tcc acc cca atc ggc aac ggt gtg ttg act acc			451
Ile Ala Leu Asp Thr Ser Thr Pro Ile Gly Asn Gly Val Leu Thr Thr			
	105	110	115
aac acc gaa gag caa gcc gtg gaa cgc tcc ggt gga gaa ggc tct gta			499
Asn Thr Glu Glu Gln Ala Val Glu Arg Ser Gly Gly Glu Gly Ser Val			
	120	125	130
gag gac aaa ggc gca gag gca atg gtc gct gca ctc gat act gcc ctc			547
Glu Asp Lys Gly Ala Glu Ala Met Val Ala Ala Leu Asp Thr Ala Leu			
	135	140	145
gtg ctt tct caa att cgt gca act gag ggt tagactgttc tttaaaaggt			597
Val Leu Ser Gln Ile Arg Ala Thr Glu Gly			
150	155		
ttg			600
<210> 566			
<211> 159			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 566			
Met Ala Lys Glu Gly Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly			
1	5	10	15
Leu Lys Val Ala Val Val Thr Ala Arg Trp Asn Ala Glu Ile Cys Asp			
	20	25	30
Arg Leu His Lys His Ala Val Asp Ala Gly Arg Ala Ala			
Gly Ala Thr			
35	40	45	

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

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

Leu Asp Thr Ala Leu Val Leu Ser Gln Ile Arg Ala Thr Glu Gly

145 150 155

<210> 567

<211> 702

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(679)

<223> RXA02250

<400> 567

caactgaggg ttagactgtt ctttaaaagg ttgacgcct cggtttaatg cctagcagga 60
 tgcgcgccac cgctaattag ttctaaggat ttgtgaaatc gtg aca acc aac gcc 115
 Val Thr Thr Asn Ala

1 5
 ccc gac gga gca acg aac aac atc aac aac gca cat tcg ggc gct gtc 163
 Pro Asp Gly Ala Thr Asn Asn Ile Asn Asn Ala His Ser Gly Ala Val

10 15 20
 ggg aag cca aag gta cag ctc agc gat gcg gaa att cag gaa tac acc 211
 Gly Lys Pro Lys Val Gln Leu Ser Asp Ala Glu Ile Gln Glu Tyr Thr

25 30 35
 gca gct ttc gct ggc acc acc aca acc aag cca tgg gag ctg gag gtg 259
 Ala Ala Phe Ala Gly Thr Thr Thr Thr Lys Pro Trp Glu Leu Glu Val

40 45 50
 acc aca aag ttt ctg aaa aag atc gcg tgg gta gcc gtg gtt gtc atc 307
 Thr Thr Lys Phe Leu Lys Lys Ile Ala Trp Val Ala Val Val Val Ile

55 60 65
 atg gcc gtt cac atc ttc atg ggt gcc gtg gtg gac gtc gat ttc acc 355
 Met Ala Val His Ile Phe Met Gly Ala Val Val Asp Val Asp Phe Thr

70 75 80 85
 ggt gca gcg gtc acc ttt gtt gac act ctg gca ttc cca gcg ttg ggc 403
 Gly Ala Ala Val Thr Phe Val Asp Thr Leu Ala Phe Pro Ala Leu Gly

90 95 100

atc atc ttc tcc gtt ctt gtg ttc ttg gga ctg act cgc cct cgc gtg 451
Ile Ile Phe Ser Val Leu Val Phe Leu Gly Leu Thr Arg Pro Arg Val

105 110 115
cgt gcc aac gaa gac ggc gtt gag gtg cgt aac ttc atc gga act cgt 499
Arg Ala Asn Glu Asp Gly Val Glu Val Arg Asn Phe Ile Gly Thr Arg

120 125 130
ttc tac cca tgg gtt gtc atc tac ggc atg tct ttc ccc aag ggc agc 547
Phe Tyr Pro Trp Val Val Ile Tyr Gly Met Ser Phe Pro Lys Gly Ser

135 140 145
agc gtg gca cgt ttg gag ctt cca gac ttt gaa ttc gtt ccc atg tgg 595
Ser Val Ala Arg Leu Glu Leu Pro Asp Phe Glu Phe Val Pro Met Trp

150 155 160 165
gct ttc cag tcc cgc gat gga gaa gat gtg gtg cgc gcg gtt gcg acc 643
Ala Phe Gln Ser Arg Asp Gly Glu Asp Val Val Arg Ala Val Ala Thr

170 175 180
ttc cgc gac ctc gaa aac aag tac atg cca gag gac taattaagct 689
Phe Arg Asp Leu Glu Asn Lys Tyr Met Pro Glu Asp

185 190
gtggctgac caa 702
<210> 568
<211> 193
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 568
Val Thr Thr Asn Ala Pro Asp Gly Ala Thr Asn Asn Ile Asn Asn Ala
1 5 10 15
His Ser Gly Ala Val Gly Lys Pro Lys Val Gln Leu Ser Asp Ala Glu
20 25 30
Ile Gln Glu Tyr Thr Ala Ala Phe Ala Gly Thr
Thr Thr Thr Lys Pro
35 40 45
Trp Glu Leu Glu Val Thr Thr Lys Phe Leu Lys Lys Ile Ala Trp Val
50 55 60
Ala Val Val Val Ile Met Ala Val His Ile Phe Met Gly Ala Val Val
65 70 75 80
Asp Val Asp Phe Thr Gly Ala Ala Val Thr Phe Val Asp Thr Leu Ala
85 90 95
Phe Pro Ala Leu Gly Ile Ile Phe Ser Val Leu Val Phe Leu Gly Leu
100 105 110
Thr Arg Pro Arg Val Arg Ala Asn Glu Asp Gly Val Glu Val Arg Asn
115 120 125
Phe Ile Gly Thr Arg Phe Tyr Pro Trp Val Val Ile Tyr Gly Met Ser
130 135 140
Phe Pro Lys Gly Ser Ser Val Ala Arg Leu Glu Leu Pro Asp Phe Glu
145 150 155 160
Phe Val Pro Met Trp Ala Phe Gln Ser Arg Asp Gly Glu Asp Val Val
165 170 175

Arg Ala Val Ala Thr Phe Arg Asp Leu Glu Asn Lys Tyr Met Pro Glu
180 185 190
Asp

<210> 569
<211> 1146
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1123)
<223> RXA01489
<400> 569
gtcatgggat gtcattccgg cgggcttgtc gacgatcacg agtccaggtt taggggcagg 60
agcattcatg tctgttgagt ctatgccgta gtctaaaaca gtg gat att tgg agt 115
Val Asp Ile Trp Ser

1 5
gga cta gac agc gtt ccg gct gat ctt caa gga tca gta gtc acc att 163
Gly Leu Asp Ser Val Pro Ala Asp Leu Gln Gly Ser Val Val Thr Ile

10 15 20
ggt gtg ttt gat ggg ctc cac cgg ggg cat caa agt tta atc ggc gag 211
Gly Val Phe Asp Gly Leu His Arg Gly His Gln Ser Leu Ile Gly Glu

25 30 35
gcc aag aag cag gcc gag gag ctg ggt gtg cct tgt gtc atg gtg acc 259
Ala Lys Lys Gln Ala Glu Glu Leu Gly Val Pro Cys Val Met Val Thr

40 45 50
ttt gac ccg cat ccg atc gct gtg ttt ttg cca ggt aaa gag cca acc 307
Phe Asp Pro His Pro Ile Ala Val Phe Leu Pro Gly Lys Glu Pro Thr

55 60 65
cgt ttg gct cct ttg gat tat cgc ctt aat ttg gct gcg gaa tgt ggc 355
Arg Leu Ala Pro Leu Asp Tyr Arg Leu Asn Leu Ala Ala Glu Cys Gly

70 75 80 85
gtc gat gct gcg ttg gtt att gat ttc act aaa gaa ctc gca ggt ctg 403
Val Asp Ala Ala Leu Val Ile Asp Phe Thr Lys Glu Leu Ala Gly Leu

90 95 100
agc gct gaa gag tat ttc aca acc atg atc gtg gat acg ctg cat gcg 451
Ser Ala Glu Glu Tyr Phe Thr Thr Met Ile Val Asp Thr Leu His Ala

105 110 115
cgt tca gtt gtg gtg ggg gag aac ttc acc ttc ggt gtc aat ggc gct 499
Arg Ser Val Val Val Gly Glu Asn Phe Thr Phe Gly Val Asn Gly Ala

120 125 130
ggc act gag tcc acg atg cgg gaa ttg gga caa aag ttt ggc gtg aat 547
Gly Thr Glu Ser Thr Met Arg Glu Leu Gly Gln Lys Phe Gly Val Asn

135 140 145
gtc acg att gct ccg ctg ctg cat gat gat gac cag cgt att tgc tcc 595

Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp Gln Arg Ile Cys Ser

150 155 160 165
acc ttg gtg cgc gat tac ttg gat cag ggc gag gtt gag cgc gcg aac 643
Thr Leu Val Arg Asp Tyr Leu Asp Gln Gly Glu Val Glu Arg Ala Asn

170 175 180
tgg gcg ctt ggt cga cgc tat gcc gtg cgc ggc gaa gtt gtc cgt ggt 691
Trp Ala Leu Gly Arg Arg Tyr Ala Val Arg Gly Glu Val Val Arg Gly

185 190 195
gct ggc cgt ggc ggc aaa gaa ttg ggc tat ccc acc gcg aat ctc tac 739
Ala Gly Arg Gly Gly Lys Glu Leu Gly Tyr Pro Thr Ala Asn Leu Tyr

200 205 210
ctg ccg acc tct gtg gcg ctg ccc gcc gat ggc gtg tat gca ggc tgg 787
Leu Pro Thr Ser Val Ala Leu Pro Ala Asp Gly Val Tyr Ala Gly Trp

215 220 225
ttc acc atc acc gat gac cgc gaa atc gac aag gaa atc tcc cgc gat 835
Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys Glu Ile Ser Arg Asp

230 235 240 245
atc gac ggc acc atg gtt cca ggc gtg cgt tac caa act gcc att tcc 883
Ile Asp Gly Thr Met Val Pro Gly Val Arg Tyr Gln Thr Ala Ile Ser

250 255 260
gtg ggc acc aat ccc acc ttc ggc gat gag cga cgc agc gtc gag gca 931
Val Gly Thr Asn Pro Thr Phe Gly Asp Glu Arg Arg Ser Val Glu Ala

265 270 275
ttc atc ctc gac cag gaa gcc gac ctg tac ggt cac cat gtc atg gtg 979
Phe Ile Leu Asp Gln Glu Ala Asp Leu Tyr Gly His His Val Met Val

280 285 290
gaa ttc gtg gga cac ttg cgc gac atg gtc aaa ttc aac ggc gtc gac 1027
Glu Phe Val Gly His Leu Arg Asp Met Val Lys Phe Asn Gly Val Asp

295 300 305
gag cta cta gac gcc atg gcc cga gat gtc acc aac gcc cgc gac atc 1075
Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr Asn Ala Arg Asp Ile

310 315 320 325
ctt gcc aaa gac aaa ttg ctt ctc gac gcc gac acc cag ccc agc gct 1123
Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp Thr Gln Pro Ser Ala

330 335 340
taaggccggt caccggccat caa 1146
<210> 570
<211> 341
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 570
Val Asp Ile Trp Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Ala Asp Leu Gln Gly
1 5 10 15
Ser Val Val Thr Ile Gly Val Phe Asp Gly Leu His Arg Gly His Gln

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

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

 Lys Phe Gly Val Asn Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp
 145 150 155 160

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

 Val Tyr Ala Gly Trp Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys
 225 230 235 240

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

 Phe Asn Gly Val Asp Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr
 305 310 315 320

 Asn Ala Arg Asp Ile Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp
 325 330 335
 Thr Gln Pro Ser Ala

340

<210> 571
 <211> 1197
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1174)
 <223> RXA02135
 <400> 571
 cgtgtcgcag cgatttgcga gagggttgtc ttcgtggttg ctggctgcc actagagttg 60
 aaaacgtttt aagaaaacag tcggtttgaa ggagttgtta atg gtt cca gca gag 115
 Met Val Pro Ala Glu
 1 5
 ctt ttt gcg cgt gtg gaa ttt ccg gat cat aaa atc ctg gct cag acg 163
 Leu Phe Ala Arg Val Glu Phe Pro Asp His Lys Ile Leu Ala Gln Thr
 10 15 20
 aag gat ttc cat gac tcc ctc acc aag cca ccc gga tct ttg ggc aag 211
 Lys Asp Phe His Asp Ser Leu Thr Lys Pro Pro Gly Ser Leu Gly Lys
 25 30 35
 ttg gag cag atc ggc tgt ttc att tcc gca tgc cag ggc cag att ccg 259
 Leu Glu Gln Ile Gly Cys Phe Ile Ser Ala Cys Gln Gly Gln Ile Pro
 40 45 50
 cca cgt cca ctc aac aac tca aag atc gtt gtt ttc gct ggc gat cac 307
 Pro Arg Pro Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val Phe Ala Gly Asp His
 55 60 65
 ggc gtt gca act aaa ggc gtg tcc gcg tac cca tcc tca gta agc ttg 355
 Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro Ser Ser Val Ser Leu
 70 75 80 85
 cag atg gct gaa aac att aca aac ggt ggc gcc gcc atc aac gtg att 403
 Gln Met Ala Glu Asn Ile Thr Asn Gly Gly Ala Ala Ile Asn Val Ile
 90 95 100
 gca cgc acc acc ggc acg tcc gtc cga ctt att gat acc tcc ctc gac 451
 Ala Arg Thr Thr Gly Thr Ser Val Arg Leu Ile Asp Thr Ser Leu Asp
 105 110 115
 cac gaa gca tgg ggc gac gag cgc gta tct agg tcc tgc gga tcc atc 499
 His Glu Ala Trp Gly Asp Glu Arg Val Ser Arg Ser Cys Gly Ser Ile
 120 125 130
 gat gtt gaa gac gcc atg acc caa gaa cag gtc gaa cgc gca ctg aag 547
 Asp Val Glu Asp Ala Met Thr Gln Glu Gln Val Glu Arg Ala Leu Lys
 135 140 145
 atc ggt aag cgc att gcg gat caa gaa gtg gac gca ggc gcc gac att 595
 Ile Gly Lys Arg Ile Ala Asp Gln Glu Val Asp Ala Gly Ala Asp Ile
 150 155 160 165
 tta atc ccc ggc gat tta gga att ggc aac acc acc acc gcc gct gcc 643
 Leu Ile Pro Gly Asp Leu Gly Ile Gly Asn Thr Thr Thr Ala Ala Ala
 170 175 180
 ctc gtt gga acg ttc acc ctc gca gag cct gtt gtt gtc gta ggc cgc 691
 Leu Val Gly Thr Phe Thr Leu Ala Glu Pro Val Val Val Val Gly Arg

185	190	195	
ggc acc gga atc gac gat gaa gcc tgg aaa ctc aaa gtc tcc gcg atc			739
Gly Thr Gly Ile Asp Asp Glu Ala Trp Lys Leu Lys Val Ser Ala Ile			
200	205	210	
cgc gac gcc atg ttc cgc gcc cgc gac ctg cgc caa gac ccc atc gcc			787
Arg Asp Ala Met Phe Arg Ala Arg Asp Leu Arg Gln Asp Pro Ile Ala			
215	220	225	
atc gcc cgg aaa atc tct tcc cca gac ctt gca gcc atg gca gca ttc			835
Ile Ala Arg Lys Ile Ser Ser Pro Asp Leu Ala Ala Met Ala Ala Phe			
230	235	240	245
att gcc caa gca gca gtt cga cgc acc ccc gtg ctt ctc gac ggc gtt			883
Ile Ala Gln Ala Ala Val Arg Arg Thr Pro Val Leu Leu Asp Gly Val			
250	255	260	
gta gtc acc gcc gca gcc ctc cta gcc aac aaa ctg gcc cca ggt gcc			931
Val Val Thr Ala Ala Ala Leu Leu Ala Asn Lys Leu Ala Pro Gly Ala			
265	270	275	
agg cgt tgg ttc atc gca gga cac cgc tcc acc gaa cca gcg cat tcc			979
Arg Arg Trp Phe Ile Ala Gly His Arg Ser Thr Glu Pro Ala His Ser			
280	285	290	
gta gct cta aac gca ctg gcc ctt gat ccc atc ctg gaa ctt gga atg			1027
Val Ala Leu Asn Ala Leu Ala Leu Asp Pro Ile Leu Glu Leu Gly Met			
295	300	305	
tcc ctt ggc gaa ggc tcc ggc gca gcc acc gca ctc ccc ctg gtc aag			1075
Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala Leu Pro Leu Val Lys			
310	315	320	325
att gcc gtt gac ctg atg aac gac atg tcg aca ttt tct tcc gcc ggc			1123
Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr Phe Ser Ser Ala Gly			
330	335	340	
gtc gat gga ccc cta aac gcc tct tcc gaa gcg ccc gag caa aac acg			1171
Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala Pro Glu Gln Asn Thr			
345	350	355	
gag taactttcta agcgaatgcc gcc			1197
Glu			

<210> 572

<211> 358

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 572

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

Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val
50 55 60
Phe Ala Gly Asp His Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro
65 70 75 80

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

Glu Arg Ala Leu Lys Ile Gly Lys Arg Ile Ala Asp Gln Glu Val Asp
145 150 155 160

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

Gln Asp Pro Ile Ala Ile Ala Arg Lys Ile Ser Ser Pro Asp Leu Ala
225 230 235 240

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

Leu Glu Leu Gly Met Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala
305 310 315 320

Leu Pro Leu Val Lys Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr
325 330 335
Phe Ser Ser Ala Gly Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala
340 345 350
Pro Glu Gln Asn Thr Glu

355
<210> 573
<211> 1146
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1123)

<223> RXA01489

<400> 573

gtcatgggat gtcattccgg cgggtttgtc gacgatcacg agtccaggtt taggggcagg 60
agcattcatg tctgttgagt ctatgccgta gtctaaaaca gtg gat att tgg agt 115
Val Asp Ile Trp Ser

1 5
gga cta gac agc gtt ccg gct gat ctt caa gga tca gta gtc acc att 163
Gly Leu Asp Ser Val Pro Ala Asp Leu Gln Gly Ser Val Val Thr Ile

10 15 20
ggt gtg ttt gat ggg ctc cac cgg ggg cat caa agt tta atc ggc gag 211
Gly Val Phe Asp Gly Leu His Arg Gly His Gln Ser Leu Ile Gly Glu

25 30 35
gcc aag aag cag gcc gag gag ctg ggt gtg cct tgt gtc atg gtg acc 259
Ala Lys Lys Gln Ala Glu Glu Leu Gly Val Pro Cys Val Met Val Thr

40 45 50
ttt gac ccg cat ccg atc gct gtg ttt ttg cca ggt aaa gag cca acc 307
Phe Asp Pro His Pro Ile Ala Val Phe Leu Pro Gly Lys Glu Pro Thr

55 60 65
cgt ttg gct cct ttg gat tat cgc ctt aat ttg gct gcg gaa tgt ggc 355
Arg Leu Ala Pro Leu Asp Tyr Arg Leu Asn Leu Ala Ala Glu Cys Gly

70 75 80 85
gtc gat gct gcg ttg gtt att gat ttc act aaa gaa ctc gca ggt ctg 403
Val Asp Ala Ala Leu Val Ile Asp Phe Thr Lys Glu Leu Ala Gly Leu

90 95 100
agc gct gaa gag tat ttc aca acc atg atc gtg gat acg ctg cat gcg 451
Ser Ala Glu Glu Tyr Phe Thr Thr Met Ile Val Asp Thr Leu His Ala

105 110 115
cgt tca gtt gtg gtg ggg gag aac ttc acc ttc ggt gtc aat ggc gct 499
Arg Ser Val Val Val Gly Glu Asn Phe Thr Phe Gly Val Asn Gly Ala

120 125 130
ggc act gag tcc acg atg cgg gaa ttg gga caa aag ttt ggc gtg aat 547
Gly Thr Glu Ser Thr Met Arg Glu Leu Gly Gln Lys Phe Gly Val Asn

135 140 145
gtc acg att gct ccg ctg ctg cat gat gat gac cag cgt att tgc tcc 595
Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp Gln Arg Ile Cys Ser

150 155 160 165
acc ttg gtg cgc gat tac ttg gat cag ggc gag gtt gag cgc gcg aac 643
Thr Leu Val Arg Asp Tyr Leu Asp Gln Gly Glu Val Glu Arg Ala Asn

170 175 180
tgg gcg ctt ggt cga cgc tat gcc gtg cgc ggc gaa gtt gtc cgt ggt 691
Trp Ala Leu Gly Arg Arg Tyr Ala Val Arg Gly Glu Val Val Arg Gly

185 190 195
gct ggc cgt ggc ggc aaa gaa ttg ggc tat ccc acc gcg aat ctc tac 739

Ala Gly Arg Gly Gly Lys Glu Leu Gly Tyr Pro Thr Ala Asn Leu Tyr

200 205 210
ctg ccg acc tct gtg gcg ctg ccc gcc gat ggc gtg tat gca ggc tgg 787
Leu Pro Thr Ser Val Ala Leu Pro Ala Asp Gly Val Tyr Ala Gly Trp

215 220 225
ttc acc atc acc gat gac cgc gaa atc gac aag gaa atc tcc cgc gat 835
Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys Glu Ile Ser Arg Asp

230 235 240 245
atc gac ggc acc atg gtt cca ggc gtg cgt tac caa act gcc att tcc 883
Ile Asp Gly Thr Met Val Pro Gly Val Arg Tyr Gln Thr Ala Ile Ser

250 255 260
gtg ggc acc aat ccc acc ttc ggc gat gag cga cgc agc gtc gag gca 931
Val Gly Thr Asn Pro Thr Phe Gly Asp Glu Arg Arg Ser Val Glu Ala

265 270 275
ttc atc ctc gac cag gaa gcc gac ctg tac ggt cac cat gtc atg gtg 979
Phe Ile Leu Asp Gln Glu Ala Asp Leu Tyr Gly His His Val Met Val

280 285 290
gaa ttc gtg gga cac ttg cgc gac atg gtc aaa ttc aac ggc gtc gac 1027
Glu Phe Val Gly His Leu Arg Asp Met Val Lys Phe Asn Gly Val Asp

295 300 305
gag cta cta gac gcc atg gcc cga gat gtc acc aac gcc cgc gac atc 1075
Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr Asn Ala Arg Asp Ile

310 315 320 325
ctt gcc aaa gac aaa ttg ctt ctc gac gcc gac acc cag ccc agc gct 1123
Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp Thr Gln Pro Ser Ala

330 335 340
taaggccggt caccggccat caa 1146
<210> 574
<211> 341
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 574
Val Asp Ile Trp Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Ala Asp Leu Gln Gly
1 5 10 15
Ser Val Val Thr Ile Gly Val Phe Asp Gly Leu His Arg Gly His Gln
20 25 30
Ser Leu Ile Gly Glu Ala
Lys Lys Gln Ala Glu Glu Leu Gly Val Pro
35 40 45
Cys Val Met Val Thr Phe Asp Pro His Pro Ile Ala Val Phe Leu Pro
50 55 60
Gly Lys Glu Pro Thr Arg Leu Ala Pro Leu Asp Tyr Arg Leu Asn Leu
65 70 75 80

Ala Ala Glu Cys Gly Val Asp Ala Ala Leu Val Ile Asp Phe Thr Lys
85 90 95
Glu Leu Ala Gly Leu Ser Ala Glu Glu Tyr Phe Thr Thr Met Ile Val

100 105 110
 Asp Thr Leu His Ala Arg Ser Val Val Val Gly Glu Asn Phe Thr Phe
 115 120 125
 Gly Val Asn Gly Ala Gly Thr Glu Ser Thr Met Arg Glu Leu Gly Gln
 130 135 140

Lys Phe Gly Val Asn Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp
 145 150 155 160

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

Val Tyr Ala Gly Trp Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys
 225 230 235 240

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

Phe Asn Gly Val Asp Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr
 305 310 315 320

Asn Ala Arg Asp Ile Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp
 325 330 335
 Thr Gln Pro Ser Ala

340
 <210> 575
 <211> 805
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (87)..(782)
 <223> RXN01712
 <400> 575

gccggccttag gctcctccga ccagaacccc actggcacct ttggataaca ccattccgtg 60
 taaacaagct ggccctagact tgaaac atg gtc gat atc ttg gaa ctc atc ggt 113
 Met Val Asp Ile Leu Glu Leu Ile Gly

1 5
 ccc cta cct ttt gtg tct acg cca gag tta agg gca att gtc gtg act 161
 Pro Leu Pro Phe Val Ser Thr Pro Glu Leu Arg Ala Ile Val Val Thr

10	15	20	25	
gcc att aat ggt tcc acc act att aat ggc acg tct ggt cag ctt gga	209			
Ala Ile Asn Gly Ser Thr Thr Ile Asn Gly Thr Ser Gly Gln Leu Gly				
	30	35	40	
aat tcc acg gat acg gaa ctt ctg ttg gcg ctt cgc agg tgg tcg gac	257			
Asn Ser Thr Asp Thr Glu Leu Leu Leu Ala Leu Arg Arg Trp Ser Asp				
	45	50	55	
gtg gtg ttg gtt ggg tcg agc acg gtg aag gct gaa aat tat ggt ggc	305			
Val Val Leu Val Gly Ser Ser Thr Val Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly				
	60	65	70	
gtg gag gtt tcg cct gaa atc cag aag caa cgc cag gag ttg ggt cag	353			
Val Glu Val Ser Pro Glu Ile Gln Lys Gln Arg Gln Glu Leu Gly Gln				
	75	80	85	
gaa gcg att ccg ccg att gcg gtg atg tca ggg tcg ttg aat ttt gat	401			
Glu Ala Ile Pro Pro Ile Ala Val Met Ser Gly Ser Leu Asn Phe Asp				
	90	95	100	105
gtg gat act cgc ttt ttc ctt gag gcc gaa gtg ccg ccg atc atc atc	449			
Val Asp Thr Arg Phe Phe Leu Glu Ala Glu Val Pro Pro Ile Ile Ile				
	110	115	120	
acg gat aat tcc gat caa gca aag cag cag cgg ctt gtg gat gct ggg	497			
Thr Asp Asn Ser Asp Gln Ala Lys Gln Gln Arg Leu Val Asp Ala Gly				
	125	130	135	
gct cag gtt att gag gtg gag acg ttg acg gcg gag gtt ggc gtc gaa	545			
Ala Gln Val Ile Glu Val Glu Thr Leu Thr Ala Glu Val Gly Val Glu				
	140	145	150	
aag ctt agg tct ttg ggt tac gcc cgc att gat tgt gag ggc ggt gca	593			
Lys Leu Arg Ser Leu Gly Tyr Ala Arg Ile Asp Cys Glu Gly Gly Ala				
	155	160	165	
acg ttg tat ggg cag atg ttg gcc gcc gat ctt gtt gat gtg tgg cat	641			
Thr Leu Tyr Gly Gln Met Leu Ala Ala Asp Leu Val Asp Val Trp His				
	170	175	180	185
cac acg att gat ccg acg ttg tcg ggc agc gtg gag cgc ccc acg gtg	689			
His Thr Ile Asp Pro Thr Leu Ser Gly Ser Val Glu Arg Pro Thr Val				
	190	195	200	
aag ggc ggc gat gat gcg ccg cgc cga ttc gcg ttg gag cac gtc ttt	737			
Lys Gly Gly Asp Asp Ala Pro Arg Arg Phe Ala Leu Glu His Val Phe				
	205	210	215	
gtc gat gat gac agc acc cta ttc ttg cgg tat aag cgc gcc aag	782			
Val Asp Asp Asp Ser Thr Leu Phe Leu Arg Tyr Lys Arg Ala Lys				
	220	225	230	
tgagtgttg actctccgga tct	805			
<210> 576				
<211> 232				

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 576

```

Met Val Asp Ile Leu Glu Leu Ile Gly Pro Leu Pro Phe Val Ser Thr
  1           5           10           15
Pro Glu Leu Arg Ala Ile Val Val Thr Ala Ile Asn Gly Ser Thr Thr
      20           25           30
Ile Asn Gly Thr Ser Gly Gln Leu
Gly Asn Ser Thr Asp Thr Glu Leu
      35           40           45
Leu Leu Ala Leu Arg Arg Trp Ser Asp Val Val Leu Val Gly Ser Ser
      50           55           60
Thr Val Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly Val Glu Val Ser Pro Glu Ile
      65           70           75           80

```

```

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

```

```

Thr Leu Thr Ala Glu Val Gly Val Glu Lys Leu Arg Ser Leu Gly Tyr
145           150           155           160

```

```

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

```

Phe Leu Arg Tyr Lys Arg Ala Lys

225 230

<210> 577

<211> 578

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (55)..(555)

<223> FRXA01712

<400> 577

```

cttctgttgg cgcttcgcag gtggtcggac gtgggtgttg ttgggtcgag cacg gtg 57
                                   Val
                                   1
aag gct gaa aat tat ggt ggc gtg gag gtt tcg cct gaa atc cag aag 105
Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly Val Glu Val Ser Pro Glu Ile Gln Lys

```

5

10

15

caa cgc cag gag ttg ggt cag gaa gcg att ccg ccg att gcg gtg atg 153
Gln Arg Gln Glu Leu Gly Gln Glu Ala Ile Pro Pro Ile Ala Val Met

20 25 30
tca ggg tcg ttg aat ttt gat gtg gat act cgc ttt ttc ctt gag gcc 201
Ser Gly Ser Leu Asn Phe Asp Val Asp Thr Arg Phe Phe Leu Glu Ala

35 40 45
gaa gtg ccg ccg atc atc atc acg gat aat tcc gat caa gca aag cag 249
Glu Val Pro Pro Ile Ile Ile Thr Asp Asn Ser Asp Gln Ala Lys Gln

50 55 60 65
cag cgg ctt gtg gat gct ggg gct cag gtt att gag gtg gag acg ttg 297
Gln Arg Leu Val Asp Ala Gly Ala Gln Val Ile Glu Val Glu Thr Leu

70 75 80
acg gcg gag gtt ggc gtc gaa aag ctt agg tct ttg ggt tac gcc cgc 345
Thr Ala Glu Val Gly Val Glu Lys Leu Arg Ser Leu Gly Tyr Ala Arg

85 90 95
att gat tgt gag ggc ggt gca acg ttg tat ggg cag atg ttg gcc gcc 393
Ile Asp Cys Glu Gly Gly Ala Thr Leu Tyr Gly Gln Met Leu Ala Ala

100 105 110
gat ctt gtt gat gtg tgg cat cac acg att gat ccg acg ttg tcg ggc 441
Asp Leu Val Asp Val Trp His His Thr Ile Asp Pro Thr Leu Ser Gly

115 120 125
agc gtg gag cgc ccc acg gtg aag ggc ggc gat gat gcg ccg cgc cga 489
Ser Val Glu Arg Pro Thr Val Lys Gly Gly Asp Asp Ala Pro Arg Arg

130 135 140 145
ttc gcg ttg gag cac gtc ttt gtc gat gat gac agc acc cta ttc ttg 537
Phe Ala Leu Glu His Val Phe Val Asp Asp Asp Ser Thr Leu Phe Leu

150 155 160
cgg tat aag cgc gcc aag tgagtgttg actctccgga tct 578
Arg Tyr Lys Arg Ala Lys

165
<210> 578
<211> 167
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 578
Val Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly Val Glu Val Ser Pro Glu Ile Gln
1 5 10 15
Lys Gln Arg Gln Glu Leu Gly Gln Glu Ala Ile Pro Pro Ile Ala Val
20 25 30
Met Ser Gly Ser Leu Asn Phe Asp Val Asp Thr Arg Phe Phe Leu Glu
35 40 45
Ala
Glu Val Pro Pro Ile Ile Ile Thr Asp Asn Ser Asp Gln Ala Lys
50 55 60
Gln Gln Arg Leu Val Asp Ala Gly Ala Gln Val Ile Glu Val Glu Thr

65	70	75	80
Leu Thr Ala Glu Val Gly Val Glu Lys Leu Arg Ser Leu Gly Tyr Ala			
	85	90	95
Arg Ile Asp Cys Glu Gly Gly Ala Thr Leu Tyr Gly Gln Met Leu Ala			
	100	105	110
Ala Asp Leu Val Asp Val Trp His His Thr Ile Asp Pro Thr Leu Ser			
	115	120	125
Gly Ser Val Glu Arg Pro Thr Val Lys Gly Gly Asp Asp Ala Pro Arg			
	130	135	140
Arg Phe Ala Leu Glu His Val Phe Val Asp Asp Asp Ser Thr Leu Phe			
	145	150	155
			160
Leu Arg Tyr Lys Arg Ala Lys			
	165		
<210> 579			
<211> 831			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(808)			
<223> RXN02384			
<400> 579			
ctgatgaggc ggatatccgc aacatcgaca gcattgatga actcccacct ttgccagctg	60		
aatacagagcc tggctacgag gacgattaag aggtagtcct gtg act cgt cgc ctg	115		
	Val Thr Arg Arg Leu		
	1	5	
att ctg ctc cga cac ggg cag act gaa tac aac gcc acg tcc cga atg	163		
Ile Leu Leu Arg His Gly Gln Thr Glu Tyr Asn Ala Thr Ser Arg Met			
	10	15	20
cag gga caa ttg gac aca gag ctg tct gac ctg ggc ttt caa cag gcg	211		
Gln Gly Gln Leu Asp Thr Glu Leu Ser Asp Leu Gly Phe Gln Gln Ala			
	25	30	35
gcc agc gca gcc tca gtg ctg gtt caa aaa aac atc acc cat gtg ttc	259		
Ala Ser Ala Ala Ser Val Leu Val Gln Lys Asn Ile Thr His Val Phe			
	40	45	50
agc tcg gat ctt tcc cgc gcc ttc aac acc gca agc gcg gtt gcg gcg	307		
Ser Ser Asp Leu Ser Arg Ala Phe Asn Thr Ala Ser Ala Val Ala Ala			
	55	60	65
ctg att gac gcg gag gtg cgc gtc gat aag cgt ctt cgg gaa acg cat	355		
Leu Ile Asp Ala Glu Val Arg Val Asp Lys Arg Leu Arg Glu Thr His			
	70	75	80
ttg ggt gag tgg cag gcc aaa acc cac act gag gtg gat tcc gaa tat	403		
Leu Gly Glu Trp Gln Ala Lys Thr His Thr Glu Val Asp Ser Glu Tyr			
	90	95	100
cca ggt gcg cgc gct caa tgg cgc cac gat ccg cag tgg gca cca ccc	451		

Pro Gly Ala Arg Ala Gln Trp Arg His Asp Pro Gln Trp Ala Pro Pro

105 110 115
ggc ggc gaa tcg cgc gtg gat gtt gcg cgc cgg gca cgc caa gtt gtc 499
Gly Gly Glu Ser Arg Val Asp Val Ala Arg Arg Ala Arg Gln Val Val

120 125 130
gac gag ttg atg gtg tcg ctt gat gat tgg gat gaa ggc acc gtg ctc 547
Asp Glu Leu Met Val Ser Leu Asp Asp Trp Asp Glu Gly Thr Val Leu

135 140 145
atc gtg gct cac ggt ggc acg att aat gcg ctg acc tcg aat ctt ttg 595
Ile Val Ala His Gly Gly Thr Ile Asn Ala Leu Thr Ser Asn Leu Leu

150 155 160 165
gac ctg gcg tat gat cag tac ccc atg ttc tct gga ctt gga aat acc 643
Asp Leu Ala Tyr Asp Gln Tyr Pro Met Phe Ser Gly Leu Gly Asn Thr

170 175 180
tgt tgg gca caa ttg acc gcc cga cct cgc tat tat gca ggt agt gag 691
Cys Trp Ala Gln Leu Thr Ala Arg Pro Arg Tyr Tyr Ala Gly Ser Glu

185 190 195
aac cca gaa gat gac ctc aag att tct tcg gcg gtt tcc aac agc cct 739
Asn Pro Glu Asp Asp Leu Lys Ile Ser Ser Ala Val Ser Asn Ser Pro

200 205 210
cat ttt gag ggc aac aat gtg gaa aac gcc cag tgg tat ctt gac ggc 787
His Phe Glu Gly Asn Asn Val Glu Asn Ala Gln Trp Tyr Leu Asp Gly

215 220 225
tgg aac atg ggt gtt acg cag taaagaagat ggcaataaaa atg 831
Trp Asn Met Gly Val Thr Gln

230 235
<210> 580
<211> 236
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 580
Val Thr Arg Arg Leu Ile Leu Leu Arg His Gly Gln Thr Glu Tyr Asn
1 5 10 15
Ala Thr Ser Arg Met Gln Gly Gln Leu Asp Thr Glu Leu Ser Asp Leu
20 25 30
Gly Phe Gln Gln Ala Ala Ser Ala Ala Ser Val Leu Val Gln Lys Asn
35 40 45

Ile Thr His Val Phe Ser Ser Asp Leu Ser Arg Ala Phe Asn Thr Ala
50 55 60
Ser Ala Val Ala Ala Leu Ile Asp Ala Glu Val Arg Val Asp Lys Arg
65 70 75 80

Leu Arg Glu Thr His Leu Gly Glu Trp Gln Ala Lys Thr His Thr Glu
85 90 95
Val Asp Ser Glu Tyr Pro Gly Ala Arg Ala Gln Trp Arg His Asp Pro
100 105 110

Gln Trp Ala Pro Pro Gly Gly Glu Ser Arg Val Asp Val Ala Arg Arg
 115 120 125
 Ala Arg Gln Val Val Asp Glu Leu Met Val Ser Leu Asp Asp Trp Asp
 130 135 140

Glu Gly Thr Val Leu Ile Val Ala His Gly Gly Thr Ile Asn Ala Leu
 145 150 155 160

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

Trp Tyr Leu Asp Gly Trp Asn Met Gly Val Thr Gln

225 230 235

<210> 581

<211> 453

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(430)

<223> RXN01560

<400> 581

atgggagcaa ggctcattta gctacttcga cgtggaagcg cacatcgttg agttgattcc 60
 tgcacagta agcgatgcgt tttaggcaca tctgcgatcc gtg ggc gtg tcc tac 115
 Val Gly Val Ser Tyr

1 5
 atc atc gcc ggc gat gag cag ctg gat atg gca gaa gcc gtt cgc aaa 163
 Ile Ile Ala Gly Asp Glu Gln Leu Asp Met Ala Glu Ala Val Arg Lys

10 15 20
 att ggg gag acc ttt aaa act gag gaa att atc ctt ggt ggc gga gga 211
 Ile Gly Glu Thr Phe Lys Thr Glu Glu Ile Ile Leu Gly Gly Gly Gly

25 30 35
 acc ctg aac tgg tcc atg ctc cgc gac ggt ttg tgc gac gag gtt agc 259
 Thr Leu Asn Trp Ser Met Leu Arg Asp Gly Leu Cys Asp Glu Val Ser

40 45 50
 atc gtg atg atg cca atc gcc gat ggt gaa aag cac acc cac tct ttg 307
 Ile Val Met Met Pro Ile Ala Asp Gly Glu Lys His Thr His Ser Leu

55 60 65
 ttc gaa gcc gat gaa aaa tac tca gca ccg ttg ccg atc ggt ttt tca 355
 Phe Glu Ala Asp Glu Lys Tyr Ser Ala Pro Leu Pro Ile Gly Phe Ser

70 75 80 85
 ctc gcc agc gtt gaa cca cta gaa gat gga agc gtt tgg atg cgt tac 403

Leu Ala Ser Val Glu Pro Leu Glu Asp Gly Ser Val Trp Met Arg Tyr

90 95 100

ggg gtc aat ggc cca gtg gac gcg aac taggtagcaa atactcgctc 450

Gly Val Asn Gly Pro Val Asp Ala Asn

105 110

ttt 453

<210> 582

<211> 110

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 582

Val Gly Val Ser Tyr Ile Ile Ala Gly Asp Glu Gln Leu Asp Met Ala

1 5 10 15

Glu Ala Val Arg Lys Ile Gly Glu Thr Phe Lys Thr Glu Glu Ile Ile

20 25 30

Leu Gly Gly Gly Gly Thr Leu Asn Trp Ser Met Leu Arg Asp Gly Leu

35 40

45

Cys Asp Glu Val Ser Ile Val Met Met Pro Ile Ala Asp Gly Glu Lys

50 55 60

His Thr His Ser Leu Phe Glu Ala Asp Glu Lys Tyr Ser Ala Pro Leu

65 70 75 80

Pro Ile Gly Phe Ser Leu Ala Ser Val Glu Pro Leu Glu Asp Gly Ser

85 90 95

Val Trp Met Arg Tyr Gly Val Asn Gly Pro Val Asp Ala Asn

100 105 110

<210> 583

<211> 1137

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1114)

<223> RXN00667

<400> 583

ggcatcagtg ttigaaggga aaagcaggtc aaacaagggtg cggctgattt gagcgatcac 60

agcaccgaga tctgtgctga agaattcaat gattgggttg atg att gcg ttg aag 115

Met Ile Ala Leu Lys

1 5

tcc atg tct aac agg gta gta caa aag cca aaa atg aaa gcg ccg cta 163

Ser Met Ser Asn Arg Val Val Gln Lys Pro Lys Met Lys Ala Pro Leu

10 15 20

ccc atc cgc gac ggc ctc aac cct tcc cgt gtg cgc ttg ccg ctc gac 211

Pro Ile Arg Asp Gly Leu Asn Pro Ser Arg Val Arg Leu Pro Leu Asp

25 30 35

gcg gcg ccg atc cgc gcc atc gat ttt gtt gaa tac ctc att tcc acg 259

Ala Ala Pro Ile Arg Ala Ile Asp Phe Val Glu Tyr Leu Ile Ser Thr

40 45 50

cag cgc cac cgc aat ccg gcc gac aac gcc gaa gcg ctt caa gcg cgt 307
Gln Arg His Arg Asn Pro Ala Asp Asn Ala Glu Ala Leu Gln Ala Arg

55 60 65
ttc gac gcc gac ctt gtt gtc aac cac tac ggc gag ccc tac gcc ccc 355
Phe Asp Ala Asp Leu Val Val Asn His Tyr Gly Glu Pro Tyr Ala Pro

70 75 80 85
gac acc atg gtt cag ccc gac gac gac att tgg ttc tac cgc atg ccc 403
Asp Thr Met Val Gln Pro Asp Asp Asp Ile Trp Phe Tyr Arg Met Pro

90 95 100
gcc gcc gaa cgg ccg atc cct tac aaa att cat gtc att cac gaa gac 451
Ala Ala Glu Arg Pro Ile Pro Tyr Lys Ile His Val Ile His Glu Asp

105 110 115
gat gac atc ctc gtc att gac aag cca ccc tac cta gca acc atg cct 499
Asp Asp Ile Leu Val Ile Asp Lys Pro Pro Tyr Leu Ala Thr Met Pro

120 125 130
cgt ggc cgc cac atc acc gaa acc gct ctg gtg aaa atg cgt gtg ctg 547
Arg Gly Arg His Ile Thr Glu Thr Ala Leu Val Lys Met Arg Val Leu

135 140 145
act gga aac aac gat ctc acc cca gct cac cgc ctc gat cgc ctg act 595
Thr Gly Asn Asn Asp Leu Thr Pro Ala His Arg Leu Asp Arg Leu Thr

150 155 160 165
tcc ggt gtg tta gtc atg gtg aaa aaa cca gaa ctc cgt ggc gct tac 643
Ser Gly Val Leu Val Met Val Lys Lys Pro Glu Leu Arg Gly Ala Tyr

170 175 180
caa acc ttg ttt gcc cga cgt gag gcg tcc aaa acc tat gag gca atc 691
Gln Thr Leu Phe Ala Arg Arg Glu Ala Ser Lys Thr Tyr Glu Ala Ile

185 190 195
gca gaa ttc gtt cca ggg cta ctt gat gat ggt ccc gcg att tgg gaa 739
Ala Glu Phe Val Pro Gly Leu Leu Asp Asp Gly Pro Ala Ile Trp Glu

200 205 210
tcc cgc atc gaa aaa gaa cgc ggc atc gtg caa gcc ttc gtc gtg gaa 787
Ser Arg Ile Glu Lys Glu Arg Gly Ile Val Gln Ala Phe Val Val Glu

215 220 225
ggc ccc gtc aac gca cgc act gaa ctg gtg tca gtc acc cca gtc gaa 835
Gly Pro Val Asn Ala Arg Thr Glu Leu Val Ser Val Thr Pro Val Glu

230 235 240 245
gac gcc gaa cag agc atc ctc gaa gaa atg cac ggg cca ctc ccc cgc 883
Asp Ala Glu Gln Ser Ile Leu Glu Glu Met His Gly Pro Leu Pro Arg

250 255 260
caa gcg cgc tac gtt cta gcc ccc tca aca ggc aaa acc cac cag ctg 931
Gln Ala Arg Tyr Val Leu Ala Pro Ser Thr Gly Lys Thr His Gln Leu

265 270 275

cgc atc cac atg cgc gac ttc gca gcc ccc atc ctc ggc gac ccc ctc 979
 Arg Ile His Met Arg Asp Phe Ala Ala Pro Ile Leu Gly Asp Pro Leu

 280 285 290
 tac ccc gtc ctc cac gca gtc gac gat gag gac tac acc acc cca atg 1027
 Tyr Pro Val Leu His Ala Val Asp Asp Glu Asp Tyr Thr Thr Pro Met

 295 300 305
 cac ctc atc gcc cgc acg cta acc ttc gtg gat cct caa acc aac gag 1075
 His Leu Ile Ala Arg Thr Leu Thr Phe Val Asp Pro Gln Thr Asn Glu

 310 315 320 325
 gaa cgt acc ttt gtg agt aat cga cct acg gga agt ttg taggcctcgt 1124
 Glu Arg Thr Phe Val Ser Asn Arg Pro Thr Gly Ser Leu

 330 335
 agacatcacc cag 1137
 <210> 584
 <211> 338
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 584
 Met Ile Ala Leu Lys Ser Met Ser Asn Arg Val Val Gln Lys Pro Lys
 1 5 10 15
 Met Lys Ala Pro Leu Pro Ile Arg Asp Gly Leu Asn Pro Ser Arg Val
 20 25 30
 Arg Leu Pro Leu Asp Ala Ala Pro Ile
 Arg Ala Ile Asp Phe Val Glu
 35 40 45
 Tyr Leu Ile Ser Thr Gln Arg His Arg Asn Pro Ala Asp Asn Ala Glu
 50 55 60
 Ala Leu Gln Ala Arg Phe Asp Ala Asp Leu Val Val Asn His Tyr Gly
 65 70 75 80

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

 Lys Met Arg Val Leu Thr Gly Asn Asn Asp Leu Thr Pro Ala His Arg
 145 150 155 160

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

 Ala Phe Val Val Glu Gly Pro Val Asn Ala Arg Thr Glu Leu Val Ser

[illegible]

90	95	100	
gtg tgg ccg att gcg atc gcc ttg gcg atg ctg aca gaa acc gtg caa			451
Val Trp Pro Ile Ala Ile Ala Leu Ala Met Leu Thr Glu Thr Val Gln			
105	110	115	
aac acc ctc att ttc tcc aac atc aac ggc atc ctg ctg ctc atg ttg			499
Asn Thr Leu Ile Phe Ser Asn Ile Asn Gly Ile Leu Leu Leu Met Leu			
120	125	130	
gcg att ttc ctg tgg tgc gtg gtg cac aaa aaa tcc tgg ttg ggc gga			547
Ala Ile Phe Leu Trp Cys Val Val His Lys Lys Ser Trp Leu Gly Gly			
135	140	145	
cta gtc att ggt ttg gcc att ttg atc aaa ccc atg ttc ctg cca ctt			595
Leu Val Ile Gly Leu Ala Ile Leu Ile Lys Pro Met Phe Leu Pro Leu			
150	155	160	165
ctc ttc cta cct ttg gtg aaa aag caa tgg gga tgc ctc atc ctc ggc			643
Leu Phe Leu Pro Leu Val Lys Lys Gln Trp Gly Ser Leu Ile Leu Gly			
170	175	180	
att tta acc cca gtg att ttc aat gca gtg gcc tgg ttc tta gtt ccg			691
Ile Leu Thr Pro Val Ile Phe Asn Ala Val Ala Trp Phe Leu Val Pro			
185	190	195	
gga gca tct gaa tac gtc acc cgc acg atg ccc tac ctt ggt gaa act			739
Gly Ala Ser Glu Tyr Val Thr Arg Thr Met Pro Tyr Leu Gly Glu Thr			
200	205	210	
cga gat ttt gcc aac agc tca ctc cca ggc ttg gcc atc tat ttc gga			787
Arg Asp Phe Ala Asn Ser Ser Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Phe Gly			
215	220	225	
atg ccc acc tgg atg gaa atc acc tgg ttc ctc atc ttc ggc gca atg			835
Met Pro Thr Trp Met Glu Ile Thr Trp Phe Leu Ile Phe Gly Ala Met			
230	235	240	245
gtc ggc ctc gca gtg ctg gca ctc ctg aga ttc cgt aac acc gag cca			883
Val Gly Leu Ala Val Leu Ala Leu Leu Arg Phe Arg Asn Thr Glu Pro			
250	255	260	
tac ttc tgg gca gca acc acc acc ggt gta ctc ctg act ggc gta ttc			931
Tyr Phe Trp Ala Ala Thr Thr Thr Gly Val Leu Leu Thr Gly Val Phe			
265	270	275	
ttc ctg tcc tca ctg gga cag atg tac tac tcc atg atg atc ttc cct			979
Phe Leu Ser Ser Leu Gly Gln Met Tyr Tyr Ser Met Met Ile Phe Pro			
280	285	290	
atg atc ttc acc ctg ctc gga agc cga tcc gta ttc cac aac tgg gtt			1027
Met Ile Phe Thr Leu Leu Gly Ser Arg Ser Val Phe His Asn Trp Val			
295	300	305	
gcc tgg gtc gcc gcc tac ttc tta cta tcc cct gac act ttc acc tcc			1075

Ala Trp Val Ala Ala Tyr Phe Leu Leu Ser Pro Asp Thr Phe Thr Ser

310 315 320 325
cag cga cta ccc gat gta gcc cgc tgg atg gaa ttt ttc agc gcg acc 1123
Gln Arg Leu Pro Asp Val Ala Arg Trp Met Glu Phe Phe Ser Ala Thr

330 335 340
gtt ggt tgg gga cta ttg ata gtg gtt aca ttt gtc tcg gcg cta atc 1171
Val Gly Trp Gly Leu Leu Ile Val Val Thr Phe Val Ser Ala Leu Ile

345 350 355
tgg ttt att ggt gat atc cga gcc aag gga act ccg agc tca ccc att 1219
Trp Phe Ile Gly Asp Ile Arg Ala Lys Gly Thr Pro Ser Ser Pro Ile

360 365 370
acc act gat cca acg cac gac cat ctt gag agg aca gca tgacagactt 1268
Thr Thr Asp Pro Thr His Asp His Leu Glu Arg Thr Ala

375 380 385
caaactcatc agc 1281
<210> 586
<211> 386
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 586
Met Leu Leu Met Ala His Arg Phe Phe Val Leu Ala Ile Asn Gly Ala
1 5 10 15
Val Thr Asp Asp Phe Thr Thr Val Tyr Ser Ala Leu Arg Arg Phe Val
20 25 30
Glu Gly Ile Pro Val Tyr Asn Glu Val
Tyr His Phe Val Asp Pro His
35 40 45
Tyr Leu Tyr Asn Pro Gly Ala Thr Leu Leu Leu Ala Pro Leu Gly Tyr
50 55 60
Ile Thr His Phe Thr Leu Ala Arg Trp Met Phe Ile Ala Val Asn Leu
65 70 75 80

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

Ser Trp Leu Gly Gly Leu Val Ile Gly Leu Ala Ile Leu Ile Lys Pro
145 150 155 160

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

Ala Ile Tyr Phe Gly Met Pro Thr Trp Met Glu Ile Thr Trp Phe Leu
225 230 235 240

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

Phe His Asn Trp Val Ala Trp Val Ala Ala Tyr Phe Leu Leu Ser Pro
305 310 315 320

Asp Thr Phe Thr Ser Gln Arg Leu Pro Asp Val Ala Arg Trp Met Glu
325 330 335
Phe Phe Ser Ala Thr Val Gly Trp Gly Leu Leu Ile Val Val Thr Phe
340 345 350
Val Ser Ala Leu Ile Trp Phe Ile Gly Asp Ile Arg Ala Lys Gly Thr
355 360 365
Pro Ser Ser Pro Ile Thr Thr Asp Pro Thr His Asp His Leu Glu Arg
370 375 380

Thr Ala

385

<210> 587

<211> 777

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(754)

<223> RXC02380

<400> 587

gcagattttt gacgaagtcg catcgtggat tgaagctgcc taaaaactcg cgaggacgca 60
tgctcagcaa ggtggtgtgc gaacactata ctgtccactc atg act aca acg gtg 115
Met Thr Thr Thr Val

1 5
aaa cgc cgc gct cgc att ggc atc atg ggt ggc aca ttt gac ccc att 163
Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly Thr Phe Asp Pro Ile

10 15 20
cat aat ggt cac ctt gtg gcg ggc tca gag gta gcg gat cga ttc gat 211
His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val Ala Asp Arg Phe Asp

25 30 35
ctt gat ctg gtg gtg tac gtt ccc acc gga cag cca tgg caa aag gcg 259
Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln Pro Trp Gln Lys Ala

40 45 50
aac aag aaa gtc agc cca gcg gaa gat cgt tac ctg atg acg gtg atc 307

Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr Leu Met Thr Val Ile

55 60 65
gcc act gcc tct aat cca cgg ttt atg gta tcg cgg gtt gat att gat 355
Ala Thr Ala Ser Asn Pro Arg Phe Met Val Ser Arg Val Asp Ile Asp

70 75 80 85
cgg gga ggg gat act tac acg atc gat acc ctg caa gat ttg agc aag 403
Arg Gly Gly Asp Thr Tyr Thr Ile Asp Thr Leu Gln Asp Leu Ser Lys

90 95 100
caa tac ccg gac gcc cag ctg tac ttc atc acc ggt gcc gat gca ctg 451
Gln Tyr Pro Asp Ala Gln Leu Tyr Phe Ile Thr Gly Ala Asp Ala Leu

105 110 115
gca cag atc gtg acg tgg cgc gat tgg gag aaa acc ttc gaa ctt gcc 499
Ala Gln Ile Val Thr Trp Arg Asp Trp Glu Lys Thr Phe Glu Leu Ala

120 125 130
cac ttc gtt gga gtg act cga ccc ggt tat gaa ttg gat gga aac atc 547
His Phe Val Gly Val Thr Arg Pro Gly Tyr Glu Leu Asp Gly Asn Ile

135 140 145
att ccg gaa atg cac caa gat cga gtc tca ttg gtg gat atc ccc gcc 595
Ile Pro Glu Met His Gln Asp Arg Val Ser Leu Val Asp Ile Pro Ala

150 155 160 165
atg gct att tcc tcc acg gac tgc aga gaa cgc tcc agc gaa gaa cgc 643
Met Ala Ile Ser Ser Thr Asp Cys Arg Glu Arg Ser Ser Glu Glu Arg

170 175 180
cct gtt tgg tat ctt gtc cct gat ggc gtg gtg caa tac att gcc aaa 691
Pro Val Trp Tyr Leu Val Pro Asp Gly Val Val Gln Tyr Ile Ala Lys

185 190 195
cgc caa ctc tat cga cct gaa gga tcc gat aag gat atg gat ccc aag 739
Arg Gln Leu Tyr Arg Pro Glu Gly Ser Asp Lys Asp Met Asp Pro Lys

200 205 210
ggc caa aac caa gca taaatctagt caaaagtttc aac 777
Gly Gln Asn Gln Ala

215
<210> 588
<211> 218
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 588
Met Thr Thr Thr Val Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly
1 5 10 15
Thr Phe Asp Pro Ile His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val
20 25 30
Ala Asp Arg Phe Asp Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln
35 40 45
Pro Trp
Gln Lys Ala Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr

50				55				60							
Leu	Met	Thr	Val	Ile	Ala	Thr	Ala	Ser	Asn	Pro	Arg	Phe	Met	Val	Ser
65				70				75				80			
Arg	Val	Asp	Ile	Asp	Arg	Gly	Gly	Asp	Thr	Tyr	Thr	Ile	Asp	Thr	Leu
				85				90				95			
Gln	Asp	Leu	Ser	Lys	Gln	Tyr	Pro	Asp	Ala	Gln	Leu	Tyr	Phe	Ile	Thr
100				105				110							
Gly	Ala	Asp	Ala	Leu	Ala	Gln	Ile	Val	Thr	Trp	Arg	Asp	Trp	Glu	Lys
115				120				125							
Thr	Phe	Glu	Leu	Ala	His	Phe	Val	Gly	Val	Thr	Arg	Pro	Gly	Tyr	Glu
130				135				140							
Leu	Asp	Gly	Asn	Ile	Ile	Pro	Glu	Met	His	Gln	Asp	Arg	Val	Ser	Leu
145				150				155				160			
Val	Asp	Ile	Pro	Ala	Met	Ala	Ile	Ser	Ser	Thr	Asp	Cys	Arg	Glu	Arg
				165				170				175			
Ser	Ser	Glu	Glu	Arg	Pro	Val	Trp	Tyr	Leu	Val	Pro	Asp	Gly	Val	Val
180				185				190							
Gln	Tyr	Ile	Ala	Lys	Arg	Gln	Leu	Tyr	Arg	Pro	Glu	Gly	Ser	Asp	Lys
195				200				205							
Asp	Met	Asp	Pro	Lys	Gly	Gln	Asn	Gln	Ala						
210				215											
<210> 589															
<211> 777															
<212> DNA															
<213> Corynebacterium glutamicum															
<220>															
<221> CDS															
<222> (101)..(754)															
<223> FRXA02380															
<400> 589															
gcagattttt gacgaagtcg catcgtggat tgaagctgcc taaaaactcg cgaggacgca 60															
tgctcagcaa ggtggtgtgc gaacactata ctgtccactc atg act aca acg gtg 115															
Met Thr Thr Thr Val															
1 5															
aaa cgc cgc gct cgc att ggc atc atg ggt ggc aca ttt gac ccc att 163															
Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly Thr Phe Asp Pro Ile															
10				15				20							
cat aat ggt cac ctt gtg gcg ggc tca gag gta gcg gat cga ttc gat 211															
His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val Ala Asp Arg Phe Asp															
25				30				35							
ctt gat ctg gtg gtg tac gtt ccc acc gga cag cca tgg caa aag gcg 259															
Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln Pro Trp Gln Lys Ala															
40				45				50							
aac aag aaa gtc agc cca gcg gaa gat cgt tac ctg atg acg gtg atc 307															
Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr Leu Met Thr Val Ile															

gcc act gcc tct aat cca cgg ttt atg gta tgc cgg gtt gat att gat 355
Ala Thr Ala Ser Asn Pro Arg Phe Met Val Ser Arg Val Asp Ile Asp

70 75 80 85
cgg gga ggg gat act tac acg atc gat acc ctg caa gat ttg agc aag 403
Arg Gly Gly Asp Thr Tyr Thr Ile Asp Thr Leu Gln Asp Leu Ser Lys

90 95 100
caa tac ccg gac gcc cag ctg tac ttc atc acc ggt gcc gat gca ctg 451
Gln Tyr Pro Asp Ala Gln Leu Tyr Phe Ile Thr Gly Ala Asp Ala Leu

105 110 115
gca cag atc gtg acg tgg cgc gat tgg gag aaa acc ttc gaa ctt gcc 499
Ala Gln Ile Val Thr Trp Arg Asp Trp Glu Lys Thr Phe Glu Leu Ala

120 125 130
cac ttc gtt gga gtg act cga ccc ggt tat gaa ttg gat gga aac atc 547
His Phe Val Gly Val Thr Arg Pro Gly Tyr Glu Leu Asp Gly Asn Ile

135 140 145
att ccg gaa atg cac caa gat cga gtc tca ttg gtg gat atc ccc gcc 595
Ile Pro Glu Met His Gln Asp Arg Val Ser Leu Val Asp Ile Pro Ala

150 155 160 165
atg gct att tcc tcc acg gac tgc aga gaa cgc tcc agc gaa gaa cgc 643
Met Ala Ile Ser Ser Thr Asp Cys Arg Glu Arg Ser Ser Glu Glu Arg

170 175 180
cct gtt tgg tat ctt gtc cct gat ggc gtg gtg caa tac att gcc aaa 691
Pro Val Trp Tyr Leu Val Pro Asp Gly Val Val Gln Tyr Ile Ala Lys

185 190 195
cgc caa ctc tat cga cct gaa gga tcc gat aag gat atg gat ccc aag 739
Arg Gln Leu Tyr Arg Pro Glu Gly Ser Asp Lys Asp Met Asp Pro Lys

200 205 210
ggc caa aac caa gca taaatctagt caaaagtttc aac 777
Gly Gln Asn Gln Ala

215
<210> 590
<211> 218
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 590
Met Thr Thr Thr Val Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly
1 5 10 15
Thr Phe Asp Pro Ile His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val
20 25 30
Ala Asp Arg Phe Asp Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln
35 40 45
Pro Trp
Gln Lys Ala Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr
50 55 60
Leu Met Thr Val Ile Ala Thr Ala Ser Asn Pro Arg Phe Met Val Ser

65	70	75	80
Arg Val Asp Ile Asp Arg Gly Gly Asp Thr Tyr Thr Ile Asp Thr Leu			
	85	90	95
Gln Asp Leu Ser Lys Gln Tyr Pro Asp Ala Gln Leu Tyr Phe Ile Thr			
	100	105	110
Gly Ala Asp Ala Leu Ala Gln Ile Val Thr Trp Arg Asp Trp Glu Lys			
	115	120	125
Thr Phe Glu Leu Ala His Phe Val Gly Val Thr Arg Pro Gly Tyr Glu			
	130	135	140
Leu Asp Gly Asn Ile Ile Pro Glu Met His Gln Asp Arg Val Ser Leu			
145	150	155	160
Val Asp Ile Pro Ala Met Ala Ile Ser Ser Thr Asp Cys Arg Glu Arg			
	165	170	175
Ser Ser Glu Glu Arg Pro Val Trp Tyr Leu Val Pro Asp Gly Val Val			
	180	185	190
Gln Tyr Ile Ala Lys Arg Gln Leu Tyr Arg Pro Glu Gly Ser Asp Lys			
	195	200	205
Asp Met Asp Pro Lys Gly Gln Asn Gln Ala			
	210	215	
<210> 591			
<211> 594			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(571)			
<223> RXC02921			
<400> 591			
tggaaaactg ggaagggttg acgttcgga atctctccgc agcgtcggtt cggaccctaa			60
aaaaggggtga ggaaccacat gagctgtttt aaggaatttt gtg tct gca ctt gaa			115
		Val Ser Ala Leu Glu	
		1	5
gag tcg atc cgc atc gcg acc atc gcg gcg aaa gca gcg gat gaa aag			163
Glu Ser Ile Arg Ile Ala Thr Ile Ala Ala Lys Ala Ala Asp Glu Lys			
	10	15	20
aag gcc gat gac atc gct gtc atc gat gtc tct gac atg atc gca atc			211
Lys Ala Asp Asp Ile Ala Val Ile Asp Val Ser Asp Met Ile Ala Ile			
	25	30	35
acc gat tgc ttt gtt gtt gca tct gct gac aat gag cgc cag gtg ggc			259
Thr Asp Cys Phe Val Val Ala Ser Ala Asp Asn Glu Arg Gln Val Gly			
	40	45	50
gcc att gtt gag gag atc gaa gat gag atg acc aag gct ggt ttc gag			307
Ala Ile Val Glu Glu Ile Glu Asp Glu Met Thr Lys Ala Gly Phe Glu			
	55	60	65
cct aag cgc cgt gaa ggc aac cgc gaa aac cgt tgg gtt ctc ctt gac			355

Pro Lys Arg Arg Glu Gly Asn Arg Glu Asn Arg Trp Val Leu Leu Asp

70 75 80 85
 tac gga ttg gtt gtt atc cac gtt cag cga cag gca gag cgc gag ttc 403
 Tyr Gly Leu Val Val Ile His Val Gln Arg Gln Ala Glu Arg Glu Phe

90 95 100
 tac gga ctg gat cgt ctg tac cgc gac tgc cca ctc att gaa att gaa 451
 Tyr Gly Leu Asp Arg Leu Tyr Arg Asp Cys Pro Leu Ile Glu Ile Glu

105 110 115
 gga ctt gaa acc ttc aag cgt gaa tcc tcc tgg tct gat gag gcg gat 499
 Gly Leu Glu Thr Phe Lys Arg Glu Ser Ser Trp Ser Asp Glu Ala Asp

120 125 130
 atc cgc aac atc gac agc att gat gaa ctc cca cct ttg cca gct gaa 547
 Ile Arg Asn Ile Asp Ser Ile Asp Glu Leu Pro Pro Leu Pro Ala Glu

135 140 145
 tac gag cct ggc tac gag gac gat taagaggtag tcctgtgact cgt 594
 Tyr Glu Pro Gly Tyr Glu Asp Asp

150 155
 <210> 592
 <211> 157
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 592
 Val Ser Ala Leu Glu Glu Ser Ile Arg Ile Ala Thr Ile Ala Ala Lys
 1 5 10 15
 Ala Ala Asp Glu Lys Lys Ala Asp Asp Ile Ala Val Ile Asp Val Ser
 20 25 30
 Asp Met Ile Ala Ile Thr Asp Cys Phe Val Val Ala Ser Ala Asp Asn
 35 40 45
 Glu Arg Gln Val Gly Ala Ile Val Glu Glu Ile Glu Asp Glu Met Thr
 50 55 60
 Lys Ala Gly Phe Glu Pro Lys Arg Arg Glu Gly Asn Arg Glu Asn Arg
 65 70 75 80
 Trp Val Leu Leu Asp Tyr Gly Leu Val Val Ile His Val Gln Arg Gln
 85 90 95
 Ala Glu Arg Glu Phe Tyr Gly Leu Asp Arg Leu Tyr Arg Asp Cys Pro
 100 105 110
 Leu Ile Glu Ile Glu Gly Leu Glu Thr Phe Lys Arg Glu Ser Ser Trp
 115 120 125
 Ser Asp Glu Ala Asp Ile Arg Asn Ile Asp Ser Ile Asp Glu Leu Pro
 130 135 140
 Pro Leu Pro Ala Glu Tyr Glu Pro Gly Tyr Glu Asp Asp

145 150 155
 <210> 593
 <211> 3075
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(3052)

<223> RXC01434

<400> 593

ggtttcctgc gcaccgtgat gattggtgcg gcgctgtcgc cggccatcgc ttcggcgttc 60
aacactgcca acacgtgcc caacctgac actggaaatc gtg ttg ggt gcg gtg 115
Val Leu Gly Ala Val

1 5
ctg aca tcg ctg gtt att ccg gtc ctt acc cgc gcg gaa aaa gaa gac 163
Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg Ala Glu Lys Glu Asp

10 15 20
gcc gac ggc ggt tcc ggg ttc ttc agg cgg ctg ctc acc ctg tcg gtg 211
Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu Leu Thr Leu Ser Val

25 30 35
acg ctg ctg ggt gtc acc atc ctg tcg att atc ggc gcg ccg ctg 259
Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile Ile Gly Ala Pro Leu

40 45 50
ctg aca cgg atg atg ctg tcc tct gag gga caa gtc aac gtg gtc atg 307
Leu Thr Arg Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln Val Asn Val Val Met

55 60 65
tcc acg gcc ttt gcg tat tgg ctg ctg cca cag att ttc ttc tac ggc 355
Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln Ile Phe Phe Tyr Gly

70 75 80 85
ctg ttt gcc ctg ttc atg gct gtg ttg aac acc cgt gaa gtg ttc aaa 403
Leu Phe Ala Leu Phe Met Ala Val Leu Asn Thr Arg Glu Val Phe Lys

90 95 100
ccc ggc gcg tgg gca cct gtt gtc aac aat gtg atc acc ttg acc gtg 451
Pro Gly Ala Trp Ala Pro Val Val Asn Asn Val Ile Thr Leu Thr Val

105 110 115
ctg ggc gtg tac atg gtg ctg cct gcg cgt ttg cac ccg cat gag cag 499
Leu Gly Val Tyr Met Val Leu Pro Ala Arg Leu His Pro His Glu Gln

120 125 130
gtg ggc att ttt gat ccg cag atc att ttc ctc ggc gtg ggc acc acc 547
Val Gly Ile Phe Asp Pro Gln Ile Ile Phe Leu Gly Val Gly Thr Thr

135 140 145
ctt ggt gtg gtt gca cag tgt cta atc atg att ccg tac ctg cgt cgc 595
Leu Gly Val Val Ala Gln Cys Leu Ile Met Ile Pro Tyr Leu Arg Arg

150 155 160 165
gcg ggc att gat atg cgc cct ctg tgg ggt atc gat gcg cgt ttg aag 643
Ala Gly Ile Asp Met Arg Pro Leu Trp Gly Ile Asp Ala Arg Leu Lys

170 175 180
caa ttc ggt ggc atg gcg atg gcg atc atc gtg tac gtg gca atc tcc 691

Gln Phe Gly Gly Met Ala Met Ala Ile Ile Val Tyr Val Ala Ile Ser

185 190 195
cag ttc ggt tac atc acc act cgc att gcg tcg att gca gac gat 739
Gln Phe Gly Tyr Ile Ile Thr Thr Arg Ile Ala Ser Ile Ala Asp Asp

200 205 210
gct gcg ccg ttt att tat cag cag cac tgg atg ttg ctg caa gtt cct 787
Ala Ala Pro Phe Ile Tyr Gln Gln His Trp Met Leu Leu Gln Val Pro

215 220 225
tat ggc atc atc ggc gtc acc ttg ctc acc gcg att atg ccg cga ctg 835
Tyr Gly Ile Ile Gly Val Thr Leu Leu Thr Ala Ile Met Pro Arg Leu

230 235 240 245
tcc cgc aac gcg gca gac ggc gat gat agg gca gta gtc tct gac ctt 883
Ser Arg Asn Ala Ala Asp Gly Asp Asp Arg Ala Val Val Ser Asp Leu

250 255 260
cag ttg ggt tcc aag cta acc ttc atc gca ctg atc ccc atc gtg gtg 931
Gln Leu Gly Ser Lys Leu Thr Phe Ile Ala Leu Ile Pro Ile Val Val

265 270 275
ttc ttc acc gcc ttc ggt gtc cct att gcc aat ggc ctt ttt gcc tac 979
Phe Phe Thr Ala Phe Gly Val Pro Ile Ala Asn Gly Leu Phe Ala Tyr

280 285 290
ggc caa ttc gat gcc aac gcc gcc aac atc ctt ggt tgg act ctg agc 1027
Gly Gln Phe Asp Ala Asn Ala Ala Asn Ile Leu Gly Trp Thr Leu Ser

295 300 305
ttc tct gct ttc acg ctg att cct tac gct ttg gtg ctg cta cat ctg 1075
Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu Val Leu Leu His Leu

310 315 320 325
cgt gtg ttt tat gcg cgt gaa gag gtc tgg acc cca acc ttc atc atc 1123
Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr Pro Thr Phe Ile Ile

330 335 340
gcc ggc atc acc gcc acc aag gtc gtg ctt tcc ctg ttg gca ccg ctg 1171
Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser Leu Leu Ala Pro Leu

345 350 355
ctg tcg agc tcc ccg gag cgt gtg gtg gtg ctt ctt ggt gcg gcc aac 1219
Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu Leu Gly Ala Ala Asn

360 365 370
ggt ttc agt ttc atc acc ggc gcg gtc atc ggc gcg tat ctg ttg cgc 1267
Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly Ala Tyr Leu Leu Arg

375 380 385
aac aaa ctc ggc ctg ttg ggt atg cgc tct ttg gct aaa acc tcc ctg 1315
Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu Ala Lys Thr Ser Leu

390 395 400 405

tgg gcg ttg ggc tct gcg gcg gtt ggt gca gca gca gca tgg gcg ttg	1363
Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala Ala Ala Trp Ala Leu	
410 415 420	
ggg tgg ctg att caa gcc gtc gtg ggc gat ttc ttg ctg ggc act cta	1411
Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe Leu Leu Gly Thr Leu	
425 430 435	
agc tcc gta ggc tac ttg ttg aac ctg gct gtg ttg ggt gtc ttc ttc	1459
Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val Leu Gly Val Phe Phe	
440 445 450	
atc ttc gtc acc ggc atc gtg ttg tca cgt tct ggt ttg ccg gag gtc	1507
Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser Gly Leu Pro Glu Val	
455 460 465	
caa aac ttg ggc cag gca ctg acc cgc atc cca ggt ttg agc cgg ttt	1555
Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro Gly Leu Ser Arg Phe	
470 475 480 485	
att cgc ccg aat acc aag atc tct ttg gat gtc ggc gaa gtc tcc gag	1603
Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val Gly Glu Val Ser Glu	
490 495 500	
cag gat ttc tcc acc cag ctg gtc gcg cca agc gag ttc gca gca acc	1651
Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser Glu Phe Ala Ala Thr	
505 510 515	
cct gtg ccg cca ccg atg tcc gcc ggt att gtc cgc gga cct cgc ctg	1699
Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val Arg Gly Pro Arg Leu	
520 525 530	
gtt ccc ggc gcc cca gtc ggc gac ggt cgt ttc cgt ctg ctc gcc gat	1747
Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe Arg Leu Leu Ala Asp	
535 540 545	
cac ggc ggc gtc caa ggc gcg cgt ttc tgg cag gcc cgc gag atc gcc	1795
His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln Ala Arg Glu Ile Ala	
550 555 560 565	
acc ggc aag gaa gtc gcg ctg atc ttt gtg gat act tcc ggc aac gcc	1843
Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp Thr Ser Gly Asn Ala	
570 575 580	
cca ttt gcg cca ctg tct tcg gca gcc gca gcg ggc atc gcc tac gag	1891
Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ile Ala Tyr Glu	
585 590 595	
gtg cag cgc cgc acc aag aag ctg gcc agc ttg ggc agc ttg gcg gta	1939
Val Gln Arg Arg Thr Lys Lys Leu Ala Ser Leu Gly Ser Leu Ala Val	
600 605 610	
gcc ccc aac atc cac tcc gag gcg tac cgc aac ggt tgc ctc att gtg	1987
Ala Pro Asn Ile His Ser Glu Ala Tyr Arg Asn Gly Cys Leu Ile Val	
615 620 625	

gcc gat tgg gtg cct ggc tcc agc ttg agc gcc gtc gcg gaa tcc ggt 2035
Ala Asp Trp Val Pro Gly Ser Ser Leu Ser Ala Val Ala Glu Ser Gly

630 635 640 645
gcc gat ccc cgc gcc gcc gcg ttc gcg ctc gcg gaa cta act gaa acc 2083
Ala Asp Pro Arg Ala Ala Ala Phe Ala Leu Ala Glu Leu Thr Glu Thr

650 655 660
atc ggc gag gcc cac gag atg ggt atc ccg gcc ggc ttg gac aac aag 2131
Ile Gly Glu Ala His Glu Met Gly Ile Pro Ala Gly Leu Asp Asn Lys

665 670 675
tgc cga att cgt atc aac acc gac ggc cat gcc gtc ctc gcc ttg ccg 2179
Cys Arg Ile Arg Ile Asn Thr Asp Gly His Ala Val Leu Ala Leu Pro

680 685 690
gcg att ttg ccc gat gcc tca gag ctc cgc gac gcc aag tcc ctg gcc 2227
Ala Ile Leu Pro Asp Ala Ser Glu Leu Arg Asp Ala Lys Ser Leu Ala

695 700 705
tcg gcc gcc gag atg ctt atc gac gcg acc ctc gct ccc agc gac gtc 2275
Ser Ala Ala Glu Met Leu Ile Asp Ala Thr Leu Ala Pro Ser Asp Val

710 715 720 725
aag gca atg gtc act gaa gcc cag ggg cta gct aca gaa gac aat ccc 2323
Lys Ala Met Val Thr Glu Ala Gln Gly Leu Ala Thr Glu Asp Asn Pro

730 735 740
gat tac gca tca ctt gcc atg gcg atg cgc acc tgc gga ctg ttc acc 2371
Asp Tyr Ala Ser Leu Ala Met Ala Met Arg Thr Cys Gly Leu Phe Thr

745 750 755
gag gaa cca acc cac ctt gtg gtg aag aag gaa aag aca cca aag cct 2419
Glu Glu Pro Thr His Leu Val Val Lys Lys Glu Lys Thr Pro Lys Pro

760 765 770
gcg aca cgt gat ggt ttc ggt gcc tcc gac tac acc gtc aag ggc atg 2467
Ala Thr Arg Asp Gly Phe Gly Ala Ser Asp Tyr Thr Val Lys Gly Met

775 780 785
gca gcc atc gcc gct gtg gtg atc atc ttg gtt tcc ctg gtg gcc gcc 2515
Ala Ala Ile Ala Ala Val Val Ile Ile Leu Val Ser Leu Val Ala Ala

790 795 800 805
ggt acc gcg ttc ctc acc agc ttc ttc ggc agc agc acc aac gaa caa 2563
Gly Thr Ala Phe Leu Thr Ser Phe Phe Gly Ser Ser Thr Asn Glu Gln

810 815 820
tcc ccg ttg gcc tct gtt gaa gcc acc acc tct gca aca cca gaa cct 2611
Ser Pro Leu Ala Ser Val Glu Ala Thr Thr Ser Ala Thr Pro Glu Pro

825 830 835
gtg ggg cca ccg gtc tac ctg gat ctg gat caa gcc cgc acg tgg gat 2659
Val Gly Pro Pro Val Tyr Leu Asp Leu Asp Gln Ala Arg Thr Trp Asp

840 845 850

gac ggt gca gga aca gat gtc acc gac gtc acc gac ggc aac acc tcc 2707
 Asp Gly Ala Gly Thr Asp Val Thr Asp Val Thr Asp Gly Asn Thr Ser

855 860 865
 acc gca tgg acc tcc acc ggc ggc gac ggc ctc cta gtt gac ctg tcc 2755
 Thr Ala Trp Thr Ser Thr Gly Gly Asp Gly Leu Leu Val Asp Leu Ser

870 875 880 885
 acg cct gcc cgc ctc gac cgc gtc atc ttg acc acc ggc acc ggc tcc 2803
 Thr Pro Ala Arg Leu Asp Arg Val Ile Leu Thr Thr Gly Thr Gly Ser

890 895 900
 gac agc aac gtg acc tcg acc gtg aag atc tac gca ttc aac gac gcc 2851
 Asp Ser Asn Val Thr Ser Thr Val Lys Ile Tyr Ala Phe Asn Asp Ala

905 910 915
 tca cca cac tcc ctg tcg gaa ggc atc gag atc ggc acc gtg gat tat 2899
 Ser Pro His Ser Leu Ser Glu Gly Ile Glu Ile Gly Thr Val Asp Tyr

920 925 930
 tcc ggc cgc agt ctc agc cac agc atc cgc gat tcc tcc aag ctt ccg 2947
 Ser Gly Arg Ser Leu Ser His Ser Ile Arg Asp Ser Ser Lys Leu Pro

935 940 945
 ggt cag gtg gaa tcc gtg gtg att ctg gtc gat gag gtt cgt tcc tca 2995
 Gly Gln Val Glu Ser Val Val Ile Leu Val Asp Glu Val Arg Ser Ser

950 955 960 965
 caa acc tca gac acc aat cca cag atg cag atc gct gaa gta caa ctt 3043
 Gln Thr Ser Asp Thr Asn Pro Gln Met Gln Ile Ala Glu Val Gln Leu

970 975 980
 gtt ggt tgg taaattacgc gttgtgatt gac 3075
 Val Gly Trp

<210> 594
 <211> 984
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 594
 Val Leu Gly Ala Val Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg
 1 5 10 15
 Ala Glu Lys Glu Asp Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu
 20 25 30
 Leu Thr Leu Ser Val Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile
 35 40 45
 Ile Gly Ala Pro Leu Leu Thr Arg
 Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln
 50 55 60
 Val Asn Val Val Met Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln
 65 70 75 80
 Ile Phe Phe Tyr Gly Leu Phe Ala Leu Phe Met Ala Val Leu Asn Thr
 85 90 95
 Arg Glu Val Phe Lys Pro Gly Ala Trp Ala Pro Val Val Asn Asn Val
 100 105 110

Ile Thr Leu Thr Val Leu Gly Val Tyr Met Val Leu Pro Ala Arg Leu
 115 120 125
 His Pro His Glu Gln Val Gly Ile Phe Asp Pro Gln Ile Ile Phe Leu
 130 135 140
 Gly Val Gly Thr Thr Leu Gly Val Val Ala Gln Cys Leu Ile Met Ile
 145 150 155 160
 Pro Tyr Leu Arg Arg Ala Gly Ile Asp Met Arg Pro Leu Trp Gly Ile
 165 170 175
 Asp Ala Arg Leu Lys Gln Phe Gly Gly Met Ala Met Ala Ile Ile Val
 180 185 190
 Tyr Val Ala Ile Ser Gln Phe Gly Tyr Ile Ile Thr Thr Arg Ile Ala
 195 200 205
 Ser Ile Ala Asp Asp Ala Ala Pro Phe Ile Tyr Gln Gln His Trp Met
 210 215 220
 Leu Leu Gln Val Pro Tyr Gly Ile Ile Gly Val Thr Leu Leu Thr Ala
 225 230 235 240
 Ile Met Pro Arg Leu Ser Arg Asn Ala Ala Asp Gly Asp Asp Arg Ala
 245 250 255
 Val Val Ser Asp Leu Gln Leu Gly Ser Lys Leu Thr Phe Ile Ala Leu
 260 265 270
 Ile Pro Ile Val Val Phe Phe Thr Ala Phe Gly Val Pro Ile Ala Asn
 275 280 285
 Gly Leu Phe Ala Tyr Gly Gln Phe Asp Ala Asn Ala Ala Asn Ile Leu
 290 295 300
 Gly Trp Thr Leu Ser Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu
 305 310 315 320
 Val Leu Leu His Leu Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr
 325 330 335
 Pro Thr Phe Ile Ile Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser
 340 345 350
 Leu Leu Ala Pro Leu Leu Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu
 355 360 365
 Leu Gly Ala Ala Asn Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly
 370 375 380
 Ala Tyr Leu Leu Arg Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu
 385 390 395 400
 Ala Lys Thr Ser Leu Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala
 405 410 415
 Ala Ala Trp Ala Leu Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe
 420 425 430
 Leu Leu Gly Thr Leu Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val
 435 440 445
 Leu Gly Val Phe Phe Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser
 450 455 460
 Gly Leu Pro Glu Val Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro
 465 470 475 480

Gly Leu Ser Arg Phe Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val
485 490 495
Gly Glu Val Ser Glu Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser
500 505 510
Glu Phe Ala Ala Thr Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val
515 520 525
Arg Gly Pro Arg Leu Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe
530 535 540
Arg Leu Leu Ala Asp His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln
545 550 555 560
Ala Arg Glu Ile Ala Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp
565 570 575
Thr Ser Gly Asn Ala Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Ala
580 585 590
Gly Ile Ala Tyr Glu Val Gln Arg Arg Thr Lys Lys Leu Ala Ser Leu
595 600 605
Gly Ser Leu Ala Val Ala Pro Asn Ile His Ser Glu Ala Tyr Arg Asn
610 615 620
Gly Cys Leu Ile Val Ala Asp Trp Val Pro Gly Ser Ser Leu Ser Ala
625 630 635 640
Val Ala Glu Ser Gly Ala Asp Pro Arg Ala Ala Ala Phe Ala Leu Ala
645 650 655
Glu Leu Thr Glu Thr Ile Gly Glu Ala His Glu Met Gly Ile Pro Ala
660 665 670
Gly Leu Asp Asn Lys Cys Arg Ile Arg Ile Asn Thr Asp Gly His Ala
675 680 685
Val Leu Ala Leu Pro Ala Ile Leu Pro Asp Ala Ser Glu Leu Arg Asp
690 695 700
Ala Lys Ser Leu Ala Ser Ala Ala Glu Met Leu Ile Asp Ala Thr Leu
705 710 715 720
Ala Pro Ser Asp Val Lys Ala Met Val Thr Glu Ala Gln Gly Leu Ala
725 730 735
Thr Glu Asp Asn Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Ala Met Ala Met Arg Thr
740 745 750
Cys Gly Leu Phe Thr Glu Glu Pro Thr His Leu Val Val Lys Lys Glu
755 760 765
Lys Thr Pro Lys Pro Ala Thr Arg Asp Gly Phe Gly Ala Ser Asp Tyr
770 775 780
Thr Val Lys Gly Met Ala Ala Ile Ala Ala Val Val Ile Ile Leu Val
785 790 795 800
Ser Leu Val Ala Ala Gly Thr Ala Phe Leu Thr Ser Phe Phe Gly Ser
805 810 815
Ser Thr Asn Glu Gln Ser Pro Leu Ala Ser Val Glu Ala Thr Thr Ser
820 825 830
Ala Thr Pro Glu Pro Val Gly Pro Pro Val Tyr Leu Asp Leu Asp Gln
835 840 845
Ala Arg Thr Trp Asp Asp Gly Ala Gly Thr Asp Val Thr Asp Val Thr
850 855 860

Asp Gly Asn Thr Ser Thr Ala Trp Thr Ser Thr Gly Gly Asp Gly Leu
865 870 875 880

Leu Val Asp Leu Ser Thr Pro Ala Arg Leu Asp Arg Val Ile Leu Thr
885 890 895
Thr Gly Thr Gly Ser Asp Ser Asn Val Thr Ser Thr Val Lys Ile Tyr
900 905 910
Ala Phe Asn Asp Ala Ser Pro His Ser Leu Ser Glu Gly Ile Glu Ile
915 920 925
Gly Thr Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Leu Ser His Ser Ile Arg Asp
930 935 940

Ser Ser Lys Leu Pro Gly Gln Val Glu Ser Val Val Ile Leu Val Asp
945 950 955 960

Glu Val Arg Ser Ser Gln Thr Ser Asp Thr Asn Pro Gln Met Gln Ile
965 970 975
Ala Glu Val Gln Leu Val Gly Trp

980

<210> 595
<211> 915
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(892)
<223> RXA01807
<400> 595

gctcaccgag ctggacacca agctccgcgc agtgcaggaa gaacacggcg agctggaaat 60
gcagtggctg gaactcggcg aggaaatcga gggctagtgc atg ccg tgc gca ggc 115
Met Pro Ser Ala Gly

1 5
gag gag att tta gag cag cgc gca cag ctg gag ttt gat cag cgc cgc 163
Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu Phe Asp Gln Arg Arg

10 15 20
gcc gat gtg gtg atg atc ggc agc cag gtg gtt tat ggt tcc gtg ggg 211
Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val Tyr Gly Ser Val Gly

25 30 35
ctc agt gct gcc att ccg gtg atg cac aac gaa ggc ctc cgc gtg gtc 259
Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu Gly Leu Arg Val Val

40 45 50
gct gtc ccc acc gtg gtg tta agt tcc atg ccg cgt tat gca agt tct 307
Ala Val Pro Thr Val Val Leu Ser Ser Met Pro Arg Tyr Ala Ser Ser

55 60 65
cac cgc cag ccg atg tgc gac caa tgg ctc gcc gac gcg ctg caa gac 355
His Arg Gln Pro Met Ser Asp Gln Trp Leu Ala Asp Ala Leu Gln Asp

70 75 80 85
ctg gtg gat ctg ggg att atc gat gag gtt tcc acc att tcc acc ggc 403

Leu Val Asp Leu Gly Ile Ile Asp Glu Val Ser Thr Ile Ser Thr Gly

90 95 100
tat ttt acc tcc gct tct cag gtg cgt gtg gtc gct gcg tgg ctg cag 451
Tyr Phe Thr Ser Ala Ser Gln Val Arg Val Val Ala Ala Trp Leu Gln

105 110 115
aaa atc cgc gaa acc cat ccg cat gtg cgc atc gtg gtg gat ccc atc 499
Lys Ile Arg Glu Thr His Pro His Val Arg Ile Val Val Asp Pro Ile

120 125 130
atg ggg gac agt gac gtg gga att tat gtc gcc gac gag atc gca acc 547
Met Gly Asp Ser Asp Val Gly Ile Tyr Val Ala Asp Glu Ile Ala Thr

135 140 145
gcc atc tgc cag gac tta tgc cct ctg gct acc gga atc att ccc aat 595
Ala Ile Cys Gln Asp Leu Cys Pro Leu Ala Thr Gly Ile Ile Pro Asn

150 155 160 165
gct ttc gag ctc tcc cac atg gtt ggc tcc ggc gat ccg cgc tcg ctg 643
Ala Phe Glu Leu Ser His Met Val Gly Ser Gly Asp Pro Arg Ser Leu

170 175 180
ctc ggc ccg ttt ggc gag tgg atc atc atc acc agc gcc act gaa act 691
Leu Gly Pro Phe Gly Glu Trp Ile Ile Ile Thr Ser Ala Thr Glu Thr

185 190 195
gtg ggc acc acc gtc acc cgc atc gtc acc cgt gac agc gtc cag gaa 739
Val Gly Thr Thr Val Thr Arg Ile Val Thr Arg Asp Ser Val Gln Glu

200 205 210
atc gcc tcc gcc acc gtc gat acc acg gcc aaa ggg gca ggc gac gtc 787
Ile Ala Ser Ala Thr Val Asp Thr Thr Ala Lys Gly Ala Gly Asp Val

215 220 225
tac gcc gca gca tta atc gcc gcc ctg cat aaa gat ttt tcg ctt atc 835
Tyr Ala Ala Ala Leu Ile Ala Ala Leu His Lys Asp Phe Ser Leu Ile

230 235 240 245
gac gcc gcc agc cac gca tcc aac acc gtc tgc gcc ggc ctg cag acc 883
Asp Ala Ala Ser His Ala Ser Asn Thr Val Cys Ala Gly Leu Gln Thr

250 255 260
aaa gcg ctt taggtttcgt ccgtctctga cag 915
Lys Ala Leu

<210> 596
<211> 264
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 596
Met Pro Ser Ala Gly Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu
1 5 10 15
Phe Asp Gln Arg Arg Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val
20 25 30
Tyr Gly Ser Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu

35 40 45
 Gly Leu Arg Val Val Ala Val Pro
 Thr Val Val Leu Ser Ser Met Pro
 50 55 60
 Arg Tyr Ala Ser Ser His Arg Gln Pro Met Ser Asp Gln Trp Leu Ala
 65 70 75 80

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

Asp Glu Ile Ala Thr Ala Ile Cys Gln Asp Leu Cys Pro Leu Ala Thr
 145 150 155 160

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

Gly Ala Gly Asp Val Tyr Ala Ala Ala Leu Ile Ala Ala Leu His Lys
 225 230 235 240

Asp Phe Ser Leu Ile Asp Ala Ala Ser His Ala Ser Asn Thr Val Cys
 245 250 255

Ala Gly Leu Gln Thr Lys Ala Leu

260

<210> 597

<211> 1461

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1438)

<223> RXN02754

<400> 597

attatgaagc catcgaggtt ggtgtggcct acaagggtga tcatgcgtgg atagtgggtgg 60
 agttcactgt agtccccgct gattccgtag aatcaacaga gtg aat acc aat ccg 115
 Val Asn Thr Asn Pro

1 5
 tct gaa ttc tcc tca aac cgt tca aca gct ctc ctt act gat aaa tat 163
 Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu Leu Thr Asp Lys Tyr

10 15 20
 gag ctg acc atg ctt caa gca gcg ctc gct gat ggt tct gca gaa cgc 211

Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp Gly Ser Ala Glu Arg

25 30 35
ccc tca acg ttt gag gtc ttt agc cgc cgc ctc ccc aac gag cgc cga 259
Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu Pro Asn Glu Arg Arg

40 45 50
tac ggt gtc gtc gca gga aca gca cga gtg ctg aag gcg att cgt gac 307
Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu Lys Ala Ile Arg Asp

55 60 65
ttt gta ttc aca gag gaa caa ctc gcc gat ctt gac ttt tta gac gac 355
Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu Asp Phe Leu Asp Asp

70 75 80 85
cgt acc ctg gaa tac ctc cgc aac tac cga ttc acc ggc caa gtt gat 403
Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe Thr Gly Gln Val Asp

90 95 100
ggc tac cgc gaa ggc gaa atc tac ttc ccg cag tcc cct ctt ctg act 451
Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Leu Leu Thr

105 110 115
gtg cgt ggc acg ttt gca gaa tgc gtc atc cta gaa act gtc att ttg 499
Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu Glu Thr Val Ile Leu

120 125 130
tcc atc atg aat gca gat tct gcc gtc gct tcc gcc gct gcg cgc atg 547
Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser Ala Ala Ala Arg Met

135 140 145
gtc acc gca gct gat ggt cgc ccc atc atc gaa atg gga tcc agg cgc 595
Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu Met Gly Ser Arg Arg

150 155 160 165
acc cac gaa tac tcg gca gtc acc gca tcc cgc gca gca tac ctc gct 643
Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg Ala Ala Tyr Leu Ala

170 175 180
gga ttc tcc acc acc tcc aac ctc gag gcg gcc tac cgc tac gga att 691
Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala Tyr Arg Tyr Gly Ile

185 190 195
cca gca tcc gga acc tcc gcc cac gca tgg act ttg ctg cac atc aac 739
Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr Leu Leu His Ile Asn

200 205 210
gat gac ggc acc ccc aac gaa gca gca gct ttc aaa gca cag gtt gaa 787
Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe Lys Ala Gln Val Glu

215 220 225
tcc ctc ggc gtg gac acc acc ttg ctg gta gat act tat gac atc acc 835
Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp Thr Tyr Asp Ile Thr

230 235 240 245

caa ggt gtg gcc acc gcc att gaa gtt gca ggt cca gac ctt ggt ggc	883
Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly Pro Asp Leu Gly Gly	
250 255 260	
gta cgt atc gac tcc ggc gac cta ggt gtg ctt gcc cga aag gtc cgc	931
Val Arg Ile Asp Ser Gly Asp Leu Gly Val Leu Ala Arg Lys Val Arg	
265 270 275	
aag cag ctc gac gat ctc aac gcc cac aac acc aag att gtg gtc tcc	979
Lys Gln Leu Asp Asp Leu Asn Ala His Asn Thr Lys Ile Val Val Ser	
280 285 290	
tcc gac ctg gat gaa ttc gcc atc gcg ggt ctt cgc ggc gaa cca gtt	1027
Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala Ile Ala Gly Leu Arg Gly Glu Pro Val	
295 300 305	
gac gtc ttt ggc gtt ggc acc tcc gtt gtc aca ggt tct ggc gca cca	1075
Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr Gly Ser Gly Ala Pro	
310 315 320 325	
acc gct ggc ctc gtg tac aag atc ggg gaa gtt gcc ggt cac cct gtg	1123
Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys Ile Gly Glu Val Ala Gly His Pro Val	
330 335 340	
gcc aag cgt tcc cga aac aag gaa agc tac ggt ggt ggc aag aag gct	1171
Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys Glu Ser Tyr Gly Gly Gly Lys Lys Ala	
345 350 355	
gtg cgc acc cac cgc aag tcc ggt acc gca atc gaa gaa atc gtc tac	1219
Val Arg Thr His Arg Lys Ser Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr	
360 365 370	
cca ttc aat gcc gaa gca cca gat act gga aag ctc gac act ttg agc	1267
Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser	
375 380 385	
ctg acc atc cca ttg atg cgc gac ggt gaa atc gtt cca ggt ttg cct	1315
Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile Val Pro Gly Leu Pro	
390 395 400 405	
act ttg gaa gat tcc cga gcg tat ttg gcc aag caa ttg gtc tct tta	1363
Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu	
410 415 420	
cca tgg gaa ggc ctt gca ctg tct cgc gat gag cct gtt ttg cac act	1411
Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu Pro Val Leu His Thr	
425 430 435	
cgt ttc gtg ggt ttc ccg ccg gcc gct tagacaattc ggtctcacca	1458
Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala	
440 445	
aac	1461
<210> 598	
<211> 446	
<212> PRT	

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 598

```

Val Asn Thr Asn Pro Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu
  1             5             10             15
Leu Thr Asp Lys Tyr Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp
      20             25             30
Gly Ser Ala Glu Arg Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser
Arg Arg Leu
      35             40             45
Pro Asn Glu Arg Arg Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu
      50             55             60
Lys Ala Ile Arg Asp Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu
      65             70             75             80

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

Ala Ala Ala Arg Met Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu
      145            150            155            160

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

Lys Ala Gln Val Glu Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp
      225            230            235            240

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

Arg Gly Glu Pro Val Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr
      305            310            315            320

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

```


370 375 380

Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile
385 390 395 400

Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys
405 410 415

Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu
420 425 430

Pro Val Leu His Thr Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala

435 440 445

<210> 599
<211> 871
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(871)
<223> FRXA02405
<400> 599

attatgaagc catcggagtt ggtgtggcct acaagggtga tcatgcgtgg atagtgggtg 60
agttcactgt agtccccgt gattccgtag aatcaacaga gtg aat acc aat ccg 115
Val Asn Thr Asn Pro

1 5

tct gaa ttc tcc tca aac cgt tca aca gct ctc ctt act gat aaa tat 163
Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu Leu Thr Asp Lys Tyr

10 15 20

gag ctg acc atg ctt caa gca gcg ctc gct gat ggt tct gca gaa cgc 211
Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp Gly Ser Ala Glu Arg

25 30 35

ccc tca acg ttt gag gtc ttt agc cgc cgc ctc ccc aac gag cgc cga 259
Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu Pro Asn Glu Arg Arg

40 45 50

tac ggt gtc gtc gca gga aca gca cga gtg ctg aag gcg att cgt gac 307
Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu Lys Ala Ile Arg Asp

55 60 65

ttt gta ttc aca gag gaa caa ctc gcc gat ctt gac ttt tta gac gac 355
Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu Asp Phe Leu Asp Asp

70 75 80 85

cgt acc ctg gaa tac ctc cgc aac tac cga ttc acc ggc caa gtt gat 403
Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe Thr Gly Gln Val Asp

90 95 100

ggc tac cgc gaa ggc gaa atc tac ttc ccg cag tcc cct ctt ctg act 451
Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Leu Leu Thr

105 110 115

gtg cgt ggc acg ttt gca gaa tgc gtc atc cta gaa act gtc att ttg 499

Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu Glu Thr Val Ile Leu

120 125 130
tcc atc atg aat gca gat tct gcc gtc gct tcc gcc gct gcg cgc atg 547
Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser Ala Ala Ala Arg Met

135 140 145
gtc acc gca gct gat ggt cgc ccc atc atc gaa atg gga tcc agg cgc 595
Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu Met Gly Ser Arg Arg

150 155 160 165
acc cac gaa tac tcg gca gtc acc gca tcc cgc gca gca tac ctc gct 643
Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg Ala Ala Tyr Leu Ala

170 175 180
gga ttc tcc acc acc tcc aac ctc gag gcg gcc tac cgc tac gga att 691
Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala Tyr Arg Tyr Gly Ile

185 190 195
cca gca tcc gga acc tcc gcc cac gca tgg act ttg ctg cac atc aac 739
Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr Leu Leu His Ile Asn

200 205 210
gat gac ggc acc ccc aac gaa gca gca gct ttc aaa gca cag gtt gaa 787
Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe Lys Ala Gln Val Glu

215 220 225
tcc ctc ggc gtg gac acc acc ttg ctg gta gat act tat gac atc acc 835
Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp Thr Tyr Asp Ile Thr

230 235 240 245
caa ggt gtg gcc acc gcc att gaa gtt gca ggt cca 871
Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly Pro

250 255
<210> 600
<211> 257
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 600
Val Asn Thr Asn Pro Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu
1 5 10 15
Leu Thr Asp Lys Tyr Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp
20 25 30
Gly Ser Ala Glu Arg Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu
35 40 45
Pro Asn Glu Arg Arg Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu
50 55 60
Lys Ala Ile Arg Asp Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu
65 70 75 80
Asp Phe Leu Asp Asp Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe
85 90 95
Thr Gly Gln Val Asp Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln
100 105 110

Ser Pro Leu Leu Thr Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu
 115 120 125
 Glu Thr Val Ile Leu Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser
 130 135 140

Ala Ala Ala Arg Met Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu
 145 150 155 160

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

Lys Ala Gln Val Glu Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp
 225 230 235 240

Thr Tyr Asp Ile Thr Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly
 245 250 255
 Pro

<210> 601
 <211> 509
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(486)
 <223> FRXA02754
 <400> 601

ccc aca aac acc aag att gtg gtc tcc tcc gac ctg gat gaa ttc gcc 48
 Pro Thr Asn Thr Lys Ile Val Val Ser Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala

1 5 10 15
 atc gcg ggt ctt cgc ggc gaa cca gtt gac gtc ttt ggc gtt ggc acc 96
 Ile Ala Gly Leu Arg Gly Glu Pro Val Asp Val Phe Gly Val Gly Thr

20 25 30
 tcc gtt gtc aca ggt tct ggc gca cca acc gct ggc ctc gtg tac aag 144
 Ser Val Val Thr Gly Ser Gly Ala Pro Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys

35 40 45
 atc ggg gaa gtt gcc ggt cac cct gtg gcc aag cgt tcc cga aac aag 192
 Ile Gly Glu Val Ala Gly His Pro Val Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys

50 55 60
 gaa agc tac ggt ggt ggc aag aag gct gtg cgc acc cac cgc aag tcc 240
 Glu Ser Tyr Gly Gly Gly Lys Lys Ala Val Arg Thr His Arg Lys Ser

65 70 75 80
 ggt acc gca atc gaa gaa atc gtc tac cca ttc aat gcc gaa gca cca 288

Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro

85 90 95

gat act gga aag ctc gac act ttg agc ctg acc atc cca ttg atg cgc 336

Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg

100 105 110

gac ggt gaa atc gtt cca ggt ttg cct act ttg gaa gat tcc cga gcg 384

Asp Gly Glu Ile Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala

115 120 125

tat ttg gcc aag caa ttg gtc tct tta cca tgg gaa ggc ctt gca ctg 432

Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu

130 135 140

tct cgc gat gag cct gtt ttg cac act cgt ttc gtg ggt ttc ccg ccg 480

Ser Arg Asp Glu Pro Val Leu His Thr Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro

145 150 155 160

gcc gct tagacaattc ggtctcacca aac 509

Ala Ala

<210> 602

<211> 162

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 602

Pro Thr Asn Thr Lys Ile Val Val Ser Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala

1 5 10 15

Ile Ala Gly Leu Arg Gly Glu Pro Val Asp Val Phe Gly Val Gly Thr

20 25 30

Ser Val Val Thr Gly Ser Gly Ala Pro Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys

35 40 45

Ile Gly Glu Val Ala Gly His Pro

Val Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys

50 55 60

Glu Ser Tyr Gly Gly Gly Lys Lys Ala Val Arg Thr His Arg Lys Ser

65 70 75 80

Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro

85 90 95

Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg

100 105 110

Asp Gly Glu Ile Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala

115 120 125

Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu

130 135 140

Ser Arg Asp Glu Pro Val Leu His Thr Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro

145 150 155 160

Ala Ala

<210> 603

<211> 960

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(937)

<223> RXA02112

<400> 603

tgaatccgtg gcggcaccgg cgcgagtcgc ttggaaagg atgctatctg ttgttcagc 60
agctcctgtt actcctagct cctcgaagga tgcgtaattt atg act acc cat att 115
Met Thr Thr His Ile

1 5
gac cgc atc gtt ggc gca gcg tta tcc gag gat gcg cca tgg ggc gac 163
Asp Arg Ile Val Gly Ala Ala Leu Ser Glu Asp Ala Pro Trp Gly Asp

10 15 20
att acc tcc gac act ttt atc cca gga tcg gcg cag ctg agc gcc aag 211
Ile Thr Ser Asp Thr Phe Ile Pro Gly Ser Ala Gln Leu Ser Ala Lys

25 30 35
gtt gtt gcc cgg gag cca ggt gtg ttc agc ggg cag gcg ctt tta gac 259
Val Val Ala Arg Glu Pro Gly Val Phe Ser Gly Gln Ala Leu Leu Asp

40 45 50
gcc tcc ttc cgg ctc gtc gat cct agg ata aac gca tcc ctt aag gtg 307
Ala Ser Phe Arg Leu Val Asp Pro Arg Ile Asn Ala Ser Leu Lys Val

55 60 65
gct gat ggt gac agc ttt gaa acc ggg gac atc cta gga aca att acc 355
Ala Asp Gly Asp Ser Phe Glu Thr Gly Asp Ile Leu Gly Thr Ile Thr

70 75 80 85
ggc agt gct aga agc atc ctc cgt tca gag cgc att gct ctc aac ttc 403
Gly Ser Ala Arg Ser Ile Leu Arg Ser Glu Arg Ile Ala Leu Asn Phe

90 95 100
att cag agg acg tcc ggc atc gct aca ttg aca tcg tgc tat gtt gca 451
Ile Gln Arg Thr Ser Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Cys Tyr Val Ala

105 110 115
gag gtt aaa ggc acc aaa gcc cgc att gtt gat acc cgg aaa acc aca 499
Glu Val Lys Gly Thr Lys Ala Arg Ile Val Asp Thr Arg Lys Thr Thr

120 125 130
ccc ggc ctg cgc atc att gaa cgc caa gct gtc cgt gac ggt ggc gga 547
Pro Gly Leu Arg Ile Ile Glu Arg Gln Ala Val Arg Asp Gly Gly Gly

135 140 145
ttt aat cac cga gcc acc ttg tcc gat gct gtc atg gtg aaa gat aac 595
Phe Asn His Arg Ala Thr Leu Ser Asp Ala Val Met Val Lys Asp Asn

150 155 160 165
cat ctc gca gcc atc gca tcc cag ggg ctc agc atc act gaa gcg ctg 643
His Leu Ala Ala Ile Ala Ser Gln Gly Leu Ser Ile Thr Glu Ala Leu

170 175 180
tcg aat atg aaa gct aaa ctc ccc cac acc acc cat gtg gaa gtc gaa 691

Ser Asn Met Lys Ala Lys Leu Pro His Thr Thr His Val Glu Val Glu

185 190 195
 gtt gat cat ata gag cag atc gaa cca gtt ctt gct gct ggt gtg gac 739
 Val Asp His Ile Glu Gln Ile Glu Pro Val Leu Ala Ala Gly Val Asp

200 205 210
 acc atc atg ttg gat aat ttc acc att gat cag ctc atc gaa ggc gtt 787
 Thr Ile Met Leu Asp Asn Phe Thr Ile Asp Gln Leu Ile Glu Gly Val

215 220 225
 gat ctc att ggt gga cgt gca ctg gtg gaa gca tct ggc gga gtc aac 835
 Asp Leu Ile Gly Gly Arg Ala Leu Val Glu Ala Ser Gly Gly Val Asn

230 235 240 245
 ctc aac acc gcg gga aag att gca tca acc ggt gtc gac gtc att tcc 883
 Leu Asn Thr Ala Gly Lys Ile Ala Ser Thr Gly Val Asp Val Ile Ser

250 255 260
 gtt gga gcg ctt acc cat tct gtg cat gca ctt gac cta gga ctc gat 931
 Val Gly Ala Leu Thr His Ser Val His Ala Leu Asp Leu Gly Leu Asp

265 270 275
 att ttc taatgctcta ccttgataat gca 960
 Ile Phe

<210> 604
 <211> 279
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 604

Met Thr Thr His Ile Asp Arg Ile Val Gly Ala Ala Leu Ser Glu Asp
 1 5 10 15
 Ala Pro Trp Gly Asp Ile Thr Ser Asp Thr Phe Ile Pro Gly Ser Ala
 20 25 30
 Gln Leu Ser Ala Lys Val Val Ala Arg Glu Pro Gly Val Phe Ser Gly
 35 40 45
 Gln Ala Leu Leu Asp Ala Ser Phe
 Arg Leu Val Asp Pro Arg Ile Asn
 50 55 60
 Ala Ser Leu Lys Val Ala Asp Gly Asp Ser Phe Glu Thr Gly Asp Ile
 65 70 75 80

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

Arg Asp Gly Gly Gly Phe Asn His Arg Ala Thr Leu Ser Asp Ala Val
 145 150 155 160

Met Val Lys Asp Asn His Leu Ala Ala Ile Ala Ser Gln Gly Leu Ser

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

 Leu Ile Glu Gly Val Asp Leu Ile Gly Gly Arg Ala Leu Val Glu Ala
 225 230 235 240

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

 275
 <210> 605
 <211> 1407
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1384)
 <223> RXA02111
 <400> 605
 gcttgcggga acaccgcacc gccaccccaa actgttcaga ttccaaagat aaattctgac 60
 gctcattcca gccaccggtt tagaagaaaa gacccaatc atg acc acc tca atc 115
 Met Thr Thr Ser Ile

 1 5
 acc cca tet gtc aac ctt gca ttg aaa aat gcc aat agc tgc aac agt 163
 Thr Pro Ser Val Asn Leu Ala Leu Lys Asn Ala Asn Ser Cys Asn Ser

 10 15 20
 gaa ctc aaa gac gga ccc tgg ttc ctc gac cag ccc gga atg ccg gat 211
 Glu Leu Lys Asp Gly Pro Trp Phe Leu Asp Gln Pro Gly Met Pro Asp

 25 30 35
 gtc tac ggc ccc ggc gcg tca caa aac gat ccg atc cct gcg cat gct 259
 Val Tyr Gly Pro Gly Ala Ser Gln Asn Asp Pro Ile Pro Ala His Ala

 40 45 50
 ccg cgc cag cag gtt ctc ccc gag gag tac cag cgc gca agt gat gac 307
 Pro Arg Gln Gln Val Leu Pro Glu Glu Tyr Gln Arg Ala Ser Asp Asp

 55 60 65
 gaa ctg cat cgt agg atc cgg gaa gcg aaa gac acc ctg ggt gac aaa 355
 Glu Leu His Arg Arg Ile Arg Glu Ala Lys Asp Thr Leu Gly Asp Lys

 70 75 80 85
 gtg gtt atc cta gga cac ttc tac cag cgc gat gaa gtt atc caa cac 403
 Val Val Ile Leu Gly His Phe Tyr Gln Arg Asp Glu Val Ile Gln His

90	95	100	
gca gat ttt gtt ggt gac tct ttc caa ctt gcc cgc gct gcc aaa acc			451
Ala Asp Phe Val Gly Asp Ser Phe Gln Leu Ala Arg Ala Ala Lys Thr			
105	110	115	
cga ccc gag gcg gaa gcg att gtg ttc tgc ggt gtg cac ttc atg gct			499
Arg Pro Glu Ala Glu Ala Ile Val Phe Cys Gly Val His Phe Met Ala			
120	125	130	
gaa acc gct gat ctg tta tcc acg gat gaa caa tca gtg atc ctc ccc			547
Glu Thr Ala Asp Leu Leu Ser Thr Asp Glu Gln Ser Val Ile Leu Pro			
135	140	145	
aac ctt gcc gca ggt tgc tcc atg gca gac atg gct gac ctt gat tcc			595
Asn Leu Ala Ala Gly Cys Ser Met Ala Asp Met Ala Asp Leu Asp Ser			
150	155	160	165
gtc gaa gac tgc tgg gag caa ctc acc tca att tat ggc gat gac acc			643
Val Glu Asp Cys Trp Glu Gln Leu Thr Ser Ile Tyr Gly Asp Asp Thr			
170	175	180	
ctg atc cct gtg acc tac atg aat tcc tct gca gcg ctc aaa ggt ttc			691
Leu Ile Pro Val Thr Tyr Met Asn Ser Ser Ala Ala Leu Lys Gly Phe			
185	190	195	
gtg ggt gag cac ggc gga att gta tgc acc tcc tca aat gca cgt tcc			739
Val Gly Glu His Gly Gly Ile Val Cys Thr Ser Ser Asn Ala Arg Ser			
200	205	210	
gta ttg gag tgg gcg ttt gaa cgc ggc caa cga gtc ctg ttc ttc ccc			787
Val Leu Glu Trp Ala Phe Glu Arg Gly Gln Arg Val Leu Phe Phe Pro			
215	220	225	
gat cag cac ttg ggt cga aac acc gcg aaa gcc atg ggc att ggg atc			835
Asp Gln His Leu Gly Arg Asn Thr Ala Lys Ala Met Gly Ile Gly Ile			
230	235	240	245
gat caa atg ccc ctg tgg aat ccc aac aaa cca ctg ggt ggc aac acc			883
Asp Gln Met Pro Leu Trp Asn Pro Asn Lys Pro Leu Gly Gly Asn Thr			
250	255	260	
gtt tcc gag cta gaa aac gca aag gta ctg ctc tgg cat ggt ttc tgc			931
Val Ser Glu Leu Glu Asn Ala Lys Val Leu Leu Trp His Gly Phe Cys			
265	270	275	
tct gta cac aag cgc ttt act gtc gag cag atc aac aaa gcc cgc gcc			979
Ser Val His Lys Arg Phe Thr Val Glu Gln Ile Asn Lys Ala Arg Ala			
280	285	290	
gag tac ccc gac gtt cac gtc atc gtg cac cct gaa tcc ccc atg cca			1027
Glu Tyr Pro Asp Val His Val Ile Val His Pro Glu Ser Pro Met Pro			
295	300	305	
gtt gtt gac gcc gcc gac tca tcc gga tcc act gac ttc att gtg aaa			1075

Val Val Asp Ala Ala Asp Ser Ser Gly Ser Thr Asp Phe Ile Val Lys

310 315 320 325
gcc att caa gca gca ccg gca gga tct acc ttt gcg atc ggc acc gaa 1123
Ala Ile Gln Ala Ala Pro Ala Gly Ser Thr Phe Ala Ile Gly Thr Glu

330 335 340
atc aac ttg gtt cag cgc ctg gca gcc cag tac ccg cag cac acc atc 1171
Ile Asn Leu Val Gln Arg Leu Ala Ala Gln Tyr Pro Gln His Thr Ile

345 350 355
ttc tgc ctc gac cct gtc atc tgc cca tgc tcc acc atg tat cgc att 1219
Phe Cys Leu Asp Pro Val Ile Cys Pro Cys Ser Thr Met Tyr Arg Ile

360 365 370
cac cct ggt tac ctg gcc tgg gca ctt gag gag ttg gtg gct gga aac 1267
His Pro Gly Tyr Leu Ala Trp Ala Leu Glu Glu Leu Val Ala Gly Asn

375 380 385
gtg att aac cag att tct gtc tct gaa tcc gtg gcg gca ccg gcg cga 1315
Val Ile Asn Gln Ile Ser Val Ser Glu Ser Val Ala Ala Pro Ala Arg

390 395 400 405
gtc gct ttg gaa agg atg cta tct gtt gtt cca gca gct cct gtt act 1363
Val Ala Leu Glu Arg Met Leu Ser Val Val Pro Ala Ala Pro Val Thr

410 415 420
cct agc tcc tgc aag gat gcg taatttatga ctacccatat tga 1407
Pro Ser Ser Ser Lys Asp Ala

425
<210> 606
<211> 428
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 606
Met Thr Thr Ser Ile Thr Pro Ser Val Asn Leu Ala Leu Lys Asn Ala
1 5 10 15
Asn Ser Cys Asn Ser Glu Leu Lys Asp Gly Pro Trp Phe Leu Asp Gln
20 25 30
Pro Gly Met Pro Asp Val Tyr Gly Pro Gly Ala Ser Gln Asn Asp Pro
35 40 45
Ile Pro Ala His Ala Pro Arg Gln Gln Val Leu Pro Glu Glu Tyr Gln
50 55 60
Arg Ala Ser Asp Asp Glu Leu His Arg Arg Ile Arg Glu Ala Lys Asp
65 70 75 80
Thr Leu Gly Asp Lys Val Val Ile Leu Gly His Phe Tyr Gln Arg Asp
85 90 95
Glu Val Ile Gln His Ala Asp Phe Val Gly Asp Ser Phe Gln Leu Ala
100 105 110
Arg Ala Ala Lys Thr Arg Pro Glu Ala Glu Ala Ile Val Phe Cys Gly
115 120 125
Val His Phe Met Ala Glu Thr Ala Asp Leu Leu Ser Thr Asp Glu Gln
130 135 140

Ser Val Ile Leu Pro Asn Leu Ala Ala Gly Cys Ser Met Ala Asp Met
145 150 155 160

Ala Asp Leu Asp Ser Val Glu Asp Cys Trp Glu Gln Leu Thr Ser Ile
165 170 175

Tyr Gly Asp Asp Thr Leu Ile Pro Val Thr Tyr Met Asn Ser Ser Ala
180 185 190

Ala Leu Lys Gly Phe Val Gly Glu His Gly Gly Ile Val Cys Thr Ser
195 200 205

Ser Asn Ala Arg Ser Val Leu Glu Trp Ala Phe Glu Arg Gly Gln Arg
210 215 220

Val Leu Phe Phe Pro Asp Gln His Leu Gly Arg Asn Thr Ala Lys Ala
225 230 235 240

Met Gly Ile Gly Ile Asp Gln Met Pro Leu Trp Asn Pro Asn Lys Pro
245 250 255

Leu Gly Gly Asn Thr Val Ser Glu Leu Glu Asn Ala Lys Val Leu Leu
260 265 270

Trp His Gly Phe Cys Ser Val His Lys Arg Phe Thr Val Glu Gln Ile
275 280 285

Asn Lys Ala Arg Ala Glu Tyr Pro Asp Val His Val Ile Val His Pro
290 295 300

Glu Ser Pro Met Pro Val Val Asp Ala Ala Asp Ser Ser Gly Ser Thr
305 310 315 320

Asp Phe Ile Val Lys Ala Ile Gln Ala Ala Pro Ala Gly Ser Thr Phe
325 330 335

Ala Ile Gly Thr Glu Ile Asn Leu Val Gln Arg Leu Ala Ala Gln Tyr
340 345 350

Pro Gln His Thr Ile Phe Cys Leu Asp Pro Val Ile Cys Pro Cys Ser
355 360 365

Thr Met Tyr Arg Ile His Pro Gly Tyr Leu Ala Trp Ala Leu Glu Glu
370 375 380

Leu Val Ala Gly Asn Val Ile Asn Gln Ile Ser Val Ser Glu Ser Val
385 390 395 400

Ala Ala Pro Ala Arg Val Ala Leu Glu Arg Met Leu Ser Val Val Pro
405 410 415

Ala Ala Pro Val Thr Pro Ser Ser Ser Lys Asp Ala

420 425

<210> 607

<211> 954

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(931)

<223> RXA01073

<400> 607

taaccgactc cagcactaaa ctccaaaccc ttggcccgca cgcgcaaagt ttagcgcgcc 60
ccaagacacc accgcgccat gtttgccctag gattaggtac atg aca aac act caa 115

Met Thr Asn Thr Gln																	
1 5																	
acc gag atc att aat gaa cta aag gtg agc cca gca atc gac gtg gcc	163																
Thr Glu Ile Ile Asn Glu Leu Lys Val Ser Pro Ala Ile Asp Val Ala																	
10 15 20																	
aag gaa gtt gaa ttc cgt gtg cag ttc ctc gtc gat tac ctg cgg gct	211																
Lys Glu Val Glu Phe Arg Val Gln Phe Leu Val Asp Tyr Leu Arg Ala																	
25 30 35																	
tcc cat aca aaa ggc ttt gtt ctt ggt att tca ggt ggc cag gat tcc	259																
Ser His Thr Lys Gly Phe Val Leu Gly Ile Ser Gly Gly Gln Asp Ser																	
40 45 50																	
act ctt gcg gga cga ctc acg cag ctg gca gta gag cgc att cgt gcg	307																
Thr Leu Ala Gly Arg Leu Thr Gln Leu Ala Val Glu Arg Ile Arg Ala																	
55 60 65																	
gaa gaa aac agc acg gat tat gtc ttc tac gca gtt cgc ctc ccc tac	355																
Glu Glu Asn Ser Thr Asp Tyr Val Phe Tyr Ala Val Arg Leu Pro Tyr																	
70 75 80 85																	
gcg atc cag gca gat gag gac gat gcg caa gtt gca ttg gaa ttc atc	403																
Ala Ile Gln Ala Asp Glu Asp Asp Ala Gln Val Ala Leu Glu Phe Ile																	
90 95 100																	
gca cct gac aag agc gtg acc gtc aac gtt aaa gac gca acg gac gcc	451																
Ala Pro Asp Lys Ser Val Thr Val Asn Val Lys Asp Ala Thr Asp Ala																	
105 110 115																	
acc gaa gca act gtt gca gct gct ttg gaa ctt cct gag ctg acc gac	499																
Thr Glu Ala Thr Val Ala Ala Ala Leu Glu Leu Pro Glu Leu Thr Asp																	
120 125 130																	
ttc aat cgg ggc aat att aaa gct cgc caa cgc atg gtt gcc cag tac	547																
Phe Asn Arg Gly Asn Ile Lys Ala Arg Gln Arg Met Val Ala Gln Tyr																	
135 140 145																	
gca atc gca ggc cag ttg ggc ttg ctg gtt att ggc act gat cac gcg	595																
Ala Ile Ala Gly Gln Leu Gly Leu Leu Val Ile Gly Thr Asp His Ala																	
150 155 160 165																	
gct gaa aac gtc acg ggg ttc ttc acc aaa ttc ggt gat ggc gca gct	643																
Ala Glu Asn Val Thr Gly Phe Phe Thr Lys Phe Gly Asp Gly Ala Ala																	
170 175 180																	
gac ctg ctt cct ttg gca ggt ttg agc aag cgt caa gga gct gcc att	691																
Asp Leu Leu Pro Leu Ala Gly Leu Ser Lys Arg Gln Gly Ala Ala Ile																	
185 190 195																	
ctg gag cac ctg ggt gca cct tca agc acg tgg acc aag gtt cct acc	739																
Leu Glu His Leu Gly Ala Pro Ser Ser Thr Trp Thr Lys Val Pro Thr																	
200 205 210																	
gct gat ttg gaa gag gat cgc cca gcg ttg cca gat gag gaa gca ctt	787																

Ala Asp Leu Glu Glu Asp Arg Pro Ala Leu Pro Asp Glu Glu Ala Leu

215 220 225
 ggt gtg tcg tat gcg gac atc gat aat tac ctg gaa aac aag ccc gat 835
 Gly Val Ser Tyr Ala Asp Ile Asp Asn Tyr Leu Glu Asn Lys Pro Asp

230 235 240 245
 gtc agt gaa aaa gcc cag cag cgc att gag cac ctg tgg aag gtg ggc 883
 Val Ser Glu Lys Ala Gln Gln Arg Ile Glu His Leu Trp Lys Val Gly

250 255 260
 cag cac aag cgc cac ctc cct gct acc ccg cag gaa aat tgg tgg cgt 931
 Gln His Lys Arg His Leu Pro Ala Thr Pro Gln Glu Asn Trp Trp Arg

265 270 275
 taatccaaca gtttgagtgt cgc 954
 <210> 608
 <211> 277
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 608

Met Thr Asn Thr Gln Thr Glu Ile Ile Asn Glu Leu Lys Val Ser Pro
 1 5 10 15
 Ala Ile Asp Val Ala Lys Glu Val Glu Phe Arg Val Gln Phe Leu Val
 20 25 30
 Asp Tyr Leu Arg Ala Ser His
 Thr Lys Gly Phe Val Leu Gly Ile Ser
 35 40 45
 Gly Gly Gln Asp Ser Thr Leu Ala Gly Arg Leu Thr Gln Leu Ala Val
 50 55 60
 Glu Arg Ile Arg Ala Glu Asn Ser Thr Asp Tyr Val Phe Tyr Ala
 65 70 75 80

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

Met Val Ala Gln Tyr Ala Ile Ala Gly Gln Leu Gly Leu Leu Val Ile
 145 150 155 160

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

Asp Glu Glu Ala Leu Gly Val Ser Tyr Ala Asp Ile Asp Asn Tyr Leu

225	230	235	240	
Glu Asn Lys Pro Asp Val Ser Glu Lys Ala Gln Gln Arg Ile Glu His				
	245	250	255	
Leu Trp Lys Val Gly Gln His Lys Arg His Leu Pro Ala Thr Pro Gln				
	260	265	270	
Glu Asn Trp Trp Arg				
	275			
<210> 609				
<211> 1461				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (101)..(1438)				
<223> RXN02754				
<400> 609				
attatgaagc catcggagtt ggtgtggcct acaagggtga tcatgcgtgg atagtgggtg	60			
agttcactgt agctcccgct gattccgtag aatcaacaga gtg aat acc aat ccg	115			
			Val Asn Thr Asn Pro	
			1	5
tct gaa ttc tcc tca aac cgt tca aca gct ctc ctt act gat aaa tat	163			
Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu Leu Thr Asp Lys Tyr				
	10	15	20	
gag ctg acc atg ctt caa gca gcg ctc gct gat ggt tct gca gaa cgc	211			
Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp Gly Ser Ala Glu Arg				
	25	30	35	
ccc tca acg ttt gag gtc ttt agc cgc cgc ctc ccc aac gag cgc cga	259			
Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu Pro Asn Glu Arg Arg				
	40	45	50	
tac ggt gtc gtc gca gga aca gca cga gtg ctg aag gcg att cgt gac	307			
Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu Lys Ala Ile Arg Asp				
	55	60	65	
ttt gta ttc aca gag gaa caa ctc gcc gat ctt gac ttt tta gac gac	355			
Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu Asp Phe Leu Asp Asp				
	70	75	80	85
cgt acc ctg gaa tac ctc cgc aac tac cga ttc acc ggc caa gtt gat	403			
Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe Thr Gly Gln Val Asp				
	90	95	100	
ggc tac cgc gaa ggc gaa atc tac ttc ccg cag tcc cct ctt ctg act	451			
Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Leu Leu Thr				
	105	110	115	
gtg cgt ggc acg ttt gca gaa tgc gtc atc cta gaa act gtc att ttg	499			
Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu Glu Thr Val Ile Leu				

tcc atc atg aat gca gat tct gcc gtc gct tcc gcc gct gcg cgc atg	547
Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser Ala Ala Ala Arg Met	
135 140 145	
gtc acc gca gct gat ggt cgc ccc atc atc gaa atg gga tcc agg cgc	595
Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu Met Gly Ser Arg Arg	
150 155 160 165	
acc cac gaa tac tcg gca gtc acc gca tcc cgc gca gca tac ctc gct	643
Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg Ala Ala Tyr Leu Ala	
170 175 180	
gga ttc tcc acc acc tcc aac ctc gag gcg gcc tac cgc tac gga att	691
Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala Tyr Arg Tyr Gly Ile	
185 190 195	
cca gca tcc gga acc tcc gcc cac gca tgg act ttg ctg cac atc aac	739
Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr Leu Leu His Ile Asn	
200 205 210	
gat gac ggc acc ccc aac gaa gca gca gct ttc aaa gca cag gtt gaa	787
Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe Lys Ala Gln Val Glu	
215 220 225	
tcc ctc ggc gtg gac acc acc ttg ctg gta gat act tat gac atc acc	835
Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp Thr Tyr Asp Ile Thr	
230 235 240 245	
caa ggt gtg gcc acc gcc att gaa gtt gca ggt cca gac ctt ggt ggc	883
Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly Pro Asp Leu Gly Gly	
250 255 260	
gta cgt atc gac tcc ggc gac cta ggt gtg ctt gcc cga aag gtc cgc	931
Val Arg Ile Asp Ser Gly Asp Leu Gly Val Leu Ala Arg Lys Val Arg	
265 270 275	
aag cag ctc gac gat ctc aac gcc cac aac acc aag att gtg gtc tcc	979
Lys Gln Leu Asp Asp Leu Asn Ala His Asn Thr Lys Ile Val Val Ser	
280 285 290	
tcc gac ctg gat gaa ttc gcc atc gcg ggt ctt cgc ggc gaa cca gtt	1027
Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala Ile Ala Gly Leu Arg Gly Glu Pro Val	
295 300 305	
gac gtc ttt ggc gtt ggc acc tcc gtt gtc aca ggt tct ggc gca cca	1075
Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr Gly Ser Gly Ala Pro	
310 315 320 325	
acc gct ggc ctc gtg tac aag atc ggg gaa gtt gcc ggt cac cct gtg	1123
Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys Ile Gly Glu Val Ala Gly His Pro Val	
330 335 340	
gcc aag cgt tcc cga aac aag gaa agc tac ggt ggt ggc aag aag gct	1171
Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys Glu Ser Tyr Gly Gly Gly Lys Lys Ala	
345 350 355	

gtg cgc acc cac cgc aag tcc ggt acc gca atc gaa gaa atc gtc tac 1219
Val Arg Thr His Arg Lys Ser Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr

360 365 370
cca ttc aat gcc gaa gca cca gat act gga aag ctc gac act ttg agc 1267
Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser

375 380 385
ctg acc atc cca ttg atg cgc gac ggt gaa atc gtt cca ggt ttg cct 1315
Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile Val Pro Gly Leu Pro

390 395 400 405
act ttg gaa gat tcc cga gcg tat ttg gcc aag caa ttg gtc tct tta 1363
Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu

410 415 420
cca tgg gaa ggc ctt gca ctg tct cgc gat gag cct gtt ttg cac act 1411
Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu Pro Val Leu His Thr

425 430 435
cgt ttc gtg ggt ttc ccg ccg gcc gct tagacaattc ggtctcacca 1458
Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala

440 445
aac 1461
<210> 610
<211> 446
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 610
Val Asn Thr Asn Pro Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu
1 5 10 15
Leu Thr Asp Lys Tyr Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp
20 25 30
Gly Ser Ala Glu Arg Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser
Arg Arg Leu
35 40 45
Pro Asn Glu Arg Arg Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu
50 55 60
Lys Ala Ile Arg Asp Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu
65 70 75 80
Asp Phe Leu Asp Asp Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe
85 90 95
Thr Gly Gln Val Asp Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln
100 105 110
Ser Pro Leu Leu Thr Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu
115 120 125
Glu Thr Val Ile Leu Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser
130 135 140
Ala Ala Ala Arg Met Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu
145 150 155 160
Met Gly Ser Arg Arg Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg
165 170 175

Ala Ala Tyr Leu Ala Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala
 180 185 190
 Tyr Arg Tyr Gly Ile Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr
 195 200 205
 Leu Leu His Ile Asn Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe
 210 215 220

Lys Ala Gln Val Glu Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp
 225 230 235 240

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

Arg Gly Glu Pro Val Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr
 305 310 315 320

Gly Ser Gly Ala Pro Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys Ile Gly Glu Val
 325 330 335
 Ala Gly His Pro Val Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys Glu Ser Tyr Gly
 340 345 350
 Gly Gly Lys Lys Ala Val Arg Thr His Arg Lys Ser Gly Thr Ala Ile
 355 360 365
 Glu Glu Ile Val Tyr Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro Asp Thr Gly Lys
 370 375 380

Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile
 385 390 395 400

Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys
 405 410 415
 Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu
 420 425 430
 Pro Val Leu His Thr Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala

435 440 445

<210> 611

<211> 531

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(508)

<223> RXA02299

<400> 611

acgcgggggt tggtagccgga tcgaaatatt cctttccttg tcattctcag ctagtatttc 60
 taaaacttgc aggacaaccc ccataaggac accacaggac atg ctg cgc acc atc 115
 Met Leu Arg Thr Ile

ctc gga agt aag att cac cga gcc act gtc act caa gct gat cta gat 163
 Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr Gln Ala Asp Leu Asp

10 15 20
 tat gtt ggc tct gta acc atc gac gcc gac ctg gtt cac gcc gcc gga 211
 Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu Val His Ala Ala Gly

25 30 35
 ttg atc gaa ggc gaa aaa gtt gcc atc gta gac atc acc aac ggc gct 259
 Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp Ile Thr Asn Gly Ala

40 45 50
 cgt ctg gaa act tat gtc att gtg ggc gac gcc gga acg ggc aat att 307
 Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala Gly Thr Gly Asn Ile

55 60 65
 tgc atc aat ggt gcc gct gca cac ctt att aat cct ggc gat ctt gtg 355
 Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn Pro Gly Asp Leu Val

70 75 80 85
 atc atc atg agc tac ctt cag gca act gat gcg gaa gcc aag gcg tat 403
 Ile Ile Met Ser Tyr Leu Gln Ala Thr Asp Ala Glu Ala Lys Ala Tyr

90 95 100
 gag cca aag att gtg cac gtg gac gcc gac aac cgc atc gtt gcg ctc 451
 Glu Pro Lys Ile Val His Val Asp Ala Asp Asn Arg Ile Val Ala Leu

105 110 115
 ggc aac gat ctt gcg gaa gca cta cct gga tcc ggg ctt ttg acg tcg 499
 Gly Asn Asp Leu Ala Glu Ala Leu Pro Gly Ser Gly Leu Leu Thr Ser

120 125 130
 aga agc att tagcggtttta gctcgccaat att 531
 Arg Ser Ile

135
 <210> 612
 <211> 136
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 612

Met Leu Arg Thr Ile Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr
 1 5 10 15
 Gln Ala Asp Leu Asp Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu
 20 25 30
 Val His Ala Ala Gly Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp
 35 40 45
 Ile Thr Asn Gly
 Ala Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala
 50 55 60
 Gly Thr Gly Asn Ile Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn
 65 70 75 80

Pro Gly Asp Leu Val Ile Ile Met Ser Tyr Leu Gln Ala Thr Asp Ala
 85 90 95
 Glu Ala Lys Ala Tyr Glu Pro Lys Ile Val His Val Asp Ala Asp Asn

```

            100                105                110
Arg Ile Val Ala Leu Gly Asn Asp Leu Ala Glu Ala Leu Pro Gly Ser
            115                120                125
Gly Leu Leu Thr Ser Arg Ser Ile

            130                135
<210> 613
<211> 960
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(937)
<223> RXA01928
<400> 613
gcgagtacgc caccttgggc gattccttgc acgacgccgc gcaggcctac atcgccgata 60
tccacgcggg taccttccca ggccaagcgg agtcctttta atg cag gta gca acc 115
Met Gln Val Ala Thr

            1                5
aca aag cag gcg ctt atc gac gcc ctc ctc cac cac aaa tcc gtc ggg 163
Thr Lys Gln Ala Leu Ile Asp Ala Leu Leu His His Lys Ser Val Gly

            10                15                20
ctc gtc ccc acc atg ggt gcg cta cac agc gga cac gcc tcg ttg gtt 211
Leu Val Pro Thr Met Gly Ala Leu His Ser Gly His Ala Ser Leu Val

            25                30                35
aaa gca gca cgc gct gaa aac gac act gtt gta gcc agt att ttt gtc 259
Lys Ala Ala Arg Ala Glu Asn Asp Thr Val Val Ala Ser Ile Phe Val

            40                45                50
aat ccc ctg cag ttt gaa gca ctc ggt gat tgc gat gat tac cgc aac 307
Asn Pro Leu Gln Phe Glu Ala Leu Gly Asp Cys Asp Asp Tyr Arg Asn

            55                60                65
tat ccc cgc caa ctc gac gcc gat tta gca ctg ctt gaa gag gca ggt 355
Tyr Pro Arg Gln Leu Asp Ala Asp Leu Ala Leu Leu Glu Glu Ala Gly

            70                75                80                85
gtg gat att gtg ttc gca ccc gat gtg gag gaa atg tac ccc ggt ggc 403
Val Asp Ile Val Phe Ala Pro Asp Val Glu Glu Met Tyr Pro Gly Gly

            90                95                100
ttg cca cta gtg tgg gcg cgc acc ggt tcc atc gga aca aaa ttg gag 451
Leu Pro Leu Val Trp Ala Arg Thr Gly Ser Ile Gly Thr Lys Leu Glu

            105                110                115
ggg gcc agc agg cct ggc cat ttc gat ggt gtg gct acc gtg gtg gcg 499
Gly Ala Ser Arg Pro Gly His Phe Asp Gly Val Ala Thr Val Val Ala

            120                125                130
aag ctg ttc aat ttg gtg cgc cct gat cgt gca tat ttt gga caa aaa 547
Lys Leu Phe Asn Leu Val Arg Pro Asp Arg Ala Tyr Phe Gly Gln Lys

```

135 140 145
 gat gct cag cag gtt gcg gtg att cgg cga ttg gtt gcc gat cta gac 595
 Asp Ala Gln Gln Val Ala Val Ile Arg Arg Leu Val Ala Asp Leu Asp

 150 155 160 165
 att ccc gtg gag att cgt ccc gtt ccg att att cgt ggc gcc gat ggc 643
 Ile Pro Val Glu Ile Arg Pro Val Pro Ile Ile Arg Gly Ala Asp Gly

 170 175 180
 tta gcc gaa tcc agc cgc aat caa cgt ctt tct gcg gat cag cga gcg 691
 Leu Ala Glu Ser Ser Arg Asn Gln Arg Leu Ser Ala Asp Gln Arg Ala

 185 190 195
 caa gct ctg gtg ctg ccg cag gtg ttg agt ggg ttg cag cgt cga aaa 739
 Gln Ala Leu Val Leu Pro Gln Val Leu Ser Gly Leu Gln Arg Arg Lys

 200 205 210
 gca gct ggt gaa gcg cta gat atc caa ggt gcg cgc gac acc ttg gcc 787
 Ala Ala Gly Glu Ala Leu Asp Ile Gln Gly Ala Arg Asp Thr Leu Ala

 215 220 225
 agc gcc gac ggc gtg cgc ttg gat cac ctg gaa att gtc gat cca gcc 835
 Ser Ala Asp Gly Val Arg Leu Asp His Leu Glu Ile Val Asp Pro Ala

 230 235 240 245
 acc ctc gaa cca tta gaa atc gac ggc ctg ctc acc caa cca gcg ttg 883
 Thr Leu Glu Pro Leu Glu Ile Asp Gly Leu Leu Thr Gln Pro Ala Leu

 250 255 260
 gtg gtc ggc gcg att ttc gtg ggg ccg gtg cgg ttg atc gac aat atc 931
 Val Val Gly Ala Ile Phe Val Gly Pro Val Arg Leu Ile Asp Asn Ile

 265 270 275
 gag ctc tagtaccac cctgcgttgc agc 960
 Glu Leu

 <210> 614
 <211> 279
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 614
 Met Gln Val Ala Thr Thr Lys Gln Ala Leu Ile Asp Ala Leu Leu His
 1 5 10 15
 His Lys Ser Val Gly Leu Val Pro Thr Met Gly Ala Leu His Ser Gly
 20 25 30
 His Ala Ser Leu Val Lys Ala Ala Arg Ala Glu Asn Asp Thr Val Val
 35 40 45
 Ala Ser Ile Phe Val Asn Pro Leu
 Gln Phe Glu Ala Leu Gly Asp Cys
 50 55 60
 Asp Asp Tyr Arg Asn Tyr Pro Arg Gln Leu Asp Ala Asp Leu Ala Leu
 65 70 75 80

 Leu Glu Glu Ala Gly Val Asp Ile Val Phe Ala Pro Asp Val Glu Glu
 85 90 95
 Met Tyr Pro Gly Gly Leu Pro Leu Val Trp Ala Arg Thr Gly Ser Ile

100 105 110
Gly Thr Lys Leu Glu Gly Ala Ser Arg Pro Gly His Phe Asp Gly Val
115 120 125
Ala Thr Val Val Ala Lys Leu Phe Asn Leu Val Arg Pro Asp Arg Ala
130 135 140

Tyr Phe Gly Gln Lys Asp Ala Gln Gln Val Ala Val Ile Arg Arg Leu
145 150 155 160

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

Arg Asp Thr Leu Ala Ser Ala Asp Gly Val Arg Leu Asp His Leu Glu
225 230 235 240

Ile Val Asp Pro Ala Thr Leu Glu Pro Leu Glu Ile Asp Gly Leu Leu
245 250 255
Thr Gln Pro Ala Leu Val Val Gly Ala Ile Phe Val Gly Pro Val Arg
260 265 270
Leu Ile Asp Asn Ile Glu Leu

275
<210> 615
<211> 936
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(913)
<223> RXN01929
<400> 615

aaaatttgac tccataacga gaacttaatc gagcaacacc cctgaacagt gaatcaaac 60
ggaatttatt tattctgagc tggatcacac atctatactc atg ccc atg tca ggc 115
Met Pro Met Ser Gly

1 5
att gat gca aag aaa atc cgc acc cgt cat ttc cgc gaa gct aaa gta 163
Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu Ala Lys Val

10 15 20
aac ggc cag aaa gtt tcg gtt ctc acc agc tat gat gcg ctt tcg gcg 211
Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala Leu Ser Ala

25 30 35
cgc att ttt gat gag gct ggc gtc gat atg ctc ctt gtt ggt gat tcc 259
Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val Gly Asp Ser

40 45 50
gct gcc aac gtt gtg ctg ggt cgc gat acc acc ttg tcg atc acc ttg 307

Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser Ile Thr Leu

55 60 65
gat gag atg att gtg ctg gcc aag gcg gtg acg atc gct acg aag cgt 355
Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala Thr Lys Arg

70 75 80 85
gcg ctt gtg gtg gtt gat ctg ccg ttt ggt acc tat gag gtg agc cca 403
Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu Val Ser Pro

90 95 100
aat cag gcg gtg gag tcc gcg atc cgg gtc atg cgt gaa acg ggt gcg 451
Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu Thr Gly Ala

105 110 115
gct gcg gtg aag atc gag ggt ggc gtg gag atc gcg cag acg att cga 499
Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln Thr Ile Arg

120 125 130
cgc att gtt gat gct gga att ccg gtt gtc ggc cac atc ggg tac acc 547
Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile Gly Tyr Thr

135 140 145
ccg cag tcc gag cat tcc ttg ggc ggc cac gtg gtt cag ggt cgt ggc 595
Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln Gly Arg Gly

150 155 160 165
gcg agt tct gga aag ctc atc gcc gat gcc cgc gcg ttg gag cag gcg 643
Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu Glu Gln Ala

170 175 180
ggt gcg ttt gcg gtt gtg ttg gag atg gtt cca gca gag gca gcg cgc 691
Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu Ala Ala Arg

185 190 195
gag gtt acc gag gat ctt tcc atc acc act atc gga atc ggt gcc ggc 739
Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile Gly Ala Gly

200 205 210
aat ggc aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc 787
Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu

215 220 225
aac cgc ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc 835
Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly

230 235 240 245
gat tcc ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg 883
Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala

250 255 260
ggt acc ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca 933
Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

265 270
aag 936

<210> 616
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <400> 616
 Met Pro Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe
 1 5 10 15
 Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr
 20 25 30
 Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val
 Asp Met Leu
 35 40 45
 Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr
 50 55 60
 Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr
 65 70 75 80

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

 His Ile Gly Tyr Thr Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val
 145 150 155 160

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

 Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu
 225 230 235 240

 Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile
 245 250 255
 Ala Asp Ile His Ala Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe
 260 265 270

<210> 617
 <211> 930
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(907)
 <223> FRXA01929
 <400> 617

tgactccata acgagaactt aatcgagcaa caccctgaa cagtgaatca aatcggaatt 60

aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc aac cgc 787
Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg

215 220 225
ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc gat tcc 835
Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser

230 235 240 245
ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg ggt acc 883
Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala Gly Thr

250 255 260
ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca aag 930
Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

265
<210> 618
<211> 269
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 618

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

Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser
50 55 60
Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala
65 70 75 80

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

Gly Tyr Thr Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln
145 150 155 160

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

Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala

225	230	235	240	
Thr	Leu	Gly	Asp	Ser
				Leu
				His
				Asp
				Ala
				Ala
				Gln
				Ala
				Tyr
				Ile
				Ala
				Asp
				245
				250
				255
Ile	His	Ala	Gly	Thr
				Phe
				Pro
				Gly
				Glu
				Ala
				Glu
				Ser
				Phe
				260
				265
<210> 619				
<211> 921				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (101)..(898)				
<223> RXA01521				
<400> 619				
accccggcag	gcaacgcctt	ttccgggatt	tggcgcgcag	gcaggcagag
atttccgcg	60			
cgcaagatat	tgagctgtgg	gcaattcaga	aggaggaccg	ttg agt ttc acg cat
				115
				Leu Ser Phe Thr His
				1
				5
ggt cag ggc aga gtt ttt gat acc gtc gag cag atc cgc atg ttc ggc	163			
Gly Gln Gly Arg Val Phe Asp Thr Val Glu Gln Ile Arg Met Phe Gly				
				10
				15
				20
agc gcc ctg cgc aaa acc ggc aaa cca gtg gtg ctc gta ccc ttg gga	211			
Ser Ala Leu Arg Lys Thr Gly Lys Pro Val Val Leu Val Pro Leu Gly				
				25
				30
				35
aat ggc ctc cac gca ggc cat att gcg ctc atc cgc gca gca aaa cgc	259			
Asn Gly Leu His Ala Gly His Ile Ala Leu Ile Arg Ala Ala Lys Arg				
				40
				45
				50
atc ccc ggt gcg gtg gtc gtc gtc gcc tat gcc ggc ccg gaa tcg gat	307			
Ile Pro Gly Ala Val Val Val Val Ala Tyr Ala Gly Pro Glu Ser Asp				
				55
				60
				65
cac gca cgt tta agg gaa gag ctt atc gac gcg atc ttc ccg ttc aat	355			
His Ala Arg Leu Arg Glu Glu Leu Ile Asp Ala Ile Phe Pro Phe Asn				
				70
				75
				80
				85
ccc gaa acg cta tgg cct cac ggc atc cgg gtg gaa gtt aca ggt ggc	403			
Pro Glu Thr Leu Trp Pro His Gly Ile Arg Val Glu Val Thr Gly Gly				
				90
				95
				100
cca aca ctt acc cca caa ggt gcg gaa gta acc aag gtg ctg ggg ctg	451			
Pro Thr Leu Thr Pro Gln Gly Ala Glu Val Thr Lys Val Leu Gly Leu				
				105
				110
				115
ttg gga atc acc gga gca act gat gtg gtg ctc ggt gaa aag gac tat	499			
Leu Gly Ile Thr Gly Ala Thr Asp Val Val Leu Gly Glu Lys Asp Tyr				
				120
				125
				130
gag ctg gtg gtt cta gtc cag cgc gcc ctt aat gat ctg cat att cca	547			

Glu Leu Val Val Leu Val Gln Arg Ala Leu Asn Asp Leu His Ile Pro

135 140 145
gta aaa ctg cat tct gtt cca acc gtg cgc atg cca gat gga cta gcc 595
Val Lys Leu His Ser Val Pro Thr Val Arg Met Pro Asp Gly Leu Ala

150 155 160 165
att tcc ctg cgt aat att tca gtg ccc gaa gac tcc cgc gaa acg gca 643
Ile Ser Leu Arg Asn Ile Ser Val Pro Glu Asp Ser Arg Glu Thr Ala

170 175 180
ttg agc ctg gca gca gcc ctc acc gcc ggt gcg cat tcg gca gaa cac 691
Leu Ser Leu Ala Ala Ala Leu Thr Ala Gly Ala His Ser Ala Glu His

185 190 195
ggc gag gca gtg gtt aaa gaa aca gtc acg caa gtg ctc aaa gcc gca 739
Gly Glu Ala Val Val Lys Glu Thr Val Thr Gln Val Leu Lys Ala Ala

200 205 210
ggc gtg acc ccc gat tat gta gaa atc cgt ggc ctg gat ctt gga cca 787
Gly Val Thr Pro Asp Tyr Val Glu Ile Arg Gly Leu Asp Leu Gly Pro

215 220 225
gcc ccc gaa atc gga gac gcc cga ctc ttc gca gcc atc acg ctt ggc 835
Ala Pro Glu Ile Gly Asp Ala Arg Leu Phe Ala Ala Ile Thr Leu Gly

230 235 240 245
gat gtc caa ctc cac gac aac gtc ggc cta ccc ctt gga atc ggc ttc 883
Asp Val Gln Leu His Asp Asn Val Gly Leu Pro Leu Gly Ile Gly Phe

250 255 260
aaa aac atc gaa ggc tgatcccggt ttaccagtt cgc 921
Lys Asn Ile Glu Gly

265
<210> 620
<211> 266
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 620
Leu Ser Phe Thr His Gly Gln Gly Arg Val Phe Asp Thr Val Glu Gln
1 5 10 15
Ile Arg Met Phe Gly Ser Ala Leu Arg Lys Thr Gly Lys Pro Val Val
20 25 30
Leu Val Pro Leu Gly Asn Gly Leu His Ala Gly His Ile Ala Leu Ile
35 40 45
Arg Ala
Ala Lys Arg Ile Pro Gly Ala Val Val Val Val Ala Tyr Ala
50 55 60
Gly Pro Glu Ser Asp His Ala Arg Leu Arg Glu Glu Leu Ile Asp Ala
65 70 75 80
Ile Phe Pro Phe Asn Pro Glu Thr Leu Trp Pro His Gly Ile Arg Val
85 90 95
Glu Val Thr Gly Gly Pro Thr Leu Thr Pro Gln Gly Ala Glu Val Thr
100 105 110

Lys Val Leu Gly Leu Leu Gly Ile Thr Gly Ala Thr Asp Val Val Leu
115 120 125
Gly Glu Lys Asp Tyr Glu Leu Val Val Leu Val Gln Arg Ala Leu Asn
130 135 140
Asp Leu His Ile Pro Val Lys Leu His Ser Val Pro Thr Val Arg Met
145 150 155 160
Pro Asp Gly Leu Ala Ile Ser Leu Arg Asn Ile Ser Val Pro Glu Asp
165 170 175
Ser Arg Glu Thr Ala Leu Ser Leu Ala Ala Ala Leu Thr Ala Gly Ala
180 185 190
His Ser Ala Glu His Gly Glu Ala Val Val Lys Glu Thr Val Thr Gln
195 200 205
Val Leu Lys Ala Ala Gly Val Thr Pro Asp Tyr Val Glu Ile Arg Gly
210 215 220
Leu Asp Leu Gly Pro Ala Pro Glu Ile Gly Asp Ala Arg Leu Phe Ala
225 230 235 240
Ala Ile Thr Leu Gly Asp Val Gln Leu His Asp Asn Val Gly Leu Pro
245 250 255
Leu Gly Ile Gly Phe Lys Asn Ile Glu Gly
260 265
<210> 621
<211> 1137
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1114)
<223> RXS01145
<400> 621
taatgtagtt gtctgcccaa gcgagttaaa ctcccacgat ttacagtggg gggcagacat 60
cttttcacca aaatttttac gaaaggcgag attttctccc atg gct att gaa ctg 115
Met Ala Ile Glu Leu
1 5
ctt tat gat gct gac gct gac ctc tcc ttg atc cag ggc cgt aag gtt 163
Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile Gln Gly Arg Lys Val
10 15 20
gcc atc gtt ggc tac ggc tcc cag ggc cac gca cac tcc cag aac ctc 211
Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala His Ser Gln Asn Leu
25 30 35
cgc gat tct ggc gtt gag gtt gtc att ggt ctg cgc gag ggc tcc aag 259
Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu Arg Glu Gly Ser Lys
40 45 50
tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct 307
Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala
55 60 65

gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc 355
Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr

70 75 80 85
tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca 403
Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala

90 95 100
ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg 451
Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu

105 110 115
atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc 499
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly

120 125 130
cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct 547
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro

135 140 145
tgc ctc atc gca gtc gac cag gac cca acc gga acc gca cag gct ctg 595
Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly Thr Ala Gln Ala Leu

150 155 160 165
acc ctg tcc tac gca gca gca atc ggt ggc gca cgc gca ggc gtt atc 643
Thr Leu Ser Tyr Ala Ala Ala Ile Gly Gly Ala Arg Ala Gly Val Ile

170 175 180
cca acc acc ttc gaa gct gag acc gtc acc gac ctc ttc ggc gag cag 691
Pro Thr Thr Phe Glu Ala Glu Thr Val Thr Asp Leu Phe Gly Glu Gln

185 190 195
gct gtt ctc tgc ggt ggc acc gag gaa ctg gtc aag gtt ggc ttc gag 739
Ala Val Leu Cys Gly Gly Thr Glu Glu Leu Val Lys Val Gly Phe Glu

200 205 210
gtt ctc acc gaa gct ggc tac gag cca gag atg gca tac ttc gag gtt 787
Val Leu Thr Glu Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Ala Tyr Phe Glu Val

215 220 225
ctt cac gag ctc aag ctc atc gtt gac ctc atg ttc gaa ggt ggc atc 835
Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met Phe Glu Gly Gly Ile

230 235 240 245
agc aac atg aac tac tct gtt tct gac acc gct gag ttc ggt ggc tac 883
Ser Asn Met Asn Tyr Ser Val Ser Asp Thr Ala Glu Phe Gly Gly Tyr

250 255 260
ctc tcc ggc cca cgc gtc atc gat gca gac acc aag tcc cgc atg aag 931
Leu Ser Gly Pro Arg Val Ile Asp Ala Asp Thr Lys Ser Arg Met Lys

265 270 275
gac atc ctg acc gat atc cag gac ggc acc ttc acc aag cgc ctc atc 979
Asp Ile Leu Thr Asp Ile Gln Asp Gly Thr Phe Thr Lys Arg Leu Ile

280 285 290

gca aac gtt gag aac ggc aac acc gag ctt gag ggc ctt cgt gct tcc 1027
Ala Asn Val Glu Asn Gly Asn Thr Glu Leu Glu Gly Leu Arg Ala Ser

295 300 305
tac aac aac cac cca atc gag gag acc ggc gct aag ctc cgc gac ctc 1075
Tyr Asn Asn His Pro Ile Glu Glu Thr Gly Ala Lys Leu Arg Asp Leu

310 315 320 325
atg agc tgg gtc aag gtt gac gct cgc gca gaa acc gct taagtgtcac 1124
Met Ser Trp Val Lys Val Asp Ala Arg Ala Glu Thr Ala

330 335
ccctttgacg gct 1137
<210> 622
<211> 338
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 622
Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile
1 5 10 15
Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala
20 25 30
His Ser Gln Asn Leu Arg Asp Ser Gly
Val Glu Val Val Ile Gly Leu
35 40 45
Arg Glu Gly Ser Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
50 55 60
Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
65 70 75 80

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

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly
145 150 155 160

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

Ala Tyr Phe Glu Val Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met
225 230 235 240

Phe Glu Gly Gly Ile Ser Asn Met Asn Tyr Ser Val Ser Asp Thr Ala
245 250 255
Glu Phe Gly Gly Tyr Leu Ser Gly Pro Arg Val Ile Asp Ala Asp Thr

260 265 270
 Lys Ser Arg Met Lys Asp Ile Leu Thr Asp Ile Gln Asp Gly Thr Phe
 275 280 285
 Thr Lys Arg Leu Ile Ala Asn Val Glu Asn Gly Asn Thr Glu Leu Glu
 290 295 300

 Gly Leu Arg Ala Ser Tyr Asn Asn His Pro Ile Glu Glu Thr Gly Ala
 305 310 315 320

 Lys Leu Arg Asp Leu Met Ser Trp Val Lys Val Asp Ala Arg Ala Glu
 325 330 335
 Thr Ala

 <210> 623
 <211> 556
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(556)
 <223> FRXA01145
 <400> 623
 taatgtagtgt gtctgcccaa gcgagttaaa ctcccacgat ttacagtggg gggcagacat 60
 cttttcacca aaatttttac gaaaggcgag attttctccc atg gct att gaa ctg 115
 Met Ala Ile Glu Leu

 1 5
 ctt tat gat gct gac gct gac ctc tcc ttg atc cag ggc cgt aag gtt 163
 Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile Gln Gly Arg Lys Val

 10 15 20
 gcc atc gtt ggc tac ggc tcc cag ggc cac gca cac tcc cag aac ctc 211
 Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala His Ser Gln Asn Leu

 25 30 35
 cgc gat tct ggc gtt gag gtt gtc att ggt ctg cgc gag ggc tcc aag 259
 Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu Arg Glu Gly Ser Lys

 40 45 50
 tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct 307
 Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala

 55 60 65
 gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc 355
 Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr

 70 75 80 85
 tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca 403
 Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala

 90 95 100
 ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg 451
 Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu

 105 110 115

atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc 499
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly

120 125 130
cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct 547
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro

135 140 145
tgc ctc atc 556
Cys Leu Ile

150
<210> 624
<211> 152
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 624
Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile
1 5 10 15
Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala
20 25 30
His Ser Gln Asn Leu Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu
35 40 45
Arg Glu Gly Ser
Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
50 55 60
Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
65 70 75 80

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

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile

145 150
<210> 625
<211> 1389
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1366)
<223> RXA02239
<400> 625
ctatgcacag cggaggtcga gggagagcgt ggggtggcgt cgaaaagcat cttgtagagt 60
gtgtgggaac ccagccagcc tcttactttg aaggattgtt gtg ccc atg act cat 115
Val Pro Met Thr His

1 5
gtt tca agc ccc tcc gca ccc cgc aac gtg gtt gtt ggt gtt gcc ggc 163

Val Ser Ser Pro Ser Ala Pro Arg Asn Val Val Val Gly Val Ala Gly

10 15 20
gga atc gca gcg tac aag gcg tgt cac atc gtg cgc gcg ttt aaa gaa 211
Gly Ile Ala Ala Tyr Lys Ala Cys His Ile Val Arg Ala Phe Lys Glu

25 30 35
gcg ggc gat aat gtg cgg gtg gtt cct acg gaa tcc gcg ttg aag ttt 259
Ala Gly Asp Asn Val Arg Val Val Pro Thr Glu Ser Ala Leu Lys Phe

40 45 50
gtg ggg aag gcg acg ttt gaa gcg ttg tct ggc aat ccg gtg tct aca 307
Val Gly Lys Ala Thr Phe Glu Ala Leu Ser Gly Asn Pro Val Ser Thr

55 60 65
acg gtg ttt gat gcg gtg gat tcg gtg cag cat gtg aaa gtt ggc cag 355
Thr Val Phe Asp Ala Val Asp Ser Val Gln His Val Lys Val Gly Gln

70 75 80 85
gaa gct gat ttg atc gtg att gcg ccg gcg aca gcc gat ttg atg gcg 403
Glu Ala Asp Leu Ile Val Ile Ala Pro Ala Thr Ala Asp Leu Met Ala

90 95 100
cgt gtg gtg gca ggt ctc ggt gac gat ctg ttg gcg gcg acg ctg ctg 451
Arg Val Val Ala Gly Leu Gly Asp Asp Leu Leu Ala Ala Thr Leu Leu

105 110 115
gtg gca acg tgc ccc gtg gtt att gcg ccg gcc atg cat acg gag atg 499
Val Ala Thr Cys Pro Val Val Ile Ala Pro Ala Met His Thr Glu Met

120 125 130
tgg ttt aat ccg gct acc gta gcc aat gtg gca acg ctg agg cag cgg 547
Trp Phe Asn Pro Ala Thr Val Ala Asn Val Ala Thr Leu Arg Gln Arg

135 140 145
ggg att acc gtg att gag cct gcg cat ggt cga ctc acc ggt aaa gat 595
Gly Ile Thr Val Ile Glu Pro Ala His Gly Arg Leu Thr Gly Lys Asp

150 155 160 165
aca ggc cct ggc cgg ctg ccg gat cca gag cag att gtt gat tta gcc 643
Thr Gly Pro Gly Arg Leu Pro Asp Pro Glu Gln Ile Val Asp Leu Ala

170 175 180
aat gcg gtg cac gcc ggg gcg agg ttg cct cag gat ttg gcg ggc aag 691
Asn Ala Val His Ala Gly Ala Arg Leu Pro Gln Asp Leu Ala Gly Lys

185 190 195
aaa gtg ctg atc act gct ggt ggc acg cat gag cat att gat cct gtg 739
Lys Val Leu Ile Thr Ala Gly Gly Thr His Glu His Ile Asp Pro Val

200 205 210
cgc ttt att ggc aat agt tcc tcg ggc cgt caa ggt ttt gcg ttg ggt 787
Arg Phe Ile Gly Asn Ser Ser Ser Gly Arg Gln Gly Phe Ala Leu Gly

215 220 225
gaa atc gca gca cag cga ggt gct cat gtc agc atc gtg gcg gga aat 835

Glu Ile Ala Ala Gln Arg Gly Ala His Val Ser Ile Val Ala Gly Asn

230 235 240 245
gct gcg gag ctg ccc act ccg gca ggc gca gag atc gtg ccg gtg gtg 883
Ala Ala Glu Leu Pro Thr Pro Ala Gly Ala Glu Ile Val Pro Val Val

250 255 260
tcc aca caa gac atg ttt gat gca gtc cag gaa cga gct ggc caa tct 931
Ser Thr Gln Asp Met Phe Asp Ala Val Gln Glu Arg Ala Gly Gln Ser

265 270 275
gat ttc atc gtc atg gcg gca gcg gta gct gat ttc acg ccc gca tcg 979
Asp Phe Ile Val Met Ala Ala Ala Val Ala Asp Phe Thr Pro Ala Ser

280 285 290
cag gcg aca tcg aag ttg aag aag ggc tca gat tct gat gaa gac gca 1027
Gln Ala Thr Ser Lys Leu Lys Lys Gly Ser Asp Ser Asp Glu Asp Ala

295 300 305
ttg agc acc atc tcg ttg gtg gaa aac ccg gat att ttg gct acc acg 1075
Leu Ser Thr Ile Ser Leu Val Glu Asn Pro Asp Ile Leu Ala Thr Thr

310 315 320 325
gtg aag cgt cgt gaa gca gga gag ctg gac agt aat cct gtc atc gtg 1123
Val Lys Arg Arg Glu Ala Gly Glu Leu Asp Ser Asn Pro Val Ile Val

330 335 340
ggt ttt gct gcg gaa act gga gac gag cac acc acc gcc ttg gag tat 1171
Gly Phe Ala Ala Glu Thr Gly Asp Glu His Thr Thr Ala Leu Glu Tyr

345 350 355
gcg cgc aag aaa ctg cag aag aag ggc tgc gac ctc ctc atg tgt aat 1219
Ala Arg Lys Lys Leu Gln Lys Lys Gly Cys Asp Leu Leu Met Cys Asn

360 365 370
gag gtg ggc atg ggc aaa gtg ttt ggg caa aag cac aat gag ggc tgg 1267
Glu Val Gly Met Gly Lys Val Phe Gly Gln Lys His Asn Glu Gly Trp

375 380 385
att ttg gat gct cac ggt ggg gta gtc gat gtg gag cac ggc agc aaa 1315
Ile Leu Asp Ala His Gly Gly Val Val Asp Val Glu His Gly Ser Lys

390 395 400 405
atc gag gtt gct gcg caa att tgg gac gcg gca ctg gcg tat cgc gaa 1363
Ile Glu Val Ala Ala Gln Ile Trp Asp Ala Ala Leu Ala Tyr Arg Glu

410 415 420
gtc tagaaaaatc cagctagacc act 1389
Val

<210> 626
<211> 422
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 626
Val Pro Met Thr His Val Ser Ser Pro Ser Ala Pro Arg Asn Val Val

1	5	10	15
Val Gly Val	Ala Gly Gly Ile	Ala Tyr Lys Ala Cys	His Ile Val
	20	25	30
Arg Ala Phe	Lys Glu Ala Gly Asp	Asn Val Arg Val	Val Pro Thr Glu
	35	40	45
Ser Ala Leu	Lys Phe Val Gly Lys		
Ala Thr Phe	Glu Ala Leu Ser Gly		
	50	55	60
Asn Pro Val	Ser Thr Thr Val Phe	Asp Ala Val Asp	Ser Val Gln His
65	70	75	80
Val Lys Val	Gly Gln Glu Ala Asp	Leu Ile Val Ile	Ala Pro Ala Thr
	85	90	95
Ala Asp Leu	Met Ala Arg Val Val	Ala Gly Leu Gly	Asp Asp Leu Leu
	100	105	110
Ala Ala Thr	Leu Leu Val Ala Thr	Cys Pro Val Val	Ile Ala Pro Ala
	115	120	125
Met His Thr	Glu Met Trp Phe Asn	Pro Ala Thr Val	Ala Asn Val Ala
	130	135	140
Thr Leu Arg	Gln Arg Gly Ile Thr	Val Ile Glu Pro	Ala His Gly Arg
145	150	155	160
Leu Thr Gly	Lys Asp Thr Gly Pro	Gly Arg Leu Pro	Asp Pro Glu Gln
	165	170	175
Ile Val Asp	Leu Ala Asn Ala Val	His Ala Gly Ala	Arg Leu Pro Gln
	180	185	190
Asp Leu Ala	Gly Lys Lys Val Leu	Ile Thr Ala Gly	Gly Thr His Glu
	195	200	205
His Ile Asp	Pro Val Arg Phe Ile	Gly Asn Ser Ser	Ser Gly Arg Gln
	210	215	220
Gly Phe Ala	Leu Gly Glu Ile Ala	Ala Gln Arg Gly	Ala His Val Ser
225	230	235	240
Ile Val Ala	Gly Asn Ala Ala Glu	Leu Pro Thr Pro	Ala Gly Ala Glu
	245	250	255
Ile Val Pro	Val Val Ser Thr Gln	Asp Met Phe Asp	Ala Val Gln Glu
	260	265	270
Arg Ala Gly	Gln Ser Asp Phe Ile	Val Met Ala Ala	Ala Val Ala Asp
	275	280	285
Phe Thr Pro	Ala Ser Gln Ala Thr	Ser Lys Leu Lys	Lys Gly Ser Asp
	290	295	300
Ser Asp Glu	Asp Ala Leu Ser Thr	Ile Ser Leu Val	Glu Asn Pro Asp
305	310	315	320
Ile Leu Ala	Thr Thr Val Lys Arg	Arg Glu Ala Gly	Glu Leu Asp Ser
	325	330	335
Asn Pro Val	Ile Val Gly Phe Ala	Ala Glu Thr Gly	Asp Glu His Thr
	340	345	350
Thr Ala Leu	Glu Tyr Ala Arg Lys	Lys Leu Gln Lys	Lys Gly Cys Asp
	355	360	365
Leu Leu Met	Cys Asn Glu Val Gly	Met Gly Lys Val	Phe Gly Gln Lys
	370	375	380
His Asn Glu	Gly Trp Ile Leu Asp	Ala His Gly Gly	Val Val Asp Val

385	390	395	400
Glu His Gly Ser Lys Ile Glu Val Ala Ala Gln Ile Trp Asp Ala Ala			
	405	410	415
Leu Ala Tyr Arg Glu Val			
	420		
<210> 627			
<211> 1092			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1069)			
<223> RXA00581			
<400> 627			
gcatgagttt actcacgtgc ccacgtcttt tagccaccca ttgaagtgaa aaaataaccc	60		
cgatcacact agtggagtag ctaaggtgca caatggattc atg gca gag caa aac	115		
		Met Ala Glu Gln Asn	
		1	5
gct gca agc aca act ggt gtg aaa cct tcc cca cgc aca cca gat ttc	163		
Ala Ala Ser Thr Thr Gly Val Lys Pro Ser Pro Arg Thr Pro Asp Phe			
	10	15	20
agc ccc tac ctt gat ttc gac cgc gca caa tgg cgc gag ctg aga aac	211		
Ser Pro Tyr Leu Asp Phe Asp Arg Ala Gln Trp Arg Glu Leu Arg Asn			
	25	30	35
tca atg cct cag gtg ctg acc caa aaa gaa gtc att gaa ctt cga ggc	259		
Ser Met Pro Gln Val Leu Thr Gln Lys Glu Val Ile Glu Leu Arg Gly			
	40	45	50
atc gga gaa aac att gac ctc gct gaa gtg gca gaa gtc tac ctt ccg	307		
Ile Gly Glu Asn Ile Asp Leu Ala Glu Val Ala Glu Val Tyr Leu Pro			
	55	60	65
ctg tcc cgt ctg att cac ctc cag gta gcg gcc cga cag caa ctt act	355		
Leu Ser Arg Leu Ile His Leu Gln Val Ala Ala Arg Gln Gln Leu Thr			
	70	75	80
gca gcc acc gaa acc ttc ctc gga act tcc ccc tct atc tct gtg ccg	403		
Ala Ala Thr Glu Thr Phe Leu Gly Thr Ser Pro Ser Ile Ser Val Pro			
	90	95	100
ttt gtc att ggt gtc gcg gga tcc gtc gcc gtc ggt aaa tca acc acc	451		
Phe Val Ile Gly Val Ala Gly Ser Val Ala Val Gly Lys Ser Thr Thr			
	105	110	115
gcc cga ctc ctc caa gtt ctg ctt cag cgc tgg aat tcc cac ccc cgc	499		
Ala Arg Leu Leu Gln Val Leu Leu Gln Arg Trp Asn Ser His Pro Arg			
	120	125	130
gtg gac ctc gtc acc acc gac gga ttc ctc tat ccc ggc gcg gaa cta	547		

Val Asp Leu Val Thr Thr Asp Gly Phe Leu Tyr Pro Gly Ala Glu Leu

135 140 145
atc cgc cgc gga tta atg tcc cga aaa gga ttc ccc gaa agc tac gac 595
Ile Arg Arg Gly Leu Met Ser Arg Lys Gly Phe Pro Glu Ser Tyr Asp

150 155 160 165
caa cgt gca ctc ctc cgc ttt gtc acc gac gta aaa tcc gga aaa ctc 643
Gln Arg Ala Leu Leu Arg Phe Val Thr Asp Val Lys Ser Gly Lys Leu

170 175 180
gaa gtc aac gca cct gtc tac tcc cac acc gcg tac gac cga gtt cca 691
Glu Val Asn Ala Pro Val Tyr Ser His Thr Ala Tyr Asp Arg Val Pro

185 190 195
ggc gaa ttc acc aca gtc cgc caa ccc gac att ttg atc gtc gaa ggc 739
Gly Glu Phe Thr Thr Val Arg Gln Pro Asp Ile Leu Ile Val Glu Gly

200 205 210
tta aac gtc ctc caa act ggc cca aca ttg atg gtc agt gac ctt ttc 787
Leu Asn Val Leu Gln Thr Gly Pro Thr Leu Met Val Ser Asp Leu Phe

215 220 225
gac ttc agc gtc tac gta gat gcc cgc acc gaa gat atc gaa aaa tgg 835
Asp Phe Ser Val Tyr Val Asp Ala Arg Thr Glu Asp Ile Glu Lys Trp

230 235 240 245
tac atc gac cgc ttc ctc aaa ctc cgc gac act gca ttc cgt cgc ccc 883
Tyr Ile Asp Arg Phe Leu Lys Leu Arg Asp Thr Ala Phe Arg Arg Pro

250 255 260
ggc gcc cac ttc tcc cat tac gcc gac atg gct gat cca gag tcc atc 931
Gly Ala His Phe Ser His Tyr Ala Asp Met Ala Asp Pro Glu Ser Ile

265 270 275
gcc gtc gct cga gaa ctg tgg caa tcg atc aac ctg ccc aac ttg gtg 979
Ala Val Ala Arg Glu Leu Trp Gln Ser Ile Asn Leu Pro Asn Leu Val

280 285 290
gag aat att ctt ccc acc cga gtt cgc gcg tcg ttg gta ctg aaa aaa 1027
Glu Asn Ile Leu Pro Thr Arg Val Arg Ala Ser Leu Val Leu Lys Lys

295 300 305
ggc agc gat cac ttg gtg gaa cgg gtg agg atg cgc aag atc 1069
Gly Ser Asp His Leu Val Glu Arg Val Arg Met Arg Lys Ile

310 315 320
taggggttct tgctggtttt gag 1092
<210> 628
<211> 323
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 628
Met Ala Glu Gln Asn Ala Ala Ser Thr Thr Gly Val Lys Pro Ser Pro
1 5 10 15
Arg Thr Pro Asp Phe Ser Pro Tyr Leu Asp Phe Asp Arg Ala Gln Trp

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

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

Pro Gly Ala Glu Leu Ile Arg Arg Gly Leu Met Ser Arg Lys Gly Phe
 145 150 155 160

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

Val Ser Asp Leu Phe Asp Phe Ser Val Tyr Val Asp Ala Arg Thr Glu
 225 230 235 240

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

Leu Val Leu Lys Lys Gly Ser Asp His Leu Val Glu Arg Val Arg Met
 305 310 315 320

Arg Lys Ile
 <210> 629
 <211> 1023
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1000)
 <223> RXS00838
 <400> 629

```

tcgtctaata gtctgccaa tccaccggcc attgatgact cctttgtaga gaaggggtag 60
tgcttacaaa tcttatctgt gctcaggcaa gatagcaggt atg aaa att gcg atc 115
Met Lys Ile Ala Ile

1 5
gtt ggc gct ggt gca gtt ggt gga tat ttc gga gcg ttg tta caa gaa 163
Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Gln Glu

10 15 20
tct ggt gca gat atc acg atg gtt gca cgt gga cga aca tta gaa gcc 211
Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly Arg Thr Leu Glu Ala

25 30 35
ttg aag tct aaa gga ctc cac atc aac gat gca aga ggc gaa cgc tac 259
Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala Arg Gly Glu Arg Tyr

40 45 50
gta cca att cct gca gtt gcg agc gtg caa gaa cta aaa gat gca gat 307
Val Pro Ile Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu Leu Lys Asp Ala Asp

55 60 65
gta gtg atg att gct act aaa gca tta tcg cgg tct tta gat ctc gct 355
Val Val Met Ile Ala Thr Lys Ala Leu Ser Arg Ser Leu Asp Leu Ala

70 75 80 85
gaa ctt ttg ggt ggg ata cct gcg aat tcg gtg gtc gcg att act cag 403
Glu Leu Leu Gly Gly Ile Pro Ala Asn Ser Val Val Ala Ile Thr Gln

90 95 100
aat tcg att gaa tct gct gat cta gca gcg aag agt atc ggt gct gat 451
Asn Ser Ile Glu Ser Ala Asp Leu Ala Ala Lys Ser Ile Gly Ala Asp

105 110 115
cgt gtg tgg cct ggt gtg gtt cgt ggg ttc ttt gtt cat gag ggg cca 499
Arg Val Trp Pro Gly Val Val Arg Gly Phe Phe Val His Glu Gly Pro

120 125 130
gcc tca gtg tca tac aag gga ggc cca ctg tcc tac acg ttt ggt gat 547
Ala Ser Val Ser Tyr Lys Gly Gly Pro Leu Ser Tyr Thr Phe Gly Asp

135 140 145
tct ggt gaa ctt tct agg caa ttc gca agc act ctt gaa cag gcc ggt 595
Ser Gly Glu Leu Ser Arg Gln Phe Ala Ser Thr Leu Glu Gln Ala Gly

150 155 160 165
att gac gga gtt ctg cat ccc gat att ttg gtg gat gtg tgg gag aaa 643
Ile Asp Gly Val Leu His Pro Asp Ile Leu Val Asp Val Trp Glu Lys

170 175 180
gcc atg ttc gta gag gtt ttc ggc ggg ttg ggg gct ttc gtc gaa aag 691
Ala Met Phe Val Glu Val Phe Gly Gly Leu Gly Ala Phe Val Glu Lys

185 190 195
caa tta ggt acc ttg cgt acg cat ttt agg gct tcc ctg gaa gcc ttg 739
Gln Leu Gly Thr Leu Arg Thr His Phe Arg Ala Ser Leu Glu Ala Leu

```

```

      200              205              210
atg gaa gag gtg gct gag gtg gct cgc gcg gca ggt gtt gcg ttg ccg 787
Met Glu Glu Val Ala Glu Val Ala Arg Ala Ala Gly Val Ala Leu Pro

      215              220              225
agc gat gcg gtg gag cgc acc atg aat ttt gcg gat cgg atg cct gag 835
Ser Asp Ala Val Glu Arg Thr Met Asn Phe Ala Asp Arg Met Pro Glu

      230              235              240              245
aat tcg acg agt tcg atg cag cgt gat ttg gcc gcg gga gtg gct agt 883
Asn Ser Thr Ser Ser Met Gln Arg Asp Leu Ala Ala Gly Val Ala Ser

      250              255              260
gag ctt gag gct cag aca ggt gca att gtg cgg gca gcg cac aaa gtg 931
Glu Leu Glu Ala Gln Thr Gly Ala Ile Val Arg Ala Ala His Lys Val

      265              270              275
ggc gtg aaa act ccg ctt cat gac ctt att tat gct ggt ctt aag ctg 979
Gly Val Lys Thr Pro Leu His Asp Leu Ile Tyr Ala Gly Leu Lys Leu

      280              285              290
aaa gaa gag gaa aat tca ctt tagggataga atcaagatcc atg 1023
Lys Glu Glu Glu Asn Ser Leu

      295              300
<210> 630
<211> 300
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 630
Met Lys Ile Ala Ile Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly
  1              5              10              15
Ala Leu Leu Gln Glu Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly
      20              25              30
Arg Thr Leu Glu Ala Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala
      35              40              45
Arg Gly Glu Arg Tyr Val Pro Ile
Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu
      50              55              60
Leu Lys Asp Ala Asp Val Val Met Ile Ala Thr Lys Ala Leu Ser Arg
      65              70              75              80

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

Tyr Thr Phe Gly Asp Ser Gly Glu Leu Ser Arg Gln Phe Ala Ser Thr
      145              150              155              160

Leu Glu Gln Ala Gly Ile Asp Gly Val Leu His Pro Asp Ile Leu Val
      165              170              175

```

Asp Val Trp Glu Lys Ala Met Phe Val Glu Val Phe Gly Gly Leu Gly
 180 185 190
 Ala Phe Val Glu Lys Gln Leu Gly Thr Leu Arg Thr His Phe Arg Ala
 195 200 205
 Ser Leu Glu Ala Leu Met Glu Glu Val Ala Glu Val Ala Arg Ala Ala
 210 215 220

 Gly Val Ala Leu Pro Ser Asp Ala Val Glu Arg Thr Met Asn Phe Ala
 225 230 235 240

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

 290 295 300
 <210> 631
 <211> 408
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(385)
 <223> RXC02238
 <400> 631
 ggcgcttagc caaaacatag agcggtaggg tatgcttata 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 95 408
cac
<210> 632
<211> 95
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 632
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> 633
<211> 606
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(583)
<223> RXN03058
<400> 633
acgagcttcc gctctgcaca agccgctaga agcccccgcac agccctaata tagagctcat 60
gcccatttgg aatcacaaca ccgcataatcg gccatggctg gtg tca aag ctc aaa 115
Val Ser Lys Leu Lys

1 5
ggc tca aga tcg ctt ctc gac gtc ggc tcc ggc gat cac tcc ttc gcc 163
Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly Asp His Ser Phe Ala

10 15 20
gac ctg gcc ggc cgc cag gtc gcg cat gtc gat gtc gtg gat cct ctt 211
Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp Val Val Asp Pro Leu

25 30 35
att aat aca acc ttt gaa gaa ttc cag ccg acc caa agc tac gat gcc 259
Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Phe Gln Pro Thr Gln Ser Tyr Asp Ala

40 45 50
atc acg ttc atc gcg tcc ctc cat cac atg aac gcg gaa gaa gga ctt 307
Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn Ala Glu Glu Gly Leu

55 60 65
aac aaa gca gtc cga atc ctc aat cct ggc ggc aag ctc ctc atc gta 355
Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly Lys Leu Leu Ile Val

70 75 80 85
 ggc ctc gcc aaa aac aaa acc gcc tcc gac tgg atc atc tcc gga cta 403
 Gly Leu Ala Lys Asn Lys Thr Ala Ser Asp Trp Ile Ile Ser Gly Leu

 90 95 100
 caa gct ttt ctc tcc cga cca atc agc ctc atc aat agg gaa caa caa 451
 Gln Ala Phe Leu Ser Arg Pro Ile Ser Leu Ile Asn Arg Glu Gln Gln

 105 110 115
 atc tac ccc ttc cct acc aaa gaa ccc tca gag agt ctc cac gaa ata 499
 Ile Tyr Pro Phe Pro Thr Lys Glu Pro Ser Glu Ser Leu His Glu Ile

 120 125 130
 cga caa ctc acc aag cag ctc ctc cct cac cgc cgt att cgc cgt gga 547
 Arg Gln Leu Thr Lys Gln Leu Leu Pro His Arg Arg Ile Arg Arg Gly

 135 140 145
 atc cac ttc cga tac ctc ctc gag tgg aca aag cct taaacagccc 593
 Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys Pro

 150 155 160
 tataaaccaa aaa 606
 <210> 634
 <211> 161
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 634
 Val Ser Lys Leu Lys Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly
 1 5 10 15
 Asp His Ser Phe Ala Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp
 20 25 30
 Val Val Asp Pro Leu Ile Asn Thr Thr Phe Glu
 Glu Phe Gln Pro Thr
 35 40 45
 Gln Ser Tyr Asp Ala Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn
 50 55 60
 Ala Glu Glu Gly Leu Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly
 65 70 75 80

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

 Arg Ile Arg Arg Gly Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys
 145 150 155 160

 Pro
 <210> 635
 <211> 606
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(583)

<223> FRXA02903

<400> 635

acgagcttcc gctctgcaca agccgctaga agccccgcat agccctaag tagagctcat 60
gcccatttgg aatcacaaca ccgcataatcg gccatggctg gtg tca aag ctc aaa 115
Val Ser Lys Leu Lys

1 5
ggc tca aga tcg ctt ctc gac gtc ggc tcc ggc gat cac tcc ttc gcc 163
Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly Asp His Ser Phe Ala

10 15 20
gac ctg gcc ggc cgc cag gtc ggc cat gtc gat gtc gtg gat cct ctt 211
Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp Val Val Asp Pro Leu

25 30 35
att aat aca acc ttt gaa gaa ttc cag ccg acc caa agc tac gat gcc 259
Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Phe Gln Pro Thr Gln Ser Tyr Asp Ala

40 45 50
atc acg ttc atc gcg tcc ctc cat cac atg aac gcg gaa gaa gga ctt 307
Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn Ala Glu Glu Gly Leu

55 60 65
aac aaa gca gtc cga atc ctc aat cct ggc ggc aag ctc ctc atc gta 355
Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly Lys Leu Leu Ile Val

70 75 80 85
ggc ctc gcc aaa aac aaa acc gcc tcc gac tgg atc atc tcc gga cta 403
Gly Leu Ala Lys Asn Lys Thr Ala Ser Asp Trp Ile Ile Ser Gly Leu

90 95 100
caa gct ttt ctc tcc cga cca atc agc ctc atc aat agg gaa caa caa 451
Gln Ala Phe Leu Ser Arg Pro Ile Ser Leu Ile Asn Arg Glu Gln Gln

105 110 115
atc tac ccc ttc cct acc aaa gaa ccc tca gag agt ctc cac gaa ata 499
Ile Tyr Pro Phe Pro Thr Lys Glu Pro Ser Glu Ser Leu His Glu Ile

120 125 130
cga caa ctc acc aag cag ctc ctc cct cac cgc cgt att cgc cgt gga 547
Arg Gln Leu Thr Lys Gln Leu Leu Pro His Arg Arg Ile Arg Arg Gly

135 140 145
atc cac ttc cga tac ctc ctc gag tgg aca aag cct taaacagccc 593
Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys Pro

150 155 160
tataaaccaa aaa 606

<210> 636

<211> 161

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 636

Val Ser Lys Leu Lys Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly
 1 5 10 15
 Asp His Ser Phe Ala Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp
 20 25 30
 Val Val Asp Pro Leu Ile Asn Thr Thr Phe Glu
 Glu Phe Gln Pro Thr
 35 40 45
 Gln Ser Tyr Asp Ala Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn
 50 55 60
 Ala Glu Glu Gly Leu Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly
 65 70 75 80

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

Arg Ile Arg Arg Gly Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys
 145 150 155 160

Pro

<210> 637

<211> 783

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(760)

<223> RXA00166

<400> 637

ggcgtttagc gatcttcaac atcgagcaac cagcgccagc gcttttaccc aaggcagcac 60
 gacttatcac gatgtccgac ctggatatcc ggctgaggcc gtg gag tta gcc cgt 115
 Val Glu Leu Ala Arg

1 5
 ggg ttt ggc cga gtc ctg gat gtc ggt gca ggt acc gga aaa cta acc 163
 Gly Phe Gly Arg Val Leu Asp Val Gly Ala Gly Thr Gly Lys Leu Thr

10 15 20
 agt gag cta aca gct gat cag gtc cta gcc ctt gat cca agc atg gac 211
 Ser Glu Leu Thr Ala Asp Gln Val Leu Ala Leu Asp Pro Ser Met Asp

25 30 35
 atg ttg cgg gtg ttt cgc tcc gcg ctt ccg gcg gtt ccc tgc tgg caa 259
 Met Leu Arg Val Phe Arg Ser Ala Leu Pro Ala Val Pro Cys Trp Gln

40 45 50
 gcg aca gca gaa cac aca gga ata cgt gac aac gcg gtt gat ctg att 307
 Ala Thr Ala Glu His Thr Gly Ile Arg Asp Asn Ala Val Asp Leu Ile

55 60 65 355
acg tgc gca caa acg tgg cat tgg gtt gac gtg acg gct gcc tca gcg
Thr Cys Ala Gln Thr Trp His Trp Val Asp Val Thr Ala Ala Ser Ala

70 75 80 85 403
gaa ttt gat cgg gtg att gca cct gag ggt gca gtc ctg ctc gtg tgg
Glu Phe Asp Arg Val Ile Ala Pro Glu Gly Ala Val Leu Leu Val Trp

90 95 100 451
aat aac ctg gac acc tcc atc gcg tgg gta cac cga ctc agt cgc att
Asn Asn Leu Asp Thr Ser Ile Ala Trp Val His Arg Leu Ser Arg Ile

105 110 115 499
atg cat gcc ggc gat gta ctc aag ccg gga ttc acc cca gaa acc gca
Met His Ala Gly Asp Val Leu Lys Pro Gly Phe Thr Pro Glu Thr Ala

120 125 130 547
gct ccc tgg ata att gat cga gaa att cgc acc acg tgg aat cag cac
Ala Pro Trp Ile Ile Asp Arg Glu Ile Arg Thr Thr Trp Asn Gln His

135 140 145 595
ctc acc cct gaa gaa atc atc cag ctc gct cac acg agg tcc tac tgg
Leu Thr Pro Glu Glu Ile Ile Gln Leu Ala His Thr Arg Ser Tyr Trp

150 155 160 165 643
tta aac gcg tca gag aaa atc aaa gag cgt gtt gat cag aac ctt cag
Leu Asn Ala Ser Glu Lys Ile Lys Glu Arg Val Asp Gln Asn Leu Gln

170 175 180 691
tgg tat ctc tac gag cat ttg ggt ttc agt ccc gac aat cca gtg gaa
Trp Tyr Leu Tyr Glu His Leu Gly Phe Ser Pro Asp Asn Pro Val Glu

185 190 195 739
ctt ccc tat cgc tgt gat gca ttt tta ctt tca cgt tcc ggt acc ctg
Leu Pro Tyr Arg Cys Asp Ala Phe Leu Leu Ser Arg Ser Gly Thr Leu

200 205 210 783
gca ggc aga tct tcc aat ctt taggagccct cgccatgtac ctg
Ala Gly Arg Ser Ser Asn Leu

215 220
<210> 638
<211> 220
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 638
Val Glu Leu Ala Arg Gly Phe Gly Arg Val Leu Asp Val Gly Ala Gly
1 5 10 15
Thr Gly Lys Leu Thr Ser Glu Leu Thr Ala Asp Gln Val Leu Ala Leu
20 25 30
Asp Pro Ser Met Asp Met Leu Arg Val Phe Arg Ser Ala Leu Pro Ala
35 40 45
Val Pro Cys Trp Gln Ala Thr Ala
Glu His Thr Gly Ile Arg Asp Asn
50 55 60
Ala Val Asp Leu Ile Thr Cys Ala Gln Thr Trp His Trp Val Asp Val

65	70	75	80
Thr Ala Ala Ser	Ala Glu Phe Asp Arg Val	Ile Ala Pro Glu Gly Ala	
	85	90	95
Val Leu Leu Val	Trp Asn Asn Leu Asp Thr Ser	Ile Ala Trp Val His	
	100	105	110
Arg Leu Ser Arg	Ile Met His Ala Gly Asp Val	Leu Lys Pro Gly Phe	
	115	120	125
Thr Pro Glu Thr	Ala Ala Pro Trp Ile Ile Asp Arg Glu	Ile Arg Thr	
	130	135	140
Thr Trp Asn Gln	His Leu Thr Pro Glu Glu Ile Ile	Gln Leu Ala His	
	145	150	155
Thr Arg Ser Tyr	Trp Leu Asn Ala Ser Glu Lys Ile Lys	Glu Arg Val	
	165	170	175
Asp Gln Asn Leu	Gln Trp Tyr Leu Tyr Glu His Leu Gly Phe	Ser Pro	
	180	185	190
Asp Asn Pro Val	Glu Leu Pro Tyr Arg Cys Asp Ala Phe	Leu Leu Ser	
	195	200	205
Arg Ser Gly Thr	Leu Ala Gly Arg Ser Ser Asn Leu		
	210	215	220
<210>	639		
<211>	1392		
<212>	DNA		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(101)..(1369)		
<223>	RXA00633		
<400>	639		
aaagctgcgg taattaa	caacttagcgc caaaaattga acactgttca attaacctat	60	
tacactgcag atatacatcc	aaaccaagtg acggaggaaa atg gaa aac ccc agc	115	
	Met Glu Asn Pro Ser		
	1	5	
ttg cgc gag ctt gat	cac cga aac atc tgg cac ccg tat gcc gcg ccg	163	
Leu Arg Glu Leu Asp	His Arg Asn Ile Trp His Pro Tyr Ala Ala Pro		
	10	15	20
ggc gtg cgc aat aga	ctc gtc acc aaa acc gat gga gtg ttt ttg acg	211	
Gly Val Arg Asn Arg	Leu Val Thr Lys Thr Asp Gly Val Phe Leu Thr		
	25	30	35
ctg gaa gat ggc agc	acc gtg att gac gcg atg agc tcc tgg tgg tgc	259	
Leu Glu Asp Gly Ser	Thr Val Ile Asp Ala Met Ser Ser Trp Trp Ser		
	40	45	50
gca att cat gga cac	gga cac ccc cga ctg aaa gct gcc gcc caa aaa	307	
Ala Ile His Gly His	Gly His Pro Arg Leu Lys Ala Ala Ala Gln Lys		
	55	60	65
caa atc gac acc atg	agt cac gtc atg ttt ggc gga cta acc cac gag	355	

Gln Ile Asp Thr Met Ser His Val Met Phe Gly Gly Leu Thr His Glu

70 75 80 85
ccc gcc att aag ctc acc cac aaa ctc ctc aat ctc act gga aat tcc 403
Pro Ala Ile Lys Leu Thr His Lys Leu Leu Asn Leu Thr Gly Asn Ser

90 95 100
ttt gac cac gtc ttt tat tcc gat tgc ggc tgc gtc tca gtg gag gtc 451
Phe Asp His Val Phe Tyr Ser Asp Ser Gly Ser Val Ser Val Glu Val

105 110 115
gcc atc aaa atg gca ctg cag gcc tcc aaa gga caa ggc cac ccg gaa 499
Ala Ile Lys Met Ala Leu Gln Ala Ser Lys Gly Gln Gly His Pro Glu

120 125 130
cgg aca aaa ctc ctc acc tgg cgg tcc ggc tac cac gga gac aca ttc 547
Arg Thr Lys Leu Leu Thr Trp Arg Ser Gly Tyr His Gly Asp Thr Phe

135 140 145
acc gcg atg agc gtg tgc gac cca gaa aat ggc atg cat agc ctc tgg 595
Thr Ala Met Ser Val Cys Asp Pro Glu Asn Gly Met His Ser Leu Trp

150 155 160 165
aaa ggc aca ctc ccc gag cag att ttc gcc ccc gcc cca cca gtt cgg 643
Lys Gly Thr Leu Pro Glu Gln Ile Phe Ala Pro Ala Pro Pro Val Arg

170 175 180
ggg tca tgc ccg cag gcg att tcc gag tac ctg cgc agc atg gaa ttg 691
Gly Ser Ser Pro Gln Ala Ile Ser Glu Tyr Leu Arg Ser Met Glu Leu

185 190 195
ctt atc gac gag gcg gtc tcc gca atc atc atc gaa ccg atc gtc caa 739
Leu Ile Asp Glu Ala Val Ser Ala Ile Ile Ile Glu Pro Ile Val Gln

200 205 210
ggc gct gga ggc atg cgc ttt cac gat gtc gca ctc att gaa gga gtc 787
Gly Ala Gly Gly Met Arg Phe His Asp Val Ala Leu Ile Glu Gly Val

215 220 225
gcc aca ctg tgc aag aag cac gat cgt ttc ttg atc gtc gat gaa att 835
Ala Thr Leu Cys Lys Lys His Asp Arg Phe Leu Ile Val Asp Glu Ile

230 235 240 245
gcc act ggt ttc ggc cgc acc ggt gaa cta ttt gcc acg tta agc aat 883
Ala Thr Gly Phe Gly Arg Thr Gly Glu Leu Phe Ala Thr Leu Ser Asn

250 255 260
ggc cta caa cca gac atc atg tgt gtg ggc aag gcc ctc acc ggt gga 931
Gly Leu Gln Pro Asp Ile Met Cys Val Gly Lys Ala Leu Thr Gly Gly

265 270 275
ttc atg tcc ttc gcc gct act tta tgc acg gac aag gtg gct caa tta 979
Phe Met Ser Phe Ala Ala Thr Leu Cys Thr Asp Lys Val Ala Gln Leu

280 285 290
atc agc acc cca aat ggc gga ggt gcg ctg atg cac ggc ccc act ttt 1027

Ile Ser Thr Pro Asn Gly Gly Gly Ala Leu Met His Gly Pro Thr Phe

295 300 305
atg gct aat cct ctg gcc tgt gcg gtt tcg cat gct tca tta gaa atc 1075
Met Ala Asn Pro Leu Ala Cys Ala Val Ser His Ala Ser Leu Glu Ile

310 315 320 325
att gag acc ggc atg tgg cag aaa cag gta aaa aga atc gaa gcc gaa 1123
Ile Glu Thr Gly Met Trp Gln Lys Gln Val Lys Arg Ile Glu Ala Glu

330 335 340
ctt atc gca ggc ctt tcc cca ctt caa cac ctt cca ggg gtt gcc gat 1171
Leu Ile Ala Gly Leu Ser Pro Leu Gln His Leu Pro Gly Val Ala Asp

345 350 355
gtc cgg gtt ctc ggc gcg att ggt gtc atc gaa atg gaa caa aat gtc 1219
Val Arg Val Leu Gly Ala Ile Gly Val Ile Glu Met Glu Gln Asn Val

360 365 370
aat gtc gaa gaa gct act cag gct gca tta gat cac ggt gtg tgg atc 1267
Asn Val Glu Glu Ala Thr Gln Ala Ala Leu Asp His Gly Val Trp Ile

375 380 385
cgc ccc ttt gga cgc ttg ctc tat gtc atg cct cca tat atc acc acg 1315
Arg Pro Phe Gly Arg Leu Leu Tyr Val Met Pro Pro Tyr Ile Thr Thr

390 395 400 405
tca gag cag tgc gca cag atc tgc act gcg ctt cat gct gca gtt aaa 1363
Ser Glu Gln Cys Ala Gln Ile Cys Thr Ala Leu His Ala Ala Val Lys

410 415 420
ggg aaa taaaccatgc catttttatt tgt 1392
Gly Lys

<210> 640
<211> 423
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 640
Met Glu Asn Pro Ser Leu Arg Glu Leu Asp His Arg Asn Ile Trp His
1 5 10 15
Pro Tyr Ala Ala Pro Gly Val Arg Asn Arg Leu Val Thr Lys Thr Asp
20 25 30
Gly Val Phe Leu Thr Leu Glu Asp Gly Ser Thr Val Ile Asp Ala Met
35 40 45
Ser Ser Trp Trp Ser Ala Ile His
Gly His Gly His Pro Arg Leu Lys
50 55 60
Ala Ala Ala Gln Lys Gln Ile Asp Thr Met Ser His Val Met Phe Gly
65 70 75 80

Gly Leu Thr His Glu Pro Ala Ile Lys Leu Thr His Lys Leu Leu Asn
85 90 95
Leu Thr Gly Asn Ser Phe Asp His Val Phe Tyr Ser Asp Ser Gly Ser
100 105 110
Val Ser Val Glu Val Ala Ile Lys Met Ala Leu Gln Ala Ser Lys Gly

115 120 125
 Gln Gly His Pro Glu Arg Thr Lys Leu Leu Thr Trp Arg Ser Gly Tyr
 130 135 140

 His Gly Asp Thr Phe Thr Ala Met Ser Val Cys Asp Pro Glu Asn Gly
 145 150 155 160

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

 Leu Ile Glu Gly Val Ala Thr Leu Cys Lys Lys His Asp Arg Phe Leu
 225 230 235 240

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

 His Gly Pro Thr Phe Met Ala Asn Pro Leu Ala Cys Ala Val Ser His
 305 310 315 320

 Ala Ser Leu Glu Ile Ile Glu Thr Gly Met Trp Gln Lys Gln Val Lys
 325 330 335
 Arg Ile Glu Ala Glu Leu Ile Ala Gly Leu Ser Pro Leu Gln His Leu
 340 345 350
 Pro Gly Val Ala Asp Val Arg Val Leu Gly Ala Ile Gly Val Ile Glu
 355 360 365
 Met Glu Gln Asn Val Asn Val Glu Glu Ala Thr Gln Ala Ala Leu Asp
 370 375 380

 His Gly Val Trp Ile Arg Pro Phe Gly Arg Leu Leu Tyr Val Met Pro
 385 390 395 400

 Pro Tyr Ile Thr Thr Ser Glu Gln Cys Ala Gln Ile Cys Thr Ala Leu
 405 410 415
 His Ala Ala Val Lys Gly Lys

420

<210> 641

<211> 795

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(772)

<223> RXA00632

<400> 641

tggacgttg ctctatgtca tgccctccata taccaccacg tcagagcagt gcgcacagat 60
ctgcactgcg cttcatgctg cagttaaagg gaaataaacc atg cca ttt tta ttt 115
Met Pro Phe Leu Phe

1 5
gtc agc ggt acc gga act ggg gtt ggg aaa acc ttc tcc aca gcc gtt 163
Val Ser Gly Thr Gly Thr Gly Val Gly Lys Thr Phe Ser Thr Ala Val

10 15 20
ttg gtt cga tac tta gcc gat caa gga cac gat gtt ctg ccc gta aag 211
Leu Val Arg Tyr Leu Ala Asp Gln Gly His Asp Val Leu Pro Val Lys

25 30 35
cta gtc caa acc ggt gaa ctt cca ggc gag gga gac atc ttt aac att 259
Leu Val Gln Thr Gly Glu Leu Pro Gly Glu Gly Asp Ile Phe Asn Ile

40 45 50
gaa cgc ttg act gga att gct gga gag gaa ttt gct cgt ttc aaa gac 307
Glu Arg Leu Thr Gly Ile Ala Gly Glu Glu Phe Ala Arg Phe Lys Asp

55 60 65
cct ctt gcg cca aat ctg gca gcc cga cga gag ggg gtc gag cca ata 355
Pro Leu Ala Pro Asn Leu Ala Ala Arg Arg Glu Gly Val Glu Pro Ile

70 75 80 85
cag ttt gat cag att atc tcg tgg ctt cgt ggt ttt gac gac cca gat 403
Gln Phe Asp Gln Ile Ile Ser Trp Leu Arg Gly Phe Asp Asp Pro Asp

90 95 100
cgc atc att gtg gtg gag ggc gct ggt ggc ctg ctg gtc aga tta ggg 451
Arg Ile Ile Val Val Glu Gly Ala Gly Gly Leu Leu Val Arg Leu Gly

105 110 115
gaa gat ttc acc ctg gca gat gtt gcc tcc gct ttg aat gca ccc tta 499
Glu Asp Phe Thr Leu Ala Asp Val Ala Ser Ala Leu Asn Ala Pro Leu

120 125 130
gtg att gtg aca agc acc gga ttg gga agc ctc aac gct gct gaa tta 547
Val Ile Val Thr Ser Thr Gly Leu Gly Ser Leu Asn Ala Ala Glu Leu

135 140 145
agc gtt gag gca gca aac cgc cga gga ctc aca gtg ttg gga gtc ctc 595
Ser Val Glu Ala Ala Asn Arg Arg Gly Leu Thr Val Leu Gly Val Leu

150 155 160 165
ggc ggt tcg atc cct caa aat cct gat cta gct acg atg ctt aat ctc 643
Gly Gly Ser Ile Pro Gln Asn Pro Asp Leu Ala Thr Met Leu Asn Leu

170 175 180
gaa gaa ttt gag aga gtc acc ggc gtg ccc ttt tgg gga gct ttg ccg 691
Glu Glu Phe Glu Arg Val Thr Gly Val Pro Phe Trp Gly Ala Leu Pro

185 190 195
gaa ggg ttg tca cgg gtg gag ggg ttc gtc gaa aag caa tct ttt ccg 739

Glu Gly Leu Ser Arg Val Glu Gly Phe Val Glu Lys Gln Ser Phe Pro

200 205 210
gcc ctt gat gcc ttt aag aaa ccg ccg gca agg tgatcgtgaa caccgtgcct 792
Ala Leu Asp Ala Phe Lys Lys Pro Pro Ala Arg

215 220 795
tcg

<210> 642

<211> 224

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 642

Met Pro Phe Leu Phe Val Ser Gly Thr Gly Thr Gly Val Gly Lys Thr

1 5 10 15

Phe Ser Thr Ala Val Leu Val Arg Tyr Leu Ala Asp Gln Gly His Asp

20 25 30

Val Leu Pro Val Lys Leu Val Gln Thr Gly Glu Leu

Pro Gly Glu Gly

35 40 45

Asp Ile Phe Asn Ile Glu Arg Leu Thr Gly Ile Ala Gly Glu Glu Phe

50 55 60

Ala Arg Phe Lys Asp Pro Leu Ala Pro Asn Leu Ala Ala Arg Arg Glu

65 70 75 80

Gly Val Glu Pro Ile Gln Phe Asp Gln Ile Ile Ser Trp Leu Arg Gly

85 90 95

Phe Asp Asp Pro Asp Arg Ile Ile Val Val Glu Gly Ala Gly Gly Leu

100 105 110

Leu Val Arg Leu Gly Glu Asp Phe Thr Leu Ala Asp Val Ala Ser Ala

115 120 125

Leu Asn Ala Pro Leu Val Ile Val Thr Ser Thr Gly Leu Gly Ser Leu

130 135 140

Asn Ala Ala Glu Leu Ser Val Glu Ala Ala Asn Arg Arg Gly Leu Thr

145 150 155 160

Val Leu Gly Val Leu Gly Gly Ser Ile Pro Gln Asn Pro Asp Leu Ala

165 170 175

Thr Met Leu Asn Leu Glu Glu Phe Glu Arg Val Thr Gly Val Pro Phe

180 185 190

Trp Gly Ala Leu Pro Glu Gly Leu Ser Arg Val Glu Gly Phe Val Glu

195 200 205

Lys Gln Ser Phe Pro Ala Leu Asp Ala Phe Lys Lys Pro Pro Ala Arg

210 215 220

<210> 643

<211> 1125

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1102)

<223> RXA00295

<400> 643

gtttaaggca cgtgtcattt tgcattgcgcg tgcccaattc ttcttaagtg tgctcaattt 60

ttaagcgcgc agttattgac aaccagcctc taggagatcc atg acc atc ccc ggc 115
Met Thr Ile Pro Gly

1 5
acc atc ctt gac acc gcc cgc acc caa gtt ctg gaa cag gga att ggc 163
Thr Ile Leu Asp Thr Ala Arg Thr Gln Val Leu Glu Gln Gly Ile Gly

10 15 20
ctt aat cag cag cag ttg atg gag gtt ctc acc ttg cct gaa gag caa 211
Leu Asn Gln Gln Gln Leu Met Glu Val Leu Thr Leu Pro Glu Glu Gln

25 30 35
atc cca gac ttg atg gaa tta gcc cac cag gtt cgg ttg aag tgg tgt 259
Ile Pro Asp Leu Met Glu Leu Ala His Gln Val Arg Leu Lys Trp Cys

40 45 50
ggg gaa gaa atc gag gtc gag ggc att att tcc ctc aaa act ggc ggt 307
Gly Glu Glu Ile Glu Val Glu Gly Ile Ile Ser Leu Lys Thr Gly Gly

55 60 65
tgc cct gaa gat tgt cat ttc tgc tca cag tct ggg ttg ttt gaa tcg 355
Cys Pro Glu Asp Cys His Phe Cys Ser Gln Ser Gly Leu Phe Glu Ser

70 75 80 85
ccg gtg cgt tcg gtg tgg ctg gat att ccg aat ctg gtt gaa gcc gct 403
Pro Val Arg Ser Val Trp Leu Asp Ile Pro Asn Leu Val Glu Ala Ala

90 95 100
aaa cag acc gca aaa act ggc gct acc gaa ttc tgt atc gtc gcc gca 451
Lys Gln Thr Ala Lys Thr Gly Ala Thr Glu Phe Cys Ile Val Ala Ala

105 110 115
gtc aag ggg cct gat gag agg ctc atg acc cag ctg gag gaa gca gtc 499
Val Lys Gly Pro Asp Glu Arg Leu Met Thr Gln Leu Glu Glu Ala Val

120 125 130
ctc gcg att cac tct gaa gtt gaa att gaa gtc gca gca tcg atc gga 547
Leu Ala Ile His Ser Glu Val Glu Ile Glu Val Ala Ala Ser Ile Gly

135 140 145
acg tta aat aag gaa cag gtg gat cgc ctc gct gct gcc ggc gtg cac 595
Thr Leu Asn Lys Glu Gln Val Asp Arg Leu Ala Ala Ala Gly Val His

150 155 160 165
cgc tac aac cat aat ttg gaa act gcg cgt tcc tat ttc cct gaa gtt 643
Arg Tyr Asn His Asn Leu Glu Thr Ala Arg Ser Tyr Phe Pro Glu Val

170 175 180
gtc acc act cat aca tgg gaa gag cgc cgc gaa act ttg cgc ctg gtg 691
Val Thr Thr His Thr Trp Glu Glu Arg Arg Glu Thr Leu Arg Leu Val

185 190 195
gca gaa gct gga atg gaa gtc tgt tcc ggc gga atc tta gga atg ggc 739
Ala Glu Ala Gly Met Glu Val Cys Ser Gly Gly Ile Leu Gly Met Gly

200

205

210

gaa act tta gag cag cgc gcc gag ttt gcc gtg cag ctg gcg gag ctt 787
Glu Thr Leu Glu Gln Arg Ala Glu Phe Ala Val Gln Leu Ala Glu Leu

215 220 225
gat ccg cac gaa gtc ccc atg aac ttc ctt gat cct cgc ccg ggc acc 835
Asp Pro His Glu Val Pro Met Asn Phe Leu Asp Pro Arg Pro Gly Thr

230 235 240 245
cca ttt gcc gat agg gaa ttg atg gac agc cgt gac gct ctg cgc tct 883
Pro Phe Ala Asp Arg Glu Leu Met Asp Ser Arg Asp Ala Leu Arg Ser

250 255 260
att ggt gcg ttc cgc ctt gcg atg cct cac acc atg ctt cgt ttt gct 931
Ile Gly Ala Phe Arg Leu Ala Met Pro His Thr Met Leu Arg Phe Ala

265 270 275
ggc ggt cgc gag ctg act ttg ggc gac aag ggt tcc gag caa gcc ctc 979
Gly Gly Arg Glu Leu Thr Leu Gly Asp Lys Gly Ser Glu Gln Ala Leu

280 285 290
ctg gga ggc atc aat gcg atg atc gtc gga aac tac ctg act acg ctc 1027
Leu Gly Gly Ile Asn Ala Met Ile Val Gly Asn Tyr Leu Thr Thr Leu

295 300 305
ggc cgc cca atg gaa gat gac ctc gac atg atg gat cgt ctc cag ctg 1075
Gly Arg Pro Met Glu Asp Asp Leu Asp Met Met Asp Arg Leu Gln Leu

310 315 320 325
ccc atc aaa gtc ctt aat aag gtc atc taagaagcac gcgcatgaac 1122
Pro Ile Lys Val Leu Asn Lys Val Ile

330 1125
gac
<210> 644
<211> 334
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 644
Met Thr Ile Pro Gly Thr Ile Leu Asp Thr Ala Arg Thr Gln Val Leu
1 5 10 15
Glu Gln Gly Ile Gly Leu Asn Gln Gln Gln Leu Met Glu Val Leu Thr
20 25 30
Leu Pro Glu Glu Gln Ile Pro Asp Leu Met Glu Leu Ala
His Gln Val
35 40 45
Arg Leu Lys Trp Cys Gly Glu Glu Ile Glu Val Glu Gly Ile Ile Ser
50 55 60
Leu Lys Thr Gly Gly Cys Pro Glu Asp Cys His Phe Cys Ser Gln Ser
65 70 75 80
Gly Leu Phe Glu Ser Pro Val Arg Ser Val Trp Leu Asp Ile Pro Asn
85 90 95
Leu Val Glu Ala Ala Lys Gln Thr Ala Lys Thr Gly Ala Thr Glu Phe
100 105 110
Cys Ile Val Ala Ala Val Lys Gly Pro Asp Glu Arg Leu Met Thr Gln
115 120 125
Leu Glu Glu Ala Val Leu Ala Ile His Ser Glu Val Glu Ile Glu Val

130 135 140

Ala Ala Ser Ile Gly Thr Leu Asn Lys Glu Gln Val Asp Arg Leu Ala
145 150 155 160

Ala Ala Gly Val His Arg Tyr Asn His Asn Leu Glu Thr Ala Arg Ser
165 170 175

Tyr Phe Pro Glu Val Val Thr Thr His Thr Trp Glu Glu Arg Arg Glu
180 185 190

Thr Leu Arg Leu Val Ala Glu Ala Gly Met Glu Val Cys Ser Gly Gly
195 200 205

Ile Leu Gly Met Gly Glu Thr Leu Glu Gln Arg Ala Glu Phe Ala Val
210 215 220

Gln Leu Ala Glu Leu Asp Pro His Glu Val Pro Met Asn Phe Leu Asp
225 230 235 240

Pro Arg Pro Gly Thr Pro Phe Ala Asp Arg Glu Leu Met Asp Ser Arg
245 250 255

Asp Ala Leu Arg Ser Ile Gly Ala Phe Arg Leu Ala Met Pro His Thr
260 265 270

Met Leu Arg Phe Ala Gly Gly Arg Glu Leu Thr Leu Gly Asp Lys Gly
275 280 285

Ser Glu Gln Ala Leu Leu Gly Gly Ile Asn Ala Met Ile Val Gly Asn
290 295 300

Tyr Leu Thr Thr Leu Gly Arg Pro Met Glu Asp Asp Leu Asp Met Met
305 310 315 320

Asp Arg Leu Gln Leu Pro Ile Lys Val Leu Asn Lys Val Ile
325 330

<210> 645
<211> 1212
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1189)
<223> RXA00223
<400> 645
gcgacctctt tgacatcgcc cctgcgctca tcgaagagat caacaagcgc aagtaggagt 60
tttgaacact ttttatctgg accatgcagc caccacacca atg cgt gag gtg gcc 115
Met Arg Glu Val Ala

1 5
gca gct gcg tgg atg gaa aac gcg cag gca ttg aat ccc gcg agt cag 163
Ala Ala Ala Trp Met Glu Asn Ala Gln Ala Leu Asn Pro Ala Ser Gln

10 15 20
tac ggt tcg ggg cgt aag gcg cgc agc gtt gcg gat tcg gct cgt gaa 211
Tyr Gly Ser Gly Arg Lys Ala Arg Ser Val Ala Asp Ser Ala Arg Glu

25 30 35
gaa att gct tct ttg ctg ggc tgt gaa cct atc gag gtt gtg ttt acc 259

Glu Ile Ala Ser Leu Leu Gly Cys Glu Pro Ile Glu Val Val Phe Thr

40 45 50
gcg tcc ggc acg gag gca gat aac ctc gct gtg cag ggg tta ttc cac 307
Ala Ser Gly Thr Glu Ala Asp Asn Leu Ala Val Gln Gly Leu Phe His

55 60 65
gca tcg cct ctc aat cgg att att tct acg ccg atc gag cac ccc ggg 355
Ala Ser Pro Leu Asn Arg Ile Ile Ser Thr Pro Ile Glu His Pro Gly

70 75 80 85
att ctg gaa acc gtc aag gct cta gaa ctt ggc ggg gca gag gcg gag 403
Ile Leu Glu Thr Val Lys Ala Leu Glu Leu Gly Gly Ala Glu Ala Glu

90 95 100
ctc atg ccg atc ggt cca gat gga cga gtg tct tcc ttc gaa gcg ctg 451
Leu Met Pro Ile Gly Pro Asp Gly Arg Val Ser Ser Phe Glu Ala Leu

105 110 115
gac aag cct gcc gcg gtt gcc act atg atg tgg gcg aac aat gag acc 499
Asp Lys Pro Ala Ala Val Ala Thr Met Met Trp Ala Asn Asn Glu Thr

120 125 130
ggc gcg att cag ccg gtt tct gag ttc atc gcc gcc gcg cag gcg tcc 547
Gly Ala Ile Gln Pro Val Ser Glu Phe Ile Ala Ala Ala Gln Ala Ser

135 140 145
ggc acg cca aca cac atc gat gcg gtt cag gtc gtt ggc cat ctg ccg 595
Gly Thr Pro Thr His Ile Asp Ala Val Gln Val Val Gly His Leu Pro

150 155 160 165
gtc aat ttt gat gag ctc ggc gcc acc act ttg gct gcc tcc gcg cac 643
Val Asn Phe Asp Glu Leu Gly Ala Thr Thr Leu Ala Ala Ser Ala His

170 175 180
aaa ttc ggt gga cca cgt ggc gtc ggc ctg ctg ttg gtg agg cgc tca 691
Lys Phe Gly Gly Pro Arg Gly Val Gly Leu Leu Leu Val Arg Arg Ser

185 190 195
cca gca cct tca gcc gta ttg cac gga ggt ggt cag gag cgc ggc atc 739
Pro Ala Pro Ser Ala Val Leu His Gly Gly Gly Gln Glu Arg Gly Ile

200 205 210
cgt cca ggc acc ctt gat gtc gcc ggc gca gct gcc acc gca gcc gca 787
Arg Pro Gly Thr Leu Asp Val Ala Gly Ala Ala Ala Thr Ala Ala Ala

215 220 225
tta cgc gaa gca gtg gcc gag ctt gac ggc gaa gcc acc cgc ctg cgc 835
Leu Arg Glu Ala Val Ala Glu Leu Asp Gly Glu Ala Thr Arg Leu Arg

230 235 240 245
gga ctt aaa aag atg ctt ctc gac gcc atc ctc cac acc atc ccc aac 883
Gly Leu Lys Lys Met Leu Leu Asp Ala Ile Leu His Thr Ile Pro Asn

250 255 260
gta ctg gtc cac acc acc gaa cca tcc ctg cca gga cac ctg cat ctc 931

Val Leu Val His Thr Thr Glu Pro Ser Leu Pro Gly His Leu His Leu

265 270 275
tcc ttc cca gga gca gaa ggc gat agt ttg atc atg ctg ctc gac tcc 979
Ser Phe Pro Gly Ala Glu Gly Asp Ser Leu Ile Met Leu Leu Asp Ser

280 285 290
ttg cgg atc gaa gcc tcc aca ggt tgc gcc tgc tcc aac ggt gta aac 1027
Leu Arg Ile Glu Ala Ser Thr Gly Ser Ala Cys Ser Asn Gly Val Asn

295 300 305
cgt gcc agc cac gtc ctt ttg gcc atg gga att tcc gaa acc gac gcc 1075
Arg Ala Ser His Val Leu Leu Ala Met Gly Ile Ser Glu Thr Asp Ala

310 315 320 325
cgt ggt gcc atc cga ttc acc ctc gga aga acc acc act gaa gaa tcc 1123
Arg Gly Ala Ile Arg Phe Thr Leu Gly Arg Thr Thr Thr Glu Glu Ser

330 335 340
atc aag gca gtg atc gcc gtg atc gaa gac gta gtg acc agg gct cgt 1171
Ile Lys Ala Val Ile Ala Val Ile Glu Asp Val Val Thr Arg Ala Arg

345 350 355
act gcg gga atg gct ttt tagcgaccgt aaatcgcata gtg 1212
Thr Ala Gly Met Ala Phe

360
<210> 646
<211> 363
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 646

Met Arg Glu Val Ala Ala Ala Ala Trp Met Glu Asn Ala Gln Ala Leu
1 5 10 15
Asn Pro Ala Ser Gln Tyr Gly Ser Gly Arg Lys Ala Arg Ser Val Ala
20 25 30
Asp Ser Ala Arg Glu Glu Ile Ala Ser Leu Leu Gly Cys Glu Pro Ile
35 40 45
Glu
Val Val Phe Thr Ala Ser Gly Thr Glu Ala Asp Asn Leu Ala Val
50 55 60
Gln Gly Leu Phe His Ala Ser Pro Leu Asn Arg Ile Ile Ser Thr Pro
65 70 75 80

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

Ala Ala Gln Ala Ser Gly Thr Pro Thr His Ile Asp Ala Val Gln Val
145 150 155 160

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

Ala Thr Ala Ala Ala Leu Arg Glu Ala Val Ala Glu Leu Asp Gly Glu
225 230 235 240

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

Ser Asn Gly Val Asn Arg Ala Ser His Val Leu Leu Ala Met Gly Ile
305 310 315 320

Ser Glu Thr Asp Ala Arg Gly Ala Ile Arg Phe Thr Leu Gly Arg Thr
325 330 335
Thr Thr Glu Glu Ser Ile Lys Ala Val Ile Ala Val Ile Glu Asp Val
340 345 350
Val Thr Arg Ala Arg Thr Ala Gly Met Ala Phe

355 360

<210> 647
<211> 1197
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1174)
<223> RXN00262
<400> 647
acaccgctgg aaagattgca tcaaccggtg tcgacgtcat ttccgttgga gcgcttacc 60
attctgtgca tgcacttgac ctaggactcg atattttcta atg ctc tac ctt gat 115
Met Leu Tyr Leu Asp

1 5
aat gca gcc acc acc agt gtg cgc aat gaa gca ctt gag gcc atg tgg 163
Asn Ala Ala Thr Thr Ser Val Arg Asn Glu Ala Leu Glu Ala Met Trp

10 15 20
cct tat ctc acc gga gcg ttt ggc aat ccg tca agt ccc cat gag gtg 211
Pro Tyr Leu Thr Gly Ala Phe Gly Asn Pro Ser Ser Pro His Glu Val

25 30 35
gga aga ctc gcc tct gcg ggg ctg gag gat gct cga act cgg gtg gcc 259

Gly Arg Leu Ala Ser Ala Gly Leu Glu Asp Ala Arg Thr Arg Val Ala

40 45 50
 cgc att atc gga gga cgc ccc aca cag gtg acg ttt acg tcg ggt gga 307
 Arg Ile Ile Gly Gly Arg Pro Thr Gln Val Thr Phe Thr Ser Gly Gly

55 60 65
 tca gaa gcc aac aac ctc gct atc aaa gga gcg tgc tta gct aat cct 355
 Ser Glu Ala Asn Asn Leu Ala Ile Lys Gly Ala Cys Leu Ala Asn Pro

70 75 80 85
 cgt ggc cgg cac ctc atc acc acc ccg atc gag cat gac agt gtc cta 403
 Arg Gly Arg His Leu Ile Thr Thr Pro Ile Glu His Asp Ser Val Leu

90 95 100
 gaa act gct gct tat ctt gaa agg ttt cat gat ttc gag atc acc tac 451
 Glu Thr Ala Ala Tyr Leu Glu Arg Phe His Asp Phe Glu Ile Thr Tyr

105 110 115
 cta tcc ccc gat cac act ggg ctg atc tcc ccg gag ggt ctc cgc aaa 499
 Leu Ser Pro Asp His Thr Gly Leu Ile Ser Pro Glu Gly Leu Arg Lys

120 125 130
 gca gtc agg ccg gac acc aca ttg atc agc att ggt tat gcc aac aat 547
 Ala Val Arg Pro Asp Thr Thr Leu Ile Ser Ile Gly Tyr Ala Asn Asn

135 140 145
 gag gtg gga acc att cag ccg ata gct gag ttg gcg gcg gta agc agt 595
 Glu Val Gly Thr Ile Gln Pro Ile Ala Glu Leu Ala Ala Val Ser Ser

150 155 160 165
 acg cct ttt cac acc gat gca gtg caa gct gca cat tta acc ttt gac 643
 Thr Pro Phe His Thr Asp Ala Val Gln Ala Ala His Leu Thr Phe Asp

170 175 180
 ttg gga gtt gac gcg tta agt ttg tcg ggt cat aaa ttc ggt gcg cct 691
 Leu Gly Val Asp Ala Leu Ser Leu Ser Gly His Lys Phe Gly Ala Pro

185 190 195
 aaa ggg att gga gtg tta tgg tca aag ctt ccc ctg gag ccg gta atc 739
 Lys Gly Ile Gly Val Leu Trp Ser Lys Leu Pro Leu Glu Pro Val Ile

200 205 210
 cat ggc ggc ggc cag gaa aaa ggg ccg cgt agt ggc acg gaa aac gtt 787
 His Gly Gly Gly Gln Glu Lys Gly Arg Arg Ser Gly Thr Glu Asn Val

215 220 225
 gcg ggg gct atc gcc ttt gcc act gcc ttg gaa ttg gcc agg gcg gaa 835
 Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu Leu Ala Arg Ala Glu

230 235 240 245
 tcc tat cca gat ctt ggc gaa ttc atc gag gaa gtt ctc act atc ccg 883
 Ser Tyr Pro Asp Leu Gly Glu Phe Ile Glu Glu Val Leu Thr Ile Pro

250 255 260
 gga gca cac ctg act gga cat cct agg atg cgc att gat gga cac gca 931

Gly Ala His Leu Thr Gly His Pro Arg Met Arg Ile Asp Gly His Ala

265 270 275
tct ttt ctc ttc gac agc ata gga tct gaa act gtt ctt ctg gaa ttg 979
Ser Phe Leu Phe Asp Ser Ile Gly Ser Glu Thr Val Leu Leu Glu Leu

280 285 290
gaa cgc caa ggc att gtg tgc tcc cct ggt tct gcc tgt ggt tcc gga 1027
Glu Arg Gln Gly Ile Val Cys Ser Pro Gly Ser Ala Cys Gly Ser Gly

295 300 305
gag gta tcc cat gtg ttg ctg gcg ttg ggg ctt gag gag gat caa gca 1075
Glu Val Ser His Val Leu Leu Ala Leu Gly Leu Glu Glu Asp Gln Ala

310 315 320 325
cga acg gct gtg cgc tgt act ttt agt aca aca cac agc cgt gaa gat 1123
Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr His Ser Arg Glu Asp

330 335 340
gcg ctc gtg gca gcc tct gct ctt aaa tcc gcg gtc gcc tta atc aga 1171
Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala Val Ala Leu Ile Arg

345 350 355
ggg tgacgctagt cagaggttta cgg 1197
Gly

<210> 648
<211> 358
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 648

Met Leu Tyr Leu Asp Asn Ala Ala Thr Thr Ser Val Arg Asn Glu Ala
1 5 10 15
Leu Glu Ala Met Trp Pro Tyr Leu Thr Gly Ala Phe Gly Asn Pro Ser
20 25 30
Ser Pro His Glu Val Gly Arg Leu Ala Ser Ala Gly Leu Glu Asp Ala
35 40 45
Arg Thr Arg Val Ala Arg Ile Ile
Gly Gly Arg Pro Thr Gln Val Thr
50 55 60
Phe Thr Ser Gly Gly Ser Glu Ala Asn Asn Leu Ala Ile Lys Gly Ala
65 70 75 80

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

Gly Tyr Ala Asn Asn Glu Val Gly Thr Ile Gln Pro Ile Ala Glu Leu
145 150 155 160

Ala Ala Val Ser Ser Thr Pro Phe His Thr Asp Ala Val Gln Ala Ala

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

 Gly Thr Glu Asn Val Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu
 225 230 235 240

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

 Ala Cys Gly Ser Gly Glu Val Ser His Val Leu Leu Ala Leu Gly Leu
 305 310 315 320

 Glu Glu Asp Gln Ala Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr
 325 330 335
 His Ser Arg Glu Asp Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala
 340 345 350
 Val Ala Leu Ile Arg Gly

 355
 <210> 649
 <211> 920
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (79)..(897)
 <223> FRXA00262
 <400> 649
 cacacaggtg acgtttacgt cgggtggatc agaagccaac aacctcgctt atcaaaggag 60
 cgtgcttagc taatccta gtg gcc ggg cac ctc atc acc acc ccg atc gag 111
 Val Ala Gly His Leu Ile Thr Thr Pro Ile Glu

 1 5 10
 cat gac agt gtc cta gaa act gct gct tat ctt gaa agg ttt cat gat 159
 His Asp Ser Val Leu Glu Thr Ala Ala Tyr Leu Glu Arg Phe His Asp

 15 20 25
 ttc gag atc acc tac cta tcc ccc gat cac act ggg ctg atc tcc ccg 207
 Phe Glu Ile Thr Tyr Leu Ser Pro Asp His Thr Gly Leu Ile Ser Pro

 30 35 40
 gag ggt ctc cgc aaa gca gtc agg ccg gac acc aca ttg atc agc att 255
 Glu Gly Leu Arg Lys Ala Val Arg Pro Asp Thr Thr Leu Ile Ser Ile

45	50	55	
ggt tat gcc aac aat gag gtg gga acc att cag ccg ata gct gag ttg	303		
Gly Tyr Ala Asn Asn Glu Val Gly Thr Ile Gln Pro Ile Ala Glu Leu			
60	65	70	75
gcg gcg gta agc agt acg cct ttt cac acc gat gca gtg caa gct gca	351		
Ala Ala Val Ser Ser Thr Pro Phe His Thr Asp Ala Val Gln Ala Ala			
80	85	90	
cat tta acc ttt gac ttg gga gtt gac gcg tta agt ttg tcg ggt cat	399		
His Leu Thr Phe Asp Leu Gly Val Asp Ala Leu Ser Leu Ser Gly His			
95	100	105	
aaa ttc ggt gcg cct aaa ggg att gga gtg tta tgg tca aag ctt ccc	447		
Lys Phe Gly Ala Pro Lys Gly Ile Gly Val Leu Trp Ser Lys Leu Pro			
110	115	120	
ctg gag ccg gta atc cat ggc ggc ggc cag gaa aaa ggg cgg cgt agt	495		
Leu Glu Pro Val Ile His Gly Gly Gly Gln Glu Lys Gly Arg Arg Ser			
125	130	135	
ggc acg gaa aac gtt gcg ggg gct atc gcc ttt gcc act gcc ttg gaa	543		
Gly Thr Glu Asn Val Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu			
140	145	150	155
ttg gcc agg gcg gaa tcc tat cca gat ctt ggc gaa ttc atc gag gaa	591		
Leu Ala Arg Ala Glu Ser Tyr Pro Asp Leu Gly Glu Phe Ile Glu Glu			
160	165	170	
gtt ctc act atc ccg gga gca cac ctg act gga cat cct agg atg cgc	639		
Val Leu Thr Ile Pro Gly Ala His Leu Thr Gly His Pro Arg Met Arg			
175	180	185	
att gat gga cac gca tct ttt ctc ttc gac agc ata gga tct gaa act	687		
Ile Asp Gly His Ala Ser Phe Leu Phe Asp Ser Ile Gly Ser Glu Thr			
190	195	200	
gtt ctt ctg gaa ttg gaa cgc caa ggc att gtg tgc tcc cct ggt tct	735		
Val Leu Leu Glu Leu Glu Arg Gln Gly Ile Val Cys Ser Pro Gly Ser			
205	210	215	
gcc tgt ggt tcc gga gag gta tcc cat gtg ttg ctg gcg ttg ggg ctt	783		
Ala Cys Gly Ser Gly Glu Val Ser His Val Leu Leu Ala Leu Gly Leu			
220	225	230	235
gag gag gat caa gca cga acg gct gtg cgc tgt act ttt agt aca aca	831		
Glu Glu Asp Gln Ala Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr			
240	245	250	
cac agc cgt gaa gat gcg ctc gtg gca gcc tct gct ctt aaa tcc gcg	879		
His Ser Arg Glu Asp Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala			
255	260	265	
gtc gcc tta atc aga ggg tgacgctagt cagaggttta cgg	920		
Val Ala Leu Ile Arg Gly			

270
 <210> 650
 <211> 273
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <400> 650
 Val Ala Gly His Leu Ile Thr Thr Pro Ile Glu His Asp Ser Val Leu
 1 5 10 15
 Glu Thr Ala Ala Tyr Leu Glu Arg Phe His Asp Phe Glu Ile Thr Tyr
 20 25 30
 Leu Ser Pro Asp His Thr Gly Leu Ile Ser Pro Glu Gly Leu Arg Lys
 35 40 45
 Ala
 Val Arg Pro Asp Thr Thr Leu Ile Ser Ile Gly Tyr Ala Asn Asn
 50 55 60
 Glu Val Gly Thr Ile Gln Pro Ile Ala Glu Leu Ala Ala Val Ser Ser
 65 70 75 80
 Thr Pro Phe His Thr Asp Ala Val Gln Ala Ala His Leu Thr Phe Asp
 85 90 95
 Leu Gly Val Asp Ala Leu Ser Leu Ser Gly His Lys Phe Gly Ala Pro
 100 105 110
 Lys Gly Ile Gly Val Leu Trp Ser Lys Leu Pro Leu Glu Pro Val Ile
 115 120 125
 His Gly Gly Gly Gln Glu Lys Gly Arg Arg Ser Gly Thr Glu Asn Val
 130 135 140
 Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu Leu Ala Arg Ala Glu
 145 150 155 160
 Ser Tyr Pro Asp Leu Gly Glu Phe Ile Glu Glu Val Leu Thr Ile Pro
 165 170 175
 Gly Ala His Leu Thr Gly His Pro Arg Met Arg Ile Asp Gly His Ala
 180 185 190
 Ser Phe Leu Phe Asp Ser Ile Gly Ser Glu Thr Val Leu Leu Glu Leu
 195 200 205
 Glu Arg Gln Gly Ile Val Cys Ser Pro Gly Ser Ala Cys Gly Ser Gly
 210 215 220
 Glu Val Ser His Val Leu Leu Ala Leu Gly Leu Glu Glu Asp Gln Ala
 225 230 235 240
 Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr His Ser Arg Glu Asp
 245 250 255
 Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala Val Ala Leu Ile Arg
 260 265 270
 Gly

<210> 651
 <211> 1296
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1273)
 <223> RXN00435

<400> 651

cgacaggtga attcatgcac gtttgagtgt cccgtgtgtg gggtaatgtt gtccaagaga 60
gtggaaggaa atgctgtggc gggtgaaagg agtgcctttc gtg ggt ttt gat gtg 115
Val Gly Phe Asp Val

1 5
gcc agg gtt cgg ggg ctt tat acc tct ttg ggc gat ggc tgg acg tac 163
Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly Asp Gly Trp Thr Tyr

10 15 20
ctt aat tca cat caa att ccg cag gtt ccg gag cgg gtg gcg tcg gga 211
Leu Asn Ser His Gln Ile Pro Gln Val Pro Glu Arg Val Ala Ser Gly

25 30 35
gtt gcg gcg gct ttc cgc acg cat gcg cag att tct gag gtg acg tcg 259
Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile Ser Glu Val Thr Ser

40 45 50
cag ccg att gcg gtg gat cag ttg gag gct gct cgc gag gca gtt gcg 307
Gln Pro Ile Ala Val Asp Gln Leu Glu Ala Ala Arg Glu Ala Val Ala

55 60 65
tcg ttg gcg ggt gtg gat ccg gac tgt gtt gtg ctg ggt ccc acg agg 355
Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val Leu Gly Pro Thr Arg

70 75 80 85
cag ttt ttg gct cat aca ttg gcg cgc ggt ttg ggt ggg ttt gta cgt 403
Gln Phe Leu Ala His Thr Leu Ala Arg Gly Leu Gly Gly Phe Val Arg

90 95 100
cga aaa gcg ggc gtg gtg ttg tcg cgc gcg gac gcg gac tgg ctg acc 451
Arg Lys Ala Gly Val Val Leu Ser Arg Ala Asp Ala Asp Trp Leu Thr

105 110 115
gcg ccg ttc cgc tcc ctc gac ggc gtt ttt agc tgg gcc gag ccc gat 499
Ala Pro Phe Arg Ser Leu Asp Gly Val Phe Ser Trp Ala Glu Pro Asp

120 125 130
ttg ggc acc ggc atg ctg ccg gat tgg cag tac gag aag ctt gtt gac 547
Leu Gly Thr Gly Met Leu Pro Asp Trp Gln Tyr Glu Lys Leu Val Asp

135 140 145
ggc tcg acg cgc ctt gtc gtg ctc agc gcc gcg cac ccg ctg ctc ggc 595
Gly Ser Thr Arg Leu Val Val Leu Ser Ala Ala His Pro Leu Leu Gly

150 155 160 165
acg gtc gcc cca gtg ggc aag att gtg gat aaa gtg cgg gcg cgt tcg 643
Thr Val Ala Pro Val Gly Lys Ile Val Asp Lys Val Arg Ala Arg Ser

170 175 180
cgt gcc tgg gtg ctt gtc gac gcc acc acc tac gca gcc tac cgc ccc 691
Arg Ala Trp Val Leu Val Asp Ala Thr Thr Tyr Ala Ala Tyr Arg Pro

185 190 195
ctg cgc cta gac gag tgg gaa gcc gat atc gtc atg ctt gat ctc ggc 739

Leu Arg Leu Asp Glu Trp Glu Ala Asp Ile Val Met Leu Asp Leu Gly

200 205 210
gag ttg ggc ggc ccg cag att tcg gcg ttg att ttc cgt gat acc tcg 787
Glu Leu Gly Gly Pro Gln Ile Ser Ala Leu Ile Phe Arg Asp Thr Ser

215 220 225
atg ttc ccg cgc ctg gat cgc acc gtt cca ctc gaa ctg ccc gca agc 835
Met Phe Pro Arg Leu Asp Arg Thr Val Pro Leu Glu Leu Pro Ala Ser

230 235 240 245
tcc ctg ccg cat ggg ctg ctc ggc ggc gtg ccc aac ctg gtg cgg cac 883
Ser Leu Pro His Gly Leu Leu Gly Gly Val Pro Asn Leu Val Arg His

250 255 260
ctg gga aac ctg gat gaa aac gcc ccg tcc gtc gtt gag gcg atg ggg 931
Leu Gly Asn Leu Asp Glu Asn Ala Pro Ser Val Val Glu Ala Met Gly

265 270 275
gag atg gcg aaa ttc cac aag gga ctt ttt gag cat ctt gtg gaa tcg 979
Glu Met Ala Lys Phe His Lys Gly Leu Phe Glu His Leu Val Glu Ser

280 285 290
ctc gaa gga ctt cac gcg gtg cat atc gtg gga att tcc ggc gat gcc 1027
Leu Glu Gly Leu His Ala Val His Ile Val Gly Ile Ser Gly Asp Ala

295 300 305
gca ggt caa gac gcc ccg ttc ctg gat cga gtg ccc cgc ttg acc ttc 1075
Ala Gly Gln Asp Ala Pro Phe Leu Asp Arg Val Pro Arg Leu Thr Phe

310 315 320 325
acc atg gaa ggc gtg ccc gca gat atg gtg tac cgc cga ttg gtg gac 1123
Thr Met Glu Gly Val Pro Ala Asp Met Val Tyr Arg Arg Leu Val Asp

330 335 340
aat cgt ttg atc act acc gtc agc cct gct gac ccg ctg ctc gaa gca 1171
Asn Arg Leu Ile Thr Thr Val Ser Pro Ala Asp Pro Leu Leu Glu Ala

345 350 355
atg ggt gtg act gaa gct ggc gga tcg atc act atc gga cta agc ccg 1219
Met Gly Val Thr Glu Ala Gly Gly Ser Ile Thr Ile Gly Leu Ser Pro

360 365 370
ttt agc acc tac tat gaa gtg gat cag ctg acc agg gtg ctg gca tcg 1267
Phe Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Asp Gln Leu Thr Arg Val Leu Ala Ser

375 380 385
ctt gcc taaaccgcaa gcacgagctt gcc 1296
Leu Ala

390
<210> 652
<211> 391
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 652

Val Gly Phe Asp Val Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly
 1 5 10 15
 Asp Gly Trp Thr Tyr Leu Asn Ser His Gln Ile Pro Gln Val Pro Glu
 20 25 30
 Arg Val Ala Ser Gly Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile
 35 40 45
 Ser Glu Val Thr Ser
 Gln Pro Ile Ala Val Asp Gln Leu Glu Ala Ala
 50 55 60
 Arg Glu Ala Val Ala Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val
 65 70 75 80

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

 Glu Lys Leu Val Asp Gly Ser Thr Arg Leu Val Val Leu Ser Ala Ala
 145 150 155 160

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

 Phe Arg Asp Thr Ser Met Phe Pro Arg Leu Asp Arg Thr Val Pro Leu
 225 230 235 240

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

 Ile Ser Gly Asp Ala Ala Gly Gln Asp Ala Pro Phe Leu Asp Arg Val
 305 310 315 320

 Pro Arg Leu Thr Phe Thr Met Glu Gly Val Pro Ala Asp Met Val Tyr
 325 330 335
 Arg Arg Leu Val Asp Asn Arg Leu Ile Thr Thr Val Ser Pro Ala Asp
 340 345 350
 Pro Leu Leu Glu Ala Met Gly Val Thr Glu Ala Gly Gly Ser Ile Thr
 355 360 365
 Ile Gly Leu Ser Pro Phe Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Asp Gln Leu Thr
 370 375 380

Arg Val Leu Ala Ser Leu Ala

385 390

<210> 653

<211> 638

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(615)

<223> FRXA00435

<400> 653

gtc gac gcc acc acc tac gca gcc tac cgc ccc ctg cgc cta gac gag 48
Val Asp Ala Thr Thr Tyr Ala Ala Tyr Arg Pro Leu Arg Leu Asp Glu

1 5 10 15
tgg gaa gcc gat atc gtc atg ctt gat ctc ggc gag ttg ggc ggc ccg 96
Trp Glu Ala Asp Ile Val Met Leu Asp Leu Gly Glu Leu Gly Gly Pro

20 25 30
cag att tcg gcg ttg att ttc cgt gat acc tcg atg ttc ccg cgc ctg 144
Gln Ile Ser Ala Leu Ile Phe Arg Asp Thr Ser Met Phe Pro Arg Leu

35 40 45
gat cgc acc gtt cca ctc gaa ctg ccc gca agc tcc ctg ccg cat ggg 192
Asp Arg Thr Val Pro Leu Glu Leu Pro Ala Ser Ser Leu Pro His Gly

50 55 60
ctg ctc ggc ggc gtg ccc aac ctg gtg cgg cac ctg gga aac ctg gat 240
Leu Leu Gly Gly Val Pro Asn Leu Val Arg His Leu Gly Asn Leu Asp

65 70 75 80
gaa aac gcc ccg tcc gtc gtt gag gcg atg ggg gag atg gcg aaa ttc 288
Glu Asn Ala Pro Ser Val Val Glu Ala Met Gly Glu Met Ala Lys Phe

85 90 95
cac aag gga ctt ttt gag cat ctt gtg gaa tcg ctc gaa gga ctt cac 336
His Lys Gly Leu Phe Glu His Leu Val Glu Ser Leu Glu Gly Leu His

100 105 110
gcg gtg cat atc gtg gga att tcc ggc gat gcc gca ggt caa gac gcc 384
Ala Val His Ile Val Gly Ile Ser Gly Asp Ala Ala Gly Gln Asp Ala

115 120 125
ccg ttc ctg gat cga gtg ccc cgc ttg acc ttc acc atg gaa ggc gtg 432
Pro Phe Leu Asp Arg Val Pro Arg Leu Thr Phe Thr Met Glu Gly Val

130 135 140
ccc gca gat atg gtg tac cgc cga ttg gtg gac aat cgt ttg atc act 480
Pro Ala Asp Met Val Tyr Arg Arg Leu Val Asp Asn Arg Leu Ile Thr

145 150 155 160
acc gtc agc cct gct gac ccg ctg ctc gaa gca atg ggt gtg act gaa 528
Thr Val Ser Pro Ala Asp Pro Leu Leu Glu Ala Met Gly Val Thr Glu

165 170 175
 gct ggc gga tgc atc act atc gga cta agc ccg ttt agc acc tac tat 576
 Ala Gly Gly Ser Ile Thr Ile Gly Leu Ser Pro Phe Ser Thr Tyr Tyr

180 185 190
 gaa gtg gat cag ctg acc agg gtg ctg gca tgc ctt gcc taaaccgcaa 625
 Glu Val Asp Gln Leu Thr Arg Val Leu Ala Ser Leu Ala

195 200 205
 gcacgagctt gcc 638
 <210> 654
 <211> 205
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 654
 Val Asp Ala Thr Thr Tyr Ala Ala Tyr Arg Pro Leu Arg Leu Asp Glu
 1 5 10 15
 Trp Glu Ala Asp Ile Val Met Leu Asp Leu Gly Glu Leu Gly Gly Pro
 20 25 30
 Gln Ile Ser Ala Leu Ile Phe Arg Asp Thr Ser Met Phe Pro Arg Leu
 35 40
 45
 Asp Arg Thr Val Pro Leu Glu Leu Pro Ala Ser Ser Leu Pro His Gly
 50 55 60
 Leu Leu Gly Gly Val Pro Asn Leu Val Arg His Leu Gly Asn Leu Asp
 65 70 75 80
 85 90 95
 His Lys Gly Leu Phe Glu His Leu Val Glu Ser Leu Glu Gly Leu His
 100 105 110
 Ala Val His Ile Val Gly Ile Ser Gly Asp Ala Ala Gly Gln Asp Ala
 115 120 125
 Pro Phe Leu Asp Arg Val Pro Arg Leu Thr Phe Thr Met Glu Gly Val
 130 135 140
 145 150 155 160
 Pro Ala Asp Met Val Tyr Arg Arg Leu Val Asp Asn Arg Leu Ile Thr
 Thr Val Ser Pro Ala Asp Pro Leu Leu Glu Ala Met Gly Val Thr Glu
 165 170 175
 Ala Gly Gly Ser Ile Thr Ile Gly Leu Ser Pro Phe Ser Thr Tyr Tyr
 180 185 190
 Glu Val Asp Gln Leu Thr Arg Val Leu Ala Ser Leu Ala

195 200 205
 <210> 655
 <211> 535
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(535)
 <223> FRXA02801
 <400> 655
 cgacaggtga attcatgcac gtttgagtgt cccgtgtgtg gggtaatgtt gtccaagaga 60

gtggaaggaa atgctgtggc gggtgaaagg agtgcctttc gtg ggt ttt gat gtg 115
Val Gly Phe Asp Val

1 5
gcc agg gtt cgg ggg ctt tat acc tct ttg ggc gat ggc tgg acg tac 163
Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly Asp Gly Trp Thr Tyr

10 15 20
ctt aat tca cat caa att ccg cag gtt ccg gag cgg gtg gcg tcg gga 211
Leu Asn Ser His Gln Ile Pro Gln Val Pro Glu Arg Val Ala Ser Gly

25 30 35
gtt gcg gcg gct ttc cgc acg cat gcg cag att tct gag gtg acg tcg 259
Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile Ser Glu Val Thr Ser

40 45 50
cag ccg att gcg gtg gat cag ttg gag gct gct cgc gag gca gtt gcg 307
Gln Pro Ile Ala Val Asp Gln Leu Glu Ala Ala Arg Glu Ala Val Ala

55 60 65
tcg ttg gcg ggt gtg gat ccg gac tgt gtt gtg ctg ggt ccc acg agg 355
Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val Leu Gly Pro Thr Arg

70 75 80 85
cag ttt ttg gct cat aca ttg gcg cgc ggt ttg ggt ggg ttt gta cgt 403
Gln Phe Leu Ala His Thr Leu Ala Arg Gly Leu Gly Gly Phe Val Arg

90 95 100
cga aaa gcg ggc gtg gtg ttg tcg cgc gcg gac gcg gac tgg ctg acc 451
Arg Lys Ala Gly Val Val Leu Ser Arg Ala Asp Ala Asp Trp Leu Thr

105 110 115
gcg ccg ttc cgc tcc ctc gac ggc gtt ttt agc tgg gcc gag ccc gat 499
Ala Pro Phe Arg Ser Leu Asp Gly Val Phe Ser Trp Ala Glu Pro Asp

120 125 130
ttg ggc acc ggc atg ctg ccg gat tgg cag tac cag 535
Leu Gly Thr Gly Met Leu Pro Asp Trp Gln Tyr Gln

135 140 145
<210> 656
<211> 145
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 656
Val Gly Phe Asp Val Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly
1 5 10 15
Asp Gly Trp Thr Tyr Leu Asn Ser His Gln Ile Pro Gln Val Pro Glu
20 25 30
Arg Val Ala Ser Gly Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile
35 40 45
Ser Glu Val Thr Ser Gln Pro Ile
Ala Val Asp Gln Leu Glu Ala Ala
50 55 60
Arg Glu Ala Val Ala Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val

65	70	75	80
Leu Gly Pro Thr Arg Gln Phe Leu Ala His Thr Leu Ala Arg Gly Leu	85	90	95
Gly Gly Phe Val Arg Arg Lys Ala Gly Val Val Leu Ser Arg Ala Asp	100	105	110
Ala Asp Trp Leu Thr Ala Pro Phe Arg Ser Leu Asp Gly Val Phe Ser	115	120	125
Trp Ala Glu Pro Asp Leu Gly Thr Gly Met Leu Pro Asp Trp Gln Tyr	130	135	140
Gln			
145			
<210> 657			
<211> 1386			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1363)			
<223> RXA02516			
<400> 657			
ttcattcacg ttttcgcgaa tggccagatt gtgaccaccg gtggcgctga gcttctgac	60		
aagctcgagg ctgacggcta cgaccagttc atcaagtaac atg tcc gat ttc ctc	115		
		Met Ser Asp Phe Leu	
		1	5
aat gca gat gga tcc ctc aat gtg gat aag gtg cgg gaa gaa ttc cca	163		
Asn Ala Asp Gly Ser Leu Asn Val Asp Lys Val Arg Glu Glu Phe Pro			
	10	15	20
atc ctg aag cgc act gtt agg gat ggg aaa ccg ctt gct tac ctg gac	211		
Ile Leu Lys Arg Thr Val Arg Asp Gly Lys Pro Leu Ala Tyr Leu Asp			
	25	30	35
tca ggt gcg aca tcg cag cga ccc gag cgg gtg tgg cgt gca gag gag	259		
Ser Gly Ala Thr Ser Gln Arg Pro Glu Arg Val Trp Arg Ala Glu Glu			
	40	45	50
cac ttt gtg ctg cac acc aac gcc ccc gtg cac cgc ggt gcc tac caa	307		
His Phe Val Leu His Thr Asn Ala Pro Val His Arg Gly Ala Tyr Gln			
	55	60	65
ctg gct gag gaa gca acg gat gct tat gaa ggt gcc cgc gag aag atc	355		
Leu Ala Glu Glu Ala Thr Asp Ala Tyr Glu Gly Ala Arg Glu Lys Ile			
	70	75	80
gct gcc ttt gtt ggt gcc gag cag cat gaa att gcg ttc act aag aat	403		
Ala Ala Phe Val Gly Ala Glu Gln His Glu Ile Ala Phe Thr Lys Asn			
	90	95	100
gca act gaa gca ctc aat ctt gtt gcg tac acc ttg ggt gat gac cgt	451		
Ala Thr Glu Ala Leu Asn Leu Val Ala Tyr Thr Leu Gly Asp Asp Arg			

105	110	115	
tcc ggt aag tat cgt gtc cag gcc ggg gat acc gtg gtc atc acg gag			499
Ser Gly Lys Tyr Arg Val Gln Ala Gly Asp Thr Val Val Ile Thr Glu			
120	125	130	
cta gag cac cac gca aac ttg gtg cca tgg cag gag ctg tgc cgt cga			547
Leu Glu His His Ala Asn Leu Val Pro Trp Gln Glu Leu Cys Arg Arg			
135	140	145	
acc ggt gcg aca ttg aag tgg tac aag gtg act gaa gat ggt cgc att			595
Thr Gly Ala Thr Leu Lys Trp Tyr Lys Val Thr Glu Asp Gly Arg Ile			
150	155	160	165
gat ctc gat tca ctc gag ctt gat gaa act gtc aag gtc gtt gcc ttc			643
Asp Leu Asp Ser Leu Glu Leu Asp Glu Thr Val Lys Val Val Ala Phe			
170	175	180	
act cac cag tcc aat gtg acc ggt gct gtg gct gat gtt cca gag ttg			691
Thr His Gln Ser Asn Val Thr Gly Ala Val Ala Asp Val Pro Glu Leu			
185	190	195	
gtt cgt cgt gcc aag gct gtc ggc gct ctc acg gtg ctt gat gcg tgc			739
Val Arg Arg Ala Lys Ala Val Gly Ala Leu Thr Val Leu Asp Ala Cys			
200	205	210	
cag tct gtt cct cat atg cca gtg aat ttc cac gag ctg gat gta gat			787
Gln Ser Val Pro His Met Pro Val Asn Phe His Glu Leu Asp Val Asp			
215	220	225	
ttc tct gca ttc tct ggc cat aag atg ctg gga cct gca ggc gtg ggc			835
Phe Ser Ala Phe Ser Gly His Lys Met Leu Gly Pro Ala Gly Val Gly			
230	235	240	245
gtt gtg tat gca aag tcc cca atc ttg gat gaa ctg cca cca ttt ttg			883
Val Val Tyr Ala Lys Ser Pro Ile Leu Asp Glu Leu Pro Pro Phe Leu			
250	255	260	
act ggt ggt tcc atg att gaa gtt gtc acc atg gag ggt tcc acc tac			931
Thr Gly Gly Ser Met Ile Glu Val Val Thr Met Glu Gly Ser Thr Tyr			
265	270	275	
gct gcc gca cct caa cgt ttt gag gcc ggc acg cag atg acc agc cag			979
Ala Ala Ala Pro Gln Arg Phe Glu Ala Gly Thr Gln Met Thr Ser Gln			
280	285	290	
gtt gtg ggc ttg ggt gct gcc gtg gac atg ctg aat gaa atc ggt atg			1027
Val Val Gly Leu Gly Ala Ala Val Asp Met Leu Asn Glu Ile Gly Met			
295	300	305	
gaa gca atc gca gcg cat gag cac gca ttg act gct tac gcg ttg gaa			1075
Glu Ala Ile Ala Ala His Glu His Ala Leu Thr Ala Tyr Ala Leu Glu			
310	315	320	325
aag ctc acg gca att aag gga cta acc att gct ggt cct ttg act gca			1123
Lys Leu Thr Ala Ile Lys Gly Leu Thr Ile Ala Gly Pro Leu Thr Ala			

330	335	340	
gag cag cgc ggc ggt gca atc agc ttc ggt gtc gag ggc att cac cca			1171
Glu Gln Arg Gly Gly Ala Ile Ser Phe Gly Val Glu Gly Ile His Pro			
345	350	355	
cac gat cta ggc caa gtg ctt gac gat cag ggc gtg aat atc cgc gtc			1219
His Asp Leu Gly Gln Val Leu Asp Asp Gln Gly Val Asn Ile Arg Val			
360	365	370	
ggc cac cac tgc gcg tgg ccc gtg cac cgc agc atg aac gta caa tcg			1267
Gly His His Cys Ala Trp Pro Val His Arg Ser Met Asn Val Gln Ser			
375	380	385	
aca gca aga gca tct ttc tat ctc tat aac acc ttc gaa gaa atc gac			1315
Thr Ala Arg Ala Ser Phe Tyr Leu Tyr Asn Thr Phe Glu Glu Ile Asp			
390	395	400	405
cgc ctc gcg gca gcg atc gag aag gcc aag caa ttc ttt gga gtt gag			1363
Arg Leu Ala Ala Ala Ile Glu Lys Ala Lys Gln Phe Phe Gly Val Glu			
410	415	420	
taatgaacct tgagcagatg tac			1386
<210> 658			
<211> 421			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 658			
Met Ser Asp Phe Leu Asn Ala Asp Gly Ser Leu Asn Val Asp Lys Val			
1 5 10 15			
Arg Glu Glu Phe Pro Ile Leu Lys Arg Thr Val Arg Asp Gly Lys Pro			
20 25 30			
Leu Ala Tyr Leu Asp Ser			
Gly Ala Thr Ser Gln Arg Pro Glu Arg Val			
35 40 45			
Trp Arg Ala Glu Glu His Phe Val Leu His Thr Asn Ala Pro Val His			
50 55 60			
Arg Gly Ala Tyr Gln Leu Ala Glu Glu Ala Thr Asp Ala Tyr Glu Gly			
65 70 75 80			
Ala Arg Glu Lys Ile Ala Ala Phe Val Gly Ala Glu Gln His Glu Ile			
85 90 95			
Ala Phe Thr Lys Asn Ala Thr Glu Ala Leu Asn Leu Val Ala Tyr Thr			
100 105 110			
Leu Gly Asp Asp Arg Ser Gly Lys Tyr Arg Val Gln Ala Gly Asp Thr			
115 120 125			
Val Val Ile Thr Glu Leu Glu His His Ala Asn Leu Val Pro Trp Gln			
130 135 140			
Glu Leu Cys Arg Arg Thr Gly Ala Thr Leu Lys Trp Tyr Lys Val Thr			
145 150 155 160			
Glu Asp Gly Arg Ile Asp Leu Asp Ser Leu Glu Leu Asp Glu Thr Val			
165 170 175			
Lys Val Val Ala Phe Thr His Gln Ser Asn Val Thr Gly Ala Val Ala			
180 185 190			
Asp Val Pro Glu Leu Val Arg Arg Ala Lys Ala Val Gly Ala Leu Thr			
195 200 205			

Val Leu Asp Ala Cys Gln Ser Val Pro His Met Pro Val Asn Phe His
210 215 220

Glu Leu Asp Val Asp Phe Ser Ala Phe Ser Gly His Lys Met Leu Gly
225 230 235 240

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

Asn Glu Ile Gly Met Glu Ala Ile Ala Ala His Glu His Ala Leu Thr
305 310 315 320

Ala Tyr Ala Leu Glu Lys Leu Thr Ala Ile Lys Gly Leu Thr Ile Ala
325 330 335
Gly Pro Leu Thr Ala Glu Gln Arg Gly Gly Ala Ile Ser Phe Gly Val
340 345 350
Glu Gly Ile His Pro His Asp Leu Gly Gln Val Leu Asp Asp Gln Gly
355 360 365
Val Asn Ile Arg Val Gly His His Cys Ala Trp Pro Val His Arg Ser
370 375 380

Met Asn Val Gln Ser Thr Ala Arg Ala Ser Phe Tyr Leu Tyr Asn Thr
385 390 395 400

Phe Glu Glu Ile Asp Arg Leu Ala Ala Ala Ile Glu Lys Ala Lys Gln
405 410 415
Phe Phe Gly Val Glu

420

<210> 659

<211> 570

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(547)

<223> RXA02517

<400> 659

cgacagcaag agcatctttc tatctctata acaccttcga agaaatcgac cgcctcgagg 60
cagcgatcga gaaggccaag caattctttg gagttgagta atg aac ctt gag cag 115
Met Asn Leu Glu Gln

1 5

atg tac cag gag gtg atc ctg gac cac tac aaa aac cca cag cac aag 163
Met Tyr Gln Glu Val Ile Leu Asp His Tyr Lys Asn Pro Gln His Lys

10 15 20

ggc ctt cgg gat cct ttc gat gct gag gtt cac cac gtc aac cct tct 211

Gly Leu Arg Asp Pro Phe Asp Ala Glu Val His His Val Asn Pro Ser

25 30 35
tgt ggc gac gaa ttg act ctg cgc gtg aag ctg tct gag gac ggc tcc 259
Cys Gly Asp Glu Leu Thr Leu Arg Val Lys Leu Ser Glu Asp Gly Ser

40 45 50
acc gtg gag gac gtc tcc tac gaa gca gtt ggt tgc tca atc agc cag 307
Thr Val Glu Asp Val Ser Tyr Glu Ala Val Gly Cys Ser Ile Ser Gln

55 60 65
gcc tcc acg tcc gtt atg gcc gag gag atc gtg ggc caa ccc gtc gac 355
Ala Ser Thr Ser Val Met Ala Glu Glu Ile Val Gly Gln Pro Val Asp

70 75 80 85
aag gcg ctg gaa aag ctc aca gaa ttt gag aag atg atc gtt tcc cgc 403
Lys Ala Leu Glu Lys Leu Thr Glu Phe Glu Lys Met Ile Val Ser Arg

90 95 100
ggt cag ttt gtt ggc gat gaa gat ctc atc gga gat ggc gtt gct ttc 451
Gly Gln Phe Val Gly Asp Glu Asp Leu Ile Gly Asp Gly Val Ala Phe

105 110 115
tcc gga gtc gcc aag tac ccg gca cgc gtg aag tgc gcg ctg ctt ggg 499
Ser Gly Val Ala Lys Tyr Pro Ala Arg Val Lys Cys Ala Leu Leu Gly

120 125 130
tgg aag gct ttc cag gcg gca acc gct gac gct gtt gcg cac gca cat 547
Trp Lys Ala Phe Gln Ala Ala Thr Ala Asp Ala Val Ala His Ala His

135 140 145
tagcccgctg tattaattgg agg 570
<210> 660
<211> 149
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 660
Met Asn Leu Glu Gln Met Tyr Gln Glu Val Ile Leu Asp His Tyr Lys
1 5 10 15
Asn Pro Gln His Lys Gly Leu Arg Asp Pro Phe Asp Ala Glu Val His
20 25 30
His Val Asn Pro Ser Cys Gly
Asp Glu Leu Thr Leu Arg Val Lys Leu
35 40 45
Ser Glu Asp Gly Ser Thr Val Glu Asp Val Ser Tyr Glu Ala Val Gly
50 55 60
Cys Ser Ile Ser Gln Ala Ser Thr Ser Val Met Ala Glu Glu Ile Val
65 70 75 80
Gly Gln Pro Val Asp Lys Ala Leu Glu Lys Leu Thr Glu Phe Glu Lys
85 90 95
Met Ile Val Ser Arg Gly Gln Phe Val Gly Asp Glu Asp Leu Ile Gly
100 105 110
Asp Gly Val Ala Phe Ser Gly Val Ala Lys Tyr Pro Ala Arg Val Lys
115 120 125
Cys Ala Leu Leu Gly Trp Lys Ala Phe Gln Ala Ala Thr Ala Asp Ala

130 135 140

Val Ala His Ala His

145

<210> 661

<211> 1167

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1144)

<223> RXA01747

<400> 661

cgaagtagag cgcattgcag aatcggcgga atgagacgtc gaaaagcgtt taagctttcc 60

ctaaaaatat cactaactcg aaagatgtaa ggttgcattt gtg act atc gca cct 115

Val Thr Ile Ala Pro

1 5

gaa gga cga cga ctg cta cgc gtc gaa gct cga aac tca gaa acc ccg 163

Glu Gly Arg Arg Leu Leu Arg Val Glu Ala Arg Asn Ser Glu Thr Pro

10 15 20

att gag acg aag cct cga tgg att aga aac cag gtc aaa aac gga cct 211

Ile Glu Thr Lys Pro Arg Trp Ile Arg Asn Gln Val Lys Asn Gly Pro

25 30 35

gag tat cag gat atg aag gaa cgt gtc gct ggc gca tca cta cac act 259

Glu Tyr Gln Asp Met Lys Glu Arg Val Ala Gly Ala Ser Leu His Thr

40 45 50

gtg tgt cag gag gct ggc tgt cct aat atc cat gag tgt tgg gaa tcc 307

Val Cys Gln Glu Ala Gly Cys Pro Asn Ile His Glu Cys Trp Glu Ser

55 60 65

cgt gag gca acc ttc ctc att ggt ggc gcc aac tgc tct cgc cgc tgt 355

Arg Glu Ala Thr Phe Leu Ile Gly Gly Ala Asn Cys Ser Arg Arg Cys

70 75 80 85

gat ttc tgc atg atc aac tcg gct cgc cct gag cca ctc gac cgc ggt 403

Asp Phe Cys Met Ile Asn Ser Ala Arg Pro Glu Pro Leu Asp Arg Gly

90 95 100

gag cca ctg cgt gtc gct gag tct gtt cgt gag atg cag ctg aat tac 451

Glu Pro Leu Arg Val Ala Glu Ser Val Arg Glu Met Gln Leu Asn Tyr

105 110 115

tcc acc atc acc ggt gtt acc cgt gat gat ctg gat gat gaa ggc gca 499

Ser Thr Ile Thr Gly Val Thr Arg Asp Asp Leu Asp Asp Glu Gly Ala

120 125 130

tgg ctg tac tca gaa gtg gtt cgt aag atc cac gag ctg aac cca cac 547

Trp Leu Tyr Ser Glu Val Val Arg Lys Ile His Glu Leu Asn Pro His

135 140 145

acc ggt gtg gaa aac ctg gtg cct gat ttc tcc ggc aag aag gat ctg 595
Thr Gly Val Glu Asn Leu Val Pro Asp Phe Ser Gly Lys Lys Asp Leu

150 155 160 165
ctg cag gaa gtt ttt gaa tcc cgc cca gag gtt ttc gct cac aac gtg 643
Leu Gln Glu Val Phe Glu Ser Arg Pro Glu Val Phe Ala His Asn Val

170 175 180
gaa act gtg cca cgt att ttc aag cgc att cgc cca gca ttc cgc tac 691
Glu Thr Val Pro Arg Ile Phe Lys Arg Ile Arg Pro Ala Phe Arg Tyr

185 190 195
gag cgt tca ctt gat gtg atc cgt cag gct cgc gat ttc ggt ctg gtg 739
Glu Arg Ser Leu Asp Val Ile Arg Gln Ala Arg Asp Phe Gly Leu Val

200 205 210
acc aag tcc aac ctg att ttg ggc atg ggt gaa acc aag gaa gaa atc 787
Thr Lys Ser Asn Leu Ile Leu Gly Met Gly Glu Thr Lys Glu Glu Ile

215 220 225
acc gag gcg ctg cag gat ctg cac gac gct ggc tgt gac atc atc acc 835
Thr Glu Ala Leu Gln Asp Leu His Asp Ala Gly Cys Asp Ile Ile Thr

230 235 240 245
atc acc cag tac ctg cgt cct ggt cct ttg ttc cac ccc atc gag cgt 883
Ile Thr Gln Tyr Leu Arg Pro Gly Pro Leu Phe His Pro Ile Glu Arg

250 255 260
tgg gtg aag cct gag gag ttc ctc gag cac gct gat gct gca aag gaa 931
Trp Val Lys Pro Glu Glu Phe Leu Glu His Ala Asp Ala Ala Lys Glu

265 270 275
atg ggc ttc gct gct gtt atg tcc ggc cca ttg gtt cgt tcc tct tac 979
Met Gly Phe Ala Ala Val Met Ser Gly Pro Leu Val Arg Ser Ser Tyr

280 285 290
cgt gca ggc cgt ctg tac gcg cag gcc atg gag ttc cgt ggc gag gaa 1027
Arg Ala Gly Arg Leu Tyr Ala Gln Ala Met Glu Phe Arg Gly Glu Glu

295 300 305
atc cca gca cac ctc gcg cac ctg aag gat act tcc gga gga tcc acc 1075
Ile Pro Ala His Leu Ala His Leu Lys Asp Thr Ser Gly Gly Ser Thr

310 315 320 325
gcc cag gaa gca tct aca ctt ctg gag cgt tac ggt gct tcc gaa gac 1123
Ala Gln Glu Ala Ser Thr Leu Leu Glu Arg Tyr Gly Ala Ser Glu Asp

330 335 340
acc cca gtg gtg tcc ttc aac taagcccgaa gttttttaac cgc 1167
Thr Pro Val Val Ser Phe Asn

345
<210> 662
<211> 348
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 662

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

Ala Ser Leu His Thr Val Cys Gln Glu Ala Gly Cys Pro Asn Ile His
 50 55 60
 Glu Cys Trp Glu Ser Arg Glu Ala Thr Phe Leu Ile Gly Gly Ala Asn
 65 70 75 80

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

Glu Leu Asn Pro His Thr Gly Val Glu Asn Leu Val Pro Asp Phe Ser
 145 150 155 160

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

Thr Lys Glu Glu Ile Thr Glu Ala Leu Gln Asp Leu His Asp Ala Gly
 225 230 235 240

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

Phe Arg Gly Glu Glu Ile Pro Ala His Leu Ala His Leu Lys Asp Thr
 305 310 315 320

Ser Gly Gly Ser Thr Ala Gln Glu Ala Ser Thr Leu Leu Glu Arg Tyr
 325 330 335

Gly Ala Ser Glu Asp Thr Pro Val Val Ser Phe Asn

340

345

<210> 663

<211> 876

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(853)

<223> RXA01746

<400> 663

aaaccgccac tcccctttca ctggggagtg gcggttttgt cgtttcatgc atgcagtgtg 60
tgacttatca accttgtag ggctagggtg gatatctatc atg act gca cca aga 115
Met Thr Ala Pro Arg

1 5
gat cct ttt ttc ccc gca gat ctt tct atc cgc gcg tct gca gag ccc 163
Asp Pro Phe Phe Pro Ala Asp Leu Ser Ile Arg Ala Ser Ala Glu Pro

10 15 20
att gaa att cag cgg ttg ggt ttg atc gat tat caa gag gcc tgg gat 211
Ile Glu Ile Gln Arg Leu Gly Leu Ile Asp Tyr Gln Glu Ala Trp Asp

25 30 35
tat caa gca gag ctt gct acc cgt agg gct aat gat gaa atc cct gat 259
Tyr Gln Ala Glu Leu Ala Thr Arg Arg Ala Asn Asp Glu Ile Pro Asp

40 45 50
cag ctg ctt att ttg gag cac ccg tcg gtg tat acc gca ggt aag cgc 307
Gln Leu Leu Ile Leu Glu His Pro Ser Val Tyr Thr Ala Gly Lys Arg

55 60 65
acc cag ccg gaa gat ctt ccc acc aac gga ctg ccg gtg atc aat gct 355
Thr Gln Pro Glu Asp Leu Pro Thr Asn Gly Leu Pro Val Ile Asn Ala

70 75 80 85
gat cgt ggt ggt cgc atc acg tgg cat ggt cct ggc caa ttg gtg atc 403
Asp Arg Gly Gly Arg Ile Thr Trp His Gly Pro Gly Gln Leu Val Ile

90 95 100
tat ccg atc atc aaa tta gcc gat ccg atc gat gtg gtt gat tac gta 451
Tyr Pro Ile Ile Lys Leu Ala Asp Pro Ile Asp Val Val Asp Tyr Val

105 110 115
aga cgc ctc gag gaa gcg ctc atc caa gtt gtc ggc gat atg ggt gtt 499
Arg Arg Leu Glu Glu Ala Leu Ile Gln Val Val Gly Asp Met Gly Val

120 125 130
gcc ggc gct ggg cgc att gat ggg cgt tcg ggt gtg tgg gtg cca gct 547
Ala Gly Ala Gly Arg Ile Asp Gly Arg Ser Gly Val Trp Val Pro Ala

135 140 145
cat gat ggt tgg gtg gac agc aag gtt gcg gcc atc ggc att cga ata 595
His Asp Gly Trp Val Asp Ser Lys Val Ala Ala Ile Gly Ile Arg Ile

150 155 160 165
act cgt ggt gtt gca atg cac ggt gtg gcc atc aac tgc aac aac acg 643
Thr Arg Gly Val Ala Met His Gly Val Ala Ile Asn Cys Asn Asn Thr

170 175 180
 ttg gat ttc tat gag cac atc att ccg tgt ggc att gct gat gca ggc 691
 Leu Asp Phe Tyr Glu His Ile Ile Pro Cys Gly Ile Ala Asp Ala Gly

185 190 195
 ttg agc aca ctc tcg agg gaa ctg aaa agg gac gtt tca gtt gag gaa 739
 Leu Ser Thr Leu Ser Arg Glu Leu Lys Arg Asp Val Ser Val Glu Glu

200 205 210
 tta gtc gag cca tcg atc cgc gca ttg gat gat gct ttg gct ggt cgg 787
 Leu Val Glu Pro Ser Ile Arg Ala Leu Asp Asp Ala Leu Ala Gly Arg

215 220 225
 ctg gtt gtt tct gat cat tct ttc ggc agc gcg ccc gac cca act aag 835
 Leu Val Val Ser Asp His Ser Phe Gly Ser Ala Pro Asp Pro Thr Lys

230 235 240 245
 aat ctc cct aaa cgg ggg tagtacgagg aattttgtcg gtg 876
 Asn Leu Pro Lys Arg Gly

250
 <210> 664
 <211> 251
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 664
 Met Thr Ala Pro Arg Asp Pro Phe Phe Pro Ala Asp Leu Ser Ile Arg
 1 5 10 15
 Ala Ser Ala Glu Pro Ile Glu Ile Gln Arg Leu Gly Leu Ile Asp Tyr
 20 25 30
 Gln Glu Ala Trp Asp Tyr Gln Ala Glu Leu Ala Thr Arg Arg Ala Asn
 35 40 45
 Asp
 Glu Ile Pro Asp Gln Leu Leu Ile Leu Glu His Pro Ser Val Tyr
 50 55 60
 Thr Ala Gly Lys Arg Thr Gln Pro Glu Asp Leu Pro Thr Asn Gly Leu
 65 70 75 80
 Pro Val Ile Asn Ala Asp Arg Gly Gly Arg Ile Thr Trp His Gly Pro
 85 90 95
 Gly Gln Leu Val Ile Tyr Pro Ile Ile Lys Leu Ala Asp Pro Ile Asp
 100 105 110
 Val Val Asp Tyr Val Arg Arg Leu Glu Glu Ala Leu Ile Gln Val Val
 115 120 125
 Gly Asp Met Gly Val Ala Gly Ala Gly Arg Ile Asp Gly Arg Ser Gly
 130 135 140
 Val Trp Val Pro Ala His Asp Gly Trp Val Asp Ser Lys Val Ala Ala
 145 150 155 160
 Ile Gly Ile Arg Ile Thr Arg Gly Val Ala Met His Gly Val Ala Ile
 165 170 175
 Asn Cys Asn Asn Thr Leu Asp Phe Tyr Glu His Ile Ile Pro Cys Gly
 180 185 190
 Ile Ala Asp Ala Gly Leu Ser Thr Leu Ser Arg Glu Leu Lys Arg Asp
 195 200 205
 Val Ser Val Glu Glu Leu Val Glu Pro Ser Ile Arg Ala Leu Asp Asp

210 215 220

Ala Leu Ala Gly Arg Leu Val Val Ser Asp His Ser Phe Gly Ser Ala
225 230 235 240

Pro Asp Pro Thr Lys Asn Leu Pro Lys Arg Gly
245 250

<210> 665
<211> 1179
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1156)
<223> RXA02106
<400> 665

ggtcgcgcgt tttcgacgcc cgcctgcggc gggatgactg tgatggaggg gcgcgtcgac 60
aagcaaaatc tctttagcaa attcggttac tgtggggcgc atg aat aac cat ttt 115
Met Asn Asn His Phe

1 5
gag ctc aaa gta cct ggt gga aag ctt gtc gtc gtt gat gtg acc acc 163
Glu Leu Lys Val Pro Gly Gly Lys Leu Val Val Val Asp Val Thr Thr

10 15 20
gat ctg gat tcc att gct gac gtg aag att tcc ggc gat ttc ttc ctc 211
Asp Leu Asp Ser Ile Ala Asp Val Lys Ile Ser Gly Asp Phe Phe Leu

25 30 35
gaa ccc gat gag gca ttc ttc gcc ctt ggc cgg gcg ctg cag ggg gcg 259
Glu Pro Asp Glu Ala Phe Phe Ala Leu Gly Arg Ala Leu Gln Gly Ala

40 45 50
tcg gtg ggt gat aac act gat cgt ttg cag gca aag ttg gat gca gcg 307
Ser Val Gly Asp Asn Thr Asp Arg Leu Gln Ala Lys Leu Asp Ala Ala

55 60 65
ttg gcg gaa tat gat gac gtt gag cta cac ggc ttt agc act gcg gat 355
Leu Ala Glu Tyr Asp Asp Val Glu Leu His Gly Phe Ser Thr Ala Asp

70 75 80 85
att gct tta gct gtg cgt cgg gca gtc acc ggc gcg caa gat ttc acc 403
Ile Ala Leu Ala Val Arg Arg Ala Val Thr Gly Ala Gln Asp Phe Thr

90 95 100
gat tat gaa tgg gaa atc ctg cac cca ggg gtg ctt cct acc cca ctt 451
Asp Tyr Glu Trp Glu Ile Leu His Pro Gly Val Leu Pro Thr Pro Leu

105 110 115
aac gtt gcg ttg gat gag ctc ctt ttg gac caa gtt gcc agt ggt cag 499
Asn Val Ala Leu Asp Glu Leu Leu Leu Asp Gln Val Ala Ser Gly Gln

120 125 130
cgt ggc ccg acg atg cgc att tgg gat tgg gat gat cgc gcc aca gtg 547

Arg Gly Pro Thr Met Arg Ile Trp Asp Trp Asp Asp Arg Ala Thr Val

135 140 145
atc ggt agt ttc cag tca tat gtc aat gaa atc aac caa gaa ggc gtt 595
Ile Gly Ser Phe Gln Ser Tyr Val Asn Glu Ile Asn Gln Glu Gly Val

150 155 160 165
aat gaa cat ggt gtg acc gtg gta cga cgc atg tct ggt ggc ggt gca 643
Asn Glu His Gly Val Thr Val Val Arg Arg Met Ser Gly Gly Gly Ala

170 175 180
atg ttt atg gag ggc ggc aac tgc atc acc tat tcc ctg tat gca ccg 691
Met Phe Met Glu Gly Gly Asn Cys Ile Thr Tyr Ser Leu Tyr Ala Pro

185 190 195
gaa tct ctc gtt gct ggt ttg agc tat gag cag tcc tat gaa tat ttg 739
Glu Ser Leu Val Ala Gly Leu Ser Tyr Glu Gln Ser Tyr Glu Tyr Leu

200 205 210
gat cgt tgg gtg att gct gcg ctg aag aca cac gat gtt gac gct tgg 787
Asp Arg Trp Val Ile Ala Ala Leu Lys Thr His Asp Val Asp Ala Trp

215 220 225
tac gtg cct atc aat gac atc acc tcc acc ggc gga aaa atc ggt ggc 835
Tyr Val Pro Ile Asn Asp Ile Thr Ser Thr Gly Gly Lys Ile Gly Gly

230 235 240 245
gct gca cag aaa cgt cgc agt ggc gca gtc ctc cac cac gtg acc atg 883
Ala Ala Gln Lys Arg Arg Ser Gly Ala Val Leu His His Val Thr Met

250 255 260
tcc tat gac atc gat gcg gac atg atg acc cag gtg ttg cgc att gga 931
Ser Tyr Asp Ile Asp Ala Asp Met Met Thr Gln Val Leu Arg Ile Gly

265 270 275
aag gtg aag att tcc gac aag ggt ctt cgc agc gca aag aag cgc gtt 979
Lys Val Lys Ile Ser Asp Lys Gly Leu Arg Ser Ala Lys Lys Arg Val

280 285 290
gat cct ctg cgc cgc caa aca ggt gca tca cgt gag caa atc atc gac 1027
Asp Pro Leu Arg Arg Gln Thr Gly Ala Ser Arg Glu Gln Ile Ile Asp

295 300 305
acc cta aag tcc aca ttc agt gct agg tac ggc gcg caa gaa gta gag 1075
Thr Leu Lys Ser Thr Phe Ser Ala Arg Tyr Gly Ala Gln Glu Val Glu

310 315 320 325
ctc agc gat gaa gat ttc gcg gca ggc cac gac cta gta aaa acc aaa 1123
Leu Ser Asp Glu Asp Phe Ala Ala Gly His Asp Leu Val Lys Thr Lys

330 335 340
tac gcc acc gag gag tgg act aag cga gtt caa tagtttctat ggatctgcac 1176
Tyr Ala Thr Glu Glu Trp Thr Lys Arg Val Gln

345 350
aag 1179

<210> 666

<211> 352

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 666

```

Met Asn Asn His Phe Glu Leu Lys Val Pro Gly Gly Lys Leu Val Val
  1             5             10             15
Val Asp Val Thr Thr Asp Leu Asp Ser Ile Ala Asp Val Lys Ile Ser
             20             25             30
Gly Asp Phe Phe Leu Glu Pro Asp Glu Ala Phe
Phe Ala Leu Gly Arg
             35             40             45
Ala Leu Gln Gly Ala Ser Val Gly Asp Asn Thr Asp Arg Leu Gln Ala
  50             55             60
Lys Leu Asp Ala Ala Leu Ala Glu Tyr Asp Asp Val Glu Leu His Gly
  65             70             75             80

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

Asp Arg Ala Thr Val Ile Gly Ser Phe Gln Ser Tyr Val Asn Glu Ile
             145            150            155            160

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

Asp Val Asp Ala Trp Tyr Val Pro Ile Asn Asp Ile Thr Ser Thr Gly
             225            230            235            240

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

Glu Gln Ile Ile Asp Thr Leu Lys Ser Thr Phe Ser Ala Arg Tyr Gly
             305            310            315            320

Ala Gln Glu Val Glu Leu Ser Asp Glu Asp Phe Ala Ala Gly His Asp
             325            330            335
Leu Val Lys Thr Lys Tyr Ala Thr Glu Glu Trp Thr Lys Arg Val Gln
             340            345            350

```

<210> 667
 <211> 403
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(403)
 <223> RXS01183
 <400> 667

cttgatatga cccgaacacc acacatcaca aatigaatcg gtatcctttg gggatttagt 60
 ttccgtttta acgacacgac ttgcgaggag tcttaaaata atg gcg ttc tcc gta 115
 Met Ala Phe Ser Val

1 5
 gag atg ccc gag ctg ggc gaa tca gta acc gaa ggc acg atc acc cag 163
 Glu Met Pro Glu Leu Gly Glu Ser Val Thr Glu Gly Thr Ile Thr Gln

10 15 20
 tgg ttg aag tct gtt ggt gac act gtt gag gta gat gag ccg ttg ctc 211
 Trp Leu Lys Ser Val Gly Asp Thr Val Glu Val Asp Glu Pro Leu Leu

25 30 35
 gag gtc tca act gac aag gtc gac acc gag att ccc tct cct gtc gcc 259
 Glu Val Ser Thr Asp Lys Val Asp Thr Glu Ile Pro Ser Pro Val Ala

40 45 50
 ggt gtc atc cta gag att aag gct gaa gag gat gac acc gtc gac gtc 307
 Gly Val Ile Leu Glu Ile Lys Ala Glu Glu Asp Asp Thr Val Asp Val

55 60 65
 ggc ggt gtc att gca ata atc ggc gat gct gat gag act cct gcc aac 355
 Gly Gly Val Ile Ala Ile Ile Gly Asp Ala Asp Glu Thr Pro Ala Asn

70 75 80 85
 gaa gct cct gcc gac gag gca cca gct cct gcc gaa gag gaa gaa cca 403
 Glu Ala Pro Ala Asp Glu Ala Pro Ala Pro Ala Glu Glu Glu Glu Pro

90 95 100

<210> 668
 <211> 101
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 668

Met Ala Phe Ser Val Glu Met Pro Glu Leu Gly Glu Ser Val Thr Glu
 1 5 10 15
 Gly Thr Ile Thr Gln Trp Leu Lys Ser Val Gly Asp Thr Val Glu Val
 20 25 30
 Asp Glu Pro Leu Leu Glu Val Ser Thr Asp Lys Val Asp Thr Glu Ile
 35 40
 45
 Pro Ser Pro Val Ala Gly Val Ile Leu Glu Ile Lys Ala Glu Glu Asp
 50 55 60
 Asp Thr Val Asp Val Gly Gly Val Ile Ala Ile Ile Gly Asp Ala Asp
 65 70 75 80

Glu Thr Pro Ala Asn Glu Ala Pro Ala Asp Glu Ala Pro Ala Pro Ala

85 90 95
Glu Glu Glu Glu Pro

100
<210> 669
<211> 1305
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1282)
<223> RXS01260
<400> 669
ctaaacgtgg gctgcattcc ttccaaagtc tctgatcaaa aacgctgaag ttgcccat 60
ctttacccat gagaagaaga ccttcggcat caatggcgaa gtg acc ttc aac tat 115
Val Thr Phe Asn Tyr

1 5
gag gat gct cac aag cgt tcc cgt ggc gtt tcc gac aag atc gtt gga 163
Glu Asp Ala His Lys Arg Ser Arg Gly Val Ser Asp Lys Ile Val Gly

10 15 20
ggc gtt cat tac ttg atg aag aag aac aag atc atc gaa att cat ggt 211
Gly Val His Tyr Leu Met Lys Lys Asn Lys Ile Ile Glu Ile His Gly

25 30 35
ctt gga aac ttc aag gat gct aag act ctt gag gtc acc gac ggt aag 259
Leu Gly Asn Phe Lys Asp Ala Lys Thr Leu Glu Val Thr Asp Gly Lys

40 45 50
gat gct ggc aag acc atc acc ttt gat gac tgc atc atc gca acc ggt 307
Asp Ala Gly Lys Thr Ile Thr Phe Asp Asp Cys Ile Ile Ala Thr Gly

55 60 65
tcg gta gtc aac acc ctc cgt ggc gtt gac ttc tca gag aac gtt gtg 355
Ser Val Val Asn Thr Leu Arg Gly Val Asp Phe Ser Glu Asn Val Val

70 75 80 85
tct ttt gaa gag cag att ctt aac cct gtt gcg cca aag aag atg gtc 403
Ser Phe Glu Glu Gln Ile Leu Asn Pro Val Ala Pro Lys Lys Met Val

90 95 100
att gtt ggt gca ggc gca att gga atg gaa ttc gcc tac gtt ctt ggt 451
Ile Val Gly Ala Gly Ala Ile Gly Met Glu Phe Ala Tyr Val Leu Gly

105 110 115
aac tac ggt gta gat gta acc gtc atc gag ttc atg gat cgt gtg ctt 499
Asn Tyr Gly Val Asp Val Thr Val Ile Glu Phe Met Asp Arg Val Leu

120 125 130
cca aat gaa gat gct gaa gtc tcc aag gtt att gca aag gcc tac aag 547
Pro Asn Glu Asp Ala Glu Val Ser Lys Val Ile Ala Lys Ala Tyr Lys

135 140 145
aag atg ggc gtt aag ctt ctt cct ggc cat gca acc act gct gtt cgg 595

Lys Met Gly Val Lys Leu Leu Pro Gly His Ala Thr Thr Ala Val Arg

150 155 160 165
gac aac ggt gac ttt gtc gag gtt gat tac cag aag aag ggc tct gac 643
Asp Asn Gly Asp Phe Val Glu Val Asp Tyr Gln Lys Lys Gly Ser Asp

170 175 180
aag aca gag act ctt act gtt gat cga gtc atg gtt tcc gtt ggt ttc 691
Lys Thr Glu Thr Leu Thr Val Asp Arg Val Met Val Ser Val Gly Phe

185 190 195
cgt cca cgc gtt gag gga ttt ggt ctt gaa aac act ggc gtt aag ctc 739
Arg Pro Arg Val Glu Gly Phe Gly Leu Glu Asn Thr Gly Val Lys Leu

200 205 210
acc gag cgt ggc gca atc gag atc gat gat tac atg cgt acc aac gtc 787
Thr Glu Arg Gly Ala Ile Glu Ile Asp Asp Tyr Met Arg Thr Asn Val

215 220 225
gat ggc att tac gcc atc ggt gac gtg acc gcc aag ctt cag ctt gct 835
Asp Gly Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Val Thr Ala Lys Leu Gln Leu Ala

230 235 240 245
cac gtc gca gaa gca cag ggc att gtt gcc gca gag act att gct ggt 883
His Val Ala Glu Ala Gln Gly Ile Val Ala Ala Glu Thr Ile Ala Gly

250 255 260
gca gaa act cag act ctt ggt gat tac atg atg atg cca cgt gca acc 931
Ala Glu Thr Gln Thr Leu Gly Asp Tyr Met Met Met Pro Arg Ala Thr

265 270 275
ttc tgc aac cca cag gtt tct tcc ttt ggt tac acc gaa gag cag gcc 979
Phe Cys Asn Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Tyr Thr Glu Glu Gln Ala

280 285 290
aag gag aag tgg cca gat cgt gag atc aag gtt gct tcc ttc cca ttc 1027
Lys Glu Lys Trp Pro Asp Arg Glu Ile Lys Val Ala Ser Phe Pro Phe

295 300 305
tct gca aac ggt aaa gca gtt ggc ctg gca gaa act gat ggt ttc gca 1075
Ser Ala Asn Gly Lys Ala Val Gly Leu Ala Glu Thr Asp Gly Phe Ala

310 315 320 325
aag atc gtt gct gat gca gaa ttc ggt gag ctg ctc ggt gca cac ctg 1123
Lys Ile Val Ala Asp Ala Glu Phe Gly Glu Leu Leu Gly Ala His Leu

330 335 340
gtt gga gca aat gca tca gag ctc atc aat gaa ttg gtg ctt gct cag 1171
Val Gly Ala Asn Ala Ser Glu Leu Ile Asn Glu Leu Val Leu Ala Gln

345 350 355
aac tgg gat ctc acc act gaa gag atc tct cgt agc gtc cat att cac 1219
Asn Trp Asp Leu Thr Thr Glu Glu Ile Ser Arg Ser Val His Ile His

360 365 370
cca acg cta tct gag gca gtt aag gaa gct gca cac ggt atc tct gga 1267

Pro Thr Leu Ser Glu Ala Val Lys Glu Ala Ala His Gly Ile Ser Gly

375 380 385
cac atg atc aac ttc tagaatccac ctcgttggcc ctg 1305
His Met Ile Asn Phe

390
<210> 670
<211> 394
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 670

Val Thr Phe Asn Tyr Glu Asp Ala His Lys Arg Ser Arg Gly Val Ser
1 5 10 15
Asp Lys Ile Val Gly Gly Val His Tyr Leu Met Lys Lys Asn Lys Ile
20 25 30
Ile Glu Ile His Gly Leu Gly Asn Phe Lys Asp Ala Lys Thr Leu Glu
35 40 45
Val Thr
Asp Gly Lys Asp Ala Gly Lys Thr Ile Thr Phe Asp Asp Cys
50 55 60
Ile Ile Ala Thr Gly Ser Val Val Asn Thr Leu Arg Gly Val Asp Phe
65 70 75 80

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

Ala Lys Ala Tyr Lys Lys Met Gly Val Lys Leu Leu Pro Gly His Ala
145 150 155 160

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

Met Arg Thr Asn Val Asp Gly Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Val Thr Ala
225 230 235 240

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

Ala Ser Phe Pro Phe Ser Ala Asn Gly Lys Ala Val Gly Leu Ala Glu
305 310 315 320

Thr Asp Gly Phe Ala Lys Ile Val Ala Asp Ala Glu Phe Gly Glu Leu
325 330 335
Leu Gly Ala His Leu Val Gly Ala Asn Ala Ser Glu Leu Ile Asn Glu
340 345 350
Leu Val Leu Ala Gln Asn Trp Asp Leu Thr Thr Glu Glu Ile Ser Arg
355 360 365
Ser Val His Ile His Pro Thr Leu Ser Glu Ala Val Lys Glu Ala Ala
370 375 380

His Gly Ile Ser Gly His Met Ile Asn Phe

385 390

<210> 671

<211> 294

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(271)

<223> RXS01261

<400> 671

gtgggtgttt ttcatTTTct tccactctaa aattaagtat ggaaaaccaa cgcacccgg 60
atgcacgaca atgacccact aaacacgtat ccttgaatgc gtg act gaa cat tat 115
Val Thr Glu His Tyr

1 5
gac gta gta gta ctc gga gcc ggc ccc ggt ggc tat gtc tcc gcc atc 163
Asp Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro Gly Gly Tyr Val Ser Ala Ile

10 15 20
cgt gca gcg cag ctt ggc aag aag gtt gct gta att gag aag cag tac 211
Arg Ala Ala Gln Leu Gly Lys Lys Val Ala Val Ile Glu Lys Gln Tyr

25 30 35
tgg ggt ggt gtt tgc cta aac gtg ggc tgc att cct tcc aaa gtc tct 259
Trp Gly Gly Val Cys Leu Asn Val Gly Cys Ile Pro Ser Lys Val Ser

40 45 50
gat caa aaa cgc tgaagttgcc cataccttta ccc 294
Asp Gln Lys Arg

55

<210> 672

<211> 57

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 672

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

Pro Ser Lys Val
Ser Asp Gln Lys Arg

50 55

<210> 673

<211> 1005

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(982)

<223> RXA02717

<400> 673

aggcatgtcc ctaacgaaca tcccagcctc atctcaatgg gcaattagcg acgttttgaa 60
gcgtccttca cccggccgag tacctttttc tgcgagttt atg cca ccc cgc gac 115
Met Pro Pro Arg Asp

1 5
gat gca gct gaa gag cgt ctt tac cgc gca gca gag gtc ttc cat gac 163
Asp Ala Ala Glu Glu Arg Leu Tyr Arg Ala Ala Glu Val Phe His Asp

10 15 20
ctc ggt gca tcg ttt gtc tcc gtg act tat ggt gct ggc gga tca acc 211
Leu Gly Ala Ser Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Ser Thr

25 30 35
cgt gag aga acc tca cgt att gct cga cga tta gcg aaa caa ccg ttg 259
Arg Glu Arg Thr Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Ala Lys Gln Pro Leu

40 45 50
acc act ctg gtg cac ctg acc ctg gtt aac cac act cgc gaa gag atg 307
Thr Thr Leu Val His Leu Thr Leu Val Asn His Thr Arg Glu Glu Met

55 60 65
aag gca att ctt cgg gaa tac cta gag ctg gga tta aca aac ctg ttg 355
Lys Ala Ile Leu Arg Glu Tyr Leu Glu Leu Gly Leu Thr Asn Leu Leu

70 75 80 85
gcg ctt cga gga gat ccg cct gga gac cca tta ggc gat tgg gtg agc 403
Ala Leu Arg Gly Asp Pro Pro Gly Asp Pro Leu Gly Asp Trp Val Ser

90 95 100
acc gat gga gga ctg aac tat gcc tct gag ctc atc gat ctt att aag 451
Thr Asp Gly Gly Leu Asn Tyr Ala Ser Glu Leu Ile Asp Leu Ile Lys

105 110 115
tcc act cct gag ttc cgg gaa ttc gac ctc ggt atc gcc tcc ttc ccc 499
Ser Thr Pro Glu Phe Arg Glu Phe Asp Leu Gly Ile Ala Ser Phe Pro

120 125 130
gaa ggg cat ttc cgg gcg aaa act cta gaa gaa gac acc aaa tac act 547
Glu Gly His Phe Arg Ala Lys Thr Leu Glu Glu Asp Thr Lys Tyr Thr

135 140 145
ctg gcg aag ctg cgt gga ggg gca gag tac tcc atc acg cag atg ttc 595

Leu Ala Lys Leu Arg Gly Gly Ala Glu Tyr Ser Ile Thr Gln Met Phe

150 155 160 165
 ttt gat gtg gaa gac tac ctg cga ctt cgt gat cgc ctt gtc gct gca 643
 Phe Asp Val Glu Asp Tyr Leu Arg Leu Arg Asp Arg Leu Val Ala Ala

170 175 180
 gac ccc att cat ggt gcg aag cca atc att cct ggc atc atg ccc att 691
 Asp Pro Ile His Gly Ala Lys Pro Ile Ile Pro Gly Ile Met Pro Ile

185 190 195
 acg agc ctg cgg tct gtg cgt cga cag gtc gaa ctc tct ggt gct caa 739
 Thr Ser Leu Arg Ser Val Arg Arg Gln Val Glu Leu Ser Gly Ala Gln

200 205 210
 ttg ccg agc caa cta gaa gaa tca ctt gtt cga gct gca aac ggc aat 787
 Leu Pro Ser Gln Leu Glu Glu Ser Leu Val Arg Ala Ala Asn Gly Asn

215 220 225
 gaa gaa gcg aac aaa gac gag atc cgc aag gtg ggc att gaa tat tcc 835
 Glu Glu Ala Asn Lys Asp Glu Ile Arg Lys Val Gly Ile Glu Tyr Ser

230 235 240 245
 acc aat atg gca gag cga ctc att gcc gaa ggt gcg gaa gat ctg cac 883
 Thr Asn Met Ala Glu Arg Leu Ile Ala Glu Gly Ala Glu Asp Leu His

250 255 260
 ttc atg acg ctt aac ttc acc cgt gca acc caa gaa gtg ttg tac aac 931
 Phe Met Thr Leu Asn Phe Thr Arg Ala Thr Gln Glu Val Leu Tyr Asn

265 270 275
 ctt ggc atg gcg cct gct tgg gga gca gag cac ggc caa gac gcg gtg 979
 Leu Gly Met Ala Pro Ala Trp Gly Ala Glu His Gly Gln Asp Ala Val

280 285 290
 cgt taagccctct taggaatcat gaa 1005
 Arg

<210> 674
 <211> 294
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 674
 Met Pro Pro Arg Asp Asp Ala Ala Glu Glu Arg Leu Tyr Arg Ala Ala
 1 5 10 15
 Glu Val Phe His Asp Leu Gly Ala Ser Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly
 20 25 30
 Ala Gly Gly Ser Thr Arg Glu Arg Thr Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu
 35 40 45
 Ala Lys Gln Pro Leu Thr Thr Leu
 Val His Leu Thr Leu Val Asn His
 50 55 60
 Thr Arg Glu Glu Met Lys Ala Ile Leu Arg Glu Tyr Leu Glu Leu Gly
 65 70 75 80
 Leu Thr Asn Leu Leu Ala Leu Arg Gly Asp Pro Pro Gly Asp Pro Leu

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

 Asp Thr Lys Tyr Thr Leu Ala Lys Leu Arg Gly Gly Ala Glu Tyr Ser
 145 150 155 160

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

 Ala Ala Asn Gly Asn Glu Glu Ala Asn Lys Asp Glu Ile Arg Lys Val
 225 230 235 240

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

 290
 <210> 675
 <211> 601
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(601)
 <223> RXN02027
 <400> 675
 tcacgtgctc atcgataggc aaactcatgg aaccaagagt acctgcccc gcaaccccaa 60
 tcgtcgtacc cctccgaaaa taacggttat ccttagatitt atg agc caa act aag 115
 Met Ser Gln Thr Lys

 1 5
 cag gaa ctg cgc acg aag ctt cgg gaa gcg cgc acc aat atg gat gag 163
 Gln Glu Leu Arg Thr Lys Leu Arg Glu Ala Arg Thr Asn Met Asp Glu

 10 15 20
 gct tct cgc acg cga gaa aac gca gcc atc att gcc aac gtt tct tat 211
 Ala Ser Arg Thr Arg Glu Asn Ala Ala Ile Ile Ala Asn Val Ser Tyr

 25 30 35
 tac atc cgc tca aag cag cca aaa agg att gcc gct tac gtg ccg gtg 259

Tyr Ile Arg Ser Lys Gln Pro Lys Arg Ile Ala Ala Tyr Val Pro Val

40 45 50
cgt acc gaa cct ggt ggg cga ttg ctt ctt gac gcc ctc cac gcc gaa 307
Arg Thr Glu Pro Gly Gly Arg Leu Leu Leu Asp Ala Leu His Ala Glu

55 60 65
act tcc gcg ctt att ttg cca gtc tcc ctc gag gat cga cgc ctc gac 355
Thr Ser Ala Leu Ile Leu Pro Val Ser Leu Glu Asp Arg Arg Leu Asp

70 75 80 85
tgg gct ctt tat gaa ggc cca acc agc ctt gtt cct ggc gca ttt ggc 403
Trp Ala Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Ser Leu Val Pro Gly Ala Phe Gly

90 95 100
atc cag gaa ccc ggt ggc act cgc ctt gga cct gaa gct ctc aac ttc 451
Ile Gln Glu Pro Gly Gly Thr Arg Leu Gly Pro Glu Ala Leu Asn Phe

105 110 115
tgc gac ctt gtc atc gcc ccc gca ctg gca tgc acc ccc agt gga atc 499
Cys Asp Leu Val Ile Ala Pro Ala Leu Ala Cys Thr Pro Ser Gly Ile

120 125 130
agg cta ggt aaa ggt ggc ggt ttc tac gac cgc gct cta gcc acc gga 547
Arg Leu Gly Lys Gly Gly Gly Phe Tyr Asp Arg Ala Leu Ala Thr Gly

135 140 145
gtc aag gct gac gtg att act ttg ctc ttc aac gga gaa atc cgc gac 595
Val Lys Ala Asp Val Ile Thr Leu Leu Phe Asn Gly Glu Ile Arg Asp

150 155 160 165
gat atc 601
Asp Ile

<210> 676
<211> 167
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 676
Met Ser Gln Thr Lys Gln Glu Leu Arg Thr Lys Leu Arg Glu Ala Arg
1 5 10 15
Thr Asn Met Asp Glu Ala Ser Arg Thr Arg Glu Asn Ala Ala Ile Ile
20 25 30
Ala Asn Val Ser Tyr Tyr Ile Arg Ser Lys Gln Pro Lys Arg Ile Ala
35 40 45
Ala Tyr Val Pro Val Arg Thr Glu
Pro Gly Gly Arg Leu Leu Leu Asp
50 55 60
Ala Leu His Ala Glu Thr Ser Ala Leu Ile Leu Pro Val Ser Leu Glu
65 70 75 80

Asp Arg Arg Leu Asp Trp Ala Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Ser Leu Val
85 90 95
Pro Gly Ala Phe Gly Ile Gln Glu Pro Gly Gly Thr Arg Leu Gly Pro
100 105 110
Glu Ala Leu Asn Phe Cys Asp Leu Val Ile Ala Pro Ala Leu Ala Cys

[illegible]

agg cta ggt aaa ggt ggc ggt ttc tac gac cgc gct cta gcc acc gga 547
Arg Leu Gly Lys Gly Gly Gly Phe Tyr Asp Arg Ala Leu Ala Thr Gly

135 140 145
gtc aag gct gac gtg att act ttg ctc ttc aac gga gaa atc cgc gac 595
Val Lys Ala Asp Val Ile Thr Leu Leu Phe Asn Gly Glu Ile Arg Asp

150 155 160 165
<210> 678
<211> 165
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 678
Met Ser Gln Thr Lys Gln Glu Leu Arg Thr Lys Leu Arg Glu Ala Arg
1 5 10 15
Thr Asn Met Asp Glu Ala Ser Arg Thr Arg Glu Asn Ala Ala Ile Ile
20 25 30
Ala Asn Val Ser Tyr Tyr Ile Arg Ser Lys Gln Pro Lys Arg Ile Ala
35 40 45
Ala Tyr Val Pro Val Arg Thr Glu
Pro Gly Gly Arg Leu Leu Leu Asp
50 55 60
Ala Leu His Ala Glu Thr Ser Ala Leu Ile Leu Pro Val Ser Leu Glu
65 70 75 80

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

Ala Leu Ala Thr Gly Val Lys Ala Asp Val Ile Thr Leu Leu Phe Asn
145 150 155 160

Gly Glu Ile Arg Asp
165

<210> 679
<211> 579
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(556)
<223> RXA00106
<400> 679
tggagctcaa caaggcagcg tacatgtttg agtacagctt cgatgacatc accgtgtccg 60
gctacgatcc acacccattg atccgcggca aggtcgccgt atg atc ggt gcg att 115
Met Ile Gly Ala Ile

1 5
tgg gca caa ggc cgt gac ggc atc atc ggc gac ggc acc gac atg ccc 163
Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp Gly Thr Asp Met Pro

10 15 20
 tgg cac atc ccg gaa gac ctc aaa cac ttc aag aaa acc acc atg ggc 211
 Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys Lys Thr Thr Met Gly

25 30 35
 cag ccg gtc atc atg ggt cgt cgc acg tgg gag tct ttg ccg ttc aag 259
 Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu Ser Leu Pro Phe Lys

40 45 50
 ccg ctt ccc ggc cgc gag aac ttc att ctc tcc tca cgc gag ccc ggc 307
 Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser Ser Arg Glu Pro Gly

55 60 65
 gac tgg tcc gcc ggc ggc aca gtg gtc acc gaa atc cct aaa agc ggc 355
 Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu Ile Pro Lys Ser Gly

70 75 80 85
 tgg atc atg ggc ggc ggc gag gtc tac aag gcc acc gtc ggc agc gcc 403
 Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala Thr Val Gly Ser Ala

90 95 100
 gac gtt tta gaa ata acg ctt atc gac gcc acc ttc gat gtt tcc act 451
 Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr Phe Asp Val Ser Thr

105 110 115
 ccc gtc tac gca ccc gaa atc ccg gcg aac ttc aac ctc gat gac gaa 499
 Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe Asn Leu Asp Asp Glu

120 125 130
 tcc gag tgg ttt acc tca ggc gag tat cgt tac aag ttc cag cgc tac 547
 Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr Lys Phe Gln Arg Tyr

135 140 145
 atc aag gtt taaggagcaa acaacatgag caa 579
 Ile Lys Val

150
 <210> 680
 <211> 152
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 680
 Met Ile Gly Ala Ile Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp
 1 5 10 15
 Gly Thr Asp Met Pro Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys
 20 25 30
 Lys Thr Thr Met Gly Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu
 35 40 45
 Ser Leu Pro Phe
 Lys Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser
 50 55 60
 Ser Arg Glu Pro Gly Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu
 65 70 75 80
 Ile Pro Lys Ser Gly Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala
 85 90 95

```

Thr Val Gly Ser Ala Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr
      100              105              110
Phe Asp Val Ser Thr Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe
      115              120              125
Asn Leu Asp Asp Glu Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr
      130              135              140

Lys Phe Gln Arg Tyr Ile Lys Val

145              150
<210> 681
<211> 1044
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1021)
<223> RXN01321
<400> 681
ggagggtgta gtcaaggatt tgggccatgg tggagcggga aatcgtcata tccataacct 60
acttagacct gacttagtgt gggaaaattt ccagggtaga atg caa cga atg acc 115
                               Met Gln Arg Met Thr

                               1              5
ccg agt tct cct gaa gtt cgt aat cgt ccg agc gct gcg cct gaa gag 163
Pro Ser Ser Pro Glu Val Arg Asn Arg Pro Ser Ala Ala Pro Glu Glu

              10              15              20
cgt cag ttt gtg ctc act ttt ggc tgc cct gac tcc act gga att gtg 211
Arg Gln Phe Val Leu Thr Phe Gly Cys Pro Asp Ser Thr Gly Ile Val

              25              30              35
gcg aag ttg tcg tcg ttc cta gct gag cgt ggg ggt tgg att act gag 259
Ala Lys Leu Ser Ser Phe Leu Ala Glu Arg Gly Gly Trp Ile Thr Glu

              40              45              50
gct gga tat ttc acg gat cct gat tcg aat tgg ttc ttt act cgt cag 307
Ala Gly Tyr Phe Thr Asp Pro Asp Ser Asn Trp Phe Phe Thr Arg Gln

              55              60              65
gcg att cgc gct gag tcg att gat acc acg att gag cag ttg cgg gag 355
Ala Ile Arg Ala Glu Ser Ile Asp Thr Thr Ile Glu Gln Leu Arg Glu

              70              75              80              85
gag ttc gct ccg ctt gcg gag gag ttc ggc ccg agg gct aag tgg agt 403
Glu Phe Ala Pro Leu Ala Glu Glu Phe Gly Pro Arg Ala Lys Trp Ser

              90              95              100
ttc act gac act gcg cag gtg aag aag gct gtg ttg ttg gtg tct aag 451
Phe Thr Asp Thr Ala Gln Val Lys Lys Ala Val Leu Leu Val Ser Lys

              105              110              115
gag ggc cac tgc ttg cac gat ttg tta ggt cgt gtg gct gag aat gat 499
Glu Gly His Cys Leu His Asp Leu Leu Gly Arg Val Ala Glu Asn Asp

```

120	125	130	
tat ccg atg gaa gtt gtt gcg gtt gtg ggt aac cat gag aac ttg cgt			547
Tyr Pro Met Glu Val Val Ala Val Val Gly Asn His Glu Asn Leu Arg			
135	140	145	
tat att gcg gag aac cat aat gtt ccg ttt ttc cat gtg ccg ttt cct			595
Tyr Ile Ala Glu Asn His Asn Val Pro Phe Phe His Val Pro Phe Pro			
150	155	160	165
aag gat gcg gtt ggt aag cgg aag gcg ttt gac cag gtc gct gag att			643
Lys Asp Ala Val Gly Lys Arg Lys Ala Phe Asp Gln Val Ala Glu Ile			
170	175	180	
gtg aat ggt tat gat ccg gat gcg att gtt ttg gct cgt ttt atg cag			691
Val Asn Gly Tyr Asp Pro Asp Ala Ile Val Leu Ala Arg Phe Met Gln			
185	190	195	
att ttg ccg ccg gat ttg tgt gag atg tgg gct ggt cgt gtg ttg aat			739
Ile Leu Pro Pro Asp Leu Cys Glu Met Trp Ala Gly Arg Val Leu Asn			
200	205	210	
att cat cac agt ttc ttg ccg tgc ttt atg ggt gcg cgc ccg tat cat			787
Ile His His Ser Phe Leu Pro Ser Phe Met Gly Ala Arg Pro Tyr His			
215	220	225	
cag gcg tat agc cgt ggt gtg aag ttg att ggt gcg acc tgc cat tat			835
Gln Ala Tyr Ser Arg Gly Val Lys Leu Ile Gly Ala Thr Cys His Tyr			
230	235	240	245
gcg act ggg gat ctg gat gat ggt ccg atc att gag cag gat gtt att			883
Ala Thr Gly Asp Leu Asp Asp Gly Pro Ile Ile Glu Gln Asp Val Ile			
250	255	260	
cgt gtg acg cat aag gat acg ccg act gag atg cag cgt ttg ggc cgc			931
Arg Val Thr His Lys Asp Thr Pro Thr Glu Met Gln Arg Leu Gly Arg			
265	270	275	
gat gcg gag aag cag gtg ctg gct cgc ggt ttg cgt ttc cac ttg gag			979
Asp Ala Glu Lys Gln Val Leu Ala Arg Gly Leu Arg Phe His Leu Glu			
280	285	290	
gac cgg gtg ctg gtt tac ggt aac cgc acg gtt gtc ttt gat			1021
Asp Arg Val Leu Val Tyr Gly Asn Arg Thr Val Val Phe Asp			
295	300	305	
taaggctttt tgcttttcga cgc			1044
<210> 682			
<211> 307			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 682			
Met Gln Arg Met Thr Pro Ser Ser Pro Glu Val Arg Asn Arg Pro Ser			
1 5 10 15			
Ala Ala Pro Glu Glu Arg Gln Phe Val Leu Thr Phe Gly Cys Pro Asp			
20 25 30			
Ser Thr Gly Ile Val Ala Lys Leu			

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

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

His Glu Asn Leu Arg Tyr Ile Ala Glu Asn His Asn Val Pro Phe Phe
 145 150 155 160

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

Ala Arg Pro Tyr His Gln Ala Tyr Ser Arg Gly Val Lys Leu Ile Gly
 225 230 235 240

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

Val Phe Asp

305

<210> 683

<211> 582

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (23)..(559)

<223> FRXA01321

<400> 683

cttgacagat ttgttaggtc gt gtg gct gag aat gat tat ccg atg gaa gtt 52
 Val Ala Glu Asn Asp Tyr Pro Met Glu Val

gtt gcg gtt gtg ggt aac cat gag aac ttg cgt tat att gcg gag aac	100
Val Ala Val Val Gly Asn His Glu Asn Leu Arg Tyr Ile Ala Glu Asn	
cat aat gtt ccg ttt ttc cat gtg ccg ttt cct aag gat gcg gtt ggt	148
His Asn Val Pro Phe Phe His Val Pro Phe Pro Lys Asp Ala Val Gly	
aag cgg aag gcg ttt gac cag gtc gct gag att gtg aat ggt tat gat	196
Lys Arg Lys Ala Phe Asp Gln Val Ala Glu Ile Val Asn Gly Tyr Asp	
ccg gat gcg att gtt ttg gct cgt ttt atg cag att ttg ccg ccg gat	244
Pro Asp Ala Ile Val Leu Ala Arg Phe Met Gln Ile Leu Pro Pro Asp	
ttg tgt gag atg tgg gct ggt cgt gtg ttg aat att cat cac agt ttc	292
Leu Cys Glu Met Trp Ala Gly Arg Val Leu Asn Ile His His Ser Phe	
ttg ccg tcg ttt atg ggt gcg cgc ccg tat cat cag gcg tat agc cgt	340
Leu Pro Ser Phe Met Gly Ala Arg Pro Tyr His Gln Ala Tyr Ser Arg	
ggt gtg aag ttg att ggt gcg acc tgc cat tat gcg act ggg gat ctg	388
Gly Val Lys Leu Ile Gly Ala Thr Cys His Tyr Ala Thr Gly Asp Leu	
gat gat ggt ccg atc att gag cag gat gtt att cgt gtg acg cat aag	436
Asp Asp Gly Pro Ile Ile Glu Gln Asp Val Ile Arg Val Thr His Lys	
gat acg ccg act gag atg cag cgt ttg ggc cgc gat gcg gag aag cag	484
Asp Thr Pro Thr Glu Met Gln Arg Leu Gly Arg Asp Ala Glu Lys Gln	
gtg ctg gct cgc ggt ttg cgt ttc cac ttg gag gac cgg gtg ctg gtt	532
Val Leu Ala Arg Gly Leu Arg Phe His Leu Glu Asp Arg Val Leu Val	
tac ggt aac cgc acg gtt gtc ttt gat taaggctttt tgcttttcga	579
Tyr Gly Asn Arg Thr Val Val Phe Asp	
cgc	582
<210> 684	
<211> 179	
<212> PRT	
<213> Corynebacterium glutamicum	
<400> 684	
Val Ala Glu Asn Asp Tyr Pro Met Glu Val Val Ala Val Val Gly Asn	
1 5 10 15	
His Glu Asn Leu Arg Tyr Ile Ala Glu Asn His Asn Val Pro Phe Phe	
20 25 30	
His Val Pro Phe Pro Lys Asp Ala Val Gly Lys Arg Lys Ala	
Phe Asp	

35 40 45
Gln Val Ala Glu Ile Val Asn Gly Tyr Asp Pro Asp Ala Ile Val Leu
50 55 60
Ala Arg Phe Met Gln Ile Leu Pro Pro Asp Leu Cys Glu Met Trp Ala
65 70 75 80

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

Gln Arg Leu Gly Arg Asp Ala Glu Lys Gln Val Leu Ala Arg Gly Leu
145 150 155 160

Arg Phe His Leu Glu Asp Arg Val Leu Val Tyr Gly Asn Arg Thr Val
165 170 175
Val Phe Asp

<210> 685
<211> 975
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(952)
<223> RXA00461
<400> 685

tgttgggagg gatgacagga ttgtcgaaga taacgtgaag tgggtgttcc ggcattgtgtt 60
tgattgtaag gccttggaag aggggtggaat aatagcgggc gtg act gca atc aaa 115
Val Thr Ala Ile Lys

1 5
ctt gat gga aac tta tac cgc ggg gaa att ttc gcc gac ttg gaa cag 163
Leu Asp Gly Asn Leu Tyr Arg Gly Glu Ile Phe Ala Asp Leu Glu Gln

10 15 20
cgc gtt gct gcg ttg aag gag aaa ggg att gtg ccg ggg ctt gcc acc 211
Arg Val Ala Ala Leu Lys Glu Lys Gly Ile Val Pro Gly Leu Ala Thr

25 30 35
gtg ctg gtg ggt gat gac cca gcg agc cac tct tac gtg aag atg aag 259
Val Leu Val Gly Asp Asp Pro Ala Ser His Ser Tyr Val Lys Met Lys

40 45 50
cat cgt gac tgt gag cag att ggt gtg aac tcg atc cgt aag gat ctg 307
His Arg Asp Cys Glu Gln Ile Gly Val Asn Ser Ile Arg Lys Asp Leu

55 60 65
cct gct gat gtc acg cag gaa gag ctt ttc gct gtc atc gat gaa ctg 355
Pro Ala Asp Val Thr Gln Glu Glu Leu Phe Ala Val Ile Asp Glu Leu

70	75	80	85	
aac aac gat gat tct tgc act ggt tac att gtg cag ctt cct ttg cct				403
Asn Asn Asp Asp Ser Cys Thr Gly Tyr Ile Val Gln Leu Pro Leu Pro				
	90	95	100	
aag cac ttg gac gaa aac gct gtg ctg gag cgc att gat cca gct aag				451
Lys His Leu Asp Glu Asn Ala Val Leu Glu Arg Ile Asp Pro Ala Lys				
	105	110	115	
gat gct gat ggc ctg cac cct gta aac ctg ggc aag ctt gtg ctc aac				499
Asp Ala Asp Gly Leu His Pro Val Asn Leu Gly Lys Leu Val Leu Asn				
	120	125	130	
gag cca gct cca ctg cca tgc acc ccg aat ggt tcc atc agc ttg ttg				547
Glu Pro Ala Pro Leu Pro Cys Thr Pro Asn Gly Ser Ile Ser Leu Leu				
	135	140	145	
cgt cgt ttc ggc gtt gag ctt gat ggc gcg aag gtt gtt gtc att ggc				595
Arg Arg Phe Gly Val Glu Leu Asp Gly Ala Lys Val Val Val Ile Gly				
	150	155	160	165
cgt ggc gtc acc gtt ggt cgc cca att ggc ctg atg ctg acc cgc cgt				643
Arg Gly Val Thr Val Gly Arg Pro Ile Gly Leu Met Leu Thr Arg Arg				
	170	175	180	
tcc gag aac tcc acg gtt act ttg tgc cac act ggc acg aag gat ctg				691
Ser Glu Asn Ser Thr Val Thr Leu Cys His Thr Gly Thr Lys Asp Leu				
	185	190	195	
gct gcg gag acc cgt gcg gct gac gtc atc att gct gca gct ggt cag				739
Ala Ala Glu Thr Arg Ala Ala Asp Val Ile Ile Ala Ala Ala Gly Gln				
	200	205	210	
ccg cac atg ctg acc gca gac atg gtc aag cca ggc gca gcg gtg ctc				787
Pro His Met Leu Thr Ala Asp Met Val Lys Pro Gly Ala Ala Val Leu				
	215	220	225	
gat gtc ggc gtc tcc cgc aag gac ggc aag ttg ctt ggc gac gtc cac				835
Asp Val Gly Val Ser Arg Lys Asp Gly Lys Leu Leu Gly Asp Val His				
	230	235	240	245
ccc gac gtg tgg gaa gtc gcc ggc gcg gtc tca cca aac cca ggc ggc				883
Pro Asp Val Trp Glu Val Ala Gly Ala Val Ser Pro Asn Pro Gly Gly				
	250	255	260	
gtt ggc cct ctg acc cgt gca ttc ttg gtg cac aat gtt gtc gag cgc				931
Val Gly Pro Leu Thr Arg Ala Phe Leu Val His Asn Val Val Glu Arg				
	265	270	275	
gct gaa aag ctg gct gga ctc taaaaacaca tgactaatcc cgg				975
Ala Glu Lys Leu Ala Gly Leu				
	280			
<210> 686				
<211> 284				
<212> PRT				

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 686

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

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

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

Ser Ile Ser Leu Leu Arg Arg Phe Gly Val Glu Leu Asp Gly Ala Lys
 145 150 155 160

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

Gly Ala Ala Val Leu Asp Val Gly Val Ser Arg Lys Asp Gly Lys Leu
 225 230 235 240

Leu Gly Asp Val His Pro Asp Val Trp Glu Val Ala Gly Ala Val Ser
 245 250 255
 Pro Asn Pro Gly Gly Val Gly Pro Leu Thr Arg Ala Phe Leu Val His
 260 265 270
 Asn Val Val Glu Arg Ala Glu Lys Leu Ala Gly Leu

275 280

<210> 687

<211> 711

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(688)

<223> RXA01514

<400> 687

accacagaaa tgctgtcgt tccagatcag cccatcgatg gtgattccgg gaagtccgct 60
 gagggcacac aggagaatcc ggaaaatgaa ggagacaacc gtg gat aac cac gct 115

Val Asp Asn His Ala

	1	5	
gca gtt cgc gag ttc gat gag gag cgc gca aca gct gcg att cgt gag	163		
Ala Val Arg Glu Phe Asp Glu Glu Arg Ala Thr Ala Ala Ile Arg Glu			
	10	15	20
ttg ctc atc gct gtg ggt gag gat cca gat cgc gaa ggc ctg ttg gaa	211		
Leu Leu Ile Ala Val Gly Glu Asp Pro Asp Arg Glu Gly Leu Leu Glu			
	25	30	35
acc cca gct cga gtg gct agg gcg tac aag gaa act ttc gcg ggt ctg	259		
Thr Pro Ala Arg Val Ala Arg Ala Tyr Lys Glu Thr Phe Ala Gly Leu			
	40	45	50
cat gag gat ccc acc act gtg ctg gag aag acg ttc tct gag ggc cat	307		
His Glu Asp Pro Thr Thr Val Leu Glu Lys Thr Phe Ser Glu Gly His			
	55	60	65
gaa gag ttg gtt ctg gtt cgt gag atc ccg att tac tcc atg tgt gag	355		
Glu Glu Leu Val Leu Val Arg Glu Ile Pro Ile Tyr Ser Met Cys Glu			
	70	75	80
cac cac ttg gtg ccg ttc ttt ggc gtg gcg cac att ggt tac att ccg	403		
His His Leu Val Pro Phe Phe Gly Val Ala His Ile Gly Tyr Ile Pro			
	90	95	100
ggg aag tcc ggc aag gtg act ggc ctg tcc aag ctg gcg cgt tta gcg	451		
Gly Lys Ser Gly Lys Val Thr Gly Leu Ser Lys Leu Ala Arg Leu Ala			
	105	110	115
gat atg ttt gct aag cga cct cag gtt cag gag cgc ttg acc tcc caa	499		
Asp Met Phe Ala Lys Arg Pro Gln Val Gln Glu Arg Leu Thr Ser Gln			
	120	125	130
att gcg gat gct ctc gtc gaa aag ctt gat gcc cag gcc gtg gcc gtg	547		
Ile Ala Asp Ala Leu Val Glu Lys Leu Asp Ala Gln Ala Val Ala Val			
	135	140	145
gtg att gaa gct gag cac ctg tgc atg gcc atg cgc gga atc cgt aag	595		
Val Ile Glu Ala Glu His Leu Cys Met Ala Met Arg Gly Ile Arg Lys			
	150	155	160
cct ggt gct gtg acc acg acg tct gcg gtg cgc ggc ggt ttt aag aac	643		
Pro Gly Ala Val Thr Thr Thr Ser Ala Val Arg Gly Gly Phe Lys Asn			
	170	175	180
aac gct gcc tcc cgc gct gag gtg ttc tcc ctg att cgg ggg cac	688		
Asn Ala Ala Ser Arg Ala Glu Val Phe Ser Leu Ile Arg Gly His			
	185	190	195
taaatgaacg tatcctcttt gac	711		
<210> 688			
<211> 196			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			

<400> 688

Val Asp Asn His Ala Ala Val Arg Glu Phe Asp Glu Glu Arg Ala Thr
 1 5 10 15
 Ala Ala Ile Arg Glu Leu Leu Ile Ala Val Gly Glu Asp Pro Asp Arg
 20 25 30
 Glu Gly Leu Leu Glu Thr Pro Ala
 Arg Val Ala Arg Ala Tyr Lys Glu
 35 40 45
 Thr Phe Ala Gly Leu His Glu Asp Pro Thr Thr Val Leu Glu Lys Thr
 50 55 60
 Phe Ser Glu Gly His Glu Glu Leu Val Leu Val Arg Glu Ile Pro Ile
 65 70 75 80

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

Gln Ala Val Ala Val Val Ile Glu Ala Glu His Leu Cys Met Ala Met
 145 150 155 160

Arg Gly Ile Arg Lys Pro Gly Ala Val Thr Thr Thr Ser Ala Val Arg
 165 170 175
 Gly Gly Phe Lys Asn Asn Ala Ala Ser Arg Ala Glu Val Phe Ser Leu
 180 185 190
 Ile Arg Gly His

195

<210> 689

<211> 513

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(490)

<223> RXA01516

<400> 689

tctgcacata tgggagcatg ggggtgtgcgc gtgcacgatg tcccagtatc aaggagcgt 60
 gtgatgttg ccgcattgtg gcgaagtgga ggaactcacc atg gct gat cgt att 115
 Met Ala Asp Arg Ile

1 5
 gaa ctt aaa ggc ctt gaa tgc ttc gga cac cac ggt gtg ttc gac ttt 163
 Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His Gly Val Phe Asp Phe

10 15 20
 gaa aaa gag caa ggc cag ccc ttc att gtg gat gtc acc tgc tgg atg 211
 Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp Val Thr Cys Trp Met

25 30 35
 gat ttc gat gcc gca ggt gcc agc gat gac ctt tcc gac acc gta gat 259

Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu Ser Asp Thr Val Asp

40 45 50
 tac ggc gcg ttg gca ttg ttg gtt gct gaa atc gtg gaa ggc cca tcc 307
 Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile Val Glu Gly Pro Ser

55 60 65
 agg gat ttg atc gag acg gtg gcc acg gaa tct gcg gat gct gtg atg 355
 Arg Asp Leu Ile Glu Thr Val Ala Thr Glu Ser Ala Asp Ala Val Met

70 75 80 85
 gct aaa ttt gat gcg ctt cat gcg gtg gaa gta acc atc cat aag ccc 403
 Ala Lys Phe Asp Ala Leu His Ala Val Glu Val Thr Ile His Lys Pro

90 95 100
 aaa gca ccg atc cca cgt act ttt gct gac gtc gcg gtg gtt gcc cga 451
 Lys Ala Pro Ile Pro Arg Thr Phe Ala Asp Val Ala Val Val Ala Arg

105 110 115
 cgt tcc agg aaa tcc atg gct gct gga agg agc aac gcc taatgcatgc 500
 Arg Ser Arg Lys Ser Met Ala Ala Gly Arg Ser Asn Ala

120 125 130
 agttttgtcc atc 513
 <210> 690
 <211> 130
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 690
 Met Ala Asp Arg Ile Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His
 1 5 10 15
 Gly Val Phe Asp Phe Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp
 20 25 30
 Val Thr Cys Trp Met Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu
 35 40
 45
 Ser Asp Thr Val Asp Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile
 50 55 60
 Val Glu Gly Pro Ser Arg Asp Leu Ile Glu Thr Val Ala Thr Glu Ser
 65 70 75 80
 Ala Asp Ala Val Met Ala Lys Phe Asp Ala Leu His Ala Val Glu Val
 85 90 95
 Thr Ile His Lys Pro Lys Ala Pro Ile Pro Arg Thr Phe Ala Asp Val
 100 105 110
 Ala Val Val Ala Arg Arg Ser Arg Lys Ser Met Ala Ala Gly Arg Ser
 115 120 125
 Asn Ala

130
 <210> 691
 <211> 975
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(952)
 <223> RXA01515
 <400> 691
 taagcctggt gctgtgacca cgacgtctgc ggtgcgcggc ggttttaaga acaacgctgc 60
 ctcccgcgct gaggtgttct ccctgattcg ggggcactaa atg aac gta tcc tct 115
 Met Asn Val Ser Ser
 1 5
 ttg acc atc ccg gga cgc tgt ttg gtc atg gga att gtc aat gtc act 163
 Leu Thr Ile Pro Gly Arg Cys Leu Val Met Gly Ile Val Asn Val Thr
 10 15 20
 gag gat tcc ttt tcg gac ggt ggc aag tac att gac gtt gat cag gcg 211
 Glu Asp Ser Phe Ser Asp Gly Gly Lys Tyr Ile Asp Val Asp Gln Ala
 25 30 35
 atc gcg cat gcc aag gaa ttg gtg gct gct ggc gcc gac atg att gat 259
 Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly Ala Asp Met Ile Asp
 40 45 50
 gtc ggc ggc gag tcc acc cgg cct ggg gca gtg cgc gtc gac gcg tcc 307
 Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val Arg Val Asp Ala Ser
 55 60 65
 gtg gaa cgg gac cgg gtt gtg ccg gtc att aag gcg ctt cac gac gcc 355
 Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys Ala Leu His Asp Ala
 70 75 80 85
 ggc atc cac act tcc gta gac acc atg cgg gcc tcc gtg gcg cag gct 403
 Gly Ile His Thr Ser Val Asp Thr Met Arg Ala Ser Val Ala Gln Ala
 90 95 100
 gcc gcg ggc gct ggc gtc tcc atg atc aac gac gtc tct ggc ggt ttg 451
 Ala Ala Gly Ala Gly Val Ser Met Ile Asn Asp Val Ser Gly Gly Leu
 105 110 115
 gct gat cct gag atg ttt tct gtc atg gcg gaa gcg caa att ccc gtg 499
 Ala Asp Pro Glu Met Phe Ser Val Met Ala Glu Ala Gln Ile Pro Val
 120 125 130
 tgt ttg atg cac tgg cgc acc ctc caa ttc ggt gat gcc gca ggt cag 547
 Cys Leu Met His Trp Arg Thr Leu Gln Phe Gly Asp Ala Ala Gly Gln
 135 140 145
 gca gat cac ggt gga gac gtt gta gcc gat gtg cac gca gtg ctt gat 595
 Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val His Ala Val Leu Asp
 150 155 160 165
 gat ctt gtc gcc cgc gcc acc gct gct ggt gtg gcc gaa aac cag atc 643
 Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val Ala Glu Asn Gln Ile
 170 175 180
 gtg ctt gat cca ggt ttg ggt ttt gcc aaa tca cgt gaa gac aac tgg 691
 Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser Arg Glu Asp Asn Trp


```

185          190          195
cgt ttg ctg caa gca ctg ccc gag ttt att tct gga cct ttc ccc atc 739
Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser Gly Pro Phe Pro Ile

200          205          210
ctg gtg gga gca tcc cgg aag cga ttc ctg gct ggc gtg cgc aaa gac 787
Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala Gly Val Arg Lys Asp

215          220          225
cgt ggc cta gat gtc acc ccc att gat gcc gac cca gca acc gca gcg 835
Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp Pro Ala Thr Ala Ala

230          235          240          245
gtg acc gca gtg tct gca cat atg gga gca tgg ggt gtg cgc gtg cac 883
Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp Gly Val Arg Val His

250          255          260
gat gtc cca gta tca agg gac gct gtt gat gtt gcc gca ttg tgg cga 931
Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val Ala Ala Leu Trp Arg

265          270          275
agt gga gga act cac cat ggc tgatcgtatt gaacttaaag gcc 975
Ser Gly Gly Thr His His Gly

280
<210> 692
<211> 284
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 692
Met Asn Val Ser Ser Leu Thr Ile Pro Gly Arg Cys Leu Val Met Gly
1          5          10          15
Ile Val Asn Val Thr Glu Asp Ser Phe Ser Asp Gly Gly Lys Tyr Ile
20          25          30
Asp Val Asp Gln Ala Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly
35          40          45

Ala Asp Met Ile Asp Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val
50          55          60
Arg Val Asp Ala Ser Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys
65          70          75          80

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

Asp Ala Ala Gly Gln Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val
145          150          155          160

His Ala Val Leu Asp Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val
165          170          175

```

Ala Glu Asn Gln Ile Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser
 180 185 190
 Arg Glu Asp Asn Trp Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser
 195 200 205
 Gly Pro Phe Pro Ile Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala
 210 215 220

Gly Val Arg Lys Asp Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp
 225 230 235 240

Pro Ala Thr Ala Ala Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp
 245 250 255
 Gly Val Arg Val His Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val
 260 265 270
 Ala Ala Leu Trp Arg Ser Gly Gly Thr His His Gly

275 280
 <210> 693
 <211> 859
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(859)
 <223> RXA02024
 <400> 693

cactgatgac ctggatcagg ccgtcaaatt catcgatgat gcacacgctg gattggacgt 60
 agcgcgtctc cacaattaag cagtggtctac attagtggtt atg agt tct ttg ccg 115
 Met Ser Ser Leu Pro

1 5
 gtc atc atg gcc atc gtc aat cgc acc ccg gat tct ttc tat gac aag 163
 Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp Ser Phe Tyr Asp Lys

10 15 20
 ggt gcg aca ttt gag gac acc gct gcg cta aac agg gca gcg gag gtc 211
 Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn Arg Ala Ala Glu Val

25 30 35
 att gaa caa ggc gcc ggc att gtc gat atc ggt ggg gtg aaa gcc ggc 259
 Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly Gly Val Lys Ala Gly

40 45 50
 ccg ggg gat ttc gtg tcg gcg gag gaa gag atc gac cgc gtg gtg cca 307
 Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile Asp Arg Val Val Pro

55 60 65
 atc atc gct gcg gtg cga gaa cgt ttt cct gac att gat att tct gtt 355
 Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp Ile Asp Ile Ser Val

70 75 80 85
 gat acc tgg cgg gcg tcg gtg gct gat gtc gca gtg gcg cat gga gca 403
 Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala Val Ala His Gly Ala

90 95 100

acg ctg atc aat gac act tgg gcc ggc cat gat cat gag ttg gtg cag 451
Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp His Glu Leu Val Gln

105 110 115
gta gca ggg cag cac aag gtg ggt tat gtc tgc tcg cac acc ggc ggg 499
Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys Ser His Thr Gly Gly

120 125 130
gtg att cca aga acg cga cca tat cgg gtg cat ttc gat gac atc gtg 547
Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His Phe Asp Asp Ile Val

135 140 145
gcc gat gta att acg gag acc acc aaa ttg gca gag caa gct gtt cgt 595
Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala Glu Gln Ala Val Arg

150 155 160 165
gcc ggg gtg cca gag gaa cgg gtg ttt att gat ccc acc cat gat ttc 643
Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp Pro Thr His Asp Phe

170 175 180
ggg aaa aac acc ttc cac gga ctg gag ctt tta cga cgg atc gat gag 691
Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu Arg Arg Ile Asp Glu

185 190 195
gtg gtt gcc acg ggc tgg ccg gtg ctg atg gcc ttg agt aat aag gat 739
Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala Leu Ser Asn Lys Asp

200 205 210
ttc att ggg gaa act ttg gaa agg ggc gtc gat aag cgt gtt gct ggc 787
Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp Lys Arg Val Ala Gly

215 220 225
acg ctt gct gcc act gcc tgg gcg gcg gcg cgc ggc gtt gcg gct ttt 835
Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg Gly Val Ala Ala Phe

230 235 240 245
cgc gtg cat gaa gtt gcg gaa acc 859
Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr

250
<210> 694
<211> 253
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 694
Met Ser Ser Leu Pro Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp
1 5 10 15
Ser Phe Tyr Asp Lys Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn
20 25 30
Arg Ala Ala Glu Val Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly
35 40 45
Gly Val Lys Ala Gly Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile
50 55 60
Asp Arg Val Val Pro Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp

65	70	75	80
Ile Asp Ile Ser Val Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala			
	85	90	95
Val Ala His Gly Ala Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp			
	100	105	110
His Glu Leu Val Gln Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys			
	115	120	125
Ser His Thr Gly Gly Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His			
	130	135	140
Phe Asp Asp Ile Val Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala			
145	150	155	160
Glu Gln Ala Val Arg Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp			
	165	170	175
Pro Thr His Asp Phe Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu			
	180	185	190
Arg Arg Ile Asp Glu Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala			
	195	200	205
Leu Ser Asn Lys Asp Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp			
	210	215	220
Lys Arg Val Ala Gly Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg			
225	230	235	240
Gly Val Ala Ala Phe Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr			
	245	250	
<210> 695			
<211> 579			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(556)			
<223> RXA00106			
<400> 695			
tggagctcaa caaggcagcg tacatgtttg agtacagctt cgatgacatc accgtgtccg			60
gctacgatcc acacccattg atccgcggca aggtcgcgct atg atc ggt gcg att			115
		Met Ile Gly Ala Ile	
		1	5
tgg gca caa ggc cgt gac ggc atc atc ggc gac ggc acc gac atg ccc			163
Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp Gly Thr Asp Met Pro			
	10	15	20
tgg cac atc ccg gaa gac ctc aaa cac ttc aag aaa acc acc atg ggc			211
Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys Lys Thr Thr Met Gly			
	25	30	35
cag ccg gtc atc atg ggt cgt cgc acg tgg gag tct ttg ccg ttc aag			259
Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu Ser Leu Pro Phe Lys			
	40	45	50
ccg ctt ccc ggc cgc gag aac ttc att ctc tcc tca cgc gag ccc ggc			307

Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser Ser Arg Glu Pro Gly

55 60 65
gac tgg tcc gcc ggc ggc aca gtg gtc acc gaa atc cct aaa agc ggc 355
Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu Ile Pro Lys Ser Gly

70 75 80 85
tgg atc atg ggc ggc ggc gag gtc tac aag gcc acc gtc ggc agc gcc 403
Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala Thr Val Gly Ser Ala

90 95 100
gac gtt tta gaa ata acg ctt atc gac gcc acc ttc gat gtt tcc act 451
Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr Phe Asp Val Ser Thr

105 110 115
ccc gtc tac gca ccc gaa atc ccg gcg aac ttc aac ctc gat gac gaa 499
Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe Asn Leu Asp Asp Glu

120 125 130
tcc gag tgg ttt acc tca ggc gag tat cgt tac aag ttc cag cgc tac 547
Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr Lys Phe Gln Arg Tyr

135 140 145
atc aag gtt taaggagcaa acaacatgag caa 579
Ile Lys Val

150
<210> 696
<211> 152
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 696
Met Ile Gly Ala Ile Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp
1 5 10 15
Gly Thr Asp Met Pro Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys
20 25 30
Lys Thr Thr Met Gly Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu
35 40 45
Ser Leu Pro Phe
Lys Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser
50 55 60
Ser Arg Glu Pro Gly Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu
65 70 75 80

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

Lys Phe Gln Arg Tyr Ile Lys Val

145 150

<210> 697
 <211> 1556
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(1533)
 <223> RXA00989
 <400> 697

gga att ggc cta gtg gct aac aac gac gga atc ttt gat tcc gaa aat 48
 Gly Ile Gly Leu Val Ala Asn Asn Asp Gly Ile Phe Asp Ser Glu Asn

1 5 10 15
 gat gac atc acc gta ggc gat gtc acg ttg ggc gag act gga ctg tct 96
 Asp Asp Ile Thr Val Gly Asp Val Thr Leu Gly Glu Thr Gly Leu Ser

20 25 30
 ttg ccc atc gat ctc gcc ggt gag gta gaa gca cct gcc tcc gag gag 144
 Leu Pro Ile Asp Leu Ala Gly Glu Val Glu Ala Pro Ala Ser Glu Glu

35 40 45
 atc acc caa gaa gat ttg ctg cgc ctt gcc cag gtg gaa gca gag ttg 192
 Ile Thr Gln Glu Asp Leu Leu Arg Leu Ala Gln Val Glu Ala Glu Leu

50 55 60
 gat caa cgt tgg ttg gaa acc aaa att gat ccc act ttc cga cgc atg 240
 Asp Gln Arg Trp Leu Glu Thr Lys Ile Asp Pro Thr Phe Arg Arg Met

65 70 75 80
 agc tac atg atg gat ctc atg ggc caa cca cag aat tcc ttc cca gca 288
 Ser Tyr Met Met Asp Leu Met Gly Gln Pro Gln Asn Ser Phe Pro Ala

85 90 95
 att cac gtg gct ggc acc aac ggt aag acc tcc acc acc cgc atg atc 336
 Ile His Val Ala Gly Thr Asn Gly Lys Thr Ser Thr Thr Arg Met Ile

100 105 110
 gag tcg ttg ctg cgc gca ttc cac cgc cgc acc ggc cgg acc acc agc 384
 Glu Ser Leu Leu Arg Ala Phe His Arg Arg Thr Gly Arg Thr Thr Ser

115 120 125
 ccg cac ctg cag ctg gta acc gaa cgc atc gcg att gat ggc aag ccc 432
 Pro His Leu Gln Leu Val Thr Glu Arg Ile Ala Ile Asp Gly Lys Pro

130 135 140
 atc cac ccg cgt gat ttc gtg cgg atc tac gaa gag att aag ccc tac 480
 Ile His Pro Arg Asp Phe Val Arg Ile Tyr Glu Glu Ile Lys Pro Tyr

145 150 155 160
 atg gag atg acc gac gcc tgg tca gag gcc gag ggc gga ccg aag atg 528
 Met Glu Met Thr Asp Ala Trp Ser Glu Ala Glu Gly Gly Pro Lys Met

165 170 175
 agc aag ttt gag gca ctc gtg gcc ctc gct tac gca ggt ttt gcc gac 576

Ser Lys Phe Glu Ala Leu Val Ala Leu Ala Tyr Ala Gly Phe Ala Asp

180 185 190
gct cct gtt gac gtc gcc gtc gtt gag gtt ggt ctt ggc gga cgc tgg 624
Ala Pro Val Asp Val Ala Val Val Glu Val Gly Leu Gly Gly Arg Trp

195 200 205
gat gcc act aac gtg atc aac gca gct gtt tcc gtg atc acc ccg gtg 672
Asp Ala Thr Asn Val Ile Asn Ala Ala Val Ser Val Ile Thr Pro Val

210 215 220
ggc atg gac cac gtg gat cgc ctg ggc aac acc att ggt gaa atc gct 720
Gly Met Asp His Val Asp Arg Leu Gly Asn Thr Ile Gly Glu Ile Ala

225 230 235 240
ggt gaa aag gcc ggc atc atc aag gct cgt cct gca tct gag gat ggc 768
Gly Glu Lys Ala Gly Ile Ile Lys Ala Arg Pro Ala Ser Glu Asp Gly

245 250 255
acc gag cct gag ggc aac gtt gtc atc gtg ggc aag cag gag cca gaa 816
Thr Glu Pro Glu Gly Asn Val Val Ile Val Gly Lys Gln Glu Pro Glu

260 265 270
gca atg aac gtg att ctg cag caa gcc gtg gac gtg gac gca gct gtt 864
Ala Met Asn Val Ile Leu Gln Gln Ala Val Asp Val Asp Ala Ala Val

275 280 285
gct cgt ttg aac atg gaa ttc ggc gtg gtg gaa tcc gcc att gcc gtt 912
Ala Arg Leu Asn Met Glu Phe Gly Val Val Glu Ser Ala Ile Ala Val

290 295 300
ggt gga cag cag ctc acc ctg aag ggt ttg ggc ggc gaa tac acc gac 960
Gly Gly Gln Gln Leu Thr Leu Lys Gly Leu Gly Gly Glu Tyr Thr Asp

305 310 315 320
atc ttc ctc cca ctg tct ggc gcg cac caa gca gat aat gcc gcg gtt 1008
Ile Phe Leu Pro Leu Ser Gly Ala His Gln Ala Asp Asn Ala Ala Val

325 330 335
gct ctc gca gca gtg gaa gca ttt ttc ggt gca tcc gcc gga cgc cca 1056
Ala Leu Ala Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Ala Ser Ala Gly Arg Pro

340 345 350
ttg gat atc gac acg gtg cgc gaa ggc ttc gca caa gtt cag tcc cca 1104
Leu Asp Ile Asp Thr Val Arg Glu Gly Phe Ala Gln Val Gln Ser Pro

355 360 365
ggt cgc ctc gag cgc ctg cgc tct gca cca acc gtg ttc atc gac gca 1152
Gly Arg Leu Glu Arg Leu Arg Ser Ala Pro Thr Val Phe Ile Asp Ala

370 375 380
gct cac aac cca cac ggt gcc gca gca ctt ggt gca gca cta gac cgt 1200
Ala His Asn Pro His Gly Ala Ala Ala Leu Gly Ala Ala Leu Asp Arg

385 390 395 400

gac ttt gag ttc cgt cgc ctc atc ggt gtc atc gga gtg ctc tgc gac 1248
Asp Phe Glu Phe Arg Arg Leu Ile Gly Val Ile Gly Val Leu Cys Asp

405 410 415
aag gat gcc cgc ggc atc ttg gaa tca ctt gag cca tac ctg cat gaa 1296
Lys Asp Ala Arg Gly Ile Leu Glu Ser Leu Glu Pro Tyr Leu His Glu

420 425 430
att gtg tgc acc cag act gcc tca gag cgc gca ttg gac gca tac gat 1344
Ile Val Cys Thr Gln Thr Ala Ser Glu Arg Ala Leu Asp Ala Tyr Asp

435 440 445
tta gct gaa tat gct cga gag atc tac ggc gat gag cgt gtg cac gtc 1392
Leu Ala Glu Tyr Ala Arg Glu Ile Tyr Gly Asp Glu Arg Val His Val

450 455 460
caa gaa gat ctt gct ggc gcg gta gaa ctc gct att gaa cta gca gaa 1440
Gln Glu Asp Leu Ala Gly Ala Val Glu Leu Ala Ile Glu Leu Ala Glu

465 470 475 480
gac acc gat gta cag tcc gga tca ggt gtt gtg atc acc ggt tca atc 1488
Asp Thr Asp Val Gln Ser Gly Ser Gly Val Val Ile Thr Gly Ser Ile

485 490 495
gtg acc gcc ggc gat gcg cgc acg ctg ttt gga aag gaa cct gca 1533
Val Thr Ala Gly Asp Ala Arg Thr Leu Phe Gly Lys Glu Pro Ala

500 505 510
tgagcaagcg tgaagaatca att 1556
<210> 698
<211> 511
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 698
Gly Ile Gly Leu Val Ala Asn Asn Asp Gly Ile Phe Asp Ser Glu Asn
1 5 10 15
Asp Asp Ile Thr Val Gly Asp Val Thr Leu Gly Glu Thr Gly Leu Ser
20 25 30
Leu Pro Ile Asp Leu Ala Gly
Glu Val Glu Ala Pro Ala Ser Glu Glu
35 40 45
Ile Thr Gln Glu Asp Leu Leu Arg Leu Ala Gln Val Glu Ala Glu Leu
50 55 60
Asp Gln Arg Trp Leu Glu Thr Lys Ile Asp Pro Thr Phe Arg Arg Met
65 70 75 80

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

Ile His Pro Arg Asp Phe Val Arg Ile Tyr Glu Glu Ile Lys Pro Tyr

145	150								155								160			
Met	Glu	Met	Thr	Asp	Ala	Trp	Ser	Glu	Ala	Glu	Gly	Gly	Pro	Lys	Met					
				165					170				175							
Ser	Lys	Phe	Glu	Ala	Leu	Val	Ala	Leu	Ala	Tyr	Ala	Gly	Phe	Ala	Asp					
				180					185				190							
Ala	Pro	Val	Asp	Val	Ala	Val	Val	Glu	Val	Gly	Leu	Gly	Gly	Arg	Trp					
				195					200				205							
Asp	Ala	Thr	Asn	Val	Ile	Asn	Ala	Ala	Val	Ser	Val	Ile	Thr	Pro	Val					
				210					215				220							
Gly	Met	Asp	His	Val	Asp	Arg	Leu	Gly	Asn	Thr	Ile	Gly	Glu	Ile	Ala					
225				230				235				240								
Gly	Glu	Lys	Ala	Gly	Ile	Ile	Lys	Ala	Arg	Pro	Ala	Ser	Glu	Asp	Gly					
				245				250				255								
Thr	Glu	Pro	Glu	Gly	Asn	Val	Val	Ile	Val	Gly	Lys	Gln	Glu	Pro	Glu					
				260				265				270								
Ala	Met	Asn	Val	Ile	Leu	Gln	Gln	Ala	Val	Asp	Val	Asp	Ala	Ala	Val					
				275				280				285								
Ala	Arg	Leu	Asn	Met	Glu	Phe	Gly	Val	Val	Glu	Ser	Ala	Ile	Ala	Val					
				290				295				300								
Gly	Gly	Gln	Gln	Leu	Thr	Leu	Lys	Gly	Leu	Gly	Gly	Glu	Tyr	Thr	Asp					
305				310				315				320								
Ile	Phe	Leu	Pro	Leu	Ser	Gly	Ala	His	Gln	Ala	Asp	Asn	Ala	Ala	Val					
				325				330				335								
Ala	Leu	Ala	Ala	Val	Glu	Ala	Phe	Phe	Gly	Ala	Ser	Ala	Gly	Arg	Pro					
				340				345				350								
Leu	Asp	Ile	Asp	Thr	Val	Arg	Glu	Gly	Phe	Ala	Gln	Val	Gln	Ser	Pro					
				355				360				365								
Gly	Arg	Leu	Glu	Arg	Leu	Arg	Ser	Ala	Pro	Thr	Val	Phe	Ile	Asp	Ala					
				370				375				380								
Ala	His	Asn	Pro	His	Gly	Ala	Ala	Ala	Leu	Gly	Ala	Ala	Leu	Asp	Arg					
385				390				395				400								
Asp	Phe	Glu	Phe	Arg	Arg	Leu	Ile	Gly	Val	Ile	Gly	Val	Leu	Cys	Asp					
				405				410				415								
Lys	Asp	Ala	Arg	Gly	Ile	Leu	Glu	Ser	Leu	Glu	Pro	Tyr	Leu	His	Glu					
				420				425				430								
Ile	Val	Cys	Thr	Gln	Thr	Ala	Ser	Glu	Arg	Ala	Leu	Asp	Ala	Tyr	Asp					
				435				440				445								
Leu	Ala	Glu	Tyr	Ala	Arg	Glu	Ile	Tyr	Gly	Asp	Glu	Arg	Val	His	Val					
				450				455				460								
Gln	Glu	Asp	Leu	Ala	Gly	Ala	Val	Glu	Leu	Ala	Ile	Glu	Leu	Ala	Glu					
465				470				475				480								
Asp	Thr	Asp	Val	Gln	Ser	Gly	Ser	Gly	Val	Val	Ile	Thr	Gly	Ser	Ile					
				485				490				495								
Val	Thr	Ala	Gly	Asp	Ala	Arg	Thr	Leu	Phe	Gly	Lys	Glu	Pro	Ala						
500				505				510												
<210> 699																				

<211> 600
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(577)
 <223> RXA01517
 <400> 699
 tccataagcc caaagcacgc atcccacgta cttttgctga cgtcgcggtg gttgcccgcac 60
 gttccaggaa atccatggct gctggaagga gcaacgccta atg cat gca gtt ttg 115
 Met His Ala Val Leu

 1 5
 tcc atc ggt tcc aac atg gat gat cgc tac gcg ctg ctc aac aca gtg 163
 Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala Leu Leu Asn Thr Val

 10 15 20
 atc gag gaa ttc aaa gat gag atc gtg gcg cag tct gcg atc tac tca 211
 Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln Ser Ala Ile Tyr Ser

 25 30 35
 acc cca ccg tgg ggc att gag gat cag gat gaa ttc ctc aac gca gtg 259
 Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp Gln Asp Glu Phe Leu Asn Ala Val

 40 45 50
 ctc gtt gtt gag gtt gaa gaa acc ccc atc gag ttg ctg cgc cgt ggc 307
 Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu Leu Leu Arg Arg Gly

 55 60 65
 caa aaa ctc gaa gaa gcc gcc gag cgg gtc cgc gtc cgc aaa tgg ggg 355
 Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg Val Arg Lys Trp Gly

 70 75 80 85
 cca cgc acc ctc gat gtg gat atc gtg cag atc att aaa gat ggg gaa 403
 Pro Arg Thr Leu Asp Val Asp Ile Val Gln Ile Ile Lys Asp Gly Glu

 90 95 100
 gag atc ctt tct gag gat ccc gaa ctg acc ttg cca cac cct tgg gct 451
 Glu Ile Leu Ser Glu Asp Pro Glu Leu Thr Leu Pro His Pro Trp Ala

 105 110 115
 tgg cag cgt gcc ttc gtg ttg atc cct tgg ttg gaa gca gaa cct gat 499
 Trp Gln Arg Ala Phe Val Leu Ile Pro Trp Leu Glu Ala Glu Pro Asp

 120 125 130
 gcc gtc ctg cac ggc acg acc att gca gaa cat gtg gat aat ctt gat 547
 Ala Val Leu His Gly Thr Thr Ile Ala Glu His Val Asp Asn Leu Asp

 135 140 145
 ccc aca gac att gaa ggt gtc acc aag att taaggagtcg tggttttcat 597
 Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile

 150 155
 gca 600
 <210> 700

<211> 159
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 700

Met His Ala Val Leu Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala
1 5 10 15
Leu Leu Asn Thr Val Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln
20 25 30
Ser Ala Ile Tyr Ser Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp
Gln Asp Glu
35 40 45
Phe Leu Asn Ala Val Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu
50 55 60
Leu Leu Arg Arg Gly Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg
65 70 75 80
Val Arg Lys Trp Gly Pro Arg Thr Leu Asp Val Asp Ile Val Gln Ile
85 90 95
Ile Lys Asp Gly Glu Glu Ile Leu Ser Glu Asp Pro Glu Leu Thr Leu
100 105 110
Pro His Pro Trp Ala Trp Gln Arg Ala Phe Val Leu Ile Pro Trp Leu
115 120 125
Glu Ala Glu Pro Asp Ala Val Leu His Gly Thr Thr Ile Ala Glu His
130 135 140
Val Asp Asn Leu Asp Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile
145 150 155
<210> 701
<211> 1983
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1960)
<223> RXA00579
<400> 701

tcgtctaagt ttttctttga gttttcatat gtagaaggca tcgtcggctt cggcctggcg 60
gtgcttttct cgttgttttg tggttttgtc agaggatgtc atg cgc gtt tta att 115
Met Arg Val Leu Ile
1 5
att gat aat tat gat tct ttc acg ttt aat ctc gcc acc tat gtg gaa 163
Ile Asp Asn Tyr Asp Ser Phe Thr Phe Asn Leu Ala Thr Tyr Val Glu
10 15 20
gag gtt acg ggt cag gca cct gtg gtg gtg cct aat gat caa gaa ata 211
Glu Val Thr Gly Gln Ala Pro Val Val Val Pro Asn Asp Gln Glu Ile
25 30 35
gat gag atg ctt ttc gac gcc gtc atc ctc tca cct ggc ccg ggc cac 259
Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser Pro Gly Pro Gly His
40 45 50
gcc ggc gtt gcg gct gat ttt ggt atc tgt gca ggc gtc att gag cgt 307

Ala Gly Val Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala Gly Val Ile Glu Arg

55 60 65
gca cgc gtt ccg att ttg ggt gtg tgt tta ggc cac cag ggc att gcg 355
Ala Arg Val Pro Ile Leu Gly Val Cys Leu Gly His Gln Gly Ile Ala

70 75 80 85
ttg gcc tat ggc ggt gat gtt gat ttg gcg ccc agg ccg gtc cac ggt 403
Leu Ala Tyr Gly Gly Asp Val Asp Leu Ala Pro Arg Pro Val His Gly

90 95 100
gag gtt tcg cag atc acc cat gat ggt tca ggt tta ttt gca ggc atc 451
Glu Val Ser Gln Ile Thr His Asp Gly Ser Gly Leu Phe Ala Gly Ile

105 110 115
cct gaa acg ttt gag gcg gtg cgt tat cac tcg atg gtg gca acc cgc 499
Pro Glu Thr Phe Glu Ala Val Arg Tyr His Ser Met Val Ala Thr Arg

120 125 130
ttg ccg gag tca ttg aaa gct aca gct acc agc gat gat ggt ttg atc 547
Leu Pro Glu Ser Leu Lys Ala Thr Ala Thr Ser Asp Asp Gly Leu Ile

135 140 145
atg gca ttg gca cat gaa gtg ctt ccg cag tgg ggt gtg caa ttt cat 595
Met Ala Leu Ala His Glu Val Leu Pro Gln Trp Gly Val Gln Phe His

150 155 160 165
ccg gaa tct att ggt gga caa ttc ggc cat cag atc att aag aac ttc 643
Pro Glu Ser Ile Gly Gly Gln Phe Gly His Gln Ile Ile Lys Asn Phe

170 175 180
ctt aat tta gcg cgc aca tat cgc tgg caa ctc acg gag aaa act att 691
Leu Asn Leu Ala Arg Thr Tyr Arg Trp Gln Leu Thr Glu Lys Thr Ile

185 190 195
ccg ctc agc gtt gat tca gca gcg gtt ttt gaa aca ttc ttt gcc cat 739
Pro Leu Ser Val Asp Ser Ala Ala Val Phe Glu Thr Phe Phe Ala His

200 205 210
tcc tcc cat get ttt tgg ctc gat gat gcc caa gga acc agc tat ctt 787
Ser Ser His Ala Phe Trp Leu Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ser Tyr Leu

215 220 225
ggt gat gcc agc ggt cct ctc gca cgc aca aaa acc cat aat gtc ggc 835
Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys Thr His Asn Val Gly

230 235 240 245
gag ggg gat ttc ttc acc tgg cta aag gag gat ctc gcc gcc aac tca 883
Glu Gly Asp Phe Phe Thr Trp Leu Lys Glu Asp Leu Ala Ala Asn Ser

250 255 260
gtt gcg ccc ggt caa ggt ttt cgt ctt ggc tgg gtt ggt tac gtt ggt 931
Val Ala Pro Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Trp Val Gly Tyr Val Gly

265 270 275
tat gag ctt aaa gcg gaa gct ggc gca cgg gct gcg cac act tcg agt 979

Tyr Glu Leu Lys Ala Glu Ala Gly Ala Arg Ala Ala His Thr Ser Ser

280 285 290
 ctt ccg gat gcg cac ctc att ttt gcc gat cgc gcc atc gca gtg gaa 1027
 Leu Pro Asp Ala His Leu Ile Phe Ala Asp Arg Ala Ile Ala Val Glu

295 300 305
 tcg gat cag gtt cgg ttg ctg gcg ttg ggg gag cag gac gag tgg ttt 1075
 Ser Asp Gln Val Arg Leu Leu Ala Leu Gly Glu Gln Asp Glu Trp Phe

310 315 320 325
 gaa gaa acc atc aag aag ctg cat aat ctt gtc gcc ccg cgg ata cct 1123
 Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val Ala Pro Arg Ile Pro

330 335 340
 gcg tcc gga cac ctc gct ttg cag gtt cga gat tcc aaa gat gag tat 1171
 Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp Ser Lys Asp Glu Tyr

345 350 355
 ctc gac aaa att cgc aga gcc cag gag ctg att act cgc ggc gaa tcg 1219
 Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile Thr Arg Gly Glu Ser

360 365 370
 tat gaa atc tgc ctg acc aca aaa ctt cag ggc acc act gat gtg gcc 1267
 Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly Thr Thr Asp Val Ala

375 380 385
 cct ctg gct gcc tat cta gca ctg cgt ggg gcc aat ccc acc gca tat 1315
 Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala Asn Pro Thr Ala Tyr

390 395 400 405
 ggt gcg tat ctt cag ctg ggg gat acc tct att ttg agt tcc tcg ccg 1363
 Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile Leu Ser Ser Ser Pro

410 415 420
 gag cgg ttc atc acc att gat tcg gca ggg tat gtg gaa tca aag ccc 1411
 Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr Val Glu Ser Lys Pro

425 430 435
 att aaa ggc acc agg ccg cgt ggg cga aca gcg caa gaa gac caa gaa 1459
 Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala Gln Glu Asp Gln Glu

440 445 450
 atc att gct gag ctg cgc agt aat cct aaa gat cgt gca gaa aac ttg 1507
 Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp Arg Ala Glu Asn Leu

455 460 465
 atg atc gtg gat ttg gtc cgc aac gac tta gcc cgc ggc gct ttg ccc 1555
 Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala Arg Gly Ala Leu Pro

470 475 480 485
 acc aca gtt aaa aca tcc aag ctt ttc gac gtc gaa acc tac gcc aca 1603
 Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val Glu Thr Tyr Ala Thr

490 495 500
 gtc cac caa ctt gtc agc acc gtc tct gca gag ttg ggg cca cgc agt 1651

Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu Leu Gly Pro Arg Ser

505 510 515
 ccg att gag tgc gtg cgc gca gca ttc ccc ggt ggt tcg atg act ggt 1699
 Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly Gly Ser Met Thr Gly

520 525 530
 gcc cca aag ctg cgc acc atg gag atc atc gat gag ctg gag gca gct 1747
 Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp Glu Leu Glu Ala Ala

535 540 545
 cct cgc ggt att tac tca ggt ggc ttg gga tat ttt tcc ctc gac ggc 1795
 Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr Phe Ser Leu Asp Gly

550 555 560 565
 gca gtt gat ctc tcc atg gtg atc aga act ctc gtc atc cag aac aat 1843
 Ala Val Asp Leu Ser Met Val Ile Arg Thr Leu Val Ile Gln Asn Asn

570 575 580
 cac gtg gag tac gga gtg ggc ggt gca ctt ctt gct ctg tct gat ccg 1891
 His Val Glu Tyr Gly Val Gly Gly Ala Leu Leu Ala Leu Ser Asp Pro

585 590 595
 gag gct gag tgg gag gaa atc cgc gtt aaa tca cgg cct ctg ctg aat 1939
 Glu Ala Glu Trp Glu Glu Ile Arg Val Lys Ser Arg Pro Leu Leu Asn

600 605 610
 ttg ttt ggg gtt gaa ttc cca tgacgtacct cgtgtgggac ggt 1983
 Leu Phe Gly Val Glu Phe Pro

615 620
 <210> 702
 <211> 620
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 702
 Met Arg Val Leu Ile Ile Asp Asn Tyr Asp Ser Phe Thr Phe Asn Leu
 1 5 10 15
 Ala Thr Tyr Val Glu Glu Val Thr Gly Gln Ala Pro Val Val Val Pro
 20 25 30
 Asn Asp Gln Glu Ile Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser
 35 40 45
 Pro Gly Pro Gly His Ala Gly Val
 Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala
 50 55 60
 Gly Val Ile Glu Arg Ala Arg Val Pro Ile Leu Gly Val Cys Leu Gly
 65 70 75 80

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

Asp Asp Gly Leu Ile Met Ala Leu Ala His Glu Val Leu Pro Gln Trp
145 150 155 160

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

Gly Thr Ser Tyr Leu Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys
225 230 235 240

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

Ala Ile Ala Val Glu Ser Asp Gln Val Arg Leu Leu Ala Leu Gly Glu
305 310 315 320

Gln Asp Glu Trp Phe Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val
325 330 335
Ala Pro Arg Ile Pro Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp
340 345 350
Ser Lys Asp Glu Tyr Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile
355 360 365
Thr Arg Gly Glu Ser Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly
370 375 380

Thr Thr Asp Val Ala Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala
385 390 395 400

Asn Pro Thr Ala Tyr Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile
405 410 415
Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr
420 425 430
Val Glu Ser Lys Pro Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala
435 440 445
Gln Glu Asp Gln Glu Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp
450 455 460

Arg Ala Glu Asn Leu Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala
465 470 475 480

Arg Gly Ala Leu Pro Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val
485 490 495
Glu Thr Tyr Ala Thr Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu
500 505 510

Leu Gly Pro Arg Ser Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly
515 520 525
Gly Ser Met Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp
530 535 540

Glu Leu Glu Ala Ala Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr
545 550 555 560

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

610 615 620
<210> 703
<211> 747
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(724)
<223> RXA00958
<400> 703
attctaattcc tcaatctgaa gccgatgaga cgttgacaaa ggcgtatgcc gtgttgaatg 60
ccattgcgct tgctgctggt tccactttgg aggtcatccg atg aca cac gtt gtt 115
Met Thr His Val Val

1 5
ctc att gat aat cac gat tct ttt gtc tac aac ctg gtg gat gcg ttc 163
Leu Ile Asp Asn His Asp Ser Phe Val Tyr Asn Leu Val Asp Ala Phe

10 15 20
gcc gtg gcc ggt tat aag tgc acg gtg ttc cgc aat acg gtg cca gtg 211
Ala Val Ala Gly Tyr Lys Cys Thr Val Phe Arg Asn Thr Val Pro Val

25 30 35
gaa acc att ttg gca gcc aac ccg gac ctg atc tgc ctt tca cct gga 259
Glu Thr Ile Leu Ala Ala Asn Pro Asp Leu Ile Cys Leu Ser Pro Gly

40 45 50
cct ggt tac cct gcc gat gcg ggc aac atg atg gcg ctg atc gag cgc 307
Pro Gly Tyr Pro Ala Asp Ala Gly Asn Met Met Ala Leu Ile Glu Arg

55 60 65
aca ctc ggc cag att cct tta ctg ggt att tgc ctc ggc tac cag gca 355
Thr Leu Gly Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ile Cys Leu Gly Tyr Gln Ala

70 75 80 85
ctc atc gaa tac cac ggc ggc aag gtt gag cct tgt ggc cct gtg cac 403
Leu Ile Glu Tyr His Gly Gly Lys Val Glu Pro Cys Gly Pro Val His

90 95 100

ggc acc acc gac aac atg atc ctt act gat gca ggt gtg cag agc cct 451
Gly Thr Thr Asp Asn Met Ile Leu Thr Asp Ala Gly Val Gln Ser Pro

105 110 115
gtt ttt gca ggt ctt gcc act gat gtt gag cct gat cat cca gaa atc 499
Val Phe Ala Gly Leu Ala Thr Asp Val Glu Pro Asp His Pro Glu Ile

120 125 130
cca ggc cgc aag gtt cca att ggc cgt tat cac tca ctg ggc tgc gtg 547
Pro Gly Arg Lys Val Pro Ile Gly Arg Tyr His Ser Leu Gly Cys Val

135 140 145
gtt gcc cca gac ggt att gaa tca cta ggt acc tgt tcc tcg gag att 595
Val Ala Pro Asp Gly Ile Glu Ser Leu Gly Thr Cys Ser Ser Glu Ile

150 155 160 165
ggg gat gtc atc atg gcg gca cgc acc acc gat gga aag gcc att ggc 643
Gly Asp Val Ile Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp Gly Lys Ala Ile Gly

170 175 180
ctg cag ttt cac cct gag tca gtg cta agc cca acg ggt cct gtc att 691
Leu Gln Phe His Pro Glu Ser Val Leu Ser Pro Thr Gly Pro Val Ile

185 190 195
ttg tcc cgc tgt gtc gaa cag ctt ctc gcg aac taataaaaaa aggatttgat 744
Leu Ser Arg Cys Val Glu Gln Leu Leu Ala Asn

200 205
tca 747
<210> 704
<211> 208
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 704
Met Thr His Val Val Leu Ile Asp Asn His Asp Ser Phe Val Tyr Asn
1 5 10 15
Leu Val Asp Ala Phe Ala Val Ala Gly Tyr Lys Cys Thr Val Phe Arg
20 25 30
Asn Thr Val Pro Val Glu Thr Ile Leu Ala Ala Asn
Pro Asp Leu Ile
35 40 45
Cys Leu Ser Pro Gly Pro Gly Tyr Pro Ala Asp Ala Gly Asn Met Met
50 55 60
Ala Leu Ile Glu Arg Thr Leu Gly Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ile Cys
65 70 75 80

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

145	150	155	160	
Cys Ser Ser Glu Ile Gly Asp Val Ile Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp				
	165	170	175	
Gly Lys Ala Ile Gly Leu Gln Phe His Pro Glu Ser Val Leu Ser Pro				
	180	185	190	
Thr Gly Pro Val Ile Leu Ser Arg Cys Val Glu Gln Leu Leu Ala Asn				
	195	200	205	
<210> 705				
<211> 1266				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (101)..(1243)				
<223> RXA02790				
<400> 705				
tggatgctcg cacccgagcc ctggaaccac aatccacaga cacccaagat ttcgacgaga	60			
agggaaattt cccaggatga accaaatccg aaaccgccgg atg gag ccc gtc tac	115			
			Met Glu Pro Val Tyr	
			1	5
gta aag cgc cgc caa cgg ttt att gcc gtg acg atc gct tca ctc atc	163			
Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr Ile Ala Ser Leu Ile				
	10	15	20	
ctc att atc ggt gcc atc atc tat atc ggt gta gcc acc tca aac cgg	211			
Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val Ala Thr Ser Asn Arg				
	25	30	35	
acg cca cat gac tat gaa ggc tcc gga aac ggt gtg gtt cag ctg gtc	259			
Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly Val Val Gln Leu Val				
	40	45	50	
gaa atc cct gaa ggt tcc tcc ata tca gag ctc ggc cca gag ttg gaa	307			
Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu Gly Pro Glu Leu Glu				
	55	60	65	
gaa cga gat atc gtg gcc acc aac tca gcg ttc caa aca gcg gcc agc	355			
Glu Arg Asp Ile Val Ala Thr Asn Ser Ala Phe Gln Thr Ala Ala Ser				
	70	75	80	85
aac aac ccc aac gcg ggt agt gta cag cca ggt ttc tac cgt ctg cag	403			
Asn Asn Pro Asn Ala Gly Ser Val Gln Pro Gly Phe Tyr Arg Leu Gln				
	90	95	100	
gaa caa atg aac gca gca gct gca gtg tcg gct ctg ctt gat cca gac	451			
Glu Gln Met Asn Ala Ala Ala Val Ser Ala Leu Leu Asp Pro Asp				
	105	110	115	
aac cag gtt gat ctc ctc gac att cac ggc ggc gcc acc ttg atg gac	499			
Asn Gln Val Asp Leu Leu Asp Ile His Gly Gly Ala Thr Leu Met Asp				
	120	125	130	
gtc act gtt gtc ggc gga aac acc cgc gcg gga atc tac tcc cag atc	547			

Val Thr Val Val Gly Gly Asn Thr Arg Ala Gly Ile Tyr Ser Gln Ile

135 140 145
gca gcc gtg acc tgc acc gaa ggc tcc gcc aac tgc atc acc gct gag 595
Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn Cys Ile Thr Ala Glu

150 155 160 165
gat ttg cag cag gtt gcc tcc acc gtg tgc cct gca gaa ttg ggt gtc 643
Asp Leu Gln Gln Val Ala Ser Thr Val Ser Pro Ala Glu Leu Gly Val

170 175 180
cca gat tgg gca atc gct gct gtg gaa gct cgc gga act gat cca aag 691
Pro Asp Trp Ala Ile Ala Ala Val Glu Ala Arg Gly Thr Asp Pro Lys

185 190 195
cgc ctc gaa ggc ctg atc atg cct ggc caa tac gtg gtg gat cca tcc 739
Arg Leu Glu Gly Leu Ile Met Pro Gly Gln Tyr Val Val Asp Pro Ser

200 205 210
aac gac gcc cag gga atc ctc acc gat ctg atc acg cga tca gca aac 787
Asn Asp Ala Gln Gly Ile Leu Thr Asp Leu Ile Thr Arg Ser Ala Asn

215 220 225
cat ttc caa gaa acc gac atc acg ggc cgt gca gat gcc atc gga ctt 835
His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala Asp Ala Ile Gly Leu

230 235 240 245
act cca tat gag ctg gtc acc gca gca tct tta atc gag cgc gaa gca 883
Thr Pro Tyr Glu Leu Val Thr Ala Ala Ser Leu Ile Glu Arg Glu Ala

250 255 260
cca gca gga gat ttt gat aag gtc gcc cgc gtc atc ttg aac cgt ctc 931
Pro Ala Gly Asp Phe Asp Lys Val Ala Arg Val Ile Leu Asn Arg Leu

265 270 275
gcc gag cca atg cag ctg caa ttc gac tcc acc gtc aac tac ggt ctg 979
Ala Glu Pro Met Gln Leu Gln Phe Asp Ser Thr Val Asn Tyr Gly Leu

280 285 290
tct gaa caa gaa gta gca acc acc gac gaa gac cgt cag acc gtc acc 1027
Ser Glu Gln Glu Val Ala Thr Thr Asp Glu Asp Arg Gln Thr Val Thr

295 300 305
cca tgg aac act tac gcc atg gac ggc ctg cca caa acc ccc atc gcc 1075
Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro Gln Thr Pro Ile Ala

310 315 320 325
gca gta tcc acc gaa gca ctc caa gcc atg gaa aac cct gca gaa gga 1123
Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu Asn Pro Ala Glu Gly

330 335 340
aac tgg ctg tac ttt gtc acc atc gac acc gat gga acc acc gtg ttc 1171
Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp Gly Thr Thr Val Phe

345 350 355
aac gac acc ttc gaa gag cac gaa gcc gac att gag caa gct ttg aac 1219

Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile Glu Gln Ala Leu Asn

360 365 370
 agt ggc gtt cta gac agc aac cga taaggatcag cgaataaaaat tgg 1266
 Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg

375 380
 <210> 706
 <211> 381
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 706
 Met Glu Pro Val Tyr Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr
 1 5 10 15
 Ile Ala Ser Leu Ile Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val
 20 25 30
 Ala Thr Ser Asn Arg Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly
 35 40 45

Val Val Gln Leu Val Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu
 50 55 60
 Gly Pro Glu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Val Ala Thr Asn Ser Ala Phe
 65 70 75 80

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

Ile Tyr Ser Gln Ile Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn
 145 150 155 160

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

Thr Arg Ser Ala Asn His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala
 225 230 235 240

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

Arg Gln Thr Val Thr Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro
305 310 315 320

Gln Thr Pro Ile Ala Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu
325 330 335
Asn Pro Ala Glu Gly Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp
340 345 350
Gly Thr Thr Val Phe Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile
355 360 365
Glu Gln Ala Leu Asn Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg

370 375 380

<210> 707

<211> 579

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(556)

<223> RXA00106

<400> 707

tggagctcaa caaggcagcg tacatgtttg agtacagctt cgatgacatc accgtgtccg 60
gtacgatcc acacccattg atccgcggca aggtcgccgt atg atc ggt gcg att 115
Met Ile Gly Ala Ile

1 5
tgg gca caa ggc cgt gac ggc atc atc ggc gac ggc acc gac atg ccc 163
Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp Gly Thr Asp Met Pro

10 15 20
tgg cac atc ccg gaa gac ctc aaa cac ttc aag aaa acc acc atg ggc 211
Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys Lys Thr Thr Met Gly

25 30 35
cag ccg gtc atc atg ggt cgt cgc acg tgg gag tct ttg ccg ttc aag 259
Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu Ser Leu Pro Phe Lys

40 45 50
ccg ctt ccc ggc cgc gag aac ttc att ctc tcc tca cgc gag ccc ggc 307
Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser Ser Arg Glu Pro Gly

55 60 65
gac tgg tcc gcc ggc ggc aca gtg gtc acc gaa atc cct aaa agc ggc 355
Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu Ile Pro Lys Ser Gly

70 75 80 85
tgg atc atg ggc ggc ggc gag gtc tac aag gcc acc gtc ggc agc gcc 403
Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala Thr Val Gly Ser Ala

90 95 100
gac gtt tta gaa ata acg ctt atc gac gcc acc ttc gat gtt tcc act 451
Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr Phe Asp Val Ser Thr

105 110 115
ccc gtc tac gca ccc gaa atc ccg gcg aac ttc aac ctc gat gac gaa 499

Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe Asn Leu Asp Asp Glu

120 125 130
tcc gag tgg ttt acc tca ggc gag tat cgt tac aag ttc cag cgc tac 547
Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr Lys Phe Gln Arg Tyr

135 140 145
atc aag gtt taaggagcaa acaacatgag caa 579
Ile Lys Val

150
<210> 708
<211> 152
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 708
Met Ile Gly Ala Ile Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp
1 5 10 15
Gly Thr Asp Met Pro Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys
20 25 30
Lys Thr Thr Met Gly Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu
35 40 45
Ser Leu Pro Phe
Lys Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser
50 55 60
Ser Arg Glu Pro Gly Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu
65 70 75 80

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

Lys Phe Gln Arg Tyr Ile Lys Val

145 150
<210> 709
<211> 2599
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(2599)
<223> RXN02198
<400> 709
agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcgttg aaaatgaact acgaatgaaa 60
agttcgggaa ttgtctaate 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 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> 710
<211> 833
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 710
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> 711

<211> 2578

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2578)

<223> FRXA02198

<400> 711

agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcggtg aaaatgaact acgaatgaaa 60
agttcgggaa ttgtctaate 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> 712

<211> 826

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 712

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

[illegible]

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> 714

<211> 745

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 714

```
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
```

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> 715
<211> 1923
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1900)
<223> FRXA02085
<400> 715
caccggtga tttcggaac 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> 716
 <211> 600
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 716
 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 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> 717
 <211> 603
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(580)
 <223> FRXA02086
 <400> 717

gatgatcagc cgctggctac cactgctgac caggttgac tggcactgcg cgatgaaatt 60
 aacgatctca tcgaggctgg cgcaagatc 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> 718

<211> 160

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 718

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> 719

<211> 1326

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1303)

<223> RXN02648

<400> 719

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> 720				
<211> 401				
<212> PRT				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<400> 720				
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> 721

<211> 548

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(525)

<223> FRXA02648

<400> 721

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> 722
 <211> 175
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 722
 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> 723																		
<211> 784																		
<212> DNA																		
<213> Corynebacterium glutamicum																		
<220>																		
<221> CDS																		
<222> (101)..(784)																		
<223> FRXA02658																		
<400> 723																		
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> 724
<211> 228
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 724
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> 725

<211> 551

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(528)

<223> RXS02197

<400> 725

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 gcc atc gcc 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 gcc 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 gcc 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

165 170 175 551
taacaccttt gagaggaaa act
<210> 726
<211> 176
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 726
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> 727
<211> 546
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(523)
<223> RXC00988
<400> 727
tagcagaaga caccgatgta cagtccggat caggtgttgt gatcaccgggt tcaatcgtga 60
ccgccggcga tgcgcgcacg ctgtttggaa aggaacctgc atg agc aag cgt gaa 115
Met Ser Lys Arg Glu

1 5
gaa tca att gag tac gga cca tta ggc aaa ggc cac gat cca tta aag 163
Glu Ser Ile Glu Tyr Gly Pro Leu Gly Lys Gly His Asp Pro Leu Lys

10 15 20
gat ccc atg aag ggt atc cga ggt gtc atg gcc ggc acc tta gtg atg 211
Asp Pro Met Lys Gly Ile Arg Gly Val Met Ala Gly Thr Leu Val Met

25 30 35
gaa gca atc acc tta ggt ctt gtt ctc acc gtg att ctg cgc gtg gac 259

Glu Ala Ile Thr Leu Gly Leu Val Leu Thr Val Ile Leu Arg Val Asp

40 45 50
gac ggc atc tac tgg acc acc ttc aac tgg gtc tat gta tca gca gtc 307
Asp Gly Ile Tyr Trp Thr Thr Phe Asn Trp Val Tyr Val Ser Ala Val

55 60 65
gcg atc gca cac ttt gtt gct gca ttt ctg caa agg ttt agt tgg tcc 355
Ala Ile Ala His Phe Val Ala Ala Phe Leu Gln Arg Phe Ser Trp Ser

70 75 80 85
atc ccg atg aac atc gtg ctg cag gtt ctt gca ctt gcc ggt ttc ttt 403
Ile Pro Met Asn Ile Val Leu Gln Val Leu Ala Leu Ala Gly Phe Phe

90 95 100
gtt cac ccc gcg atg ggc ttc gcc gcc atc atc ttc atc atc gcg tgg 451
Val His Pro Ala Met Gly Phe Ala Ala Ile Ile Phe Ile Ile Ala Trp

105 110 115
gcg tac ctg ttc tac ctg cgc tct aat ctg att gat cgc atg aaa cgc 499
Ala Tyr Leu Phe Tyr Leu Arg Ser Asn Leu Ile Asp Arg Met Lys Arg

120 125 130
ggg ctg ctt acc acg cag cac agc taagctttaa ggccctccgg ggc 546
Gly Leu Leu Thr Thr Gln His Ser

135 140
<210> 728
<211> 141
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 728
Met Ser Lys Arg Glu Glu Ser Ile Glu Tyr Gly Pro Leu Gly Lys Gly
1 5 10 15
His Asp Pro Leu Lys Asp Pro Met Lys Gly Ile Arg Gly Val Met Ala
20 25 30
Gly Thr Leu Val Met Glu Ala Ile Thr Leu Gly Leu Val Leu Thr Val
35 40 45

Ile Leu Arg Val Asp Asp Gly Ile Tyr Trp Thr Thr Phe Asn Trp Val
50 55 60
Tyr Val Ser Ala Val Ala Ile Ala His Phe Val Ala Ala Phe Leu Gln
65 70 75 80

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

130 135 140
<210> 729
<211> 597
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(574)

<223> RXC01518

<400> 729

agcagaacct gatgccgtcc tgcacggcac gaccattgca gaacatgtgg ataatcttga 60
tcccacagac attgaagggtg tcaccaagat ttaaggagtc gtg gct ttc atg cag 115
Val Ala Phe Met Gln

1 5
aaa acg tca gcg ggt tgg ttg atc gca acg gga ggt ttc ctc gcc gct 163
Lys Thr Ser Ala Gly Trp Leu Ile Ala Thr Gly Gly Phe Leu Ala Ala

10 15 20
gtg tcc gcc att ttg acg tgg cgt ttt tat gga tcc atg acc tct att 211
Val Ser Ala Ile Leu Thr Trp Arg Phe Tyr Gly Ser Met Thr Ser Ile

25 30 35
tcc atc acg gta tcc atc act ttt tgg ttg ttg gcc gtg gtg tgt ggt 259
Ser Ile Thr Val Ser Ile Thr Phe Trp Leu Leu Ala Val Val Cys Gly

40 45 50
ttc gca ggt gtg aag gtc caa ggt cgc ctc gat gag ggg ctg atc ggc 307
Phe Ala Gly Val Lys Val Gln Gly Arg Leu Asp Glu Gly Leu Ile Gly

55 60 65
cag gac aaa tcc caa atg aac ccc gtg acc att gcc tat ctg gcc atg 355
Gln Asp Lys Ser Gln Met Asn Pro Val Thr Ile Ala Tyr Leu Ala Met

70 75 80 85
ctg ggt cga gcg tgt gcg tgg ggt ggc gca att ttc ggc ggc gtt tat 403
Leu Gly Arg Ala Cys Ala Trp Gly Gly Ala Ile Phe Gly Gly Val Tyr

90 95 100
gtg gga att ggc agt tat gta atc cca cgc gcc ggt gag ttg tcc gca 451
Val Gly Ile Gly Ser Tyr Val Ile Pro Arg Ala Gly Glu Leu Ser Ala

105 110 115
gca tcg aat gat ctt ccg gga gtt att gcc tgt gcg ctg ggc gga atc 499
Ala Ser Asn Asp Leu Pro Gly Val Ile Ala Cys Ala Leu Gly Gly Ile

120 125 130
gca ctc tca gct gcc gga ctt tat tta gag cga agc tgt gag gct ccg 547
Ala Leu Ser Ala Ala Gly Leu Tyr Leu Glu Arg Ser Cys Glu Ala Pro

135 140 145
cct ccc caa tct ggc gaa gcg atc agc tagattggaa ttcattgaatc 594
Pro Pro Gln Ser Gly Glu Ala Ile Ser

150 155
aag 597

<210> 730

<211> 158

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 730

Val Ala Phe Met Gln Lys Thr Ser Ala Gly Trp Leu Ile Ala Thr Gly
 1 5 10 15
 Gly Phe Leu Ala Ala Val Ser Ala Ile Leu Thr Trp Arg Phe Tyr Gly
 20 25 30
 Ser Met Thr Ser Ile Ser Ile Thr Val Ser Ile Thr Phe Trp
 Leu Leu
 35 40 45
 Ala Val Val Cys Gly Phe Ala Gly Val Lys Val Gln Gly Arg Leu Asp
 50 55 60
 Glu Gly Leu Ile Gly Gln Asp Lys Ser Gln Met Asn Pro Val Thr Ile
 65 70 75 80

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

Ser Cys Glu Ala Pro Pro Pro Gln Ser Gly Glu Ala Ile Ser

145 150 155

<210> 731

<211> 723

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(700)

<223> RXC01942

<400> 731

gccgcgaaat tcggtgaaat tgaaggattt cctgcagatc aggcaaattc ttccacgact 60
 gtgatcaagg tcaacggcaa gaacgagtaa cctgggatcc atg ttg cgc att gga 115
 Met Leu Arg Ile Gly

1 5
 cta aca gga ggg atc ggc agc ggt aaa tct acc gtt gcc gat ctt ttg 163
 Leu Thr Gly Gly Ile Gly Ser Gly Lys Ser Thr Val Ala Asp Leu Leu

10 15 20
 tca tct gaa gga ttt ctc atc gtc gac gcg gac caa gtt gcc cgc gat 211
 Ser Ser Glu Gly Phe Leu Ile Val Asp Ala Asp Gln Val Ala Arg Asp

25 30 35
 atc gtc gaa ccc gga caa ccg gca tta gca gag cta gct gaa gct ttt 259
 Ile Val Glu Pro Gly Gln Pro Ala Leu Ala Glu Leu Ala Glu Ala Phe

40 45 50
 ggc caa gac atc tta aaa ccc gac ggc act cta gac cgc gcg gga tta 307
 Gly Gln Asp Ile Leu Lys Pro Asp Gly Thr Leu Asp Arg Ala Gly Leu

55

60

65

```

gca gcc aaa gca ttt gtc agc gaa gaa caa aca gcg ctg ctc aat gcc 355
Ala Ala Lys Ala Phe Val Ser Glu Glu Gln Thr Ala Leu Leu Asn Ala

70          75          80          85
att acc cac cct cgt atc gcc gaa gag tca gct cgt cga ttc aac gaa 403
Ile Thr His Pro Arg Ile Ala Glu Glu Ser Ala Arg Arg Phe Asn Glu

90          95          100
gcc gaa gat caa ggc gcc aaa gtt gcg gtt tat gac atg cct ttg ctt 451
Ala Glu Asp Gln Gly Ala Lys Val Ala Val Tyr Asp Met Pro Leu Leu

105          110          115
gta gaa aaa ggc ctt gac cgc aag atg gac ctt gtc gtc gta gtt gat 499
Val Glu Lys Gly Leu Asp Arg Lys Met Asp Leu Val Val Val Val Asp

120          125          130
gtt gac gta gag gaa cgc gtc cgc aga ctt gtg gaa aaa cgt ggc ctc 547
Val Asp Val Glu Glu Arg Val Arg Arg Leu Val Glu Lys Arg Gly Leu

135          140          145
aca gag gac gac gtg cgg cgt cga atc gct tct caa gtg ccc gac gac 595
Thr Glu Asp Asp Val Arg Arg Arg Ile Ala Ser Gln Val Pro Asp Asp

150          155          160          165
gtc aga ctt aaa gcc gct gac atc gtt gtg gac aat aac ggc acg cta 643
Val Arg Leu Lys Ala Ala Asp Ile Val Val Asp Asn Asn Gly Thr Leu

170          175          180
gag gac ctt cat gct gaa gca agc aag ctg att gct gag att ctt agt 691
Glu Asp Leu His Ala Glu Ala Ser Lys Leu Ile Ala Glu Ile Leu Ser

185          190          195
cgc gtg aat tagcactaaa acatcgtaaa agt 723
Arg Val Asn

200
<210> 732
<211> 200
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 732
Met Leu Arg Ile Gly Leu Thr Gly Gly Ile Gly Ser Gly Lys Ser Thr
1          5          10          15
Val Ala Asp Leu Leu Ser Ser Glu Gly Phe Leu Ile Val Asp Ala Asp
20          25          30
Gln Val Ala Arg Asp Ile Val Glu Pro Gly Gln Pro Ala Leu Ala Glu
35          40          45
Leu Ala Glu Ala Phe Gly Gln Asp
Ile Leu Lys Pro Asp Gly Thr Leu
50          55          60
Asp Arg Ala Gly Leu Ala Ala Lys Ala Phe Val Ser Glu Glu Gln Thr
65          70          75          80
Ala Leu Leu Asn Ala Ile Thr His Pro Arg Ile Ala Glu Glu Ser Ala
85          90          95
Arg Arg Phe Asn Glu Ala Glu Asp Gln Gly Ala Lys Val Ala Val Tyr

```

100 105 110
 Asp Met Pro Leu Leu Val Glu Lys Gly Leu Asp Arg Lys Met Asp Leu
 115 120 125
 Val Val Val Val Asp Val Asp Val Glu Glu Arg Val Arg Arg Leu Val
 130 135 140
 Glu Lys Arg Gly Leu Thr Glu Asp Asp Val Arg Arg Arg Ile Ala Ser
 145 150 155 160
 Gln Val Pro Asp Asp Val Arg Leu Lys Ala Ala Asp Ile Val Val Asp
 165 170 175
 Asn Asn Gly Thr Leu Glu Asp Leu His Ala Glu Ala Ser Lys Leu Ile
 180 185 190
 Ala Glu Ile Leu Ser Arg Val Asn
 195 200
 <210> 733
 <211> 1194
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1171)
 <223> RXN02802
 <400> 733
 ccttcgccgc ctgctccgac ctgcccgcgc ccgtcaaagc ccaggctccg atctggaaag 60
 agcaaacgcg cctcgacggc tccaccgatt gggtcggcct gtg aaa aac ctc gac 115
 Val Lys Asn Leu Asp
 1 5
 atc gcc cgc tac cgc cgc caa att atg ctc ggc gaa atc ggc cag caa 163
 Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly Glu Ile Gly Gln Gln
 10 15 20
 aaa caa caa tcg ctt ttc gac gct aag gtc tcc gtc atc ggc gca ggc 211
 Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser Val Ile Gly Ala Gly
 25 30 35
 ggc ctc ggg tca ccc gcc ctg ctc tac ctt gct ggc gct ggc gtc ggc 259
 Gly Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala Gly Ala Gly Val Gly
 40 45 50
 cac atc cac atc att gac gat gac ctc gtc gac ctc tcc aac ctc cac 307
 His Ile His Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp Leu Ser Asn Leu His
 55 60 65
 cgc cag gtc att cac acc acc gct ggc gtt gga aca ccc aag gcc gag 355
 Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly Thr Pro Lys Ala Glu
 70 75 80 85
 tcc gcg cgc gaa gca atg ctg gca ctg aac cct tcc gtt aaa gtg acg 403
 Ser Ala Arg Glu Ala Met Leu Ala Leu Asn Pro Ser Val Lys Val Thr
 90 95 100
 gtt tct gtc agg cga ctg gac tgg tca aat gca ctt tct gag ctg gca 451

Val Ser Val Arg Arg Leu Asp Trp Ser Asn Ala Leu Ser Glu Leu Ala

105 110 115
gat tcc gat gtg att ttg gat ggc tcc gat aac ttc gac acc cga cac 499
Asp Ser Asp Val Ile Leu Asp Gly Ser Asp Asn Phe Asp Thr Arg His

120 125 130
ctc gca tcc tgg gcc gcc gca aaa ctt ggc atc ccc cac gtc tgg gca 547
Leu Ala Ser Trp Ala Ala Ala Lys Leu Gly Ile Pro His Val Trp Ala

135 140 145
tcc atc ctg ggt ttc gac gcc caa ctc tcc gtc ttc cac gcc ggc cac 595
Ser Ile Leu Gly Phe Asp Ala Gln Leu Ser Val Phe His Ala Gly His

150 155 160 165
ggc ccc atc tac gaa gac ctc ttc ccc acc ccg cca cca ccc gga tcc 643
Gly Pro Ile Tyr Glu Asp Leu Phe Pro Thr Pro Pro Pro Pro Gly Ser

170 175 180
gtc cca tca tgt tcc caa gca ggc gtt ttg ggt cca gtt gtc ggc gta 691
Val Pro Ser Cys Ser Gln Ala Gly Val Leu Gly Pro Val Val Gly Val

185 190 195
atg ggc tcc gcg atg gcc atg gaa gcc ctg aaa atc atc acc ggc gtg 739
Met Gly Ser Ala Met Ala Met Glu Ala Leu Lys Ile Ile Thr Gly Val

200 205 210
ggc aca ccc ttg atc gga aaa ctc ggc tac tac tcc tcc ctc gac ggc 787
Gly Thr Pro Leu Ile Gly Lys Leu Gly Tyr Tyr Ser Ser Leu Asp Gly

215 220 225
acc tgg gaa tac atc ccc gtc gtc ggt tcg ccg gag gtg ctg gaa cgg 835
Thr Trp Glu Tyr Ile Pro Val Val Gly Ser Pro Glu Val Leu Glu Arg

230 235 240 245
gtg ctt ggg tct gct ggt gtt tcg ggg att tct ggc ggt ttt ggt gag 883
Val Leu Gly Ser Ala Gly Val Ser Gly Ile Ser Gly Gly Phe Gly Glu

250 255 260
gtg ctc gat gtt cct cga gtt tcc gcg ctg gtt gac ggc gtt tcg ctc 931
Val Leu Asp Val Pro Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Gly Val Ser Leu

265 270 275
atc gac gtc cgc gaa ccc tcc gaa ttc tcc gcc tac tcc atc ccc ggc 979
Ile Asp Val Arg Glu Pro Ser Glu Phe Ser Ala Tyr Ser Ile Pro Gly

280 285 290
gcg cac aac acc cca ctg tcc gcc atc cgc gaa ggc gcc atc cca ccc 1027
Ala His Asn Thr Pro Leu Ser Ala Ile Arg Glu Gly Ala Ile Pro Pro

295 300 305
tcc gtt tcc gca ggt aaa gag gtt atc gtc tac tgc gca gct ggt gtc 1075
Ser Val Ser Ala Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr Cys Ala Ala Gly Val

310 315 320 325

cgc tcc gca caa gcc atc gca att tta gaa tcc gca ggc tac acc gga 1123
 Arg Ser Ala Gln Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser Ala Gly Tyr Thr Gly

330 335 340
 atg agc agc ctc gac ggc gga atc gaa ggc tgg cta gat tcc cta ggg 1171
 Met Ser Ser Leu Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp Leu Asp Ser Leu Gly

345 350 355
 taaaaccaag gcgttggtgcc acc 1194
 <210> 734
 <211> 357
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 734
 Val Lys Asn Leu Asp Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly
 1 5 10 15
 Glu Ile Gly Gln Gln Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser
 20 25 30
 Val Ile Gly Ala Gly Gly
 Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala
 35 40 45
 Gly Ala Gly Val Gly His Ile His Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp
 50 55 60
 Leu Ser Asn Leu His Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly
 65 70 75 80

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

Pro His Val Trp Ala Ser Ile Leu Gly Phe Asp Ala Gln Leu Ser Val
 145 150 155 160

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

Ser Ser Leu Asp Gly Thr Trp Glu Tyr Ile Pro Val Val Gly Ser Pro
 225 230 235 240

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

290 295 300

Gly Ala Ile Pro Pro Ser Val Ser Ala Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr
305 310 315 320

Cys Ala Ala Gly Val Arg Ser Ala Gln Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser
325 330 335

Ala Gly Tyr Thr Gly Met Ser Ser Leu Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp
340 345 350

Leu Asp Ser Leu Gly

355

<210> 735

<211> 497

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (7)..(474)

<223> FRXA02802

<400> 735

tccgcg atg gcc atg gaa gcc ctg aaa atc atc acc ggc gtg ggc aca ccc 51
Met Ala Met Glu Ala Leu Lys Ile Ile Thr Gly Val Gly Thr Pro

1 5 10 15

ttg atc gga aaa ctc ggc tac tac tcc tcc ctc gac ggc acc tgg gaa 99
Leu Ile Gly Lys Leu Gly Tyr Tyr Ser Ser Leu Asp Gly Thr Trp Glu

20 25 30

tac atc ccc gtc gtc ggt tgc ccg gag gtg ctg gaa cgg gtg ctt ggg 147
Tyr Ile Pro Val Val Gly Ser Pro Glu Val Leu Glu Arg Val Leu Gly

35 40 45

tct gct ggt gtt tgc ggg att tct ggc ggt ttt ggt gag gtg ctc gat 195
Ser Ala Gly Val Ser Gly Ile Ser Gly Gly Phe Gly Glu Val Leu Asp

50 55 60

gtt cct cga gtt tcc gcg ctg gtt gac ggc gtt tgc ctc atc gac gtc 243
Val Pro Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Gly Val Ser Leu Ile Asp Val

65 70 75

cgc gaa ccc tcc gaa ttc tcc gcc tac tcc atc ccc ggc gcg cac aac 291
Arg Glu Pro Ser Glu Phe Ser Ala Tyr Ser Ile Pro Gly Ala His Asn

80 85 90 95

acc cca ctg tcc gcc atc cgc gaa ggc gcc atc cca ccc tcc gtt tcc 339
Thr Pro Leu Ser Ala Ile Arg Glu Gly Ala Ile Pro Pro Ser Val Ser

100 105 110

gca ggt aaa gag gtt atc gtc tac tgc gca gct ggt gtc cgc tcc gca 387
Ala Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr Cys Ala Ala Gly Val Arg Ser Ala

115 120 125

caa gcc atc gca att tta gaa tcc gca ggc tac acc gga atg agc agc 435

Gln Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser Ala Gly Tyr Thr Gly Met Ser Ser

130 135 140
ctc gac ggc gga atc gaa ggc tgg cta gat tcc cta ggg taaaaccaag 484
Leu Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp Leu Asp Ser Leu Gly

145 150 155
gcgttggtgcc acc 497

<210> 736

<211> 156

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 736

Met Ala Met Glu Ala Leu Lys Ile Ile Thr Gly Val Gly Thr Pro Leu

1 5 10 15
Ile Gly Lys Leu Gly Tyr Tyr Ser Ser Leu Asp Gly Thr Trp Glu Tyr

20 25 30
Ile Pro Val Val Gly Ser Pro Glu Val Leu

Glu Arg Val Leu Gly Ser

35 40 45
Ala Gly Val Ser Gly Ile Ser Gly Gly Phe Gly Glu Val Leu Asp Val

50 55 60
Pro Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Gly Val Ser Leu Ile Asp Val Arg

65 70 75 80

Glu Pro Ser Glu Phe Ser Ala Tyr Ser Ile Pro Gly Ala His Asn Thr

85 90 95
Pro Leu Ser Ala Ile Arg Glu Gly Ala Ile Pro Pro Ser Val Ser Ala

100 105 110
Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr Cys Ala Ala Gly Val Arg Ser Ala Gln

115 120 125
Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser Ala Gly Tyr Thr Gly Met Ser Ser Leu

130 135 140

Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp Leu Asp Ser Leu Gly

145 150 155

<210> 737

<211> 535

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(535)

<223> FRXA00438

<400> 737

ccttcgccgc ctgtccgac ctgccgacg ccgtcaaage ccaggtcccg atctggaaag 60

agcaaacgcg cctcgacggc tccaccgatt gggtcggcct gtg aaa aac ctc gac 115

Val Lys Asn Leu Asp

1 5

atc gcc cgc tac cgc cgc caa att atg ctc ggc gaa atc ggc cag caa 163

Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly Glu Ile Gly Gln Gln

10 15 20

aaa caa caa tcg ctt ttc gac gct aag gtc tcc gtc atc ggc gca ggc 211

Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser Val Ile Gly Ala Gly

25 30 35
ggc ctc ggg tca ccc gcc ctg ctc tac ctt gct ggc gct ggc gtc ggc 259
Gly Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala Gly Ala Gly Val Gly

40 45 50
cac atc cac atc att gac gat gac ctc gtc gac ctc tcc aac ctc cac 307
His Ile His Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp Leu Ser Asn Leu His

55 60 65
cgc cag gtc att cac acc acc gct ggc gtt gga aca ccc aag gcc gag 355
Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly Thr Pro Lys Ala Glu

70 75 80 85
tcc gcg cgc gaa gca atg ctg gca ctg aac cct tcc gtt aaa gtg acg 403
Ser Ala Arg Glu Ala Met Leu Ala Leu Asn Pro Ser Val Lys Val Thr

90 95 100
gtt tct gtc agg cga ctg gac tgg tca aat gca ctt tct gag ctg gca 451
Val Ser Val Arg Arg Leu Asp Trp Ser Asn Ala Leu Ser Glu Leu Ala

105 110 115
gat tcc gat gtg att ttg gat ggc tcc gat aac ttc gac acc cga cac 499
Asp Ser Asp Val Ile Leu Asp Gly Ser Asp Asn Phe Asp Thr Arg His

120 125 130
ctc gca tcc tgg gcc gcc gca aaa ctt ggc atc ccc 535
Leu Ala Ser Trp Ala Ala Ala Lys Leu Gly Ile Pro

135 140 145
<210> 738
<211> 145
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 738
Val Lys Asn Leu Asp Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly
1 5 10 15
Glu Ile Gly Gln Gln Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser
20 25 30
Val Ile Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala
35 40 45
Gly Ala Gly Val Gly His Ile His
Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp
50 55 60
Leu Ser Asn Leu His Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly
65 70 75 80

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

Pro

145

<210> 739

<211> 579

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(556)

<223> RXN00437

<400> 739

ttcatcatgg cgtgcccgg ctccacgggt gcggcgcgcg atgccaccgc tgtcctcgac 60
ccactcattg atcacatcac tggaactctg caaggccacc atg aac act gac ccc 115
Met Asn Thr Asp Pro

1 5
gct tac gtc gcc gaa caa acc ggc aaa ctc atc gac gct ttc ctc acc 163
Ala Tyr Val Ala Glu Gln Thr Gly Lys Leu Ile Asp Ala Phe Leu Thr

10 15 20
acc gac ccc ctc gaa ccg ctg ctc gac gcc gcc aaa aac ggc gtc tgc 211
Thr Asp Pro Leu Glu Pro Leu Leu Asp Ala Ala Lys Asn Gly Val Cys

25 30 35
aca gag gcg atg ggc gcg ctg gtc acc ttc gaa ggc atc gtc cgc gac 259
Thr Glu Ala Met Gly Ala Leu Val Thr Phe Glu Gly Ile Val Arg Asp

40 45 50
cac gac ggc gcc gcc cgc gtg acc tcc ctg acc tac acc gcg cat ccc 307
His Asp Gly Gly Ala Arg Val Thr Ser Leu Thr Tyr Thr Ala His Pro

55 60 65
acc gcg ccg cag gtc ctt tct gct gtc gcg gac tcc atc gtt gaa aaa 355
Thr Ala Pro Gln Val Leu Ser Ala Val Ala Asp Ser Ile Val Glu Lys

70 75 80 85
cac ccg cgc acc cgc ctc tgg acc gcg cac cgc acc ggc gcc ttg aaa 403
His Pro Arg Thr Arg Leu Trp Thr Ala His Arg Thr Gly Ala Leu Lys

90 95 100
atc ggt gac gcc gcc ttc ctc gtc gtc gcc gcc tcc gcc cac cgc gcc 451
Ile Gly Asp Ala Ala Phe Leu Val Val Ala Ala Ser Ala His Arg Ala

105 110 115
gac gcc ttc gcc gcc tgc tcc gac ctc gcc gac gcc gtc aaa gcc cag 499
Asp Ala Phe Ala Ala Cys Ser Asp Leu Ala Asp Ala Val Lys Ala Gln

120 125 130
gtc ccg atc tgg aaa gag caa acg cgc ctc gac ggc tcc acc gat tgg 547
Val Pro Ile Trp Lys Glu Gln Thr Arg Leu Asp Gly Ser Thr Asp Trp

135 140 145
gtc ggc ctg tgaaaaacct cgacatgcc cgc 579

Val Gly Leu

150

<210> 740

<211> 152

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 740

```
Met Asn Thr Asp Pro Ala Tyr Val Ala Glu Gln Thr Gly Lys Leu Ile
  1              5              10              15
Asp Ala Phe Leu Thr Thr Asp Pro Leu Glu Pro Leu Leu Asp Ala Ala
      20              25              30
Lys Asn Gly Val Cys Thr Glu Ala Met Gly Ala Leu Val Thr Phe Glu
      35              40              45
Gly Ile Val Arg
Asp His Asp Gly Gly Ala Arg Val Thr Ser Leu Thr
      50              55              60
Tyr Thr Ala His Pro Thr Ala Pro Gln Val Leu Ser Ala Val Ala Asp
      65              70              75              80
```

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

Gly Ser Thr Asp Trp Val Gly Leu

145

150

<210> 741

<211> 383

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(360)

<223> FRXA00437

<400> 741

```
aaa aac ggc gtc tgc aca gag gcg atg ggc gcg ctg gtc acc ttc gaa   48
Lys Asn Gly Val Cys Thr Glu Ala Met Gly Ala Leu Val Thr Phe Glu

      1              5              10              15
ggc atc gtc cgc gac cac gac ggc ggc gcc cgc gtg acc tcc ctg acc   96
Gly Ile Val Arg Asp His Asp Gly Gly Ala Arg Val Thr Ser Leu Thr

      20              25              30
tac acc gcg cat ccc acc gcg ccg cag gtc ctt tct gct gtc gcg gac   144
Tyr Thr Ala His Pro Thr Ala Pro Gln Val Leu Ser Ala Val Ala Asp

      35              40              45
tcc atc gtt gaa aaa cac ccg cgc acc cgc ctc tgg acc gcg cac cgc   192
```

Ser Ile Val Glu Lys His Pro Arg Thr Arg Leu Trp Thr Ala His Arg

50 55 60
acc gcc ttt aaa atc ggt gac gcc gcc ttc ctc gtc gtc gcc gcc 240
Thr Gly Ala Leu Lys Ile Gly Asp Ala Ala Phe Leu Val Val Ala Ala

65 70 75 80
tcc gcc cac cgc gcc gac gcc ttc gcc gcc tgc tcc gac ctc gcc gac 288
Ser Ala His Arg Ala Asp Ala Phe Ala Ala Cys Ser Asp Leu Ala Asp

85 90 95
gcc gtc aaa gcc cag gtc ccg atc tgg aaa gag caa acg cgc ctc gac 336
Ala Val Lys Ala Gln Val Pro Ile Trp Lys Glu Gln Thr Arg Leu Asp

100 105 110
ggc tcc acc gat tgg gtc ggc ctg tgaaaaacct cgacatcgcc cgc 383
Gly Ser Thr Asp Trp Val Gly Leu

115 120
<210> 742
<211> 120
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 742
Lys Asn Gly Val Cys Thr Glu Ala Met Gly Ala Leu Val Thr Phe Glu
1 5 10 15
Gly Ile Val Arg Asp His Asp Gly Gly Ala Arg Val Thr Ser Leu Thr
20 25 30
Tyr Thr Ala His Pro Thr Ala Pro Gln Val Leu Ser Ala Val Ala Asp
35 40 45
Ser Ile Val Glu Lys His Pro Arg
Thr Arg Leu Trp Thr Ala His Arg
50 55 60
Thr Gly Ala Leu Lys Ile Gly Asp Ala Ala Phe Leu Val Val Ala Ala
65 70 75 80

Ser Ala His Arg Ala Asp Ala Phe Ala Ala Cys Ser Asp Leu Ala Asp
85 90 95
Ala Val Lys Ala Gln Val Pro Ile Trp Lys Glu Gln Thr Arg Leu Asp
100 105 110
Gly Ser Thr Asp Trp Val Gly Leu

115 120
<210> 743
<211> 591
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(568)
<223> RXN00439
<400> 743
ctgccaccgc agactgtctg atcaggatcc cggcgcggac tacggtggag gaaaacgaca 60
tcgttaagat ttacccattc aactaacagg agttaattta atg agc gag ctc acc 115

Met Ser Glu Leu Thr

1 5
cac gtt cga gca gac ggt tcc gca cat atg gtg gat gtg acg ggc aaa 163
His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val Asp Val Thr Gly Lys

10 15 20
aat gaa aca tcg aga act gct gtt gcc gaa ggg ttt gtg aag atg agg 211
Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly Phe Val Lys Met Arg

25 30 35
ggg gac gtc gta aag cag ctt ttt agt gct ggt ctg cct aaa ggc gac 259
Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly Leu Pro Lys Gly Asp

40 45 50
gcg cta cct gtg gcg cgg att gcg ggt atc atg ggt gcg aag aag acg 307
Ala Leu Pro Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met Gly Ala Lys Lys Thr

55 60 65
ccg gac att atc cct tta tgc cac ccg ttg ccg ctg ggc aaa att act 355
Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro Leu Gly Lys Ile Thr

70 75 80 85
gtg gat ttt ttt gag ctt act gat ggt gtt cgg att gag gct tcg gtg 403
Val Asp Phe Phe Glu Leu Thr Asp Gly Val Arg Ile Glu Ala Ser Val

90 95 100
aaa acg cgt ggg gtt act ggt gtg gaa atg gag gcg ttg acg gcc gtg 451
Lys Thr Arg Gly Val Thr Gly Val Glu Met Glu Ala Leu Thr Ala Val

105 110 115
agc act gcg gcg ctg acg gta tac gac atg atc aag gct gtg gat aag 499
Ser Thr Ala Ala Leu Thr Val Tyr Asp Met Ile Lys Ala Val Asp Lys

120 125 130
atg gcc gtg att gat ggc att cgt gtg ctg tcg aaa act ggc ggt aaa 547
Met Ala Val Ile Asp Gly Ile Arg Val Leu Ser Lys Thr Gly Gly Lys

135 140 145
tct ggg gat tgg tct gtt cag tgacagctct gggtatcggt gcg 591
Ser Gly Asp Trp Ser Val Gln

150 155
<210> 744
<211> 156
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 744
Met Ser Glu Leu Thr His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val
1 5 10 15
Asp Val Thr Gly Lys Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly
20 25 30
Phe Val Lys Met Arg Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly
35 40 45
Leu Pro Lys Gly Asp Ala Leu Pro Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met

50 55 60
 Gly Ala Lys Lys Thr Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro
 65 70 75 80

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

 Lys Thr Gly Gly Lys Ser Gly Asp Trp Ser Val Gln

 145 150 155
 <210> 745
 <211> 218
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (1)..(195)
 <223> FRXA00439
 <400> 745
 act gat ggt gtt cgg att gag gct tcg gtg aaa acg cgt ggg gtt act 48
 Thr Asp Gly Val Arg Ile Glu Ala Ser Val Lys Thr Arg Gly Val Thr

 1 5 10 15
 ggt gtg gaa atg gag gcg ttg acg gcc gtg agc act gcg gcg ctg acg 96
 Gly Val Glu Met Glu Ala Leu Thr Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Thr

 20 25 30
 gta tac gac atg atc aag gct gtg gat aag atg gcc gtg att gat ggc 144
 Val Tyr Asp Met Ile Lys Ala Val Asp Lys Met Ala Val Ile Asp Gly

 35 40 45
 att cgt gtg ctg tcg aaa act ggc ggt aaa tct ggg gat tgg tct gtt 192
 Ile Arg Val Leu Ser Lys Thr Gly Gly Lys Ser Gly Asp Trp Ser Val

 50 55 60
 cag tgacagctct ggttatcggt gcg 218
 Gln

 65
 <210> 746
 <211> 65
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 746
 Thr Asp Gly Val Arg Ile Glu Ala Ser Val Lys Thr Arg Gly Val Thr
 1 5 10 15
 Gly Val Glu Met Glu Ala Leu Thr Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Thr
 20 25 30
 Val Tyr Asp Met Ile Lys Ala Val Asp Lys Met Ala Val Ile Asp Gly

35 40 45
 Ile Arg Val Leu Ser Lys Thr Gly
 Gly Lys Ser Gly Asp Trp Ser Val
 50 55 60
 Gln

 65
 <210> 747
 <211> 358
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(358)
 <223> FRXA00442
 <400> 747
 ctgccaccgc agactgtctg atcaggatcc cggcgcggac tacggtggag gaaaacgaca 60
 tcgttaagat ttaccattc aactaacagg agttaattta atg agc gag ctc acc 115
 Met Ser Glu Leu Thr

 1 5
 cac gtt cga gca gac ggt tcc gca cat atg gtg gat gtg acg ggc aaa 163
 His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val Asp Val Thr Gly Lys

 10 15 20
 aat gaa aca tcg aga act gct gtt gcc gaa ggg ttt gtg aag atg agg 211
 Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly Phe Val Lys Met Arg

 25 30 35
 ggg gac gtc gta aag cag ctt ttt agt gct ggt ctg cct aaa ggg gac 259
 Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly Leu Pro Lys Gly Asp

 40 45 50
 gcg cta cct gtg gcg cgg att gcg ggt atc atg ggt gcg aag aag acg 307
 Ala Leu Pro Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met Gly Ala Lys Lys Thr

 55 60 65
 ccg gac att atc cct tta tgc cac ccg ttg ccg ctg ggc aaa att act 355
 Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro Leu Gly Lys Ile Thr

 70 75 80 85
 gtg 358
 Val

 <210> 748
 <211> 86
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 748
 Met Ser Glu Leu Thr His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val
 1 5 10 15
 Asp Val Thr Gly Lys Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly
 20 25 30
 Phe Val Lys Met Arg Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly
 35 40 45
 Leu Pro Lys Gly Asp Ala Leu Pro

Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met
50 55 60
Gly Ala Lys Lys Thr Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro
65 70 75 80

Leu Gly Lys Ile Thr Val
85

<210> 749
<211> 582
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(559)
<223> RXA00440
<400> 749
cggatatcga catgatcaag gctgtggata agatggccgt gattgatggc attcgtgtgc 60
tgtcgaaaac tggcggtaaa tctggggatt ggtctgttca gtg aca gct ctg gtt 115
Val Thr Ala Leu Val

1 5
atc gtt gcg tcc act cgc gcc gct gcc ggg gtg tat gag gat cgc tct 163
Ile Val Ala Ser Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val Tyr Glu Asp Arg Ser

10 15 20
ggc cca att ttg gtg tgc tgg ctg cgt gca aaa ggt ttt gac aca ccc 211
Gly Pro Ile Leu Val Ser Trp Leu Arg Ala Lys Gly Phe Asp Thr Pro

25 30 35
gcc ccc gtg atc gtg gcg gac gcc aac ctg ccc gca ttc ctg gac gag 259
Ala Pro Val Ile Val Ala Asp Ala Asn Leu Pro Ala Phe Leu Asp Glu

40 45 50
ctg gaa ttt ccg cag gta gta ctt att tca ggc ggc acc gga ctc acg 307
Leu Glu Phe Pro Gln Val Val Leu Ile Ser Gly Gly Thr Gly Leu Thr

55 60 65
cct gat gac atc acc gtg gac act tta atc ccg cgc ctc gac aaa gaa 355
Pro Asp Asp Ile Thr Val Asp Thr Leu Ile Pro Arg Leu Asp Lys Glu

70 75 80 85
atc ccc ggc atc gcc cac gct ttt tgg aat tac agc atg gac gcc gtc 403
Ile Pro Gly Ile Ala His Ala Phe Trp Asn Tyr Ser Met Asp Ala Val

90 95 100
ccg acc gca gta ttg tgc cgc acc gtc gcg ggc acc atc ggc ggc agt 451
Pro Thr Ala Val Leu Ser Arg Thr Val Ala Gly Thr Ile Gly Gly Ser

105 110 115
ttc atc atg gcg ctg ccc ggc tcc acg ggt gcg gcg cgc gat gcc acc 499
Phe Ile Met Ala Leu Pro Gly Ser Thr Gly Ala Ala Arg Asp Ala Thr

120 125 130
gct gtc ctc gac cca ctc att gat cac atc act gga act ctg caa ggc 547

Ala Val Leu Asp Pro Leu Ile Asp His Ile Thr Gly Thr Leu Gln Gly

135 140 145
cac cat gaa cac tgaccccgct tacgtcgccg aac 582
His His Glu His

150
<210> 750
<211> 153
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 750
Val Thr Ala Leu Val Ile Val Ala Ser Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val
1 5 10 15
Tyr Glu Asp Arg Ser Gly Pro Ile Leu Val Ser Trp Leu Arg Ala Lys
20 25 30
Gly Phe Asp Thr Pro Ala Pro Val Ile Val Ala Asp Ala Asn Leu Pro
35 40 45
Ala Phe Leu
Asp Glu Leu Glu Phe Pro Gln Val Val Leu Ile Ser Gly
50 55 60
Gly Thr Gly Leu Thr Pro Asp Asp Ile Thr Val Asp Thr Leu Ile Pro
65 70 75 80

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

Gly Thr Leu Gln Gly His His Glu His

145 150
<210> 751
<211> 1287
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1264)
<223> RXN00441
<400> 751
agccttgagg gcggtgatta tgcttttggc tgctatgtc ctcacattg gagccatcgg 60
agcgttacga ttgttttcca aggtgagaaa ggtttaattg atg tct cgt tcg ccg 115
Met Ser Arg Ser Pro

1 5
gag caa cat ttg gca gaa att tca gcg ctg ctt ccc cca caa aag tcc 163
Glu Gln His Leu Ala Glu Ile Ser Ala Leu Leu Pro Pro Gln Lys Ser

10 15 20
acg ttc gtg aat ctg cgc gaa gcg ttg gga cgc cgc acg ttt tca gcg 211

Thr Phe Val Asn Leu Arg Glu Ala Leu Gly Arg Arg Thr Phe Ser Ala

25 30 35
 gtc act gcg cag tgg gat tcg cca cgt ttt gat aat tcc caa atg gat 259
 Val Thr Ala Gln Trp Asp Ser Pro Arg Phe Asp Asn Ser Gln Met Asp

40 45 50
 ggc ttc gcg ctt ggc ccc tca cat ctt aac ggt ggc acc ttc gca gtc 307
 Gly Phe Ala Leu Gly Pro Ser His Leu Asn Gly Gly Thr Phe Ala Val

55 60 65
 ggt cca acc att ccc gct ggt cat gat cct gat cag tgg tac cca cga 355
 Gly Pro Thr Ile Pro Ala Gly His Asp Pro Asp Gln Trp Tyr Pro Arg

70 75 80 85
 ggc atc gaa aaa gac atc gcg ccg att atg acg ggt gcg cgc ctt cct 403
 Gly Ile Glu Lys Asp Ile Ala Pro Ile Met Thr Gly Ala Arg Leu Pro

90 95 100
 aaa aac acc gcc gcg atc att cct gtg gag aaa acc aca ccg gga aat 451
 Lys Asn Thr Ala Ala Ile Ile Pro Val Glu Lys Thr Thr Pro Gly Asn

105 110 115
 ttc gac gcc cca cag gta gaa atc ccc gcc acc ccg caa ggt cag ttc 499
 Phe Asp Ala Pro Gln Val Glu Ile Pro Ala Thr Pro Gln Gly Gln Phe

120 125 130
 ata cgg ttg cag ggt tcg gat att act gcc ggc gac gag atc att cca 547
 Ile Arg Leu Gln Gly Ser Asp Ile Thr Ala Gly Asp Glu Ile Ile Pro

135 140 145
 gca ggt acg gag ctt aac tcg gtg cac atc ggg gtg ttg gct agt cag 595
 Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser Val His Ile Gly Val Leu Ala Ser Gln

150 155 160 165
 tcg atc aag agc att gaa gtc gca gca aag cca cgt gtc ctc atc atc 643
 Ser Ile Lys Ser Ile Glu Val Ala Ala Lys Pro Arg Val Leu Ile Ile

170 175 180
 acc ggc ggg tct gaa att tca gaa cag cac gga ccc gcc acg atc cct 691
 Thr Gly Gly Ser Glu Ile Ser Glu Gln His Gly Pro Ala Thr Ile Pro

185 190 195
 gat gcc aac ggc cct ctg ctt cgt tcc ctg tgc gcc cgc aac aat atc 739
 Asp Ala Asn Gly Pro Leu Leu Arg Ser Leu Cys Ala Arg Asn Asn Ile

200 205 210
 gag gtc atc gcg gga ctg cac acc aac gac gat cct gaa cga ctc cgc 787
 Glu Val Ile Ala Gly Leu His Thr Asn Asp Asp Pro Glu Arg Leu Arg

215 220 225
 ttt gaa ctg gaa aac gcc att gac cag tat caa ccg gat gtc atc atc 835
 Phe Glu Leu Glu Asn Ala Ile Asp Gln Tyr Gln Pro Asp Val Ile Ile

230 235 240 245

acc tct ggc ggt atc agc cac ggt aaa ttt gag gtg ttt agg cag atc 883
Thr Ser Gly Gly Ile Ser His Gly Lys Phe Glu Val Phe Arg Gln Ile

250 255 260
ctc gaa ggc acc ccg aac tcc tgg ttt gga cat gtc gat cag cag cct 931
Leu Glu Gly Thr Pro Asn Ser Trp Phe Gly His Val Asp Gln Gln Pro

265 270 275
ggc ggt cct caa ggc atc tcc act ttt gct gaa act cct gtc att tca 979
Gly Gly Pro Gln Gly Ile Ser Thr Phe Ala Glu Thr Pro Val Ile Ser

280 285 290
ctt ccc gga aat ccg att tcc acc ttg gtg agt ttc aca ctt ttg gtc 1027
Leu Pro Gly Asn Pro Ile Ser Thr Leu Val Ser Phe Thr Leu Leu Val

295 300 305
gcg cca gcg ctc aac cgc cag ccg ctc cgc cac ctc gat gcc cgc atc 1075
Ala Pro Ala Leu Asn Arg Gln Pro Leu Arg His Leu Asp Ala Arg Ile

310 315 320 325
acc gct ccg gtc cag ggc ttg caa gac aat cgc gag caa ttc ctt cgc 1123
Thr Ala Pro Val Gln Gly Leu Gln Asp Asn Arg Glu Gln Phe Leu Arg

330 335 340
ggc acc atc agt tac cgc aac ggg cca cgt cct cgc cac gcc tct cct 1171
Gly Thr Ile Ser Tyr Arg Asn Gly Pro Arg Pro Arg His Ala Ser Pro

345 350 355
ggg cac cag ttc cca cct gct ggt tca agc tgc cac cgc aga ctg tct 1219
Gly His Gln Phe Pro Pro Ala Gly Ser Ser Cys His Arg Arg Leu Ser

360 365 370
gat cag gat ccc ggc gcg gac tac ggt gga gga aaa cga cat cgt 1264
Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp Tyr Gly Gly Gly Lys Arg His Arg

375 380 385
taagatttac ccattcaact aac 1287
<210> 752
<211> 388
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 752
Met Ser Arg Ser Pro Glu Gln His Leu Ala Glu Ile Ser Ala Leu Leu
1 5 10 15
Pro Pro Gln Lys Ser Thr Phe Val Asn Leu Arg Glu Ala Leu Gly Arg
20 25 30
Arg Thr Phe Ser Ala Val Thr
Ala Gln Trp Asp Ser Pro Arg Phe Asp
35 40 45
Asn Ser Gln Met Asp Gly Phe Ala Leu Gly Pro Ser His Leu Asn Gly
50 55 60
Gly Thr Phe Ala Val Gly Pro Thr Ile Pro Ala Gly His Asp Pro Asp
65 70 75 80
Gln Trp Tyr Pro Arg Gly Ile Glu Lys Asp Ile Ala Pro Ile Met Thr
85 90 95

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

Asp Glu Ile Ile Pro Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser Val His Ile Gly
 145 150 155 160

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

Pro Glu Arg Leu Arg Phe Glu Leu Glu Asn Ala Ile Asp Gln Tyr Gln
 225 230 235 240

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

Phe Thr Leu Leu Val Ala Pro Ala Leu Asn Arg Gln Pro Leu Arg His
 305 310 315 320

Leu Asp Ala Arg Ile Thr Ala Pro Val Gln Gly Leu Gln Asp Asn Arg
 325 330 335
 Glu Gln Phe Leu Arg Gly Thr Ile Ser Tyr Arg Asn Gly Pro Arg Pro
 340 345 350
 Arg His Ala Ser Pro Gly His Gln Phe Pro Pro Ala Gly Ser Ser Cys
 355 360 365
 His Arg Arg Leu Ser Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp Tyr Gly Gly Gly
 370 375 380

Lys Arg His Arg

385

<210> 753

<211> 815

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(792)

<223> FRXA00441

<400> 753

atc ccc gcc acc ccg caa ggt cag ttc ata cgg ttg cag ggt tcg gat 48

Ile Pro Ala Thr Pro Gln Gly Gln Phe Ile Arg Leu Gln Gly Ser Asp

1 5 10 15
att act gcc ggc gac gag atc att cca gca ggt acg gag ctt aac tcg 96
Ile Thr Ala Gly Asp Glu Ile Ile Pro Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser

20 25 30
gtg cac atc ggg gtg ttg gct agt cag tcg atc aag agc att gaa gtc 144
Val His Ile Gly Val Leu Ala Ser Gln Ser Ile Lys Ser Ile Glu Val

35 40 45
gca gca aag cca cgt gtc ctc atc atc acc ggc ggg tct gaa att tca 192
Ala Ala Lys Pro Arg Val Leu Ile Ile Thr Gly Gly Ser Glu Ile Ser

50 55 60
gaa cag cac gga ccc gcc acg atc cct gat gcc aac ggc cct ctg ctt 240
Glu Gln His Gly Pro Ala Thr Ile Pro Asp Ala Asn Gly Pro Leu Leu

65 70 75 80
cgt tcc ctg tgc gcc cgc aac aat atc gag gtc atc gcg gga ctg cac 288
Arg Ser Leu Cys Ala Arg Asn Asn Ile Glu Val Ile Ala Gly Leu His

85 90 95
acc aac gac gat cct gaa cga ctc cgc ttt gaa ctg gaa aac gcc att 336
Thr Asn Asp Asp Pro Glu Arg Leu Arg Phe Glu Leu Glu Asn Ala Ile

100 105 110
gac cag tat caa ccg gat gtc atc atc acc tct ggc ggt atc agc cac 384
Asp Gln Tyr Gln Pro Asp Val Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ile Ser His

115 120 125
ggc aaa ttt gag gtg ttt agg cag atc ctc gaa ggc acc ccg aac tcc 432
Gly Lys Phe Glu Val Phe Arg Gln Ile Leu Glu Gly Thr Pro Asn Ser

130 135 140
tgg ttt gga cat gtc gat cag cag cct ggc ggt cct caa ggc atc tcc 480
Trp Phe Gly His Val Asp Gln Gln Pro Gly Gly Pro Gln Gly Ile Ser

145 150 155 160
act ttt gct gaa act cct gtc att tca ctt ccc gga aat ccg att tcc 528
Thr Phe Ala Glu Thr Pro Val Ile Ser Leu Pro Gly Asn Pro Ile Ser

165 170 175
acc ttg gtg agt ttc aca ctt ttg gtc gcg cca gcg ctc aac cgc cag 576
Thr Leu Val Ser Phe Thr Leu Leu Val Ala Pro Ala Leu Asn Arg Gln

180 185 190
ccg ctc cgc cac ctc gat gcc cgc atc acc gct ccg gtc cag ggc ttg 624
Pro Leu Arg His Leu Asp Ala Arg Ile Thr Ala Pro Val Gln Gly Leu

195 200 205
caa gac aat cgc gag caa ttc ctt cgc ggc acc atc agt tac cgc aac 672
Gln Asp Asn Arg Glu Gln Phe Leu Arg Gly Thr Ile Ser Tyr Arg Asn

210 215 220

```

ggg cca cgt cct cgc cac gcc tct cct ggg cac cag ttc cca cct gct 720
Gly Pro Arg Pro Arg His Ala Ser Pro Gly His Gln Phe Pro Pro Ala

225          230          235          240
ggg tca agc tgc cac cgc aga ctg tct gat cag gat ccc ggc gcg gac 768
Gly Ser Ser Cys His Arg Arg Leu Ser Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp

          245          250          255
tac ggt gga gga aaa cga cat cgt taagatttac ccattcaact aac 815
Tyr Gly Gly Gly Lys Arg His Arg

          260
<210> 754
<211> 264
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 754
Ile Pro Ala Thr Pro Gln Gly Gln Phe Ile Arg Leu Gln Gly Ser Asp
  1          5          10          15
Ile Thr Ala Gly Asp Glu Ile Ile Pro Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser
          20          25          30
Val His Ile Gly Val Leu Ala Ser Gln Ser Ile Lys Ser Ile Glu Val
          35          40          45

Ala Ala Lys Pro Arg Val Leu Ile Ile Thr Gly Gly Ser Glu Ile Ser
  50          55          60
Glu Gln His Gly Pro Ala Thr Ile Pro Asp Ala Asn Gly Pro Leu Leu
  65          70          75          80

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

Trp Phe Gly His Val Asp Gln Gln Pro Gly Gly Pro Gln Gly Ile Ser
          145          150          155          160

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

Gly Pro Arg Pro Arg His Ala Ser Pro Gly His Gln Phe Pro Pro Ala
          225          230          235          240

Gly Ser Ser Cys His Arg Arg Leu Ser Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp
          245          250          255

```

Tyr Gly Gly Gly Lys Arg His Arg

260

<210> 755

<211> 2358

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2335)

<223> RXN02085

<400> 755

cacccggtga tttcgcaac 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> 756
<211> 745
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 756
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 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> 757

<211> 1923

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1900)

<223> FRXA02085

<400> 757

caccggtga tttcggaac cttgaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tcctagccgg 60
gatccgcacg ttcggtcaa 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 etc 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> 758
<211> 600
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 758
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> 759
 <211> 603
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(580)
 <223> FRXA02086
 <400> 759

gatgatcagc cgctggctac cactgctgac caggttgac tggcactgcg cgatgaaatt 60
 aacgatctca tcgaggtcgg cgcaagatc 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> 760
<211> 160
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 760
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> 761				
<211> 1326				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (101)..(1303)				
<223> RXN02648				
<400> 761				
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
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
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	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
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	80
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	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
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	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	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> 762
<211> 401
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 762

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> 763
<211> 548
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(525)
<223> FRXA02648
<400> 763

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> 764
<211> 175
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 764
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> 765
<211> 784
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(784)
<223> FRXA02658
<400> 765

```

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> 766
 <211> 228
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 766
 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> 767
 <211> 513
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(490)
 <223> RXA01516
 <400> 767
 tctgcacata tgggagcatg ggggtgtgcgc gtgcacgatg tcccagtatc aagggacgct 60

```

gttgatgttg ccgcattgtg gcgaagtgga ggaactcacc atg gct gat cgt att 115
                                Met Ala Asp Arg Ile

                                1                                5
gaa ctt aaa ggc ctt gaa tgc ttc gga cac cac ggt gtg ttc gac ttt 163
Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His Gly Val Phe Asp Phe

                                10                                15                                20
gaa aaa gag caa ggc cag ccc ttc att gtg gat gtc acc tgc tgg atg 211
Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp Val Thr Cys Trp Met

                                25                                30                                35
gat ttc gat gcc gca ggt gcc agc gat gac ctt tcc gac acc gta gat 259
Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu Ser Asp Thr Val Asp

                                40                                45                                50
tac ggc gcg ttg gca ttg ttg gtt gct gaa atc gtg gaa ggc cca tcc 307
Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile Val Glu Gly Pro Ser

                                55                                60                                65
agg gat ttg atc gag acg gtg gcc acg gaa tct gcg gat gct gtg atg 355
Arg Asp Leu Ile Glu Thr Val Ala Thr Glu Ser Ala Asp Ala Val Met

                                70                                75                                80                                85
gct aaa ttt gat gcg ctt cat gcg gtg gaa gta acc atc cat aag ccc 403
Ala Lys Phe Asp Ala Leu His Ala Val Glu Val Thr Ile His Lys Pro

                                90                                95                                100
aaa gca ccg atc cca cgt act ttt gct gac gtc gcg gtg gtt gcc cga 451
Lys Ala Pro Ile Pro Arg Thr Phe Ala Asp Val Ala Val Val Ala Arg

                                105                                110                                115
cgt tcc agg aaa tcc atg gct gct gga agg agc aac gcc taatgcatgc 500
Arg Ser Arg Lys Ser Met Ala Ala Gly Arg Ser Asn Ala

                                120                                125                                130
agttttgtcc atc 513
<210> 768
<211> 130
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 768
Met Ala Asp Arg Ile Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His
  1                                5                                10                                15
Gly Val Phe Asp Phe Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp
                                20                                25                                30
Val Thr Cys Trp Met Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu
                                35                                40
                                45
Ser Asp Thr Val Asp Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile
                                50                                55                                60
Val Glu Gly Pro Ser Arg Asp Leu Ile Glu Thr Val Ala Thr Glu Ser
                                65                                70                                75                                80
Ala Asp Ala Val Met Ala Lys Phe Asp Ala Leu His Ala Val Glu Val
                                85                                90                                95

```

Thr Ile His Lys Pro Lys Ala Pro Ile Pro Arg Thr Phe Ala Asp Val
100 105 110
Ala Val Val Ala Arg Arg Ser Arg Lys Ser Met Ala Ala Gly Arg Ser
115 120 125
Asn Ala

130
<210> 769
<211> 975
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(952)
<223> RXA01515
<400> 769
taagcctggt gctgtgacca cgacgtctgc ggtgcgcggc ggttttaaga acaacgctgc 60
ctcccgcgct gaggtgttct cctgattcg ggggcactaa atg aac gta tcc tct 115
Met Asn Val Ser Ser

1 5
ttg acc atc ccg gga cgc tgt ttg gtc atg gga att gtc aat gtc act 163
Leu Thr Ile Pro Gly Arg Cys Leu Val Met Gly Ile Val Asn Val Thr

10 15 20
gag gat tcc ttt tcg gac ggt ggc aag tac att gac gtt gat cag gcg 211
Glu Asp Ser Phe Ser Asp Gly Gly Lys Tyr Ile Asp Val Asp Gln Ala

25 30 35
atc gcg cat gcc aag gaa ttg gtg gct gct ggc gcc gac atg att gat 259
Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly Ala Asp Met Ile Asp

40 45 50
gtc ggc ggc gag tcc acc cgg cct ggg gca gtg cgc gtc gac gcg tcc 307
Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val Arg Val Asp Ala Ser

55 60 65
gtg gaa cgg gac cgg gtt gtg ccg gtc att aag gcg ctt cac gac gcc 355
Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys Ala Leu His Asp Ala

70 75 80 85
ggc atc cac act tcc gta gac acc atg cgg gcc tcc gtg gcg cag gct 403
Gly Ile His Thr Ser Val Asp Thr Met Arg Ala Ser Val Ala Gln Ala

90 95 100
gcc gcg ggc gct ggc gtc tcc atg atc aac gac gtc tct ggc ggt ttg 451
Ala Ala Gly Ala Gly Val Ser Met Ile Asn Asp Val Ser Gly Gly Leu

105 110 115
gct gat cct gag atg ttt tct gtc atg gcg gaa gcg caa att ccc gtg 499
Ala Asp Pro Glu Met Phe Ser Val Met Ala Glu Ala Gln Ile Pro Val

120 125 130
tgt ttg atg cac tgg cgc acc ctc caa ttc ggt gat gcc gca ggt cag 547

Cys Leu Met His Trp Arg Thr Leu Gln Phe Gly Asp Ala Ala Gly Gln

135 140 145
gca gat cac ggt gga gac gtt gta gcc gat gtg cac gca gtg ctt gat 595
Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val His Ala Val Leu Asp

150 155 160 165
gat ctt gtc gcc cgc gcc acc gct gct ggt gtg gcc gaa aac cag atc 643
Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val Ala Glu Asn Gln Ile

170 175 180
gtg ctt gat cca ggt ttg ggt ttt gcc aaa tca cgt gaa gac aac tgg 691
Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser Arg Glu Asp Asn Trp

185 190 195
cgt ttg ctg caa gca ctg ccc gag ttt att tct gga cct ttc ccc atc 739
Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser Gly Pro Phe Pro Ile

200 205 210
ctg gtg gga gca tcc cgg aag cga ttc ctg gct ggc gtg cgc aaa gac 787
Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala Gly Val Arg Lys Asp

215 220 225
cgt ggc cta gat gtc acc ccc att gat gcc gac cca gca acc gca gcg 835
Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp Pro Ala Thr Ala Ala

230 235 240 245
gtg acc gca gtg tct gca cat atg gga gca tgg ggt gtg cgc gtg cac 883
Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp Gly Val Arg Val His

250 255 260
gat gtc cca gta tca agg gac gct gtt gat gtt gcc gca ttg tgg cga 931
Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val Ala Ala Leu Trp Arg

265 270 275
agt gga gga act cac cat ggc tgatcgtatt gaacttaaag gcc 975
Ser Gly Gly Thr His His Gly

280
<210> 770
<211> 284
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 770

Met Asn Val Ser Ser Leu Thr Ile Pro Gly Arg Cys Leu Val Met Gly

1 5 10 15
Ile Val Asn Val Thr Glu Asp Ser Phe Ser Asp Gly Gly Lys Tyr Ile

20 25 30
Asp Val Asp Gln Ala Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly

35 40 45

Ala Asp Met Ile Asp Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val

50 55 60
Arg Val Asp Ala Ser Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys

65 70 75 80

Ala Leu His Asp Ala Gly Ile His Thr Ser Val Asp Thr Met Arg Ala
85 90 95
Ser Val Ala Gln Ala Ala Ala Gly Ala Gly Val Ser Met Ile Asn Asp
100 105 110
Val Ser Gly Gly Leu Ala Asp Pro Glu Met Phe Ser Val Met Ala Glu
115 120 125
Ala Gln Ile Pro Val Cys Leu Met His Trp Arg Thr Leu Gln Phe Gly
130 135 140
Asp Ala Ala Gly Gln Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val
145 150 155 160
His Ala Val Leu Asp Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val
165 170 175
Ala Glu Asn Gln Ile Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser
180 185 190
Arg Glu Asp Asn Trp Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser
195 200 205
Gly Pro Phe Pro Ile Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala
210 215 220
Gly Val Arg Lys Asp Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp
225 230 235 240
Pro Ala Thr Ala Ala Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp
245 250 255
Gly Val Arg Val His Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val
260 265 270
Ala Ala Leu Trp Arg Ser Gly Gly Thr His His Gly
275 280
<210> 771
<211> 859
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(859)
<223> RXA02024
<400> 771
cactgatgac ctggatcagg ccgtcaaatt catcgctgat gcacacgctg gattggacgt 60
agcgcgtctc cacaattaag cagtggctac attaggtgtt atg agt tct ttg ccg 115
Met Ser Ser Leu Pro
1 5
gtc atc atg gcc atc gtc aat cgc acc ccg gat tct ttc tat gac aag 163
Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp Ser Phe Tyr Asp Lys
10 15 20
ggt gcg aca ttt gag gac acc gct gcg cta aac agg gca gcg gag gtc 211
Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn Arg Ala Ala Glu Val
25 30 35
att gaa caa ggc gcc ggc att gtc gat atc ggt ggg gtg aaa gcc ggc 259

Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly Gly Val Lys Ala Gly

40 45 50
 ccg ggg gat ttc gtg tcg gcg gag gaa gag atc gac cgc gtg gtg cca 307
 Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile Asp Arg Val Val Pro

55 60 65
 atc atc gct gcg gtg cga gaa cgt ttt cct gac att gat att tct gtt 355
 Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp Ile Asp Ile Ser Val

70 75 80 85
 gat acc tgg cgg gcg tcg gtg gct gat gtc gca gtg gcg cat gga gca 403
 Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala Val Ala His Gly Ala

90 95 100
 acg ctg atc aat gac act tgg gcc ggc cat gat cat gag ttg gtg cag 451
 Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp His Glu Leu Val Gln

105 110 115
 gta gca ggg cag cac aag gtg ggt tat gtc tgc tcg cac acc ggc ggg 499
 Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys Ser His Thr Gly Gly

120 125 130
 gtg att cca aga acg cga cca tat cgg gtg cat ttc gat gac atc gtg 547
 Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His Phe Asp Asp Ile Val

135 140 145
 gcc gat gta att acg gag acc acc aaa ttg gca gag caa gct gtt cgt 595
 Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala Glu Gln Ala Val Arg

150 155 160 165
 gcc ggg gtg cca gag gaa cgg gtg ttt att gat ccc acc cat gat ttc 643
 Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp Pro Thr His Asp Phe

170 175 180
 ggg aaa aac acc ttc cac gga ctg gag ctt tta cga cgg atc gat gag 691
 Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu Arg Arg Ile Asp Glu

185 190 195
 gtg gtt gcc acg ggc tgg ccg gtg ctg atg gcc ttg agt aat aag gat 739
 Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala Leu Ser Asn Lys Asp

200 205 210
 ttc att ggg gaa act ttg gaa agg ggc gtc gat aag cgt gtt gct ggc 787
 Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp Lys Arg Val Ala Gly

215 220 225
 acg ctt gct gcc act gcc tgg gcg gcg gcg cgc ggc gtt gcg gct ttt 835
 Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg Gly Val Ala Ala Phe

230 235 240 245
 cgc gtg cat gaa gtt gcg gaa acc 859
 Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr

250
 <210> 772

<211> 253

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 772

Met Ser Ser Leu Pro Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp
1 5 10 15

Ser Phe Tyr Asp Lys Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn
20 25 30

Arg Ala Ala Glu Val Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly
35 40 45

Gly Val Lys Ala Gly Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile
50 55 60

Asp Arg Val Val Pro Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp
65 70 75 80

Ile Asp Ile Ser Val Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala
85 90 95

Val Ala His Gly Ala Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp
100 105 110

His Glu Leu Val Gln Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys
115 120 125

Ser His Thr Gly Gly Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His
130 135 140

Phe Asp Asp Ile Val Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala
145 150 155 160

Glu Gln Ala Val Arg Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp
165 170 175

Pro Thr His Asp Phe Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu
180 185 190

Arg Arg Ile Asp Glu Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala
195 200 205

Leu Ser Asn Lys Asp Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp
210 215 220

Lys Arg Val Ala Gly Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg
225 230 235 240

Gly Val Ala Ala Phe Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr
245 250

<210> 773

<211> 684

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(661)

<223> RXA01719

<400> 773

ccatagtgtc ggtgcactgg ctggaagtgg cggatttgca ctggtgactt cgtcgattgc 60
cgaggacggt ctggttgatg ttgtgctggg gagaatgtaa atg aat atc atc att 115
Met Asn Ile Ile Ile

ctt gct ggt ggc gag ggt aaa cgc atg ggt ggg gtg gat aag gct gct 163
 Leu Ala Gly Gly Glu Gly Lys Arg Met Gly Gly Val Asp Lys Ala Ala

 10 15 20
 gtg gcg gtg gat ggt cgc acg ctg ctg gat atc ctg ctt tca cag ctg 211
 Val Ala Val Asp Gly Arg Thr Leu Leu Asp Ile Leu Leu Ser Gln Leu

 25 30 35
 gat cca gaa gat gac gtc gtg gtg gtt tcc ccc gcg atc atc gac gga 259
 Asp Pro Glu Asp Asp Val Val Val Val Ser Pro Ala Ile Ile Asp Gly

 40 45 50
 atc acg act gtc tgc gag gaa cct ccg ctt ggc ggg ccg gtc gcg gga 307
 Ile Thr Thr Val Cys Glu Glu Pro Pro Leu Gly Gly Pro Val Ala Gly

 55 60 65
 atc gag gca ggg ctg aat tct ttt gag cac gcc cat gaa ttc act gcg 355
 Ile Glu Ala Gly Leu Asn Ser Phe Glu His Ala His Glu Phe Thr Ala

 70 75 80 85
 att ctt gcc gtg gac gcg cct tat tct gca gcg atg ctg ccc cta ctt 403
 Ile Leu Ala Val Asp Ala Pro Tyr Ser Ala Ala Met Leu Pro Leu Leu

 90 95 100
 cag gca cag att ggc aaa gcc gat gtg gcc gta acc ctt gct gcc gat 451
 Gln Ala Gln Ile Gly Lys Ala Asp Val Ala Val Thr Leu Ala Ala Asp

 105 110 115
 ggc tgg gta caa ccg ttg tgc gcg ctg tgg aga agt ggc agc cta gaa 499
 Gly Trp Val Gln Pro Leu Cys Ala Leu Trp Arg Ser Gly Ser Leu Glu

 120 125 130
 gcg gtg att cac agc ctg ggc gag act aga aat cga ccg gca aaa gcg 547
 Ala Val Ile His Ser Leu Gly Glu Thr Arg Asn Arg Pro Ala Lys Ala

 135 140 145
 tta ctg aag caa gcg gga cac att gtg gaa gtg ggt ggc gat ggc act 595
 Leu Leu Lys Gln Ala Gly His Ile Val Glu Val Gly Gly Asp Gly Thr

 150 155 160 165
 gaa aaa gac tac gat acg gtg gct gaa ctg gag gta ttg ggc aac gta 643
 Glu Lys Asp Tyr Asp Thr Val Ala Glu Leu Glu Val Leu Gly Asn Val

 170 175 180
 acg ctc cct aaa gcc cac tgatgagaaa cgtgagctct gct 684
 Thr Leu Pro Lys Ala His

 185
 <210> 774
 <211> 187
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 774
 Met Asn Ile Ile Ile Leu Ala Gly Gly Glu Gly Lys Arg Met Gly Gly
 1 5 10 15
 Val Asp Lys Ala Ala Val Ala Val Asp Gly Arg Thr Leu Leu Asp Ile

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

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

 Arg Pro Ala Lys Ala Leu Leu Lys Gln Ala Gly His Ile Val Glu Val
 145 150 155 160

 Gly Gly Asp Gly Thr Glu Lys Asp Tyr Asp Thr Val Ala Glu Leu Glu
 165 170 175
 Val Leu Gly Asn Val Thr Leu Pro Lys Ala His

 180 185
 <210> 775
 <211> 1332
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1309)
 <223> RXA01720
 <400> 775
 acaccggttt gagaatctca acctcttaaa acagcgcgaa ctattgattt ggcaactacc 60
 ctatatatgtt gagtggtttat tgtcgaaaaa ggggtttcaa gtg gca cag caa cgc 115
 Val Ala Gln Gln Arg

 1 5
 agc gtc gat gac tat ctt tcc att ttg ata gac agc gtc gca ccg ctt 163
 Ser Val Asp Asp Tyr Leu Ser Ile Leu Ile Asp Ser Val Ala Pro Leu

 10 15 20
 ccg cca gta aaa acc cct atc ctc ggc gcg cat ccg tta agt cac ctt 211
 Pro Pro Val Lys Thr Pro Ile Leu Gly Ala His Pro Leu Ser His Leu

 25 30 35
 gca gag gat gtt gtc gcg aca att cct atc ccg aaa ttt act aat tct 259
 Ala Glu Asp Val Val Ala Thr Ile Pro Ile Pro Lys Phe Thr Asn Ser

 40 45 50
 gct gtt gat ggt tac gcc att ttg aaa gaa gac atc cat ggc agc ggg 307
 Ala Val Asp Gly Tyr Ala Ile Leu Lys Glu Asp Ile His Gly Ser Gly

55	60	65	
ccg tgg aca ttt ctt gtg ggc ggt gat act ccg gcg ggt tct gcg ccg	355		
Pro Trp Thr Phe Leu Val Gly Gly Asp Thr Pro Ala Gly Ser Ala Pro			
70	75	80	85
gcg agc att aat aat gga aaa gcc atc cgt gtg atg aca ggt gga ccc	403		
Ala Ser Ile Asn Asn Gly Lys Ala Ile Arg Val Met Thr Gly Gly Pro			
90	95	100	
gtc cca tcc acc aac aag gac atg atc gtg gtt cca gtg gag ctc acc	451		
Val Pro Ser Thr Asn Lys Asp Met Ile Val Val Pro Val Glu Leu Thr			
105	110	115	
aat gct ccg gtg gat cac tcg ctt cct aca gaa atc acg atc aat gag	499		
Asn Ala Pro Val Asp His Ser Leu Pro Thr Glu Ile Thr Ile Asn Glu			
120	125	130	
cta cca ggt gag agg aat aat att cgc cat gct ggt gag cat ctt aaa	547		
Leu Pro Gly Glu Arg Asn Asn Ile Arg His Ala Gly Glu His Leu Lys			
135	140	145	
gaa ggc gaa att gcg gtt gct gcg ggg acg gca ttt gat gcg ggt act	595		
Glu Gly Glu Ile Ala Val Ala Ala Gly Thr Ala Phe Asp Ala Gly Thr			
150	155	160	165
gtg tcg acg gtg att tca gtt ggc cat gac act gta aaa gcc cat cct	643		
Val Ser Thr Val Ile Ser Val Gly His Asp Thr Val Lys Ala His Pro			
170	175	180	
tgc cct cgg gtt gcg gtg atc act acc ggt gat gag cta aac cag gga	691		
Cys Pro Arg Val Ala Val Ile Thr Thr Gly Asp Glu Leu Asn Gln Gly			
185	190	195	
aat ccc tgg ggt atc cct aat tcc aat ggg ccg atg ctg gtt gcg gag	739		
Asn Pro Trp Gly Ile Pro Asn Ser Asn Gly Pro Met Leu Val Ala Glu			
200	205	210	
cta aaa cgc gtg ggg att aag gat ccg cag cat ttc cat tcc gat gat	787		
Leu Lys Arg Val Gly Ile Lys Asp Pro Gln His Phe His Ser Asp Asp			
215	220	225	
tct gag act gca ttg agg gag acg ctc gat aag cct gca gag gtt gcg	835		
Ser Glu Thr Ala Leu Arg Glu Thr Leu Asp Lys Pro Ala Glu Val Ala			
230	235	240	245
gat gtg atc atc act gtg ggt ggg atc tcg gcg ggc gcg ttc gat gtg	883		
Asp Val Ile Ile Thr Val Gly Gly Ile Ser Ala Gly Ala Phe Asp Val			
250	255	260	
gtc aaa gcc gtg gga act aag act ggt ggt ttt gaa ttc ttc ccc att	931		
Val Lys Ala Val Gly Thr Lys Thr Gly Gly Phe Glu Phe Phe Pro Ile			
265	270	275	
gcg atg aag ccg ggt aaa ccg caa ggt cat ggg cag tgg ggc gac gca	979		
Ala Met Lys Pro Gly Lys Pro Gln Gly His Gly Gln Trp Gly Asp Ala			

280	285	290	
aaa gtg gtg tgt ctg ccg gga aac ccg gtg gcg gcg tgg gtt agt ttt			1027
Lys Val Val Cys Leu Pro Gly Asn Pro Val Ala Ala Trp Val Ser Phe			
295	300	305	
agg ctc ttt gtt gtt ccg gta att gag aga tta ggg ggt gga aag agg			1075
Arg Leu Phe Val Val Pro Val Ile Glu Arg Leu Gly Gly Gly Lys Arg			
310	315	320	325
ctg gcg tcg ata agc gaa ctc cct gtg gtg gcg ctg cgc tcg aac cgg			1123
Leu Ala Ser Ile Ser Glu Leu Pro Val Val Ala Leu Arg Ser Asn Arg			
330	335	340	
gcg ctg aag gcg cgg gag ggc ccc gta ttg gcg ata ccg gtg gcg att			1171
Ala Leu Lys Ala Arg Glu Gly Pro Val Leu Ala Ile Pro Val Ala Ile			
345	350	355	
gat tgg gag aaa aga atg gca aat tct cag gca cat cga tcc cat atg			1219
Asp Trp Glu Lys Arg Met Ala Asn Ser Gln Ala His Arg Ser His Met			
360	365	370	
gtc ggt gca ctg gct gga agt ggc ggt att gca ctg gtg act tcg tcg			1267
Val Gly Ala Leu Ala Gly Ser Gly Gly Ile Ala Leu Val Thr Ser Ser			
375	380	385	
att gcc gag gac ggt ctg gtt gat gtt gtg ctg ggg aga atg			1309
Ile Ala Glu Asp Gly Leu Val Asp Val Val Leu Gly Arg Met			
390	395	400	
taaatgaata tcatcattct tgc			1332
<210> 776			
<211> 403			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 776			
Val Ala Gln Gln Arg Ser Val Asp Asp Tyr Leu Ser Ile Leu Ile Asp			
1 5 10 15			
Ser Val Ala Pro Leu Pro Pro Val Lys Thr Pro Ile Leu Gly Ala His			
20 25 30			
Pro Leu Ser His Leu Ala Glu Asp			
Val Val Ala Thr Ile Pro Ile Pro			
35 40 45			
Lys Phe Thr Asn Ser Ala Val Asp Gly Tyr Ala Ile Leu Lys Glu Asp			
50 55 60			
Ile His Gly Ser Gly Pro Trp Thr Phe Leu Val Gly Gly Asp Thr Pro			
65 70 75 80			
Ala Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ile Asn Asn Gly Lys Ala Ile Arg Val			
85 90 95			
Met Thr Gly Gly Pro Val Pro Ser Thr Asn Lys Asp Met Ile Val Val			
100 105 110			
Pro Val Glu Leu Thr Asn Ala Pro Val Asp His Ser Leu Pro Thr Glu			
115 120 125			
Ile Thr Ile Asn Glu Leu Pro Gly Glu Arg Asn Asn Ile Arg His Ala			
130 135 140			
Gly Glu His Leu Lys Glu Gly Glu Ile Ala Val Ala Ala Gly Thr Ala			

145 150 155 160

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

Phe His Ser Asp Asp Ser Glu Thr Ala Leu Arg Glu Thr Leu Asp Lys
225 230 235 240

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

Ala Trp Val Ser Phe Arg Leu Phe Val Val Pro Val Ile Glu Arg Leu
305 310 315 320

Gly	Gly	Gly	Lys	Arg	Leu	Ala	Ser	Ile	Ser	Glu	Leu	Pro	Val	Val	Ala
				325					330					335	
Leu	Arg	Ser	Asn	Arg	Ala	Leu	Lys	Ala	Arg	Glu	Gly	Pro	Val	Leu	Ala
			340					345					350		
Ile	Pro	Val	Ala	Ile	Asp	Trp	Glu	Lys	Arg	Met	Ala	Asn	Ser	Gln	Ala
		355					360					365			
His	Arg	Ser	His	Met	Val	Gly	Ala	Leu	Ala	Gly	Ser	Gly	Gly	Ile	Ala
370						375				380					

Leu Val Thr Ser Ser Ile Ala Glu Asp Gly Leu Val Asp Val Val Leu
385 390 395 400

Gly Arg Met

<210> 777

 $\langle 211 \rangle$ 1237

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (2)..(1207)

<223> RXS03223

<400> 777

t cca gag cca gtg cgt att gct att gca gag gca ctg ggt ttg atg tgc 49

Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys

1 5 10 15
gcg gaa gag gtt caa gct agt cgt gct ttg ccg ggt ttc gcg caa gca 97
Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala

20	25	30	
gcg att gat ggt tat gcg gtt cga gca gtc gat gtc ggc ggc gag aag			145
Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys			
35	40	45	
tcg ttt agc cag caa ctg ccg gtt gct cct ccg gaa aaa tcc ctg ccc			193
Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro			
50	55	60	
gtg gtg ggt gaa gta gct gcg ggt tct cag cag ccg ttg cgc ctg cag			241
Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln			
65	70	75	80
cct aaa caa gca gtc atg gtc cac acc ggt gcg cca ctg ccg atg ctt			289
Pro Lys Gln Ala Val Met Val His Thr Gly Ala Pro Leu Pro Met Leu			
85	90	95	
gcg gat gcg gtg ctg ccc atg gcg tgg tca gat cgt ggc cgc aaa cga			337
Ala Asp Ala Val Leu Pro Met Ala Trp Ser Asp Arg Gly Arg Lys Arg			
100	105	110	
gta acc gcg cag cga cct gtg cgc tct ggc gag ttt gtg cgc aaa gaa			385
Val Thr Ala Gln Arg Pro Val Arg Ser Gly Glu Phe Val Arg Lys Glu			
115	120	125	
ggc gat gac atc caa ccg gga gac atc gca gtc agc gcc ggc gcg gtc			433
Gly Asp Asp Ile Gln Pro Gly Asp Ile Ala Val Ser Ala Gly Ala Val			
130	135	140	
tta ggc cct gcc caa att ggt ttg ctc gca gct gtt ggt cgc tcc aaa			481
Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys			
145	150	155	160
gtg ttg gtg tac cca cgc cca cgc atg tcg gtt atc tcc gta ggc gct			529
Val Leu Val Tyr Pro Arg Pro Arg Met Ser Val Ile Ser Val Gly Ala			
165	170	175	
gaa ctt gtt gat att gat cgc cag cca ggc ctc ggc cag gtt tat gat			577
Glu Leu Val Asp Ile Asp Arg Gln Pro Gly Leu Gly Gln Val Tyr Asp			
180	185	190	
gtc aat tcc tat tct ctg gct gcc gcc ggt agg gaa gcg ggc gca gat			625
Val Asn Ser Tyr Ser Leu Ala Ala Ala Gly Arg Glu Ala Gly Ala Asp			
195	200	205	
gtg tac cgc tac ggc att gct gcc ggt gaa cct cgt cgc atc aaa gag			673
Val Tyr Arg Tyr Gly Ile Ala Ala Gly Glu Pro Arg Arg Ile Lys Glu			
210	215	220	
atc att gaa tcc cag atg ctg cgc tcg gaa atc atc gtc atc acc gga			721
Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly			
225	230	235	240
gct gtt ggc ggt gct ggt tca gct ggc gtg cgc cag gtt ctc aac gag			769
Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ala Gly Val Arg Gln Val Leu Asn Glu			

245	250	255	
cta ggc gat atc gac acc gaa cgc gtc gca atg cac ccc ggt tct gtc			817
Leu Gly Asp Ile Asp Thr Glu Arg Val Ala Met His Pro Gly Ser Val			
260	265	270	
caa gga ttc ggt ctg ctc ggc gag aac aag att cca tgc ttc ctt ctg			865
Gln Gly Phe Gly Leu Leu Gly Glu Asn Lys Ile Pro Cys Phe Leu Leu			
275	280	285	
cct tcc aat ccg gtg gcg tcg tta gtt att ttt gaa acc ttc gtc cgc			913
Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Leu Val Ile Phe Glu Thr Phe Val Arg			
290	295	300	
ccg gtc gtg cgc atg agc ctg ggc aag agc aat gcg gcg cgc cgg gtt			961
Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val			
305	310	315	320
ggt cga gct cga gcg ctc aac cac gtt gtg tct gtg gcg ggt cga aaa			1009
Val Arg Ala Arg Ala Leu Asn His Val Val Ser Val Ala Gly Arg Lys			
325	330	335	
ggt ttc atc agg tcc agg ctc atg cgc gat gca gaa acc cag gac tac			1057
Gly Phe Ile Arg Ser Arg Leu Met Arg Asp Ala Glu Thr Gln Asp Tyr			
340	345	350	
ctc gtg gag gct ttg ggt ggt gca acg ggc gca cca tcg cac cta ttg			1105
Leu Val Glu Ala Leu Gly Gly Ala Thr Gly Ala Pro Ser His Leu Leu			
355	360	365	
gca gga ttg tcc gaa gca aac ggt atg atc cgc att cca gaa gat gtc			1153
Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val			
370	375	380	
aca gaa atc cga ccg gga gat gtc gtg gac gtg atc ttc ctt gcc caa			1201
Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln			
385	390	395	400
ggt cga tagttcgatg cgtaatgcac cgtcagggtcc			1237
Gly Arg			
<210> 778			
<211> 402			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 778			
Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys			
1 5 10 15			
Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala			
20 25 30			
Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys			
35 40 45			
Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val			
Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro			
50 55 60			
Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln			

65	70	75	80
Pro Lys Gln Ala Val Met Val His Thr Gly Ala Pro Leu Pro Met Leu			
	85	90	95
Ala Asp Ala Val Leu Pro Met Ala Trp Ser Asp Arg Gly Arg Lys Arg			
	100	105	110
Val Thr Ala Gln Arg Pro Val Arg Ser Gly Glu Phe Val Arg Lys Glu			
	115	120	125
Gly Asp Asp Ile Gln Pro Gly Asp Ile Ala Val Ser Ala Gly Ala Val			
	130	135	140
Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys			
	145	150	155
Val Leu Val Tyr Pro Arg Pro Arg Met Ser Val Ile Ser Val Gly Ala			
	165	170	175
Glu Leu Val Asp Ile Asp Arg Gln Pro Gly Leu Gly Gln Val Tyr Asp			
	180	185	190
Val Asn Ser Tyr Ser Leu Ala Ala Ala Gly Arg Glu Ala Gly Ala Asp			
	195	200	205
Val Tyr Arg Tyr Gly Ile Ala Ala Gly Glu Pro Arg Arg Ile Lys Glu			
	210	215	220
Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly			
	225	230	235
Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ala Gly Val Arg Gln Val Leu Asn Glu			
	245	250	255
Leu Gly Asp Ile Asp Thr Glu Arg Val Ala Met His Pro Gly Ser Val			
	260	265	270
Gln Gly Phe Gly Leu Leu Gly Glu Asn Lys Ile Pro Cys Phe Leu Leu			
	275	280	285
Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Leu Val Ile Phe Glu Thr Phe Val Arg			
	290	295	300
Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val			
	305	310	315
Val Arg Ala Arg Ala Leu Asn His Val Val Ser Val Ala Gly Arg Lys			
	325	330	335
Gly Phe Ile Arg Ser Arg Leu Met Arg Asp Ala Glu Thr Gln Asp Tyr			
	340	345	350
Leu Val Glu Ala Leu Gly Gly Ala Thr Gly Ala Pro Ser His Leu Leu			
	355	360	365
Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val			
	370	375	380
Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln			
	385	390	395
			400

Gly Arg
 <210> 779
 <211> 1229
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1206)

<223> FRXA01970

<400> 779

cca gag cca gtg cgt att gct att gca gag gca ctg ggt ttg atg tgc 48
Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys

1 5 10 15
gcg gaa gag gtt caa gct agt cgt gct ttg ccg ggt ttc gcg caa gca 96
Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala

20 25 30
gcg att gat ggt tat gcg gtt cga gca gtc gat gtc ggc ggc gag aag 144
Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys

35 40 45
tcg ttt agc cag caa ctg ccg gtt gct cct ccg gaa aaa tcc ctg ccc 192
Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro

50 55 60
gtg gtg ggt gaa gta gct gcg ggt tct cag cag ccg ttg cgc ctg cag 240
Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln

65 70 75 80
cct aaa caa gca gtc atg gtc cac acc ggt gcg cca ctg ccg atg ctt 288
Pro Lys Gln Ala Val Met Val His Thr Gly Ala Pro Leu Pro Met Leu

85 90 95
gcg gat gcg gtg ctg ccc atg gcg tgg tca gat cgt ggc cgc aaa cga 336
Ala Asp Ala Val Leu Pro Met Ala Trp Ser Asp Arg Gly Arg Lys Arg

100 105 110
gta acc gcg cag cga cct gtg cgc tct ggc gag ttt gtg cgc aaa gaa 384
Val Thr Ala Gln Arg Pro Val Arg Ser Gly Glu Phe Val Arg Lys Glu

115 120 125
ggc gat gac atc caa ccg gga gac atc gca gtc agc gcc ggc gcg gtc 432
Gly Asp Asp Ile Gln Pro Gly Asp Ile Ala Val Ser Ala Gly Ala Val

130 135 140
tta ggc cct gcc caa att ggt ttg ctc gca gct gtt ggt cgc tcc aaa 480
Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys

145 150 155 160
gtg ttg gtg tac cca cgc cca cgc atg tcg gtt atc tcc gta ggc gct 528
Val Leu Val Tyr Pro Arg Pro Arg Met Ser Val Ile Ser Val Gly Ala

165 170 175
gaa ctt gtt gat att gat cgc cag cca ggc ctc ggc cag gtt tat gat 576
Glu Leu Val Asp Ile Asp Arg Gln Pro Gly Leu Gly Gln Val Tyr Asp

180 185 190
gtc aat tcc tat tct ctg gct gcc gcc ggt agg gaa gcg ggc gca gat 624

Val Asn Ser Tyr Ser Leu Ala Ala Ala Gly Arg Glu Ala Gly Ala Asp

195 200 205
gtg tac cgc tac ggc att gct gcc ggt gaa cct cgt cgc atc aaa gag 672
Val Tyr Arg Tyr Gly Ile Ala Ala Gly Glu Pro Arg Arg Ile Lys Glu

210 215 220
atc att gaa tcc cag atg ctg cgc tcg gaa atc atc gtc atc acc gga 720
Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly

225 230 235 240
gct gtt ggc ggt gct ggt tca gct ggc gtg cgc cag gtt ctc aac gag 768
Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ala Gly Val Arg Gln Val Leu Asn Glu

245 250 255
cta ggc gat atc gac acc gaa cgc gtc gca atg cac ccc ggt tct gtc 816
Leu Gly Asp Ile Asp Thr Glu Arg Val Ala Met His Pro Gly Ser Val

260 265 270
caa gga ttc ggt ctg ctc ggc gag aac aag att cca tgc ttc ctt ctg 864
Gln Gly Phe Gly Leu Leu Gly Glu Asn Lys Ile Pro Cys Phe Leu Leu

275 280 285
cct tcc aat ccg gtg gcg tcg tta gtt att ttt gaa acc ttc gtc cgc 912
Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Leu Val Ile Phe Glu Thr Phe Val Arg

290 295 300
ccg gtc gtg cgc atg agc ctg ggc aag agc aat gcg gcg cgc cgg gtt 960
Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val

305 310 315 320
gtt cga gct cga gcg ctc aac cac gtt gtg tct gtg gcg ggt cga aaa 1008
Val Arg Ala Arg Ala Leu Asn His Val Val Ser Val Ala Gly Arg Lys

325 330 335
ggg ttc atc agg tcc agg ctc atg cgc gat gca gaa acc cag gac tac 1056
Gly Phe Ile Arg Ser Arg Leu Met Arg Asp Ala Glu Thr Gln Asp Tyr

340 345 350
ctc gtg gag gct ttg ggt ggt gca acg ggc gca cca tcg cac cta ttg 1104
Leu Val Glu Ala Leu Gly Gly Ala Thr Gly Ala Pro Ser His Leu Leu

355 360 365
gca gga ttg tcc gaa gca aac ggt atg atc cgc att cca gaa gat gtc 1152
Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val

370 375 380
aca gaa atc cga ccg gga gat gtc gtg gac gtg atc ttc ctt gcc caa 1200
Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln

385 390 395 400
ggg cga tagttcgatg cgtaatgcac cgt 1229
Gly Arg

<210> 780
<211> 402

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 780

```

Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys
  1             5             10             15
Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala
      20             25             30
Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys
      35             40             45
Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val
Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro
      50             55             60
Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln
      65             70             75             80

```

```

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

```

```

Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys
      145            150            155            160

```

```

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

```

```

Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly
      225            230            235            240

```

```

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

```

```

Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val
      305            310            315            320

```

```

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

```

Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val
 370 375 380

Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln
 385 390 395 400

Gly Arg
 <210> 781
 <211> 708
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(685)
 <223> RXA02629
 <400> 781

tacctgcgag agccgggagg tagaggttac tctgacgagt gactaggttt aaaagagtta 60
 atctgcatct aatcaagtag ccaagtatga gtgaggaaca atg agc aag gat cca 115
 Met Ser Lys Asp Pro

1 5
 ttg gga agt ctt acc gat gtt gta gac aca cga gtt ccg ctt ccg gat 163
 Leu Gly Ser Leu Thr Asp Val Val Asp Thr Arg Val Pro Leu Pro Asp

10 15 20
 gtt gaa ccg gat ccg gag ttc ctg aag gct acg gaa aaa gaa ttc cac 211
 Val Glu Pro Asp Pro Glu Phe Leu Lys Ala Thr Glu Lys Glu Phe His

25 30 35
 atg gca tcc cag aag cgc gct ctt gtt gtc ctg gtg ggc gat cat gtc 259
 Met Ala Ser Gln Lys Arg Ala Leu Val Val Leu Val Gly Asp His Val

40 45 50
 gct gag gca gat ggg act ggc cgt ttg gtt acg gag ctg ctc tta gag 307
 Ala Glu Ala Asp Gly Thr Gly Arg Leu Val Thr Glu Leu Leu Leu Glu

55 60 65
 tct ggc ttc aac gtg gac gct gtg gtc agc gtg aag tct aag aag tct 355
 Ser Gly Phe Asn Val Asp Ala Val Val Ser Val Lys Ser Lys Lys Ser

70 75 80 85
 cag att agg caa gct att gaa acc gca gtt gtt ggc ggc gct gac ctt 403
 Gln Ile Arg Gln Ala Ile Glu Thr Ala Val Val Gly Gly Ala Asp Leu

90 95 100
 gtg ctg acc atc ggc gga gtg ggc gtt ggt cct cgg gat aaa act cct 451
 Val Leu Thr Ile Gly Gly Val Gly Val Gly Pro Arg Asp Lys Thr Pro

105 110 115
 gag gca acc agc gct gtg ttg gac cag gac gtc cca gga atc gcg cag 499
 Glu Ala Thr Ser Ala Val Leu Asp Gln Asp Val Pro Gly Ile Ala Gln

120 125 130
 gcg ctt cgt tcc tcc ggt ttg gcc tgt ggc gcg gtg gat gca agt gtt 547

Ala Leu Arg Ser Ser Gly Leu Ala Cys Gly Ala Val Asp Ala Ser Val

135 140 145
tcc cga ggc gta gcg ggc gta tcc ggc tca acc gtg gtg gtc aac ctc 595
Ser Arg Gly Val Ala Gly Val Ser Gly Ser Thr Val Val Val Asn Leu

150 155 160 165
gct gag tct cgt tcg gca att cgt gat ggc atg gca act ctg aca ccg 643
Ala Glu Ser Arg Ser Ala Ile Arg Asp Gly Met Ala Thr Leu Thr Pro

170 175 180
ttg gtt gat ttt gtt gta gat cag ctt cgc act tcc gtg gtt 685
Leu Val Asp Phe Val Val Asp Gln Leu Arg Thr Ser Val Val

185 190 195
tgagttggtc ggggtgtgagt aga 708

<210> 782

<211> 195

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 782

Met Ser Lys Asp Pro Leu Gly Ser Leu Thr Asp Val Val Asp Thr Arg

1 5 10 15

Val Pro Leu Pro Asp Val Glu Pro Asp Pro Glu Phe Leu Lys Ala Thr

20 25 30

Glu Lys Glu Phe His Met Ala Ser Gln Lys Arg Ala Leu Val Val Leu

35 40

45

Val Gly Asp His Val Ala Glu Ala Asp Gly Thr Gly Arg Leu Val Thr

50 55 60

Glu Leu Leu Leu Glu Ser Gly Phe Asn Val Asp Ala Val Val Ser Val

65 70 75 80

Lys Ser Lys Lys Ser Gln Ile Arg Gln Ala Ile Glu Thr Ala Val Val

85 90 95

Gly Gly Ala Asp Leu Val Leu Thr Ile Gly Gly Val Gly Val Gly Pro

100 105 110

Arg Asp Lys Thr Pro Glu Ala Thr Ser Ala Val Leu Asp Gln Asp Val

115 120 125

Pro Gly Ile Ala Gln Ala Leu Arg Ser Ser Gly Leu Ala Cys Gly Ala

130 135 140

Val Asp Ala Ser Val Ser Arg Gly Val Ala Gly Val Ser Gly Ser Thr

145 150 155 160

Val Val Val Asn Leu Ala Glu Ser Arg Ser Ala Ile Arg Asp Gly Met

165 170 175

Ala Thr Leu Thr Pro Leu Val Asp Phe Val Val Asp Gln Leu Arg Thr

180 185 190

Ser Val Val

195

<210> 783

<211> 402

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(379)

<223> RXA02318

<400> 783

gatatacgcc acggtaccgc gtacaaaatc ccgaatatga tcatggccaa aggaggtcag 60
cagtaagcgc atgtgcgcca ttttaaggca agatggggcc atg aat tcg ctt ttc 115
Met Asn Ser Leu Phe

1 5
gac gtc tcc cca cac tgg tcc tcc gcc aac gcc aag ctc acc gca cat 163
Asp Val Ser Pro His Trp Ser Ser Ala Asn Ala Lys Leu Thr Ala His

10 15 20
ttt aac acc gga aaa ttc tcc act ggc atg aaa ttt gtc aac ctc att 211
Phe Asn Thr Gly Lys Phe Ser Thr Gly Met Lys Phe Val Asn Leu Ile

25 30 35
gcc gac tcc gca gaa gaa gcc aac cac cac ccc gat atc ctt ctc acc 259
Ala Asp Ser Ala Glu Glu Ala Asn His His Pro Asp Ile Leu Leu Thr

40 45 50
tat ggt ttt gtg gaa atc acc ctc acc agc cac gat gtg ggt gag ata 307
Tyr Gly Phe Val Glu Ile Thr Leu Thr Ser His Asp Val Gly Glu Ile

55 60 65
acc gac cgt gat gtc gcc cta gca aaa gtc atc gac gcc cac gcc aag 355
Thr Asp Arg Asp Val Ala Leu Ala Lys Val Ile Asp Ala His Ala Lys

70 75 80 85
acc ttg gcc att tcg gca gag gct taagggttaa gattatgagc aac 402
Thr Leu Ala Ile Ser Ala Glu Ala

90

<210> 784

<211> 93

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 784

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

Asp Ile Leu Leu Thr Tyr Gly Phe Val Glu Ile Thr Leu Thr Ser His
50 55 60
Asp Val Gly Glu Ile Thr Asp Arg Asp Val Ala Leu Ala Lys Val Ile
65 70 75 80

Asp Ala His Ala Lys Thr Leu Ala Ile Ser Ala Glu Ala
85 90

<210> 785

<211> 600

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(577)

<223> RXA01517

<400> 785

tccataagcc caaagcaccg atcccacgta cttttgctga cgctcgcggtg gttgcccgcac 60
gttccaggaa atccatggct gctggaagga gcaacgccta atg cat gca gtt ttg 115
Met His Ala Val Leu

1 5
tcc atc ggt tcc aac atg gat gat cgc tac gcg ctg ctc aac aca gtg 163
Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala Leu Leu Asn Thr Val

10 15 20
atc gag gaa ttc aaa gat gag atc gtg gcg cag tct gcg atc tac tca 211
Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln Ser Ala Ile Tyr Ser

25 30 35
acc cca ccg tgg ggc att gag gat cag gat gaa ttc ctc aac gca gtg 259
Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp Gln Asp Glu Phe Leu Asn Ala Val

40 45 50
ctc gtt gtt gag gtt gaa gaa acc ccc atc gag ttg ctg cgc cgt ggc 307
Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu Leu Leu Arg Arg Gly

55 60 65
caa aaa ctc gaa gaa gcc gcc gag cgg gtc cgc gtc cgc aaa tgg ggg 355
Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg Val Arg Lys Trp Gly

70 75 80 85
cca cgc acc ctc gat gtg gat atc gtg cag atc att aaa gat ggg gaa 403
Pro Arg Thr Leu Asp Val Asp Ile Val Gln Ile Ile Lys Asp Gly Glu

90 95 100
gag atc ctt tct gag gat ccc gaa ctg acc ttg cca cac cct tgg gct 451
Glu Ile Leu Ser Glu Asp Pro Glu Leu Thr Leu Pro His Pro Trp Ala

105 110 115
tgg cag cgt gcc ttc gtg ttg atc cct tgg ttg gaa gca gaa cct gat 499
Trp Gln Arg Ala Phe Val Leu Ile Pro Trp Leu Glu Ala Glu Pro Asp

120 125 130
gcc gtc ctg cac ggc acg acc att gca gaa cat gtg gat aat ctt gat 547
Ala Val Leu His Gly Thr Thr Ile Ala Glu His Val Asp Asn Leu Asp

135 140 145
ccc aca gac att gaa ggt gtc acc aag att taaggagtcg tggttttcat 597
Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile

150 155 600
gca

<210> 786

<211> 159

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 786

Met His Ala Val Leu Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala
 1 5 10 15
 Leu Leu Asn Thr Val Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln
 20 25 30
 Ser Ala Ile Tyr Ser Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp
 Gln Asp Glu
 35 40 45
 Phe Leu Asn Ala Val Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu
 50 55 60
 Leu Leu Arg Arg Gly Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg
 65 70 75 80

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

Val Asp Asn Leu Asp Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile

145 150 155

<210> 787

<211> 609

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(586)

<223> RXN01304

<400> 787

atgcaggtaa acgaatttgt gcttatatca acattcgtga ttcggcaaaa ttaattaaac 60
 tgaaaaaggg gattaattac cccacttga ggagaaattg atg ccc gca cag aac 115
 Met Pro Ala Gln Asn

1 5
 aaa aac ctc cca gga tcc gtc atc gtt gtg tct gat cgg att aaa tcg 163
 Lys Asn Leu Pro Gly Ser Val Ile Val Val Ser Asp Arg Ile Lys Ser

10 15 20
 gga gaa aga att gat aaa gca gga ccc gta gca gta gac ctt ctt cag 211
 Gly Glu Arg Ile Asp Lys Ala Gly Pro Val Ala Val Asp Leu Leu Gln

25 30 35
 gaa tca ggc gtg gag att tcc aca ttc acc gtc gtg gag gag ggc ttt 259
 Glu Ser Gly Val Glu Ile Ser Thr Phe Thr Val Val Glu Glu Gly Phe

40 45 50
 gaa cct gtc cat caa gaa ttg gtt aag gcg ttg gcg cgc cgg gat cgc 307
 Glu Pro Val His Gln Glu Leu Val Lys Ala Leu Ala Arg Arg Asp Arg

55

60

65

gtc atc atc acc atc ggc gga acg ggc gtg ggg cct aga aat cgg acg 355
Val Ile Ile Thr Ile Gly Gly Thr Gly Val Gly Pro Arg Asn Arg Thr

70 75 80 85
ccg gag gcc aca gaa ccg cac atc gat acg cta ctg ccg ggt ctg atg 403
Pro Glu Ala Thr Glu Pro His Ile Asp Thr Leu Leu Pro Gly Leu Met

90 95 100
acg cag att ttg ttc tct gga ctg tcc aat acc gcg cag gcg ggg tta 451
Thr Gln Ile Leu Phe Ser Gly Leu Ser Asn Thr Ala Gln Ala Gly Leu

105 110 115
tct cgg ggg ctg gtg ggc ttg agt gct cgc gat tcc acg gcc gcg ctc 499
Ser Arg Gly Leu Val Gly Leu Ser Ala Arg Asp Ser Thr Ala Ala Leu

120 125 130
atc gtc aac gcg ccg agt tct tcc ggg ggc gtg cgc gac gcg ctc ggg 547
Ile Val Asn Ala Pro Ser Ser Ser Gly Gly Val Arg Asp Ala Leu Gly

135 140 145
gtg gtc tgc ccg ctt ttc ggt tcc att ttt gag cgt ctt taaaagattt 596
Val Val Cys Pro Leu Phe Gly Ser Ile Phe Glu Arg Leu

150 155 160
ttgcttatcg acg 609
<210> 788
<211> 162
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 788
Met Pro Ala Gln Asn Lys Asn Leu Pro Gly Ser Val Ile Val Val Ser
1 5 10 15
Asp Arg Ile Lys Ser Gly Glu Arg Ile Asp Lys Ala Gly Pro Val Ala
20 25 30
Val Asp Leu Leu Gln Glu Ser Gly Val Glu
Ile Ser Thr Phe Thr Val
35 40 45
Val Glu Glu Gly Phe Glu Pro Val His Gln Glu Leu Val Lys Ala Leu
50 55 60
Ala Arg Arg Asp Arg Val Ile Ile Thr Ile Gly Gly Thr Gly Val Gly
65 70 75 80
Pro Arg Asn Arg Thr Pro Glu Ala Thr Glu Pro His Ile Asp Thr Leu
85 90 95
Leu Pro Gly Leu Met Thr Gln Ile Leu Phe Ser Gly Leu Ser Asn Thr
100 105 110
Ala Gln Ala Gly Leu Ser Arg Gly Leu Val Gly Leu Ser Ala Arg Asp
115 120 125
Ser Thr Ala Ala Leu Ile Val Asn Ala Pro Ser Ser Ser Gly Gly Val
130 135 140
Arg Asp Ala Leu Gly Val Val Cys Pro Leu Phe Gly Ser Ile Phe Glu
145 150 155 160
Arg Leu
<210> 789

<211> 1281
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1258)
 <223> RXS02556
 <400> 789
 tgccatcata ttaaggccaa attgcttgga tcctgggatt tatttaatta gattaaatcc 60
 gtagaaatta gcccatgaag catggaaagg cgaaaacccc ttg atc gtt tcc acc 115
 Leu Ile Val Ser Thr

 1 5
 cag ccc att act gat cgc agc gca ctc tcg gca gaa cac gca gag gtg 163
 Gln Pro Ile Thr Asp Arg Ser Ala Leu Ser Ala Glu His Ala Glu Val

 10 15 20
 atc aaa gca acg ctt cct ctc gtg ggc ggc aag att aat gag atc acg 211
 Ile Lys Ala Thr Leu Pro Leu Val Gly Gly Lys Ile Asn Glu Ile Thr

 25 30 35
 ccg gtt ttc tac aac aag atg ttt gcg gct cac cca gaa ttg atc gct 259
 Pro Val Phe Tyr Asn Lys Met Phe Ala Ala His Pro Glu Leu Ile Ala

 40 45 50
 aac acc ttc aac cgt ggc aat cag aag caa ggc gat cag cag aag gcg 307
 Asn Thr Phe Asn Arg Gly Asn Gln Lys Gln Gly Asp Gln Gln Lys Ala

 55 60 65
 ctg gcg gct tcg att gca acg ttt gcc acc atg ctc gtt act cct gat 355
 Leu Ala Ala Ser Ile Ala Thr Phe Ala Thr Met Leu Val Thr Pro Asp

 70 75 80 85
 gct cct gac cca gtt cag ctg ctg tcc cgc att ggc cac aag cac gtg 403
 Ala Pro Asp Pro Val Gln Leu Leu Ser Arg Ile Gly His Lys His Val

 90 95 100
 tcc ctc ggc att act gct gat cag tac gac att gtt cac gag cac ctg 451
 Ser Leu Gly Ile Thr Ala Asp Gln Tyr Asp Ile Val His Glu His Leu

 105 110 115
 ttc gcc gca atc gtt gag gtt ttg gga gcg gaa act gtc acc gca cct 499
 Phe Ala Ala Ile Val Glu Val Leu Gly Ala Glu Thr Val Thr Ala Pro

 120 125 130
 gtc gct gaa gcc tgg gat gct gtc tac tgg atc atg gca aat gtg ctg 547
 Val Ala Glu Ala Trp Asp Ala Val Tyr Trp Ile Met Ala Asn Val Leu

 135 140 145
 atc ggt ttt gag aac aac ctt tat gct tcc aac gat ctg gag cct ggc 595
 Ile Gly Phe Glu Asn Asn Leu Tyr Ala Ser Asn Asp Leu Glu Pro Gly

 150 155 160 165
 gac gtc ttc cgc gaa gtc acc gtg acc gcg aag aag cag ctc agc gca 643

Asp Val Phe Arg Glu Val Thr Val Thr Ala Lys Lys Gln Leu Ser Ala

170 175 180
acc gtc tgg gaa tac acc ctg gca ggt gag ctg gtt gcc cca gag cca 691
Thr Val Trp Glu Tyr Thr Leu Ala Gly Glu Leu Val Ala Pro Glu Pro

185 190 195
ggt cag tac acc tcc atc gga gta gtg ctt gac gac ggc gcc cgc cag 739
Gly Gln Tyr Thr Ser Ile Gly Val Val Leu Asp Asp Gly Ala Arg Gln

200 205 210
ctg cgc cag tac agc ttg ctc ggc ggc tcc gac acc gag tac cgc att 787
Leu Arg Gln Tyr Ser Leu Leu Gly Gly Ser Asp Thr Glu Tyr Arg Ile

215 220 225
gcg gtt gag gat aac ggc gag gtt tct gga ttc ctg cgt gat cgc gta 835
Ala Val Glu Asp Asn Gly Glu Val Ser Gly Phe Leu Arg Asp Arg Val

230 235 240 245
tcc gtt ggt gac aag att gaa gcc acc atc gcg gcc ggc gac ctg gtt 883
Ser Val Gly Asp Lys Ile Glu Ala Thr Ile Ala Ala Gly Asp Leu Val

250 255 260
ctt aac aag gac acc aat cca gtt gtg ctg att tcc cag ggc atc ggc 931
Leu Asn Lys Asp Thr Asn Pro Val Val Leu Ile Ser Gln Gly Ile Gly

265 270 275
tcc acc cca atg gtg ggc atg ctc gca ggt atg aac cct gaa cgt gac 979
Ser Thr Pro Met Val Gly Met Leu Ala Gly Met Asn Pro Glu Arg Asp

280 285 290
gtt gtg gtt ttg cat gct gac cag gcc gag tcc acc tac gcg cag gtg 1027
Val Val Val Leu His Ala Asp Gln Ala Glu Ser Thr Tyr Ala Gln Val

295 300 305
gag gaa gtg cag ggg ctc gtc gaa aag ctc cct aag gct gcg ttt gaa 1075
Glu Glu Val Gln Gly Leu Val Glu Lys Leu Pro Lys Ala Ala Phe Glu

310 315 320 325
atc ttc tac cgc gac aac gac cag tgg ctc gag gtc gct ggc cgc att 1123
Ile Phe Tyr Arg Asp Asn Asp Gln Trp Leu Glu Val Ala Gly Arg Ile

330 335 340
cca tca ggt gcg tcc gtg tac ctg tgc ggt ggc gtg gaa ttc ttg aag 1171
Pro Ser Gly Ala Ser Val Tyr Leu Cys Gly Gly Val Glu Phe Leu Lys

345 350 355
aac gtg cgt gag cag atc gag gcg ctc gat gag cag cct cgc gac gta 1219
Asn Val Arg Glu Gln Ile Glu Ala Leu Asp Glu Gln Pro Arg Asp Val

360 365 370
aac ttc gag ctc ttc gca cca aac gac tgg ctg att tcc taagcccaca 1268
Asn Phe Glu Leu Phe Ala Pro Asn Asp Trp Leu Ile Ser

375 380 385
ccccagaact tcc 1281

<210> 790

<211> 386

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 790

```

Leu Ile Val Ser Thr Gln Pro Ile Thr Asp Arg Ser Ala Leu Ser Ala
  1             5             10             15
Glu His Ala Glu Val Ile Lys Ala Thr Leu Pro Leu Val Gly Gly Lys
      20             25             30
Ile Asn Glu Ile Thr Pro Val Phe Tyr
Asn Lys Met Phe Ala Ala His
      35             40             45
Pro Glu Leu Ile Ala Asn Thr Phe Asn Arg Gly Asn Gln Lys Gln Gly
      50             55             60
Asp Gln Gln Lys Ala Leu Ala Ala Ser Ile Ala Thr Phe Ala Thr Met
      65             70             75             80

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

Met Ala Asn Val Leu Ile Gly Phe Glu Asn Asn Leu Tyr Ala Ser Asn
      145            150            155            160

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

Thr Glu Tyr Arg Ile Ala Val Glu Asp Asn Gly Glu Val Ser Gly Phe
      225            230            235            240

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

Thr Tyr Ala Gln Val Glu Glu Val Gln Gly Leu Val Glu Lys Leu Pro
      305            310            315            320

Lys Ala Ala Phe Glu Ile Phe Tyr Arg Asp Asn Asp Gln Trp Leu Glu
      325            330            335
Val Ala Gly Arg Ile Pro Ser Gly Ala Ser Val Tyr Leu Cys Gly Gly
      340            345            350

```

Val Glu Phe Leu Lys Asn Val Arg Glu Gln Ile Glu Ala Leu Asp Glu
 355 360 365
 Gln Pro Arg Asp Val Asn Phe Glu Leu Phe Ala Pro Asn Asp Trp Leu
 370 375 380

Ile Ser

385

<210> 791

<211> 990

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(967)

<223> RXS02560

<400> 791

ttggggcaag ccagctaacg catttcttgt ggaaaccgca gacattgagg ccgcccacgc 60
 ggaacttcta agagcagtgg aatgaaataa tccggtgctg atg cag ggc aac tcg 115
 Met Gln Gly Asn Ser

1 5
 ctt aat ctg gca gac aac agc gag aga aag aag ccc atg ccg tca cca 163
 Leu Asn Leu Ala Asp Asn Ser Glu Arg Lys Lys Pro Met Pro Ser Pro

10 15 20
 gga gaa ctt tta gcc gcc cgc tac gga caa cct gca acc tgg acg cca 211
 Gly Glu Leu Leu Ala Ala Arg Tyr Gly Gln Pro Ala Thr Trp Thr Pro

25 30 35
 ccg cag tgg aat gag acg ctt gat gtc att cac cag cat cga tca gtt 259
 Pro Gln Trp Asn Glu Thr Leu Asp Val Ile His Gln His Arg Ser Val

40 45 50
 cgc agg tgg ttg gat aaa ccg gtt gat gat gac acc atc cgc acc att 307
 Arg Arg Trp Leu Asp Lys Pro Val Asp Asp Asp Thr Ile Arg Thr Ile

55 60 65
 att tcc gcc gca caa tcg gct gga acc tct tcc aat aag cag gtc att 355
 Ile Ser Ala Ala Gln Ser Ala Gly Thr Ser Ser Asn Lys Gln Val Ile

70 75 80 85
 tct gtc atc gtg gtt aaa gat cct gag ctg agg aaa ggc ctc gcg ggg 403
 Ser Val Ile Val Val Lys Asp Pro Glu Leu Arg Lys Gly Leu Ala Gly

90 95 100
 atc act cgc cag atg ttt ccg cac ctt gag cag gtt ccc gcg gtg ctg 451
 Ile Thr Arg Gln Met Phe Pro His Leu Glu Gln Val Pro Ala Val Leu

105 110 115
 att tgg ttg att gat tat tcc cga atc agt gcg gtg gca gcc aga gaa 499
 Ile Trp Leu Ile Asp Tyr Ser Arg Ile Ser Ala Val Ala Ala Arg Glu

120 125 130
 gat ctc cca aca ggg gct ctt gat tat ctc gat gag gcc gcg tgg ggg 547

Asp Leu Pro Thr Gly Ala Leu Asp Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Trp Gly

135 140 145
 ttc ctc gac gcc gga atc gca gct caa aac gct gca att gct gcg gag 595
 Phe Leu Asp Ala Gly Ile Ala Ala Gln Asn Ala Ala Ile Ala Ala Glu

150 155 160 165
 tca ctt gga ttg gga acg ctc tat ttg ggt tgc gtg cgc aac gat gcg 643
 Ser Leu Gly Leu Gly Thr Leu Tyr Leu Gly Ser Val Arg Asn Asp Ala

170 175 180
 gaa gcc gtg cac aaa ttg ctt ggc ctt cca cct gag atc gtg cct gtc 691
 Glu Ala Val His Lys Leu Leu Gly Leu Pro Pro Glu Ile Val Pro Val

185 190 195
 gtg ggc ttg gaa atg ggg cat gcg gat ccg cct gaa cct gcc gga att 739
 Val Gly Leu Glu Met Gly His Ala Asp Pro Pro Glu Pro Ala Gly Ile

200 205 210
 aaa cct ccc ctg cca caa gaa gcc att gtt cac tgg gat acc tac acc 787
 Lys Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Ile Val His Trp Asp Thr Tyr Thr

215 220 225
 gag aaa aac ctc gaa ctt atc gat tcc tac gac cgc gcc ctc gac act 835
 Glu Lys Asn Leu Glu Leu Ile Asp Ser Tyr Asp Arg Ala Leu Asp Thr

230 235 240 245
 tac tat tct cgc tac ggc cag cac cag ctc tgg tgc aag cag acg gcg 883
 Tyr Tyr Ser Arg Tyr Gly Gln His Gln Leu Trp Ser Lys Gln Thr Ala

250 255 260
 cat agg gcg gcg tgc aaa agc ttt tca aaa acc aac agg cag ttc ctt 931
 His Arg Ala Ala Ser Lys Ser Phe Ser Lys Thr Asn Arg Gln Phe Leu

265 270 275
 agg ggc gtg ttt gag cgc gcc ggg ttt ggg ctg aga taaaagcatg 977
 Arg Gly Val Phe Glu Arg Ala Gly Phe Gly Leu Arg

280 285
 attatggacg cct 990
 <210> 792
 <211> 289
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 792
 Met Gln Gly Asn Ser Leu Asn Leu Ala Asp Asn Ser Glu Arg Lys Lys
 1 5 10 15
 Pro Met Pro Ser Pro Gly Glu Leu Leu Ala Ala Arg Tyr Gly Gln Pro
 20 25 30
 Ala Thr Trp Thr Pro Pro Gln Trp Asn Glu Thr
 Leu Asp Val Ile His
 35 40 45
 Gln His Arg Ser Val Arg Arg Trp Leu Asp Lys Pro Val Asp Asp Asp
 50 55 60
 Thr Ile Arg Thr Ile Ile Ser Ala Ala Gln Ser Ala Gly Thr Ser Ser

65	70	75	80
Asn Lys Gln Val Ile Ser Val Ile Val Val Lys Asp Pro Glu Leu Arg			
	85	90	95
Lys Gly Leu Ala Gly Ile Thr Arg Gln Met Phe Pro His Leu Glu Gln			
	100	105	110
Val Pro Ala Val Leu Ile Trp Leu Ile Asp Tyr Ser Arg Ile Ser Ala			
	115	120	125
Val Ala Ala Arg Glu Asp Leu Pro Thr Gly Ala Leu Asp Tyr Leu Asp			
	130	135	140
Glu Ala Ala Trp Gly Phe Leu Asp Ala Gly Ile Ala Ala Gln Asn Ala			
145	150	155	160
Ala Ile Ala Ala Glu Ser Leu Gly Leu Gly Thr Leu Tyr Leu Gly Ser			
	165	170	175
Val Arg Asn Asp Ala Glu Ala Val His Lys Leu Leu Gly Leu Pro Pro			
	180	185	190
Glu Ile Val Pro Val Val Gly Leu Glu Met Gly His Ala Asp Pro Pro			
	195	200	205
Glu Pro Ala Gly Ile Lys Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Ile Val His			
	210	215	220
Trp Asp Thr Tyr Thr Glu Lys Asn Leu Glu Leu Ile Asp Ser Tyr Asp			
225	230	235	240
Arg Ala Leu Asp Thr Tyr Tyr Ser Arg Tyr Gly Gln His Gln Leu Trp			
	245	250	255
Ser Lys Gln Thr Ala His Arg Ala Ala Ser Lys Ser Phe Ser Lys Thr			
	260	265	270
Asn Arg Gln Phe Leu Arg Gly Val Phe Glu Arg Ala Gly Phe Gly Leu			
	275	280	285
Arg			
<210> 793			
<211> 1425			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1402)			
<223> RXA00382			
<400> 793			
aaaacactat tgaccacccc aatcgetgtt gagagtttgt aaagttcgac tgtcaacgag			60
ctggattggc ttcacagatt gaattaatac aatgacgcac atg aca tcg tcc aat			115
		Met Thr Ser Ser Asn	
		1	5
acg gct cga tcc gca gag tgg ttt gaa aag gct cag aag ctc acc cct			163
Thr Ala Arg Ser Ala Glu Trp Phe Glu Lys Ala Gln Lys Leu Thr Pro			
	10	15	20
ggg ggt gtg aat tct cct gtt cgc gct ttc ggt tca gtt ggc gga caa			211
Gly Gly Val Asn Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Ser Val Gly Gly Gln			

25	30	35	
gcc cgt ttc atc gaa aaa gct cac ggt tca acg ctg atc gat gtg gac	259		
Ala Arg Phe Ile Glu Lys Ala His Gly Ser Thr Leu Ile Asp Val Asp			
40	45	50	
gga aat gaa tac gtt gac ctg gtc tgt tct tgg ggc ccc atg ctg atg	307		
Gly Asn Glu Tyr Val Asp Leu Val Cys Ser Trp Gly Pro Met Leu Met			
55	60	65	
ggt cac gct cac cca gca gtg gtc gag gct gtg cag aag gcc gtc gtg	355		
Gly His Ala His Pro Ala Val Val Glu Ala Val Gln Lys Ala Val Val			
70	75	80	85
gat ggt ctt tct ttc ggc gct ccc acc atc ggt gag gtt gag ttg gcc	403		
Asp Gly Leu Ser Phe Gly Ala Pro Thr Ile Gly Glu Val Glu Leu Ala			
90	95	100	
caa gat atc gtc aag cgc act tct gtg gag gaa gtc cgc ctg gtc aac	451		
Gln Asp Ile Val Lys Arg Thr Ser Val Glu Glu Val Arg Leu Val Asn			
105	110	115	
tcc ggc act gag gcc acc atg tgc gcg gtt cgt ctg gcg cgc ggt tac	499		
Ser Gly Thr Glu Ala Thr Met Ser Ala Val Arg Leu Ala Arg Gly Tyr			
120	125	130	
act cag cgt tcc aag att ttg aag ttt gag ggc tgc tac cac ggc cac	547		
Thr Gln Arg Ser Lys Ile Leu Lys Phe Glu Gly Cys Tyr His Gly His			
135	140	145	
gtc gat gcg ctg ctc gca tct gct ggt tct ggt gtc gca act ttc gct	595		
Val Asp Ala Leu Leu Ala Ser Ala Gly Ser Gly Val Ala Thr Phe Ala			
150	155	160	165
ctg cct gat tcc cca ggc atc acc ggc gct cag act tct gac act att	643		
Leu Pro Asp Ser Pro Gly Ile Thr Gly Ala Gln Thr Ser Asp Thr Ile			
170	175	180	
gtt gtt cct tac aac gac att gaa gcc gtg cgc aac gct ttt gcg gag	691		
Val Val Pro Tyr Asn Asp Ile Glu Ala Val Arg Asn Ala Phe Ala Glu			
185	190	195	
tac cca ggc gag atc gcc tgc atc atc gca gag gca gcc ggt ggc aac	739		
Tyr Pro Gly Glu Ile Ala Cys Ile Ile Ala Glu Ala Ala Gly Gly Asn			
200	205	210	
atg ggc acc gtc gct cca aag gac aac ttt aac gac aag ctt ctc gcg	787		
Met Gly Thr Val Ala Pro Lys Asp Asn Phe Asn Asp Lys Leu Leu Ala			
215	220	225	
atc gct cac gct gac ggc gcg ctg ctg atc ctc gat gaa gtc atg acc	835		
Ile Ala His Ala Asp Gly Ala Leu Leu Ile Leu Asp Glu Val Met Thr			
230	235	240	245
ggc ttc cgc acc tct tac cgt ggc tgg ttc ggc gta gac aag gtt gcc	883		
Gly Phe Arg Thr Ser Tyr Arg Gly Trp Phe Gly Val Asp Lys Val Ala			

250	255	260	
gct gac ctg gtc acc ttc ggc aag gtc gtc tcc ggc ggc cta cct gcc			931
Ala Asp Leu Val Thr Phe Gly Lys Val Val Ser Gly Gly Leu Pro Ala			
265	270	275	
gca gcg ttt ggc ggc aag gct gaa atc atg aac atg ctg gcc cca cag			979
Ala Ala Phe Gly Gly Lys Ala Glu Ile Met Asn Met Leu Ala Pro Gln			
280	285	290	
ggc ccc gtc tac caa gca ggc aca ctg tcc ggc aac ccg gtt gcg gtc			1027
Gly Pro Val Tyr Gln Ala Gly Thr Leu Ser Gly Asn Pro Val Ala Val			
295	300	305	
gca gct ggt cgg gca tcg ctt aag ctt gcc gac gaa tcc ctc tac aca			1075
Ala Ala Gly Arg Ala Ser Leu Lys Leu Ala Asp Glu Ser Leu Tyr Thr			
310	315	320	325
acc atc aac gcc aac gca gat cgt ctc cac ggt ttg atc tct gat gcc			1123
Thr Ile Asn Ala Asn Ala Asp Arg Leu His Gly Leu Ile Ser Asp Ala			
330	335	340	
tta acc cac gaa ggc gta gcc cac cac att cag cgt gcc tca aac atg			1171
Leu Thr His Glu Gly Val Ala His His Ile Gln Arg Ala Ser Asn Met			
345	350	355	
ctg tct atc cgt ttt gca gaa ggt gag ggc cac aac ttc tct gat atg			1219
Leu Ser Ile Arg Phe Ala Glu Gly Glu Gly His Asn Phe Ser Asp Met			
360	365	370	
aag gca gcc gac atc ttc cgc ttc gca ccg ttc ttc cac act ttg ctg			1267
Lys Ala Ala Asp Ile Phe Arg Phe Ala Pro Phe Phe His Thr Leu Leu			
375	380	385	
gac aac ggc gtc tac gca cca cca agc gtt ttc gaa acc tgg ttt gtg			1315
Asp Asn Gly Val Tyr Ala Pro Pro Ser Val Phe Glu Thr Trp Phe Val			
390	395	400	405
tct tcc gct ctc acg gac gat gat ttc tcc aag atc gag cag gca ctc			1363
Ser Ser Ala Leu Thr Asp Asp Asp Phe Ser Lys Ile Glu Gln Ala Leu			
410	415	420	
aag ccc gcc gca cgt gca gca gca gaa gcg aag gca tca tgacgcaaac			1412
Lys Pro Ala Ala Arg Ala Ala Ala Glu Ala Lys Ala Ser			
425	430		
cattgtccat cta			1425
<210> 794			
<211> 434			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 794			
Met Thr Ser Ser Asn Thr Ala Arg Ser Ala Glu Trp Phe Glu Lys Ala			
1 5 10 15			
Gln Lys Leu Thr Pro Gly Gly Val Asn Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly			
20 25 30			
Ser Val Gly Gly Gln Ala Arg Phe Ile			

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

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

Cys Tyr His Gly His Val Asp Ala Leu Leu Ala Ser Ala Gly Ser Gly
 145 150 155 160

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

Asp Lys Leu Leu Ala Ile Ala His Ala Asp Gly Ala Leu Leu Ile Leu
 225 230 235 240

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

Asn Pro Val Ala Val Ala Ala Gly Arg Ala Ser Leu Lys Leu Ala Asp
 305 310 315 320

Glu Ser Leu Tyr Thr Thr Ile Asn Ala Asn Ala Asp Arg Leu His Gly
 325 330 335
 Leu Ile Ser Asp Ala Leu Thr His Glu Gly Val Ala His His Ile Gln
 340 345 350
 Arg Ala Ser Asn Met Leu Ser Ile Arg Phe Ala Glu Gly Glu Gly His
 355 360 365
 Asn Phe Ser Asp Met Lys Ala Ala Asp Ile Phe Arg Phe Ala Pro Phe
 370 375 380

Phe His Thr Leu Leu Asp Asn Gly Val Tyr Ala Pro Pro Ser Val Phe
 385 390 395 400

Glu Thr Trp Phe Val Ser Ser Ala Leu Thr Asp Asp Asp Phe Ser Lys

405 410 415
 Ile Glu Gln Ala Leu Lys Pro Ala Ala Arg Ala Ala Ala Glu Ala Lys
 420 425 430
 Ala Ser

 <210> 795
 <211> 1233
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1210)
 <223> RXA00156
 <400> 795
 accgagagcg tggtagcgct catttagttt ctcctatga atcttgatgt ggttcatgcg 60
 tttttatgca atatcaacca aaagttggta cgatcctcat atg aat gaa cgc aca 115
 Met Asn Glu Arg Thr

 1 5
 tcg gat gca ttt gac gcc ctc ctt gtg ctc tcc ttc ggt ggt ccc gaa 163
 Ser Asp Ala Phe Asp Ala Leu Leu Val Leu Ser Phe Gly Gly Pro Glu

 10 15 20
 ggg cac gag gag gtt cgt ccg ttt ttg gag aat gtc act cac gga agg 211
 Gly His Glu Glu Val Arg Pro Phe Leu Glu Asn Val Thr His Gly Arg

 25 30 35
 ggg att ccg ccg gaa cgt cta gat gaa gtg gcg gtt cat tac cac cac 259
 Gly Ile Pro Pro Glu Arg Leu Asp Glu Val Ala Val His Tyr His His

 40 45 50
 ttc ggt ggt atc agc ccc atc aat gcg ctg aac agg gaa att atc gcc 307
 Phe Gly Gly Ile Ser Pro Ile Asn Ala Leu Asn Arg Glu Ile Ile Ala

 55 60 65
 aat gtg gaa aaa gaa ttg gcg tct cgc gat cac aag ctg cct gtt tat 355
 Asn Val Glu Lys Glu Leu Ala Ser Arg Asp His Lys Leu Pro Val Tyr

 70 75 80 85
 ttt ggt aac cgc aac tgg aag ccg ttt gat aat gag gcc gct gaa caa 403
 Phe Gly Asn Arg Asn Trp Lys Pro Phe Asp Asn Glu Ala Ala Glu Gln

 90 95 100
 atg gct gat gac ggc gtg aaa aac gcg ctg gtg ttg gca act tcc gct 451
 Met Ala Asp Asp Gly Val Lys Asn Ala Leu Val Leu Ala Thr Ser Ala

 105 110 115
 tgg ggt ggc tac tcc ggt tgt cgg cag tac cag gaa gat att cag ggc 499
 Trp Gly Gly Tyr Ser Gly Cys Arg Gln Tyr Gln Glu Asp Ile Gln Gly

 120 125 130
 atg atc aag cac ctg gag tct cag ggg cag tcg atc acg ttc acc aag 547
 Met Ile Lys His Leu Glu Ser Gln Gly Gln Ser Ile Thr Phe Thr Lys

 135 140 145

ctg cgt cag ttc tac gat cac cct cgt ttt gtc tcc acc atg gct caa	595			
Leu Arg Gln Phe Tyr Asp His Pro Arg Phe Val Ser Thr Met Ala Gln				
150	155	160	165	
ttg gtt cag gat tcc tac gcg aag ctt ccc gat gag ctg cga gat gag	643			
Leu Val Gln Asp Ser Tyr Ala Lys Leu Pro Asp Glu Leu Arg Asp Glu				
170	175	180		
gcg cgt ctg gtc ttc acc gcg cac tcc att cca ctg act gcg gac aat	691			
Ala Arg Leu Val Phe Thr Ala His Ser Ile Pro Leu Thr Ala Asp Asn				
185	190	195		
gct gcg gga acc cct gag gat ggc tcc ttg tat tcc aca cag gtc aag	739			
Ala Ala Gly Thr Pro Glu Asp Gly Ser Leu Tyr Ser Thr Gln Val Lys				
200	205	210		
gaa gcg tca gca ctg att gct gag gct gtt ggt gtg tca gat ttt gat	787			
Glu Ala Ser Ala Leu Ile Ala Glu Ala Val Gly Val Ser Asp Phe Asp				
215	220	225		
gtg gtg tgg cag tcc cgc tgc ggt agc ccg cac act ccg tgg ctg gag	835			
Val Val Trp Gln Ser Arg Ser Gly Ser Pro His Thr Pro Trp Leu Glu				
230	235	240	245	
cct gac atc gtg gat cac gca gtg gag ctc aac gag aag ggt caa aaa	883			
Pro Asp Ile Val Asp His Ala Val Glu Leu Asn Glu Lys Gly Gln Lys				
250	255	260		
gcg ctc gtt gtc tgc cct gta ggc ttt att tct gat cat atg gaa gtc	931			
Ala Leu Val Val Cys Pro Val Gly Phe Ile Ser Asp His Met Glu Val				
265	270	275		
att tgg gat ctt gat tcc gag ctg atg gaa gaa gcc gag aag cgc aac	979			
Ile Trp Asp Leu Asp Ser Glu Leu Met Glu Glu Ala Glu Lys Arg Asn				
280	285	290		
atg gtg gtc gag cgt gtc gct acc gtt ggc ccc acc gat gaa ttc gca	1027			
Met Val Val Glu Arg Val Ala Thr Val Gly Pro Thr Asp Glu Phe Ala				
295	300	305		
gcc ctt gtg gtt gat ctc atc gag gag gca gag ctc aag cgc gtt atc	1075			
Ala Leu Val Val Asp Leu Ile Glu Glu Ala Glu Leu Lys Arg Val Ile				
310	315	320	325	
gag cgc ctt gga aag ctg cca gca cgc gga agt tcc gtc aac ggc gca	1123			
Glu Arg Leu Gly Lys Leu Pro Ala Arg Gly Ser Ser Val Asn Gly Ala				
330	335	340		
ccg tgt ggc gac ggc tgc tgt ggt acc gcc aag cat aaa acc gcg cgg	1171			
Pro Cys Gly Asp Gly Cys Cys Gly Thr Ala Lys His Lys Thr Ala Arg				
345	350	355		
gtg aac ccc aac gct cgc tca gcg gcg cca gct gcc aac taggagtgat	1220			
Val Asn Pro Asn Ala Arg Ser Ala Ala Pro Ala Ala Asn				
360	365	370		

agtcctcgc aaa 1233
 <210> 796
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 796
 Met Asn Glu Arg Thr Ser Asp Ala Phe Asp Ala Leu Leu Val Leu Ser
 1 5 10 15
 Phe Gly Gly Pro Glu Gly His Glu Glu Val Arg Pro Phe Leu Glu Asn
 20 25 30
 Val Thr His Gly Arg Gly Ile Pro Pro Glu Arg Leu Asp Glu Val Ala
 35 40
 45
 Val His Tyr His His Phe Gly Gly Ile Ser Pro Ile Asn Ala Leu Asn
 50 55 60
 Arg Glu Ile Ile Ala Asn Val Glu Lys Glu Leu Ala Ser Arg Asp His
 65 70 75 80
 Lys Leu Pro Val Tyr Phe Gly Asn Arg Asn Trp Lys Pro Phe Asp Asn
 85 90 95
 Glu Ala Ala Glu Gln Met Ala Asp Asp Gly Val Lys Asn Ala Leu Val
 100 105 110
 Leu Ala Thr Ser Ala Trp Gly Gly Tyr Ser Gly Cys Arg Gln Tyr Gln
 115 120 125
 Glu Asp Ile Gln Gly Met Ile Lys His Leu Glu Ser Gln Gly Gln Ser
 130 135 140
 Ile Thr Phe Thr Lys Leu Arg Gln Phe Tyr Asp His Pro Arg Phe Val
 145 150 155 160
 Ser Thr Met Ala Gln Leu Val Gln Asp Ser Tyr Ala Lys Leu Pro Asp
 165 170 175
 Glu Leu Arg Asp Glu Ala Arg Leu Val Phe Thr Ala His Ser Ile Pro
 180 185 190
 Leu Thr Ala Asp Asn Ala Ala Gly Thr Pro Glu Asp Gly Ser Leu Tyr
 195 200 205
 Ser Thr Gln Val Lys Glu Ala Ser Ala Leu Ile Ala Glu Ala Val Gly
 210 215 220
 Val Ser Asp Phe Asp Val Val Trp Gln Ser Arg Ser Gly Ser Pro His
 225 230 235 240
 Thr Pro Trp Leu Glu Pro Asp Ile Val Asp His Ala Val Glu Leu Asn
 245 250 255
 Glu Lys Gly Gln Lys Ala Leu Val Val Cys Pro Val Gly Phe Ile Ser
 260 265 270
 Asp His Met Glu Val Ile Trp Asp Leu Asp Ser Glu Leu Met Glu Glu
 275 280 285
 Ala Glu Lys Arg Asn Met Val Val Glu Arg Val Ala Thr Val Gly Pro
 290 295 300
 Thr Asp Glu Phe Ala Ala Leu Val Val Asp Leu Ile Glu Glu Ala Glu
 305 310 315 320
 Leu Lys Arg Val Ile Glu Arg Leu Gly Lys Leu Pro Ala Arg Gly Ser
 325 330 335
 Ser Val Asn Gly Ala Pro Cys Gly Asp Gly Cys Cys Gly Thr Ala Lys

```

          340          345          350
His Lys Thr Ala Arg Val Asn Pro Asn Ala Arg Ser Ala Ala Pro Ala
          355          360          365
Ala Asn

          370
<210> 797
<211> 810
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(787)
<223> RXA00624
<400> 797
tccatgacgt tttgaatgga aaatctccat ttgtggagtt agaagaagac cactagtttt 60
caacaggacg acaacggccg gacatgcgac aatacaatgc atg tcc ggc cgt ctt 115
Met Ser Gly Arg Leu

          1          5
ctt gtt tca gtt tct agt att ttc gac cag acc cga tcg gcg gct gac 163
Leu Val Ser Val Ser Ser Ile Phe Asp Gln Thr Arg Ser Ala Ala Asp

          10          15          20
agg ctc att tca gac ctg cga gcc gac ggc atc gag gtc tca tta ctt 211
Arg Leu Ile Ser Asp Leu Arg Ala Asp Gly Ile Glu Val Ser Leu Leu

          25          30          35
gtc gca ccc cgc atc gat ggg gac tgg cgt ctc gcc aaa gac aaa ggg 259
Val Ala Pro Arg Ile Asp Gly Asp Trp Arg Leu Ala Lys Asp Lys Gly

          40          45          50
acc ctc gcg tgg atg gaa caa caa cgc gaa cgc ggc cac gaa ctc atc 307
Thr Leu Ala Trp Met Glu Gln Gln Arg Glu Arg Gly His Glu Leu Ile

          55          60          65
ctc aac ggt ttc gac caa gca gtt cag gga cgt cgc tca gaa ttc gcc 355
Leu Asn Gly Phe Asp Gln Ala Val Gln Gly Arg Arg Ser Glu Phe Ala

          70          75          80          85
aac ctt gaa cgg cac gaa gca cgt ctt cgc ctt acc ggt gcc att agg 403
Asn Leu Glu Arg His Glu Ala Arg Leu Arg Leu Thr Gly Ala Ile Arg

          90          95          100
caa atg cag aaa att ggc ttc gaa ttc caa atc ttt gcc cca cct cgt 451
Gln Met Gln Lys Ile Gly Phe Glu Phe Gln Ile Phe Ala Pro Pro Arg

          105          110          115
tgg aga atg tca gaa ggc acc ttc gcg gta ctc cca gaa ttt gat ttc 499
Trp Arg Met Ser Glu Gly Thr Phe Ala Val Leu Pro Glu Phe Asp Phe

          120          125          130
aac gtc gcc gcc tcg acc agg gga tta cat aac ctc gac acc ggc gaa 547
Asn Val Ala Ala Ser Thr Arg Gly Leu His Asn Leu Asp Thr Gly Glu

```

135	140	145	
ttc ttg gcg tgt aga aac ctc tcc gtg ggt gaa ggt ttt ggt gct gca	595		
Phe Leu Ala Cys Arg Asn Leu Ser Val Gly Glu Gly Phe Gly Ala Ala			
150	155	160	165
aaa tgg tgg cgc aag aat gtc atc aag gct gtc act cgt gga gcg gaa	643		
Lys Trp Trp Arg Lys Asn Val Ile Lys Ala Val Thr Arg Gly Ala Glu			
170	175	180	
aaa gga aat aca gtg cgc ttg tcc gca tcg gcg cga aat ctc acc aac	691		
Lys Gly Asn Thr Val Arg Leu Ser Ala Ser Ala Arg Asn Leu Thr Asn			
185	190	195	
cct aaa gtc gca gct gac ttc cgg gaa gct gca tta gct gcc ttg gat	739		
Pro Lys Val Ala Ala Asp Phe Arg Glu Ala Ala Leu Ala Ala Leu Asp			
200	205	210	
ttg ggt gct cag gtg caa acc tat tct cag gcg gcc gca caa ctg gcc	787		
Leu Gly Ala Gln Val Gln Thr Tyr Ser Gln Ala Ala Ala Gln Leu Ala			
215	220	225	
tagttgggga ggttcggggc acc	810		
<210> 798			
<211> 229			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 798			
Met Ser Gly Arg Leu Leu Val Ser Val Ser Ser Ile Phe Asp Gln Thr			
1 5 10 15			
Arg Ser Ala Ala Asp Arg Leu Ile Ser Asp Leu Arg Ala Asp Gly Ile			
20 25 30			
Glu Val Ser Leu Leu Val Ala			
Pro Arg Ile Asp Gly Asp Trp Arg Leu			
35 40 45			
Ala Lys Asp Lys Gly Thr Leu Ala Trp Met Glu Gln Gln Arg Glu Arg			
50 55 60			
Gly His Glu Leu Ile Leu Asn Gly Phe Asp Gln Ala Val Gln Gly Arg			
65 70 75 80			
Arg Ser Glu Phe Ala Asn Leu Glu Arg His Glu Ala Arg Leu Arg Leu			
85 90 95			
Thr Gly Ala Ile Arg Gln Met Gln Lys Ile Gly Phe Glu Phe Gln Ile			
100 105 110			
Phe Ala Pro Pro Arg Trp Arg Met Ser Glu Gly Thr Phe Ala Val Leu			
115 120 125			
Pro Glu Phe Asp Phe Asn Val Ala Ala Ser Thr Arg Gly Leu His Asn			
130 135 140			
Leu Asp Thr Gly Glu Phe Leu Ala Cys Arg Asn Leu Ser Val Gly Glu			
145 150 155 160			
Gly Phe Gly Ala Ala Lys Trp Trp Arg Lys Asn Val Ile Lys Ala Val			
165 170 175			
Thr Arg Gly Ala Glu Lys Gly Asn Thr Val Arg Leu Ser Ala Ser Ala			
180 185 190			
Arg Asn Leu Thr Asn Pro Lys Val Ala Ala Asp Phe Arg Glu Ala Ala			
195 200 205			

Leu Ala Ala Leu Asp Leu Gly Ala Gln Val Gln Thr Tyr Ser Gln Ala
210 215 220

Ala Ala Gln Leu Ala

225

<210> 799

<211> 956

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(933)

<223> RXA00306

<400> 799

gat tcc ggc att ccc acg cag ttg gtg gag ggc agc tgg ttt gaa ccg 48
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro

1 5 10 15
gtt cgc ggg cgc acc ttt gac cgc atc atc gcc aac ccg ccg ttc gtg 96
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val

20 25 30
gtg gga cca ccg gaa att ggg cat gtg tac cgc gat tcc ggc atg gat 144
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp

35 40 45
cta gac ggc ggc acc gcg ttg gtg gtc aaa gaa gcc tgc gcg cat ctc 192
Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu

50 55 60
aac cct ggt ggc acc gct cac ctg ctc ggc gca tgg gtg cat tcc gcg 240
Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala

65 70 75 80
gat caa tcg tgg cag cag cgc gtt gca gaa tgg ttg ccg gat aac ggt 288
Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly

85 90 95
tat gtt gct tgg gtt att gag cgc gac gcc gtg agc ccc gcg cag tat 336
Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr

100 105 110
gtg ggc acg tgg ctt agt gat gag tcc ctc gat ctg cgt agc ccc gag 384
Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu

115 120 125
gca gca gca cgc acc acc gcg tgg ctt aac cac ttt gaa aaa gcc aag 432
Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys

130 135 140
gtt caa ggc gtt ggt ttt ggt ttc atc gcc atc caa cgt ctg gag gaa 480
Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu

145 150 155 160

gac gag gcg gat gag aaa tcc gat atc ttg gct gaa tcc atg acc cag 528
Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln

165 170 175
tac ttc gag gat cct ctc ggc cct gaa att gag gag tac ttc acc cgc 576
Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg

180 185 190
acc gca tgg ctt cgt gaa caa act cgc gat tcc att ctg agc tcc cgc 624
Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg

195 200 205
ttc aaa gtt cgc cct ggc gtg gcc cgg gaa caa atc agc ctg gcc gat 672
Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp

210 215 220
gcg gaa gaa ggc atg ggc ttt agt cct gtc acg ttg agg ctc acc cgc 720
Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg

225 230 235 240
acc gat ggt cct cgt tgg tcc cat gat gtt gat gag cat gtg gct tcc 768
Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser

245 250 255
atc gtc gca gga ctt aac cca cat gga ctc ccc ttt gaa gaa atc ctg 816
Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu

260 265 270
gaa atg tac gcg atg gct caa ggt atc gag gga gaa tcc ctg cac aac 864
Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn

275 280 285
ggc gcc att gcg gcg ttg gtg gat ctc atc cgc cac gga ttg gtg ttg 912
Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu

290 295 300
ccc gct gat ctt ctc gat tct taaataagga ctgattgtga aag 956
Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser

305 310
<210> 800
<211> 311
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 800
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro
1 5 10 15
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val
20 25 30
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp
35 40 45
Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu
50 55 60
Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala

65	70	75	80
Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly			
	85	90	95
Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr			
	100	105	110
Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu			
	115	120	125
Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys			
	130	135	140
Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu			
145	150	155	160
Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln			
	165	170	175
Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg			
	180	185	190
Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg			
	195	200	205
Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp			
210	215	220	
Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg			
225	230	235	240
Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser			
	245	250	255
Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu			
	260	265	270
Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn			
	275	280	285
Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu			
290	295	300	
Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser			
305	310		
<210> 801			
<211> 1263			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1240)			
<223> RXA00884			
<400> 801			
catcttcggt ttcataccct gcaactctacc ctgtttcttag gaattcgcta tgtttaacat			60
caattaatca tgtatagggg gcaggcacta ggcttggggc atg tca gtt ttt ggt			115
		Met Ser Val Phe Gly	
		1	5
gtg tat att cat gtg ccg ttt tgt tca act cgg tgc ggt tat tgc gat			163
Val Tyr Ile His Val Pro Phe Cys Ser Thr Arg Cys Gly Tyr Cys Asp			

10	15	20	
ttc aac acc tat act gct ggg gaa tta ggt agt act gca ggc ccg gac	211		
Phe Asn Thr Tyr Thr Ala Gly Glu Leu Gly Ser Thr Ala Gly Pro Asp			
25	30	35	
acc tat ctt gac tcg ttg gaa gtt gag ttg gag atg gct gtg gct tcg	259		
Thr Tyr Leu Asp Ser Leu Glu Val Glu Leu Glu Met Ala Val Ala Ser			
40	45	50	
ctg gat aat cct cgg cag gcg gaa act atc ttt att ggc ggg ggt acc	307		
Leu Asp Asn Pro Arg Gln Ala Glu Thr Ile Phe Ile Gly Gly Gly Thr			
55	60	65	
ccg tcg ttg att ggt gcg gac ggt ttg gcc agg gtt ttg ggg gct gtg	355		
Pro Ser Leu Ile Gly Ala Asp Gly Leu Ala Arg Val Leu Gly Ala Val			
70	75	80	85
cgc aat act ttt ggc att gcg gat ggt gcg gaa gtc acc acg gag tcc	403		
Arg Asn Thr Phe Gly Ile Ala Asp Gly Ala Glu Val Thr Thr Glu Ser			
90	95	100	
aat ccg gag tct acc tcg cct gag ttt ttt gat ggc ctg cgt gag gcg	451		
Asn Pro Glu Ser Thr Ser Pro Glu Phe Phe Asp Gly Leu Arg Glu Ala			
105	110	115	
ggc tac aac agg att tcg tta ggg atg cag tcg gcg tcg tca agc gtt	499		
Gly Tyr Asn Arg Ile Ser Leu Gly Met Gln Ser Ala Ser Ser Ser Val			
120	125	130	
ttg aag gtg ctg gac cgc acg cac acc cca ggg cgc ccg gtg gcg gcg	547		
Leu Lys Val Leu Asp Arg Thr His Thr Pro Gly Arg Pro Val Ala Ala			
135	140	145	
gcc aag gag gca cgt gag gcg ggg ttt gag cat gtc aat ttg gac atg	595		
Ala Lys Glu Ala Arg Glu Ala Gly Phe Glu His Val Asn Leu Asp Met			
150	155	160	165
att tat ggc acg ccg aca gag acc gat gat gat gtc cgc aag acg ctg	643		
Ile Tyr Gly Thr Pro Thr Glu Thr Asp Asp Asp Val Arg Lys Thr Leu			
170	175	180	
aat gcg gtg ctc gaa gcg aac gtg gat cac gtg tct gcc tat tcc ttg	691		
Asn Ala Val Leu Glu Ala Asn Val Asp His Val Ser Ala Tyr Ser Leu			
185	190	195	
atc gtg aaa gat ggc acg gcg atg gcg cgc aag gtg cac aag ggc gag	739		
Ile Val Lys Asp Gly Thr Ala Met Ala Arg Lys Val His Lys Gly Glu			
200	205	210	
ctg cca gcg ccg gac gag gat gtc tac gct gat cgt ttt gag ctt atc	787		
Leu Pro Ala Pro Asp Glu Asp Val Tyr Ala Asp Arg Phe Glu Leu Ile			
215	220	225	
gac gct cgc ctg cgc tca gct ggt ttc gat tgg tac gag gtg tcc aac	835		

Asp Ala Arg Leu Arg Ser Ala Gly Phe Asp Trp Tyr Glu Val Ser Asn

230 235 240 245
 tgg ggc aaa ccc ggc gga gaa tgc aag cac aac atg ggc tat tgg gtc 883
 Trp Ala Lys Pro Gly Gly Glu Cys Lys His Asn Met Gly Tyr Trp Val

250 255 260
 gac ggc gac tgg tgg ggc gcg ggc ccg ggc gcg cac tcg cac atc ggc 931
 Asp Gly Asp Trp Trp Gly Ala Gly Pro Gly Ala His Ser His Ile Gly

265 270 275
 gac gcg cgc ttc tac aac atc aag cac cca gcg cgt tac tcc gcg cag 979
 Asp Arg Arg Phe Tyr Asn Ile Lys His Pro Ala Arg Tyr Ser Ala Gln

280 285 290
 att gcg gcc ggc gag ctg ccc att aag gaa aca gag cgg ctg acg gcg 1027
 Ile Ala Ala Gly Glu Leu Pro Ile Lys Glu Thr Glu Arg Leu Thr Ala

295 300 305
 gaa gat cac cac acc gag cgc gtc atg ctt ggt ttg cgc ctg aaa caa 1075
 Glu Asp His His Thr Glu Arg Val Met Leu Gly Leu Arg Leu Lys Gln

310 315 320 325
 ggc gtg ccg ctg aac ctt ttc gca ccc gca gcg cgc ccg gtc atc gac 1123
 Gly Val Pro Leu Asn Leu Phe Ala Pro Ala Ala Arg Pro Val Ile Asp

330 335 340
 cgt cat atc gca ggg ggc ctg ctg cac gtc aat gcg ctg ggc aac ctg 1171
 Arg His Ile Ala Gly Gly Leu Leu His Val Asn Ala Leu Gly Asn Leu

345 350 355
 gcg gtg acc gat gcg gga cgt ttg ctt gcc gac ggc atc atc gcc gac 1219
 Ala Val Thr Asp Ala Gly Arg Leu Leu Ala Asp Gly Ile Ile Ala Asp

360 365 370
 att ttg ctt agt gaa gaa gac taaatattta gtagggttac aga 1263
 Ile Leu Leu Ser Glu Glu Asp

375 380
 <210> 802
 <211> 380
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 802
 Met Ser Val Phe Gly Val Tyr Ile His Val Pro Phe Cys Ser Thr Arg
 1 5 10 15
 Cys Gly Tyr Cys Asp Phe Asn Thr Tyr Thr Ala Gly Glu Leu Gly Ser
 20 25 30
 Thr Ala Gly Pro Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Leu Glu Val Glu Leu Glu
 35 40 45
 Met Ala Val Ala Ser Leu Asp Asn
 Pro Arg Gln Ala Glu Thr Ile Phe
 50 55 60
 Ile Gly Gly Gly Thr Pro Ser Leu Ile Gly Ala Asp Gly Leu Ala Arg
 65 70 75 80

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

Arg Pro Val Ala Ala Ala Lys Glu Ala Arg Glu Ala Gly Phe Glu His
145 150 155 160

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

Arg Phe Glu Leu Ile Asp Ala Arg Leu Arg Ser Ala Gly Phe Asp Trp
225 230 235 240

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

Glu Arg Leu Thr Ala Glu Asp His His Thr Glu Arg Val Met Leu Gly
305 310 315 320

Leu Arg Leu Lys Gln Gly Val Pro Leu Asn Leu Phe Ala Pro Ala Ala
325 330 335
Arg Pro Val Ile Asp Arg His Ile Ala Gly Gly Leu Leu His Val Asn
340 345 350
Ala Leu Gly Asn Leu Ala Val Thr Asp Ala Gly Arg Leu Leu Ala Asp
355 360 365
Gly Ile Ile Ala Asp Ile Leu Leu Ser Glu Glu Asp

370 375 380

<210> 803

<211> 522

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(499)

<223> RXN02503

<400> 803

gcagcaccgg caaccacgtc cgtaacgcg tcagaactgc cggatgcggg tatcgctgca 60
ttcgtgaacg caccttctgc cacacaaacg agggagtaac atg acc tta aaa att 115

Met Thr Leu Lys Ile

1 5

ggt acc cga gga tcc aaa ctt gcc acc acc caa gct ggc acc atc cgc 163
Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln Ala Gly Thr Ile Arg

10 15 20

gac cag ctg aaa cac tac gga cgc gac gct gaa ctg cac atc gtg acc 211
Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu Leu His Ile Val Thr

25 30 35

acc cct ggt gat gtc aac atg tcc cca gtc gag cgt atc ggc gtc ggc 259
Thr Pro Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu Arg Ile Gly Val Gly

40 45 50

gtg ttc acc cag gcg ctg cgc gat gtg ttg cat tcc ggt gaa tgc gat 307
Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His Ser Gly Glu Cys Asp

55 60 65

gtg gct gtg cac tcc atg aag gat ctg ccg acc gcc acc gat cct cga 355
Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr Ala Thr Asp Pro Arg

70 75 80 85

ttc cac ctg gtc gtg cca act cgt gcg gac tcg cgc gag gcc ctt atc 403
Phe His Leu Val Val Pro Thr Arg Ala Asp Ser Arg Glu Ala Leu Ile

90 95 100

gcc cgc gac ggc ctg act ctg gct gag ctt cca gaa agg cgc aaa ggt 451
Ala Arg Asp Gly Leu Thr Leu Ala Glu Leu Pro Glu Arg Arg Lys Gly

105 110 115

ggg aac ttc cgc tcc tcg acg cat ctc cca gct caa ggc aat ccg ccc 499
Gly Asn Phe Arg Ser Ser Thr His Leu Pro Ala Gln Gly Asn Pro Pro

120 125 130

tgacctggag attctccac tgc 522
<210> 804
<211> 133
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 804

Met Thr Leu Lys Ile Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln
1 5 10 15
Ala Gly Thr Ile Arg Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu
20 25 30
Leu His Ile Val Thr Thr Pro
Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu
35 40 45
Arg Ile Gly Val Gly Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His
50 55 60
Ser Gly Glu Cys Asp Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr
65 70 75 80

Ala Thr Asp Pro Arg Phe His Leu Val Val Pro Thr Arg Ala Asp Ser
85 90 95
Arg Glu Ala Leu Ile Ala Arg Asp Gly Leu Thr Leu Ala Glu Leu Pro

100 105 110
 Glu Arg Arg Lys Gly Gly Asn Phe Arg Ser Ser Thr His Leu Pro Ala
 115 120 125
 Gln Gly Asn Pro Pro

130
 <210> 805
 <211> 558
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(535)
 <223> FRXA02503
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> 409, 421
 <223> n = a, c, t, or g
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 96
 <223> Xaa = Ser
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 99
 <223> Xaa = Gly
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 106
 <223> Xaa = Ala or Pro
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 107
 <223> Xaa = Asp or Glu
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 109
 <223> Xaa = Gly or Trp
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 110
 <223> Xaa = Leu
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 112
 <223>
 > Xaa = Phe
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 114
 <223> Xaa = Lys
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 115
 <223> Xaa = Gly or Ala
 <220>
 <221> VARIANT

<222> 116

<223> Xaa = Glu or Gln

<400> 805

gcagcaccgg caaccacgtc cgtcaacgcg tcagaactgc cggatgcggg tatcgtcgca 60
ttcgtgaacg caccttctgc cacacaaacg agggagtaac atg acc tta aaa att 115
Met Thr Leu Lys Ile

1 5
ggt acc cga gga tcc aaa ctt gcc acc acc caa gct ggc acc atc cgc 163
Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln Ala Gly Thr Ile Arg

10 15 20
gac cag ctg aaa cac tac gga cgc gac gct gaa ctg cac atc gtg acc 211
Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu Leu His Ile Val Thr

25 30 35
acc cct ggt gat gtc aac atg tcc cca gtc gag cgt atc ggc gtc ggc 259
Thr Pro Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu Arg Ile Gly Val Gly

40 45 50
gtg ttc acc cag gcg ctg cgc gat gtg ttg cat tcc ggt gaa tgc gat 307
Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His Ser Gly Glu Cys Asp

55 60 65
gtg gct gtg cac tcc atg aag gat ctg ccg acc gcc acc gat cct cga 355
Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr Ala Thr Asp Pro Arg

70 75 80 85
ttc cac ctg gtc gtg cca act cgt gcg gac tck cgc cga ggs cct tat 403
Phe His Leu Val Val Pro Thr Arg Ala Asp Xaa Arg Arg Xaa Pro Tyr

90 95 100
cgc ccn cga cgg sct gan ttt kgg ttr agc tty caa aar gsg saa agg 451
Arg Pro Arg Arg Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Ser Xaa Gln Xaa Xaa Xaa Arg

105 110 115
tgg gaa ctt tcc gct cct cga cgc atc tcc cag ctc aag gca atc cgc 499
Trp Glu Leu Ser Ala Pro Arg Arg Ile Ser Gln Leu Lys Ala Ile Arg

120 125 130
cct gac ctg gag att ctc cca ctt gcg cgg aaa cat tgacaccggc 545
Pro Asp Leu Glu Ile Leu Pro Leu Ala Arg Lys His

135 140 145
atgggcaagg tca 558

<210> 806

<211> 145

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> VARIANT

<222> 96

<223> Xaa = Ser

<220>

<221> VARIANT

<222> 99
 <223> Xaa = Gly
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 106
 <223> Xaa = Ala or Pro
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 107
 <223> Xaa = Asp or Glu
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 109
 <223> Xaa = Gly or Trp
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 110
 <223> Xaa = Leu
 <220>
 <221> VARIANT

<222> 112
 <223> Xaa = Phe
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 114
 <223> Xaa = Lys
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 115
 <223> Xaa = Gly or Ala
 <220>
 <221> VARIANT
 <222> 116
 <223> Xaa = Glu or Gln

<400> 806
 Met Thr Leu Lys Ile Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln
 1 5 10 15
 Ala Gly Thr Ile Arg Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu
 20 25 30
 Leu His Ile Val Thr Thr Pro Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu
 35 40 45
 Arg Ile Gly Val Gly Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His
 50 55 60

Ser Gly Glu Cys Asp Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr
 65 70 75 80

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

His

145

<210> 807

<211> 1245

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1222)

<223> RXA00377

<400> 807

aatggcgctc ggcagggcg cgcaagtact aaccagcaat tccaagccc aaaaaccct 60
cccatatagt tcttttact gatgcattgt cctcaattag gtg tgg ctt ctt ttc 115
Val Trp Leu Leu Phe

1 5
cta aat tgg gat aaa tgg ggc aag att gag cgc atg tct gct ctt act 163
Leu Asn Trp Asp Lys Trp Gly Lys Ile Glu Arg Met Ser Ala Leu Thr

10 15 20
att cca gct gcg cgt cgc acg cta aat aac gcg ccc att att gat gcc 211
Ile Pro Ala Ala Arg Arg Thr Leu Asn Asn Ala Pro Ile Ile Asp Ala

25 30 35
gct aat ggc aag acc ccg act cgc act ccg gtg tgg ttt atg cgc cag 259
Ala Asn Gly Lys Thr Pro Thr Arg Thr Pro Val Trp Phe Met Arg Gln

40 45 50
gcg ggt agg tcg ttg cct gag tac aag aag gtc cgt gag gga atc agc 307
Ala Gly Arg Ser Leu Pro Glu Tyr Lys Lys Val Arg Glu Gly Ile Ser

55 60 65
atg ttg gat tcc tgt ttc atg ccg gag ttg ttg gcg gag att act ttg 355
Met Leu Asp Ser Cys Phe Met Pro Glu Leu Leu Ala Glu Ile Thr Leu

70 75 80 85
cag ccg gtt cgt cgt cat gat gtg gat gct gcg att ttg ttc tct gac 403
Gln Pro Val Arg Arg His Asp Val Asp Ala Ala Ile Leu Phe Ser Asp

90 95 100
att gtg gtg ccg ttg cgt gct gcg ggt gtt ggt gtg gaa atc gtg gcg 451
Ile Val Val Pro Leu Arg Ala Ala Gly Val Gly Val Glu Ile Val Ala

105 110 115
ggt cgt gga cct gtg ttg gat gcg ccg gtg cgg agc cgt ggg gat gtg 499
Gly Arg Gly Pro Val Leu Asp Ala Pro Val Arg Ser Arg Gly Asp Val

120 125 130
ttg aat ctt cct att ttg gag ggc aac gtt ccg gag gtg gag cag ggt 547
Leu Asn Leu Pro Ile Leu Glu Gly Asn Val Pro Glu Val Glu Gln Gly

135 140 145
att ggc atc att ttg gat gag ttg tct gat tct cag gcg ttg att ggt 595

Ile Gly Ile Ile Leu Asp Glu Leu Ser Asp Ser Gln Ala Leu Ile Gly

150 155 160 165
 ttt gct ggt gcg ccg ttt acg ttg gcg agt tac ttg gtt gag ggt ggt 643
 Phe Ala Gly Ala Pro Phe Thr Leu Ala Ser Tyr Leu Val Glu Gly Gly

170 175 180
 cct tcc aag aat cat gag aag acc aaa gca atg atg cat ggt gat cct 691
 Pro Ser Lys Asn His Glu Lys Thr Lys Ala Met Met His Gly Asp Pro

185 190 195
 gag acg tgg cat gcg ttg atg gct cgt ttg gtg ccg acg att gtg aat 739
 Glu Thr Trp His Ala Leu Met Ala Arg Leu Val Pro Thr Ile Val Asn

200 205 210
 tct ttg aag tgc cag atc gat gcg ggt atc gat gcg gtg cag ttg ttt 787
 Ser Leu Lys Ser Gln Ile Asp Ala Gly Ile Asp Ala Val Gln Leu Phe

215 220 225
 gat tgc tgg gct ggg ttc ctc act gag cgt gat tac acc gag ttc gtg 835
 Asp Ser Trp Ala Gly Phe Leu Thr Glu Arg Asp Tyr Thr Glu Phe Val

230 235 240 245
 ttg ccg tat tcc act gag att ttg gag gaa gtg ggc aag tac cag ctg 883
 Leu Pro Tyr Ser Thr Glu Ile Leu Glu Glu Val Gly Lys Tyr Gln Leu

250 255 260
 cct cgt att cac ttt ggt gtg ggt act ggt gag ttg ctt ggt gcg atg 931
 Pro Arg Ile His Phe Gly Val Gly Thr Gly Glu Leu Leu Gly Ala Met

265 270 275
 agc aag gct ggc tca gag gtc atg ggt gtg gat tgg cgg gtg ccg ttg 979
 Ser Lys Ala Gly Ser Glu Val Met Gly Val Asp Trp Arg Val Pro Leu

280 285 290
 gat aag gct gcg gag cgt att gct gcg gta tca ggt cct aag gtg ttg 1027
 Asp Lys Ala Ala Glu Arg Ile Ala Ala Val Ser Gly Pro Lys Val Leu

295 300 305
 cag ggt aac ctc gat cct gcg ttg ttg ttt gcg ggt cgc gca cct ttg 1075
 Gln Gly Asn Leu Asp Pro Ala Leu Leu Phe Ala Gly Arg Ala Pro Leu

310 315 320 325
 act aag gaa att gag cgc atc aag gca gag gct cag act gct gtt gat 1123
 Thr Lys Glu Ile Glu Arg Ile Lys Ala Glu Ala Gln Thr Ala Val Asp

330 335 340
 gca ggt cat gca acg ggc cat atc ttt aac ctt ggt cat ggt gtg ctt 1171
 Ala Gly His Ala Thr Gly His Ile Phe Asn Leu Gly His Gly Val Leu

345 350 355
 cct aat acg gtg gcg gaa gat att act gaa gcc gtc tcc atc att cat 1219
 Pro Asn Thr Val Ala Glu Asp Ile Thr Glu Ala Val Ser Ile Ile His

360 365 370
 tct taaactaaga ggagtttcat gcg 1245

Ser

<210> 808

<211> 374

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 808

```

Val Trp Leu Leu Phe Leu Asn Trp Asp Lys Trp Gly Lys Ile Glu Arg
 1          5          10          15
Met Ser Ala Leu Thr Ile Pro Ala Ala Arg Arg Thr Leu Asn Asn Ala
      20          25          30
Pro Ile Ile Asp Ala Ala Asn Gly Lys Thr Pro Thr Arg Thr Pro Val
      35          40          45
Trp Phe Met Arg Gln Ala Gly Arg
Ser Leu Pro Glu Tyr Lys Lys Val
      50          55          60
Arg Glu Gly Ile Ser Met Leu Asp Ser Cys Phe Met Pro Glu Leu Leu
 65          70          75          80

```

```

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

```

```

Glu Val Glu Gln Gly Ile Gly Ile Ile Leu Asp Glu Leu Ser Asp Ser
145          150          155          160

```

```

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

```

```

Ala Val Gln Leu Phe Asp Ser Trp Ala Gly Phe Leu Thr Glu Arg Asp
225          230          235          240

```

```

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

```

```

Gly Pro Lys Val Leu Gln Gly Asn Leu Asp Pro Ala Leu Leu Phe Ala
305          310          315          320

```

```

Gly Arg Ala Pro Leu Thr Lys Glu Ile Glu Arg Ile Lys Ala Glu Ala

```

													325							330				335									
Gln	Thr	Ala	Val	Asp	Ala	Gly	His	Ala	Thr	Gly	His	Ile	Phe	Asn	Leu																		
													340							345			350										
Gly	His	Gly	Val	Leu	Pro	Asn	Thr	Val	Ala	Glu	Asp	Ile	Thr	Glu	Ala																		
													355							360			365										
Val	Ser	Ile	Ile	His	Ser																												
																	370																
<210>																	809																
<211>																	681																
<212>																	DNA																
<213>																	Corynebacterium glutamicum																
<220>																																	
<221>																	CDS																
<222>																	(101)..(658)																
<223>																	RXN02504																
<400>																	809																
cctcgattcc																	acctggtcgt			gccaaactcgt			gcggactcgc			gcgaggccct			tatcgccgcg			60	
gacggcctga																	ctctggctga			gcttcagaa			aggcgcaaag			gtg gga act tcc gct			115				
																							Val Gly Thr Ser Ala										
																							1			5							
cct cga cgc atc tcc cag ctc aag gca atc cgc cct gac ctg gag att																	163																
Pro Arg Arg Ile Ser Gln Leu Lys Ala Ile Arg Pro Asp Leu Glu Ile																																	
																	10			15			20			211							
ctc cca ctg cgc gga aac att gac acc ggc atg ggc aag gtc acc tcc																																	
Leu Pro Leu Arg Gly Asn Ile Asp Thr Gly Met Gly Lys Val Thr Ser																																	
																	25			30			35			259							
ggg gaa ctc gat gct gtg atg ctc gcc tac gca ggc ctc acc cgc gtc																																	
Gly Glu Leu Asp Ala Val Met Leu Ala Tyr Ala Gly Leu Thr Arg Val																																	
																	40			45			50			307							
ggc atg cag gac cgc gca acg gaa gtt ttc gac gcc gac atc atc atg																																	
Gly Met Gln Asp Arg Ala Thr Glu Val Phe Asp Ala Asp Ile Ile Met																																	
																	55			60			65			355							
ccc gcc ccc gca cag ggc gca ctt gcg atc gaa tgc cgc gcc gac gac																																	
Pro Ala Pro Ala Gln Gly Ala Leu Ala Ile Glu Cys Arg Ala Asp Asp																																	
																	70			75			80			85			403				
act gaa acc gtc cgc gcg ctc aac atg ctg atg cac gcc gac acg ttt																																	
Thr Glu Thr Val Arg Ala Leu Asn Met Leu Met His Ala Asp Thr Phe																																	
																	90			95			100			451							
gtt tcc gcg gtt gca gaa cgc acc gtg ctc aac cgc ctc gaa gct ggc																																	
Val Ser Ala Val Ala Glu Arg Thr Val Leu Asn Arg Leu Glu Ala Gly																																	
																	105			110			115			499							
tgt acc gcg cct gtc gca gcg cac gcc acc ttg gac ggc tac tcc ggc																																	
Cys Thr Ala Pro Val Ala Ala His Ala Thr Leu Asp Gly Tyr Ser Gly																																	
																	120			125			130			547							
gac acc atg act ctc acc gcc ggc gtc tac gca ctt gac ggc tct gac																																	

Asp Thr Met Thr Leu Thr Ala Gly Val Tyr Ala Leu Asp Gly Ser Asp

135 140 145
cag ctg gta ttc tcc gcc gaa ggt gac ggc gcc cgc cca gaa gag ctc 595
Gln Leu Val Phe Ser Ala Glu Gly Asp Gly Ala Arg Pro Glu Glu Leu

150 155 160 165
ggc gag ctc gtt gca caa cag ctt atc gac gcc gga gcc gcc aat ttg 643
Gly Glu Leu Val Ala Gln Gln Leu Ile Asp Ala Gly Ala Ala Asn Leu

170 175 180
ctc ggc gac cgc agc taattagggc ccgaaatttc cat 681
Leu Gly Asp Arg Ser

185
<210> 810
<211> 186
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 810
Val Gly Thr Ser Ala Pro Arg Arg Ile Ser Gln Leu Lys Ala Ile Arg
1 5 10 15
Pro Asp Leu Glu Ile Leu Pro Leu Arg Gly Asn Ile Asp Thr Gly Met
20 25 30
Gly Lys Val Thr Ser Gly Glu Leu Asp Ala Val Met Leu Ala Tyr Ala
35 40 45
Gly Leu
Thr Arg Val Gly Met Gln Asp Arg Ala Thr Glu Val Phe Asp
50 55 60
Ala Asp Ile Ile Met Pro Ala Pro Ala Gln Gly Ala Leu Ala Ile Glu
65 70 75 80

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

Leu Asp Gly Ser Asp Gln Leu Val Phe Ser Ala Glu Gly Asp Gly Ala
145 150 155 160

Arg Pro Glu Glu Leu Gly Glu Leu Val Ala Gln Gln Leu Ile Asp Ala
165 170 175
Gly Ala Ala Asn Leu Leu Gly Asp Arg Ser

180 185
<210> 811
<211> 561
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS

<222> (101)..(538)

<223> FRXA02504

<400> 811

gcatctccca gctcaaggca atccgccctg acctggagat tctcccactt gcgcggaaac 60
attgacaccg gcatgggcaa ggtcacctcc ggtgaactcg atg ctt gtg atg ctc 115
Met Leu Val Met Leu

1 5
gcc tac gca ggc ctc acc cgc gtc ggc atg cag gac cgc gca acg gaa 163
Ala Tyr Ala Gly Leu Thr Arg Val Gly Met Gln Asp Arg Ala Thr Glu

10 15 20
gtt ttc gac gcc gac atc atc atg ccc gcc ccc gca cag ggc gca ctt 211
Val Phe Asp Ala Asp Ile Ile Met Pro Ala Pro Ala Gln Gly Ala Leu

25 30 35
gcg atc gaa tgc cgc gcc gac gac act gaa acc gtc cgc gcg ctc aac 259
Ala Ile Glu Cys Arg Ala Asp Asp Thr Glu Thr Val Arg Ala Leu Asn

40 45 50
atg ctg atg cac gcc gac acg ttt gtt tcc gcg gtt gca gaa cgc acc 307
Met Leu Met His Ala Asp Thr Phe Val Ser Ala Val Ala Glu Arg Thr

55 60 65
gtg ctc aac cgc ctc gaa gct ggc tgt acc gcg cct gtc gca gcg cac 355
Val Leu Asn Arg Leu Glu Ala Gly Cys Thr Ala Pro Val Ala Ala His

70 75 80 85
gcc acc ttg gac ggc tac tcc ggc gac acc atg act ctc acc gcc ggc 403
Ala Thr Leu Asp Gly Tyr Ser Gly Asp Thr Met Thr Leu Thr Ala Gly

90 95 100
gtc tac gca ctt gac ggc tct gac cag ctg gta ttc tcc gcc gaa ggt 451
Val Tyr Ala Leu Asp Gly Ser Asp Gln Leu Val Phe Ser Ala Glu Gly

105 110 115
gac ggc gcc cgc cca gaa gag ctc ggc gag ctc gtt gca caa cag ctt 499
Asp Gly Ala Arg Pro Glu Glu Leu Gly Glu Leu Val Ala Gln Gln Leu

120 125 130
atc gac gcc gga gcc gcc aat ttg ctc ggc gac cgc agc taattagggc 548
Ile Asp Ala Gly Ala Ala Asn Leu Leu Gly Asp Arg Ser

135 140 145
ccgaaatttc cat 561

<210> 812

<211> 146

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 812

Met Leu Val Met Leu Ala Tyr Ala Gly Leu Thr Arg Val Gly Met Gln

1 5 10 15
Asp Arg Ala Thr Glu Val Phe Asp Ala Asp Ile Ile Met Pro Ala Pro

20 25 30
Ala Gln Gly Ala Leu Ala Ile Glu Cys Arg

Ala Asp Asp Thr Glu Thr

35 40 45

Val Arg Ala Leu Asn Met Leu Met His Ala Asp Thr Phe Val Ser Ala
 50 55 60
 Val Ala Glu Arg Thr Val Leu Asn Arg Leu Glu Ala Gly Cys Thr Ala
 65 70 75 80

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

Arg Ser

145

<210> 813

<211> 1449

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1426)

<223> RXN01162

<400> 813

catcgaatac gtgccctgct gaatagatga catcgagag atctataaga gtcagtgggtt 60
 gtcgggggtt cacagtcact tattctatgc aggattcacc atg tat atc gtg ggg 115
 Met Tyr Ile Val Gly

1 5
 att tgt cta caa tta gtg gtt atg agc caa ccg atg tca gca ccc gac 163
 Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro Met Ser Ala Pro Asp

10 15 20
 tcc gct cca gga aca gag cgc ggt cat gaa cgc acc cat ttt gcg gta 211
 Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg Thr His Phe Ala Val

25 30 35
 gtc ggt gac tcc cag gat cca gca cag gca aca gct cct aga gcg cca 259
 Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr Ala Pro Arg Ala Pro

40 45 50
 gca gaa tca att act ttg att ggt att ggt acc gat ggg ttt gag ggg 307
 Ala Glu Ser Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr Asp Gly Phe Glu Gly

55 60 65
 ctc gga ctc aag gca cag caa gca tta caa cgt gcc tct gtg gtg att 355
 Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg Ala Ser Val Val Ile

70 75 80 85
 gga tca tgg cgc cag ctc aat ctc gta cct gat gcc att aag gca gag 403
 Gly Ser Trp Arg Gln Leu Asn Leu Val Pro Asp Ala Ile Lys Ala Glu

90

95

100

cgt cgc cca tgg ccg ggt aat acc aag cat cct gat tta gat gcc ttg	451
Arg Arg Pro Trp Pro Gly Asn Thr Lys His Pro Asp Leu Asp Ala Leu	
105 110 115	
ttt aaa gag ttc ctc ggt cgg cat gtt gct gtt ctg gcc tct ggc gat	499
Phe Lys Glu Phe Leu Gly Arg His Val Ala Val Leu Ala Ser Gly Asp	
120 125 130	
cca ctg ttt tac ggc gtg ggc acc gca atg gtc cat gtg ctg ggg atg	547
Pro Leu Phe Tyr Gly Val Gly Thr Ala Met Val His Val Leu Gly Met	
135 140 145	
gat aga ctc acg gtt att ccg gga cca tca tcc gcg tcg ctt gct tgc	595
Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser Ala Ser Leu Ala Cys	
150 155 160 165	
gcc cgc ttg ggt tgg aca gtc aac cgc aca cgg gtg gtg tac cta gga	643
Ala Arg Leu Gly Trp Thr Val Asn Arg Thr Arg Val Val Tyr Leu Gly	
170 175 180	
caa gaa ccc att gag aca ctc atc ccg att att gaa tca ggc gct caa	691
Gln Glu Pro Ile Glu Thr Leu Ile Pro Ile Ile Glu Ser Gly Ala Gln	
185 190 195	
ttc ctc gtc ttg ggt aaa gat gaa ttc agt aca gct caa gtt gcc acg	739
Phe Leu Val Leu Gly Lys Asp Glu Phe Ser Thr Ala Gln Val Ala Thr	
200 205 210	
ttg ttg aat gaa ctc gga ctg ggg gag act cca ctg act gtg ctc agc	787
Leu Leu Asn Glu Leu Gly Leu Gly Glu Thr Pro Leu Thr Val Leu Ser	
215 220 225	
gat ttg ggc agt act gat gag gag atc acc caa ggc aca gct tca cat	835
Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln Gly Thr Ala Ser His	
230 235 240 245	
cca cca gct gca gtg tct gtt ctc aac gtg att gct gtg gga gct cgc	883
Pro Pro Ala Ala Val Ser Val Leu Asn Val Ile Ala Val Gly Ala Arg	
250 255 260	
acc gca atg ccg aaa ccc cac ttt gaa ggc gac gta tca aac gaa gac	931
Thr Ala Met Pro Lys Pro His Phe Glu Gly Asp Val Ser Asn Glu Asp	
265 270 275	
ctt cgg gca ctg acc gtg gca gct cta gaa ccc acc cag gga caa atg	979
Leu Arg Ala Leu Thr Val Ala Ala Leu Glu Pro Thr Gln Gly Gln Met	
280 285 290	
ctg tgg acc ttc ggg gat att gga gca gca ctt gcc tgc gat tgg cta	1027
Leu Trp Thr Phe Gly Asp Ile Gly Ala Ala Leu Ala Cys Asp Trp Leu	
295 300 305	
cgc gca gcc ggc aac aag gcg cac gcc att agt ttt gcc tcc atg gtt	1075
Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser Phe Ala Ser Met Val	

310 315 320 325
gag caa agc caa agg aat gct cgc aaa cta ggt gta tcc acc ctc agt 1123
Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly Val Ser Thr Leu Ser

330 335 340
gtg aaa gag acc ctg tca ccc aaa acg ctc aaa gat atc cgc tat gta 1171
Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys Asp Ile Arg Tyr Val

345 350 355
caa gga cca gaa tca gca agc cca cat gcc atc ttc atg aac aaa ggc 1219
Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile Phe Met Asn Lys Gly

360 365 370
cta ggc atc gat cta gtt cct gaa acc gca tgg atg atg ctg cgg cct 1267
Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp Met Met Leu Arg Pro

375 380 385
gga gga aag ctc att gcg caa gcc tcc aca gaa gac aac atc gca aag 1315
Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu Asp Asn Ile Ala Lys

390 395 400 405
ctt cac aca ctc caa gaa caa cac ggc gga atc atc aaa cac atc cgc 1363
Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly Ile Ile Lys His Ile Arg

410 415 420
atc gac gac aca gac gtg cac caa tgg cga gtt aca aag ccg gtg act 1411
Ile Asp Asp Thr Asp Val His Gln Trp Arg Val Thr Lys Pro Val Thr

425 430 435
cca gaa gcg gtg aat tagcatcaaa aaccaacccc atg 1449
Pro Glu Ala Val Asn

440
<210> 814
<211> 442
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 814
Met Tyr Ile Val Gly Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro
1 5 10 15
Met Ser Ala Pro Asp Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg
20 25 30
Thr His Phe Ala Val Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr
35 40 45
Ala Pro
Arg Ala Pro Ala Glu Ser Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr
50 55 60
Asp Gly Phe Glu Gly Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg
65 70 75 80

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

130	135	140	
His Val Leu Gly Met Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser			
145	150	155	160
Ala Ser Leu Ala Cys Ala Arg Leu Gly Trp Thr Val Asn Arg Thr Arg			
	165	170	175
Val Val Tyr Leu Gly Gln Glu Pro Ile Glu Thr Leu Ile Pro Ile Ile			
	180	185	190
Glu Ser Gly Ala Gln Phe Leu Val Leu Gly Lys Asp Glu Phe Ser Thr			
	195	200	205
Ala Gln Val Ala Thr Leu Leu Asn Glu Leu Gly Leu Gly Glu Thr Pro			
210	215	220	
Leu Thr Val Leu Ser Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln			
225	230	235	240
Gly Thr Ala Ser His Pro Pro Ala Ala Val Ser Val Leu Asn Val Ile			
	245	250	255
Ala Val Gly Ala Arg Thr Ala Met Pro Lys Pro His Phe Glu Gly Asp			
	260	265	270
Val Ser Asn Glu Asp Leu Arg Ala Leu Thr Val Ala Ala Leu Glu Pro			
	275	280	285
Thr Gln Gly Gln Met Leu Trp Thr Phe Gly Asp Ile Gly Ala Ala Leu			
290	295	300	
Ala Cys Asp Trp Leu Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser			
305	310	315	320
Phe Ala Ser Met Val Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly			
	325	330	335
Val Ser Thr Leu Ser Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys			
	340	345	350
Asp Ile Arg Tyr Val Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile			
	355	360	365
Phe Met Asn Lys Gly Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp			
370	375	380	
Met Met Leu Arg Pro Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu			
385	390	395	400
Asp Asn Ile Ala Lys Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly Ile			
	405	410	415
Ile Lys His Ile Arg Ile Asp Asp Thr Asp Val His Gln Trp Arg Val			
	420	425	430
Thr Lys Pro Val Thr Pro Glu Ala Val Asn			

435 440

<210> 815

<211> 1345

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1345)

<223> FRXA01162

<400> 815

catcgaatac gtgccctgct gaatagatga catcgagag atctataaga gtcagtgtt 60
gtcgggggtt cacagtcact tattctatgc aggattcacc atg tat atc gtg ggg 115
Met Tyr Ile Val Gly

1 5
att tgt cta caa tta gtg gtt atg agc caa ccg atg tca gca ccc gac 163
Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro Met Ser Ala Pro Asp

10 15 20
tcc gct cca gga aca gag cgc ggt cat gaa cgc acc cat ttt gcg gta 211
Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg Thr His Phe Ala Val

25 30 35
gtc ggt gac tcc cag gat cca gca cag gca aca gct cct aga gcg cca 259
Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr Ala Pro Arg Ala Pro

40 45 50
gca gaa tca att act ttg att ggt att ggt acc gat ggg ttt gag ggg 307
Ala Glu Ser Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr Asp Gly Phe Glu Gly

55 60 65
ctc gga ctc aag gca cag caa gca tta caa cgt gcc tct gtg gtg att 355
Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg Ala Ser Val Val Ile

70 75 80 85
gga tca tgg cgc cag ctc aat ctc gta cct gat gcc att aag gca gag 403
Gly Ser Trp Arg Gln Leu Asn Leu Val Pro Asp Ala Ile Lys Ala Glu

90 95 100
cgt cgc cca tgg ccg ggt aat acc aag cat cct gat tta gat gcc ttg 451
Arg Arg Pro Trp Pro Gly Asn Thr Lys His Pro Asp Leu Asp Ala Leu

105 110 115
ttt aaa gag ttc ctc ggt cgg cat gtt gct gtt ctg gcc tct ggc gat 499
Phe Lys Glu Phe Leu Gly Arg His Val Ala Val Leu Ala Ser Gly Asp

120 125 130
cca ctg ttt tac ggc gtg ggc acc gca atg gtc cat gtg ctg ggg atg 547
Pro Leu Phe Tyr Gly Val Gly Thr Ala Met Val His Val Leu Gly Met

135 140 145
gat aga ctc acg gtt att ccg gga cca tca tcc gcg tcg ctt gct tgc 595
Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser Ala Ser Leu Ala Cys

150 155 160 165
gcc cgc ttg ggt tgg aca gtc aac cgc aca cgg gtg gtg tac cta gga 643
Ala Arg Leu Gly Trp Thr Val Asn Arg Thr Arg Val Val Tyr Leu Gly

170 175 180
caa gaa ccc att gag aca ctc atc ccg att att gaa tca ggc gct caa 691
Gln Glu Pro Ile Glu Thr Leu Ile Pro Ile Ile Glu Ser Gly Ala Gln

185 190 195
ttc ctc gtc ttg ggt aaa gat gaa ttc agt aca gct caa gtt gcc acg 739

Phe Leu Val Leu Gly Lys Asp Glu Phe Ser Thr Ala Gln Val Ala Thr

200 205 210
 ttg ttg aat gaa ctc gga ctg ggg gag act cca ctg act gtg ctc agc 787
 Leu Leu Asn Glu Leu Gly Leu Gly Glu Thr Pro Leu Thr Val Leu Ser

215 220 225
 gat ttg ggc agt act gat gag gag atc acc caa ggc aca gct tca cat 835
 Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln Gly Thr Ala Ser His

230 235 240 245
 cca cca gct gca gtg tct gtt ctc aac gtg att gct gtg gga gct cgc 883
 Pro Pro Ala Ala Val Ser Val Leu Asn Val Ile Ala Val Gly Ala Arg

250 255 260
 acc gca atg ccg aaa ccc cac ttt gaa ggc gac gta tca aac gaa gac 931
 Thr Ala Met Pro Lys Pro His Phe Glu Gly Asp Val Ser Asn Glu Asp

265 270 275
 ctt cgg gca ctg acc gtg gca gct cta gaa ccc acc cag gga caa atg 979
 Leu Arg Ala Leu Thr Val Ala Ala Leu Glu Pro Thr Gln Gly Gln Met

280 285 290
 ctg tgg acc ttc ggg gat att gga gca gca ctt gcc tgc gat tgg cta 1027
 Leu Trp Thr Phe Gly Asp Ile Gly Ala Ala Leu Ala Cys Asp Trp Leu

295 300 305
 cgc gca gcc ggc aac aag gcg cac gcc att agt ttt gcc tcc atg gtt 1075
 Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser Phe Ala Ser Met Val

310 315 320 325
 gag caa agc caa agg aat gct cgc aaa cta ggt gta tcc acc ctc agt 1123
 Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly Val Ser Thr Leu Ser

330 335 340
 gtg aaa gag acc ctg tca ccc aaa acg ctc aaa gat atc cgc tat gta 1171
 Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys Asp Ile Arg Tyr Val

345 350 355
 caa gga cca gaa tca gca agc cca cat gcc atc ttc atg aac aaa ggc 1219
 Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile Phe Met Asn Lys Gly

360 365 370
 cta ggc atc gat cta gtt cct gaa acc gca tgg atg atg ctg cgg cct 1267
 Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp Met Met Leu Arg Pro

375 380 385
 gga gga aag ctc att gcg caa gcc tcc aca gaa gac aac atc gca aag 1315
 Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu Asp Asn Ile Ala Lys

390 395 400 405
 ctt cac aca ctc caa gaa caa cac ggc gga 1345
 Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly

410 415
 <210> 816

<211> 415

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 816

```

Met Tyr Ile Val Gly Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro
  1           5           10           15
Met Ser Ala Pro Asp Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg
          20           25           30
Thr His Phe Ala Val Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr
          35           40           45
Ala Pro Arg Ala Pro Ala Glu Ser
Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr
          50           55           60
Asp Gly Phe Glu Gly Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg
  65           70           75           80

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

His Val Leu Gly Met Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser
  145          150          155          160

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

Leu Thr Val Leu Ser Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln
  225          230          235          240

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

Ala Cys Asp Trp Leu Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser
  305          310          315          320

Phe Ala Ser Met Val Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly
          325          330          335
Val Ser Thr Leu Ser Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys
          340          345          350
Asp Ile Arg Tyr Val Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile

```

355	360	365	
Phe Met Asn Lys Gly Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp			
370	375	380	
Met Met Leu Arg Pro Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu			
385	390	395	400
Asp Asn Ile Ala Lys Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly			
405	410	415	
<210> 817			
<211> 873			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(850)			
<223> RXA01692			
<400> 817			
gggctgatgc gaagtcagct tcgagtttga aaggtgcagt attcatggtt caagcctagt	60		
gttcgggttc tggcaattgt tgggactagg attaatgccc atg acg att tcc caa	115		
Met Thr Ile Ser Gln			
1	5		
gaa aac cag cca ata atc cag cca gtc tcc tta att ggt gga ggt cct	163		
Glu Asn Gln Pro Ile Ile Gln Pro Val Ser Leu Ile Gly Gly Gly Pro			
10	15	20	
ggg gca tgg gac tta att acg gtg cgt ggg atg aat cgc ctt cag gag	211		
Gly Ala Trp Asp Leu Ile Thr Val Arg Gly Met Asn Arg Leu Gln Glu			
25	30	35	
gct gat gtc att ttg gct gat cac ttg ggg ccc act gat gag ttg gaa	259		
Ala Asp Val Ile Leu Ala Asp His Leu Gly Pro Thr Asp Glu Leu Glu			
40	45	50	
aaa ttg tgc gac atc agc tcg aag act gtt gtt gat gtg tcc aag ctt	307		
Lys Leu Cys Asp Ile Ser Ser Lys Thr Val Val Asp Val Ser Lys Leu			
55	60	65	
cgc tat ggg cgg cag gtc act cag gag cgt act aat gag atg ctt gtt	355		
Pro Tyr Gly Arg Gln Val Thr Gln Glu Arg Thr Asn Glu Met Leu Val			
70	75	80	85
gaa tac gca cag cag gga cta aag gtg gtt cgc ctt aaa ggt ggt gac	403		
Glu Tyr Ala Gln Gln Gly Leu Lys Val Val Arg Leu Lys Gly Gly Asp			
90	95	100	
cct tat gtc ttc ggt cgg ggt ttt gaa gag ttg gag ttt ttg ggc gag	451		
Pro Tyr Val Phe Gly Arg Gly Phe Glu Glu Leu Glu Phe Leu Gly Glu			
105	110	115	
cat gga att gaa tgc gag gtc att ccg ggt gtg acc agt gcg gtg tcc	499		
His Gly Ile Glu Cys Glu Val Ile Pro Gly Val Thr Ser Ala Val Ser			
120	125	130	

gtt cca gcg gcg gca ggt att cct att act aat cgg gga gtg gtg cat 547
Val Pro Ala Ala Ala Gly Ile Pro Ile Thr Asn Arg Gly Val Val His

135 140 145
tcc ttt acc gtg gtg tct gga cat ttg cct cca ggc cat ccg aag tca 595
Ser Phe Thr Val Val Ser Gly His Leu Pro Pro Gly His Pro Lys Ser

150 155 160 165
ctg gtt gat tgg gct gcg ttg gcc aaa tcg ggt ggc acc ttg tcc atc 643
Leu Val Asp Trp Ala Ala Leu Ala Lys Ser Gly Gly Thr Leu Ser Ile

170 175 180
atc atg ggt gtg aaa aat gcg ggt gcg att gcc cag gcg ctc atg gac 691
Ile Met Gly Val Lys Asn Ala Gly Ala Ile Ala Gln Ala Leu Met Asp

185 190 195
ggc ggg ctt gat gca gat act cca gca gct gtt att cag gaa ggc act 739
Gly Gly Leu Asp Ala Asp Thr Pro Ala Ala Val Ile Gln Glu Gly Thr

200 205 210
act gat gca caa cgc tca gtt cgg tgc acc ttg ggc aca ttg ggt gca 787
Thr Asp Ala Gln Arg Ser Val Arg Cys Thr Leu Gly Thr Leu Gly Ala

215 220 225
gtc atg gtg gag gaa gag att aag cct cca gct gtg tat gtc att gga 835
Val Met Val Glu Glu Glu Ile Lys Pro Pro Ala Val Tyr Val Ile Gly

230 235 240 245
caa gtt gct ggc ctc taagcagatc gcctaagaat ggg 873
Gln Val Ala Gly Leu

250
<210> 818
<211> 250
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 818
Met Thr Ile Ser Gln Glu Asn Gln Pro Ile Ile Gln Pro Val Ser Leu
1 5 10 15
Ile Gly Gly Gly Pro Gly Ala Trp Asp Leu Ile Thr Val Arg Gly Met
20 25 30
Asn Arg Leu Gln Glu Ala Asp Val Ile Leu Ala Asp His Leu Gly Pro
35 40 45
Thr Asp Glu Leu Glu Lys Leu Cys
Asp Ile Ser Ser Lys Thr Val Val
50 55 60
Asp Val Ser Lys Leu Pro Tyr Gly Arg Gln Val Thr Gln Glu Arg Thr
65 70 75 80

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

Arg Gly Val Val His Ser Phe Thr Val Val Ser Gly His Leu Pro Pro
145 150 155 160

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

Gly Thr Leu Gly Ala Val Met Val Glu Glu Glu Ile Lys Pro Pro Ala
225 230 235 240

Val Tyr Val Ile Gly Gln Val Ala Gly Leu
245 250

<210> 819

<211> 1917

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1894)

<223> RXN00371

<400> 819

gtcgtggaca atcccgatc gaaaatttga ttcggctttt ttcattggctg ttgatggagt 60
acgttggtcg ttttcgagac aagtactaga aaagatattg atg act atc gcc cat 115
Met Thr Ile Ala His

1 5
aag ccc gag atg gct gaa act acc ggg atc gag acc aac cag gtt tcc 163
Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu Thr Asn Gln Val Ser

10 15 20
gaa acc atc ggg gtt gaa tcg ctc acg cac gga aac tta cgt cct gtt 211
Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly Asn Leu Arg Pro Val

25 30 35
tca tct ttt gag gga cag cat gag gga caa acg gaa gag tta ctt cca 259
Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr Glu Glu Leu Leu Pro

40 45 50
ggc aaa gtc att ttt gtt ggg gcc ggt ccc ggt aac cct gat ctt ctt 307
Gly Lys Val Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly Asn Pro Asp Leu Leu

55 60 65
aca gtt cgt gcc cgt gaa gtt ctg ggc aac gcg gtt cgt gcg att act 355
Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala Val Arg Ala Ile Thr

70 75 80 85
gat gaa caa gta cta agc ggc gtt cga gct ttt gtc gcc act gaa att 403
Asp Glu Gln Val Leu Ser Gly Val Arg Ala Phe Val Ala Thr Glu Ile

90	95	100	
cct gtg ccg gaa gat aag ctt cag gct gcg gaa gat gag tac gag cgc			451
Pro Val Pro Glu Asp Lys Leu Gln Ala Ala Glu Asp Glu Tyr Glu Arg			
105	110	115	
atc tgc att gaa gcg aag gag aac ggt gca cgc cgt aag cct cct cgt			499
Ile Cys Ile Glu Ala Lys Glu Asn Gly Ala Arg Arg Lys Pro Pro Arg			
120	125	130	
cca gca cca cca acc gct gca gag atc acg gaa gtt tct gag gcg act			547
Pro Ala Pro Pro Thr Ala Ala Glu Ile Thr Glu Val Ser Glu Ala Thr			
135	140	145	
cca gct cag att gtt gag ctt gtg cag gat gct ctt tct tat ggt gga			595
Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala Leu Ser Tyr Gly Gly			
150	155	160	165
gat gtt att cgt ctt gtc acc ggc aac cca ttg agc agc gat gcc aca			643
Asp Val Ile Arg Leu Val Thr Gly Asn Pro Leu Ser Ser Asp Ala Thr			
170	175	180	
ctg gct gag atc tct gca gtt tcc gag gct ggc ctg gag ttc cag gtg			691
Leu Ala Glu Ile Ser Ala Val Ser Glu Ala Gly Leu Glu Phe Gln Val			
185	190	195	
gtt cca ggt atg tct ttg cct gca acg gtt cct gca ttt gcg gga att			739
Val Pro Gly Met Ser Leu Pro Ala Thr Val Pro Ala Phe Ala Gly Ile			
200	205	210	
gcg ttg ggt tct acc tac acc gaa act gat gtc aac ggt caa aac ttg			787
Ala Leu Gly Ser Thr Tyr Thr Glu Thr Asp Val Asn Gly Gln Asn Leu			
215	220	225	
gac tgg gat cag ttg gct agc gca cct cag cct ttg gtg ctg cag gcc			835
Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro Leu Val Leu Gln Ala			
230	235	240	245
cgc gtg gat gac ctt tcc cgt att gca cag gaa cta aag gcc cgc aat			883
Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu Leu Lys Ala Arg Asn			
250	255	260	
atg tct ttg gaa act cct gtt tct gtc acc gct aac ggc acc acc cgt			931
Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala Asn Gly Thr Thr Arg			
265	270	275	
ttg cag cgc acc tat gac acc act tta ggt ctg ttg cac aag ctt gat			979
Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu Leu His Lys Leu Asp			
280	285	290	
gct gaa cta agc gga cct ttg gtt gtt acc ttg ggc aag ggt gtg gat			1027
Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu Gly Lys Gly Val Asp			
295	300	305	
gat cgc tcc aag tac tct tgg tgg gaa aac cgc gct ctg tac ggt tgg			1075

Asp Arg Ser Lys Tyr Ser Trp Trp Glu Asn Arg Ala Leu Tyr Gly Trp

310 315 320 325
cgt gtg ctg gtg cct cgc gct cgg gag caa gcg gca tcc atg tcc gca 1123
Arg Val Leu Val Pro Arg Ala Arg Glu Gln Ala Ala Ser Met Ser Ala

330 335 340
cgt ctg agc agc cac ggc gct atc ccg cag gaa gtc cct acc att tct 1171
Arg Leu Ser Ser His Gly Ala Ile Pro Gln Glu Val Pro Thr Ile Ser

345 350 355
gtc gaa cca ccg cgc aac cca gcg caa atg gaa cgc gcc atc aag ggc 1219
Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu Arg Ala Ile Lys Gly

360 365 370
atc gtc gaa gga cgc tac cag tgg gtt gtc ctc acc agc gtc aac gca 1267
Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu Thr Ser Val Asn Ala

375 380 385
gtg aag gca gtc tgg gag aaa atc acc gaa ttc ggc ctc gat tca cgt 1315
Val Lys Ala Val Trp Glu Lys Ile Thr Glu Phe Gly Leu Asp Ser Arg

390 395 400 405
tcc ttc gcg ggc gtc cgc atc gcc gca gtc ggt gaa aaa acc gcc gct 1363
Ser Phe Ala Gly Val Arg Ile Ala Ala Val Gly Glu Lys Thr Ala Ala

410 415 420
gag atc cgc gcg ctc ggc atc acg ccg gag ctt ctg cct gca cgt acc 1411
Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu Leu Pro Ala Arg Thr

425 430 435
agg caa aat gcg caa ggg ctt gtc gac gtg ttc ccc gaa tat ttc gaa 1459
Arg Gln Asn Ala Gln Gly Leu Val Asp Val Phe Pro Glu Tyr Phe Glu

440 445 450
gaa ctc gat cca gtc ggc cgt gtc ctc ttg ccg cgc gca gat atc gca 1507
Glu Leu Asp Pro Val Gly Arg Val Leu Leu Pro Arg Ala Asp Ile Ala

455 460 465
acc gac gtg ctt gtc gac ggc ctg acc cac ctt ggt tgg gaa gtc gaa 1555
Thr Asp Val Leu Val Asp Gly Leu Thr His Leu Gly Trp Glu Val Glu

470 475 480 485
gac gtg gtg gct tac cgc acc gtc cgc gca gca cca cca agc gct gat 1603
Asp Val Val Ala Tyr Arg Thr Val Arg Ala Ala Pro Pro Ser Ala Asp

490 495 500
atc cga gat atg atc aag acc ggc gga ttt gat gca gtt gcc ttc acc 1651
Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp Ala Val Ala Phe Thr

505 510 515
tct tcg tcg acc gtg aag aac ctc gtt ggt atc gcg ggt aaa cca cac 1699
Ser Ser Ser Thr Val Lys Asn Leu Val Gly Ile Ala Gly Lys Pro His

520 525 530
cca cgc acc atc gtc gcg tgc atc gga ccc atg act gca gcg acc gct 1747

Pro Arg Thr Ile Val Ala Cys Ile Gly Pro Met Thr Ala Ala Thr Ala

535 540 545
gaa gaa ctg gga ctg cgc gtt gat gtc atg cca gag atc gcc gaa gta 1795
Glu Glu Leu Gly Leu Arg Val Asp Val Met Pro Glu Ile Ala Glu Val

550 555 560 565
cca gaa ctg atc gac gct ctt gcg gaa cac gtg gcg gat ctg cgc gct 1843
Pro Glu Leu Ile Asp Ala Leu Ala Glu His Val Ala Asp Leu Arg Ala

570 575 580
aag ggc gag ctg ccg ccg ccg agg aag aaa cgc agg cgt cga aaa gcg 1891
Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Arg Arg Arg Lys Ala

585 590 595
tct taaaagggttt ttactaggg tgt 1917
Ser

<210> 820

<211> 598

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 820

Met Thr Ile Ala His Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu
1 5 10 15
Thr Asn Gln Val Ser Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly
20 25 30
Asn Leu Arg Pro Val Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr
35 40 45
Glu Glu Leu Leu Pro Gly Lys Val
Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly
50 55 60
Asn Pro Asp Leu Leu Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala
65 70 75 80

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

Val Ser Glu Ala Thr Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala
145 150 155 160

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

Asn Gly Gln Asn Leu Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro

225	230	235	240
Leu Val Leu Gln Ala Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu			
	245	250	255
Leu Lys Ala Arg Asn Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala			
	260	265	270
Asn Gly Thr Thr Arg Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu			
	275	280	285
Leu His Lys Leu Asp Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu			
	290	295	300
Gly Lys Gly Val Asp Asp Arg Ser Lys Tyr Ser Trp Trp Glu Asn Arg			
305	310	315	320
Ala Leu Tyr Gly Trp Arg Val Leu Val Pro Arg Ala Arg Glu Gln Ala			
	325	330	335
Ala Ser Met Ser Ala Arg Leu Ser Ser His Gly Ala Ile Pro Gln Glu			
	340	345	350
Val Pro Thr Ile Ser Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu			
	355	360	365
Arg Ala Ile Lys Gly Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu			
	370	375	380
Thr Ser Val Asn Ala Val Lys Ala Val Trp Glu Lys Ile Thr Glu Phe			
385	390	395	400
Gly Leu Asp Ser Arg Ser Phe Ala Gly Val Arg Ile Ala Ala Val Gly			
	405	410	415
Glu Lys Thr Ala Ala Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu			
	420	425	430
Leu Pro Ala Arg Thr Arg Gln Asn Ala Gln Gly Leu Val Asp Val Phe			
	435	440	445
Pro Glu Tyr Phe Glu Glu Leu Asp Pro Val Gly Arg Val Leu Leu Pro			
	450	455	460
Arg Ala Asp Ile Ala Thr Asp Val Leu Val Asp Gly Leu Thr His Leu			
465	470	475	480
Gly Trp Glu Val Glu Asp Val Val Ala Tyr Arg Thr Val Arg Ala Ala			
	485	490	495
Pro Pro Ser Ala Asp Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp			
	500	505	510
Ala Val Ala Phe Thr Ser Ser Ser Thr Val Lys Asn Leu Val Gly Ile			
	515	520	525
Ala Gly Lys Pro His Pro Arg Thr Ile Val Ala Cys Ile Gly Pro Met			
	530	535	540
Thr Ala Ala Thr Ala Glu Glu Leu Gly Leu Arg Val Asp Val Met Pro			
545	550	555	560
Glu Ile Ala Glu Val Pro Glu Leu Ile Asp Ala Leu Ala Glu His Val			
	565	570	575
Ala Asp Leu Arg Ala Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg			
	580	585	590
Arg Arg Arg Lys Ala Ser			

595
 <210> 821
 <211> 1024
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1024)
 <223> FRXA00371
 <400> 821
 gtcgtggaca atccccggatc gaaaatttga ttcggctttt ttcattggctg ttgatggagt 60
 acgttggctg ttttcgagac aagtactaga aaagatatg atg act atc gcc cat 115
 Met Thr Ile Ala His

 1 5
 aag ccc gag atg gct gaa act acc ggg atc gag acc aac cag gtt tcc 163
 Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu Thr Asn Gln Val Ser

 10 15 20
 gaa acc atc ggg gtt gaa tcg ctc acg cac gga aac tta cgt cct gtt 211
 Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly Asn Leu Arg Pro Val

 25 30 35
 tca tct ttt gag gga cag cat gag gga caa acg gaa gag tta ctt cca 259
 Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr Glu Glu Leu Leu Pro

 40 45 50
 ggc aaa gtc att ttt gtt ggg gcc ggt ccc ggt aac cct gat ctt ctt 307
 Gly Lys Val Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly Asn Pro Asp Leu Leu

 55 60 65
 aca gtt cgt gcc cgt gaa gtt ctg ggc aac gcg gtt cgt gcg att act 355
 Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala Val Arg Ala Ile Thr

 70 75 80 85
 gat gaa caa gta cta agc ggc gtt cga gct ttt gtc gcc act gaa att 403
 Asp Glu Gln Val Leu Ser Gly Val Arg Ala Phe Val Ala Thr Glu Ile

 90 95 100
 cct gtg ccg gaa gat aag ctt cag gct gcg gaa gat gag tac gag cgc 451
 Pro Val Pro Glu Asp Lys Leu Gln Ala Ala Glu Asp Glu Tyr Glu Arg

 105 110 115
 atc tgc att gaa gcg aag gag aac ggt gca cgc cgt aag cct cct cgt 499
 Ile Cys Ile Glu Ala Lys Glu Asn Gly Ala Arg Arg Lys Pro Pro Arg

 120 125 130
 cca gca cca cca acc gct gca gag atc acg gaa gtt tct gag gcg act 547
 Pro Ala Pro Pro Thr Ala Ala Glu Ile Thr Glu Val Ser Glu Ala Thr

 135 140 145
 cca gct cag att gtt gag ctt gtg cag gat gct ctt tct tat ggt gga 595
 Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala Leu Ser Tyr Gly Gly

 150 155 160 165

gat gtt att cgt ctt gtc acc ggc aac cca ttg agc agc gat gcc aca 643
Asp Val Ile Arg Leu Val Thr Gly Asn Pro Leu Ser Ser Asp Ala Thr

170 175 180
ctg gct gag atc tct gca gtt tcc gag gct ggc ctg gag ttc cag gtg 691
Leu Ala Glu Ile Ser Ala Val Ser Glu Ala Gly Leu Glu Phe Gln Val

185 190 195
gtt cca ggt atg tct ttg cct gca acg gtt cct gca ttt gcg gga att 739
Val Pro Gly Met Ser Leu Pro Ala Thr Val Pro Ala Phe Ala Gly Ile

200 205 210
gcg ttg ggt tct acc tac acc gaa act gat gtc aac ggt caa aac ttg 787
Ala Leu Gly Ser Thr Tyr Thr Glu Thr Asp Val Asn Gly Gln Asn Leu

215 220 225
gac tgg gat cag ttg gct agc gca cct cag cct ttg gtg ctg cag gcc 835
Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro Leu Val Leu Gln Ala

230 235 240 245
cgc gtg gat gac ctt tcc cgt att gca cag gaa cta aag gcc cgc aat 883
Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu Leu Lys Ala Arg Asn

250 255 260
atg tct ttg gaa act cct gtt tct gtc acc gct aac ggc acc acc cgt 931
Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala Asn Gly Thr Thr Arg

265 270 275
ttg cag cgc acc tat gac acc act tta ggt ctg ttg cac aag ctt gat 979
Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu Leu His Lys Leu Asp

280 285 290
gct gaa cta agc gga cct ttg gtt gtt acc ttg ggc aag ggt gtg 1024
Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu Gly Lys Gly Val

295 300 305
<210> 822
<211> 308
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 822
Met Thr Ile Ala His Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu
1 5 10 15
Thr Asn Gln Val Ser Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly
20 25 30
Asn Leu Arg Pro Val Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr
35 40 45
Glu Glu Leu Leu Pro Gly Lys Val Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly
50 55 60
Asn Pro Asp Leu Leu Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala
65 70 75 80
Val Arg Ala Ile Thr Asp Glu Gln Val Leu Ser Gly Val Arg Ala Phe
85 90 95
Val Ala Thr Glu Ile Pro Val Pro Glu Asp Lys Leu Gln Ala Ala Glu

100 105 110
 Asp Glu Tyr Glu Arg Ile Cys Ile Glu Ala Lys Glu Asn Gly Ala Arg
 115 120 125
 Arg Lys Pro Pro Arg Pro Ala Pro Pro Thr Ala Ala Glu Ile Thr Glu
 130 135 140
 Val Ser Glu Ala Thr Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala
 145 150 155 160
 Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Val Ile Arg Leu Val Thr Gly Asn Pro Leu
 165 170 175
 Ser Ser Asp Ala Thr Leu Ala Glu Ile Ser Ala Val Ser Glu Ala Gly
 180 185 190
 Leu Glu Phe Gln Val Val Pro Gly Met Ser Leu Pro Ala Thr Val Pro
 195 200 205
 Ala Phe Ala Gly Ile Ala Leu Gly Ser Thr Tyr Thr Glu Thr Asp Val
 210 215 220
 Asn Gly Gln Asn Leu Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro
 225 230 235 240
 Leu Val Leu Gln Ala Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu
 245 250 255
 Leu Lys Ala Arg Asn Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala
 260 265 270
 Asn Gly Thr Thr Arg Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu
 275 280 285
 Leu His Lys Leu Asp Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu
 290 295 300
 Gly Lys Gly Val
 305
 <210> 823
 <211> 755
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(732)
 <223> FRXA00374
 <400> 823
 acc att tct gtc gaa cca ccg cgc aac cca gcg caa atg gaa cgc gcc 48
 Thr Ile Ser Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu Arg Ala
 1 5 10 15
 atc aag ggc atc gtc gaa gga cgc tac cag tgg gtt gtc ctc aca agc 96
 Ile Lys Gly Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu Thr Ser
 20 25 30
 gtc aac gca gtg aag gca gtc tgg aag aaa atc acc gaa ttc ggc ctc 144
 Val Asn Ala Val Lys Ala Val Trp Lys Lys Ile Thr Glu Phe Gly Leu
 35 40 45
 gat tca cgt tcc ttc gcg ggc gtc cgc atc gcc gca gtc ggt gaa aaa 192

Asp Ser Arg Ser Phe Ala Gly Val Arg Ile Ala Ala Val Gly Glu Lys

50 55 60
acc gcc gct gag atc cgc gcg ctc ggc atc acg ccg gag ctt ctg cct 240
Thr Ala Ala Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu Leu Pro

65 70 75 80
gca cgt acc agg caa aat gcg caa ggg ctt gtc gac gtg ttc ccc gaa 288
Ala Arg Thr Arg Gln Asn Ala Gln Gly Leu Val Asp Val Phe Pro Glu

85 90 95
tat ttc gaa gaa ctc gat cca gtc ggc cgt gtc ctc ttg ccg cgc gca 336
Tyr Phe Glu Glu Leu Asp Pro Val Gly Arg Val Leu Leu Pro Arg Ala

100 105 110
gat atc gca acc gac gtg ctt gtc gac ggc ctg acc cac ctt ggt tgg 384
Asp Ile Ala Thr Asp Val Leu Val Asp Gly Leu Thr His Leu Gly Trp

115 120 125
gaa gtc gaa gac gtg gtg gct tac cgc acc gtc cgc gca gca cca cca 432
Glu Val Glu Asp Val Val Ala Tyr Arg Thr Val Arg Ala Ala Pro Pro

130 135 140
agc gct gat atc cga gat atg atc aag acc ggc gga ttt gat gca gtt 480
Ser Ala Asp Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp Ala Val

145 150 155 160
gcc ttc acc tct tcg tcg acc gtg aag aac ctc gtt ggt atc gcg ggt 528
Ala Phe Thr Ser Ser Ser Thr Val Lys Asn Leu Val Gly Ile Ala Gly

165 170 175
aaa cca cac cca cgc acc atc gtc gcg tgc atc gga ccc atg act gca 576
Lys Pro His Pro Arg Thr Ile Val Ala Cys Ile Gly Pro Met Thr Ala

180 185 190
gcg acc gct gaa gaa ctg gga ctg cgc gtt gat gtc atg cca gag atc 624
Ala Thr Ala Glu Glu Leu Gly Leu Arg Val Asp Val Met Pro Glu Ile

195 200 205
gcc gaa gta cca gaa ctg atc gac gct ctt gcg gaa cac gtg gcg gat 672
Ala Glu Val Pro Glu Leu Ile Asp Ala Leu Ala Glu His Val Ala Asp

210 215 220
ctg cgc gct aag ggc gag ctg ccg ccg ccg agg aag aaa cgc agg cgt 720
Leu Arg Ala Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Arg Arg

225 230 235 240
cga aaa gcg tct taaaaggttt ttactagggtgt 755
Arg Lys Ala Ser

<210> 824
<211> 244
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 824
Thr Ile Ser Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu Arg Ala

1 5 10 15
 Ile Lys Gly Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu Thr Ser
 20 25 30
 Val Asn Ala Val Lys Ala Val Trp Lys Lys Ile Thr Glu Phe Gly Leu
 35 40 45
 Asp Ser Arg Ser Phe Ala Gly Val
 Arg Ile Ala Ala Val Gly Glu Lys
 50 55 60
 Thr Ala Ala Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu Leu Pro
 65 70 75 80

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

Ser Ala Asp Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp Ala Val
 145 150 155 160

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

Leu Arg Ala Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Arg Arg
 225 230 235 240

Arg Lys Ala Ser

<210> 825

<211> 1467

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1444)

<223> RXN00383

<400> 825

ccatatcttt aaccttggtc atggtgtgct tcctaatacg gtggcggaag atattactga 60
 agccgtctcc atcattcatt cttaactaa gaggagtttc atg cgt ttt gcc atc 115
 Met Arg Phe Ala Ile

1 5
 atc ggt gca ggc ctt gcg ggt ctg act gct gca tat gag atc cat aaa 163
 Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala Tyr Glu Ile His Lys

10 15 20
 gct gat ccc act gcc caa atc gat gtg ttg gaa gca ggc gaa cgc att 211

Ala Asp Pro Thr Ala Gln Ile Asp Val Leu Glu Ala Gly Glu Arg Ile

25 30 35
ggc ggc aag ctt ttt acg gtg ccg ttt gct tcc gga cct acc gat att 259
Gly Gly Lys Leu Phe Thr Val Pro Phe Ala Ser Gly Pro Thr Asp Ile

40 45 50
gga gcg gag gcg ttt tta gct gcg cgt tcc gat gcg gtg gag ttt ttt 307
Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp Ala Val Glu Phe Phe

55 60 65
act gag ctt ggg ttg gct gat tct ttg gtc agc ccg tct gct gcg aag 355
Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser Pro Ser Ala Ala Lys

70 75 80 85
tct cag tat ttc gcg ggc ggt gcg ctg cat gcg ttc ccc gca ggt gga 403
Ser Gln Tyr Phe Ala Gly Gly Ala Leu His Ala Phe Pro Ala Gly Gly

90 95 100
gtg atg ggt att cca agc aat cca cca gca ggc gcg caa gac acc gct 451
Val Met Gly Ile Pro Ser Asn Pro Pro Ala Gly Ala Gln Asp Thr Ala

105 110 115
ttt gat tgg act cct ggc caa gac att tct gtt ggc gcc tta gtg cgc 499
Phe Asp Trp Thr Pro Gly Gln Asp Ile Ser Val Gly Ala Leu Val Arg

120 125 130
cgt cag tat ggc gat gag atc gtc gat act gtg gtg tct tcg ctg ctt 547
Arg Gln Tyr Gly Asp Glu Ile Val Asp Thr Val Val Ser Ser Leu Leu

135 140 145
ggt ggc gtt tat tcc tcc acc gct gat gat ctg ggt gtg cgc gct tcc 595
Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp Asp Leu Gly Val Arg Ala Ser

150 155 160 165
gtg ccg gca ctt gct gca gcc ctt gat cag ctg gct gag gcc ggc gag 643
Val Pro Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp Gln Leu Ala Glu Ala Gly Glu

170 175 180
ccg gtg act ctg tca gct gcg gtc aag gcc gtg gaa gct cag cgg gaa 691
Pro Val Thr Leu Ser Ala Ala Val Lys Ala Val Glu Ala Gln Arg Glu

185 190 195
gcc gca aaa aca act tca gaa acc cgc ccc gtt ttc cag acc ttc aag 739
Ala Ala Lys Thr Thr Ser Glu Thr Arg Pro Val Phe Gln Thr Phe Lys

200 205 210
ggc gga tac gcg gag ctg tac gaa gcg ttg gca gag caa tgc ggt gca 787
Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Tyr Glu Ala Leu Ala Glu Gln Cys Gly Ala

215 220 225
gat att cac ttg gat agt ttc gtt tcc gcc atc acc aaa gat ggt gaa 835
Asp Ile His Leu Asp Ser Phe Val Ser Ala Ile Thr Lys Asp Gly Glu

230 235 240 245

ggt ttt gcc atc aag ggc ggt ggc gaa ggc acc tac gac aag gtg att 883
 Gly Phe Ala Ile Lys Gly Gly Gly Glu Gly Thr Tyr Asp Lys Val Ile

 250 255 260
 ttg gcg gtt ccc gct cca acc gcc gct gtg ctg ctc cgc gac ttg gca 931
 Leu Ala Val Pro Ala Pro Thr Ala Ala Val Leu Leu Arg Asp Leu Ala

 265 270 275
 ccg gcc gca gcg cca cat ttg cgc gca att aag ttg gct tct tca gca 979
 Pro Ala Ala Ala Pro His Leu Arg Ala Ile Lys Leu Ala Ser Ser Ala

 280 285 290
 gtc gtc ggc atg cgt ttc gat tcc agc gag ggc ctg ccc gac aac tcc 1027
 Val Val Gly Met Arg Phe Asp Ser Ser Glu Gly Leu Pro Asp Asn Ser

 295 300 305
 ggc gtc ctg gtc gct gtt aat gag ccg ggc atc acg gcg aag gcc ttc 1075
 Gly Val Leu Val Ala Val Asn Glu Pro Gly Ile Thr Ala Lys Ala Phe

 310 315 320 325
 acg ttc tcc tca aag aag tgg cct cac ctg gag gct cgc ggg ggc gcg 1123
 Thr Phe Ser Ser Lys Lys Trp Pro His Leu Glu Ala Arg Gly Gly Ala

 330 335 340
 ctc gtg cgc gcg tcg ttc ggc agg cta ggc gat gag gcg tcg gca cgc 1171
 Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu Gly Asp Glu Ala Ser Ala Arg

 345 350 355
 atg gac gag gat ttg ctt gtc gac gcc gcc ctc gac gat ctc ctc acc 1219
 Met Asp Glu Asp Leu Leu Val Asp Ala Ala Leu Asp Asp Leu Leu Thr

 360 365 370
 ata acc ggg ttc gac ggc cgg gct gcc gga ctg ggt gaa att ttc gtg 1267
 Ile Thr Gly Phe Asp Gly Arg Ala Ala Gly Leu Gly Glu Ile Phe Val

 375 380 385
 cag cgc tgg ttc ggt ggg ctc cca gcc tat gga gtt gat cac att gct 1315
 Gln Arg Trp Phe Gly Gly Leu Pro Ala Tyr Gly Val Asp His Ile Ala

 390 395 400 405
 acc gtt tcg gct gcg cgt gca gag atc gca gcc gtg cct ggc gtg gaa 1363
 Thr Val Ser Ala Ala Arg Ala Glu Ile Ala Ala Val Pro Gly Val Glu

 410 415 420
 gca att ggc gcg tgg gct ggg gga gtg gga gtt ccc gca gtt atc gca 1411
 Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val Gly Val Pro Ala Val Ile Ala

 425 430 435
 gat gcc cag gca gca gta cac agg ttg ctg gga taagcaccca aaaacactat 1464
 Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu Leu Gly

 440 445
 tga 1467
 <210> 826
 <211> 448
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 826

```

Met Arg Phe Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala
  1             5             10             15
Tyr Glu Ile His Lys Ala Asp Pro Thr Ala Gln Ile Asp Val Leu Glu
      20             25             30
Ala Gly Glu Arg Ile Gly Gly Lys Leu Phe Thr
Val Pro Phe Ala Ser
      35             40             45
Gly Pro Thr Asp Ile Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp
      50             55             60
Ala Val Glu Phe Phe Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser
      65             70             75             80

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

Val Ser Ser Leu Leu Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp Asp Leu
      145            150            155            160

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

Glu Gln Cys Gly Ala Asp Ile His Leu Asp Ser Phe Val Ser Ala Ile
      225            230            235            240

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

Leu Pro Asp Asn Ser Gly Val Leu Val Ala Val Asn Glu Pro Gly Ile
      305            310            315            320

Thr Ala Lys Ala Phe Thr Phe Ser Ser Lys Lys Trp Pro His Leu Glu
      325            330            335
Ala Arg Gly Gly Ala Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu Gly Asp
      340            345            350
Glu Ala Ser Ala Arg Met Asp Glu Asp Leu Leu Val Asp Ala Ala Leu
      355            360            365
Asp Asp Leu Leu Thr Ile Thr Gly Phe Asp Gly Arg Ala Ala Gly Leu

```

370 375 380

Gly Glu Ile Phe Val Gln Arg Trp Phe Gly Gly Leu Pro Ala Tyr Gly
385 390 395 400

Val Asp His Ile Ala Thr Val Ser Ala Ala Arg Ala Glu Ile Ala Ala
405 410 415

Val Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val Gly Val
420 425 430

Pro Ala Val Ile Ala Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu Leu Gly
435 440 445

<210> 827
<211> 382
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(382)
<223> FRXA00376
<400> 827

ccatattcttt aaccttggtc atggtgtgct tcctaatacg gtggcggaag atattactga 60
agccgtctcc atcattcatt cttaactaa gaggagtttc atg cgt ttt gcc atc 115
Met Arg Phe Ala Ile

1 5
atc ggt gca ggc ctt gcg ggt ctg act gct gca tat gag atc cat aaa 163
Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala Tyr Glu Ile His Lys

10 15 20
gct gat ccc act gcc caa atc gat gtg ttg gaa gca ggc gaa cgc att 211
Ala Asp Pro Thr Ala Gln Ile Asp Val Leu Glu Ala Gly Glu Arg Ile

25 30 35
ggc ggc aag ctt ttt acg gtg ccg ttt gct tcc gga cct acc gat att 259
Gly Gly Lys Leu Phe Thr Val Pro Phe Ala Ser Gly Pro Thr Asp Ile

40 45 50
gga gcg gag gcg ttt tta gct gcg cgt tcc gat gcg gtg gag ttt ttt 307
Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp Ala Val Glu Phe Phe

55 60 65
act gag ctt ggg ttg gct gat tct ttg gtc agc ccg tct gct gcg aag 355
Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser Pro Ser Ala Ala Lys

70 75 80 85
tct cag tat ttc gcg ggc ggt gcg ctg 382
Ser Gln Tyr Phe Ala Gly Gly Ala Leu

90

<210> 828
<211> 94
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 828

Met Arg Phe Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala
1 5 10 15

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

Gly Pro Thr Asp Ile Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp
 50 55 60
 Ala Val Glu Phe Phe Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser
 65 70 75 80

Pro Ser Ala Ala Lys Ser Gln Tyr Phe Ala Gly Gly Ala Leu
 85 90

<210> 829

<211> 1037

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1014)

<223> FRXA00383

<400> 829

gca ggc gcg caa gac acc gct ttt gat tgg act cct ggc caa gac att 48
 Ala Gly Ala Gln Asp Thr Ala Phe Asp Trp Thr Pro Gly Gln Asp Ile

1 5 10 15
 tct gtt ggc gcc tta gtg cgc cgt cag tat ggc gat gag atc gtc gat 96
 Ser Val Gly Ala Leu Val Arg Arg Gln Tyr Gly Asp Glu Ile Val Asp

20 25 30
 act gtg gtg tct tcg ctg ctt ggt ggc gtt tat tcc tcc acc gct gat 144
 Thr Val Val Ser Ser Leu Leu Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp

35 40 45
 gat ctg ggt gtg cgc gct tcc gtg ccg gca ctt gct gca gcc ctt gat 192
 Asp Leu Gly Val Arg Ala Ser Val Pro Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp

50 55 60
 cag ctg gct gag gcc ggc gag ccg gtg act ctg tca gct gcg gtc aag 240
 Gln Leu Ala Glu Ala Gly Glu Pro Val Thr Leu Ser Ala Ala Val Lys

65 70 75 80
 gcc gtg gaa gct cag cgg gaa gcc gca aaa aca act tca gaa acc cgc 288
 Ala Val Glu Ala Gln Arg Glu Ala Ala Lys Thr Thr Ser Glu Thr Arg

85 90 95
 ccc gtt ttc cag acc ttc aag ggc gga tac gcg gag ctg tac gaa gcg 336
 Pro Val Phe Gln Thr Phe Lys Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Tyr Glu Ala

100 105 110
 ttg gca gag caa tgc ggt gca gat att cac ttg gat agt ttc gtt tcc 384
 Leu Ala Glu Gln Cys Gly Ala Asp Ile His Leu Asp Ser Phe Val Ser

115 120 125
 gcc atc acc aaa gat ggt gaa ggt ttt gcc atc aag ggc ggt ggc gaa 432

Ala Ile Thr Lys Asp Gly Glu Gly Phe Ala Ile Lys Gly Gly Gly Glu

130 135 140
ggc acc tac gac aag gtg att ttg gcg gtt ccc gct cca acc gcc gct 480
Gly Thr Tyr Asp Lys Val Ile Leu Ala Val Pro Ala Pro Thr Ala Ala

145 150 155 160
gtg ctg ctc cgc gac ttg gca ccg gcc gca gcg cca cat ttg cgc gca 528
Val Leu Leu Arg Asp Leu Ala Pro Ala Ala Ala Pro His Leu Arg Ala

165 170 175
att aag ttg gct tct tca gca gtc gtc ggc atg cgt ttc gat tcc agc 576
Ile Lys Leu Ala Ser Ser Ala Val Val Gly Met Arg Phe Asp Ser Ser

180 185 190
gag ggc ctg ccc gac aac tcc ggc gtc ctg gtc gct gtt aat gag ccg 624
Glu Gly Leu Pro Asp Asn Ser Gly Val Leu Val Ala Val Asn Glu Pro

195 200 205
ggc atc acg gcg aag gcc ttc acg ttc tcc tca aag aag tgg cct cac 672
Gly Ile Thr Ala Lys Ala Phe Thr Phe Ser Ser Lys Lys Trp Pro His

210 215 220
ctg gag gct cgc ggg ggc gcg ctc gtg gcg gcg tcg ttc ggc agg cta 720
Leu Glu Ala Arg Gly Gly Ala Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu

225 230 235 240
ggc gat gag gcg tcg gca cgc atg gac gag gat ttg ctt gtc gac gcc 768
Gly Asp Glu Ala Ser Ala Arg Met Asp Glu Asp Leu Leu Val Asp Ala

245 250 255
gcc ctc gac gat ctc ctc acc ata acc ggg ttc gac ggc cgg gct gcc 816
Ala Leu Asp Asp Leu Leu Thr Ile Thr Gly Phe Asp Gly Arg Ala Ala

260 265 270
gga ctg ggt gaa att ttc gtg cag cgc tgg ttc ggt ggg ctc cca gcc 864
Gly Leu Gly Glu Ile Phe Val Gln Arg Trp Phe Gly Gly Leu Pro Ala

275 280 285
tat gga gtt gat cac att gct acc gtt tcg gct gcg cgt gca gag atc 912
Tyr Gly Val Asp His Ile Ala Thr Val Ser Ala Ala Arg Ala Glu Ile

290 295 300
gca gcc gtg cct ggc gtg gaa gca att ggc gcg tgg gct ggg gga gtg 960
Ala Ala Val Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val

305 310 315 320
gga gtt ccc gca gtt atc gca gat gcc cag gca gca gta cac agg ttg 1008
Gly Val Pro Ala Val Ile Ala Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu

325 330 335
ctg gga taagcaccca aaaacactat tga 1037
Leu Gly

<210> 830
<211> 338

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 830

Ala Gly Ala Gln Asp Thr Ala Phe Asp Trp Thr Pro Gly Gln Asp Ile
 1 5 10 15
 Ser Val Gly Ala Leu Val Arg Arg Gln Tyr Gly Asp Glu Ile Val Asp
 20 25 30
 Thr Val Val Ser Ser Leu Leu Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp
 35 40 45
 Asp Leu Gly Val Arg Ala Ser Val
 Pro Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp
 50 55 60
 Gln Leu Ala Glu Ala Gly Glu Pro Val Thr Leu Ser Ala Ala Val Lys
 65 70 75 80

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

Gly Thr Tyr Asp Lys Val Ile Leu Ala Val Pro Ala Pro Thr Ala Ala
 145 150 155 160

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

Leu Glu Ala Arg Gly Gly Ala Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu
 225 230 235 240

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

Ala Ala Val Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val
 305 310 315 320

Gly Val Pro Ala Val Ile Ala Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu
 325 330 335

Leu Gly

<210> 831

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

<221> CDS
 <222> (101)..(850)
 <223> RXA01253
 <400> 831

acgccatcgc agcctgcct cctggccgca tcgaagtcc cgccaactac accgcattcc 60
 gagacctcaa aaaggctctg gaaaaaggga ccgaacaata atg acc acc ctc aac 115
 Met Thr Thr Leu Asn

1 5
 atc ggc ctc atc ctc ccc gac gtc ctc gga act tac ggc gac gac ggc 163
 Ile Gly Leu Ile Leu Pro Asp Val Leu Gly Thr Tyr Gly Asp Asp Gly

10 15 20
 aac gca cta gtc ctg cgc caa cgc gca cgc atg cgt ggc att aat gct 211
 Asn Ala Leu Val Leu Arg Gln Arg Ala Arg Met Arg Gly Ile Asn Ala

25 30 35
 gaa atc cag cgc gtc acc ctc gac gac gcc gtc cct tcc acc ctt gat 259
 Glu Ile Gln Arg Val Thr Leu Asp Asp Ala Val Pro Ser Thr Leu Asp

40 45 50
 ctc tac tgc ctc ggc ggc ggc gag gac acc gca cag atc ctt gcc acc 307
 Leu Tyr Cys Leu Gly Gly Gly Glu Asp Thr Ala Gln Ile Leu Ala Thr

55 60 65
 gaa cac ctc acc aaa gac ggc ggc ctc caa acc gca gcc gcc gca ggc 355
 Glu His Leu Thr Lys Asp Gly Gly Leu Gln Thr Ala Ala Ala Ala Gly

70 75 80 85
 cgc ccc atc ttc gca gtc tgc gca ggt ctc cag gta ctc ggc gac tcc 403
 Arg Pro Ile Phe Ala Val Cys Ala Gly Leu Gln Val Leu Gly Asp Ser

90 95 100
 ttc cgc gcc gcc ggc cgt gtc atc gac ggc ctt ggg ctt atc gac gcc 451
 Phe Arg Ala Ala Gly Arg Val Ile Asp Gly Leu Gly Leu Ile Asp Ala

105 110 115
 acc acc gtc tct tta caa aaa cgc gcc atc gga gaa gtc gaa acg aca 499
 Thr Thr Val Ser Leu Gln Lys Arg Ala Ile Gly Glu Val Glu Thr Thr

120 125 130
 cca acc cgc gcc gga ttc acc gcc gag ctg acc gaa cga ctc acc ggc 547
 Pro Thr Arg Ala Gly Phe Thr Ala Glu Leu Thr Glu Arg Leu Thr Gly

135 140 145
 ttc gaa aac cac atg ggc gcc acc ctg ctc ggc ccc gac gcc gaa cca 595
 Phe Glu Asn His Met Gly Ala Thr Leu Leu Gly Pro Asp Ala Glu Pro

150 155 160 165
 ctc ggc cga gtc gtc cgc ggc gaa ggc aac acc gat gtc tgg gca gcc 643

Leu Gly Arg Val Val Arg Gly Glu Gly Asn Thr Asp Val Trp Ala Ala

170 175 180
tcc gaa aac acc gac gac caa cgc caa caa ttc gcc gaa ggc gcc gtc 691
Ser Glu Asn Thr Asp Asp Gln Arg Gln Gln Phe Ala Glu Gly Ala Val

185 190 195
caa ggc agc atc atc gcc acc tac atg cac ggc ccc gca ctc gcc cga 739
Gln Gly Ser Ile Ile Ala Thr Tyr Met His Gly Pro Ala Leu Ala Arg

200 205 210
aac ccc caa ctc gcc gac ctc atg ctc gca aaa gca atg ggt gtc gcg 787
Asn Pro Gln Leu Ala Asp Leu Met Leu Ala Lys Ala Met Gly Val Ala

215 220 225
ctg aaa gac ctg gag cct ttg gac atc gac gtc atc gac cgc ctc cgc 835
Leu Lys Asp Leu Glu Pro Leu Asp Ile Asp Val Ile Asp Arg Leu Arg

230 235 240 245
gcc gaa cgc ctg gcg tagcccttc taaaccgggt cta 873
Ala Glu Arg Leu Ala

250
<210> 832
<211> 250
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 832
Met Thr Thr Leu Asn Ile Gly Leu Ile Leu Pro Asp Val Leu Gly Thr
1 5 10 15
Tyr Gly Asp Asp Gly Asn Ala Leu Val Leu Arg Gln Arg Ala Arg Met
20 25 30
Arg Gly Ile Asn Ala Glu Ile Gln Arg Val Thr Leu Asp Asp Ala Val
35 40 45
Pro Ser Thr Leu Asp Leu Tyr Cys
Leu Gly Gly Gly Glu Asp Thr Ala
50 55 60
Gln Ile Leu Ala Thr Glu His Leu Thr Lys Asp Gly Gly Leu Gln Thr
65 70 75 80

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

Glu Arg Leu Thr Gly Phe Glu Asn His Met Gly Ala Thr Leu Leu Gly
145 150 155 160

Pro Asp Ala Glu Pro Leu Gly Arg Val Val Arg Gly Glu Gly Asn Thr
165 170 175
Asp Val Trp Ala Ala Ser Glu Asn Thr Asp Asp Gln Arg Gln Gln Phe
180 185 190
Ala Glu Gly Ala Val Gln Gly Ser Ile Ile Ala Thr Tyr Met His Gly

[illegible]

acc gga ctt ttc ggc ctc gcc acc gcc atg ctt tcc gtt ctc ctg cag 547
Thr Gly Leu Phe Gly Leu Ala Thr Ala Met Leu Ser Val Leu Leu Gln

135 140 145
gtc gct gca gtc gca tcg ctt gtc gat tca acc gtg tgg tgg atg atc 595
Val Ala Ala Val Ala Ser Leu Val Asp Ser Thr Val Trp Trp Met Ile

150 155 160 165
tgc ttc atc ccc gtt ctc ggc cgc atc gct gga caa gta acc gca ctg 643
Cys Phe Ile Pro Val Leu Gly Arg Ile Ala Gly Gln Val Thr Ala Leu

170 175 180
aaa aac cac aac gcc ttc tcc ccc acc ggc ttt ggc gca cta gtc atc 691
Lys Asn His Asn Ala Phe Ser Pro Thr Gly Phe Gly Ala Leu Val Ile

185 190 195
gga acg gtg aaa ttt tgg tgg atc gcg ctg tgg ctc ttg gtt act gct 739
Gly Thr Val Lys Phe Trp Trp Ile Ala Leu Trp Leu Leu Val Thr Ala

200 205 210
gcg ttg gct ttt tgg tgc gca gaa tta att tct cca ctt tca ccg ctg 787
Ala Leu Ala Phe Trp Cys Ala Glu Leu Ile Ser Pro Leu Ser Pro Leu

215 220 225
acc agt gtt aac act ccc ttt gtc gct gga cct ttc ccc gct gca atc 835
Thr Ser Val Asn Thr Pro Phe Val Ala Gly Pro Phe Pro Ala Ala Ile

230 235 240 245
aac ccc gcc tgg ctt gga ggc tgg gtt gcg ata acc gca gtc gtg gca 883
Asn Pro Ala Trp Leu Gly Gly Trp Val Ala Ile Thr Ala Val Val Ala

250 255 260
tgt gtt ttc gca gca ctt ttc agc cgc cgc tta tca cga agt ttc ggt 931
Cys Val Phe Ala Ala Leu Phe Ser Arg Arg Leu Ser Arg Ser Phe Gly

265 270 275
gga ctc aac gga gac tgc atc ggc gca tgc att cat ctc ggg gcg tcg 979
Gly Leu Asn Gly Asp Cys Ile Gly Ala Cys Ile His Leu Gly Ala Ser

280 285 290
att tct gca gtg atg ttt gct gtt gtc gcc aat gca atg gtg 1021
Ile Ser Ala Val Met Phe Ala Val Val Ala Asn Ala Met Val

295 300 305
taaagcgtg gcgtcttttg gga 1044
<210> 834
<211> 307
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 834
Met Ser Gly Lys Ala Gly Phe Thr Pro Glu Asp Pro Glu Asp Ser Asp
1 5 10 15
Asn Arg His Gly Asn Pro Leu Phe Glu Gly Ile Phe Thr Ala Leu Asn
20 25 30
Trp Met Thr Val Leu Pro Val Pro
Gly Ala Ser Val Phe Asp Arg Thr

35 40 45
Thr Gly Ala Arg Val Met Ala Ser Leu Pro Phe Val Gly Phe Val Phe
50 55 60
Gly Met Phe Thr Ala Ile Ile Met Trp Ala Ile Gly Pro Ile Ser Gly
65 70 75 80

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

Ser Val Leu Leu Gln Val Ala Ala Val Ala Ser Leu Val Asp Ser Thr
145 150 155 160

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

Pro Leu Ser Pro Leu Thr Ser Val Asn Thr Pro Phe Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

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

Ala Met Val

305

<210> 835

<211> 1197

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1174)

<223> RXA02135

<400> 835

cgtgtcgcag cgatttgcga gaggttgtc ttcgtggttg ctggtctgcc actagagttg 60
aaaacgtttt aagaaaacag tcggtttgaa ggagttgtta atg gtt cca gca gag 115
Met Val Pro Ala Glu

	1	5	
ctt ttt gcg cgt gtg gaa ttt ccg gat cat aaa atc ctg gct cag acg			163
Leu Phe Ala Arg Val Glu Phe Pro Asp His Lys Ile Leu Ala Gln Thr			
	10	15	20
aag gat ttc cat gac tcc ctc acc aag cca ccc gga tct ttg ggc aag			211
Lys Asp Phe His Asp Ser Leu Thr Lys Pro Pro Gly Ser Leu Gly Lys			
	25	30	35
ttg gag cag atc ggc tgt ttc att tcc gca tgc cag ggc cag att ccg			259
Leu Glu Gln Ile Gly Cys Phe Ile Ser Ala Cys Gln Gly Gln Ile Pro			
	40	45	50
cca cgt cca ctc aac aac tca aag atc gtt gtt ttc gct ggc gat cac			307
Pro Arg Pro Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val Phe Ala Gly Asp His			
	55	60	65
ggc gtt gca act aaa ggc gtg tcc gcg tac cca tcc tca gta agc ttg			355
Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro Ser Ser Val Ser Leu			
	70	75	80
cag atg get gaa aac att aca aac ggt ggc gcc gcc atc aac gtg att			403
Gln Met Ala Glu Asn Ile Thr Asn Gly Gly Ala Ala Ile Asn Val Ile			
	90	95	100
gca cgc acc acc ggc acg tcc gtc cga ctt att gat acc tcc ctc gac			451
Ala Arg Thr Thr Gly Thr Ser Val Arg Leu Ile Asp Thr Ser Leu Asp			
	105	110	115
cac gaa gca tgg ggc gac gag cgc gta tct agg tcc tgc gga tcc atc			499
His Glu Ala Trp Gly Asp Glu Arg Val Ser Arg Ser Cys Gly Ser Ile			
	120	125	130
gat gtt gaa gac gcc atg acc caa gaa cag gtc gaa cgc gca ctg aag			547
Asp Val Glu Asp Ala Met Thr Gln Glu Gln Val Glu Arg Ala Leu Lys			
	135	140	145
atc ggt aag cgc att gcg gat caa gaa gtg gac gca ggc gcc gac att			595
Ile Gly Lys Arg Ile Ala Asp Gln Glu Val Asp Ala Gly Ala Asp Ile			
	150	155	160
tta atc ccc ggc gat tta gga att ggc aac acc acc acc gcc gct gcc			643
Leu Ile Pro Gly Asp Leu Gly Ile Gly Asn Thr Thr Thr Ala Ala Ala			
	170	175	180
ctc gtt gga acg ttc acc ctc gca gag cct gtt gtt gtc gta ggc cgc			691
Leu Val Gly Thr Phe Thr Leu Ala Glu Pro Val Val Val Val Gly Arg			
	185	190	195
ggc acc gga atc gac gat gaa gcc tgg aaa ctc aaa gtc tcc gcg atc			739
Gly Thr Gly Ile Asp Asp Glu Ala Trp Lys Leu Lys Val Ser Ala Ile			
	200	205	210
cgc gac gcc atg ttc cgc gcc cgc gac ctg cgc caa gac ccc atc gcc			787
Arg Asp Ala Met Phe Arg Ala Arg Asp Leu Arg Gln Asp Pro Ile Ala			

215 220 225
 atc gcc cgg aaa atc tct tcc cca gac ctt gca gcc atg gca gca ttc 835
 Ile Ala Arg Lys Ile Ser Ser Pro Asp Leu Ala Ala Met Ala Ala Phe

 230 235 240 245
 att gcc caa gca gca gtt cga cgc acc ccc gtg ctt ctc gac ggc gtt 883
 Ile Ala Gln Ala Ala Val Arg Arg Thr Pro Val Leu Leu Asp Gly Val

 250 255 260
 gta gtc acc gcc gca gcc ctc cta gcc aac aaa ctg gcc cca ggt gcc 931
 Val Val Thr Ala Ala Ala Leu Leu Ala Asn Lys Leu Ala Pro Gly Ala

 265 270 275
 agg cgt tgg ttc atc gca gga cac cgc tcc acc gaa cca gcg cat tcc 979
 Arg Arg Trp Phe Ile Ala Gly His Arg Ser Thr Glu Pro Ala His Ser

 280 285 290
 gta gct cta aac gca ctg gcc ctt gat ccc atc ctg gaa ctt gga atg 1027
 Val Ala Leu Asn Ala Leu Ala Leu Asp Pro Ile Leu Glu Leu Gly Met

 295 300 305
 tcc ctt ggc gaa ggc tcc ggc gca gcc acc gca ctc ccc ctg gtc aag 1075
 Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala Leu Pro Leu Val Lys

 310 315 320 325
 att gcc gtt gac ctg atg aac gac atg tgc aca ttt tct tcc gcc ggc 1123
 Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr Phe Ser Ser Ala Gly

 330 335 340
 gtc gat gga ccc cta aac gcc tct tcc gaa gcg ccc gag caa aac acg 1171
 Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala Pro Glu Gln Asn Thr

 345 350 355
 gag taactttcta agcgatgtcc ggc 1197
 Glu

 <210> 836
 <211> 358
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 836
 Met Val Pro Ala Glu Leu Phe Ala Arg Val Glu Phe Pro Asp His Lys
 1 5 10 15
 Ile Leu Ala Gln Thr Lys Asp Phe His Asp Ser Leu Thr Lys Pro Pro
 20 25 30
 Gly Ser Leu Gly Lys Leu Glu Gln Ile Gly Cys Phe Ile Ser Ala Cys
 35 40 45
 Gln Gly Gln Ile Pro Pro Arg Pro
 Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val
 50 55 60
 Phe Ala Gly Asp His Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro
 65 70 75 80

 Ser Ser Val Ser Leu Gln Met Ala Glu Asn Ile Thr Asn Gly Gly Ala
 85 90 95
 Ala Ile Asn Val Ile Ala Arg Thr Thr Gly Thr Ser Val Arg Leu Ile

100 105 110
 Asp Thr Ser Leu Asp His Glu Ala Trp Gly Asp Glu Arg Val Ser Arg
 115 120 125
 Ser Cys Gly Ser Ile Asp Val Glu Asp Ala Met Thr Gln Glu Gln Val
 130 135 140

Glu Arg Ala Leu Lys Ile Gly Lys Arg Ile Ala Asp Gln Glu Val Asp
 145 150 155 160

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

Gln Asp Pro Ile Ala Ile Ala Arg Lys Ile Ser Ser Pro Asp Leu Ala
 225 230 235 240

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

Leu Glu Leu Gly Met Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala
 305 310 315 320

Leu Pro Leu Val Lys Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr
 325 330 335
 Phe Ser Ser Ala Gly Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala
 340 345 350
 Pro Glu Gln Asn Thr Glu

355
 <210> 837
 <211> 645
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(622)
 <223> RXA02136
 <400> 837
 tggtttttgggt ctgggttact acgcgtattc ccgcaccatt cagcctcgta agtggcgtag 60
 ccctcgtgca cgcgttgaaa ttggtgctga agtctagcgc atg cgc acg tta gtt 115
 Met Arg Thr Leu Val

1 5
 ctt ggc ggg gcc agg tct ggt aag tct gct ttt gca gaa tca ctt gtt 163

Leu Gly Gly Ala Arg Ser Gly Lys Ser Ala Phe Ala Glu Ser Leu Val

10 15 20
gga tct ggt ccc gtt ttg tat gtc gca acg gca agg cct tcg gga gat 211
Gly Ser Gly Pro Val Leu Tyr Val Ala Thr Ala Arg Pro Ser Gly Asp

25 30 35
gat cct gaa ttc gcc gag cgc att gcg gtt cat gcg gag cgg cgc cca 259
Asp Pro Glu Phe Ala Glu Arg Ile Ala Val His Ala Glu Arg Arg Pro

40 45 50
acg tct tgg gtg ttg gac gag gag ggg gac gtc gat aag ctt ctt gcc 307
Thr Ser Trp Val Leu Asp Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu Leu Ala

55 60 65
tcg cca ccg gcc atg ccg gtg ctc gtt gat gac ctg ggc acc tgg ctc 355
Ser Pro Pro Ala Met Pro Val Leu Val Asp Asp Leu Gly Thr Trp Leu

70 75 80 85
acg cac gcc acc gat gcg tgc gac ggt tgg gag gcg agt tcg gcg cag 403
Thr His Ala Thr Asp Ala Cys Asp Gly Trp Glu Ala Ser Ser Ala Gln

90 95 100
ctt gag gcc aag atg gat ttg ctt atc gac gcc atc ctc cac ttt cag 451
Leu Glu Ala Lys Met Asp Leu Leu Ile Asp Ala Ile Leu His Phe Gln

105 110 115
ggc gaa gat ctg gta att gtt tca cct gaa gtt ggt atg gga atc gtc 499
Gly Glu Asp Leu Val Ile Val Ser Pro Glu Val Gly Met Gly Ile Val

120 125 130
ccg gaa tat aaa tct ggg cgc ctt ttt cgt gat cgc atc ggc aca ctt 547
Pro Glu Tyr Lys Ser Gly Arg Leu Phe Arg Asp Arg Ile Gly Thr Leu

135 140 145
aat cag cgt gtc gca gcg att tgc gag agg gtt gtc ttc gtg gtt gct 595
Asn Gln Arg Val Ala Ala Ile Cys Glu Arg Val Val Phe Val Val Ala

150 155 160 165
ggt ctg cca cta gag ttg aaa acg ttt taagaaaaca gtcggtttga 642
Gly Leu Pro Leu Glu Leu Lys Thr Phe

170
agg 645
<210> 838
<211> 174
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 838
Met Arg Thr Leu Val Leu Gly Gly Ala Arg Ser Gly Lys Ser Ala Phe
1 5 10 15
Ala Glu Ser Leu Val Gly Ser Gly Pro Val Leu Tyr Val Ala Thr Ala
20 25 30
Arg Pro Ser Gly Asp Asp Pro Glu Phe Ala Glu Arg Ile Ala
Val His
35 40 45
Ala Glu Arg Arg Pro Thr Ser Trp Val Leu Asp Glu Glu Gly Asp Val

50 55 60
 Asp Lys Leu Leu Ala Ser Pro Pro Ala Met Pro Val Leu Val Asp Asp
 65 70 75 80

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

 Arg Ile Gly Thr Leu Asn Gln Arg Val Ala Ala Ile Cys Glu Arg Val
 145 150 155 160

 Val Phe Val Val Ala Gly Leu Pro Leu Glu Leu Lys Thr Phe
 165 170

 <210> 839
 <211> 575
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (1)..(552)
 <223> RXN03114
 <400> 839
 act ccg ggg cat ttt gtt gcg ctc gcg cgg gag att gcg ggc gcg gtg 48
 Thr Pro Gly His Phe Val Ala Leu Ala Arg Glu Ile Ala Gly Ala Val

 1 5 10 15
 cgc cgc gag ttg acg gtg ggg ttg gat gct ggt gac ggt ccg att tta 96
 Arg Arg Glu Leu Thr Val Gly Leu Asp Ala Gly Asp Gly Pro Ile Leu

 20 25 30
 agg cag agc ttt gat gtt ggt ttt ttg ctt gtc gac gcc tcc ttc cac 144
 Arg Gln Ser Phe Asp Val Gly Phe Leu Leu Val Asp Ala Ser Phe His

 35 40 45
 att cat atc aat ggc gtg tct act ggg cag tcg gtt gcg ccg gat gat 192
 Ile His Ile Asn Gly Val Ser Thr Gly Gln Ser Val Ala Pro Asp Asp

 50 55 60
 gta gtt gag gtg gtg cgt ggt ttg gct gat gct tcg gag ttg tcc gtg 240
 Val Val Glu Val Val Arg Gly Leu Ala Asp Ala Ser Glu Leu Ser Val

 65 70 75 80
 gaa agt gtt gct gag ttg tgt act ccc gtg gca ccg gtt tca tta tct 288
 Glu Ser Val Ala Glu Leu Cys Thr Pro Val Ala Pro Val Ser Leu Ser

 85 90 95
 gag gca cag ggg aat cct gcg cct att ggg tgg ttg gag cat gat ggc 336
 Glu Ala Gln Gly Asn Pro Ala Pro Ile Gly Trp Leu Glu His Asp Gly

 100 105 110

gtg gtg tcg ttg ggt gcg ggt att cca ggg ggg cgg gtg gag gct cgt 384
Val Val Ser Leu Gly Ala Gly Ile Pro Gly Gly Arg Val Glu Ala Arg

115 120 125
tta gcg cgt ttt att gcg gtg att gag gcg gag acc act att acc cca 432
Leu Ala Arg Phe Ile Ala Val Ile Glu Ala Glu Thr Thr Ile Thr Pro

130 135 140
tgg aat tcg ttg atc att cat gat ttg tat gag ggt gtt gca gaa cag 480
Trp Asn Ser Leu Ile Ile His Asp Leu Tyr Glu Gly Val Ala Glu Gln

145 150 155 160
gtg gtg aag gtt ctg gct ccc atg ggg ttg gtt ttt gat gct aat tca 528
Val Val Lys Val Leu Ala Pro Met Gly Leu Val Phe Asp Ala Asn Ser

165 170 175
ccg ctt ctg gag tca ccg gct ttg taactcgcca ttggcgcacg tct 575
Pro Leu Leu Glu Ser Pro Ala Leu

180
<210> 840
<211> 184
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 840
Thr Pro Gly His Phe Val Ala Leu Ala Arg Glu Ile Ala Gly Ala Val
1 5 10 15
Arg Arg Glu Leu Thr Val Gly Leu Asp Ala Gly Asp Gly Pro Ile Leu
20 25 30
Arg Gln Ser Phe Asp Val Gly Phe Leu Leu Val Asp Ala Ser Phe His
35 40 45
Ile His Ile Asn Gly Val Ser Thr Gly Gln Ser Val Ala Pro Asp Asp
50 55 60
Val Val Glu Val Val Arg Gly Leu Ala Asp Ala Ser Glu Leu Ser Val
65 70 75 80

Glu Ser Val Ala Glu Leu Cys Thr Pro Val Ala Pro Val Ser Leu Ser
85 90 95
Glu Ala Gln Gly Asn Pro Ala Pro Ile Gly Trp Leu Glu His Asp Gly
100 105 110
Val Val Ser Leu Gly Ala Gly Ile Pro Gly Gly Arg Val Glu Ala Arg
115 120 125
Leu Ala Arg Phe Ile Ala Val Ile Glu Ala Glu Thr Thr Ile Thr Pro
130 135 140
Trp Asn Ser Leu Ile Ile His Asp Leu Tyr Glu Gly Val Ala Glu Gln
145 150 155 160

Val Val Lys Val Leu Ala Pro Met Gly Leu Val Phe Asp Ala Asn Ser
165 170 175
Pro Leu Leu Glu Ser Pro Ala Leu

180
<210> 841
<211> 1200

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1177)

<223> RXN01810

<400> 841

ccaccaccac aatgttgctc atcctcgcgg cgttcgttgt cgcaggtggc tccatgactc 60
gcttcaccgt cggcaaccgc actggaaaat aaggcttcac atg aat aac gct ttt 115
Met Asn Asn Ala Phe

1 5
cga cgc acc ctt aca tcc gta gtc ctc gcc gct agc ttg gcc tta acg 163
Arg Arg Thr Leu Thr Ser Val Val Leu Ala Ala Ser Leu Ala Leu Thr

10 15 20
gcc tgc gca agc tgg gat tca cct acg gca tct tcc aat ggt gat ctg 211
Ala Cys Ala Ser Trp Asp Ser Pro Thr Ala Ser Ser Asn Gly Asp Leu

25 30 35
att gag gag atc cag gca agc tcc acc tca aca gat ccg cgc acc ttc 259
Ile Glu Glu Ile Gln Ala Ser Ser Thr Ser Thr Asp Pro Arg Thr Phe

40 45 50
aca ggc ttg agc atc gtg gaa gat atc ggc gat gtg gtt ccc gta acc 307
Thr Gly Leu Ser Ile Val Glu Asp Ile Gly Asp Val Val Pro Val Thr

55 60 65
gac aac gcc tca cca gct ctg cca gtt tct ttg acc gac gct gat ggc 355
Asp Asn Ala Ser Pro Ala Leu Pro Val Ser Leu Thr Asp Ala Asp Gly

70 75 80 85
aac gac gtg gtg gtg gag aac gtg tcc cgc atc ctc cca ctg gat ctc 403
Asn Asp Val Val Val Glu Asn Val Ser Arg Ile Leu Pro Leu Asp Leu

90 95 100
tac gga acc tat tcc aaa acc atc gct ggc ctg gga ctc gtg gac aat 451
Tyr Gly Thr Tyr Ser Lys Thr Ile Ala Gly Leu Gly Leu Val Asp Asn

105 110 115
att gtg ggt cgt act gtt agt tcc acc gag cct gca ttg gcg gac att 499
Ile Val Gly Arg Thr Val Ser Ser Thr Glu Pro Ala Leu Ala Asp Ile

120 125 130
gag gtg gtc acc act ggc gga cac acc ctc aat gct gaa gcg atc ctt 547
Glu Val Val Thr Thr Gly Gly His Thr Leu Asn Ala Glu Ala Ile Leu

135 140 145
aat tta cat ccg act ttg gtg atc atc gac cac tcg atc ggc cca cgc 595
Asn Leu His Pro Thr Leu Val Ile Ile Asp His Ser Ile Gly Pro Arg

150 155 160 165
gaa gtc atc gat cag atc cgc gca gct ggt gtc gcc acg gtg atc atg 643
Glu Val Ile Asp Gln Ile Arg Ala Ala Gly Val Ala Thr Val Ile Met

170	175	180	
tcg ccg cag cgt tcc att gcc tca att ggc gac gac atc cgc gac atc			691
Ser Pro Gln Arg Ser Ile Ala Ser Ile Gly Asp Asp Ile Arg Asp Ile			
185	190	195	
gcc tcc gtc gtt gga ctt cct gaa gaa ggg gag aag ctc gcg gaa cgt			739
Ala Ser Val Val Gly Leu Pro Glu Glu Gly Glu Lys Leu Ala Glu Arg			
200	205	210	
tcc gtt gct gaa gtc gaa gag gcc agc acg gtt gtc gat gaa ctc acc			787
Ser Val Ala Glu Val Glu Glu Ala Ser Thr Val Val Asp Glu Leu Thr			
215	220	225	
cca gaa gat ccc ctc aaa atg gta ttc ctc tat gcc cgc gga act ggt			835
Pro Glu Asp Pro Leu Lys Met Val Phe Leu Tyr Ala Arg Gly Thr Gly			
230	235	240	245
gga gtg ttc ttc att ttg ggc gat gcc tat ggt gga cgc gat ctc att			883
Gly Val Phe Phe Ile Leu Gly Asp Ala Tyr Gly Gly Arg Asp Leu Ile			
250	255	260	
gaa ggc ctg ggc ggc gtc gac atg gct gct gaa aag ggc atc atg gat			931
Glu Gly Leu Gly Gly Val Asp Met Ala Ala Glu Lys Gly Ile Met Asp			
265	270	275	
ctg gca cca gcc aac gcg gaa gca ctt gcc gaa cta aat cca gac gtc			979
Leu Ala Pro Ala Asn Ala Glu Ala Leu Ala Glu Leu Asn Pro Asp Val			
280	285	290	
ttc gtg atg atg tcg gaa gga cta gtc tcg aca gga ggt atc gac ggt			1027
Phe Val Met Met Ser Glu Gly Leu Val Ser Thr Gly Gly Ile Asp Gly			
295	300	305	
ctt atg gaa cgc ccc ggc att gct cag aca acc gcc gga caa aac caa			1075
Leu Met Glu Arg Pro Gly Ile Ala Gln Thr Thr Ala Gly Gln Asn Gln			
310	315	320	325
cga gta ctg gcg ctt ccc gat ggt caa tca ttg gcc ttt ggt gcc caa			1123
Arg Val Leu Ala Leu Pro Asp Gly Gln Ser Leu Ala Phe Gly Ala Gln			
330	335	340	
act ggc gag ttg ttg ctc cgc gca tcc cgc gaa ctg tat gtg cag ggc			1171
Thr Gly Glu Leu Leu Leu Arg Ala Ser Arg Glu Leu Tyr Val Gln Gly			
345	350	355	
ggc gag tagatggttg tgaaggaggt tga			1200
Gly Glu			
<210> 842			
<211> 359			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 842			
Met Asn Asn Ala Phe Arg Arg Thr Leu Thr Ser Val Val Leu Ala Ala			
1 5 10 15			
Ser Leu Ala Leu Thr Ala Cys Ala Ser Trp Asp Ser Pro Thr Ala Ser			

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

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

 Ala Glu Ala Ile Leu Asn Leu His Pro Thr Leu Val Ile Ile Asp His
 145 150 155 160

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

 Val Asp Glu Leu Thr Pro Glu Asp Pro Leu Lys Met Val Phe Leu Tyr
 225 230 235 240

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

 Gly Gly Ile Asp Gly Leu Met Glu Arg Pro Gly Ile Ala Gln Thr Thr
 305 310 315 320

 Ala Gly Gln Asn Gln Arg Val Leu Ala Leu Pro Asp Gly Gln Ser Leu
 325 330 335
 Ala Phe Gly Ala Gln Thr Gly Glu Leu Leu Leu Arg Ala Ser Arg Glu
 340 345 350
 Leu Tyr Val Gln Gly Gly Glu

355
 <210> 843
 <211> 963
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(933)

<223> RXS03205

<400> 843

gat tcc ggc att ccc acg cag ttg gtg gag ggc agc tgg ttt gaa ccg 48
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro

1 5 10 15
gtt cgc ggg cgc acc ttt gac cgc atc atc gcc aac ccg ccg ttc gtg 96
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val

20 25 30
gtg gga cca ccg gaa att ggg cat gtg tac cgc gat tcc ggc atg gat 144
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp

35 40 45
cta gac ggc gcg acc gcg ttg gtg gtc aaa gaa gcc tgc gcg cat ctc 192
Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu

50 55 60
aac cct ggt ggc acc gct cac ctg ctc ggc gca tgg gtg cat tcc gcg 240
Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala

65 70 75 80
gat caa tcg tgg cag cag cgc gtt gca gaa tgg ttg ccg gat aac ggt 288
Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly

85 90 95
tat gtt gct tgg gtt att gag cgc gac gcc gtg agc ccc gcg cag tat 336
Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr

100 105 110
gtg ggc acg tgg ctt agt gat gag tcc ctc gat ctg cgt agc ccc gag 384
Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu

115 120 125
gca gca gca cgc acc acc gcg tgg ctt aac cac ttt gaa aaa gcc aag 432
Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys

130 135 140
gtt caa ggc gtt ggt ttt ggt ttc atc gcc atc caa cgt ctg gag gaa 480
Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu

145 150 155 160
gac gag gcg gat gag aaa tcc gat atc ttg gct gaa tcc atg acc cag 528
Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln

165 170 175
tac ttc gag gat cct ctc ggc cct gaa att gag gag tac ttc acc cgc 576
Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg

180 185 190
acc gca tgg ctt cgt gaa caa act cgc gat tcc att ctg agc tcc cgc 624

Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg

195 200 205
 ttc aaa gtt cgc cct ggc gtg gcc cgg gaa caa atc agc ctg gcc gat 672
 Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp

210 215 220
 gcg gaa gaa ggc atg ggc ttt agt cct gtc acg ttg agg ctc acc cgc 720
 Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg

225 230 235 240
 acc gat ggt cct cgt tgg tcc cat gat gtt gat gag cat gtg gct tcc 768
 Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser

245 250 255
 atc gtc gca gga ctt aac cca cat gga ctc ccc ttt gaa gaa atc ctg 816
 Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu

260 265 270
 gaa atg tac gcg atg gct caa ggt atc gag gga gaa tcc ctg cac aac 864
 Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn

275 280 285
 ggc gcc att gcg gcg ttg gtg gat ctc atc cgc cac gga ttg gtg ttg 912
 Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu

290 295 300
 ccc gct gat ctt ctc gat tct taaataagga ctgattgtga aagccgtttt 963
 Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser

305 310
 <210> 844
 <211> 311
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 844
 Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro
 1 5 10 15
 Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val
 20 25 30
 Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp
 35 40 45

Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu
 50 55 60
 Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala
 65 70 75 80

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

Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu
145 150 155 160

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

Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg
225 230 235 240

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

Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser

305 310
<210> 845
<211> 956
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(933)
<223> FRXA00306
<400> 845

gat tcc ggc att ccc acg cag ttg gtg gag ggc agc tgg ttt gaa ccg 48
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro

1 5 10 15
gtt cgc ggg cgc acc ttt gac cgc atc atc gcc aac ccg ccg ttc gtg 96
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val

20 25 30
gtg gga cca ccg gaa att ggg cat gtg tac cgc gat tcc ggc atg gat 144
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp

35 40 45
cta gac ggc gcg acc gcg ttg gtg gtc aaa gaa gcc tgc gcg cat ctc 192
Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu

50 55 60
aac cct ggt ggc acc gct cac ctg ctc ggc gca tgg gtg cat tcc gcg 240

Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala

65 70 75 80
gat caa tcg tgg cag cag cgc gtt gca gaa tgg ttg ccg gat aac ggt 288
Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly

85 90 95
tat gtt gct tgg gtt att gag cgc gac gcc gtg agc ccc gcg cag tat 336
Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr

100 105 110
gtg ggc acg tgg ctt agt gat gag tcc ctc gat ctg cgt agc ccc gag 384
Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu

115 120 125
gca gca gca cgc acc acc gcg tgg ctt aac cac ttt gaa aaa gcc aag 432
Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys

130 135 140
gtt caa ggc gtt ggt ttt ggt ttc atc gcc atc caa cgt ctg gag gaa 480
Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu

145 150 155 160
gac gag gcg gat gag aaa tcc gat atc ttg gct gaa tcc atg acc cag 528
Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln

165 170 175
tac ttc gag gat cct ctc ggc cct gaa att gag gag tac ttc acc cgc 576
Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg

180 185 190
acc gca tgg ctt cgt gaa caa act cgc gat tcc att ctg agc tcc cgc 624
Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg

195 200 205
ttc aaa gtt cgc cct ggc gtg gcc cgg gaa caa atc agc ctg gcc gat 672
Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp

210 215 220
gcg gaa gaa ggc atg ggc ttt agt cct gtc acg ttg agg ctc acc cgc 720
Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg

225 230 235 240
acc gat ggt cct cgt tgg tcc cat gat gtt gat gag cat gtg gct tcc 768
Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser

245 250 255
atc gtc gca gga ctt aac cca cat gga ctc ccc ttt gaa gaa atc ctg 816
Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu

260 265 270
gaa atg tac gcg atg gct caa ggt atc gag gga gaa tcc ctg cac aac 864
Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn

275 280 285
ggc gcc att gcg gcg ttg gtg gat ctc atc cgc cac gga ttg gtg ttg 912

Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu

290 295 300
ccc gct gat ctt ctc gat tct taaataagga ctgattgtga aag 956
Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser

305 310
<210> 846
<211> 311
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 846
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro
1 5 10 15
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val
20 25 30
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp
35 40 45

Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu
50 55 60
Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala
65 70 75 80

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

Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu
145 150 155 160

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

Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg
225 230 235 240

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

Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser

305 310

<210> 847

<211> 819

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(796)

<223> RXC01715

<400> 847

acatgttggt ggaacatgcc ggcagagccg acactacgat tcattcgcta aagggtctgg 60
ccactgacac tggcaaagat ccacgaaagg aagttaccct gtg agc gag ctc gat 115
Val Ser Glu Leu Asp

1 5
att aaa cag ctc aac aaa ctg cag cgc tac tct cag tgg gcg gtg ttc 163
Ile Lys Gln Leu Asn Lys Leu Gln Arg Tyr Ser Gln Trp Ala Val Phe

10 15 20
cgt gct att cct gga gcg ctc gat gat gat cgc aca gaa gtc act gac 211
Arg Ala Ile Pro Gly Ala Leu Asp Asp Asp Arg Thr Glu Val Thr Asp

25 30 35
caa gca gcc aag ttc ttt gcc gac ctt gaa gca gaa ggc aaa gtc act 259
Gln Ala Ala Lys Phe Phe Ala Asp Leu Glu Ala Glu Gly Lys Val Thr

40 45 50
gtc cgt ggc att tac aac gcc tcc ggc ctg cgc gca gac gct gac tac 307
Val Arg Gly Ile Tyr Asn Ala Ser Gly Leu Arg Ala Asp Ala Asp Tyr

55 60 65
atg atc tgg tgg cac gca gaa gaa ttc gaa gac att cag aag gcc ttc 355
Met Ile Trp Trp His Ala Glu Glu Phe Glu Asp Ile Gln Lys Ala Phe

70 75 80 85
gct gat ttc cgc cgc acc acc att ttg ggt cag gtt tct gag gtc ttc 403
Ala Asp Phe Arg Arg Thr Thr Ile Leu Gly Gln Val Ser Glu Val Phe

90 95 100
tgg atc gga aac gct ctc cac cgt cca tct gag ttc aac aag gct cac 451
Trp Ile Gly Asn Ala Leu His Arg Pro Ser Glu Phe Asn Lys Ala His

105 110 115
ttg cct tca ttc atc atg ggt gaa gaa gca aag gac tgg atc act gtt 499
Leu Pro Ser Phe Ile Met Gly Glu Glu Ala Lys Asp Trp Ile Thr Val

120 125 130
tac ccg ttc gtg cgc agc tac gac tgg tac atc atg gag ccc ttg aag 547
Tyr Pro Phe Val Arg Ser Tyr Asp Trp Tyr Ile Met Glu Pro Leu Lys

135 140 145
cgt tcc cgc att ctc cgc gag cac gga caa gct gct gtg gaa ttc cca 595

Arg Ser Arg Ile Leu Arg Glu His Gly Gln Ala Ala Val Glu Phe Pro

150 155 160 165
gat gtt cgt gcc aac act gtg cgc gct ttc gca ctg ggt gac tac gaa 643
Asp Val Arg Ala Asn Thr Val Pro Ala Phe Ala Leu Gly Asp Tyr Glu

170 175 180
tgg gtg ctg gct ttc gag gct gat gag ttg cac cgc att gtc gat ttg 691
Trp Val Leu Ala Phe Glu Ala Asp Glu Leu His Arg Ile Val Asp Leu

185 190 195
atg cac aag atg cgt tac acc gag gct cgc ctc cac gtc cgt gag gag 739
Met His Lys Met Arg Tyr Thr Glu Ala Arg Leu His Val Arg Glu Glu

200 205 210
ctg cca ttt att tct gga cag cgc gtc gac att gca gat ctg att aag 787
Leu Pro Phe Ile Ser Gly Gln Arg Val Asp Ile Ala Asp Leu Ile Lys

215 220 225
gtt ctt cct taaaagctgc ttttctaaac gat 819
Val Leu Pro

230
<210> 848
<211> 232
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 848

Val Ser Glu Leu Asp Ile Lys Gln Leu Asn Lys Leu Gln Arg Tyr Ser
1 5 10 15
Gln Trp Ala Val Phe Arg Ala Ile Pro Gly Ala Leu Asp Asp Asp Arg
20 25 30
Thr Glu Val Thr Asp Gln Ala Ala Lys Phe Phe Ala Asp Leu Glu Ala
35 40 45
Glu Gly Lys Val
Thr Val Arg Gly Ile Tyr Asn Ala Ser Gly Leu Arg
50 55 60
Ala Asp Ala Asp Tyr Met Ile Trp Trp His Ala Glu Glu Phe Glu Asp
65 70 75 80

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

Met Glu Pro Leu Lys Arg Ser Arg Ile Leu Arg Glu His Gly Gln Ala
145 150 155 160

Ala Val Glu Phe Pro Asp Val Arg Ala Asn Thr Val Pro Ala Phe Ala
165 170 175
Leu Gly Asp Tyr Glu Trp Val Leu Ala Phe Glu Ala Asp Glu Leu His
180 185 190

Arg Ile Val Asp Leu Met His Lys Met Arg Tyr Thr Glu Ala Arg Leu
195 200 205
His Val Arg Glu Glu Leu Pro Phe Ile Ser Gly Gln Arg Val Asp Ile
210 215 220

Ala Asp Leu Ile Lys Val Leu Pro

225 230

<210> 849
<211> 1587
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1564)
<223> RXN00420
<400> 849
attcgtgaac tcatggatct ttaggcaata aatgtgagat tggacgattt cacgcttgtc 60
ttcaccacct gaaaattttc gggggtaacc tttaaaggcg atg aac agt tct cac 115
Met Asn Ser Ser His

1 5
ggc acg tcc agc tcc ggc gct tcg gcc ggt gcc cac gga gcc ctt ccc 163
Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala His Gly Ala Leu Pro

10 15 20
cta gaa gct cag aaa ctg aac ggt tgg ggc cgc aca gcc ccc acc acc 211
Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg Thr Ala Pro Thr Thr

25 30 35
gct gag gta ctt acc acc cca gac cta gac atc att gtg gat gca gtc 259
Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile Ile Val Asp Ala Val

40 45 50
cgc caa gtc gct gaa caa aac gac tcc aag ccg gac tac ctc aag cgc 307
Arg Gln Val Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro Asp Tyr Leu Lys Arg

55 60 65
ggc gtg att gcc cgt ggc atg ggt cgt tcc tat ggt gac cca gcc caa 355
Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr Gly Asp Pro Ala Gln

70 75 80 85
aac gcc ggt ggc ctt gtc att gac atg cag cca ctg aac aaa atc cac 403
Asn Ala Gly Gly Leu Val Ile Asp Met Gln Pro Leu Asn Lys Ile His

90 95 100
tcg att gat cct gat tct gcg atc gtc gat gta gat ggc ggc gtc acc 451
Ser Ile Asp Pro Asp Ser Ala Ile Val Asp Val Asp Gly Gly Val Thr

105 110 115
ctc gat cag ctc atg aag gct gcc ctg cca tat ggc ctc tgg gtt cct 499
Leu Asp Gln Leu Met Lys Ala Ala Leu Pro Tyr Gly Leu Trp Val Pro

120 125 130
gtc ctt ccc ggc acc cgc caa gtc acc atc ggt ggc gca atc gga cca 547

Val Leu Pro Gly Thr Arg Gln Val Thr Ile Gly Gly Ala Ile Gly Pro

135 140 145
gac atc cac ggt aag aac cac cac tct gca ggt tcc ttc ggc gac cac 595
Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly Ser Phe Gly Asp His

150 155 160 165
gtg gtc tcc atg gaa ctc ctc gtt gca gac gga cgc atc ctg cac ctc 643
Val Val Ser Met Glu Leu Leu Val Ala Asp Gly Arg Ile Leu His Leu

170 175 180
gag cca gaa ggc acc gcc gaa gac cca cag ggc gac ctg ttc tgg gca 691
Glu Pro Glu Gly Thr Ala Glu Asp Pro Gln Gly Asp Leu Phe Trp Ala

185 190 195
acc gtt ggt ggc atg ggc ctg acc ggc atc atc gtc cgt gca cgc atc 739
Thr Val Gly Gly Met Gly Leu Thr Gly Ile Ile Val Arg Ala Arg Ile

200 205 210
cgc atg acc aag acg gaa acc gcc tac ttc att gcg gac acc gac cgc 787
Arg Met Thr Lys Thr Glu Thr Ala Tyr Phe Ile Ala Asp Thr Asp Arg

215 220 225
acc aac aac ttg gaa gaa acc gtt gcg ttc cac tcc gac gga tca gag 835
Thr Asn Asn Leu Glu Glu Thr Val Ala Phe His Ser Asp Gly Ser Glu

230 235 240 245
cac aac tac acc tat tct tct gcg tgg ttc gat gtc atc agc cct gag 883
His Asn Tyr Thr Tyr Ser Ser Ala Trp Phe Asp Val Ile Ser Pro Glu

250 255 260
cca aag ctt ggc cgc tcc acc atc tcc cgt ggt tcc ctg gca aca ctt 931
Pro Lys Leu Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Gly Ser Leu Ala Thr Leu

265 270 275
gct cag ctg gaa gaa ttg gca cca aag ctg gcc aag gat cca ctg aag 979
Ala Gln Leu Glu Glu Leu Ala Pro Lys Leu Ala Lys Asp Pro Leu Lys

280 285 290
ttt aat gct cca cag ctg atg aag gtt cca gat atc ttc cca tcc tgg 1027
Phe Asn Ala Pro Gln Leu Met Lys Val Pro Asp Ile Phe Pro Ser Trp

295 300 305
act ttg aac aag ctg acc ctt tcc gca gtc ggt gtg gct tac tac gcc 1075
Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly Val Ala Tyr Tyr Ala

310 315 320 325
atg ggt gca cca gcg aaa aac cag gtg aaa aac ctc acc cag ttc tac 1123
Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn Leu Thr Gln Phe Tyr

330 335 340
caa cca ctg gat ttg atc ggc gaa tgg aac cgt ggc tac ggc tcc aag 1171
Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg Gly Tyr Gly Ser Lys

345 350 355
ggc ttc ctg cag tac cag ttc gtg gtc ccc aca gaa gct gtt gag cct 1219

Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe Val Val Pro Thr Glu Ala Val Glu Pro

360 365 370
 ttc aag gac atc atc cgc gat atg caa aag tcc ggc cac tac tcc gca 1267
 Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser Gly His Tyr Ser Ala

375 380 385
 ctc aac gtg ttc aaa ctg ttt ggc cca ggc aac cgc gca cca ctg tcc 1315
 Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn Arg Ala Pro Leu Ser

390 395 400 405
 tac cca atg cca ggc tgg aac gtc tgc gtt gac ttc cct atc cgc cca 1363
 Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp Phe Pro Ile Arg Pro

410 415 420
 ggt ctg gga gct ttc ttg gac gat ctg gac aag cgc gtc atg gaa ttc 1411
 Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys Arg Val Met Glu Phe

425 430 435
 ggc ggc cgc ctc tac ctg gcc aag gaa tcc cgc acc tcc gca gag aac 1459
 Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg Thr Ser Ala Glu Asn

440 445 450
 ttc cac gcc atg tac cca ggt atg gaa ggc tgg ttg aag act cga aat 1507
 Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp Leu Lys Thr Arg Asn

455 460 465
 gag atc gac cca acc gga gtc ttt gca tct gac atg tcc cgc cga ctt 1555
 Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp Met Ser Arg Arg Leu

470 475 480 485
 gag ctt tct taagaaaggg cttgaactaa aca 1587
 Glu Leu Ser

<210> 850
 <211> 488
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 850
 Met Asn Ser Ser His Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala
 1 5 10 15
 His Gly Ala Leu Pro Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg
 20 25 30
 Thr Ala Pro Thr Thr Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile
 35 40 45
 Ile Val Asp Ala Val Arg Gln Val
 Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro
 50 55 60
 Asp Tyr Leu Lys Arg Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr
 65 70 75 80

Gly Asp Pro Ala Gln Asn Ala Gly Gly Leu Val Ile Asp Met Gln Pro
 85 90 95
 Leu Asn Lys Ile His Ser Ile Asp Pro Asp Ser Ala Ile Val Asp Val
 100 105 110
 Asp Gly Gly Val Thr Leu Asp Gln Leu Met Lys Ala Ala Leu Pro Tyr

115 120 125
 Gly Leu Trp Val Pro Val Leu Pro Gly Thr Arg Gln Val Thr Ile Gly
 130 135 140

 Gly Ala Ile Gly Pro Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly
 145 150 155 160

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

 Ala Asp Thr Asp Arg Thr Asn Asn Leu Glu Glu Thr Val Ala Phe His
 225 230 235 240

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

 Ile Phe Pro Ser Trp Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly
 305 310 315 320

 Val Ala Tyr Tyr Ala Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn
 325 330 335
 Leu Thr Gln Phe Tyr Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg
 340 345 350
 Gly Tyr Gly Ser Lys Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe Val Val Pro Thr
 355 360 365
 Glu Ala Val Glu Pro Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser
 370 375 380

 Gly His Tyr Ser Ala Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn
 385 390 395 400

 Arg Ala Pro Leu Ser Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp
 405 410 415
 Phe Pro Ile Arg Pro Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys
 420 425 430
 Arg Val Met Glu Phe Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg
 435 440 445
 Thr Ser Ala Glu Asn Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp
 450 455 460

 Leu Lys Thr Arg Asn Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp
 465 470 475 480

 Met Ser Arg Arg Leu Glu Leu Ser

485

<210> 851

<211> 563

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(540)

<223> FRXA00420

<400> 851

tgg act ttg aac aag ctg acc ctt tcc gca gtc ggt gtg gct tac tac 48
Trp Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly Val Ala Tyr Tyr

1 5 10 15 96
gcc atg ggt gca cca gcg aaa aac cag gtg aaa aac ctc acc cag ttc
Ala Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn Leu Thr Gln Phe

20 25 30 144
tac caa cca ctg gat ttg atc ggc gaa tgg aac cgt ggc tac ggc tcc
Tyr Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg Gly Tyr Gly Ser

35 40 45 192
aag ggc ttc ctg cag tac cag ttc gtg gtc ccc aca gaa gct gtt gag
Lys Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe Val Val Pro Thr Glu Ala Val Glu

50 55 60 240
cct ttc aag gac atc atc cgc gat atg caa aag tcc ggc cac tac tcc
Pro Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser Gly His Tyr Ser

65 70 75 80 288
gca ctc aac gtg ttc aaa ctg ttt ggc cca ggc aac cgc gca cca ctg
Ala Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn Arg Ala Pro Leu

85 90 95 336
tcc tac cca atg cca ggc tgg aac gtc tgc gtt gac ttc cct atc cgc
Ser Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp Phe Pro Ile Arg

100 105 110 384
cca ggt ctg gga gct ttc ttg gac gat ctg gac aag cgc gtc atg gaa
Pro Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys Arg Val Met Glu

115 120 125 432
ttc ggc ggc cgc ctc tac ctg gcc aag gaa tcc cgc acc tcc gca gag
Phe Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg Thr Ser Ala Glu

130 135 140 480
aac ttc cac gcc atg tac cca ggt atg gaa ggc tgg ttg aag act cga
Asn Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp Leu Lys Thr Arg

145 150 155 160 528
aat gag atc gac cca acc gga gtc ttt gca tct gac atg tcc cgc cga
Asn Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp Met Ser Arg Arg

165 170 175 563
ctt gag ctt tct taagaaaggg cttgaactaa aca

Leu Glu Leu Ser

180
 <210> 852
 <211> 180
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 852
 Trp Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly Val Ala Tyr Tyr
 1 5 10 15
 Ala Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn Leu Thr Gln Phe
 20 25 30
 Tyr Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg Gly Tyr Gly Ser
 35 40 45
 Lys Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe
 Val Val Pro Thr Glu Ala Val Glu
 50 55 60
 Pro Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser Gly His Tyr Ser
 65 70 75 80

Ala Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn Arg Ala Pro Leu
 85 90 95
 Ser Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp Phe Pro Ile Arg
 100 105 110
 Pro Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys Arg Val Met Glu
 115 120 125
 Phe Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg Thr Ser Ala Glu
 130 135 140
 Asn Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp Leu Lys Thr Arg
 145 150 155 160

Asn Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp Met Ser Arg Arg
 165 170 175
 Leu Glu Leu Ser

180
 <210> 853
 <211> 622
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(622)
 <223> FRXA00426
 <400> 853
 attcgtgaac tcatggatct ttaggcaata aatgtgagat tggacgattt cagccttgtc 60
 ttcaccacct gaaaatttcc gggggtaacc tttaaaggcg atg aac agt tct cac 115
 Met Asn Ser Ser His
 1 5
 ggc acg tcc agc tcc ggc gct tcg gcc ggt gcc cac gga gcc ctt ccc 163
 Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala His Gly Ala Leu Pro
 10 15 20
 cta gaa gct cag aaa ctg aac ggt tgg ggc cgc aca gcc ccc acc acc 211

Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg Thr Ala Pro Thr Thr

25 30 35
gct gag gta ctt acc acc cca gac cta gac atc att gtg gat gca gtc 259
Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile Ile Val Asp Ala Val

40 45 50
cgc caa gtc gct gaa caa aac gac tcc aag ccg gac tac ctc aag cgc 307
Arg Gln Val Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro Asp Tyr Leu Lys Arg

55 60 65
ggc gtg att gcc cgt ggc atg ggt cgt tcc tat ggt gac cca gcc caa 355
Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr Gly Asp Pro Ala Gln

70 75 80 85
aac gcc ggt ggc ctt gtc att gac atg cag cca ctg aac aaa atc cac 403
Asn Ala Gly Gly Leu Val Ile Asp Met Gln Pro Leu Asn Lys Ile His

90 95 100
tcg att gat cct gat tct gcg atc gtc gat gta gat ggc ggc gtc acc 451
Ser Ile Asp Pro Asp Ser Ala Ile Val Asp Val Asp Gly Gly Val Thr

105 110 115
ctc gat cag ctc atg aag gct gcc ctg cca tat ggc ctc tgg gtt cct 499
Leu Asp Gln Leu Met Lys Ala Ala Leu Pro Tyr Gly Leu Trp Val Pro

120 125 130
gtc ctt ccc ggc acc cgc caa gtc acc atc ggt ggc gca atc gga cca 547
Val Leu Pro Gly Thr Arg Gln Val Thr Ile Gly Gly Ala Ile Gly Pro

135 140 145
gac atc cac ggt aag aac cac cac tct gca ggt tcc ttc ggc gac cac 595
Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly Ser Phe Gly Asp His

150 155 160 165
gtg gtc tcc atg gaa ctc ctc gtt gca 622
Val Val Ser Met Glu Leu Val Ala

170
<210> 854
<211> 174
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 854
Met Asn Ser Ser His Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala
1 5 10 15
His Gly Ala Leu Pro Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg
20 25 30
Thr Ala Pro Thr Thr Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile
35 40 45
Ile Val Asp Ala Val Arg Gln Val Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro
50 55 60
Asp Tyr Leu Lys Arg Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr
65 70 75 80

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

Gly Ala Ile Gly Pro Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly
145 150 155 160

Ser Phe Gly Asp His Val Val Ser Met Glu Leu Leu Val Ala
165 170

<210> 855

<211> 930

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(907)

<223> RXN00708

<400> 855

cctgcgtatc ggctgccttt ttgaattctt ttctcctcg aggcctaacc ttcaattcct 60
taccgatccc ctccctgaa gtttcgctaa cctggcgtac atg act ctt tcc ctt 115
Met Thr Leu Ser Leu

1 5
cct cca att ggt ttc ggc acc gtt cat ctt gat ggc gca cct ggc gtt 163
Pro Pro Ile Gly Phe Gly Thr Val His Leu Asp Gly Ala Pro Gly Val

10 15 20
gaa gcc atc gct act gcc att gat gct ggt tac cgc ctc atc gac acc 211
Glu Ala Ile Ala Thr Ala Ile Asp Ala Gly Tyr Arg Leu Ile Asp Thr

25 30 35
gcg tac aac tat gaa aat gaa ggt acc gtg ggc aag gct gtc cgc gag 259
Ala Tyr Asn Tyr Glu Asn Glu Gly Thr Val Gly Lys Ala Val Arg Glu

40 45 50
tcg ggt gtc ccc cgc gag gaa ttg att gtt acc agt aag ctc cct ggc 307
Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu Ile Val Thr Ser Lys Leu Pro Gly

55 60 65
cgc ttc cat gct cgc gat cta gga cgc gtc cgc att gag gaa agt cta 355
Arg Phe His Ala Arg Asp Leu Gly Arg Val Arg Ile Glu Glu Ser Leu

70 75 80 85
tac cgc ctc aac tta gat tac atc gat ctc ctc ttg att cac tgg cct 403
Tyr Arg Leu Asn Leu Asp Tyr Ile Asp Leu Leu Leu Ile His Trp Pro

90 95 100
aat ccc agc aag gat ctc tac gtc gag gcg tgg gaa acg ctg att gaa 451
Asn Pro Ser Lys Asp Leu Tyr Val Glu Ala Trp Glu Thr Leu Ile Glu

105 110 115
 gtc cgc gat gct ggc ctg gtc aag cac atc gga gtg tct aac ttc ctt 499
 Val Arg Asp Ala Gly Leu Val Lys His Ile Gly Val Ser Asn Phe Leu

 120 125 130
 cca aat cac att gat cgc ctg cgc cgc gaa acc ggt gaa ctg ccg gcc 547
 Pro Asn His Ile Asp Arg Leu Arg Arg Glu Thr Gly Glu Leu Pro Ala

 135 140 145
 gtt aac cag atc gag ttg cac ccc tat ttc ccg cag gtg gag cag gta 595
 Val Asn Gln Ile Glu Leu His Pro Tyr Phe Pro Gln Val Glu Gln Val

 150 155 160 165
 gat ttc cac gat gag ctg ggc atc att acc gag gcc tgg agc ccg ctc 643
 Asp Phe His Asp Glu Leu Gly Ile Ile Thr Glu Ala Trp Ser Pro Leu

 170 175 180
 agc aac ggt cgc gga ctc gtc gaa gag cca ttg ctc aag gaa atc ggc 691
 Ser Asn Gly Arg Gly Leu Val Glu Glu Pro Leu Leu Lys Glu Ile Gly

 185 190 195
 gag cgc tac ggg gtc ggc agc ggc gaa atc gcc ctc gct tgg cat cac 739
 Glu Arg Tyr Gly Val Gly Ser Gly Glu Ile Ala Leu Ala Trp His His

 200 205 210
 gcc agg gga atc gtt ccg att cca cgc tcc acc aac ccg gcc agg cag 787
 Ala Arg Gly Ile Val Pro Ile Pro Arg Ser Thr Asn Pro Ala Arg Gln

 215 220 225
 cgc agc aac ttg gag gcg gta aag att tcg ctt atc gac gaa gac gtc 835
 Arg Ser Asn Leu Glu Ala Val Lys Ile Ser Leu Ile Asp Glu Asp Val

 230 235 240 245
 cag gcg att acc gct ttg gcg cgc aaa aac ggc cgg atc aaa gat caa 883
 Gln Ala Ile Thr Ala Leu Ala Arg Lys Asn Gly Arg Ile Lys Asp Gln

 250 255 260
 gat cca gcc gtc tat gaa gaa ttc tagatagtta catcaagggtt ccg 930
 Asp Pro Ala Val Tyr Glu Glu Phe

 265
 <210> 856
 <211> 269
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 856
 Met Thr Leu Ser Leu Pro Pro Ile Gly Phe Gly Thr Val His Leu Asp
 1 5 10 15
 Gly Ala Pro Gly Val Glu Ala Ile Ala Thr Ala Ile Asp Ala Gly Tyr
 20 25 30
 Arg Leu Ile Asp Thr Ala Tyr Asn Tyr Glu Asn Glu Gly Thr Val Gly
 35 40 45

 Lys Ala Val Arg Glu Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu Ile Val Thr
 50 55 60
 Ser Lys Leu Pro Gly Arg Phe His Ala Arg Asp Leu Gly Arg Val Arg

65	70	75	80
Ile Glu Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Asn Leu Asp Tyr Ile Asp Leu Leu			
	85	90	95
Leu Ile His Trp Pro Asn Pro Ser Lys Asp Leu Tyr Val Glu Ala Trp			
	100	105	110
Glu Thr Leu Ile Glu Val Arg Asp Ala Gly Leu Val Lys His Ile Gly			
	115	120	125
Val Ser Asn Phe Leu Pro Asn His Ile Asp Arg Leu Arg Arg Glu Thr			
	130	135	140
Gly Glu Leu Pro Ala Val Asn Gln Ile Glu Leu His Pro Tyr Phe Pro			
145	150	155	160
Gln Val Glu Gln Val Asp Phe His Asp Glu Leu Gly Ile Ile Thr Glu			
	165	170	175
Ala Trp Ser Pro Leu Ser Asn Gly Arg Gly Leu Val Glu Glu Pro Leu			
	180	185	190
Leu Lys Glu Ile Gly Glu Arg Tyr Gly Val Gly Ser Gly Glu Ile Ala			
	195	200	205
Leu Ala Trp His His Ala Arg Gly Ile Val Pro Ile Pro Arg Ser Thr			
	210	215	220
Asn Pro Ala Arg Gln Arg Ser Asn Leu Glu Ala Val Lys Ile Ser Leu			
225	230	235	240
Ile Asp Glu Asp Val Gln Ala Ile Thr Ala Leu Ala Arg Lys Asn Gly			
	245	250	255
Arg Ile Lys Asp Gln Asp Pro Ala Val Tyr Glu Glu Phe			
	260	265	
<210> 857			
<211> 695			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(672)			
<223> FRXA00708			
<400> 857			
acc gtg ggc aag gct gtc cgc gag tgc ggt gtc ccc cgc gag gaa ttg			48
Thr Val Gly Lys Ala Val Arg Glu Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu			
1	5	10	15
att gtt acc agt aag ctc cct ggc cgc ttc cat gct cgc gat cta gga			96
Ile Val Thr Ser Lys Leu Pro Gly Arg Phe His Ala Arg Asp Leu Gly			
	20	25	30
cgc gtc cgc att gag gaa agt cta tac cgc ctc aac tta gat tac atc			144
Arg Val Arg Ile Glu Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Asn Leu Asp Tyr Ile			
	35	40	45
gat ctc ctc ttg att cac tgg cct aat ccc agc aag gat ctc tac gtc			192

Asp Leu Leu Leu Ile His Trp Pro Asn Pro Ser Lys Asp Leu Tyr Val

50 55 60
gag gcg tgg gaa acg ctg att gaa gtc cgc gat gct ggc ctg gtc aag 240
Glu Ala Trp Glu Thr Leu Ile Glu Val Arg Asp Ala Gly Leu Val Lys

65 70 75 80
cac atc gga gtg tct aac ttc ctt cca aat cac att gat cgc ctg cgc 288
His Ile Gly Val Ser Asn Phe Leu Pro Asn His Ile Asp Arg Leu Arg

85 90 95
cgc gaa acc ggt gaa ctg ccg gcc gtt aac cag atc gag ttg cac ccc 336
Arg Glu Thr Gly Glu Leu Pro Ala Val Asn Gln Ile Glu Leu His Pro

100 105 110
tat ttc ccg cag gtg gag cag gta gat ttc cac gat gag ctg ggc atc 384
Tyr Phe Pro Gln Val Glu Gln Val Asp Phe His Asp Glu Leu Gly Ile

115 120 125
att acc gag gcc tgg agc ccg ctc agc aac ggt cgc gga ctc gtc gaa 432
Ile Thr Glu Ala Trp Ser Pro Leu Ser Asn Gly Arg Gly Leu Val Glu

130 135 140
gag cca ttg ctc aag gaa atc ggc gag cgc tac ggg gtc ggc agc ggc 480
Glu Pro Leu Leu Lys Glu Ile Gly Glu Arg Tyr Gly Val Gly Ser Gly

145 150 155 160
gaa atc gcc ctc gct tgg cat cac gcc agg gga atc gtt ccg att cca 528
Glu Ile Ala Leu Ala Trp His His Ala Arg Gly Ile Val Pro Ile Pro

165 170 175
cgc tcc acc aac ccg gcc agg cag cgc agc aac ttg gag gcg gta aag 576
Arg Ser Thr Asn Pro Ala Arg Gln Arg Ser Asn Leu Glu Ala Val Lys

180 185 190
att tcg ctt atc gac gaa gac gtc cag gcg att acc gct ttg gcg cgc 624
Ile Ser Leu Ile Asp Glu Asp Val Gln Ala Ile Thr Ala Leu Ala Arg

195 200 205
aaa aac ggc cgg atc aaa gat caa gat cca gcc gtc tat gaa gaa ttc 672
Lys Asn Gly Arg Ile Lys Asp Gln Asp Pro Ala Val Tyr Glu Glu Phe

210 215 220
tagatagtta catcaaggtt ccg 695
<210> 858
<211> 224
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 858
Thr Val Gly Lys Ala Val Arg Glu Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu
1 5 10 15
Ile Val Thr Ser Lys Leu Pro Gly Arg Phe His Ala Arg Asp Leu Gly
20 25 30
Arg Val Arg Ile Glu Glu Ser
Leu Tyr Arg Leu Asn Leu Asp Tyr Ile
35 40 45

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

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

Glu Pro Leu Leu Lys Glu Ile Gly Glu Arg Tyr Gly Val Gly Ser Gly
 145 150 155 160

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

<210> 859

<211> 1038

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1015)

<223> RXA02373

<400> 859

aaagtcataag ctcatggttaa ttcagtgtag ataggcgtac ggtgggctat ccaattcatc 60
 tcaacctaag gcgcattttg gtgcgcacatca aggagaaaat atg tct gtt gtg ggt 115
 Met Ser Val Val Gly

1 5
 acc ggc cta ttc ttt gga tcc ccg gag gaa gag cgg gat aag ttg atg 163
 Thr Gly Leu Phe Phe Gly Ser Pro Glu Glu Glu Arg Asp Lys Leu Met

10 15 20
 caa tct ttg atg gat cag aag aat aag ctt tcg aag tct gaa ggt atc 211
 Gln Ser Leu Met Asp Gln Lys Asn Lys Leu Ser Lys Ser Glu Gly Ile

25 30 35
 cca ttg gtc acc ttg aat gat gga aaa acc att cct cag ctt ggt ttt 259
 Pro Leu Val Thr Leu Asn Asp Gly Lys Thr Ile Pro Gln Leu Gly Phe

40 45 50
 ggt gtg ttc aag gta gat ccc gat gaa gca gag cgc gta gtt acc gaa 307
 Gly Val Phe Lys Val Asp Pro Asp Glu Ala Glu Arg Val Val Thr Glu

55	60	65	
gca ctt gag gta ggt tac cgc cac atc gat act gct gcg att tac ggc	355		
Ala Leu Glu Val Gly Tyr Arg His Ile Asp Thr Ala Ala Ile Tyr Gly			
70	75	80	85
aat gag gaa ggt gtc ggc cga gct att gct aag tcc ggc att cct cgt	403		
Asn Glu Glu Gly Val Gly Arg Ala Ile Ala Lys Ser Gly Ile Pro Arg			
90	95	100	
gaa gag ctg ttt att act acc aag ttg tgg aac gat cgc cac ctg gat	451		
Glu Glu Leu Phe Ile Thr Thr Lys Leu Trp Asn Asp Arg His Leu Asp			
105	110	115	
gta gaa gct gct ttt gag gag tct ctg cag aag ctg ggc ttg gat tat	499		
Val Glu Ala Ala Phe Glu Glu Ser Leu Gln Lys Leu Gly Leu Asp Tyr			
120	125	130	
gta gat ctg tac ttg gtg cac tgg ccg gca ccg aag aac gat aat tat	547		
Val Asp Leu Tyr Leu Val His Trp Pro Ala Pro Lys Asn Asp Asn Tyr			
135	140	145	
gtt gct gca tgg aag ggc ttg gaa aag ctc ggt gac cgt gct cgt tcc	595		
Val Ala Ala Trp Lys Gly Leu Glu Lys Leu Gly Asp Arg Ala Arg Ser			
150	155	160	165
atc ggt gtg tgc aac ttc ctg cca gag cac cta gaa aag ctg ctg gca	643		
Ile Gly Val Cys Asn Phe Leu Pro Glu His Leu Glu Lys Leu Leu Ala			
170	175	180	
gag gca acc act gtg cct gcc att aac cag att gag ctg cac cca gct	691		
Glu Ala Thr Thr Val Pro Ala Ile Asn Gln Ile Glu Leu His Pro Ala			
185	190	195	
ttg cag cag cgc gat gct gtt gag gca tct ctt gca gca ggc atc act	739		
Leu Gln Gln Arg Asp Ala Val Glu Ala Ser Leu Ala Ala Gly Ile Thr			
200	205	210	
gtg gag tcg tgg ggt cct ctg gga cag ggg cgt ttt gat ctt ggc gct	787		
Val Glu Ser Trp Gly Pro Leu Gly Gln Gly Arg Phe Asp Leu Gly Ala			
215	220	225	
gag gaa cca atc gca gct gca gcg aag aac cat gga aag acc cca gct	835		
Glu Glu Pro Ile Ala Ala Ala Ala Lys Asn His Gly Lys Thr Pro Ala			
230	235	240	245
cag gtt gtt atc cgt tgg cac ctg cag aac ggt ttc gtt gtg ttc ccc	883		
Gln Val Val Ile Arg Trp His Leu Gln Asn Gly Phe Val Val Phe Pro			
250	255	260	
aag act gtg act aag agc cgc atg gtg gaa aac atc gac gtg ttt gat	931		
Lys Thr Val Thr Lys Ser Arg Met Val Glu Asn Ile Asp Val Phe Asp			
265	270	275	
ttc gaa ctc agt gat gag gag atg gct gcg atc act gct ctt gag cgc	979		
Phe Glu Leu Ser Asp Glu Glu Met Ala Ala Ile Thr Ala Leu Glu Arg			

280 285 290
aat gat cgt ggt ggt tca cac ccg aat gat ctg aac tagaaataag 1025
Asn Asp Arg Gly Gly Ser His Pro Asn Asp Leu Asn

295 300 305
gtaaggccct gca 1038
<210> 860
<211> 305
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 860

Met Ser Val Val Gly Thr Gly Leu Phe Phe Gly Ser Pro Glu Glu Glu
1 5 10 15
Arg Asp Lys Leu Met Gln Ser Leu Met Asp Gln Lys Asn Lys Leu Ser
20 25 30
Lys Ser Glu Gly Ile Pro Leu Val Thr Leu Asn Asp Gly Lys Thr Ile
35 40
45
Pro Gln Leu Gly Phe Gly Val Phe Lys Val Asp Pro Asp Glu Ala Glu
50 55 60
Arg Val Val Thr Glu Ala Leu Glu Val Gly Tyr Arg His Ile Asp Thr
65 70 75 80

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

Lys Asn Asp Asn Tyr Val Ala Ala Trp Lys Gly Leu Glu Lys Leu Gly
145 150 155 160

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

Phe Asp Leu Gly Ala Glu Glu Pro Ile Ala Ala Ala Ala Lys Asn His
225 230 235 240

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

Asn

305

<210> 861

<211> 1683

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1660)

<223> RXS00389

<400> 861

ccaccactgc gtaacctttc cgagcaagat atcgcggacc tgctcgattt gcttgccacc 60
tctggcgag gttcctaccg ccttcagttg aggtgaaagc atg atc acc gca acc 115
Met Ile Thr Ala Thr

1 5
gca ctg cat ggg tgt tca ctg att gat ggc gag tgg gtc gct gga aaa 163
Ala Leu His Gly Cys Ser Leu Ile Asp Gly Glu Trp Val Ala Gly Lys

10 15 20
aat ggt gag att aca gga ttc gat ccg cgc acc aat gcg agt ctg aac 211
Asn Gly Glu Ile Thr Gly Phe Asp Pro Arg Thr Asn Ala Ser Leu Asn

25 30 35
cct tcc tac tct tta gca aac agc gca cag ctg cgc gcc gcc aca aca 259
Pro Ser Tyr Ser Leu Ala Asn Ser Ala Gln Leu Arg Ala Ala Thr Thr

40 45 50
tcg gcg aag cga gct ttt gaa agc tac cga ctc act act cca gag gtt 307
Ser Ala Lys Arg Ala Phe Glu Ser Tyr Arg Leu Thr Thr Pro Glu Val

55 60 65
aga gca gat ttc ctg gat tcc atc gct gac aac atc gat gcg cta tcc 355
Arg Ala Asp Phe Leu Asp Ser Ile Ala Asp Asn Ile Asp Ala Leu Ser

70 75 80 85
ggc gag atc gtg caa cgg gcg agc ctg gag aca ggt ttg gga act acc 403
Gly Glu Ile Val Gln Arg Ala Ser Leu Glu Thr Gly Leu Gly Thr Thr

90 95 100
cga ctc aca ggc gaa gta gcc cgc acc agc aac cag ctc cgc ctg ttt 451
Arg Leu Thr Gly Glu Val Ala Arg Thr Ser Asn Gln Leu Arg Leu Phe

105 110 115
gca gaa acc gtg aga agc gga cag ttc cac cga gta cgc att gaa cga 499
Ala Glu Thr Val Arg Ser Gly Gln Phe His Arg Val Arg Ile Glu Arg

120 125 130
gga ccg cgg att gat ctt cgc cag cgt cag gtt ccg ttg gga cca gtc 547
Gly Pro Arg Ile Asp Leu Arg Gln Arg Gln Val Pro Leu Gly Pro Val

135 140 145
gcg gta ttc ggg gca agc aac ttc ccc gtc gct ttc tct act gct ggt 595

Ala Val Phe Gly Ala Ser Asn Phe Pro Val Ala Phe Ser Thr Ala Gly

150 155 160 165
ggc gat aca gca tca gcg ttg gct gca ggc tgc cct gtg gtt ttt aag 643
Gly Asp Thr Ala Ser Ala Leu Ala Ala Gly Cys Pro Val Val Phe Lys

170 175 180
gcg cat aat gcg cac cct gga aca gct gag ctc gtc ggg caa gcg gtg 691
Ala His Asn Ala His Pro Gly Thr Ala Glu Leu Val Gly Gln Ala Val

185 190 195
cgg gga gcc gtc gaa aag cat gag ttt gat gct ggt gtg ttt aac ctt 739
Arg Gly Ala Val Glu Lys His Glu Phe Asp Ala Gly Val Phe Asn Leu

200 205 210
gtc tac ggc cgt ggc gtg gaa att ggc cag gag ctg gct gcg gat ccg 787
Val Tyr Gly Arg Gly Val Glu Ile Gly Gln Glu Leu Ala Ala Asp Pro

215 220 225
aat atc acg gca atc ggt ttt acc ggt tca cgc cag ggt ggt ttg gca 835
Asn Ile Thr Ala Ile Gly Phe Thr Gly Ser Arg Gln Gly Gly Leu Ala

230 235 240 245
ctg tca cag act gcg ttt agc cgc cca gtt ccc gtt cca gtc ttt gca 883
Leu Ser Gln Thr Ala Phe Ser Arg Pro Val Pro Val Pro Val Phe Ala

250 255 260
gaa atg agt gcc acc aac cct gtg ttc gtc ttc ccc ggc gcg ctg gcg 931
Glu Met Ser Ala Thr Asn Pro Val Phe Val Phe Pro Gly Ala Leu Ala

265 270 275
gat ttg gat gca tcg agt tcc ttg gct gag gcg ttt acc gct tcc gtc 979
Asp Leu Asp Ala Ser Ser Ser Leu Ala Glu Ala Phe Thr Ala Ser Val

280 285 290
acc ggc agt tcc ggg caa ttg tgc acc aag cct ggc ctc gtt ttc atc 1027
Thr Gly Ser Ser Gly Gln Leu Cys Thr Lys Pro Gly Leu Val Phe Ile

295 300 305
ccg cgc ggt gtt gtt ggt gat gct ttt gtg gcg ctc gta gca gcc aaa 1075
Pro Arg Gly Val Val Gly Asp Ala Phe Val Ala Leu Val Ala Ala Lys

310 315 320 325
ttt aaa gaa acc acg ggt caa acg atg ctc acg caa ggc atc gct cag 1123
Phe Lys Glu Thr Thr Gly Gln Thr Met Leu Thr Gln Gly Ile Ala Gln

330 335 340
gca tgg cag cgc gga gtc gac aac ctt gca gca cag cca agt gta aaa 1171
Ala Trp Gln Arg Gly Val Asp Asn Leu Ala Ala Gln Pro Ser Val Lys

345 350 355
atc ctc gcc caa ggc acc ccc gga gat gga gag aac gcg ccg ggc ccg 1219
Ile Leu Ala Gln Gly Thr Pro Gly Asp Gly Glu Asn Ala Pro Gly Pro

360 365 370
gtg gtg ttt gaa agt gat gtg cag gcg ttg cta aat aat gtg gtg ttg 1267

Val Val Phe Glu Ser Asp Val Gln Ala Leu Leu Asn Asn Val Val Leu

375 380 385
cag gaa gaa atc ttc ggt gcg gca tcg ctg gtg gtg cgt tat gat tcc 1315
Gln Glu Glu Ile Phe Gly Ala Ala Ser Leu Val Val Arg Tyr Asp Ser

390 395 400 405
ccg gat caa ctc cac caa gta gcc aat tca ctc gag gga caa tta aca 1363
Pro Asp Gln Leu His Gln Val Ala Asn Ser Leu Glu Gly Gln Leu Thr

410 415 420
gcc acg atc cac gca tcc cag gat gat ttc cag gaa gtc tcg aaa ctt 1411
Ala Thr Ile His Ala Ser Gln Asp Asp Phe Gln Glu Val Ser Lys Leu

425 430 435
atc ccc ctc ttg gag gat ctc gcg ggc cgt gtt ctt tac ggc ggc tgg 1459
Ile Pro Leu Leu Glu Asp Leu Ala Gly Arg Val Leu Tyr Gly Gly Trp

440 445 450
cca acg ggt gtg gaa gtt ggg cac acg gtt atc cat gga ggc cct tat 1507
Pro Thr Gly Val Glu Val Gly His Thr Val Ile His Gly Gly Pro Tyr

455 460 465
ccg gcg acc tca aat gcg cag tcg aca agt gtt gga acc ctg gca atc 1555
Pro Ala Thr Ser Asn Ala Gln Ser Thr Ser Val Gly Thr Leu Ala Ile

470 475 480 485
gag aga ttt atg cgc ccg gtt tct tat caa act ttc ccg gct gag ctg 1603
Glu Arg Phe Met Arg Pro Val Ser Tyr Gln Thr Phe Pro Ala Glu Leu

490 495 500
ctt cca gat cca gtt tct gag gcg aat aaa tgg gct gta cct cgg gaa 1651
Leu Pro Asp Pro Val Ser Glu Ala Asn Lys Trp Ala Val Pro Arg Glu

505 510 515
ata gac cgt taatagctgg tctttacatt tgc 1683
Ile Asp Arg

520
<210> 862
<211> 520
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 862
Met Ile Thr Ala Thr Ala Leu His Gly Cys Ser Leu Ile Asp Gly Glu
1 5 10 15
Trp Val Ala Gly Lys Asn Gly Glu Ile Thr Gly Phe Asp Pro Arg Thr
20 25 30
Asn Ala Ser Leu Asn Pro Ser Tyr Ser Leu Ala Asn Ser Ala Gln Leu
35 40 45
Arg Ala Ala Thr Thr Ser Ala Lys
Arg Ala Phe Glu Ser Tyr Arg Leu
50 55 60
Thr Thr Pro Glu Val Arg Ala Asp Phe Leu Asp Ser Ile Ala Asp Asn
65 70 75 80

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

 Pro Leu Gly Pro Val Ala Val Phe Gly Ala Ser Asn Phe Pro Val Ala
 145 150 155 160

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

 Leu Ala Ala Asp Pro Asn Ile Thr Ala Ile Gly Phe Thr Gly Ser Arg
 225 230 235 240

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

 Gly Leu Val Phe Ile Pro Arg Gly Val Val Gly Asp Ala Phe Val Ala
 305 310 315 320

 Leu Val Ala Ala Lys Phe Lys Glu Thr Thr Gly Gln Thr Met Leu Thr
 325 330 335
 Gln Gly Ile Ala Gln Ala Trp Gln Arg Gly Val Asp Asn Leu Ala Ala
 340 345 350
 Gln Pro Ser Val Lys Ile Leu Ala Gln Gly Thr Pro Gly Asp Gly Glu
 355 360 365
 Asn Ala Pro Gly Pro Val Val Phe Glu Ser Asp Val Gln Ala Leu Leu
 370 375 380

 Asn Asn Val Val Leu Gln Glu Glu Ile Phe Gly Ala Ala Ser Leu Val
 385 390 395 400

 Val Arg Tyr Asp Ser Pro Asp Gln Leu His Gln Val Ala Asn Ser Leu
 405 410 415
 Glu Gly Gln Leu Thr Ala Thr Ile His Ala Ser Gln Asp Asp Phe Gln
 420 425 430
 Glu Val Ser Lys Leu Ile Pro Leu Leu Glu Asp Leu Ala Gly Arg Val
 435 440 445
 Leu Tyr Gly Gly Trp Pro Thr Gly Val Glu Val Gly His Thr Val Ile
 450 455 460

His Gly Gly Pro Tyr Pro Ala Thr Ser Asn Ala Gln Ser Thr Ser Val
 465 470 475 480

Gly Thr Leu Ala Ile Glu Arg Phe Met Arg Pro Val Ser Tyr Gln Thr
 485 490 495

Phe Pro Ala Glu Leu Leu Pro Asp Pro Val Ser Glu Ala Asn Lys Trp
 500 505 510

Ala Val Pro Arg Glu Ile Asp Arg

515 520

<210> 863
 <211> 882
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(859)
 <223> RXS00419
 <400> 863

gctggttgaa gactcgaaat gagatcgacc caaccggagt ctttgcattc gacatgtccc 60
 gccgacttga gctttcttaa gaaagggtt gaactaaaca atg ctt aac gca gtg 115
 Met Leu Asn Ala Val

1 5

ggc aaa gcc caa aac att ctc ctt ctt ggt gga acc tct gag atc ggt 163
 Gly Lys Ala Gln Asn Ile Leu Leu Leu Gly Gly Thr Ser Glu Ile Gly

10 15 20

att tcc att gtc tcc cgc ttc ctc aag cag ggt cca tcc cat gtg acc 211
 Ile Ser Ile Val Ser Arg Phe Leu Lys Gln Gly Pro Ser His Val Thr

25 30 35

ttg gca gcg cgt aaa gat tcc cca cgc gtg gac gca gca gtc gca gag 259
 Leu Ala Ala Arg Lys Asp Ser Pro Arg Val Asp Ala Ala Val Ala Glu

40 45 50

atc aaa gca gct ggc gct gct tcc gtt gct gtt gtt gat ttc gat gcg 307
 Ile Lys Ala Ala Gly Ala Ala Ser Val Ala Val Val Asp Phe Asp Ala

55 60 65

ctc gac acc gaa tcc cac cct gca gcc atc gac gca gcc ttt gaa aac 355
 Leu Asp Thr Glu Ser His Pro Ala Ala Ile Asp Ala Ala Phe Glu Asn

70 75 80 85

ggc gac gtt gac gta gca atc gtg gct ttc ggc atc ctc ggc gac aac 403
 Gly Asp Val Asp Val Ala Ile Val Ala Phe Gly Ile Leu Gly Asp Asn

90 95 100

gaa gca cag tgg cgc gac caa gca cta gca gtg gaa gca acc acc gtg 451
 Glu Ala Gln Trp Arg Asp Gln Ala Leu Ala Val Glu Ala Thr Thr Val

105 110 115

aac tac acc gcc ggc gtt tcc gta ggt gta ctg ctg ggc cag aaa ttt 499
 Asn Tyr Thr Ala Gly Val Ser Val Gly Val Leu Leu Gly Gln Lys Phe

120 125 130
 gag cag cag ggc cac ggc acc atc gtg gca ttg tcc tct gtg gca ggc 547
 Glu Gln Gln Gly His Gly Thr Ile Val Ala Leu Ser Ser Val Ala Gly

135 140 145
 cag cga gtc cgc cgc tcc aac ttt gtc tac ggc tcc gcc aag gca ggt 595
 Gln Arg Val Arg Arg Ser Asn Phe Val Tyr Gly Ser Ala Lys Ala Gly

150 155 160 165
 ttc gac ggt ttc tac acc cag ctc ggc gaa gcc ctg cgt gga tcc ggt 643
 Phe Asp Gly Phe Tyr Thr Gln Leu Gly Glu Ala Leu Arg Gly Ser Gly

170 175 180
 gcc aac gta ttg gtg gtt cgc cca ggc cag gta cgc acc aag atg tcc 691
 Ala Asn Val Leu Val Val Arg Pro Gly Gln Val Arg Thr Lys Met Ser

185 190 195
 gca gat ggt ggc gaa gcc cca ctg acc gtc aac cgc gaa gac gtg gca 739
 Ala Asp Gly Gly Glu Ala Pro Leu Thr Val Asn Arg Glu Asp Val Ala

200 205 210
 gat gct gtt tat gat gca gtg gtg aac aag aag gac atc atc ttt gtc 787
 Asp Ala Val Tyr Asp Ala Val Val Asn Lys Lys Asp Ile Ile Phe Val

215 220 225
 cac cca ctg ttc cag tac gtc tct ttt gcg ttc caa ttc att ccg cga 835
 His Pro Leu Phe Gln Tyr Val Ser Phe Ala Phe Gln Phe Ile Pro Arg

230 235 240 245
 gca atc ttc cgc aag ctg ccg ttc taacggaagt tacggaagtt acg 882
 Ala Ile Phe Arg Lys Leu Pro Phe

250
 <210> 864
 <211> 253
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 864
 Met Leu Asn Ala Val Gly Lys Ala Gln Asn Ile Leu Leu Leu Gly Gly
 1 5 10 15
 Thr Ser Glu Ile Gly Ile Ser Ile Val Ser Arg Phe Leu Lys Gln Gly
 20 25 30
 Pro Ser His Val Thr Leu Ala Ala Arg Lys Asp Ser Pro Arg Val Asp
 35 40 45
 Ala Ala Val Ala Glu Ile Lys Ala Ala Gly Ala Ala Ser Val Ala Val
 50 55 60
 Val Asp Phe Asp Ala Leu Asp Thr Glu Ser His Pro Ala Ala Ile Asp
 65 70 75 80
 Ala Ala Phe Glu Asn Gly Asp Val Asp Val Ala Ile Val Ala Phe Gly
 85 90 95
 Ile Leu Gly Asp Asn Glu Ala Gln Trp Arg Asp Gln Ala Leu Ala Val
 100 105 110
 Glu Ala Thr Thr Val Asn Tyr Thr Ala Gly Val Ser Val Gly Val Leu
 115 120 125
 Leu Gly Gln Lys Phe Glu Gln Gln Gly His Gly Thr Ile Val Ala Leu

130	135	140	
Ser Ser Val Ala Gly Gln Arg Val Arg Arg Ser Asn Phe Val Tyr Gly			
145	150	155	160
Ser Ala Lys Ala Gly Phe Asp Gly Phe Tyr Thr Gln Leu Gly Glu Ala			
	165	170	175
Leu Arg Gly Ser Gly Ala Asn Val Leu Val Val Arg Pro Gly Gln Val			
	180	185	190
Arg Thr Lys Met Ser Ala Asp Gly Gly Glu Ala Pro Leu Thr Val Asn			
	195	200	205
Arg Glu Asp Val Ala Asp Ala Val Tyr Asp Ala Val Val Asn Lys Lys			
	210	215	220
Asp Ile Ile Phe Val His Pro Leu Phe Gln Tyr Val Ser Phe Ala Phe			
225	230	235	240
Gln Phe Ile Pro Arg Ala Ile Phe Arg Lys Leu Pro Phe			
	245	250	
<210> 865			
<211> 1673			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(1650)			
<223> RXC00416			
<400> 865			
ctg gcg tct tac tta agc cca act gcg ctg gtg gtt gcg gtg ttg gct	48		
Leu Ala Ser Tyr Leu Ser Pro Thr Ala Leu Val Val Ala Val Leu Ala			
1 5 10 15			
att ccg ctg tct gcg acc cgc ctg tat ttg gac gga atc agc gtt gac	96		
Ile Pro Leu Ser Ala Thr Arg Leu Tyr Leu Asp Gly Ile Ser Val Asp			
20 25 30			
cag ggc ttt aga act cag ttt tta acc cgc atg gct gac gat atc ggc	144		
Gln Gly Phe Arg Thr Gln Phe Leu Thr Arg Met Ala Asp Asp Ile Gly			
35 40 45			
ttg tcg gac atg aac tac atc gat atg cct acc ttc tac cct gct gga	192		
Leu Ser Asp Met Asn Tyr Ile Asp Met Pro Thr Phe Tyr Pro Ala Gly			
50 55 60			
tgg ttc tgg ctc ggt ggt cgc ttg gcc aat ctt ttg ggg ctg ccc ggt	240		
Trp Phe Trp Leu Gly Gly Arg Leu Ala Asn Leu Leu Gly Leu Pro Gly			
65 70 75 80			
tgg gaa gct ttc cag cca tgg gca att gtg tcc atg gca gtt gct gct	288		
Trp Glu Ala Phe Gln Pro Trp Ala Ile Val Ser Met Ala Val Ala Ala			
85 90 95			
tct gtg tta gtt cca gtg tgg cag cgc atc acc ggt tcc ctg ccg gtg	336		
Ser Val Leu Val Pro Val Trp Gln Arg Ile Thr Gly Ser Leu Pro Val			

100	105	110	
gca aca ggc att gcg ttg gtg aca acc tgc att atc ttg gcg atg aat	384		
Ala Thr Gly Ile Ala Leu Val Thr Thr Cys Ile Ile Leu Ala Met Asn			
115	120	125	
tcc gaa gag ccc tac gct gca atc gtt gcg atg ggt att cca gcg atg	432		
Ser Glu Glu Pro Tyr Ala Ala Ile Val Ala Met Gly Ile Pro Ala Met			
130	135	140	
ctc gtg ctg gct tcc cgc att gcc aag ggc gat aag ttt gcg ctt gcc	480		
Leu Val Leu Ala Ser Arg Ile Ala Lys Gly Asp Lys Phe Ala Leu Ala			
145	150	155	160
ggc ggc att att tac ttg ggt gtt tcg gct act ttc tat act ttg ttc	528		
Gly Gly Ile Ile Tyr Leu Gly Val Ser Ala Thr Phe Tyr Thr Leu Phe			
165	170	175	
acc ggt gct atc gcg ctt tct gcg gtc gcg gtg tgc atc gtg gtg gcg	576		
Thr Gly Ala Ile Ala Leu Ser Ala Val Ala Val Cys Ile Val Val Ala			
180	185	190	
gct att gtg cag cgc tcc atc aaa cca ctg ctg tgg ctt gca gtg ctg	624		
Ala Ile Val Gln Arg Ser Ile Lys Pro Leu Leu Trp Leu Ala Val Leu			
195	200	205	
ggt ggt gga tcc att gtc att gcg ttg att tct tgg ggt cct tac ctt	672		
Gly Gly Gly Ser Ile Val Ile Ala Leu Ile Ser Trp Gly Pro Tyr Leu			
210	215	220	
ctg gcc tcc atc aac gga gcg gag cgc tct ggc gat tcc gca aca cac	720		
Leu Ala Ser Ile Asn Gly Ala Glu Arg Ser Gly Asp Ser Ala Thr His			
225	230	235	240
tac ctg cct ctt gaa ggc acc caa ttc ccg gtt cct ttc ttg gca tca	768		
Tyr Leu Pro Leu Glu Gly Thr Gln Phe Pro Val Pro Phe Leu Ala Ser			
245	250	255	
agc gtt gtg gga ctg ttg tgt ctt gtt ggc ctg atc tat ttg gtg gtg	816		
Ser Val Val Gly Leu Leu Cys Leu Val Gly Leu Ile Tyr Leu Val Val			
260	265	270	
cgt ttc cac aac aat gag gtg cgc gcg atg tgg gtc ggc atc gca gtg	864		
Arg Phe His Asn Asn Glu Val Arg Ala Met Trp Val Gly Ile Ala Val			
275	280	285	
ttt tat gcc tgg atg ggc atg tcc atg gcg atc acg ctt ttg ggc aac	912		
Phe Tyr Ala Trp Met Gly Met Ser Met Ala Ile Thr Leu Leu Gly Asn			
290	295	300	
acg ttg ctt gga ttc cgt ctt gat acg gtg ctg gtg ctt att ttt gcc	960		
Thr Leu Leu Gly Phe Arg Leu Asp Thr Val Leu Val Leu Ile Phe Ala			
305	310	315	320
acg gct gga gtg ttg ggc att gca gat ttc cgc ctt gcc agt gtg tat	1008		
Thr Ala Gly Val Leu Gly Ile Ala Asp Phe Arg Leu Ala Ser Val Tyr			

325	330	335	
cag ctc tac ccc acc caa atc aca gag cgc acg gcc acc cat ctg acc			1056
Gln Leu Tyr Pro Thr Gln Ile Thr Glu Arg Thr Ala Thr His Leu Thr			
340	345	350	
aat cta att gtg gtc ctc gtg ctg ctt ggc ggc ctc tac tac gcg caa			1104
Asn Leu Ile Val Val Leu Val Leu Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Ala Gln			
355	360	365	
gat ctg ccg cag aag aac gca cga gct atc gat ctg gcc tat acc gat			1152
Asp Leu Pro Gln Lys Asn Ala Arg Ala Ile Asp Leu Ala Tyr Thr Asp			
370	375	380	
act gat ggc tac ggc gag cgc gcg gat ctg tat ccg gcc gga gct gca			1200
Thr Asp Gly Tyr Gly Glu Arg Ala Asp Leu Tyr Pro Ala Gly Ala Ala			
385	390	395	400
cgt tat tac aag gac atc aac gat cat ctg ctt gat caa gga ttc gag			1248
Arg Tyr Tyr Lys Asp Ile Asn Asp His Leu Leu Asp Gln Gly Phe Glu			
405	410	415	
cct tcc gaa act gtc gtg ctg aca gac gaa ctc gat ttc atg tcc tac			1296
Pro Ser Glu Thr Val Val Leu Thr Asp Glu Leu Asp Phe Met Ser Tyr			
420	425	430	
tac cct tat cgc gga tac caa gct ttt act tcc cac tac gcc aac ccg			1344
Tyr Pro Tyr Arg Gly Tyr Gln Ala Phe Thr Ser His Tyr Ala Asn Pro			
435	440	445	
ctt ggt gag ttc gga aac agg aac gca ttc atc gaa gat ctc gcg atc			1392
Leu Gly Glu Phe Gly Asn Arg Asn Ala Phe Ile Glu Asp Leu Ala Ile			
450	455	460	
cga agc tgg gat gag ttg gct gat cct caa caa ttc agc gac gcc ttg			1440
Arg Ser Trp Asp Glu Leu Ala Asp Pro Gln Gln Phe Ser Asp Ala Leu			
465	470	475	480
aac acc tct cca tgg acg atc cct gag gtg ttc atc ttc cgt ggc tcc			1488
Asn Thr Ser Pro Trp Thr Ile Pro Glu Val Phe Ile Phe Arg Gly Ser			
485	490	495	
atc gat gat cct gac gcc ggt tgg aaa tac gac gtg gct gaa gat ctg			1536
Ile Asp Asp Pro Asp Ala Gly Trp Lys Tyr Asp Val Ala Glu Asp Leu			
500	505	510	
tac ccg aac aat cca aac gtg cgc ttc cgc ggc gtg tac ttt aac ccg			1584
Tyr Pro Asn Asn Pro Asn Val Arg Phe Arg Gly Val Tyr Phe Asn Pro			
515	520	525	
gag tca ttt gat cag atg tgg cag acc aag caa gtg gga cct ttc gtg			1632
Glu Ser Phe Asp Gln Met Trp Gln Thr Lys Gln Val Gly Pro Phe Val			
530	535	540	
gtg gta acg cac aat gag taattcctca ccaaacgacc caa			1673

Val Val Thr His Asn Glu

545 550
 <210> 866
 <211> 550
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 866
 Leu Ala Ser Tyr Leu Ser Pro Thr Ala Leu Val Val Ala Val Leu Ala
 1 5 10 15
 Ile Pro Leu Ser Ala Thr Arg Leu Tyr Leu Asp Gly Ile Ser Val Asp
 20 25 30
 Gln Gly Phe Arg Thr Gln Phe Leu Thr Arg Met Ala Asp Asp Ile Gly
 35 40 45
 Leu Ser Asp Met Asn Tyr Ile Asp
 Met Pro Thr Phe Tyr Pro Ala Gly
 50 55 60
 Trp Phe Trp Leu Gly Gly Arg Leu Ala Asn Leu Leu Gly Leu Pro Gly
 65 70 75 80

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

Leu Val Leu Ala Ser Arg Ile Ala Lys Gly Asp Lys Phe Ala Leu Ala
 145 150 155 160

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

Leu Ala Ser Ile Asn Gly Ala Glu Arg Ser Gly Asp Ser Ala Thr His
 225 230 235 240

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

Thr Leu Leu Gly Phe Arg Leu Asp Thr Val Leu Val Leu Ile Phe Ala
 305 310 315 320

Thr Ala Gly Val Leu Gly Ile Ala Asp Phe Arg Leu Ala Ser Val Tyr
 325 330 335
 Gln Leu Tyr Pro Thr Gln Ile Thr Glu Arg Thr Ala Thr His Leu Thr
 340 345 350
 Asn Leu Ile Val Val Leu Val Leu Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Ala Gln
 355 360 365
 Asp Leu Pro Gln Lys Asn Ala Arg Ala Ile Asp Leu Ala Tyr Thr Asp
 370 375 380

Thr Asp Gly Tyr Gly Glu Arg Ala Asp Leu Tyr Pro Ala Gly Ala Ala
 385 390 395 400

Arg Tyr Tyr Lys Asp Ile Asn Asp His Leu Leu Asp Gln Gly Phe Glu
 405 410 415
 Pro Ser Glu Thr Val Val Leu Thr Asp Glu Leu Asp Phe Met Ser Tyr
 420 425 430
 Tyr Pro Tyr Arg Gly Tyr Gln Ala Phe Thr Ser His Tyr Ala Asn Pro
 435 440 445
 Leu Gly Glu Phe Gly Asn Arg Asn Ala Phe Ile Glu Asp Leu Ala Ile
 450 455 460

Arg Ser Trp Asp Glu Leu Ala Asp Pro Gln Gln Phe Ser Asp Ala Leu
 465 470 475 480

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

Val Val Thr His Asn Glu

545 550

<210> 867

<211> 1059

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1036)

<223> RXC02206

<400> 867

ggcaggatct gctgctgcgg ctaggagggt tatctcttca ttcacccgat ctaccgtact 60
 accttatgac ctcatgtagt tgggtgggcgt gaaacagcga atg gtc ggt tca agt 115
 Met Val Gly Ser Ser

1 5
 ggt ttg cgg gta tcc agg ctc ggt ttg ggc acc tca aca tgg ggc tgc 163
 Gly Leu Arg Val Ser Arg Leu Gly Leu Gly Thr Ser Thr Trp Gly Ser

10 15 20
 ggc acc gag ctg gct gag gca ggc gat atc ttt aag gcg ttc atc aat 211

Gly Thr Glu Leu Ala Glu Ala Gly Asp Ile Phe Lys Ala Phe Ile Asn

25 30 35
tct ggt ggc acg ctt atc gac gtc tcc ccc aac tac acc acc ggc gtc 259
Ser Gly Gly Thr Leu Ile Asp Val Ser Pro Asn Tyr Thr Thr Gly Val

40 45 50
gcg gaa gaa atg ctc ggc acg atg ttg gat gcg gaa gtc tct cgt tcg 307
Ala Glu Glu Met Leu Gly Thr Met Leu Asp Ala Glu Val Ser Arg Ser

55 60 65
gct gtc gtc att tcc tcc agc gca ggt gtc aac ccc gct ctg ccg ctc 355
Ala Val Val Ile Ser Ser Ser Ala Gly Val Asn Pro Ala Leu Pro Leu

70 75 80 85
ggc cga cgt gtg gat tgc tcc cgc cgc aat ttg att gcc caa tta gat 403
Gly Arg Arg Val Asp Cys Ser Arg Arg Asn Leu Ile Ala Gln Leu Asp

90 95 100
gtc acc ctg cgg gca tta aac act gac tat ttg gat ttg tgg tct gtg 451
Val Thr Leu Arg Ala Leu Asn Thr Asp Tyr Leu Asp Leu Trp Ser Val

105 110 115
ggc tat tgg gat gag ggc acc cca ccg cat gag gtg gcc gat act ttg 499
Gly Tyr Trp Asp Glu Gly Thr Pro Pro His Glu Val Ala Asp Thr Leu

120 125 130
gat tac gcc gtg cgc acc ggc cga gtc cga tat gcc ggt gtc cga gga 547
Asp Tyr Ala Val Arg Thr Gly Arg Val Arg Tyr Ala Gly Val Arg Gly

135 140 145
tat tcc ggt tgg cag tta gcg gtc acc cac gct gca tcc aat cat gca 595
Tyr Ser Gly Trp Gln Leu Ala Val Thr His Ala Ala Ser Asn His Ala

150 155 160 165
gcg gcc tcc gcc cgc ccc gtg gtc gtt gca caa aat gaa tac agc ctg 643
Ala Ala Ser Ala Arg Pro Val Val Val Ala Gln Asn Glu Tyr Ser Leu

170 175 180
ctg gaa cgc cgc gca gaa caa gaa ctc ctc cct gcc acc caa cac cta 691
Leu Glu Arg Arg Ala Glu Gln Glu Leu Leu Pro Ala Thr Gln His Leu

185 190 195
ggt gtc gga ttc ttt gct ggc gct ccg ctg ggg caa ggc gtg ctg act 739
Gly Val Gly Phe Phe Ala Gly Ala Pro Leu Gly Gln Gly Val Leu Thr

200 205 210
gct aaa tac cgc tcc gaa att ccc cat gat tcc aga gct gca tcc aca 787
Ala Lys Tyr Arg Ser Glu Ile Pro His Asp Ser Arg Ala Ala Ser Thr

215 220 225
gga cgc gac gca gaa gtc caa agc tac cta gat aat cga ggc cgc atc 835
Gly Arg Asp Ala Glu Val Gln Ser Tyr Leu Asp Asn Arg Gly Arg Ile

230 235 240 245

att gtc gat gct ctt gat act gca gcc aaa gga tta ggc att agc ccc 883
Ile Val Asp Ala Leu Asp Thr Ala Ala Lys Gly Leu Gly Ile Ser Pro

250 255 260
gct gtc aca gcc acc acc tgg gtg cgt gat cgt ccc gga gtg aca gct 931
Ala Val Thr Ala Thr Thr Trp Val Arg Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala

265 270 275
gtc atc gtg ggc gct cgc aca cat gaa cag ctg tca cat ctt ctc aag 979
Val Ile Val Gly Ala Arg Thr His Glu Gln Leu Ser His Leu Leu Lys

280 285 290
gcg gaa tcg gtg act ttg cca aca cca atc aca caa gcc ctt gat gat 1027
Ala Glu Ser Val Thr Leu Pro Thr Pro Ile Thr Gln Ala Leu Asp Asp

295 300 305
gtc tcc ctg tgacttggtc caattacatt cac 1059
Val Ser Leu

310
<210> 868
<211> 312
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 868
Met Val Gly Ser Ser Gly Leu Arg Val Ser Arg Leu Gly Leu Gly Thr
1 5 10 15
Ser Thr Trp Gly Ser Gly Thr Glu Leu Ala Glu Ala Gly Asp Ile Phe
20 25 30
Lys Ala Phe Ile Asn Ser Gly Gly Thr Leu Ile Asp Val Ser Pro Asn
35 40 45
Tyr Thr Thr Gly
Val Ala Glu Glu Met Leu Gly Thr Met Leu Asp Ala
50 55 60
Glu Val Ser Arg Ser Ala Val Val Ile Ser Ser Ser Ala Gly Val Asn
65 70 75 80

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

Ala Gly Val Arg Gly Tyr Ser Gly Trp Gln Leu Ala Val Thr His Ala
145 150 155 160

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

Arg Ala Ala Ser Thr Gly Arg Asp Ala Glu Val Gln Ser Tyr Leu Asp
225 230 235 240

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

Gln Ala Leu Asp Asp Val Ser Leu

305 310

<210> 869

<211> 621

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(598)

<223> RXS03074

<400> 869

tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60
tagcaggaca agcatactgt tttagtctta 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> 870

<211> 166

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 870

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> 871

<211> 621

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(598)

<223> FRXA02906

<400> 871

tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60
tagcaggaca agcatactgt tttagtctta tgcctgtgggc atg act caa agt gct 115
Met Thr Gln Ser Ala

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

cag taatttgttt tgacgacgca gta 621
Gln

<210> 872

<211> 166

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 872

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> 873

<211> 1752

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1729)

<223> RXA02315

<400> 873

cgtttggaac cgttgctgc cagcaagat aggcgtgatt ggtggtttga gcgcgtgcgt 60
 gaatcgtatc cgtacctgga gacgatctag actgttgctgc atg tcc agc acg cca 115
 Met Ser Ser Thr Pro

1 5
 gct caa gat ctt gcc cgc gcc gtt att gat tcc ctc gca cca cac gtc 163
 Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ala Val Ile Asp Ser Leu Ala Pro His Val

10 15 20
 act gac gtg gtg tta tgc cca gga tcc agg aac tca ccg ttg tcg ctt 211
 Thr Asp Val Val Leu Cys Pro Gly Ser Arg Asn Ser Pro Leu Ser Leu

25 30 35
 gag ttg ctg gcg cgg cag gat ctg cgt gtc cat gtg cgt atc gac gag 259
 Glu Leu Leu Ala Arg Gln Asp Leu Arg Val His Val Arg Ile Asp Glu

40 45 50
 cgc agc gcc tca ttt ttg gcg ctg tcc cta gcg cgt acc cag gcc cgg 307
 Arg Ser Ala Ser Phe Leu Ala Leu Ser Leu Ala Arg Thr Gln Ala Arg

55	60	65	
ccg gtg gct gtg gtg atg acc tcc ggc acg gct gta gct aac tgc ctg	355		
Pro Val Ala Val Val Met Thr Ser Gly Thr Ala Val Ala Asn Cys Leu			
70	75	80	85
cct gct gtt gct gaa gct gcg cat gcc cat atc ccg ttg att gtg ctc	403		
Pro Ala Val Ala Glu Ala Ala His Ala His Ile Pro Leu Ile Val Leu			
90	95	100	
tct gct gac cgt cct gca cat ttg gtg gga acg ggg gcg agc caa acg	451		
Ser Ala Asp Arg Pro Ala His Leu Val Gly Thr Gly Ala Ser Gln Thr			
105	110	115	
att aac cag acc ggt att ttt ggt gat ctt gca ccg acg gtc ggt atc	499		
Ile Asn Gln Thr Gly Ile Phe Gly Asp Leu Ala Pro Thr Val Gly Ile			
120	125	130	
act gag ctg gat cag gta gcg cag att gct gaa agc ctt gct cag ggg	547		
Thr Glu Leu Asp Gln Val Ala Gln Ile Ala Glu Ser Leu Ala Gln Gly			
135	140	145	
gct tcc cag att ccg cgt cat ttc aat ctt gca ctt gat gtt cct ttg	595		
Ala Ser Gln Ile Pro Arg His Phe Asn Leu Ala Leu Asp Val Pro Leu			
150	155	160	165
gtt gct cct gaa ctg cca gag ctt cat ggt gag gca gtt gga gca tca	643		
Val Ala Pro Glu Leu Pro Glu Leu His Gly Glu Ala Val Gly Ala Ser			
170	175	180	
tgg acg cat cgc tgg atc aac cac ggt gag gtg acc gtg gac ctg ggg	691		
Trp Thr His Arg Trp Ile Asn His Gly Glu Val Thr Val Asp Leu Gly			
185	190	195	
gag cac acc ctc gtg att gcc ggt gat gaa gca tgg gaa gtg gaa ggg	739		
Glu His Thr Leu Val Ile Ala Gly Asp Glu Ala Trp Glu Val Glu Gly			
200	205	210	
ctg gaa gat gtg ccc acc atc gct gaa cct act gca cca aag cct tat	787		
Leu Glu Asp Val Pro Thr Ile Ala Glu Pro Thr Ala Pro Lys Pro Tyr			
215	220	225	
aat ccg gtg cac cca ctg gct gct gaa atc ttg ctg aag gag cag gtc	835		
Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu Leu Lys Glu Gln Val			
230	235	240	245
tcc gcg gaa ggc tat gtg gta aac acc agg cct gat cat gtg atc gtg	883		
Ser Ala Glu Gly Tyr Val Val Asn Thr Arg Pro Asp His Val Ile Val			
250	255	260	
gtg gga cac ccc acg ctg cac cgc gga gtg ttg aag ttg atg tca gat	931		
Val Gly His Pro Thr Leu His Arg Gly Val Leu Lys Leu Met Ser Asp			
265	270	275	
cct ggc att aaa tta act gtg ctt tca cgc acc gat atc atc act gat	979		
Pro Gly Ile Lys Leu Thr Val Leu Ser Arg Thr Asp Ile Ile Thr Asp			

280	285	290	
ccc ggc cgc cat gcc gat cag gtg ggc agc aca gtg aaa gtc acc ggc			1027
Pro Gly Arg His Ala Asp Gln Val Gly Ser Thr Val Lys Val Thr Gly			
295	300	305	
acc cag gaa aag cag tgg cta aag atc tgt tgc gca gca tca gaa ctt			1075
Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser Ala Ala Ser Glu Leu			
310	315	320	325
gcg gcc gat ggt gtg cgt gac gtc ctg gac aac caa gaa ttc ggt ttc			1123
Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn Gln Glu Phe Gly Phe			
330	335	340	
acc ggc ctc cat gtt gcc gca gcc gtg gcg gat acc tta ggc acc ggc			1171
Thr Gly Leu His Val Ala Ala Ala Val Ala Asp Thr Leu Gly Thr Gly			
345	350	355	
gat act ctc ttt gct gca gca tcc aac tca atc cgt gac ctc tcc ctg			1219
Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile Arg Asp Leu Ser Leu			
360	365	370	
gtg ggt atg cct ttt gat ggc gtg gat acc ttc tcc cca cga ggt gtc			1267
Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe Ser Pro Arg Gly Val			
375	380	385	
gca ggc att gat ggt tct gtt gct caa gca atc ggc act tca ctt gct			1315
Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile Gly Thr Ser Leu Ala			
390	395	400	405
gtg cag tcc cgc cac ccc gat gaa atc cgc gcg cca cgc act gtg gcc			1363
Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala Pro Arg Thr Val Ala			
410	415	420	
ctt ctg ggc gat ctg tgc ttc ctt cac gat att ggc gga ctg ctc atc			1411
Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile Gly Gly Leu Leu Ile			
425	430	435	
ggc cct gat gaa cca cgc cca gaa aac ctc acc atc gtg gtc tcc aac			1459
Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr Ile Val Val Ser Asn			
440	445	450	
gac aac ggt ggc gga atc ttc gaa ctc cta gaa acc ggc gca gat ggt			1507
Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu Thr Gly Ala Asp Gly			
455	460	465	
ctc cgc ccc aac ttc gag cgt gct ttc ggt acc cca cac gac gcg tcc			1555
Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr Pro His Asp Ala Ser			
470	475	480	485
atc gcg gat ctc tgc gca ggc tac ggc att gaa cac caa gtg gta gac			1603
Ile Ala Asp Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Ile Glu His Gln Val Val Asp			
490	495	500	
aac ctc caa gac ctc atc atc gcg cta gtt gat acc acc gaa gta tcc			1651
Asn Leu Gln Asp Leu Ile Ile Ala Leu Val Asp Thr Thr Glu Val Ser			

505 510 515
gga ttc acc att att gaa gct tgc acc gtc cga gat acc cgc cgt gca 1699
Gly Phe Thr Ile Ile Glu Ala Ser Thr Val Arg Asp Thr Arg Arg Ala

520 525 530
caa cag caa gct ctc atg gac acg gtg cac taaatggagt ggtaccaagt 1749
Gln Gln Gln Ala Leu Met Asp Thr Val His

535 540
gcg 1752

<210> 874

<211> 543

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 874

Met Ser Ser Thr Pro Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ala Val Ile Asp Ser

1 5 10 15

Leu Ala Pro His Val Thr Asp Val Val Leu Cys Pro Gly Ser Arg Asn

20 25 30

Ser Pro Leu Ser Leu Glu Leu Leu Ala Arg Gln Asp

Leu Arg Val His

35 40 45

Val Arg Ile Asp Glu Arg Ser Ala Ser Phe Leu Ala Leu Ser Leu Ala

50 55 60

Arg Thr Gln Ala Arg Pro Val Ala Val Val Met Thr Ser Gly Thr Ala

65 70 75 80

Val Ala Asn Cys Leu Pro Ala Val Ala Glu Ala Ala His Ala His Ile

85 90 95

Pro Leu Ile Val Leu Ser Ala Asp Arg Pro Ala His Leu Val Gly Thr

100 105 110

Gly Ala Ser Gln Thr Ile Asn Gln Thr Gly Ile Phe Gly Asp Leu Ala

115 120 125

Pro Thr Val Gly Ile Thr Glu Leu Asp Gln Val Ala Gln Ile Ala Glu

130 135 140

Ser Leu Ala Gln Gly Ala Ser Gln Ile Pro Arg His Phe Asn Leu Ala

145 150 155 160

Leu Asp Val Pro Leu Val Ala Pro Glu Leu Pro Glu Leu His Gly Glu

165 170 175

Ala Val Gly Ala Ser Trp Thr His Arg Trp Ile Asn His Gly Glu Val

180 185 190

Thr Val Asp Leu Gly Glu His Thr Leu Val Ile Ala Gly Asp Glu Ala

195 200 205

Trp Glu Val Gly Glu Leu Glu Asp Val Pro Thr Ile Ala Glu Pro Thr

210 215 220

Ala Pro Lys Pro Tyr Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu

225 230 235 240

Leu Lys Glu Gln Val Ser Ala Glu Gly Tyr Val Val Asn Thr Arg Pro

245 250 255

Asp His Val Ile Val Val Gly His Pro Thr Leu His Arg Gly Val Leu

260 265 270

Lys Leu Met Ser Asp Pro Gly Ile Lys Leu Thr Val Leu Ser Arg Thr

275 280 285

Asp Ile Ile Thr Asp Pro Gly Arg His Ala Asp Gln Val Gly Ser Thr
290 295 300

Val Lys Val Thr Gly Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser
305 310 315 320

Ala Ala Ser Glu Leu Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn
325 330 335
Gln Glu Phe Gly Phe Thr Gly Leu His Val Ala Ala Val Ala Asp
340 345 350
Thr Leu Gly Thr Gly Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile
355 360 365
Arg Asp Leu Ser Leu Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe
370 375 380

Ser Pro Arg Gly Val Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile
385 390 395 400

Gly Thr Ser Leu Ala Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala
405 410 415
Pro Arg Thr Val Ala Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile
420 425 430
Gly Gly Leu Leu Ile Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr
435 440 445
Ile Val Val Ser Asn Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu
450 455 460

Thr Gly Ala Asp Gly Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr
465 470 475 480

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

530 535 540
<210> 875
<211> 1080
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1057)
<223> RXA02319
<400> 875

atgtgggtga gataaccgac cgtgatgtcg ccttagcaaa agtcatcgac gcccagcca 60
agaccttgcc catttcggca gaggcttaag gttaaagatt atg agc aac tac agc 115
Met Ser Asn Tyr Ser

1 5
acc gac aac cct ttt gat ccc acc caa tgg gcc acc gtt cca ggt ttt 163

Thr Asp Asn Pro Phe Asp Pro Thr Gln Trp Ala Thr Val Pro Gly Phe

10 15 20
gaa gaa ttc acc gac atc acc tac cac cgc cac gtg ggc acc acc cgc 211
Glu Glu Phe Thr Asp Ile Thr Tyr His Arg His Val Gly Thr Thr Arg

25 30 35
gcc gat ggc atc gtg cgc atc gcc ttc gac cgc ccc gaa gtt cgc aat 259
Ala Asp Gly Ile Val Arg Ile Ala Phe Asp Arg Pro Glu Val Arg Asn

40 45 50
gct ttc cgc ccc cac acc gtc gac gag ctt tac caa gcc ctc gac cac 307
Ala Phe Arg Pro His Thr Val Asp Glu Leu Tyr Gln Ala Leu Asp His

55 60 65
gcg cgc cgg acc cca gat gtt gga acc atc ctg ctc acc ggc aac ggc 355
Ala Arg Arg Thr Pro Asp Val Gly Thr Ile Leu Leu Thr Gly Asn Gly

70 75 80 85
ccc agc gaa aaa gac ggt ggc tgg gcg ttc tgc tcc ggc ggc gac caa 403
Pro Ser Glu Lys Asp Gly Gly Trp Ala Phe Cys Ser Gly Gly Asp Gln

90 95 100
cgc atc cgc ggg cgc tcc ggc tac caa tac gcc acc gaa cac gcg cgc 451
Arg Ile Arg Gly Arg Ser Gly Tyr Gln Tyr Ala Thr Glu His Ala Arg

105 110 115
gac gat gcc acc gct gat gtc ttc acg gta gat att gcc cgc acc aaa 499
Asp Asp Ala Thr Ala Asp Val Phe Thr Val Asp Ile Ala Arg Thr Lys

120 125 130
gtt gaa ggc gga cgc ctc cac att ttg gaa gtc caa cgc ctc atc cgc 547
Val Glu Gly Gly Arg Leu His Ile Leu Glu Val Gln Arg Leu Ile Arg

135 140 145
acc atg cct aaa gtt gtc atc gca gta gtc aac ggc tgg gca gcc ggc 595
Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn Gly Trp Ala Ala Gly

150 155 160 165
ggt ggg cac tcc ctc cat gtc gtt tgc gac ctc acc atc gct tcc cgc 643
Gly Gly His Ser Leu His Val Val Cys Asp Leu Thr Ile Ala Ser Arg

170 175 180
caa gaa gca cgc ttc aag caa acc gac gct gac gtg gga tcc ttc gac 691
Gln Glu Ala Arg Phe Lys Gln Thr Asp Ala Asp Val Gly Ser Phe Asp

185 190 195
gct ggc tac ggc tcc gcc tac cta gcg aaa atg gtc gga cag aaa aac 739
Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Tyr Leu Ala Lys Met Val Gly Gln Lys Asn

200 205 210
gcc cgc gaa atc ttc ttc ctc gga cgc acc tac gac gcc gaa cgc atg 787
Ala Arg Glu Ile Phe Phe Leu Gly Arg Thr Tyr Asp Ala Glu Arg Met

215 220 225
caa caa atg ggc gca gtc aac atc gtg gcc gac cac ggc gac cta gaa 835

Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp His Gly Asp Leu Glu

230 235 240 245
aaa gaa gcc atc caa gca gcc cgc gaa atc aac acc aaa tcc ccc acc 883
Lys Glu Ala Ile Gln Ala Ala Arg Glu Ile Asn Thr Lys Ser Pro Thr

250 255 260
ggg caa cgc atg ctg aaa ttc gcc ttc aat ctc acc gac gat ggc ctc 931
Gly Gln Arg Met Leu Lys Phe Ala Phe Asn Leu Thr Asp Asp Gly Leu

265 270 275
atg gga caa caa gtc ttc gcc ggc gaa gcc acc cgc ctg gcc tac atg 979
Met Gly Gln Gln Val Phe Ala Gly Glu Ala Thr Arg Leu Ala Tyr Met

280 285 290
acg gat gaa gcc gta gag ggt aag gaa gca ttc cta gaa aag cgc gaa 1027
Thr Asp Glu Ala Val Glu Gly Lys Glu Ala Phe Leu Glu Lys Arg Glu

295 300 305
ccc aac tgg aat gaa ttc cct tac tac tac tagtgagttc atggggtcct 1077
Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr

310 315
aaa 1080
<210> 876
<211> 319
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 876
Met Ser Asn Tyr Ser Thr Asp Asn Pro Phe Asp Pro Thr Gln Trp Ala
1 5 10 15
Thr Val Pro Gly Phe Glu Glu Phe Thr Asp Ile Thr Tyr His Arg His
20 25 30
Val Gly Thr Thr Arg Ala Asp Gly Ile Val Arg Ile
Ala Phe Asp Arg
35 40 45
Pro Glu Val Arg Asn Ala Phe Arg Pro His Thr Val Asp Glu Leu Tyr
50 55 60
Gln Ala Leu Asp His Ala Arg Arg Thr Pro Asp Val Gly Thr Ile Leu
65 70 75 80
Leu Thr Gly Asn Gly Pro Ser Glu Lys Asp Gly Gly Trp Ala Phe Cys
85 90 95
Ser Gly Gly Asp Gln Arg Ile Arg Gly Arg Ser Gly Tyr Gln Tyr Ala
100 105 110
Thr Glu His Ala Arg Asp Asp Ala Thr Ala Asp Val Phe Thr Val Asp
115 120 125
Ile Ala Arg Thr Lys Val Glu Gly Gly Arg Leu His Ile Leu Glu Val
130 135 140
Gln Arg Leu Ile Arg Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn
145 150 155 160
Gly Trp Ala Ala Gly Gly Gly His Ser Leu His Val Val Cys Asp Leu
165 170 175
Thr Ile Ala Ser Arg Gln Glu Ala Arg Phe Lys Gln Thr Asp Ala Asp

180 185 190
 Val Gly Ser Phe Asp Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Tyr Leu Ala Lys Met
 195 200 205
 Val Gly Gln Lys Asn Ala Arg Glu Ile Phe Phe Leu Gly Arg Thr Tyr
 210 215 220
 Asp Ala Glu Arg Met Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp
 225 230 235 240
 His Gly Asp Leu Glu Lys Glu Ala Ile Gln Ala Ala Arg Glu Ile Asn
 245 250 255
 Thr Lys Ser Pro Thr Gly Gln Arg Met Leu Lys Phe Ala Phe Asn Leu
 260 265 270
 Thr Asp Asp Gly Leu Met Gly Gln Gln Val Phe Ala Gly Glu Ala Thr
 275 280 285
 Arg Leu Ala Tyr Met Thr Asp Glu Ala Val Glu Gly Lys Glu Ala Phe
 290 295 300
 Leu Glu Lys Arg Glu Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr
 305 310 315
 <210> 877
 <211> 1017
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(994)
 <223> RXS00393
 <400> 877
 tctattcatt tcacaatagc gtttcacact ccccatagc ctgccgaacg tatttcaagc 60
 aattgcgcga tcgagtatgt gatggggaaa gatagaggtt atg tct cac acg gaa 115
 Met Ser His Thr Glu
 1 5
 ccc cag ccg aat tct gta act ttg tcc gat tgg att caa ggc gca cgc 163
 Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp Ile Gln Gly Ala Arg
 10 15 20
 ccg cgt acc tgg gca aat gcg ttc gcg cct gtc att gcc ggt tca ggt 211
 Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly
 25 30 35
 gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg 259
 Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala
 40 45 50
 ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat 307
 Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp
 55 60 65
 tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac cgc acc ggt cct ctg 355
 Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu
 70 75 80 85

cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg 403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala

90 95 100
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc gcc acc gcg ctg agc 451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser

105 110 115
ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc gcc atc ctg tgt gtg ctg 499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu

120 125 130
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg 547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly

135 140 145
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg 595
Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met

150 155 160 165
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc 643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala

170 175 180
gcc gca gtt ggc gtg ggg tcg atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac 691
Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn

185 190 195
aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc ctc 739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu

200 205 210
gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg 787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu

215 220 225
att tcc acg cgc ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg 835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp

230 235 240 245
cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca 883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala

250 255 260
ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccc gtc atc 931
Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Val Ile

265 270 275
ggc tca aca ggg cgc gcc atg gcg ttg tgg gcc gtg ctc acg ggc ctg 979
Gly Ser Thr Gly Arg Ala Met Ala Leu Trp Ala Val Leu Thr Gly Leu

280 285 290
gca tta gcg ttt agc taaaacgctt ttcgacgctc ccc 1017
Ala Leu Ala Phe Ser

<210> 878
 <211> 298
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 878
 Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp
 1 5 10 15
 Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
 20 25 30
 Ile Ala Gly Ser Gly Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp
 35 40 45
 Lys Ala
 Leu Leu Ala Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val
 50 55 60
 Asn Tyr Ala Asn Asp Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp
 65 70 75 80

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

 Tyr Gly Tyr Arg Gly Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly
 145 150 155 160

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

 Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu
 225 230 235 240

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

 290 295
 <210> 879
 <211> 1005
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS

<222> (101)..(982)

<223> FRXA00393

<400> 879

tctattcatt tcacaatagc gtttcacact ccccatagc ctgccgaacg tatttcaagc 60
aattgcgcga tcgagtatgt gatggggaaa gatagaggtt atg tct cac acg gaa 115
Met Ser His Thr Glu

1 5
ccc cag ccg aat tct gta act ttg tcc gat tgg att caa ggc gca cgc 163
Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp Ile Gln Gly Ala Arg

10 15 20
ccg cgt acc tgg gca aat gcg ttc gcg cct gtc att gcc ggt tca ggt 211
Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly

25 30 35
gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg 259
Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala

40 45 50
ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat 307
Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp

55 60 65
tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac gcg acc ggt cct ctg 355
Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu

70 75 80 85
cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg 403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala

90 95 100
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc ggc acc gcg ctg agc 451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser

105 110 115
ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc ggc atc ctg tgt gtg ctg 499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu

120 125 130
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg 547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly

135 140 145
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg 595
Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met

150 155 160 165
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc 643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala

170 175 180
gcc gca gtt ggc gtg ggg tcg atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac 691
Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn

185 190 195

```

aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc ctc 739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu

      200      205      210
gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg 787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu

      215      220      225
att tcc acg ccg ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg 835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp

230      235      240      245
cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca 883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala

      250      255      260
ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccg tca tgc 931
Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Ser Ser

      265      270      275
gct caa cag ggc gcg cca tgg cgt tgt ggc ccg tgc tca cgg gcc tgg 979
Ala Gln Gln Gly Ala Pro Trp Arg Cys Gly Pro Cys Ser Arg Ala Trp

      280      285      290
cat tagcgttttag ctaaaacgct ttt 1005
His

<210> 880
<211> 294
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 880
Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp
 1          5          10          15
Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
      20          25          30
Ile Ala Gly Ser Gly Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp
      35          40          45
Lys Ala Leu Leu Ala Leu Val Val
Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val
      50          55          60
Asn Tyr Ala Asn Asp Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp
65          70          75          80

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

Tyr Gly Tyr Arg Gly Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly
145          150          155          160

```

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

Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu
225 230 235 240

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

290
<210> 881
<211> 843
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(820)
<223> RXA00391
<400> 881

atcttgtaga tcccaccgca attctgggag atctcgagga cgcaatctct ggaagaaaac 60
tttctcccc atcctgtac aagataaaac ccgtgcacag ttg ctg cgc gat tct 115
Leu Leu Arg Asp Ser

1 5
caa cga gtt ggc ctc gcc atc gat cct tcg atc gct ttg gtg atg gcc 163
Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile Ala Leu Val Met Ala

10 15 20
act tct ggt tct aca ggt acc ccg aag ggc gct cag ctc act ccg ttg 211
Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala Gln Leu Thr Pro Leu

25 30 35
aat ttg gtg agt tcc gcc gat gct acg cat cag ttt tta ggt ggc gaa 259
Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln Phe Leu Gly Gly Glu

40 45 50
ggc cag tgg ttg ctt gcc atg cca gca cac cac att gca ggc atg cag 307
Gly Gln Trp Leu Leu Ala Met Pro Ala His His Ile Ala Gly Met Gln

55 60 65
gtg ctt ctt cga agc ctc att gct gga gtt gag cca cta gct att gat 355
Val Leu Leu Arg Ser Leu Ile Ala Gly Val Glu Pro Leu Ala Ile Asp

70 75 80 85

ctc agc aca ggt ttt cac att gac gct ttc gca ggc gcc gcg gca gaa 403
Leu Ser Thr Gly Phe His Ile Asp Ala Phe Ala Gly Ala Ala Ala Glu

90 95 100
ctg aaa aat acc ggc gac cgc gtc tat aca tcc ttg act cca atg cag 451
Leu Lys Asn Thr Gly Asp Arg Val Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Gln

105 110 115
tta ctt aaa gca atg gac tcc ttg caa ggc att gaa gcc ctg aaa ctt 499
Leu Leu Lys Ala Met Asp Ser Leu Gln Gly Ile Glu Ala Leu Lys Leu

120 125 130
ttt gat gtc att ctt gtt ggc ggt gct gca ttg tct aag cag gcc cga 547
Phe Asp Val Ile Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu Ser Lys Gln Ala Arg

135 140 145
att tct gcg gag cag cta gac atc aac att gtc acc acc tac ggc tcc 595
Ile Ser Ala Glu Gln Leu Asp Ile Asn Ile Val Thr Thr Tyr Gly Ser

150 155 160 165
tca gag act tca ggt ggc tgc gtt tat gat ggc aag ccc att ccc ggc 643
Ser Glu Thr Ser Gly Gly Cys Val Tyr Asp Gly Lys Pro Ile Pro Gly

170 175 180
gcg aaa gtc cgt att tcg gat gag cgc att gag ttg ggt ggc ccg atg 691
Ala Lys Val Arg Ile Ser Asp Glu Arg Ile Glu Leu Gly Gly Pro Met

185 190 195
att gcg cag ggc tac aga aat gca cct gaa cat ccg gat ttc gcc aac 739
Ile Ala Gln Gly Tyr Arg Asn Ala Pro Glu His Pro Asp Phe Ala Asn

200 205 210
gag ggt tgg ttt acc acc tct gat tca ggt gaa ctc cac gac ggg att 787
Glu Gly Trp Phe Thr Thr Ser Asp Ser Gly Glu Leu His Asp Gly Ile

215 220 225
ctc acc gtg act ggt cgc gtg gat acc cgt cat tgattccggt ggattgaagt 840
Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His

230 235 240
tgc 843
<210> 882
<211> 240
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 882
Leu Leu Arg Asp Ser Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile
1 5 10 15
Ala Leu Val Met Ala Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala
20 25 30
Gln Leu Thr Pro Leu Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln
35 40
45
Phe Leu Gly Gly Glu Gly Gln Trp Leu Leu Ala Met Pro Ala His His
50 55 60
Ile Ala Gly Met Gln Val Leu Leu Arg Ser Leu Ile Ala Gly Val Glu

65	70	75	80
Pro Leu Ala Ile Asp Leu Ser Thr Gly Phe His Ile Asp Ala Phe Ala			
	85	90	95
Gly Ala Ala Ala Glu Leu Lys Asn Thr Gly Asp Arg Val Tyr Thr Ser			
	100	105	110
Leu Thr Pro Met Gln Leu Leu Lys Ala Met Asp Ser Leu Gln Gly Ile			
	115	120	125
Glu Ala Leu Lys Leu Phe Asp Val Ile Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu			
	130	135	140
Ser Lys Gln Ala Arg Ile Ser Ala Glu Gln Leu Asp Ile Asn Ile Val			
	145	150	155
			160
Thr Thr Tyr Gly Ser Ser Glu Thr Ser Gly Gly Cys Val Tyr Asp Gly			
	165	170	175
Lys Pro Ile Pro Gly Ala Lys Val Arg Ile Ser Asp Glu Arg Ile Glu			
	180	185	190
Leu Gly Gly Pro Met Ile Ala Gln Gly Tyr Arg Asn Ala Pro Glu His			
	195	200	205
Pro Asp Phe Ala Asn Glu Gly Trp Phe Thr Thr Ser Asp Ser Gly Glu			
	210	215	220
Leu His Asp Gly Ile Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His			
	225	230	235
			240
<210> 883			
<211> 384			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(361)			
<223> RXS02908			
<400> 883			
gccaacgagg gtiggtttac cacctctgat tcaggtgaac tccacgacgg gattctcacc 60			
gtgactggtc gcgtggatac ccgtcattga ttccggtgga ttg aag ttg cac cca 115			
Leu Lys Leu His Pro			
1 5			
gag gta ctg gaa cgt gcc atc gca gat att aaa ggt gtc acc gcg gcg 163			
Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys Gly Val Thr Ala Ala			
10 15 20			
tgt gtt gtg ggt att ccc gat ccc cga tta ggc caa gca att gtg gcc 211			
Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly Gln Ala Ile Val Ala			
25 30 35			
gcg tac tcc gga tcg atc agt ccg tct gaa gtt att gaa ggc ctc gac 259			
Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val Ile Glu Gly Leu Asp			
40 45 50			
gat cta cct cgt tgg cag ctt ccc aaa cgg ctg aag cat ctg gaa tct 307			
Asp Leu Pro Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu Lys His Leu Glu Ser			

55 60 65
 ttg ccc agc att ggt cct gga aaa gct gat cga cgt gct atc gcg aag 355
 Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg Arg Ala Ile Ala Lys

70 75 80 85
 ctg ttt tagtcttcat tcttgctggc tgc 384
 Leu Phe

<210> 884

<211> 87

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 884

Leu Lys Leu His Pro Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys
 1 5 10 15
 Gly Val Thr Ala Ala Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly
 20 25 30
 Gln Ala Ile Val Ala Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val
 35 40 45
 Ile Glu Gly Leu Asp Asp Leu Pro
 Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu
 50 55 60
 Lys His Leu Glu Ser Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg
 65 70 75 80

Arg Ala Ile Ala Lys Leu Phe
 85

<210> 885

<211> 705

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(682)

<223> RXA00997

<400> 885

cccatctgtg gcagatcgaa tgcaccacc gcggagaagt cgtcgacga accacactgc 60
 gcaccatggt gctgaacaag tagccctata ctggggcacc atg act aca tgg aaa 115
 Met Thr Thr Trp Lys

1 5
 gag ctc aca gat aac aac cca gcg cac tca gaa aac tac gcg cag cgc 163
 Glu Leu Thr Asp Asn Asn Pro Ala His Ser Glu Asn Tyr Ala Gln Arg

10 15 20
 tgg cga aac ctc gcc gca gca ggc aat gat att tac ggc gaa gcc cgc 211
 Trp Arg Asn Leu Ala Ala Ala Gly Asn Asp Ile Tyr Gly Glu Ala Arg

25 30 35
 ctc att gat gcc atg gca ccc agg gga gcg aaa atc ttg gat gct ggc 259
 Leu Ile Asp Ala Met Ala Pro Arg Gly Ala Lys Ile Leu Asp Ala Gly

40 45 50
 tgc ggc cag gga cgc atc ggt ggc tac ctg tcc aag caa ggc cac gat 307
 Cys Gly Gln Gly Arg Ile Gly Gly Tyr Leu Ser Lys Gln Gly His Asp

55 60 65
 gtt cta ggc aca gac ctt gat ccc atc ctg att gat tac gcc aag cag 355
 Val Leu Gly Thr Asp Leu Asp Pro Ile Leu Ile Asp Tyr Ala Lys Gln

 70 75 80 85
 gac ttt cca gaa gct cgc tgg gtg gtg gga gat ctc tct gtt gat cag 403
 Asp Phe Pro Glu Ala Arg Trp Val Val Gly Asp Leu Ser Val Asp Gln

 90 95 100
 atc tca gag act gat ttt gat ctc att gtc tcc gcc ggc aac gtc atg 451
 Ile Ser Glu Thr Asp Phe Asp Leu Ile Val Ser Ala Gly Asn Val Met

 105 110 115
 ggc ttt ctc gct gag gat ggt cgc gaa cct gca cta gcc aac att cac 499
 Gly Phe Leu Ala Glu Asp Gly Arg Glu Pro Ala Leu Ala Asn Ile His

 120 125 130
 cgc gca ctg ggc gcc gat ggc cgc gct gtc atc ggt ttc ggc gca gga 547
 Arg Ala Leu Gly Ala Asp Gly Arg Ala Val Ile Gly Phe Gly Ala Gly

 135 140 145
 cgt gga tgg gtc ttt gga gac ttc ctc gaa gtc gca gaa cgc gtg ggc 595
 Arg Gly Trp Val Phe Gly Asp Phe Leu Glu Val Ala Glu Arg Val Gly

 150 155 160 165
 ctc gag ttg gaa aat gct ttt gag tct tgg gat ctt aag cct ttt gtc 643
 Leu Glu Leu Glu Asn Ala Phe Glu Ser Trp Asp Leu Lys Pro Phe Val

 170 175 180
 caa ggc tct gag ttc tta gtg gcg gta ttt acc aag aag taacacctct 692
 Gln Gly Ser Glu Phe Leu Val Ala Val Phe Thr Lys Lys

 185 190
 atcttgacc tga 705
 <210> 886
 <211> 194
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 886
 Met Thr Thr Trp Lys Glu Leu Thr Asp Asn Asn Pro Ala His Ser Glu
 1 5 10 15
 Asn Tyr Ala Gln Arg Trp Arg Asn Leu Ala Ala Ala Gly Asn Asp Ile
 20 25 30
 Tyr Gly Glu Ala Arg Leu Ile Asp Ala Met
 Ala Pro Arg Gly Ala Lys
 35 40 45
 Ile Leu Asp Ala Gly Cys Gly Gln Gly Arg Ile Gly Gly Tyr Leu Ser
 50 55 60
 Lys Gln Gly His Asp Val Leu Gly Thr Asp Leu Asp Pro Ile Leu Ile
 65 70 75 80

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

Leu Ala Asn Ile His Arg Ala Leu Gly Ala Asp Gly Arg Ala Val Ile
130 135 140

Gly Phe Gly Ala Gly Arg Gly Trp Val Phe Gly Asp Phe Leu Glu Val
145 150 155 160

Ala Glu Arg Val Gly Leu Glu Leu Glu Asn Ala Phe Glu Ser Trp Asp
165 170 175

Leu Lys Pro Phe Val Gln Gly Ser Glu Phe Leu Val Ala Val Phe Thr
180 185 190

Lys Lys

<210> 887
<211> 861
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(838)
<223> RXA02189
<400> 887

aatggcaaaa atgggcacat acgatactga tgggaccaat gggaaaacct caagccacca 60
attgagccag ttctctcaag caaaccgata ctggtgggat gtg gac gcg gcc gac 115
Val Asp Ala Ala Asp

1 5
tat cac gaa cgc cac cct tct tat tta ggc acg gat tcc gct cac ggc 163
Tyr His Glu Arg His Pro Ser Tyr Leu Gly Thr Asp Ser Ala His Gly

10 15 20
gag ttc tac tgg tgc ccc gag atg ctg cat gaa aaa gat gta cgt ctt 211
Glu Phe Tyr Trp Cys Pro Glu Met Leu His Glu Lys Asp Val Arg Leu

25 30 35
ctt ggc act ccc gca gca ctc tcc ggc aag aaa att tta gag atc ggt 259
Leu Gly Thr Pro Ala Ala Leu Ser Gly Lys Lys Ile Leu Glu Ile Gly

40 45 50
tgc ggc tcg gca ccg tgt gct cgg tgg ctg gcc aat gat gtt ccg aat 307
Cys Gly Ser Ala Pro Cys Ala Arg Trp Leu Ala Asn Asp Val Pro Asn

55 60 65
gcc ttt gtc acc gct ttc gac att tct tca caa atg ctc aaa tac gca 355
Ala Phe Val Thr Ala Phe Asp Ile Ser Ser Gln Met Leu Lys Tyr Ala

70 75 80 85
ggg cac gac cat aac gta cac ctc gta cag gcc gat gca atg tca ctc 403
Gly His Asp His Asn Val His Leu Val Gln Ala Asp Ala Met Ser Leu

90 95 100
ccc tac gcc gac agt tcc ttt gac gtg gtc ttt tcc gtt ttc ggc gcc 451
Pro Tyr Ala Asp Ser Ser Phe Asp Val Val Phe Ser Val Phe Gly Ala

105 110 115
atc ccc ttt gtg gag gat tcc gcc gca ctc atg aag gaa atc gcg cgc 499

Ile Pro Phe Val Glu Asp Ser Ala Ala Leu Met Lys Glu Ile Ala Arg

120 125 130
gtc ctc aaa ccc ggc gga cgc ctc att ttc tcc atc acc cac ccg atg 547
Val Leu Lys Pro Gly Gly Arg Leu Ile Phe Ser Ile Thr His Pro Met

135 140 145
cgc tgg att ttc ctc gac gat ccc ggc ccc gca ggc ctc acc gcg atc 595
Arg Trp Ile Phe Leu Asp Asp Pro Gly Pro Ala Gly Leu Thr Ala Ile

150 155 160 165
acc agc tac ttc gac cag cgc ggc tac gtc gaa gaa gac gag gaa acc 643
Thr Ser Tyr Phe Asp Gln Arg Gly Tyr Val Glu Glu Asp Glu Glu Thr

170 175 180
ggt gct tta agc tat gcg gaa cag cac cgc acc atg ggc gcg cgg atc 691
Gly Ala Leu Ser Tyr Ala Glu Gln His Arg Thr Met Gly Ala Arg Ile

185 190 195
aat gag ctt atc gac gcc tcc ctc cac tta gat cac ctc atc gaa cca 739
Asn Glu Leu Ile Asp Ala Ser Leu His Leu Asp His Leu Ile Glu Pro

200 205 210
gaa tgg cca gat gag ttg gaa gaa aac tgg ggc caa tgg tca cca ctt 787
Glu Trp Pro Asp Glu Leu Glu Glu Asn Trp Gly Gln Trp Ser Pro Leu

215 220 225
cga gga aag ctc ttc ccc ggg aca gca atc ttc ctc gcc acg tac cgc 835
Arg Gly Lys Leu Phe Pro Gly Thr Ala Ile Phe Leu Ala Thr Tyr Arg

230 235 240 245
ccc taaaaaacca acggcgctca ttt 861
Pro

<210> 888
<211> 246
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 888
Val Asp Ala Ala Asp Tyr His Glu Arg His Pro Ser Tyr Leu Gly Thr
1 5 10 15
Asp Ser Ala His Gly Glu Phe Tyr Trp Cys Pro Glu Met Leu His Glu
20 25 30
Lys Asp Val Arg Leu Leu Gly Thr Pro Ala Ala Leu Ser Gly Lys Lys
35 40 45
Ile Leu Glu Ile Gly Cys Gly Ser
Ala Pro Cys Ala Arg Trp Leu Ala
50 55 60
Asn Asp Val Pro Asn Ala Phe Val Thr Ala Phe Asp Ile Ser Ser Gln
65 70 75 80
Met Leu Lys Tyr Ala Gly His Asp His Asn Val His Leu Val Gln Ala
85 90 95
Asp Ala Met Ser Leu Pro Tyr Ala Asp Ser Ser Phe Asp Val Val Phe
100 105 110
Ser Val Phe Gly Ala Ile Pro Phe Val Glu Asp Ser Ala Ala Leu Met

										115					120					125															
Lys	Glu	Ile	Ala	Arg	Val	Leu	Lys	Pro	Gly	Gly	Arg	Leu	Ile	Phe	Ser																				
130						135					140																								
										Ile	Thr	His	Pro	Met	Arg	Trp	Ile	Phe	Leu	Asp	Asp	Pro	Gly	Pro	Ala										
145						150					155					160																			
Gly	Leu	Thr	Ala	Ile	Thr	Ser	Tyr	Phe	Asp	Gln	Arg	Gly	Tyr	Val	Glu																				
165						170					175																								
Glu	Asp	Glu	Glu	Thr	Gly	Ala	Leu	Ser	Tyr	Ala	Glu	Gln	His	Arg	Thr																				
180						185					190																								
Met	Gly	Ala	Arg	Ile	Asn	Glu	Leu	Ile	Asp	Ala	Ser	Leu	His	Leu	Asp																				
195						200					205																								
His	Leu	Ile	Glu	Pro	Glu	Trp	Pro	Asp	Glu	Leu	Glu	Glu	Asn	Trp	Gly																				
210						215					220																								
Gln	Trp	Ser	Pro	Leu	Arg	Gly	Lys	Leu	Phe	Pro	Gly	Thr	Ala	Ile	Phe																				
225						230					235					240																			
Leu Ala Thr Tyr Arg Pro																																			
245																																			
<210> 889																																			
<211> 813																																			
<212> DNA																																			
<213> Corynebacterium glutamicum																																			
<220>																																			
<221> CDS																																			
<222> (101)..(790)																																			
<223> RXA02311																																			
<400> 889																																			
cattttgggt atcggttgggt tgtccatcgg tggagctaag ggcgctaagc atcgcagcca																60																			
aataacctcc cactaaagct cctgggttag actcgaacgc gtg gct aaa gca gat																115																			
																Val Ala Lys Ala Asp																			
																					1					5									
tta	gac	aag	gac	ccc	ttc	gac	gta	gcg	tca	atg	ttc	gat	gac	gtc	gga	163																			
Leu	Asp	Lys	Asp	Pro	Phe	Asp	Val	Ala	Ser	Met	Phe	Asp	Asp	Val	Gly																				
																10					15					20									
aag	aac	tac	gat	ctc	acc	aat	acc	gtg	ctt	tct	ttt	ggg	cag	gac	cgt	211																			
Lys	Asn	Tyr	Asp	Leu	Thr	Asn	Thr	Val	Leu	Ser	Phe	Gly	Gln	Asp	Arg																				
																25					30					35									
gtg	tgg	cga	aag	cgc	act	agg	cag	cgc	ctg	gac	ctc	aag	cca	ggg	gag	259																			
Val	Trp	Arg	Lys	Arg	Thr	Arg	Gln	Arg	Leu	Asp	Leu	Lys	Pro	Gly	Glu																				
																40					45					50									
aag	gtg	ctt	gat	cta	gct	gca	gga	aca	gcc	gtt	tcc	acc	gtg	gag	ttg	307																			
Lys	Val	Leu	Asp	Leu	Ala	Ala	Gly	Thr	Ala	Val	Ser	Thr	Val	Glu	Leu																				
																55					60					65									
gca	aaa	tcc	ggc	gcg	ttt	tgt	gtg	gcg	tgt	gat	ttc	tcc	cag	ggc	atg	355																			
Ala	Lys	Ser	Gly	Ala	Phe	Cys	Val	Ala	Cys	Asp	Phe	Ser	Gln	Gly	Met																				
																70					75					80					85				

ctc gcc gca ggt aaa gac cgc gat gtg tcc aag gtt gtg ggc gat ggc 403
 Leu Ala Ala Gly Lys Asp Arg Asp Val Ser Lys Val Val Gly Asp Gly

90 95 100
 atg cag ttg ccg ttt gca gac aac agc ttt gat gct gtg acc att tct 451
 Met Gln Leu Pro Phe Ala Asp Asn Ser Phe Asp Ala Val Thr Ile Ser

105 110 115
 tat ggt ctg cgc aat att cac gat ttc cgc gct ggc ctg aaa gaa atg 499
 Tyr Gly Leu Arg Asn Ile His Asp Phe Arg Ala Gly Leu Lys Glu Met

120 125 130
 gcc cgc gtg act aaa cct ggt gga cgc ctc acc gtg gcg gag ttc tcc 547
 Ala Arg Val Thr Lys Pro Gly Gly Arg Leu Thr Val Ala Glu Phe Ser

135 140 145
 acc ccc gtg atc cct gtg ttc ggc acc gtg tac aag gag tac ctc atg 595
 Thr Pro Val Ile Pro Val Phe Gly Thr Val Tyr Lys Glu Tyr Leu Met

150 155 160 165
 cgc ctg ctg ccc cag gcg gcg cgc gca gta tgc tcc aac ccg gag gcc 643
 Arg Leu Leu Pro Gln Ala Ala Arg Ala Val Ser Ser Asn Pro Glu Ala

170 175 180
 tac att tac ctg gct gat tcc atc cgc gca tgg cct agc cag gcg gaa 691
 Tyr Ile Tyr Leu Ala Asp Ser Ile Arg Ala Trp Pro Ser Gln Ala Glu

185 190 195
 cta gca cgg gag atc aac cag aat ggt tgg tca gat tgc ggt tgg cag 739
 Leu Ala Arg Glu Ile Asn Gln Asn Gly Trp Ser Asp Cys Gly Trp Gln

200 205 210
 aac ctg acc ttc ggc atc gtc gcg ctg cac tgc gcg att aaa cca gag 787
 Asn Leu Thr Phe Gly Ile Val Ala Leu His Ser Ala Ile Lys Pro Glu

215 220 225
 aac tagtcgagtc ccacagaggg gag 813
 Asn

230
 <210> 890
 <211> 230
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 890
 Val Ala Lys Ala Asp Leu Asp Lys Asp Pro Phe Asp Val Ala Ser Met
 1 5 10 15
 Phe Asp Asp Val Gly Lys Asn Tyr Asp Leu Thr Asn Thr Val Leu Ser
 20 25 30
 Phe Gly Gln Asp Arg Val Trp Arg Lys Arg Thr Arg Gln Arg Leu Asp
 35 40 45
 Leu Lys Pro Gly Glu Lys Val Leu
 Asp Leu Ala Ala Gly Thr Ala Val
 50 55 60
 Ser Thr Val Glu Leu Ala Lys Ser Gly Ala Phe Cys Val Ala Cys Asp

65	70	75	80
Phe Ser Gln Gly Met Leu Ala Ala Gly Lys Asp Arg Asp Val Ser Lys			
	85	90	95
Val Val Gly Asp Gly Met Gln Leu Pro Phe Ala Asp Asn Ser Phe Asp			
	100	105	110
Ala Val Thr Ile Ser Tyr Gly Leu Arg Asn Ile His Asp Phe Arg Ala			
	115	120	125
Gly Leu Lys Glu Met Ala Arg Val Thr Lys Pro Gly Gly Arg Leu Thr			
	130	135	140
Val Ala Glu Phe Ser Thr Pro Val Ile Pro Val Phe Gly Thr Val Tyr			
	145	150	155
			160
Lys Glu Tyr Leu Met Arg Leu Leu Pro Gln Ala Ala Arg Ala Val Ser			
	165	170	175
Ser Asn Pro Glu Ala Tyr Ile Tyr Leu Ala Asp Ser Ile Arg Ala Trp			
	180	185	190
Pro Ser Gln Ala Glu Leu Ala Arg Glu Ile Asn Gln Asn Gly Trp Ser			
	195	200	205
Asp Cys Gly Trp Gln Asn Leu Thr Phe Gly Ile Val Ala Leu His Ser			
	210	215	220
Ala Ile Lys Pro Glu Asn			
225	230		
<210> 891			
<211> 876			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(853)			
<223> RXN02912			
<400> 891			
catcggtgtc ggttcactga tgggtggccaa gaaggttgga taacagggtt aatcttgggt	60		
gatattgaaa tgacgtattc ctgattgggc tgaataatct gtg aca tca cct gaa	115		
	Val Thr Ser Pro Glu		
		1	5
tta caa aac atc ctt aac aat tat tgg agc ggc agg gca gag gct tac	163		
Leu Gln Asn Ile Leu Asn Asn Tyr Trp Ser Gly Arg Ala Glu Ala Tyr			
		10	15
		20	
cac ctc aac caa acc caa agc gag cgt gca caa ttt gaa cgc ccc atc	211		
His Leu Asn Gln Thr Gln Ser Glu Arg Ala Gln Phe Glu Arg Pro Ile			
		25	30
		35	
tgg gaa aag gtg tgg tgc aag gct ttg cct atc gtg tgc gaa gaa gcg	259		
Trp Glu Lys Val Trp Ser Lys Ala Leu Pro Ile Val Ser Glu Glu Ala			
		40	45
		50	
gta aag gtt ctc gat ctt ggc tgt ggc gct ggt tat gtc acc cac ctt	307		
Val Lys Val Leu Asp Leu Gly Cys Gly Ala Gly Tyr Val Thr His Leu			

55	60	65	
cta agc gat tgc gga tac gaa aca atc ggc gtt gat ggt tct gag gaa	355		
Leu Ser Asp Cys Gly Tyr Glu Thr Ile Gly Val Asp Gly Ser Glu Glu			
70	75	80	85
atg atc aat caa gct acg cag gag aat ggt ctt cgc agg tcg acg ggt	403		
Met Ile Asn Gln Ala Thr Gln Glu Asn Gly Leu Arg Arg Ser Thr Gly			
90	95	100	
cgg gcg act gcc att ttt cag gtc ggg gat gcg cat gat ccc gag ttc	451		
Arg Ala Thr Ala Ile Phe Gln Val Gly Asp Ala His Asp Pro Glu Phe			
105	110	115	
cgg gaa ggc tct ttt gat gcg ata acc agc cgg tat gtg ttg tgg act	499		
Arg Glu Gly Ser Phe Asp Ala Ile Thr Ser Arg Tyr Val Leu Trp Thr			
120	125	130	
ctg ctg gat ccc cag gca gcg att aat cgt tgg gtg tct ttg cta aaa	547		
Leu Leu Asp Pro Gln Ala Ala Ile Asn Arg Trp Val Ser Leu Leu Lys			
135	140	145	
cct ggt ggg gtt att gcg tgc gta gat gcg gct tgg tat ccg aag ggc	595		
Pro Gly Gly Val Ile Ala Cys Val Asp Ala Ala Trp Tyr Pro Lys Gly			
150	155	160	165
att gat gct ggc acg gaa gta gat tca gtg gat ggt ccg agt gct ttc	643		
Ile Asp Ala Gly Thr Glu Val Asp Ser Val Asp Gly Pro Ser Ala Phe			
170	175	180	
gta gag acc tat acc ccg gaa ctt ttg agg aat ctt ccc atg tca acg	691		
Val Glu Thr Tyr Thr Pro Glu Leu Leu Arg Asn Leu Pro Met Ser Thr			
185	190	195	
acc tcc act ggc cac aat ttc gca gag ctt ttc cac aac gct ggc ctc	739		
Thr Ser Thr Gly His Asn Phe Ala Glu Leu Phe His Asn Ala Gly Leu			
200	205	210	
aaa gaa gtc aca ttg aca ccc att gag ggg ctg gct gaa ctt gac cag	787		
Lys Glu Val Thr Leu Thr Pro Ile Glu Gly Leu Ala Glu Leu Asp Gln			
215	220	225	
cga ttt ggc ctc tca cca ggg cat gag tcg act ccg cag ttc cta ttc	835		
Arg Phe Gly Leu Ser Pro Gly His Glu Ser Thr Pro Gln Phe Leu Phe			
230	235	240	245
agg gga att aaa tcc agt tagtgctgtt ttaagcggtc gag	876		
Arg Gly Ile Lys Ser Ser			
250			
<210> 892			
<211> 251			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 892			
Val Thr Ser Pro Glu Leu Gln Asn Ile Leu Asn Asn Tyr Trp Ser Gly			
1	5	10	15

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

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

Val Ser Leu Leu Lys Pro Gly Gly Val Ile Ala Cys Val Asp Ala Ala
 145 150 155 160

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

Ala Glu Leu Asp Gln Arg Phe Gly Leu Ser Pro Gly His Glu Ser Thr
 225 230 235 240

Pro Gln Phe Leu Phe Arg Gly Ile Lys Ser Ser
 245 250

<210> 893

<211> 585

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(562)

<223> RXS00998

<400> 893

aatcggccta aaaggtgtga ccatttgggg gtagtggcga ttttaccagg tcacaggagg 60
 tgaaatcca accattttag gccgactaga gtaattaatt atg act tcc cgc gat 115
 Met Thr Ser Arg Asp

1 5
 gat caa ccc caa gat ctg ctt tcg ctt gca gaa ctt gcc gcc acc aga 163
 Asp Gln Pro Gln Asp Leu Leu Ser Leu Ala Glu Leu Ala Ala Thr Arg

10 15 20
 gct tta acc aca gac gaa ctt gaa gca ctc aac aac gcc aat tat ggc 211

Ala Leu Thr Thr Asp Glu Leu Glu Ala Leu Asn Asn Ala Asn Tyr Gly

25 30 35
ctc gac cgc aat ctg ggg ctg cgc tac acc acc atc gag ccc ggc cgg 259
Leu Asp Arg Asn Leu Gly Leu Arg Tyr Thr Thr Ile Glu Pro Gly Arg

40 45 50
gtg gtc agc gaa ctt cac gtg gca tcc aag cac ctg caa gtg gtg ggc 307
Val Val Ser Glu Leu His Val Ala Ser Lys His Leu Gln Val Val Gly

55 60 65
ttg gtc aac ggt ggt gtc tac gcc gcc atc gcc gaa tcc act gga tca 355
Leu Val Asn Gly Gly Val Tyr Ala Ala Ile Ala Glu Ser Thr Gly Ser

70 75 80 85
gtc gcc agc atg att tcc gcc cct gga aaa atg gtc gtc ggc atc aac 403
Val Ala Ser Met Ile Ser Ala Pro Gly Lys Met Val Val Gly Ile Asn

90 95 100
aac aac acc gac ttc att tct gct gtg agc tcc ggt gtc atc gtg gcc 451
Asn Asn Thr Asp Phe Ile Ser Ala Val Ser Ser Gly Val Ile Val Ala

105 110 115
gaa gca acg ccg att cag cta ggt ggc cgc acc cat ctg tgg cag atc 499
Glu Ala Thr Pro Ile Gln Leu Gly Gly Arg Thr His Leu Trp Gln Ile

120 125 130
gaa tgc acc cac cgc gga gaa gtc gtc gca cga acc aca ctg cgc acc 547
Glu Cys Thr His Arg Gly Glu Val Val Ala Arg Thr Thr Leu Arg Thr

135 140 145
atg gtg ctg aac aag tagccctata ctggggcacc atg 585
Met Val Leu Asn Lys

150
<210> 894
<211> 154
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 894
Met Thr Ser Arg Asp Asp Gln Pro Gln Asp Leu Leu Ser Leu Ala Glu
1 5 10 15
Leu Ala Ala Thr Arg Ala Leu Thr Thr Asp Glu Leu Glu Ala Leu Asn
20 25 30
Asn Ala Asn Tyr Gly Leu Asp Arg Asn Leu Gly Leu Arg Tyr Thr Thr
35 40 45
Ile Glu
Pro Gly Arg Val Val Ser Glu Leu His Val Ala Ser Lys His
50 55 60
Leu Gln Val Val Gly Leu Val Asn Gly Gly Val Tyr Ala Ala Ile Ala
65 70 75 80
Glu Ser Thr Gly Ser Val Ala Ser Met Ile Ser Ala Pro Gly Lys Met
85 90 95
Val Val Gly Ile Asn Asn Asn Thr Asp Phe Ile Ser Ala Val Ser Ser
100 105 110

Gly Val Ile Val Ala Glu Ala Thr Pro Ile Gln Leu Gly Gly Arg Thr
115 120 125
His Leu Trp Gln Ile Glu Cys Thr His Arg Gly Glu Val Val Ala Arg
130 135 140

Thr Thr Leu Arg Thr Met Val Leu Asn Lys

145 150
<210> 895
<211> 1098
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1075)
<223> RXA01215
<400> 895
tcgaaggctg ggtgcaaaag aagcgccctg gaaccgctgc agcacaagcc gcagaagccg 60
cccaaaacgt ccacaaccag gaaggctaag caggatcctc atg act gct cac tgg 115
Met Thr Ala His Trp

1 5
aaa caa aac caa aag aac ctc atg ctg ttt tcg ggt cgt gcg cac cca 163
Lys Gln Asn Gln Lys Asn Leu Met Leu Phe Ser Gly Arg Ala His Pro

10 15 20
gaa ctg gca gaa gct gta gct aaa gag ctc gac gtc aac gtc acc cca 211
Glu Leu Ala Glu Ala Val Ala Lys Glu Leu Asp Val Asn Val Thr Pro

25 30 35
atg acg gca cgc gat ttc gcc aac ggt gaa atc tac gtc cgc ttc gag 259
Met Thr Ala Arg Asp Phe Ala Asn Gly Glu Ile Tyr Val Arg Phe Glu

40 45 50
gaa tca gtt cgt ggc tcc gac tgc ttc gtc ctg cag tcc cac acc cag 307
Glu Ser Val Arg Gly Ser Asp Cys Phe Val Leu Gln Ser His Thr Gln

55 60 65
cct ctc aac aag tgg ctc atg gaa cag ctg ctg atg atc gac gct ttg 355
Pro Leu Asn Lys Trp Leu Met Glu Gln Leu Leu Met Ile Asp Ala Leu

70 75 80 85
aag cgt ggt tcc gca aag cgc atc acc gcg atc ctg ccg ttc tac cca 403
Lys Arg Gly Ser Ala Lys Arg Ile Thr Ala Ile Leu Pro Phe Tyr Pro

90 95 100
tat gcc cgc cag gac aag aag cac cgc ggc cgc gag cca att tct gct 451
Tyr Ala Arg Gln Asp Lys Lys His Arg Gly Arg Glu Pro Ile Ser Ala

105 110 115
cgc ctc atc gcc gac ctc atg ctc acc gct ggc gcg gac cgt atc gtg 499
Arg Leu Ile Ala Asp Leu Met Leu Thr Ala Gly Ala Asp Arg Ile Val

120 125 130
tcc gtg gac ttg cac acc gat cag atc cag ggc ttc ttc gac ggc cca 547

Ser Val Asp Leu His Thr Asp Gln Ile Gln Gly Phe Phe Asp Gly Pro

135 140 145
 gtc gat cac atg cac gcc atg ccg atc ctc acc gat cac atc aag gaa 595
 Val Asp His Met His Ala Met Pro Ile Leu Thr Asp His Ile Lys Glu

150 155 160 165
 aac tac aac ctg gac aac atc tgc gtg gtc tcc cct gac gca ggt cgc 643
 Asn Tyr Asn Leu Asp Asn Ile Cys Val Val Ser Pro Asp Ala Gly Arg

170 175 180
 gtg aag gtt gca gag aag tgg gct aac acc ttg ggc gat gcc cca atg 691
 Val Lys Val Ala Glu Lys Trp Ala Asn Thr Leu Gly Asp Ala Pro Met

185 190 195
 gcg ttc gtg cac aag acc cgc tcc acc gag gta gca aac cag gtt gtc 739
 Ala Phe Val His Lys Thr Arg Ser Thr Glu Val Ala Asn Gln Val Val

200 205 210
 gcc aac cgc gtc gtc ggt gac gtc gac ggc aag gac tgc gtg ctt ctc 787
 Ala Asn Arg Val Val Gly Asp Val Asp Gly Lys Asp Cys Val Leu Leu

215 220 225
 gac gac atg atc gac act ggc ggc acc atc gcc ggc gct gtg ggc gtc 835
 Asp Asp Met Ile Asp Thr Gly Gly Thr Ile Ala Gly Ala Val Gly Val

230 235 240 245
 ctg aag aag gct ggc gca aag tca gtc gtc atc gcc tgc acc cac ggt 883
 Leu Lys Lys Ala Gly Ala Lys Ser Val Val Ile Ala Cys Thr His Gly

250 255 260
 gtg ttc tct gac cca gcc cgc gag cgc ctg tct gca tgc ggt gct gaa 931
 Val Phe Ser Asp Pro Ala Arg Glu Arg Leu Ser Ala Cys Gly Ala Glu

265 270 275
 gaa gtc atc acc acc gac acc ctg cca cag tcc acc gag ggc tgg agc 979
 Glu Val Ile Thr Thr Asp Thr Leu Pro Gln Ser Thr Glu Gly Trp Ser

280 285 290
 aac ctg acc gtt ttg tgc atc gca ccg ctg ctg gct cgc acc atc aac 1027
 Asn Leu Thr Val Leu Ser Ile Ala Pro Leu Leu Ala Arg Thr Ile Asn

295 300 305
 gag atc ttc gaa aac ggt tcc gtc acc acc ctc ttc gag ggc gag gcc 1075
 Glu Ile Phe Glu Asn Gly Ser Val Thr Thr Leu Phe Glu Gly Glu Ala

310 315 320 325
 taaacaccca tgcccaccac gga 1098
 <210> 896
 <211> 325
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 896
 Met Thr Ala His Trp Lys Gln Asn Gln Lys Asn Leu Met Leu Phe Ser
 1 5 10 15
 Gly Arg Ala His Pro Glu Leu Ala Glu Ala Val Ala Lys Glu Leu Asp

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

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

 Phe Phe Asp Gly Pro Val Asp His Met His Ala Met Pro Ile Leu Thr
 145 150 155 160

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

 Asp Cys Val Leu Leu Asp Asp Met Ile Asp Thr Gly Gly Thr Ile Ala
 225 230 235 240

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

 Ala Arg Thr Ile Asn Glu Ile Phe Glu Asn Gly Ser Val Thr Thr Leu
 305 310 315 320

Phe Glu Gly Glu Ala
 325

<210> 897

<211> 1470

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1447)

<223> RXN00558

<400> 897

```

gaacaggcac cgcaggaaga atgcggcggtt ttcggcggttt gggcgccagg tgaggaagtc 60
tcgaaactta cctactttgg cctcttcgca cttcagcacc gtg gtc aag aag ccc 115
                               Val Val Lys Lys Pro

                               1                               5
gcg ggc atc gca gta ggc gat ggc gaa cag atc ctg gtt ttc aaa gat 163
Ala Gly Ile Ala Val Gly Asp Gly Glu Gln Ile Leu Val Phe Lys Asp

                               10                               15                               20
ttg ggc cta gtc tcc caa gtt ttc gac caa cca att ctg gaa tcc ctc 211
Leu Gly Leu Val Ser Gln Val Phe Asp Gln Pro Ile Leu Glu Ser Leu

                               25                               30                               35
cgc gga aac atc gcc atc gga cac acc cga tac acc acc gcc ggc gga 259
Arg Gly Asn Ile Ala Ile Gly His Thr Arg Tyr Thr Thr Ala Gly Gly

                               40                               45                               50
aac acc tgg gaa aat gcc cag cct atg ttc cgc atg gca cca gat ggc 307
Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg Met Ala Pro Asp Gly

                               55                               60                               65
acc gat atc gcc ctt gga cac aac ggc aac ctg att aat tac atc gag 355
Thr Asp Ile Ala Leu Gly His Asn Gly Asn Leu Ile Asn Tyr Ile Glu

                               70                               75                               80                               85
ttg ttg gac aaa gcc acc gaa ctt ggc ctc gtc gat ccc gcc aag aag 403
Leu Leu Asp Lys Ala Thr Glu Leu Gly Leu Val Asp Pro Ala Lys Lys

                               90                               95                               100
cca tca gat acc gat gtg ctc act gga ctg ctc gca agc ggc gtc cat 451
Pro Ser Asp Thr Asp Val Leu Thr Gly Leu Leu Ala Ser Gly Val His

                               105                               110                               115
gac gga aat aat ctc ttt gat tcc gcc aag gaa ctc ctc ccc agc gtc 499
Asp Gly Asn Asn Leu Phe Asp Ser Ala Lys Glu Leu Leu Pro Ser Val

                               120                               125                               130
aag gga gcc tac tgc ctc acc ttc acc gac gga cac acc ctg tac gca 547
Lys Gly Ala Tyr Cys Leu Thr Phe Thr Asp Gly His Thr Leu Tyr Ala

                               135                               140                               145
gcg cgt gat cca ttc ggc atc cgc cca ctg tcc atc ggc cgc ctc gag 595
Ala Arg Asp Pro Phe Gly Ile Arg Pro Leu Ser Ile Gly Arg Leu Glu

                               150                               155                               160                               165
cgc ggc tgg gta gtc gca tct gaa acc gca gcg ctc gac atc gta ggt 643
Arg Gly Trp Val Val Ala Ser Glu Thr Ala Ala Leu Asp Ile Val Gly

                               170                               175                               180
gcc tcg cat gtg cgc gag gtc gaa cca ggc gaa ctg att gct atc gac 691
Ala Ser His Val Arg Glu Val Glu Pro Gly Glu Leu Ile Ala Ile Asp

                               185                               190                               195
gaa tcc ggc ctc aag tcc gca cga ttc gcc gag aca acc cgc aaa ggt 739

```


Glu Ser Gly Leu Lys Ser Ala Arg Phe Ala Glu Thr Thr Arg Lys Gly

200 205 210
tgc gtc ttc gaa tac gtt tac ctg gct cgt cca gac tcc gtg atc aag 787
Cys Val Phe Glu Tyr Val Tyr Leu Ala Arg Pro Asp Ser Val Ile Lys

215 220 225
gga aga aac gtc aac gaa gcc cga ctt gaa atc ggc cgc aag ctc gct 835
Gly Arg Asn Val Asn Glu Ala Arg Leu Glu Ile Gly Arg Lys Leu Ala

230 235 240 245
gca gaa gca cca gca gtc ggc gat cta gtc atc cca acc cca gaa tca 883
Ala Glu Ala Pro Ala Val Gly Asp Leu Val Ile Pro Thr Pro Glu Ser

250 255 260
ggc acc cca gca gca gtt gga ttc gcc caa gca tct ggc atc cca ttc 931
Gly Thr Pro Ala Ala Val Gly Phe Ala Gln Ala Ser Gly Ile Pro Phe

265 270 275
ggc caa ggc atg gtc aaa aac gcc tac gtt ggc cga acc ttc atc cag 979
Gly Gln Gly Met Val Lys Asn Ala Tyr Val Gly Arg Thr Phe Ile Gln

280 285 290
cct tcc gac act ctc cgc caa ctg gga atc cgc ctc aag ctg aac cca 1027
Pro Ser Asp Thr Leu Arg Gln Leu Gly Ile Arg Leu Lys Leu Asn Pro

295 300 305
ttg cgc gag gtt atc gcc gga aag cgc ctt gtg gtt gtg gat gat tcc 1075
Leu Arg Glu Val Ile Ala Gly Lys Arg Leu Val Val Val Asp Asp Ser

310 315 320 325
atc gtc cgc ggt aac acc caa cgc gcc gtg atc cgc atg ttg cgc gaa 1123
Ile Val Arg Gly Asn Thr Gln Arg Ala Val Ile Arg Met Leu Arg Glu

330 335 340
gcc ggt gca gct gag gtt cac gta cgc atc gcc tca cca ccc gtg aaa 1171
Ala Gly Ala Ala Glu Val His Val Arg Ile Ala Ser Pro Pro Val Lys

345 350 355
tgg cca tgc ttc tac ggc atc gat ttt gcc acc cca ggc gaa ctc att 1219
Trp Pro Cys Phe Tyr Gly Ile Asp Phe Ala Thr Pro Gly Glu Leu Ile

360 365 370
gcc aac gct gtc acc agt gac aac gaa gca gaa atg gta gaa gca gtc 1267
Ala Asn Ala Val Thr Ser Asp Asn Glu Ala Glu Met Val Glu Ala Val

375 380 385
cgc tcc gca atc ggc gca gac acc ctc ggc tac gtc tcc atc gac tcc 1315
Arg Ser Ala Ile Gly Ala Asp Thr Leu Gly Tyr Val Ser Ile Asp Ser

390 395 400 405
atg gtt gca gca acc gag caa cca gcc aac gaa ctc tgc atc gcc tgc 1363
Met Val Ala Ala Thr Glu Gln Pro Ala Asn Glu Leu Cys Ile Ala Cys

410 415 420
ttc gac ggc aaa tac ccc atg ggt ctg cca cag gga aac agc aac gca 1411

Phe Asp Gly Lys Tyr Pro Met Gly Leu Pro Gln Gly Asn Ser Asn Ala

425 430 435
gac cta gtc cgc aag atg caa gca acc gcc tca agt taagatcggg 1457
Asp Leu Val Arg Lys Met Gln Ala Thr Ala Ser Ser

440 445 1470
aggcgatagg ggt
<210> 898
<211> 449
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 898

Val Val Lys Lys Pro Ala Gly Ile Ala Val Gly Asp Gly Glu Gln Ile
1 5 10 15
Leu Val Phe Lys Asp Leu Gly Leu Val Ser Gln Val Phe Asp Gln Pro
20 25 30
Ile Leu Glu Ser Leu Arg Gly Asn Ile Ala
Ile Gly His Thr Arg Tyr
35 40 45
Thr Thr Ala Gly Gly Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg
50 55 60
Met Ala Pro Asp Gly Thr Asp Ile Ala Leu Gly His Asn Gly Asn Leu
65 70 75 80

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

His Thr Leu Tyr Ala Ala Arg Asp Pro Phe Gly Ile Arg Pro Leu Ser
145 150 155 160

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

Asp Ser Val Ile Lys Gly Arg Asn Val Asn Glu Ala Arg Leu Glu Ile
225 230 235 240

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

Leu Lys Leu Asn Pro Leu Arg Glu Val Ile Ala Gly Lys Arg Leu Val
305 310 315 320

Val Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Asn Thr Gln Arg Ala Val Ile
325 330 335
Arg Met Leu Arg Glu Ala Gly Ala Ala Glu Val His Val Arg Ile Ala
340 345 350
Ser Pro Pro Val Lys Trp Pro Cys Phe Tyr Gly Ile Asp Phe Ala Thr
355 360 365
Pro Gly Glu Leu Ile Ala Asn Ala Val Thr Ser Asp Asn Glu Ala Glu
370 375 380

Met Val Glu Ala Val Arg Ser Ala Ile Gly Ala Asp Thr Leu Gly Tyr
385 390 395 400

Val Ser Ile Asp Ser Met Val Ala Ala Thr Glu Gln Pro Ala Asn Glu
405 410 415
Leu Cys Ile Ala Cys Phe Asp Gly Lys Tyr Pro Met Gly Leu Pro Gln
420 425 430
Gly Asn Ser Asn Ala Asp Leu Val Arg Lys Met Gln Ala Thr Ala Ser
435 440 445
Ser

<210> 899

<211> 524

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (61)..(501)

<223> FRXA00558

<400> 899

gggcgccagg tgaggaagta tcgcagctca cctactttgg cctcttcgca gttcagcacc 60
gtg gtc aag aag ccc gcg ggc atc gca gta ggc gat ggc gaa cag atc 108
Val Val Lys Lys Pro Ala Gly Ile Ala Val Gly Asp Gly Glu Gln Ile

1 5 10 15
ctg gtt ttc aaa gat ttg ggc cta gtc tcc caa gtt ttc gac caa cca 156
Leu Val Phe Lys Asp Leu Gly Leu Val Ser Gln Val Phe Asp Gln Pro

20 25 30
att ctg gaa tcc ctc cgc gga aac atc gcc atc gga cac acc cga tac 204
Ile Leu Glu Ser Leu Arg Gly Asn Ile Ala Ile Gly His Thr Arg Tyr

35 40 45
acc acc gcc ggc gga aac acc tgg gaa aat gcc cag cct atg ttc cgc 252
Thr Thr Ala Gly Gly Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg

50 55 60
atg gca cca gat ggc acc gat atc gcc ctt gga cac aac ggc aac ctg 300
Met Ala Pro Asp Gly Thr Asp Ile Ala Leu Gly His Asn Gly Asn Leu

65 70 75 80
att aat tac atc gag ttg ttg gac aaa gcc acc gaa ctt ggc ctc gtc 348

Ile Asn Tyr Ile Glu Leu Leu Asp Lys Ala Thr Glu Leu Gly Leu Val
 85 90 95
 gat ccc gcc aag aag cca tca gat acc gat gtg ctc act gga ctg ctc 396
 Asp Pro Ala Lys Lys Pro Ser Asp Thr Asp Val Leu Thr Gly Leu Leu
 100 105 110
 gca agc ggc gtc cat gac gga aat aat ctc ttt gat tcc gcc aag gaa 444
 Ala Ser Gly Val His Asp Gly Asn Asn Leu Phe Asp Ser Ala Lys Glu
 115 120 125
 ctc ctc ccc agc gtc aag gga gcc tac tgc ctc acc ttc acc gac gga 492
 Leu Leu Pro Ser Val Lys Gly Ala Tyr Cys Leu Thr Phe Thr Asp Gly
 130 135 140
 cac acc ctg taagcagcgc gtgatccatt cgg 524
 His Thr Leu

145
 <210> 900
 <211> 147
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 900
 Val Val Lys Lys Pro Ala Gly Ile Ala Val Gly Asp Gly Glu Gln Ile
 1 5 10 15
 Leu Val Phe Lys Asp Leu Gly Leu Val Ser Gln Val Phe Asp Gln Pro
 20 25 30
 Ile Leu Glu Ser Leu Arg Gly Asn Ile Ala Ile Gly His Thr Arg Tyr
 35 40 45
 Thr Thr Ala Gly
 Gly Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg
 50 55 60
 Met Ala Pro Asp Gly Thr Asp Ile Ala Leu Gly His Asn Gly Asn Leu
 65 70 75 80

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

His Thr Leu

145
 <210> 901
 <211> 1386
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1363)
 <223> RXN00626

<400> 901

```

tcattttaag gcgtttttcg acgccacttt caaccatttc cgaaccgccca agaatactgg 60
aatagcttgg atcaagtttt gcaggataaaa ctgtgcaacc atg cgc att ctg gta 115
                               Met Arg Ile Leu Val

                               1                               5
atc ggc tcg ggc gcc cgt gag cac gcc ctc ctc cgt gga ctg tca act 163
Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu Arg Gly Leu Ser Thr

                               10                               15                               20
gac cct gca acc act gaa ctc cac gtt gcc cca ggt aac gct ggt ctt 211
Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro Gly Asn Ala Gly Leu

                               25                               30                               35
gga tcg atc gca act gtc cac cct ggc atc aag gct gat gat cca gag 259
Gly Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys Ala Asp Asp Pro Glu

                               40                               45                               50
gct gtc act gcg ttg gct aaa gaa ctg aac tct gat ctg gtt gtt atc 307
Ala Val Thr Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser Asp Leu Val Val Ile

                               55                               60                               65
ggc cca gag atc cct ttg gtt gcg ggt gtt gct gat gca ctt cgc gcg 355
Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala Asp Ala Leu Arg Ala

                               70                               75                               80                               85
gcg ggt atc gct gtg ttt ggt cct aac aag gac gct gct cgt atc gag 403
Ala Gly Ile Ala Val Phe Gly Pro Asn Lys Asp Ala Ala Arg Ile Glu

                               90                               95                               100
ggc tcc aag gct ttc gct aag gat gtc atg gct gcg cag ggt gtt cgt 451
Gly Ser Lys Ala Phe Ala Lys Asp Val Met Ala Ala Gln Gly Val Arg

                               105                               110                               115
act gct cat gct gag act att act cct ggt gcg tct tct gaa gat att 499
Thr Ala His Ala Glu Thr Ile Thr Pro Gly Ala Ser Ser Glu Asp Ile

                               120                               125                               130
gat gct gcc ata gat cgt ttc ggc cca acg tgg gtt gtc aag gat gat 547
Asp Ala Ala Ile Asp Arg Phe Gly Pro Thr Trp Val Val Lys Asp Asp

                               135                               140                               145
ggt ttg tct gcg ggc aag ggt gtt gtg gtt acc ccc gat cgt gca gca 595
Gly Leu Ser Ala Gly Lys Gly Val Val Val Thr Pro Asp Arg Ala Ala

                               150                               155                               160                               165
gca cgt gct cac gta gat gca gtg ctt gag ggc gga aat cca gtt ttg 643
Ala Arg Ala His Val Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly Asn Pro Val Leu

                               170                               175                               180
ctg gag tcc ttc ctt gat ggc cct gag gtt tcc ctg ttc tgc ctg gtt 691
Leu Glu Ser Phe Leu Asp Gly Pro Glu Val Ser Leu Phe Cys Leu Val

                               185                               190                               195
gat ggc gag acg gta gtt cct ctg ctg cca gcg cag gat cac aag cgt 739

```

Asp Gly Glu Thr Val Val Pro Leu Leu Pro Ala Gln Asp His Lys Arg

200 205 210
gcg tac gac aac gat gag ggc cca aac act ggt ggc atg ggt gct tat 787
Ala Tyr Asp Asn Asp Glu Gly Pro Asn Thr Gly Gly Met Gly Ala Tyr

215 220 225
gcg ccg ctt cct tgg ctg cct gaa gat ggc gtc cag cgc att gtc gat 835
Ala Pro Leu Pro Trp Leu Pro Glu Asp Gly Val Gln Arg Ile Val Asp

230 235 240 245
gag gtc tgc gtt cct gtt gct cgt gag atg gtg gca cgt ggt tgc gcg 883
Glu Val Cys Val Pro Val Ala Arg Glu Met Val Ala Arg Gly Cys Ala

250 255 260
tac tcc ggt ctg ctt tac gca ggt atc gca tgg ggt gca gaa ggc cct 931
Tyr Ser Gly Leu Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Trp Gly Ala Glu Gly Pro

265 270 275
gca gta gtg gag ttc aac tgc cgc ttc ggc gat cca gaa acc cag gct 979
Ala Val Val Glu Phe Asn Cys Arg Phe Gly Asp Pro Glu Thr Gln Ala

280 285 290
gta ctg gca cta ctg aag act cct cta gca gta ctg ctc aac gca gtt 1027
Val Leu Ala Leu Leu Lys Thr Pro Leu Ala Val Leu Leu Asn Ala Val

295 300 305
gct act gga acc ttg gca gag cag cca gca ctg gag tgg gag gat gct 1075
Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu Glu Trp Glu Asp Ala

310 315 320 325
tac gcc ctg act gtg gtg ttg gct tct tac aac tac cca gag gca cct 1123
Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn Tyr Pro Glu Ala Pro

330 335 340
cgt act ggt gat gtc atc cgc aac gct gat gca gat aac gtt ctt cac 1171
Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala Asp Asn Val Leu His

345 350 355
gct ggt acc gca ctc aat gct gaa ggc gag ctg gtc tct gcg ggc ggt 1219
Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu Val Ser Ala Gly Gly

360 365 370
cgt gtt ctt aac gtg atc ggt gtg ggt gag acc ctg gag gct gca cgc 1267
Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr Leu Glu Ala Ala Arg

375 380 385
gat aac gcg tac acc acc atc aag gac att gaa ctt gag gga agc cac 1315
Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu Leu Glu Gly Ser His

390 395 400 405
tac cgc agc gat atc gca ttg gct gca tta gag ggt cgt atc tcg atc 1363
Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu Gly Arg Ile Ser Ile

410 415 420
taaaagcagt acgcagatag gct 1386

<210> 902

<211> 421

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 902

Met Arg Ile Leu Val Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu
1 5 10 15

Arg Gly Leu Ser Thr Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro
20 25 30

Gly Asn Ala Gly Leu Gly

Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys

35 40 45

Ala Asp Asp Pro Glu Ala Val Thr Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser
50 55 60

Asp Leu Val Val Ile Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala
65 70 75 80

Asp Ala Leu Arg Ala Ala Gly Ile Ala Val Phe Gly Pro Asn Lys Asp
85 90 95

Ala Ala Arg Ile Glu Gly Ser Lys Ala Phe Ala Lys Asp Val Met Ala
100 105 110

Ala Gln Gly Val Arg Thr Ala His Ala Glu Thr Ile Thr Pro Gly Ala
115 120 125

Ser Ser Glu Asp Ile Asp Ala Ala Ile Asp Arg Phe Gly Pro Thr Trp
130 135 140

Val Val Lys Asp Asp Gly Leu Ser Ala Gly Lys Gly Val Val Val Thr
145 150 155 160

Pro Asp Arg Ala Ala Ala Arg Ala His Val Asp Ala Val Leu Glu Gly
165 170 175

Gly Asn Pro Val Leu Leu Glu Ser Phe Leu Asp Gly Pro Glu Val Ser
180 185 190

Leu Phe Cys Leu Val Asp Gly Glu Thr Val Val Pro Leu Leu Pro Ala
195 200 205

Gln Asp His Lys Arg Ala Tyr Asp Asn Asp Glu Gly Pro Asn Thr Gly
210 215 220

Gly Met Gly Ala Tyr Ala Pro Leu Pro Trp Leu Pro Glu Asp Gly Val
225 230 235 240

Gln Arg Ile Val Asp Glu Val Cys Val Pro Val Ala Arg Glu Met Val
245 250 255

Ala Arg Gly Cys Ala Tyr Ser Gly Leu Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Trp
260 265 270

Gly Ala Glu Gly Pro Ala Val Val Glu Phe Asn Cys Arg Phe Gly Asp
275 280 285

Pro Glu Thr Gln Ala Val Leu Ala Leu Leu Lys Thr Pro Leu Ala Val
290 295 300

Leu Leu Asn Ala Val Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu
305 310 315 320

Glu Trp Glu Asp Ala Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn
325 330 335

Tyr Pro Glu Ala Pro Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala
340 345 350

Asp Asn Val Leu His Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu
 355 360 365
 Val Ser Ala Gly Gly Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr
 370 375 380

 Leu Glu Ala Ala Arg Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu
 385 390 395 400

 Leu Glu Gly Ser His Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu
 405 410 415
 Gly Arg Ile Ser Ile

 420
 <210> 903
 <211> 364
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(364)
 <223> FRXA00629
 <400> 903
 tcattttaag gcgcttttcg acgccacttt caaccatttc cgaaccgcca agaatactgg 60
 aatagcttgg atcaagtttt gcaggataaa ctgtgcaacc atg cgc att ctg gta 115
 Met Arg Ile Leu Val

 1 5
 atc ggc tcg ggc gcc cgt gag cac gcc ctc ctc cgt gga ctg tca act 163
 Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu Arg Gly Leu Ser Thr

 10 15 20
 gac cct gca acc act gaa ctc cac gtt gcc cca ggt aac gct ggt ctt 211
 Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro Gly Asn Ala Gly Leu

 25 30 35
 gga tcg atc gca act gtc cac cct ggc atc aag gct gat gat cca gag 259
 Gly Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys Ala Asp Asp Pro Glu

 40 45 50
 gct gtc act gcg ttg gct aaa gaa ctg aac tct gat ctg gtt gtt atc 307
 Ala Val Thr Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser Asp Leu Val Val Ile

 55 60 65
 ggc cca gag atc cct ttg gtt gcg ggt gtt gct gat gca ctt cgc gcg 355
 Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala Asp Ala Leu Arg Ala

 70 75 80 85
 gcg ggt atc 364
 Ala Gly Ile

 <210> 904
 <211> 88
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 904

Met Arg Ile Leu Val Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu
1 5 10 15
Arg Gly Leu Ser Thr Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro
20 25 30
Gly Asn Ala Gly Leu Gly Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys
35 40 45
Ala Asp Asp Pro Glu Ala Val Thr
Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser
50 55 60
Asp Leu Val Val Ile Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala
65 70 75 80

Asp Ala Leu Arg Ala Ala Gly Ile
85

<210> 905
<211> 803
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(780)
<223> FRXA00626
<400> 905
gat cgt gca gca gca cgt gct cac gta gat gca gtg ctt gag ggc gga 48
Asp Arg Ala Ala Ala Arg Ala His Val Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly

1 5 10 15
aat cca gtt ttg ctg gag tcc ttc ctt gat ggc cct gag gtt tcc ctg 96
Asn Pro Val Leu Leu Glu Ser Phe Leu Asp Gly Pro Glu Val Ser Leu

20 25 30
ttc ttc ctg gtt gat ggc gag acg gta gtt cct ctg ctg cca gcg cag 144
Phe Phe Leu Val Asp Gly Glu Thr Val Val Pro Leu Leu Pro Ala Gln

35 40 45
gat cac aag cgt gcg tac gac aac gat gag ggc cca aac act ggt ggc 192
Asp His Lys Arg Ala Tyr Asp Asn Asp Glu Gly Pro Asn Thr Gly Gly

50 55 60
atg ggt gct tat gcg ccg ctt cct tgg ctg cct gaa gat ggc gtc cag 240
Met Gly Ala Tyr Ala Pro Leu Pro Trp Leu Pro Glu Asp Gly Val Gln

65 70 75 80
cgc att gtc gat gag gtc tgc gtt cct gtt gct cgt gag atg gtg gca 288
Arg Ile Val Asp Glu Val Cys Val Pro Val Ala Arg Glu Met Val Ala

85 90 95
cgt ggt tgc gcg tac tcc ggt ctg ctt tac gca ggt atc gca tgg ggt 336
Arg Gly Cys Ala Tyr Ser Gly Leu Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Trp Gly

100 105 110
gca gaa ggc cct gca gta gtg gag ttc aac tgc cgc ttc ggc gat cca 384
Ala Glu Gly Pro Ala Val Val Glu Phe Asn Cys Arg Phe Gly Asp Pro

115 120 125

gaa acc cag gct gta ctg gca cta ctg aag act cct cta gca gta ctg 432
Glu Thr Gln Ala Val Leu Ala Leu Leu Lys Thr Pro Leu Ala Val Leu

130 135 140
ctc aac gca gtt gct act gga acc ttg gca gag cag cca gca ctg gag 480
Leu Asn Ala Val Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu Glu

145 150 155 160
tgg gag gat gct tac gcc ctg act gtg gtg ttg gct tct tac aac tac 528
Trp Glu Asp Ala Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn Tyr

165 170 175
cca gag gca cct cgt act ggt gat gtc atc cgc aac gct gat gca gat 576
Pro Glu Ala Pro Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala Asp

180 185 190
aac gtt ctt cac gct ggt acc gca ctc aat gct gaa ggc gag ctg gtc 624
Asn Val Leu His Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu Val

195 200 205
tct gcg ggc ggt cgt gtt ctt aac gtg atc ggt gtg ggt gag acc ctg 672
Ser Ala Gly Gly Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr Leu

210 215 220
gag gct gca cgc gat aac gcg tac acc acc atc aag gac att gaa ctt 720
Glu Ala Ala Arg Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu Leu

225 230 235 240
gag gga agc cac tac cgc agc gat atc gca ttg gct gca tta gag ggt 768
Glu Gly Ser His Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu Gly

245 250 255
cgt atc tcg atc taaaagcagt acgcagatag gct 803
Arg Ile Ser Ile

260
<210> 906
<211> 260
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 906
Asp Arg Ala Ala Ala Arg Ala His Val Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly
1 5 10 15
Asn Pro Val Leu Leu Glu Ser Phe Leu Asp Gly Pro Glu Val Ser Leu
20 25 30
Phe Phe Leu Val Asp Gly Glu Thr Val Val Pro Leu Leu Pro Ala Gln
35 40 45
Asp His Lys Arg Ala Tyr Asp Asn
Asp Glu Gly Pro Asn Thr Gly Gly
50 55 60
Met Gly Ala Tyr Ala Pro Leu Pro Trp Leu Pro Glu Asp Gly Val Gln
65 70 75 80

Arg Ile Val Asp Glu Val Cys Val Pro Val Ala Arg Glu Met Val Ala
85 90 95
Arg Gly Cys Ala Tyr Ser Gly Leu Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Trp Gly

100 105 110
 Ala Glu Gly Pro Ala Val Val Glu Phe Asn Cys Arg Phe Gly Asp Pro
 115 120 125
 Glu Thr Gln Ala Val Leu Ala Leu Lys Thr Pro Leu Ala Val Leu
 130 135 140
 Leu Asn Ala Val Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu Glu
 145 150 155 160
 Trp Glu Asp Ala Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn Tyr
 165 170 175
 Pro Glu Ala Pro Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala Asp
 180 185 190
 Asn Val Leu His Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu Val
 195 200 205
 Ser Ala Gly Gly Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr Leu
 210 215 220
 Glu Ala Ala Arg Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu Leu
 225 230 235 240
 Glu Gly Ser His Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu Gly
 245 250 255
 Arg Ile Ser Ile
 260
 <210> 907
 <211> 714
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(691)
 <223> RXA02623
 <400> 907
 aatcctgaag aggaagaatc cgacgaagaa attgagacag aaactgaggc tgaagaaacc 60
 aatgatgggtt ccgaggccga agaccgttaa catatctgtt gtg aat tct gac tct 115
 Val Asn Ser Asp Ser
 1 5
 acg acc acc att gtc gtg cta gct tcc gga aca ggc acc ctc ctt cag 163
 Thr Thr Thr Ile Val Val Leu Ala Ser Gly Thr Gly Thr Leu Leu Gln
 10 15 20
 tca ctc att gaa gcg caa ggt acc tat tcg atc gtg ggc gtt gtc tct 211
 Ser Leu Ile Glu Ala Gln Gly Thr Tyr Ser Ile Val Gly Val Val Ser
 25 30 35
 gac gtc gaa tgc cct gca ctt tcc aga gcc gca gat gca ggt att gat 259
 Asp Val Glu Cys Pro Ala Leu Ser Arg Ala Ala Asp Ala Gly Ile Asp
 40 45 50
 act gca gtt gtt ccg ctt gga aaa gat cgt gca cag tgg aac cac gag 307
 Thr Ala Val Val Pro Leu Gly Lys Asp Arg Ala Gln Trp Asn His Glu

55 60 65
 ctt gca gac gca gtt gca gta agc gac cca gat ttg gtg gtc tct gcg 355
 Leu Ala Asp Ala Val Ala Val Ser Asp Pro Asp Leu Val Val Ser Ala

 70 75 80 85
 gga ttc atg aaa att ttg ggc gaa ggt ttc ctc tca agg ttc ccg tcc 403
 Gly Phe Met Lys Ile Leu Gly Glu Gly Phe Leu Ser Arg Phe Pro Ser

 90 95 100
 cgc atc atc aac acc cac cca gct tta ttg cct tct ttc cct ggt gcc 451
 Arg Ile Ile Asn Thr His Pro Ala Leu Leu Pro Ser Phe Pro Gly Ala

 105 110 115
 cac gcg gtt cgc gat gct ttg gca tac ggt gtg aaa gtg tca ggt tcg 499
 His Ala Val Arg Asp Ala Leu Ala Tyr Gly Val Lys Val Ser Gly Ser

 120 125 130
 aca gtt cac ctt gtc gat gct ggt gtg gat acc ggc cca att att gct 547
 Thr Val His Leu Val Asp Ala Gly Val Asp Thr Gly Pro Ile Ile Ala

 135 140 145
 caa cga gca gtg ccg gta gaa gtg aat gat gat gaa tcc agc ctg cat 595
 Gln Arg Ala Val Pro Val Glu Val Asn Asp Asp Glu Ser Ser Leu His

 150 155 160 165
 gaa aga atc aag cag gtt gag cgt aaa ctc att gta gaa gtc ctg aac 643
 Glu Arg Ile Lys Gln Val Glu Arg Lys Leu Ile Val Glu Val Leu Asn

 170 175 180
 agc gtg gaa ttt tcg cgt cag ggt ggc gta caa ctc aac tgg aga ggc 691
 Ser Val Glu Phe Ser Arg Gln Gly Gly Val Gln Leu Asn Trp Arg Gly

 185 190 195
 taaatccttc atgagcgatg atc 714
 <210> 908
 <211> 197
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 908
 Val Asn Ser Asp Ser Thr Thr Thr Ile Val Val Leu Ala Ser Gly Thr
 1 5 10 15
 Gly Thr Leu Leu Gln Ser Leu Ile Glu Ala Gln Gly Thr Tyr Ser Ile
 20 25 30
 Val Gly Val Val Ser Asp Val
 Glu Cys Pro Ala Leu Ser Arg Ala Ala
 35 40 45
 Asp Ala Gly Ile Asp Thr Ala Val Val Pro Leu Gly Lys Asp Arg Ala
 50 55 60
 Gln Trp Asn His Glu Leu Ala Asp Ala Val Ala Val Ser Asp Pro Asp
 65 70 75 80

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

Lys Val Ser Gly Ser Thr Val His Leu Val Asp Ala Gly Val Asp Thr
130 135 140

Gly Pro Ile Ile Ala Gln Arg Ala Val Pro Val Glu Val Asn Asp Asp
145 150 155 160

Glu Ser Ser Leu His Glu Arg Ile Lys Gln Val Glu Arg Lys Leu Ile
165 170 175

Val Glu Val Leu Asn Ser Val Glu Phe Ser Arg Gln Gly Gly Val Gln
180 185 190

Leu Asn Trp Arg Gly

195

<210> 909

<211> 1347

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1324)

<223> RXA01442

<400> 909

aattaagcaa cctttttaac aggttttagag ctttcacgag gtggcgctcag ataaagtgaa 60

caccaatatt tctgacatct tccaacggag gctaaaaggc atg tac atc cca gag 115

Met Tyr Ile Pro Glu

1 5

tcg atc ggc acc cct ttg acc ccc aat gcc acg aaa gtg atg ctg ctg 163

Ser Ile Gly Thr Pro Leu Thr Pro Asn Ala Thr Lys Val Met Leu Leu

10 15 20

gga tca gga gaa tta ggc aaa gaa gta gcc atc gct ttc cag cgt ctc 211

Gly Ser Gly Glu Leu Gly Lys Glu Val Ala Ile Ala Phe Gln Arg Leu

25 30 35

ggc ctg gaa gtc cat gca gtt gat cgc tac gaa cat gcc cca gcc cac 259

Gly Leu Glu Val His Ala Val Asp Arg Tyr Glu His Ala Pro Ala His

40 45 50

cag gtc gct cac ttc tcc tat gtc atc gac atg aca gat gca gcc cag 307

Gln Val Ala His Phe Ser Tyr Val Ile Asp Met Thr Asp Ala Ala Gln

55 60 65

gtg cgg gaa ttg gtg gag cgt gtg cgc cca gat ttt gtc att cct gaa 355

Val Arg Glu Leu Val Glu Arg Val Arg Pro Asp Phe Val Ile Pro Glu

70 75 80 85

atc gaa gca ctg gca acc gat gaa ctg gtg aag atc gaa gaa gag ggg 403

Ile Glu Ala Leu Ala Thr Asp Glu Leu Val Lys Ile Glu Glu Glu Gly

90 95 100

cta gct acc atc gtg ccc act gca cgt gca gcc aag ctg acc atg aac 451

Leu Ala Thr Ile Val Pro Thr Ala Arg Ala Ala Lys Leu Thr Met Asn

105 110 115

cgc gaa ggc atc cgc aag ctg gcg gca gag gaa ctg ggt ctt cca acc 499
 Arg Glu Gly Ile Arg Lys Leu Ala Ala Glu Glu Leu Gly Leu Pro Thr

 120 125 130
 tcc aac tat gag ttc tgc tcc act ttc gag gaa ttc tcc gca gct gct 547
 Ser Asn Tyr Glu Phe Cys Ser Thr Phe Glu Glu Phe Ser Ala Ala Ala

 135 140 145
 gaa aag ctt ggt tac ccc aac gtg gtg aaa cca gtg atg agt tct tcc 595
 Glu Lys Leu Gly Tyr Pro Asn Val Val Lys Pro Val Met Ser Ser Ser

 150 155 160 165
 ggc aag ggc caa tct gtt ttg cgt agt tca gac gat ctg cag gca gca 643
 Gly Lys Gly Gln Ser Val Leu Arg Ser Ser Asp Asp Leu Gln Ala Ala

 170 175 180
 tgg gat tat gcg atg agc ggt gca cgc gtg gcc aac tcc cgc gtc atc 691
 Trp Asp Tyr Ala Met Ser Gly Ala Arg Val Ala Asn Ser Arg Val Ile

 185 190 195
 gtg gaa gct ttc gtg gaa ttc gat tac gag atc acc ctg ttg aca gta 739
 Val Glu Ala Phe Val Glu Phe Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Thr Val

 200 205 210
 agg tcc atc gat ccc acc acc tct aag cct gcg acc tgg ttc tgt gag 787
 Arg Ser Ile Asp Pro Thr Thr Ser Lys Pro Ala Thr Trp Phe Cys Glu

 215 220 225
 ccc att ggg cac cgc caa gaa gac ggc gac tac gtg gaa tcc tgg cag 835
 Pro Ile Gly His Arg Gln Glu Asp Gly Asp Tyr Val Glu Ser Trp Gln

 230 235 240 245
 cca atg gag atg act cct cgc gcg ctg gaa aac gca cgc tca gta gcc 883
 Pro Met Glu Met Thr Pro Arg Ala Leu Glu Asn Ala Arg Ser Val Ala

 250 255 260
 gca cgc atc acc aac gca ttg ggc gga cgc ggc gta ttt ggt gtg gag 931
 Ala Arg Ile Thr Asn Ala Leu Gly Gly Arg Gly Val Phe Gly Val Glu

 265 270 275
 ctc ttt gtc tcc ggc gat gac gtg tac ttc tct gaa gtc tcc cca cgc 979
 Leu Phe Val Ser Gly Asp Asp Val Tyr Phe Ser Glu Val Ser Pro Arg

 280 285 290
 cca cac gac acc ggc ctt gtc acc ctt gcc acc cag cgt ttc tct gaa 1027
 Pro His Asp Thr Gly Leu Val Thr Leu Ala Thr Gln Arg Phe Ser Glu

 295 300 305
 ttt gaa ctc cac gcc aag gca att ctg gga ttg cct gtt gat gtc acc 1075
 Phe Glu Leu His Ala Lys Ala Ile Leu Gly Leu Pro Val Asp Val Thr

 310 315 320 325
 ctg att tct cca ggt gcc tcc gct gtc atc tac ggt ggc atc gaa tct 1123
 Leu Ile Ser Pro Gly Ala Ser Ala Val Ile Tyr Gly Gly Ile Glu Ser

 330 335 340

gaa ggc gtg agc tac acc ggg ttg gct gaa gcg ctg gca gtg gct gaa 1171
Glu Gly Val Ser Tyr Thr Gly Leu Ala Glu Ala Leu Ala Val Ala Glu

345 350 355
act gat ctt cgt atc ttt gcc aag cca gag gcc ttc acc aag cgt cgc 1219
Thr Asp Leu Arg Ile Phe Ala Lys Pro Glu Ala Phe Thr Lys Arg Arg

360 365 370
atg ggt gtt gca gtg tcc acc gct gag gat gtg gct gca gcc agg gac 1267
Met Gly Val Ala Val Ser Thr Ala Glu Asp Val Ala Ala Ala Arg Asp

375 380 385
cgc gcc act ttg gct gcc gcg gcg atc aag gtt cat cca gga aat tcc 1315
Arg Ala Thr Leu Ala Ala Ala Ile Lys Val His Pro Gly Asn Ser

390 395 400 405
gca gag gct taacatgctg ggaaagcatc ggg 1347
Ala Glu Ala

<210> 910

<211> 408

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 910

Met Tyr Ile Pro Glu Ser Ile Gly Thr Pro Leu Thr Pro Asn Ala Thr
1 5 10 15
Lys Val Met Leu Leu Gly Ser Gly Glu Leu Gly Lys Glu Val Ala Ile
20 25 30
Ala Phe Gln Arg Leu Gly Leu Glu Val His Ala Val Asp Arg Tyr Glu
35 40 45
His Ala Pro Ala His Gln Val Ala
His Phe Ser Tyr Val Ile Asp Met
50 55 60
Thr Asp Ala Ala Gln Val Arg Glu Leu Val Glu Arg Val Arg Pro Asp
65 70 75 80

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

Phe Ser Ala Ala Ala Glu Lys Leu Gly Tyr Pro Asn Val Val Lys Pro
145 150 155 160

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

Thr Trp Phe Cys Glu Pro Ile Gly His Arg Gln Glu Asp Gly Asp Tyr
225 230 235 240

Val Glu Ser Trp Gln Pro Met Glu Met Thr Pro Arg Ala Leu Glu Asn
245 250 255

Ala Arg Ser Val Ala Ala Arg Ile Thr Asn Ala Leu Gly Gly Arg Gly
260 265 270

Val Phe Gly Val Glu Leu Phe Val Ser Gly Asp Asp Val Tyr Phe Ser
275 280 285

Glu Val Ser Pro Arg Pro His Asp Thr Gly Leu Val Thr Leu Ala Thr
290 295 300

Gln Arg Phe Ser Glu Phe Glu Leu His Ala Lys Ala Ile Leu Gly Leu
305 310 315 320

Pro Val Asp Val Thr Leu Ile Ser Pro Gly Ala Ser Ala Val Ile Tyr
325 330 335

Gly Gly Ile Glu Ser Glu Gly Val Ser Tyr Thr Gly Leu Ala Glu Ala
340 345 350

Leu Ala Val Ala Glu Thr Asp Leu Arg Ile Phe Ala Lys Pro Glu Ala
355 360 365

Phe Thr Lys Arg Arg Met Gly Val Ala Val Ser Thr Ala Glu Asp Val
370 375 380

Ala Ala Ala Arg Asp Arg Ala Thr Leu Ala Ala Ala Ala Ile Lys Val
385 390 395 400

His Pro Gly Asn Ser Ala Glu Ala
405

<210> 911

<211> 2409

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2386)

<223> RXN00537

<400> 911

accggaaca tgcgctgaa aagctaaccg gcccatctat tgatggcctg gagctgttcc 60
tgtccgccgt tggcaccatc gcggcttaag aggagtaa atg agc act ttt gtc 115
Met Ser Thr Phe Val

1 5
aat gac acc gtc gaa gac gca atc aag acc cct gag ctg gat cag cca 163
Asn Asp Thr Val Glu Asp Ala Ile Lys Thr Pro Glu Leu Asp Gln Pro

10 15 20
ttt gag gct ctt ggt ctg aaa gac gac gag tac gcg cgc atc aag gaa 211
Phe Glu Ala Leu Gly Leu Lys Asp Asp Glu Tyr Ala Arg Ile Lys Glu

25 30 35
atc ctt ggc cgc cgc cca acc gac gcc gag ctg acc gtt tac tcc gtc 259
Ile Leu Gly Arg Arg Pro Thr Asp Ala Glu Leu Thr Val Tyr Ser Val

40

45

50

atg tgg tcg gag cac tgc tcc tac aag tcc tcc aag gtt cac ctg cgt	307
Met Trp Ser Glu His Cys Ser Tyr Lys Ser Ser Lys Val His Leu Arg	
55 60 65	
tac ttc ggt gaa acc acc act gag gaa atg gct tcc aag att ctt gcc	355
Tyr Phe Gly Glu Thr Thr Thr Glu Glu Met Ala Ser Lys Ile Leu Ala	
70 75 80 85	
ggc atc ggc gag aac gct ggt gtg gtc gac atc gga gac ggc aac gcc	403
Gly Ile Gly Glu Asn Ala Gly Val Val Asp Ile Gly Asp Gly Asn Ala	
90 95 100	
gtg acc ttc cgc gtg gag tcc cac aac cac cca tcc ttc gta gag cca	451
Val Thr Phe Arg Val Glu Ser His Asn His Pro Ser Phe Val Glu Pro	
105 110 115	
cac cag ggc gct gcg acc ggc gtc ggc ggc atc gtc cgc gac att atg	499
His Gln Gly Ala Ala Thr Gly Val Gly Gly Ile Val Arg Asp Ile Met	
120 125 130	
gct atg ggc gca cgc cca atc gct gtg atg gat cag ctg cgt ttc ggt	547
Ala Met Gly Ala Arg Pro Ile Ala Val Met Asp Gln Leu Arg Phe Gly	
135 140 145	
gca ctg gac aac cca gac acc cag cgt gtg ttt cct ggc gtt gtt gac	595
Ala Leu Asp Asn Pro Asp Thr Gln Arg Val Phe Pro Gly Val Val Asp	
150 155 160 165	
ggc att tcc cat tac ggc aac tgc ctc ggc ctg cca aac atc ggt ggc	643
Gly Ile Ser His Tyr Gly Asn Cys Leu Gly Leu Pro Asn Ile Gly Gly	
170 175 180	
gaa acc gtc ttc gac gat tcc tac gca ggt aac cca ctg gtc aac gca	691
Glu Thr Val Phe Asp Asp Ser Tyr Ala Gly Asn Pro Leu Val Asn Ala	
185 190 195	
ctg tgc gtg ggt acc ctc aag gtg gaa gac ctc aag ctt gca ttc gca	739
Leu Cys Val Gly Thr Leu Lys Val Glu Asp Leu Lys Leu Ala Phe Ala	
200 205 210	
tcc ggc acc ggc aac aag gtg atc ctg ttc ggt tcc cgc acc ggc ctt	787
Ser Gly Thr Gly Asn Lys Val Ile Leu Phe Gly Ser Arg Thr Gly Leu	
215 220 225	
gat ggc atc ggt ggc gtg tcc gtc ctg ggt tcc gca tcc ttc gaa gaa	835
Asp Gly Ile Gly Gly Val Ser Val Leu Gly Ser Ala Ser Phe Glu Glu	
230 235 240 245	
ggc gaa gag cgc aag ctc cca gct gtt cag gtt ggc gat cct ttc gca	883
Gly Glu Glu Arg Lys Leu Pro Ala Val Gln Val Gly Asp Pro Phe Ala	
250 255 260	
gag aag gta ctc atc gag tgc tgc ctc gag ctg tac aag gct ggc gtc	931
Glu Lys Val Leu Ile Glu Cys Cys Leu Glu Leu Tyr Lys Ala Gly Val	
265 270 275	

gtg gtc ggt att cag gac ctc ggt ggc ggc gga ctt gcg tgt gca acc	979
Val Val Gly Ile Gln Asp Leu Gly Gly Gly Gly Leu Ala Cys Ala Thr	
280 285 290	
tct gag ctg gca gcc gca ggc gac ggc ggc atg cgc gtc aac cta gac	1027
Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gly Asp Gly Gly Met Arg Val Asn Leu Asp	
295 300 305	
aac gtc cca ctg cgc gca gag aac atg tct gca gct gaa atc ctg gct	1075
Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met Ser Ala Ala Glu Ile Leu Ala	
310 315 320 325	
tcc gag tcc cag gag cgc atg tgt gct gtt gtc acc cct gaa aac gtt	1123
Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala Val Val Thr Pro Glu Asn Val	
330 335 340	
gag cgt ttc ctc gag atc tgt gca aag tgg gat gtc acc tgc gca gaa	1171
Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys Trp Asp Val Thr Cys Ala Glu	
345 350 355	
atc ggc gaa gtt acc gac gag aag gac cgc tac gtt gtg gtc cac aac	1219
Ile Gly Glu Val Thr Asp Glu Lys Asp Arg Tyr Val Val Val His Asn	
360 365 370	
ggt gaa gtt gtt atc gac gca cct cca tca acc atc gat gaa ggc cct	1267
Gly Glu Val Val Ile Asp Ala Pro Pro Ser Thr Ile Asp Glu Gly Pro	
375 380 385	
gtc tac aac cgc cca gtt gct cgc cct gag aac cag gac gaa ctg cag	1315
Val Tyr Asn Arg Pro Val Ala Arg Pro Glu Asn Gln Asp Glu Leu Gln	
390 395 400 405	
ctc gaa ggc gag atc gct cgc cca gtc gac gtt gaa gag atc aag gct	1363
Leu Glu Gly Glu Ile Ala Arg Pro Val Asp Val Glu Glu Ile Lys Ala	
410 415 420	
gct tgg ctg aag ctt gtc gct tca cca gca ctt gca tcc cgc gcg ttt	1411
Ala Trp Leu Lys Leu Val Ala Ser Pro Ala Leu Ala Ser Arg Ala Phe	
425 430 435	
atc acc gag cag tac gac cgc tac gtc cgc ggc aac acc gtt cag gca	1459
Ile Thr Glu Gln Tyr Asp Arg Tyr Val Arg Gly Asn Thr Val Gln Ala	
440 445 450	
aag aac gcc aat gct ggc gtc ttg cgt atc gac gaa gag acc aac cgt	1507
Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu Arg Ile Asp Glu Glu Thr Asn Arg	
455 460 465	
ggc gtt gcg atc tcc gcc gac gca tcc ggc cgt tac acc aag ctc gag	1555
Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala Ser Gly Arg Tyr Thr Lys Leu Glu	
470 475 480 485	
cca aac act ggc gcg cag ctt gca ctg gct gag gct tac cgc aac gtg	1603
Pro Asn Thr Gly Ala Gln Leu Ala Leu Ala Glu Ala Tyr Arg Asn Val	
490 495 500	

gtc tcc acc ggt gca cgc cca gtg gct gtc acc aac tgc ctg aac ttc	1651
Val Ser Thr Gly Ala Arg Pro Val Ala Val Thr Asn Cys Leu Asn Phe	
505 510 515	
ggt tcc cca gaa aac gct ggt gtt atg tgg cag ttc aag gaa gca gtc	1699
Gly Ser Pro Glu Asn Ala Gly Val Met Trp Gln Phe Lys Glu Ala Val	
520 525 530	
cac ggt ctg gca gac gga tcc aag ctt ttg ggc att cca gtg tcc ggc	1747
His Gly Leu Ala Asp Gly Ser Lys Leu Leu Gly Ile Pro Val Ser Gly	
535 540 545	
ggt aac gtc tcc ttc tac aac cag act ggt gac gag ccc atc ctg cca	1795
Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln Thr Gly Asp Glu Pro Ile Leu Pro	
550 555 560 565	
acc cca gtc gtg ggt gtt ttg gga gtc ttg gac aac gtc gag cag agc	1843
Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly Val Leu Asp Asn Val Glu Gln Ser	
570 575 580	
atc ggc aac gtc ctc cca tcc gag gac aac gat ctc tac ctc ctg ggt	1891
Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu Asp Asn Asp Leu Tyr Leu Leu Gly	
585 590 595	
gag acc ttc gat gag ttc ggt ggc tcc atc tgg cag cag gtt tct ggc	1939
Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly Ser Ile Trp Gln Gln Val Ser Gly	
600 605 610	
gct ggc ctc aac ggt ctg cca cca gta gtt gac ctg ctc aac gag cag	1987
Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro Val Val Asp Leu Leu Asn Glu Gln	
615 620 625	
cgt ctt gca gac ctg ttc gtc ggt tct gat ctg ttt gct gca tcc cac	2035
Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly Ser Asp Leu Phe Ala Ala Ser His	
630 635 640 645	
gat ctg tct gag ggc ggc ctt ggc cag acc ctc gca gag ctt gcg atc	2083
Asp Leu Ser Glu Gly Gly Leu Gly Gln Thr Leu Ala Glu Leu Ala Ile	
650 655 660	
cac cag aaa aag gga atg gat gtt gat ctc tcc cag atc cac cca tcc	2131
His Gln Lys Lys Gly Met Asp Val Asp Leu Ser Gln Ile His Pro Ser	
665 670 675	
ctg ttc acc tca ctg ttt gct gag tcc gct tcc cgc atc gtg gtt gca	2179
Leu Phe Thr Ser Leu Phe Ala Glu Ser Ala Ser Arg Ile Val Val Ala	
680 685 690	
acc aac cgc ggc gaa gag ttg gaa aag cgc gca gca gag ctg ggt gtt	2227
Thr Asn Arg Gly Glu Glu Leu Glu Lys Arg Ala Ala Glu Leu Gly Val	
695 700 705	
cca gtg ttc aag ctg ggc tgc acc aac gat tca gcc gtc atc gct gtc	2275
Pro Val Phe Lys Leu Gly Cys Thr Asn Asp Ser Ala Val Ile Ala Val	

710 715 720 725
aag ggc gca gac gtt gag ttc act gtt tcc gtg gag gaa ctc cgc gaa 2323
Lys Gly Ala Asp Val Glu Phe Thr Val Ser Val Glu Glu Leu Arg Glu

730 735 740
gca tgg acc aac act ttg cct gag gcc ttc ggt cac gca gtt gga gct 2371
Ala Trp Thr Asn Thr Leu Pro Glu Ala Phe Gly His Ala Val Gly Ala

745 750 755
aac gca gta gtt gca taattttctg ctgtgaagcc ggg 2409
Asn Ala Val Val Ala

760
<210> 912
<211> 762
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 912
Met Ser Thr Phe Val Asn Asp Thr Val Glu Asp Ala Ile Lys Thr Pro
1 5 10 15
Glu Leu Asp Gln Pro Phe Glu Ala Leu Gly Leu Lys Asp Asp Glu Tyr
20 25 30
Ala Arg Ile Lys Glu Ile Leu Gly Arg Arg Pro Thr Asp Ala Glu Leu
35 40 45
Thr Val
Tyr Ser Val Met Trp Ser Glu His Cys Ser Tyr Lys Ser Ser
50 55 60
Lys Val His Leu Arg Tyr Phe Gly Glu Thr Thr Thr Glu Glu Met Ala
65 70 75 80

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

Gln Leu Arg Phe Gly Ala Leu Asp Asn Pro Asp Thr Gln Arg Val Phe
145 150 155 160

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

Ser Arg Thr Gly Leu Asp Gly Ile Gly Gly Val Ser Val Leu Gly Ser
225 230 235 240

Ala Ser Phe Glu Glu Gly Glu Glu Arg Lys Leu Pro Ala Val Gln Val
245 250 255
Gly Asp Pro Phe Ala Glu Lys Val Leu Ile Glu Cys Cys Leu Glu Leu

260 265 270
 Tyr Lys Ala Gly Val Val Val Gly Ile Gln Asp Leu Gly Gly Gly Gly
 275 280 285
 Leu Ala Cys Ala Thr Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gly Asp Gly Gly Met
 290 295 300

 Arg Val Asn Leu Asp Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met Ser Ala
 305 310 315 320

 Ala Glu Ile Leu Ala Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala Val Val
 325 330 335
 Thr Pro Glu Asn Val Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys Trp Asp
 340 345 350
 Val Thr Cys Ala Glu Ile Gly Glu Val Thr Asp Glu Lys Asp Arg Tyr
 355 360 365
 Val Val Val His Asn Gly Glu Val Val Ile Asp Ala Pro Pro Ser Thr
 370 375 380

 Ile Asp Glu Gly Pro Val Tyr Asn Arg Pro Val Ala Arg Pro Glu Asn
 385 390 395 400

 Gln Asp Glu Leu Gln Leu Glu Gly Glu Ile Ala Arg Pro Val Asp Val
 405 410 415
 Glu Glu Ile Lys Ala Ala Trp Leu Lys Leu Val Ala Ser Pro Ala Leu
 420 425 430
 Ala Ser Arg Ala Phe Ile Thr Glu Gln Tyr Asp Arg Tyr Val Arg Gly
 435 440 445
 Asn Thr Val Gln Ala Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu Arg Ile Asp
 450 455 460

 Glu Glu Thr Asn Arg Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala Ser Gly Arg
 465 470 475 480

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

 Ile Pro Val Ser Gly Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln Thr Gly Asp
 545 550 555 560

 Glu Pro Ile Leu Pro Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly Val Leu Asp
 565 570 575
 Asn Val Glu Gln Ser Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu Asp Asn Asp
 580 585 590
 Leu Tyr Leu Leu Gly Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly Ser Ile Trp
 595 600 605
 Gln Gln Val Ser Gly Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro Val Val Asp
 610 615 620

 Leu Leu Asn Glu Gln Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly Ser Asp Leu

[illegible]

Ala Ser Phe Glu Glu Gly Glu Glu Arg Lys Leu Pro Ala Val Gln Val

85 90 95
ggc gat cct ttc gca gag aag gta ctc atc gag tgc tgc ctc gag ctg 395
Gly Asp Pro Phe Ala Glu Lys Val Leu Ile Glu Cys Cys Leu Glu Leu

100 105 110
tac aag gct ggc gtc gtg gtc ggt att cag gac ctc ggt ggc ggc gga 443
Tyr Lys Ala Gly Val Val Val Gly Ile Gln Asp Leu Gly Gly Gly Gly

115 120 125 130
ctt gcg tgt gca acc tct gag ctg gca gcc gca ggc gac ggc ggc atg 491
Leu Ala Cys Ala Thr Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gly Asp Gly Gly Met

135 140 145
cgc gtc aac cta gac aac gtc cca ctg cgc gca gag aac atg tct gca 539
Arg Val Asn Leu Asp Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met Ser Ala

150 155 160
gct gaa atc ctg gct tcc gag tcc cag gag cgc atg tgt gct gtt gtc 587
Ala Glu Ile Leu Ala Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala Val Val

165 170 175
acc cct gaa aac gtt gag cgt ttc ctc gag atc tgt gca aag tgg gat 635
Thr Pro Glu Asn Val Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys Trp Asp

180 185 190
gtc 638
Val

195
<210> 914
<211> 195
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 914
Val Phe Pro Gly Val Val Asp Gly Ile Ser His Tyr Gly Asn Cys Leu
1 5 10 15
Gly Leu Pro Asn Ile Gly Gly Glu Thr Val Phe Asp Asp Ser Tyr Ala
20 25 30
Gly Asn Pro Leu Val Asn Ala Leu Cys Val Gly Thr Leu Lys Val Glu
35 40 45
Asp Leu Lys Leu Ala Phe Ala Ser
Gly Thr Gly Asn Lys Val Ile Leu
50 55 60
Phe Gly Ser Arg Thr Gly Leu Asp Gly Ile Gly Gly Val Ser Val Leu
65 70 75 80

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

Gly Met Arg Val Asn Leu Asp Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met
145 150 155 160

Ser Ala Ala Glu Ile Leu Ala Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala
165 170 175
Val Val Thr Pro Glu Asn Val Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys
180 185 190
Trp Asp Val

195
<210> 915
<211> 697
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (23)..(697)
<223> FRXA00537
<220>

<221> misc_feature
<222> 120
<223> n = a, c, t, or g
<220>

<221> VARIANT
<222> 33
<223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser
<400> 915

caacagcact tgcattccgc gc gtg tat cac cga gca gta ctg aac gct acg 52
Val Tyr His Arg Ala Val Leu Asn Ala Thr

1 5 10
tcc gcg gca aca ccg ttc aag caa aag aac gcc aat gct ggc gtc ttg 100
Ser Ala Ala Thr Pro Phe Lys Gln Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu

15 20 25
cgt atc gac gaa gag acc anc cgt ggc gtt gcg atc tcc gcc gac gca 148
Arg Ile Asp Glu Glu Thr Xaa Arg Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala

30 35 40
tcc ggc cgt tac acc aag ctc gag cca aac act ggc gcg cag ctt gca 196
Ser Gly Arg Tyr Thr Lys Leu Glu Pro Asn Thr Gly Ala Gln Leu Ala

45 50 55
ctg gct gag gct tac cgc aac gtg gtc tcc acc ggt gca cgc cca gtg 244
Leu Ala Glu Ala Tyr Arg Asn Val Val Ser Thr Gly Ala Arg Pro Val

60 65 70
gct gtc acc aac tgc ctg aac ttc ggt tcc cca gaa aac gct ggt gtt 292
Ala Val Thr Asn Cys Leu Asn Phe Gly Ser Pro Glu Asn Ala Gly Val

75 80 85 90
atg tgg cag ttc aag gaa gca gtc cac ggt ctg gca gac gga tcc aag 340

Met Trp Gln Phe Lys Glu Ala Val His Gly Leu Ala Asp Gly Ser Lys

95 100 105
 ctt ttg ggc att cca gtg tcc ggc ggt aac gtc tcc ttc tac aac cag 388
 Leu Leu Gly Ile Pro Val Ser Gly Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln

110 115 120
 act ggt gac gag ccc atc ctg cca acc cca gtc gtg ggt gtt ttg gga 436
 Thr Gly Asp Glu Pro Ile Leu Pro Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly

125 130 135
 gtc ttg gac aac gtc gag cag agc atc ggc aac gtc ctc cca tcc gag 484
 Val Leu Asp Asn Val Glu Gln Ser Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu

140 145 150
 gac aac gat ctc tac ctc ctg ggt gag acc ttc gat gag ttc ggt ggc 532
 Asp Asn Asp Leu Tyr Leu Leu Gly Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly

155 160 165 170
 tcc atc tgg cag cag gtt tct ggc gct ggc ctc aac ggt ctg cca cca 580
 Ser Ile Trp Gln Gln Val Ser Gly Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro

175 180 185
 gta gtt gac ctg ctc aac gag cag cgt ctt gca gac ctg ttc gtc ggt 628
 Val Val Asp Leu Leu Asn Glu Gln Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly

190 195 200
 tct gat ctg ttt gct gca tcc cac gat ctg tct gag ggc ggc ctt ggc 676
 Ser Asp Leu Phe Ala Ala Ser His Asp Leu Ser Glu Gly Gly Leu Gly

205 210 215
 cag acc ctc gca gag ctt gcg 697
 Gln Thr Leu Ala Glu Leu Ala

220 225
 <210> 916
 <211> 225
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 33
 <223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser
 <400> 916
 Val Tyr His Arg Ala Val Leu Asn Ala Thr Ser Ala Ala Thr Pro Phe
 1 5 10 15
 Lys Gln Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu Arg Ile Asp Glu Glu Thr
 20 25 30
 Xaa Arg Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala Ser Gly Arg Tyr Thr Lys
 35 40 45
 Leu Glu Pro Asn Thr Gly Ala Gln Leu Ala
 Leu Ala Glu Ala Tyr Arg
 50 55 60
 Asn Val Val Ser Thr Gly Ala Arg Pro Val Ala Val Thr Asn Cys Leu

65	70	75	80
Asn Phe Gly Ser Pro Glu Asn Ala Gly Val Met Trp Gln Phe Lys Glu			
	85	90	95
Ala Val His Gly Leu Ala Asp Gly Ser Lys Leu Leu Gly Ile Pro Val			
	100	105	110
Ser Gly Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln Thr Gly Asp Glu Pro Ile			
	115	120	125
Leu Pro Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly Val Leu Asp Asn Val Glu			
	130	135	140
Gln Ser Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu Asp Asn Asp Leu Tyr Leu			
	145	150	155
			160
Leu Gly Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly Ser Ile Trp Gln Gln Val			
	165	170	175
Ser Gly Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro Val Val Asp Leu Leu Asn			
	180	185	190
Glu Gln Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly Ser Asp Leu Phe Ala Ala			
	195	200	205
Ser His Asp Leu Ser Glu Gly Gly Leu Gly Gln Thr Leu Ala Glu Leu			
	210	215	220
Ala			
225			
<210> 917			
<211> 302			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(279)			
<223> FRXA00561			
<400> 917			
ctc ttc cca gat cca ccc atc cct gtt cac ctc act tgt ttg ctg agt			48
Leu Phe Pro Asp Pro Pro Ile Pro Val His Leu Thr Cys Leu Leu Ser			
1	5	10	15
ccc gct tcc cgc atc gtg gtt gca acc aac cgc ggc gaa gag ttg gaa			96
Pro Ala Ser Arg Ile Val Val Ala Thr Asn Arg Gly Glu Glu Leu Glu			
20	25	30	
aag cgc gca gca gag ctg ggt gtt cca gtg ttc aag ctg ggc tgc acc			144
Lys Arg Ala Ala Glu Leu Gly Val Pro Val Phe Lys Leu Gly Cys Thr			
35	40	45	
aac gat tca gcc gtc atc gct gtc aag ggc gca gac gtt gag ttc act			192
Asn Asp Ser Ala Val Ile Ala Val Lys Gly Ala Asp Val Glu Phe Thr			
50	55	60	
gtt tcc gtg gag gaa ctc cgc gaa gca tgg acc aac act ttg cct gag			240
Val Ser Val Glu Glu Leu Arg Glu Ala Trp Thr Asn Thr Leu Pro Glu			
65	70	75	80

gcc ttc ggt cac gca gtt gga gct aac gca gta gtt gca taattttctg 289
Ala Phe Gly His Ala Val Gly Ala Asn Ala Val Val Ala

85 90

ctgtgaagcc ggg 302
<210> 918
<211> 93
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 918
Leu Phe Pro Asp Pro Pro Ile Pro Val His Leu Thr Cys Leu Leu Ser
1 5 10 15
Pro Ala Ser Arg Ile Val Val Ala Thr Asn Arg Gly Glu Glu Leu Glu
20 25 30
Lys Arg Ala Ala Glu Leu Gly Val Pro Val
Phe Lys Leu Gly Cys Thr
35 40 45
Asn Asp Ser Ala Val Ile Ala Val Lys Gly Ala Asp Val Glu Phe Thr
50 55 60
Val Ser Val Glu Glu Leu Arg Glu Ala Trp Thr Asn Thr Leu Pro Glu
65 70 75 80

Ala Phe Gly His Ala Val Gly Ala Asn Ala Val Val Ala
85 90

<210> 919
<211> 792
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(769)
<223> RXA00541
<400> 919
atgattccgt caccgaagct gacctaaaga aaattgctga aaccctctc gcaaacaccg 60
tcatcgaaga cttcgatgtg gtgggagttg aggtcgcgaa gtg agc gcc aaa atc 115
Val Ser Ala Lys Ile

1 5
ggt gtc att acc ttc cca ggc acc ctt gac gat gta gat gca gca cgc 163
Gly Val Ile Thr Phe Pro Gly Thr Leu Asp Asp Val Asp Ala Ala Arg

10 15 20
gct gct cgc atc gca ggt gca gaa gta atc agc ctg tgg cac gct gac 211
Ala Ala Arg Ile Ala Gly Ala Glu Val Ile Ser Leu Trp His Ala Asp

25 30 35
gag gat ctc aag ggc gtc gac gca gtt gtc gtt ccc ggt gga ttc tcc 259
Glu Asp Leu Lys Gly Val Asp Ala Val Val Val Pro Gly Gly Phe Ser

40 45 50
tac ggc gat tac ctg cgc acc ggt gca atc tct gca ctg gcg cca gta 307
Tyr Gly Asp Tyr Leu Arg Thr Gly Ala Ile Ser Ala Leu Ala Pro Val

55 60 65
atg cag tcc gtg att gag cag gcc ggt aag ggt atg cca gtc ttg ggc 355

Met Gln Ser Val Ile Glu Gln Ala Gly Lys Gly Met Pro Val Leu Gly

70 75 80 85
att tgc aac ggc ttc cag atc ctc acc gaa gca cgc ctg ctt cca ggc 403
Ile Cys Asn Gly Phe Gln Ile Leu Thr Glu Ala Arg Leu Leu Pro Gly

90 95 100
gcg ctg acc cgc aac aag ggt ctg cac ttt cac tgt gta gac gca cac 451
Ala Leu Thr Arg Asn Lys Gly Leu His Phe His Cys Val Asp Ala His

105 110 115
ctc gtt gta gag aac aac acc act gca tgg acc aac act ttg gaa aag 499
Leu Val Val Glu Asn Asn Thr Thr Ala Trp Thr Asn Thr Leu Glu Lys

120 125 130
ggg cag cag atc ctt att cct gca aag cac ggt gaa ggt cgc ttc cag 547
Gly Gln Gln Ile Leu Ile Pro Ala Lys His Gly Glu Gly Arg Phe Gln

135 140 145
gca gac gca gag acc atc gcc cag ctt gag ggt gaa ggc cgc gtg gtg 595
Ala Asp Ala Glu Thr Ile Ala Gln Leu Glu Gly Glu Gly Arg Val Val

150 155 160 165
ttc cgt tac acc gat aac ttc aac ggt tcc gtc aac gat atc gcc ggt 643
Phe Arg Tyr Thr Asp Asn Phe Asn Gly Ser Val Asn Asp Ile Ala Gly

170 175 180
atc act aat gaa act ggt cgc atc gtc ggt ctc atg ccg cac ccg gaa 691
Ile Thr Asn Glu Thr Gly Arg Ile Val Gly Leu Met Pro His Pro Glu

185 190 195
cat gcc gtc gaa aag cta acc ggc cca tct att gat ggc ctg gag ctg 739
His Ala Val Glu Lys Leu Thr Gly Pro Ser Ile Asp Gly Leu Glu Leu

200 205 210
ttc ctg tcc gcc gtt ggc acc atc gcg gct taagaggagt aaatatgagc 789
Phe Leu Ser Ala Val Gly Thr Ile Ala Ala

215 220
act 792
<210> 920
<211> 223
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 920
Val Ser Ala Lys Ile Gly Val Ile Thr Phe Pro Gly Thr Leu Asp Asp
1 5 10 15
Val Asp Ala Ala Arg Ala Ala Arg Ile Ala Gly Ala Glu Val Ile Ser
20 25 30
Leu Trp His Ala Asp Glu Asp Leu Lys Gly Val Asp Ala
Val Val Val
35 40 45
Pro Gly Gly Phe Ser Tyr Gly Asp Tyr Leu Arg Thr Gly Ala Ile Ser
50 55 60
Ala Leu Ala Pro Val Met Gln Ser Val Ile Glu Gln Ala Gly Lys Gly

65	70	75	80
Met Pro Val Leu Gly Ile Cys Asn Gly Phe Gln Ile Leu Thr Glu Ala			
	85	90	95
Arg Leu Leu Pro Gly Ala Leu Thr Arg Asn Lys Gly Leu His Phe His			
	100	105	110
Cys Val Asp Ala His Leu Val Val Glu Asn Asn Thr Thr Ala Trp Thr			
	115	120	125
Asn Thr Leu Glu Lys Gly Gln Gln Ile Leu Ile Pro Ala Lys His Gly			
	130	135	140
Glu Gly Arg Phe Gln Ala Asp Ala Glu Thr Ile Ala Gln Leu Glu Gly			
	145	150	155
			160
Glu Gly Arg Val Val Phe Arg Tyr Thr Asp Asn Phe Asn Gly Ser Val			
	165	170	175
Asn Asp Ile Ala Gly Ile Thr Asn Glu Thr Gly Arg Ile Val Gly Leu			
	180	185	190
Met Pro His Pro Glu His Ala Val Glu Lys Leu Thr Gly Pro Ser Ile			
	195	200	205
Asp Gly Leu Glu Leu Phe Leu Ser Ala Val Gly Thr Ile Ala Ala			
	210	215	220
<210> 921			
<211> 1014			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(991)			
<223> RXA00620			
<400> 921			
ggtgatccat gtcaggaagc cagcgggtgaa accggcagtg aaaccagcgg tgaatgctaa 60			
aattttccga acacaccga ggggtctaga ctfgcctaac atg cgt cct gaa ctc 115			
			Met Arg Pro Glu Leu
		1	5
tcc cag tac aag cac ctg tcg gca ggc aag gtc cgt gag atc tac gag 163			
Ser Gln Tyr Lys His Leu Ser Ala Gly Lys Val Arg Glu Ile Tyr Glu			
	10	15	20
atc gac gac aag cac atc ctc atg gtg gct tcc gat cgt atc tct gca 211			
Ile Asp Asp Lys His Ile Leu Met Val Ala Ser Asp Arg Ile Ser Ala			
	25	30	35
tac gat ttc atc ctc gat acc gaa att cca gac aag ggt cga gtg ctc 259			
Tyr Asp Phe Ile Leu Asp Thr Glu Ile Pro Asp Lys Gly Arg Val Leu			
	40	45	50
act gcg atg agc cag ttc ttc ttc gac acc atc gat ttt cct aat cac 307			
Thr Ala Met Ser Gln Phe Phe Phe Asp Thr Ile Asp Phe Pro Asn His			
	55	60	65
ctt gca ggt ccc gct gat gat cca cgt atc cca gaa gaa gtt ttg gga 355			

Leu Ala Gly Pro Ala Asp Asp Pro Arg Ile Pro Glu Glu Val Leu Gly

70 75 80 85
cga gca atg gtg tgc aag aag ctc aac atg ctt cct ttt gaa tgc gtg 403
Arg Ala Met Val Cys Lys Lys Leu Asn Met Leu Pro Phe Glu Cys Val

90 95 100
gtt cgt gga tac ctc act ggc tct gga ctt gtt gaa tac aag cag acc 451
Val Arg Gly Tyr Leu Thr Gly Ser Gly Leu Val Glu Tyr Lys Gln Thr

105 110 115
agc tcc gtg tgt gga gtt gag ctc cca gaa ggc ctc gtt gaa tct tct 499
Ser Ser Val Cys Gly Val Glu Leu Pro Glu Gly Leu Val Glu Ser Ser

120 125 130
cag ctg cct gag cca atc ttt acc cca gcc acc aag gct gac atc ggc 547
Gln Leu Pro Glu Pro Ile Phe Thr Pro Ala Thr Lys Ala Asp Ile Gly

135 140 145
gac cac gac atc aat gtc tcc ttt gac gtt gtt gaa gaa cgt ctc ggc 595
Asp His Asp Ile Asn Val Ser Phe Asp Val Val Glu Glu Arg Leu Gly

150 155 160 165
gaa gct cgt gcg aac cag ttg cgc gat gcc tct att gct att tac aag 643
Glu Ala Arg Ala Asn Gln Leu Arg Asp Ala Ser Ile Ala Ile Tyr Lys

170 175 180
gct gct gct gag atc gcc cgt gac cgt ggc gtc atc ctt gcc gac acc 691
Ala Ala Ala Glu Ile Ala Arg Asp Arg Gly Val Ile Leu Ala Asp Thr

185 190 195
aaa ttt gag ttc ggc atc gat gaa gat ggc acc ctc gtg ctt ggt gat 739
Lys Phe Glu Phe Gly Ile Asp Glu Asp Gly Thr Leu Val Leu Gly Asp

200 205 210
gaa gtc ctt acc cca gat tcc tcc cgc tac tgg cct ttg gaa ggc tat 787
Glu Val Leu Thr Pro Asp Ser Ser Arg Tyr Trp Pro Leu Glu Gly Tyr

215 220 225
gaa gca gga tct gtg caa cca agc ttt gat aag caa ttc gtg cgc aac 835
Glu Ala Gly Ser Val Gln Pro Ser Phe Asp Lys Gln Phe Val Arg Asn

230 235 240 245
tgg ctc acc ggc cct aaa tct ggc tgg gac aag gat tcc ggc ttg gag 883
Trp Leu Thr Gly Pro Lys Ser Gly Trp Asp Lys Asp Ser Gly Leu Glu

250 255 260
cca cca gct ctg cca ggt tcc gtt gtt gag gca acc cgc gag cgc tac 931
Pro Pro Ala Leu Pro Gly Ser Val Val Glu Ala Thr Arg Glu Arg Tyr

265 270 275
atc gag gcc tac gag ctg att tct ggt cag aag ttc tgc cag tgg att 979
Ile Glu Ala Tyr Glu Leu Ile Ser Gly Gln Lys Phe Cys Gln Trp Ile

280 285 290
ggc tct tgc gtc taagctgctt gattttccct aaa 1014

Gly Ser Cys Val

295

<210> 922

<211> 297

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 922

```

Met Arg Pro Glu Leu Ser Gln Tyr Lys His Leu Ser Ala Gly Lys Val
 1           5           10           15
Arg Glu Ile Tyr Glu Ile Asp Asp Lys His Ile Leu Met Val Ala Ser
      20           25           30
Asp Arg Ile Ser Ala Tyr Asp Phe Ile Leu Asp Thr Glu Ile Pro Asp
      35           40           45
Lys Gly Arg
Val Leu Thr Ala Met Ser Gln Phe Phe Phe Asp Thr Ile
      50           55           60
Asp Phe Pro Asn His Leu Ala Gly Pro Ala Asp Asp Pro Arg Ile Pro
65           70           75           80

```

```

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

```

```

Lys Ala Asp Ile Gly Asp His Asp Ile Asn Val Ser Phe Asp Val Val
145          150          155          160

```

```

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

```

```

Pro Leu Glu Gly Tyr Glu Ala Gly Ser Val Gln Pro Ser Phe Asp Lys
225          230          235          240

```

```

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

```

290

295

<210> 923

<211> 1293

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1270)

<223> RXN00770

<400> 923

ccatgggtct gccacagga aacagcaacg cagacctagt ccgcaagatg caagcaaccg 60
cctcaagtta agatcggttag gcgatagggg ttgagcattt ttg ctc tcc ccg tat 115
Leu Leu Ser Pro Tyr

1 5
gcg tgg ggg ttg tcc cgc gca ctt tta gac agt tat gtt cct aat aag 163
Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala Leu Leu Asp Ser Tyr Val Pro Asn Lys

10 15 20
ttc caa acc cca gca gga gaa gcg aag tac acg atg agt gat cac cag 211
Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu Ala Lys Tyr Thr Met Ser Asp His Gln

25 30 35
gac acc acc gcc gaa ggc gtt tca tac gca gca gca gga gtc gac atc 259
Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ala Ala Gly Val Asp Ile

40 45 50
gaa gcc ggc gat cgt gcc gtc gaa ctc ttt gca cca atg gcc aag cgc 307
Glu Ala Gly Asp Arg Ala Val Glu Leu Phe Ala Pro Met Ala Lys Arg

55 60 65
gcc acc cgc cca gag gtt ctt ggc aac ctc gga ggc ttc gca gga ctc 355
Ala Thr Arg Pro Glu Val Leu Gly Asn Leu Gly Gly Phe Ala Gly Leu

70 75 80 85
ttt gag ctc gga aaa tac aag aag cca atc ctc gca gca gga tct gac 403
Phe Glu Leu Gly Lys Tyr Lys Lys Pro Ile Leu Ala Ala Gly Ser Asp

90 95 100
gga gtc ggc acc aag ctt gtc atc gcc cag atg atg gac aag cac gac 451
Gly Val Gly Thr Lys Leu Val Ile Ala Gln Met Met Asp Lys His Asp

105 110 115
acc atc ggc atc gac ctt gtt gca atg tgt gtg gat gac ctc gtt gtc 499
Thr Ile Gly Ile Asp Leu Val Ala Met Cys Val Asp Asp Leu Val Val

120 125 130
acc ggc gca gag cca ctg ttc ctc cag gac tac atc gcc atc ggc aag 547
Thr Gly Ala Glu Pro Leu Phe Leu Gln Asp Tyr Ile Ala Ile Gly Lys

135 140 145
gtt gtc cca gag cac gtt gct gag atc gtc tcc ggt atc gca gaa ggc 595
Val Val Pro Glu His Val Ala Glu Ile Val Ser Gly Ile Ala Glu Gly

150 155 160 165
tgt gtc cag gca ggc tgt gct ctg ctc ggt ggc gaa acc gca gaa cac 643
Cys Val Gln Ala Gly Cys Ala Leu Leu Gly Gly Glu Thr Ala Glu His

170 175 180
cca ggt gtt atg gaa cca gac cac tac gat gtc tcc gca act gca gtc 691

Pro Gly Val Met Glu Pro Asp His Tyr Asp Val Ser Ala Thr Ala Val

185 190 195
 ggc gtt gtc gaa gca gat gaa ctg cta gga cca gac cgc gtc cgc gca 739
 Gly Val Val Glu Ala Asp Glu Leu Leu Gly Pro Asp Arg Val Arg Ala

200 205 210
 ggc gac gtc ctc atc ggc atg gct tcc tcc ggt ctg cac tcc aac ggt 787
 Gly Asp Val Leu Ile Gly Met Ala Ser Ser Gly Leu His Ser Asn Gly

215 220 225
 tac tcc ctg gct cgc cac gtc ctc ctg gaa aag gca ggc ctg gcg ctt 835
 Tyr Ser Leu Ala Arg His Val Leu Leu Glu Lys Ala Gly Leu Ala Leu

230 235 240 245
 gac gga cac atc gaa gaa ctc gga cgc acc ctc ggt gaa gaa ctt ctc 883
 Asp Gly His Ile Glu Glu Leu Gly Arg Thr Leu Gly Glu Glu Leu Leu

250 255 260
 gag cca acc cgc atc tac gcc aag gac tgc ctg gca ctg atc gca gag 931
 Glu Pro Thr Arg Ile Tyr Ala Lys Asp Cys Leu Ala Leu Ile Ala Glu

265 270 275
 tgc gaa gtt cac acc ttc tgc cac gtc acc ggc ggc ggc ctc gca ggc 979
 Cys Glu Val His Thr Phe Cys His Val Thr Gly Gly Gly Leu Ala Gly

280 285 290
 aac ctc gag cgg gtt gtc cca gaa ggg ctc gtc gca gaa atg tcc cga 1027
 Asn Leu Glu Arg Val Val Pro Glu Gly Leu Val Ala Glu Met Ser Arg

295 300 305
 gca act tgg acc cca ggc caa atc ttc cgc acc atc tcc tct gtg ggc 1075
 Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile Phe Arg Thr Ile Ser Ser Val Gly

310 315 320 325
 aag gtt tcc cgc gaa gaa atg gaa aag acc ttc aac atg ggt gtc ggc 1123
 Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu Lys Thr Phe Asn Met Gly Val Gly

330 335 340
 atg gtt gca gtc gtt gct gaa aag gac cgc gac cgc gcc ctg gca atg 1171
 Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys Asp Arg Asp Arg Ala Leu Ala Met

345 350 355
 ctc acc gca cgt cac att gac tgc tgg gaa atc gga acc gta cgc aac 1219
 Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys Trp Glu Ile Gly Thr Val Arg Asn

360 365 370
 ggt gaa gag gga gag cct cgc gtg atc ctc aac ggc gag cac cct ggc 1267
 Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val Ile Leu Asn Gly Glu His Pro Gly

375 380 385
 tac taagcccaac tgtctgtctct aag 1293
 Tyr

390

<210> 924

<211> 390

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 924

```

Leu Leu Ser Pro Tyr Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala Leu Leu Asp Ser
  1             5             10             15
Tyr Val Pro Asn Lys Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu Ala Lys Tyr Thr
          20             25             30
Met Ser Asp His Gln Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ala
          35             40             45
Ala Gly Val Asp Ile Glu Ala Gly
Asp Arg Ala Val Glu Leu Phe Ala
          50             55             60
Pro Met Ala Lys Arg Ala Thr Arg Pro Glu Val Leu Gly Asn Leu Gly
  65             70             75             80

```

```

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

```

```

Ile Ala Ile Gly Lys Val Val Pro Glu His Val Ala Glu Ile Val Ser
145             150             155             160

```

```

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

```

```

Leu His Ser Asn Gly Tyr Ser Leu Ala Arg His Val Leu Leu Glu Lys
225             230             235             240

```

```

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

```

```

Ala Glu Met Ser Arg Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile Phe Arg Thr
305             310             315             320

```

```

Ile Ser Ser Val Gly Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu Lys Thr Phe
          325            330            335
Asn Met Gly Val Gly Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys Asp Arg Asp
          340            345            350

```

Arg Ala Leu Ala Met Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys Trp Glu Ile
355 360 365
Gly Thr Val Arg Asn Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val Ile Leu Asn
370 375 380

Gly Glu His Pro Gly Tyr

385 390
<210> 925
<211> 818
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (15)..(818)
<223> FRXA00557
<400> 925
tgggttgagc attt ttg ctc tcc ccg tat gcg tgg ggg ttg tcc cgc gca 50
Leu Leu Ser Pro Tyr Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala

1 5 10
ctt tta gac agt tat gtt cct aat aag ttc caa acc cca gca gga gaa 98
Leu Leu Asp Ser Tyr Val Pro Asn Lys Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu

15 20 25
gcg aag tac acg atg agt gat cac cag gac acc acc gcc gaa ggc gtt 146
Ala Lys Tyr Thr Met Ser Asp His Gln Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val

30 35 40
tca tac gca gca gca gga gtc gac atc gaa gcc ggc gat cgt gcc gtc 194
Ser Tyr Ala Ala Ala Gly Val Asp Ile Glu Ala Gly Asp Arg Ala Val

45 50 55 60
gaa ctc ttt gca cca atg gcc aag cgc gcc acc cgc cca gag gtt ctt 242
Glu Leu Phe Ala Pro Met Ala Lys Arg Ala Thr Arg Pro Glu Val Leu

65 70 75
ggc aac ctc gga ggc ttc gca gga ctc ttt gag ctc gga aaa tac aag 290
Gly Asn Leu Gly Gly Phe Ala Gly Leu Phe Glu Leu Gly Lys Tyr Lys

80 85 90
aag cca atc ctc gca gca gga tct gac gga gtc ggc acc aag ctt gtc 338
Lys Pro Ile Leu Ala Ala Gly Ser Asp Gly Val Gly Thr Lys Leu Val

95 100 105
atc gcc cag atg atg gac aag cac gac acc atc ggc atc gac ctt gtt 386
Ile Ala Gln Met Met Asp Lys His Asp Thr Ile Gly Ile Asp Leu Val

110 115 120
gca atg tgt gtg gat gac ctc gtt gtc acc ggc gca gag cca ctg ttc 434
Ala Met Cys Val Asp Asp Leu Val Val Thr Gly Ala Glu Pro Leu Phe

125 130 135 140
ctc cag gac tac atc gcc atc ggc aag gtt gtc cca gag cac gtt gct 482

Leu Gln Asp Tyr Ile Ala Ile Gly Lys Val Val Pro Glu His Val Ala

145 150 155
gag atc gtc tcc ggt atc gca gaa ggc tgt gtc cag gca ggc tgt gct 530
Glu Ile Val Ser Gly Ile Ala Glu Gly Cys Val Gln Ala Gly Cys Ala

160 165 170
ctg ctc ggt ggc gaa acc gca gaa cac cca ggt gtt atg gaa cca gac 578
Leu Leu Gly Gly Glu Thr Ala Glu His Pro Gly Val Met Glu Pro Asp

175 180 185
cac tac gat gtc tcc gca act gca gtc ggc gtt gtc gaa gca gat gaa 626
His Tyr Asp Val Ser Ala Thr Ala Val Gly Val Val Glu Ala Asp Glu

190 195 200
ctg cta gga cca gac cgc gtc cgc gca ggc gac gtc ctc atc ggc atg 674
Leu Leu Gly Pro Asp Arg Val Arg Ala Gly Asp Val Leu Ile Gly Met

205 210 215 220
gct tcc tcc ggt ctg cac tcc aac ggt tac tcc ctg gct cgc cac gtc 722
Ala Ser Ser Gly Leu His Ser Asn Gly Tyr Ser Leu Ala Arg His Val

225 230 235
ctc ctg gaa aag gca ggc ctg gcg ctt gac gga cac atc gaa gaa ctc 770
Leu Leu Glu Lys Ala Gly Leu Ala Leu Asp Gly His Ile Glu Glu Leu

240 245 250
gga cgc acc ccc ggt gaa gaa ctt ctc gag cca acc cgc atg tac gcc 818
Gly Arg Thr Pro Gly Glu Glu Leu Leu Glu Pro Thr Arg Met Tyr Ala

255 260 265
<210> 926
<211> 268
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 926
Leu Leu Ser Pro Tyr Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala Leu Leu Asp Ser
1 5 10 15
Tyr Val Pro Asn Lys Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu Ala Lys Tyr Thr
20 25 30
Met Ser Asp His Gln Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ala
35 40
45
Ala Gly Val Asp Ile Glu Ala Gly Asp Arg Ala Val Glu Leu Phe Ala
50 55 60
Pro Met Ala Lys Arg Ala Thr Arg Pro Glu Val Leu Gly Asn Leu Gly
65 70 75 80
85 90 95
Ala Ala Gly Ser Asp Gly Val Gly Thr Lys Leu Val Ile Ala Gln Met
100 105 110
Met Asp Lys His Asp Thr Ile Gly Ile Asp Leu Val Ala Met Cys Val
115 120 125
Asp Asp Leu Val Val Thr Gly Ala Glu Pro Leu Phe Leu Gln Asp Tyr
130 135 140

Ile Ala Ile Gly Lys Val Val Pro Glu His Val Ala Glu Ile Val Ser
145 150 155 160

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

Leu His Ser Asn Gly Tyr Ser Leu Ala Arg His Val Leu Leu Glu Lys
225 230 235 240

Ala Gly Leu Ala Leu Asp Gly His Ile Glu Glu Leu Gly Arg Thr Pro
245 250 255
Gly Glu Glu Leu Leu Glu Pro Thr Arg Met Tyr Ala

260 265
<210> 927
<211> 338
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(315)
<223> FRXA00770
<400> 927

gtc acc ggc ggc ggc ctc gca ggc aac ctc gag cgg gtt gtc cca gaa 48
Val Thr Gly Gly Gly Leu Ala Gly Asn Leu Glu Arg Val Val Pro Glu

1 5 10 15
ggg ctc gtc gca gaa atg tcc cga gca act tgg acc cca ggc caa atc 96
Gly Leu Val Ala Glu Met Ser Arg Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile

20 25 30
ttc cgc acc atc tcc tct gtg ggc aag gtt tcc cgc gaa gaa atg gaa 144
Phe Arg Thr Ile Ser Ser Val Gly Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu

35 40 45
aag acc ttc aac atg ggt gtc ggc atg gtt gca gtc gtt gct gaa aag 192
Lys Thr Phe Asn Met Gly Val Gly Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys

50 55 60
gac cgc gac cgc gcc ctg gca atg ctc acc gca cgt cac att gac tgc 240
Asp Arg Asp Arg Ala Leu Ala Met Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys

65 70 75 80
tgg gaa atc gga acc gta cgc aac ggt gaa gag gga gag cct cgc gtg 288
Trp Glu Ile Gly Thr Val Arg Asn Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val

85 90 95
atc ctc aac ggc gag cac cct ggc tac taagcccaac tgtctgctct 335

Ile Leu Asn Gly Glu His Pro Gly Tyr

```

                100                105
aag                                                    338
<210> 928
<211> 105
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 928
Val Thr Gly Gly Gly Leu Ala Gly Asn Leu Glu Arg Val Val Pro Glu
 1          5          10          15
Gly Leu Val Ala Glu Met Ser Arg Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile
          20          25          30
Phe Arg Thr Ile Ser Ser Val Gly Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu
          35          40
          45
Lys Thr Phe Asn Met Gly Val Gly Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys
          50          55          60
Asp Arg Asp Arg Ala Leu Ala Met Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys
          65          70          75          80

Trp Glu Ile Gly Thr Val Arg Asn Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val
          85          90          95
Ile Leu Asn Gly Glu His Pro Gly Tyr

```

```

                100                105
<210> 929
<211> 1320
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1297)
<223> RXN02345
<400> 929
accaccgacc ctatgtaatc aaccagggttc ccaaggctcg aaaagtggaa gcgctgctca 60
aagatcttac attttggtga aggcgttata gttaggactt gtg act tct aca gga 115
                               Val Thr Ser Thr Gly

                               1          5
aac caa gcc cac gct cca gga atg ccc atc gtc gca gta att ggt gac 163
Asn Gln Ala His Ala Pro Gly Met Pro Ile Val Ala Val Ile Gly Asp

                10                15                20
ggc caa tta gcc cgc atg atg cag acc tcc gcc atc gaa ctc gga caa 211
Gly Gln Leu Ala Arg Met Met Gln Thr Ser Ala Ile Glu Leu Gly Gln

                25                30                35
tca ctg cga gtt cta gct gga gcg ccg gat tcc tcc gca gct caa gta 259
Ser Leu Arg Val Leu Ala Gly Ala Pro Asp Ser Ser Ala Ala Gln Val

                40                45                50
gct gct gat gtt gtt ctc ggc gat tac acc aac att gat gat ctg cgc 307
Ala Ala Asp Val Val Leu Gly Asp Tyr Thr Asn Ile Asp Asp Leu Arg

```

55	60	65	
gtc gcc atc gaa ggc gcc gat gtg atg acc ttc gac cac gag cac gtc			355
Val Ala Ile Glu Gly Ala Asp Val Met Thr Phe Asp His Glu His Val			
70	75	80	85
ccc aac gaa cac ctg cac caa ctc atc gca gaa ggc gtc aac gtt cag			403
Pro Asn Glu His Leu His Gln Leu Ile Ala Glu Gly Val Asn Val Gln			
90	95	100	
cca cgc cca gaa gcg ctg gtc aac gca caa gac aaa ctt gtc atg cgc			451
Pro Arg Pro Glu Ala Leu Val Asn Ala Gln Asp Lys Leu Val Met Arg			
105	110	115	
aag cgt cta cgt gaa ctc ggc gca cca gtc cca cca ttt gct gcc att			499
Lys Arg Leu Arg Glu Leu Gly Ala Pro Val Pro Pro Phe Ala Ala Ile			
120	125	130	
gaa tca gtc gaa gat gca gtg gga ttc ttc gaa gca gtt gat ggc caa			547
Glu Ser Val Glu Asp Ala Val Gly Phe Phe Glu Ala Val Asp Gly Gln			
135	140	145	
gtt tgc ctc aaa gca cgc cgt ggc gga tac gac ggc aag ggc gta tgg			595
Val Cys Leu Lys Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Asp Gly Lys Gly Val Trp			
150	155	160	165
ttc cca gcc gat gta gca gag ctt cag tgc ctt gtg gca gag ctt ctc			643
Phe Pro Ala Asp Val Ala Glu Leu Gln Ser Leu Val Ala Glu Leu Leu			
170	175	180	
gac ggc ggc acc cca ctc atg gca gaa aag aaa gtt gcc ctc aac agg			691
Asp Gly Gly Thr Pro Leu Met Ala Glu Lys Lys Val Ala Leu Asn Arg			
185	190	195	
gaa ctg tcc gcc atg gtt gcc cgc acc cca agt gga gaa acc aaa gcg			739
Glu Leu Ser Ala Met Val Ala Arg Thr Pro Ser Gly Glu Thr Lys Ala			
200	205	210	
tgg cca gtc gta gaa tca gtg cag aag aac ggt gtg tgt gca gaa gca			787
Trp Pro Val Val Glu Ser Val Gln Lys Asn Gly Val Cys Ala Glu Ala			
215	220	225	
atc gct ccc gca cct gaa cta tcc gca gaa ctg cag gaa tcc acc aga			835
Ile Ala Pro Ala Pro Glu Leu Ser Ala Glu Leu Gln Glu Ser Thr Arg			
230	235	240	245
gga ttg gcc cag aag atc gcc acg gaa ctc ggc gtc act ggt gtc ttg			883
Gly Leu Ala Gln Lys Ile Ala Thr Glu Leu Gly Val Thr Gly Val Leu			
250	255	260	
gca gtg gag ctt ttt gaa acc ctc gac caa aac ggg cag cca gag atc			931
Ala Val Glu Leu Phe Glu Thr Leu Asp Gln Asn Gly Gln Pro Glu Ile			
265	270	275	
ttt gtc aac gag ctc gcc atg cgt tca cac aac acc ggc cac tgg act			979
Phe Val Asn Glu Leu Ala Met Arg Ser His Asn Thr Gly His Trp Thr			

280	285	290	
caa gat ggc tgc gtg acc agc caa ttc gag cag cac ctc cgc gca gtc			1027
Gln Asp Gly Cys Val Thr Ser Gln Phe Glu Gln His Leu Arg Ala Val			
295	300	305	
ctc gac tac cca ctg ggt gct acc gac act ttg gct gat tac acc gtg			1075
Leu Asp Tyr Pro Leu Gly Ala Thr Asp Thr Leu Ala Asp Tyr Thr Val			
310	315	320	325
atg gcc aac gtg ctc ggt gcc gac acc gac cca gag atg ccc atg gca			1123
Met Ala Asn Val Leu Gly Ala Asp Thr Asp Pro Glu Met Pro Met Ala			
330	335	340	
acc cgc atg gtg gaa gtg ggg cgc aag tac cca gat gcc aag att cac			1171
Thr Arg Met Val Glu Val Gly Arg Lys Tyr Pro Asp Ala Lys Ile His			
345	350	355	
ctc tac ggc aag gga cat cgc ccg gga cga aag att ggc cac gtc aac			1219
Leu Tyr Gly Lys Gly His Arg Pro Gly Arg Lys Ile Gly His Val Asn			
360	365	370	
atg gtg gga tcc gac ctt gaa aag acc cga gcc gaa gcc ctg gcc tgc			1267
Met Val Gly Ser Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ala Glu Ala Leu Ala Cys			
375	380	385	
gca tac ttc ctt gtc aac gct cgc tgg gat taggtctttt ctgagcgcta			1317
Ala Tyr Phe Leu Val Asn Ala Arg Trp Asp			
390	395		
gca			1320
<210> 930			
<211> 399			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 930			
Val Thr Ser Thr Gly Asn Gln Ala His Ala Pro Gly Met Pro Ile Val			
1 5 10 15			
Ala Val Ile Gly Asp Gly Gln Leu Ala Arg Met Met Gln Thr Ser Ala			
20 25 30			
Ile Glu Leu Gly Gln Ser Leu Arg Val Leu Ala Gly			
Ala Pro Asp Ser			
35 40 45			
Ser Ala Ala Gln Val Ala Ala Asp Val Val Leu Gly Asp Tyr Thr Asn			
50 55 60			
Ile Asp Asp Leu Arg Val Ala Ile Glu Gly Ala Asp Val Met Thr Phe			
65 70 75 80			
Asp His Glu His Val Pro Asn Glu His Leu His Gln Leu Ile Ala Glu			
85 90 95			
Gly Val Asn Val Gln Pro Arg Pro Glu Ala Leu Val Asn Ala Gln Asp			
100 105 110			
Lys Leu Val Met Arg Lys Arg Leu Arg Glu Leu Gly Ala Pro Val Pro			
115 120 125			
Pro Phe Ala Ala Ile Glu Ser Val Glu Asp Ala Val Gly Phe Phe Glu			
130 135 140			
Ala Val Asp Gly Gln Val Cys Leu Lys Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Asp			

145											150											155											160
Gly	Lys	Gly	Val	Trp	Phe	Pro	Ala	Asp	Val	Ala	Glu	Leu	Gln	Ser	Leu																		
				165						170						175																	
Val	Ala	Glu	Leu	Leu	Asp	Gly	Gly	Thr	Pro	Leu	Met	Ala	Glu	Lys	Lys																		
				180						185						190																	
Val	Ala	Leu	Asn	Arg	Glu	Leu	Ser	Ala	Met	Val	Ala	Arg	Thr	Pro	Ser																		
				195						200						205																	
Gly	Glu	Thr	Lys	Ala	Trp	Pro	Val	Val	Glu	Ser	Val	Gln	Lys	Asn	Gly																		
				210						215						220																	
Val	Cys	Ala	Glu	Ala	Ile	Ala	Pro	Ala	Pro	Glu	Leu	Ser	Ala	Glu	Leu																		
225								230						235																			
Gln	Glu	Ser	Thr	Arg	Gly	Leu	Ala	Gln	Lys	Ile	Ala	Thr	Glu	Leu	Gly																		
				245						250						255																	
Val	Thr	Gly	Val	Leu	Ala	Val	Glu	Leu	Phe	Glu	Thr	Leu	Asp	Gln	Asn																		
				260						265						270																	
Gly	Gln	Pro	Glu	Ile	Phe	Val	Asn	Glu	Leu	Ala	Met	Arg	Ser	His	Asn																		
				275						280						285																	
Thr	Gly	His	Trp	Thr	Gln	Asp	Gly	Cys	Val	Thr	Ser	Gln	Phe	Glu	Gln																		
				290						295						300																	
His	Leu	Arg	Ala	Val	Leu	Asp	Tyr	Pro	Leu	Gly	Ala	Thr	Asp	Thr	Leu																		
305								310						315																			
Ala	Asp	Tyr	Thr	Val	Met	Ala	Asn	Val	Leu	Gly	Ala	Asp	Thr	Asp	Pro																		
				325						330						335																	
Glu	Met	Pro	Met	Ala	Thr	Arg	Met	Val	Glu	Val	Gly	Arg	Lys	Tyr	Pro																		
				340						345						350																	
Asp	Ala	Lys	Ile	His	Leu	Tyr	Gly	Lys	Gly	His	Arg	Pro	Gly	Arg	Lys																		
				355						360						365																	
Ile	Gly	His	Val	Asn	Met	Val	Gly	Ser	Asp	Leu	Glu	Lys	Thr	Arg	Ala																		
				370						375						380																	
Glu	Ala	Leu	Ala	Cys	Ala	Tyr	Phe	Leu	Val	Asn	Ala	Arg	Trp	Asp																			
385								390						395																			
<210> 931																				48													
<211> 833																																	
<212> DNA																																	
<213> Corynebacterium glutamicum																																	
<220>																																	
<221> CDS																																	
<222> (1)..(810)																																	
<223> FRXA02345																																	
<400> 931																																	
ttt	gct	gcc	att	gaa	tca	gtc	gaa	gat	gca	gtg	gga	ttc	ttc	gaa	gca					48													
Phe	Ala	Ala	Ile	Glu	Ser	Val	Glu	Asp	Ala	Val	Gly	Phe	Phe	Glu	Ala																		
1				5				10				15																					
gtt	gat	ggc	caa	gtt	tgc	ctc	aaa	gca	cgc	cgt	ggc	gga	tac	gac	ggc					96													
Val	Asp	Gly	Gln	Val	Cys	Leu	Lys	Ala	Arg	Arg	Gly	Gly	Tyr	Asp	Gly																		

aag ggc gta tgg ttc cca gcc gat gta gca gag ctt cag tcg ctt gtg 144
Lys Gly Val Trp Phe Pro Ala Asp Val Ala Glu Leu Gln Ser Leu Val

35 40 45
gca gag ctt ctc gac ggc ggc acc cca ctc atg gca gaa aag aaa gtt 192
Ala Glu Leu Leu Asp Gly Gly Thr Pro Leu Met Ala Glu Lys Lys Val

50 55 60
gcc ctc aac agg gaa ctg tcc gcc atg gtt gcc cgc acc cca agt gga 240
Ala Leu Asn Arg Glu Leu Ser Ala Met Val Ala Arg Thr Pro Ser Gly

65 70 75 80
gaa acc aaa gcg tgg cca gtc gta gaa tca gtg cag aag aac ggt gtg 288
Glu Thr Lys Ala Trp Pro Val Val Glu Ser Val Gln Lys Asn Gly Val

85 90 95
tgt gca gaa gca atc gct ccc gca cct gaa cta tcc gca gaa ctg cag 336
Cys Ala Glu Ala Ile Ala Pro Ala Pro Glu Leu Ser Ala Glu Leu Gln

100 105 110
gaa tcc acc aga gga ttg gcc cag aag atc gcc acg gaa ctc ggc gtc 384
Glu Ser Thr Arg Gly Leu Ala Gln Lys Ile Ala Thr Glu Leu Gly Val

115 120 125
act ggt gtc ttg gca gtg gag ctt ttt gaa acc ctc gac caa aac ggg 432
Thr Gly Val Leu Ala Val Glu Leu Phe Glu Thr Leu Asp Gln Asn Gly

130 135 140
cag cca gag atc ttt gtc aac gag ctc gcc atg cgt tca cac aac acc 480
Gln Pro Glu Ile Phe Val Asn Glu Leu Ala Met Arg Ser His Asn Thr

145 150 155 160
ggc cac tgg act caa gat ggc tgc gtg acc agc caa ttc gag cag cac 528
Gly His Trp Thr Gln Asp Gly Cys Val Thr Ser Gln Phe Glu Gln His

165 170 175
ctc cgc gca gtc ctc gac tac cca ctg ggt gct acc gac act ttg gct 576
Leu Arg Ala Val Leu Asp Tyr Pro Leu Gly Ala Thr Asp Thr Leu Ala

180 185 190
gat tac acc gtg atg gcc aac gtg ctc ggt gcc gac acc gac cca gag 624
Asp Tyr Thr Val Met Ala Asn Val Leu Gly Ala Asp Thr Asp Pro Glu

195 200 205
atg ccc atg gca acc cgc atg gtg gaa gtg ggg cgc aag tac cca gat 672
Met Pro Met Ala Thr Arg Met Val Glu Val Gly Arg Lys Tyr Pro Asp

210 215 220
gcc aag att cac ctc tac ggc aag gga cat cgc ccg gga cga aag att 720
Ala Lys Ile His Leu Tyr Gly Lys Gly His Arg Pro Gly Arg Lys Ile

225 230 235 240
ggc cac gtc aac atg gtg gga tcc gac ctt gaa aag acc cga gcc gaa 768
Gly His Val Asn Met Val Gly Ser Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ala Glu

245 250 255

gcc ctg gcc tgc gca tac ttc ctt gtc aac gct cgc tgg gat 810
Ala Leu Ala Cys Ala Tyr Phe Leu Val Asn Ala Arg Trp Asp

260 265 270
taggtctttt ctgagcgcta gca 833

<210> 932

<211> 270

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 932

Phe Ala Ala Ile Glu Ser Val Glu Asp Ala Val Gly Phe Phe Glu Ala
1 5 10 15
Val Asp Gly Gln Val Cys Leu Lys Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Asp Gly
20 25 30
Lys Gly Val Trp Phe Pro Ala Asp Val Ala Glu Leu Gln Ser Leu Val
35 40
45
Ala Glu Leu Leu Asp Gly Gly Thr Pro Leu Met Ala Glu Lys Lys Val
50 55 60
Ala Leu Asn Arg Glu Leu Ser Ala Met Val Ala Arg Thr Pro Ser Gly
65 70 75 80

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

Gln Pro Glu Ile Phe Val Asn Glu Leu Ala Met Arg Ser His Asn Thr
145 150 155 160

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

Ala Lys Ile His Leu Tyr Gly Lys Gly His Arg Pro Gly Arg Lys Ile
225 230 235 240

Gly His Val Asn Met Val Gly Ser Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ala Glu
245 250 255
Ala Leu Ala Cys Ala Tyr Phe Leu Val Asn Ala Arg Trp Asp

260 265 270

<210> 933

<211> 618

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(595)

<223> RXN02350

<400> 933

aagcatttct ccaacacttt tgatggacag attaacgctt aaaaggcctg ttatagactg 60
ataaacccgat acgtactttt cgcgcttaag gagaatttca gtg ggt cct cta gtt 115
Val Gly Pro Leu Val

1 5
ggt ttg atc atg ggt tcg gat tcg gat tgg gac act gta gcg cca gct 163
Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp Thr Val Ala Pro Ala

10 15 20
gca gag gta ctc gct gag ttt ggc att cct ttt gaa gtc gga gtt gtc 211
Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe Glu Val Gly Val Val

25 30 35
tct gca cac cgc acc cca gag aag atg ctc aac tac gca aag act gca 259
Ser Ala His Arg Thr Pro Glu Lys Met Leu Asn Tyr Ala Lys Thr Ala

40 45 50
cat gag cgc ggc atc aag acg atc atc gcg tgt gct ggc ggc gct gca 307
His Glu Arg Gly Ile Lys Thr Ile Ile Ala Cys Ala Gly Gly Ala Ala

55 60 65
cac ctg cca ggc atg gtg gct gca gca act cca ctt cca gtc atc ggt 355
His Leu Pro Gly Met Val Ala Ala Ala Thr Pro Leu Pro Val Ile Gly

70 75 80 85
gtt cca cgc gca ttg aag gat ctc gac ggt ttg gat tcc ttg ctg tcc 403
Val Pro Arg Ala Leu Lys Asp Leu Asp Gly Leu Asp Ser Leu Leu Ser

90 95 100
atc gtc cag atg cca ggc ggc gtt cca gtc gcc act gtc tcc atc ggt 451
Ile Val Gln Met Pro Gly Gly Val Pro Val Ala Thr Val Ser Ile Gly

105 110 115
ggc gcg aag aat gca ggc cta ctt gcc gtt cgt att ctc ggt gct ggt 499
Gly Ala Lys Asn Ala Gly Leu Leu Ala Val Arg Ile Leu Gly Ala Gly

120 125 130
gat cct tct ttg gtc acg aag atg gcc gat tac caa gag aat atg gcg 547
Asp Pro Ser Leu Val Thr Lys Met Ala Asp Tyr Gln Glu Asn Met Ala

135 140 145
aag gaa gtt gaa gcc aag gac gaa gca ctg aag aag cgc ttg ctc ggc 595
Lys Glu Val Glu Ala Lys Asp Glu Ala Leu Lys Lys Arg Leu Leu Gly

150 155 160 165
taatgaatcc gatcgtggtg ctg 618

<210> 934

<211> 165

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 934

Val Gly Pro Leu Val Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp
 1 5 10 15
 Thr Val Ala Pro Ala Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe
 20 25 30
 Glu Val Gly Val Val Ser Ala His Arg Thr Pro Glu Lys Met Leu Asn
 35 40
 45
 Tyr Ala Lys Thr Ala His Glu Arg Gly Ile Lys Thr Ile Ile Ala Cys
 50 55 60
 Ala Gly Gly Ala Ala His Leu Pro Gly Met Val Ala Ala Ala Thr Pro
 65 70 75 80

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

Gln Glu Asn Met Ala Lys Glu Val Glu Ala Lys Asp Glu Ala Leu Lys
 145 150 155 160

Lys Arg Leu Leu Gly
 165

<210> 935

<211> 223

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(223)

<223> FRXA02346

<400> 935

aagcatttct ccaacacttt tgaaggacag attaacgctt aaaaggcctg ttatagactg 60
 ataaaccgat acgtaacttt cgcgcttaag gagaatttca gtg ggt cct cta gtt 115
 Val Gly Pro Leu Val

1 5
 ggt ttg atc atg ggt tcg gat tcg gat tgg gac act gta gcg cca gct 163
 Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp Thr Val Ala Pro Ala

10 15 20
 gca gag gta ctc gct gag ttt ggc att cct ttt gaa gtc gga gtt gtc 211
 Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe Glu Val Gly Val Val

25 30 35
 tct gca cac cgc 223
 Ser Ala His Arg

40

<210> 936

<211> 41

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 936

Val Gly Pro Leu Val Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp
 1 5 10 15
 Thr Val Ala Pro Ala Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe
 20 25 30
 Glu Val Gly Val Val Ser Ala His Arg

35 40

<210> 937

<211> 252

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (20)..(229)

<223> FRXA02350

<400> 937

atactaggat ctcgacggt ttg gat tcc ttg ctg tcc atc gtc cag atg cca 52
 Leu Asp Ser Leu Leu Ser Ile Val Gln Met Pro

1 5 10
 ggc ggc gtt cca gtc gcc act gtc tcc atc ggt ggc gcg aag aat gca 100
 Gly Gly Val Pro Val Ala Thr Val Ser Ile Gly Gly Ala Lys Asn Ala

15 20 25
 ggc cta ctt gcc gtt cgt att ctc ggt gct ggt gat cct tct ttg gtc 148
 Gly Leu Leu Ala Val Arg Ile Leu Gly Ala Gly Asp Pro Ser Leu Val

30 35 40
 acg aag atg gcc gat tac caa gag aat atg gcg aag gaa gtt gaa gcc 196
 Thr Lys Met Ala Asp Tyr Gln Glu Asn Met Ala Lys Glu Val Glu Ala

45 50 55
 aag gac gaa gca ctg aag aag cgc ttg ctc ggc taatgaatcc gatcgtggtg 249
 Lys Asp Glu Ala Leu Lys Lys Arg Leu Leu Gly

60 65 70
 ctg 252

<210> 938

<211> 70

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 938

Leu Asp Ser Leu Leu Ser Ile Val Gln Met Pro Gly Gly Val Pro Val
 1 5 10 15
 Ala Thr Val Ser Ile Gly Gly Ala Lys Asn Ala Gly Leu Leu Ala Val
 20 25 30
 Arg Ile Leu Gly Ala Gly Asp Pro Ser Leu Val Thr Lys Met Ala Asp
 35 40

45
 Tyr Gln Glu Asn Met Ala Lys Glu Val Glu Ala Lys Asp Glu Ala Leu
 50 55 60
 Lys Lys Arg Leu Leu Gly

65 70
 <210> 939
 <211> 999
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(976)
 <223> RXA01087
 <400> 939
 ggcccttgcca gagaactcgg ccccgaaggt cttgcttcct accaagaaac ccaaaccatt 60
 tatctctaata ccaaactgca cctatatata aggagtaaaa atg caa acc ctt gct 115
 Met Gln Thr Leu Ala
 1 5
 gct att gtt cgt gcc acg aag caa cct ttt gag atc acc acc att gat 163
 Ala Ile Val Arg Ala Thr Lys Gln Pro Phe Glu Ile Thr Thr Ile Asp
 10 15 20
 ctg gat gca cca cga cca gat gaa gtt caa atc cgt gtt att gct gcc 211
 Leu Asp Ala Pro Arg Pro Asp Glu Val Gln Ile Arg Val Ile Ala Ala
 25 30 35
 gga gtg cgc cac act gac gca att gtt cgt gat cag att tac cca act 259
 Gly Val Arg His Thr Asp Ala Ile Val Arg Asp Gln Ile Tyr Pro Thr
 40 45 50
 ttt ctt ccc gca gtt ttc ggc cac gaa ggc gcc gga gta gtt gtc gcc 307
 Phe Leu Pro Ala Val Phe Gly His Glu Gly Ala Gly Val Val Val Ala
 55 60 65
 gtg ggt tct gca gtc acc tcg gtg aaa cca gat gac aag gta gtg ctg 355
 Val Gly Ser Ala Val Thr Ser Val Lys Pro Asp Asp Lys Val Val Leu
 70 75 80 85
 gga ttc aac tct tgt ggc cag tgc ttg aag tgt ttg ggc ggt aag cct 403
 Gly Phe Asn Ser Cys Gly Gln Cys Leu Lys Cys Leu Gly Gly Lys Pro
 90 95 100
 gcg tac tgt gag aaa ttc tat gac cgc aac ttc gca tgc acc cgc gat 451
 Ala Tyr Cys Glu Lys Phe Tyr Asp Arg Asn Phe Ala Cys Thr Arg Asp
 105 110 115
 gcc ggg cac act act ttg ttt acc cgt gca aca aaa gag cag gca gag 499
 Ala Gly His Thr Thr Leu Phe Thr Arg Ala Thr Lys Glu Gln Ala Glu
 120 125 130
 gcc atc atc gac acc ctt gat gat gtt ttc tac gat gcg gat gcg ggt 547
 Ala Ile Ile Asp Thr Leu Asp Asp Val Phe Tyr Asp Ala Asp Ala Gly
 135 140 145
 ttc ctg gca tac cca gca act ccc cca gag gct tcg gga gta agc gtg 595
 Phe Leu Ala Tyr Pro Ala Thr Pro Pro Glu Ala Ser Gly Val Ser Val
 150 155 160 165

```

ttg gtt gtc gcg gct ggt acc tct gat ctc ccc caa gca aag gaa gca 643
Leu Val Val Ala Ala Gly Thr Ser Asp Leu Pro Gln Ala Lys Glu Ala

      170      175      180
cta cac act gcc tcc tac ttg ggg cgc tcc acc tca ctg att gtt gat 691
Leu His Thr Ala Ser Tyr Leu Gly Arg Ser Thr Ser Leu Ile Val Asp

      185      190      195
ttt gga gtg gct ggc atc cac cgc ctg ctt tca tac gaa gaa gaa ctc 739
Phe Gly Val Ala Gly Ile His Arg Leu Leu Ser Tyr Glu Glu Glu Leu

      200      205      210
cgc gct gcg ggc gtg ctc atc gtt gcc gct gga atg gat ggt gcg cta 787
Arg Ala Ala Gly Val Leu Ile Val Ala Ala Gly Met Asp Gly Ala Leu

      215      220      225
ccc gga gtt gtc gca ggc tta gtg tcc gca cct gtc gtc gca ctg cca 835
Pro Gly Val Val Ala Gly Leu Val Ser Ala Pro Val Val Ala Leu Pro

      230      235      240      245
acc tcc gtg gga tac ggc gca ggt gct gga gga atc gca cca ctt ctg 883
Thr Ser Val Gly Tyr Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ile Ala Pro Leu Leu

      250      255      260
acc atg ctt aac gcc tgc gcg ccg gga gtt gga gtg gtc aac att gat 931
Thr Met Leu Asn Ala Cys Ala Pro Gly Val Gly Val Val Asn Ile Asp

      265      270      275
aac ggc tat gga gca gga cac ctg gct gcg cag att gcg gcg agg 976
Asn Gly Tyr Gly Ala Gly His Leu Ala Ala Gln Ile Ala Ala Arg

      280      285      290
taagggtttc gcaggagacg aac 999
<210> 940
<211> 292
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 940
Met Gln Thr Leu Ala Ala Ile Val Arg Ala Thr Lys Gln Pro Phe Glu
  1           5           10           15
Ile Thr Thr Ile Asp Leu Asp Ala Pro Arg Pro Asp Glu Val Gln Ile
      20      25      30
Arg Val Ile Ala Ala Gly Val Arg
His Thr Asp Ala Ile Val Arg Asp
      35      40      45
Gln Ile Tyr Pro Thr Phe Leu Pro Ala Val Phe Gly His Glu Gly Ala
      50      55      60
Gly Val Val Val Ala Val Gly Ser Ala Val Thr Ser Val Lys Pro Asp
      65      70      75      80

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

```


130 135 140

Asp Ala Asp Ala Gly Phe Leu Ala Tyr Pro Ala Thr Pro Pro Glu Ala
145 150 155 160

Ser Gly Val Ser Val Leu Val Val Ala Ala Gly Thr Ser Asp Leu Pro
165 170 175

Gln Ala Lys Glu Ala Leu His Thr Ala Ser Tyr Leu Gly Arg Ser Thr
180 185 190

Ser Leu Ile Val Asp Phe Gly Val Ala Gly Ile His Arg Leu Leu Ser
195 200 205

Tyr Glu Glu Glu Leu Arg Ala Ala Gly Val Leu Ile Val Ala Ala Gly
210 215 220

Met Asp Gly Ala Leu Pro Gly Val Val Ala Gly Leu Val Ser Ala Pro
225 230 235 240

Val Val Ala Leu Pro Thr Ser Val Gly Tyr Gly Ala Gly Ala Gly Gly
245 250 255

Ile Ala Pro Leu Leu Thr Met Leu Asn Ala Cys Ala Pro Gly Val Gly
260 265 270

Val Val Asn Ile Asp Asn Gly Tyr Gly Ala Gly His Leu Ala Ala Gln
275 280 285

Ile Ala Ala Arg

290

<210> 941

<211> 1551

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1528)

<223> RXA00619

<400> 941

tcaaaggaag acaccattga aggtgtgctgc aaaatcggag aattcatcaa aaaatagcag 60

cgactaggtt agtttcggtt cgtggggaat aataatttgc gtg gct gat aaa aag 115

Val Ala Asp Lys Lys

1 5

aag atc gca aac gtc ctg tcg aac cgt tac gcc tcc gcg gaa ctt tct 163

Lys Ile Ala Asn Val Leu Ser Asn Arg Tyr Ala Ser Ala Glu Leu Ser

10 15 20

aac ctg tgg agt gcc gaa gag aag atc atc atg gag cgc cag ctc tgg 211

Asn Leu Trp Ser Ala Glu Glu Lys Ile Ile Met Glu Arg Gln Leu Trp

25 30 35

atc gcc gtg atg aaa gcc cag aaa gat ttg gga gtt gag atc cct gcc 259

Ile Ala Val Met Lys Ala Gln Lys Asp Leu Gly Val Glu Ile Pro Ala

40 45 50

gag gca att gaa tcc tat gaa gca gtg atc gac cag gtt gat ttg gca 307

Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Glu Ala Val Ile Asp Gln Val Asp Leu Ala

55	60	65	
agc atc gcc gat cgt gag cgc gtc acc cgc cac gat gtg aag gcc cgc	355		
Ser Ile Ala Asp Arg Glu Arg Val Thr Arg His Asp Val Lys Ala Arg			
70	75	80	85
atc gaa gaa ttc aat gca ctg gct ggc cat gag cac atc cac aag ggc	403		
Ile Glu Glu Phe Asn Ala Leu Ala Gly His Glu His Ile His Lys Gly			
90	95	100	
atg acc tcc cgc gac ctc acc gaa aat gtt gaa cag ctg cag atc cac	451		
Met Thr Ser Arg Asp Leu Thr Glu Asn Val Glu Gln Leu Gln Ile His			
105	110	115	
cgc tcc ctt gag ctg gtc cgc aac aag ggc att gca gtt gtt gca gct	499		
Arg Ser Leu Glu Leu Val Arg Asn Lys Gly Ile Ala Val Val Ala Ala			
120	125	130	
atc gga tcc cgc gca gcg cag tac caa agc ctg gtc atg gct ggc cgt	547		
Ile Gly Ser Arg Ala Ala Gln Tyr Gln Ser Leu Val Met Ala Gly Arg			
135	140	145	
tcc cac aac gtg gca gcg cag gca act acc ttg ggc aag cgt ttc gca	595		
Ser His Asn Val Ala Ala Gln Ala Thr Thr Leu Gly Lys Arg Phe Ala			
150	155	160	165
acc gca gct gat gaa atg ctc gtg gca ctt gag cgc gtc acc gaa ctg	643		
Thr Ala Ala Asp Glu Met Leu Val Ala Leu Glu Arg Val Thr Glu Leu			
170	175	180	
ctc aac cgc tac cca ctt cgc gga atc aag ggc cca atg gga acc gcc	691		
Leu Asn Arg Tyr Pro Leu Arg Gly Ile Lys Gly Pro Met Gly Thr Ala			
185	190	195	
caa gac atg ctt gac ctc atg gaa ggc gac gag gct cgt ctc tcc gat	739		
Gln Asp Met Leu Asp Leu Met Glu Gly Asp Glu Ala Arg Leu Ser Asp			
200	205	210	
ctg gaa acc cgc atc gca gca cac ctc ggc ttt gat cgc gtc ttc gac	787		
Leu Glu Thr Arg Ile Ala Ala His Leu Gly Phe Asp Arg Val Phe Asp			
215	220	225	
tcc gtc ggc cag gtc tac cca cgt tcc ctt gac ttc gat gca gta tct	835		
Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp Phe Asp Ala Val Ser			
230	235	240	245
gct ctg gtt cag ctt ggc tcc ggc cca tca tcg ctg tcc cac acc att	883		
Ala Leu Val Gln Leu Gly Ser Gly Pro Ser Ser Leu Ser His Thr Ile			
250	255	260	
cgt ctc atg gcc ggc acc gaa act gtt acc gaa ggt ttt aag gaa ggc	931		
Arg Leu Met Ala Gly Thr Glu Thr Val Thr Glu Gly Phe Lys Glu Gly			
265	270	275	
cag gtc ggt tcc tct gca atg cct cac aag atg aac gct cgc tcc tgt	979		
Gln Val Gly Ser Ser Ala Met Pro His Lys Met Asn Ala Arg Ser Cys			

280	285	290	
gag cgc gtg ggc ggc ctg cag gtt att ctt cgc gga tac ctc acc atg			1027
Glu Arg Val Gly Gly Leu Gln Val Ile Leu Arg Gly Tyr Leu Thr Met			
295	300	305	
gtt gct gat ctt tcc ggc cag cag tgg aac gaa ggc gat gtc ttc tgc			1075
Val Ala Asp Leu Ser Gly Gln Gln Trp Asn Glu Gly Asp Val Phe Cys			
310	315	320	325
tcc gtg atc cgc cgc gtt gca ctg cca gac gca ttc ttc gcg att gac			1123
Ser Val Ile Arg Arg Val Ala Leu Pro Asp Ala Phe Phe Ala Ile Asp			
330	335	340	
gga atg ttt gaa act ttc ctg aca gtc ctg gat gaa ttc ggt gca ttc			1171
Gly Met Phe Glu Thr Phe Leu Thr Val Leu Asp Glu Phe Gly Ala Phe			
345	350	355	
cct gcc atg atc gag cgc gaa ctt gag cgt tac ctg cca ttc ctg gca			1219
Pro Ala Met Ile Glu Arg Glu Leu Glu Arg Tyr Leu Pro Phe Leu Ala			
360	365	370	
act acc cgt atc ctc atg gcc gct gtc cgc gca ggc gtt ggc cgc gaa			1267
Thr Thr Arg Ile Leu Met Ala Ala Val Arg Ala Gly Val Gly Arg Glu			
375	380	385	
acc gca cac gaa gta atc aag gaa aac gct gtc gcg gtt gcc ctc aac			1315
Thr Ala His Glu Val Ile Lys Glu Asn Ala Val Ala Val Ala Leu Asn			
390	395	400	405
atg cgc gaa aat ggc ggt gac cag gac ctt atc cag cgc ctc gct gct			1363
Met Arg Glu Asn Gly Gly Asp Gln Asp Leu Ile Gln Arg Leu Ala Ala			
410	415	420	
gat gag cgc ctc cca atg agc gaa gct gac ctt gag gca gcg ctg gct			1411
Asp Glu Arg Leu Pro Met Ser Glu Ala Asp Leu Glu Ala Ala Leu Ala			
425	430	435	
gac cgc cac gcc ttc atc ggt gcc gct gag tcc cag gtc tcc cgt gtg			1459
Asp Arg His Ala Phe Ile Gly Ala Ala Glu Ser Gln Val Ser Arg Val			
440	445	450	
ctc gac cgc att cag gtg ctt gtc gac gcc cac ccc ggc gcc gca gac			1507
Leu Asp Arg Ile Gln Val Leu Val Asp Ala His Pro Gly Ala Ala Asp			
455	460	465	
tac cga cca ggt gag att ctt taaaggtttt taacggcggtt cac			1551
Tyr Arg Pro Gly Glu Ile Leu			
470	475		
<210> 942			
<211> 476			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 942			
Val Ala Asp Lys Lys Lys Ile Ala Asn Val Leu Ser Asn Arg Tyr Ala			
1	5	10	15

Ser Ala Glu Leu Ser Asn Leu Trp Ser Ala Glu Glu Lys Ile Ile Met
 20 25 30
 Glu Arg Gln Leu Trp Ile Ala Val Met Lys Ala Gln Lys Asp Leu Gly
 35 40 45
 Val Glu Ile Pro Ala Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Glu Ala Val Ile Asp
 50 55 60
 Gln Val Asp Leu Ala Ser Ile Ala Asp Arg Glu Arg Val Thr Arg His
 65 70 75 80
 Asp Val Lys Ala Arg Ile Glu Glu Phe Asn Ala Leu Ala Gly His Glu
 85 90 95
 His Ile His Lys Gly Met Thr Ser Arg Asp Leu Thr Glu Asn Val Glu
 100 105 110
 Gln Leu Gln Ile His Arg Ser Leu Glu Leu Val Arg Asn Lys Gly Ile
 115 120 125
 Ala Val Val Ala Ala Ile Gly Ser Arg Ala Ala Gln Tyr Gln Ser Leu
 130 135 140
 Val Met Ala Gly Arg Ser His Asn Val Ala Ala Gln Ala Thr Thr Leu
 145 150 155 160
 Gly Lys Arg Phe Ala Thr Ala Ala Asp Glu Met Leu Val Ala Leu Glu
 165 170 175
 Arg Val Thr Glu Leu Leu Asn Arg Tyr Pro Leu Arg Gly Ile Lys Gly
 180 185 190
 Pro Met Gly Thr Ala Gln Asp Met Leu Asp Leu Met Glu Gly Asp Glu
 195 200 205
 Ala Arg Leu Ser Asp Leu Glu Thr Arg Ile Ala Ala His Leu Gly Phe
 210 215 220
 Asp Arg Val Phe Asp Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp
 225 230 235 240
 Phe Asp Ala Val Ser Ala Leu Val Gln Leu Gly Ser Gly Pro Ser Ser
 245 250 255
 Leu Ser His Thr Ile Arg Leu Met Ala Gly Thr Glu Thr Val Thr Glu
 260 265 270
 Gly Phe Lys Glu Gly Gln Val Gly Ser Ser Ala Met Pro His Lys Met
 275 280 285
 Asn Ala Arg Ser Cys Glu Arg Val Gly Gly Leu Gln Val Ile Leu Arg
 290 295 300
 Gly Tyr Leu Thr Met Val Ala Asp Leu Ser Gly Gln Gln Trp Asn Glu
 305 310 315 320
 Gly Asp Val Phe Cys Ser Val Ile Arg Arg Val Ala Leu Pro Asp Ala
 325 330 335
 Phe Phe Ala Ile Asp Gly Met Phe Glu Thr Phe Leu Thr Val Leu Asp
 340 345 350
 Glu Phe Gly Ala Phe Pro Ala Met Ile Glu Arg Glu Leu Glu Arg Tyr
 355 360 365
 Leu Pro Phe Leu Ala Thr Thr Arg Ile Leu Met Ala Ala Val Arg Ala
 370 375 380
 Gly Val Gly Arg Glu Thr Ala His Glu Val Ile Lys Glu Asn Ala Val

385	390	395	400
Ala Val Ala Leu Asn Met Arg Glu Asn Gly Gly Asp Gln Asp Leu Ile			
	405	410	415
Gln Arg Leu Ala Ala Asp Glu Arg Leu Pro Met Ser Glu Ala Asp Leu			
	420	425	430
Glu Ala Ala Leu Ala Asp Arg His Ala Phe Ile Gly Ala Ala Glu Ser			
	435	440	445
Gln Val Ser Arg Val Leu Asp Arg Ile Gln Val Leu Val Asp Ala His			
	450	455	460
Pro Gly Ala Ala Asp Tyr Arg Pro Gly Glu Ile Leu			
465	470	475	
<210> 943			
<211> 1683			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1660)			
<223> RXA02622			
<400> 943			
atcaagcagg ttgagcgtaa actcattgta gaagtcctga acagcgtgga attttcgcgt	60		
caggggtggcg tacaactcaa ctggagaggc taaatccttc atg agc gat gat cgt	115		
		Met Ser Asp Asp Arg	
		1	5
aag gca att aaa cgc gca cta att agc gtg tat gac aag act ggc ctg	163		
Lys Ala Ile Lys Arg Ala Leu Ile Ser Val Tyr Asp Lys Thr Gly Leu			
	10	15	20
gag gat cta gcc cag gca ctt cac cgc gag aac gtg gaa att gtt tcc	211		
Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu His Arg Glu Asn Val Glu Ile Val Ser			
	25	30	35
acc gga tcc act gcg gcg aag att gct gag ctt ggt att cct gtt acc	259		
Thr Gly Ser Thr Ala Ala Lys Ile Ala Glu Leu Gly Ile Pro Val Thr			
	40	45	50
ccg gtt gag gag ctc acc ggt ttc cct gag tgc ctt gag ggc cgt gtg	307		
Pro Val Glu Glu Leu Thr Gly Phe Pro Glu Cys Leu Glu Gly Arg Val			
	55	60	65
aag aca ctg cac cct aag gtt cac gct ggc atc ttg gcg gac acc cgc	355		
Lys Thr Leu His Pro Lys Val His Ala Gly Ile Leu Ala Asp Thr Arg			
	70	75	80
aag gaa gac cac ctg cgt cag ctc aag gaa ctt gag gtc gcc cca ttc	403		
Lys Glu Asp His Leu Arg Gln Leu Lys Glu Leu Glu Val Ala Pro Phe			
	90	95	100
cag ctt gtc gtg gtg aac ctg tac cca ttt gct gag acc gtt gcg tcc	451		
Gln Leu Val Val Val Asn Leu Tyr Pro Phe Ala Glu Thr Val Ala Ser			

105	110	115	
ggc gcc gat ttc gat gct tgc gtt gag cag atc gac atc gga ggc cca			499
Gly Ala Asp Phe Asp Ala Cys Val Glu Gln Ile Asp Ile Gly Gly Pro			
120	125	130	
tcc atg gtt cgt gct gcg gca aag aac cac cca tct gtc gct gtg gtt			547
Ser Met Val Arg Ala Ala Ala Lys Asn His Pro Ser Val Ala Val Val			
135	140	145	
gtt tca ccg aac cgc tac gag gat gtc cag gaa gct ttg aag acc ggt			595
Val Ser Pro Asn Arg Tyr Glu Asp Val Gln Glu Ala Leu Lys Thr Gly			
150	155	160	165
gga ttc tcc cgc gcg gag cgc acc aag ttg gct gct gag gct ttc cgc			643
Gly Phe Ser Arg Ala Glu Arg Thr Lys Leu Ala Ala Glu Ala Phe Arg			
170	175	180	
cac acc gca acc tac gat gtc acc gtt gca acc tgg atg agc gag cag			691
His Thr Ala Thr Tyr Asp Val Thr Val Ala Thr Trp Met Ser Glu Gln			
185	190	195	
ctg gct gcc gaa gat tct gag act gag ttc cca ggt tgg atc ggc acc			739
Leu Ala Ala Glu Asp Ser Glu Thr Glu Phe Pro Gly Trp Ile Gly Thr			
200	205	210	
acc aac acc ttg tcc cgc agc ttg cgt tac ggt gag aac cct cac cag			787
Thr Asn Thr Leu Ser Arg Ser Leu Arg Tyr Gly Glu Asn Pro His Gln			
215	220	225	
tct gca gct ttg tac gtg ggc aac acc cgc gga ctt gca cag gct aag			835
Ser Ala Ala Leu Tyr Val Gly Asn Thr Arg Gly Leu Ala Gln Ala Lys			
230	235	240	245
cag ttc cac ggc aag gaa atg agc tac aac aac tac acc gat tct gat			883
Gln Phe His Gly Lys Glu Met Ser Tyr Asn Asn Tyr Thr Asp Ser Asp			
250	255	260	
gct gca tgg cgt gca gcg tgg gat cac gag cgt cct tgt gta gct atc			931
Ala Ala Trp Arg Ala Ala Trp Asp His Glu Arg Pro Cys Val Ala Ile			
265	270	275	
atc aag cat gca aac cct tgt ggc att gct gtt tct gat gag tcc atc			979
Ile Lys His Ala Asn Pro Cys Gly Ile Ala Val Ser Asp Glu Ser Ile			
280	285	290	
gca gcg gca cac cgc gag gca cac gca tgt gac tct gtg tcc gca ttc			1027
Ala Ala Ala His Arg Glu Ala His Ala Cys Asp Ser Val Ser Ala Phe			
295	300	305	
ggt ggc gtc atc gcg tcc aac cgt gaa gtc agc gtt gag atg gct aac			1075
Gly Gly Val Ile Ala Ser Asn Arg Glu Val Ser Val Glu Met Ala Asn			
310	315	320	325
cag gtt gca gag atc ttc act gag gtc atc atc gct cct tcc tat gaa			1123
Gln Val Ala Glu Ile Phe Thr Glu Val Ile Ile Ala Pro Ser Tyr Glu			

330	335	340	
gag ggc gct gtg gag atc ctg agc cag aag aag aac atc cgt att ctt			1171
Glu Gly Ala Val Glu Ile Leu Ser Gln Lys Lys Asn Ile Arg Ile Leu			
345	350	355	
cag gct gaa gca cct gtg cgt aag ggc ttt gag tcc cgt gag atc tcc			1219
Gln Ala Glu Ala Pro Val Arg Lys Gly Phe Glu Ser Arg Glu Ile Ser			
360	365	370	
ggc ggt ctg ctt gtt cag gaa cgc gac ttg atc cac gct gag ggc gac			1267
Gly Gly Leu Leu Val Gln Glu Arg Asp Leu Ile His Ala Glu Gly Asp			
375	380	385	
aac tcc gca aac tgg act ctt gct gcc ggc tct gct gtt tct cct gag			1315
Asn Ser Ala Asn Trp Thr Leu Ala Ala Gly Ser Ala Val Ser Pro Glu			
390	395	400	405
ggt ctg aag gac ctg gag ttc gcg tgg act gca gtt cgt tcc gtg aag			1363
Val Leu Lys Asp Leu Glu Phe Ala Trp Thr Ala Val Arg Ser Val Lys			
410	415	420	
tcc aac gca att ctg ttg gct aag aac ggc gct acc gtt ggc gtt ggc			1411
Ser Asn Ala Ile Leu Leu Ala Lys Asn Gly Ala Thr Val Gly Val Gly			
425	430	435	
atg gga cag gtc aac cgc gtt gac tct gct cgc ttg gct gtc gac cgt			1459
Met Gly Gln Val Asn Arg Val Asp Ser Ala Arg Leu Ala Val Asp Arg			
440	445	450	
gca ggt gca gag cgc gct acc ggt tcc gtt gct gct tcc gat gcg ttc			1507
Ala Gly Ala Glu Arg Ala Thr Gly Ser Val Ala Ala Ser Asp Ala Phe			
455	460	465	
ttc cca ttc gct gat ggc ttt gag gtt ctc gct gag gct ggc atc act			1555
Phe Pro Phe Ala Asp Gly Phe Glu Val Leu Ala Glu Ala Gly Ile Thr			
470	475	480	485
gct gtt gtg cag cct ggt gga tcc att cgc gac aac gag gtc att gag			1603
Ala Val Val Gln Pro Gly Gly Ser Ile Arg Asp Asn Glu Val Ile Glu			
490	495	500	
gca gcc aac aag gct ggc gtg acc atg tac ctg act ggt gcg cga cac			1651
Ala Ala Asn Lys Ala Gly Val Thr Met Tyr Leu Thr Gly Ala Arg His			
505	510	515	
ttc gct cac taaagttttt aaagatttcg ctt			1683
Phe Ala His			
520			
<210> 944			
<211> 520			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 944			
Met Ser Asp Asp Arg Lys Ala Ile Lys Arg Ala Leu Ile Ser Val Tyr			
1	5	10	15

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

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

 Ser Val Ala Val Val Val Ser Pro Asn Arg Tyr Glu Asp Val Gln Glu
 145 150 155 160

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

 Glu Asn Pro His Gln Ser Ala Ala Leu Tyr Val Gly Asn Thr Arg Gly
 225 230 235 240

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

 Ser Val Ser Ala Phe Gly Gly Val Ile Ala Ser Asn Arg Glu Val Ser
 305 310 315 320

 Val Glu Met Ala Asn Gln Val Ala Glu Ile Phe Thr Glu Val Ile Ile
 325 330 335
 Ala Pro Ser Tyr Glu Glu Gly Ala Val Glu Ile Leu Ser Gln Lys Lys
 340 345 350
 Asn Ile Arg Ile Leu Gln Ala Glu Ala Pro Val Arg Lys Gly Phe Glu
 355 360 365
 Ser Arg Glu Ile Ser Gly Gly Leu Leu Val Gln Glu Arg Asp Leu Ile
 370 375 380

 His Ala Glu Gly Asp Asn Ser Ala Asn Trp Thr Leu Ala Ala Gly Ser

aac ctg tct att caa gag cag gca gaa aac gtt gag ctg gtg aag cgt	403
Asn Leu Ser Ile Gln Glu Gln Ala Glu Asn Val Glu Leu Val Lys Arg	
90 95 100	
tct gag tct gga atg gtc act gat cct gtt acc tgt act cct gac atg	451
Ser Glu Ser Gly Met Val Thr Asp Pro Val Thr Cys Thr Pro Asp Met	
105 110 115	
agc atc caa gaa gtg gat gat ctg tgt gca cgc ttc cgc att tcc ggt	499
Ser Ile Gln Glu Val Asp Asp Leu Cys Ala Arg Phe Arg Ile Ser Gly	
120 125 130	
ctg cct gtt gtt gat gag gcc gga aag ttg gtt ggt att tgc acc aac	547
Leu Pro Val Val Asp Glu Ala Gly Lys Leu Val Gly Ile Cys Thr Asn	
135 140 145	
cgc gat atg cgt ttt gaa agc gac atg aac cgt cgt gtc gct gaa gtt	595
Arg Asp Met Arg Phe Glu Ser Asp Met Asn Arg Arg Val Ala Glu Val	
150 155 160 165	
atg acc cca atg cct ttg gtt gtt gct gaa gag ggc gtc acc aag gag	643
Met Thr Pro Met Pro Leu Val Val Ala Glu Glu Gly Val Thr Lys Glu	
170 175 180	
cag gct ctt gct ttg ctg tct gca aac aag gtg gag aag ctt cct atc	691
Gln Ala Leu Ala Leu Leu Ser Ala Asn Lys Val Glu Lys Leu Pro Ile	
185 190 195	
atc gca aag gac ggc aag ctt gtc ggt ctg atc acg gtg aag gac ttc	739
Ile Ala Lys Asp Gly Lys Leu Val Gly Leu Ile Thr Val Lys Asp Phe	
200 205 210	
gtt aag act gag cag cac ccg aac gca tcc aag gat gca tca ggt cgt	787
Val Lys Thr Glu Gln His Pro Asn Ala Ser Lys Asp Ala Ser Gly Arg	
215 220 225	
ctg ctg gtt gcg gct ggc atc ggc acg ggc gag gag tca ttc cag cga	835
Leu Leu Val Ala Ala Gly Ile Gly Thr Gly Glu Glu Ser Phe Gln Arg	
230 235 240 245	
gct ggt gcg ctt gcc gac gcc ggc gtc gac att ttg gtc gta gac tct	883
Ala Gly Ala Leu Ala Asp Ala Gly Val Asp Ile Leu Val Val Asp Ser	
250 255 260	
gca cac gcc cat agc cgt gga gtt ttg gac atg gtg tcc cgc gtg aag	931
Ala His Ala His Ser Arg Gly Val Leu Asp Met Val Ser Arg Val Lys	
265 270 275	
aag tcg ttc ccc aag gtc gat atc gtt ggc ggc aac ttg gcg acc cgc	979
Lys Ser Phe Pro Lys Val Asp Ile Val Gly Gly Asn Leu Ala Thr Arg	
280 285 290	
gag gct gcg cag gcc atg att gaa gct ggc gca gac gct atc aag gtg	1027
Glu Ala Ala Gln Ala Met Ile Glu Ala Gly Ala Asp Ala Ile Lys Val	
295 300 305	

ggt att ggc cca ggt tct att tgc acc act cgc gtt gtc gca ggt gtc 1075
 Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile Cys Thr Thr Arg Val Val Ala Gly Val

 310 315 320 325
 ggt gca cct cag atc act gcg atc atg gag gca gct gtt cca gct cac 1123
 Gly Ala Pro Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala Ala Val Pro Ala His

 330 335 340
 aag gct ggc gtt cct atc atc gcc gat ggc ggc atg cag ttc tct ggt 1171
 Lys Ala Gly Val Pro Ile Ile Ala Asp Gly Gly Met Gln Phe Ser Gly

 345 350 355
 gat atc gct aag gct ttg gct gct ggc gct aac tcc gtg atg ctg ggc 1219
 Asp Ile Ala Lys Ala Leu Ala Ala Gly Ala Asn Ser Val Met Leu Gly

 360 365 370
 tcc atg ctg gct ggt acc gct gag gct cct ggt gag acc atc acc atc 1267
 Ser Met Leu Ala Gly Thr Ala Glu Ala Pro Gly Glu Thr Ile Thr Ile

 375 380 385
 aac ggc aag cag tac aag cgt tac cgc ggc atg ggc tcc atg ggc gct 1315
 Asn Gly Lys Gln Tyr Lys Arg Tyr Arg Gly Met Gly Ser Met Gly Ala

 390 395 400 405
 atg cag ggc cgt gga ctt agt ggt gag aag cgt tcc tac tcc aag gac 1363
 Met Gln Gly Arg Gly Leu Ser Gly Glu Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Asp

 410 415 420
 cgt tac ttc cag tct gac gtt aag agc gaa gac aag ctc gtt cca gaa 1411
 Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Val Lys Ser Glu Asp Lys Leu Val Pro Glu

 425 430 435
 ggc atc gaa ggt cgc gtg cct ttc cgc ggt ccc atc gga gac atc att 1459
 Gly Ile Glu Gly Arg Val Pro Phe Arg Gly Pro Ile Gly Asp Ile Ile

 440 445 450
 cac cag cag gtc ggt gga ctt cgt gca gca atg ggc tac acc ggt tcc 1507
 His Gln Gln Val Gly Gly Leu Arg Ala Ala Met Gly Tyr Thr Gly Ser

 455 460 465
 tcc acc att gaa gag ctg cac aac gct cgt ttc gtg cag atc acc agc 1555
 Ser Thr Ile Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe Val Gln Ile Thr Ser

 470 475 480 485
 gcg ggt ctg aag gaa tcc cac ccg cac cac atc cag cag act gtg gaa 1603
 Ala Gly Leu Lys Glu Ser His Pro His His Ile Gln Gln Thr Val Glu

 490 495 500
 gct cct aac tac cac tagattttgc tcacttaaac agc 1641
 Ala Pro Asn Tyr His

 505
 <210> 946
 <211> 506
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 946

```

Met Thr Thr Gln Ser Arg Val Ser Thr Gly Gly Asp Asn Pro Asn Lys
  1           5           10           15
Val Ala Leu Val Gly Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu Leu Pro Asp
      20           25           30
Ala Ser Asp Val Val Pro Ser Glu Val Asp Thr Ser Thr Gln Leu Thr
      35           40           45
Arg Asn
Ile Arg Leu Asn Thr Pro Ile Leu Ser Ala Ala Met Asp Thr
      50           55           60
Val Thr Glu Ala Arg Met Ala Ile Gly Met Ala Arg His Gly Gly Ile
      65           70           75           80

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

Gly Ile Cys Thr Asn Arg Asp Met Arg Phe Glu Ser Asp Met Asn Arg
      145          150          155          160

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

Asp Ala Ser Gly Arg Leu Leu Val Ala Ala Gly Ile Gly Thr Gly Glu
      225          230          235          240

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

Asp Ala Ile Lys Val Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile Cys Thr Thr Arg
      305          310          315          320

Val Val Ala Gly Val Gly Ala Pro Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala
      325          330          335
Ala Val Pro Ala His Lys Ala Gly Val Pro Ile Ile Ala Asp Gly Gly
      340          345          350
Met Gln Phe Ser Gly Asp Ile Ala Lys Ala Leu Ala Ala Gly Ala Asn
      355          360          365
Ser Val Met Leu Gly Ser Met Leu Ala Gly Thr Ala Glu Ala Pro Gly
      370          375          380

```

Glu Thr Ile Thr Ile Asn Gly Lys Gln Tyr Lys Arg Tyr Arg Gly Met
385 390 395 400

Gly Ser Met Gly Ala Met Gln Gly Arg Gly Leu Ser Gly Glu Lys Arg
405 410 415
Ser Tyr Ser Lys Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Val Lys Ser Glu Asp
420 425 430
Lys Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu Gly Arg Val Pro Phe Arg Gly Pro
435 440 445
Ile Gly Asp Ile Ile His Gln Gln Val Gly Gly Leu Arg Ala Ala Met
450 455 460

Gly Tyr Thr Gly Ser Ser Thr Ile Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe
465 470 475 480

Val Gln Ile Thr Ser Ala Gly Leu Lys Glu Ser His Pro His His Ile
485 490 495
Gln Gln Thr Val Glu Ala Pro Asn Tyr His

500 505

<210> 947

<211> 574

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(574)

<223> FRXA00492

<400> 947

gttgtggaat agcgtgtgag ctgcagcggg tatccgattt aaggacaagc tactaaagtt 60
tagataattg tggacacact atgaggagga actgtcgcac atg aca acc cag agc 115
Met Thr Thr Gln Ser

1 5

cga gtt tct acc gga gga gac aac cca aac aag gtt gcc ctt gtt gga 163
Arg Val Ser Thr Gly Gly Asp Asn Pro Asn Lys Val Ala Leu Val Gly

10 15 20

tta acc ttt gat gac gta ctt ttg ctt cca gat gcg tcg gac gtt gtt 211
Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu Leu Pro Asp Ala Ser Asp Val Val

25 30 35

cct tca gag gta gat acc tcg acg cag tta aca cgt aat att cgc ctt 259
Pro Ser Glu Val Asp Thr Ser Thr Gln Leu Thr Arg Asn Ile Arg Leu

40 45 50

aac acc cct att ctt tct gcc gca atg gat act gtc acc gag gct cgc 307
Asn Thr Pro Ile Leu Ser Ala Ala Met Asp Thr Val Thr Glu Ala Arg

55 60 65

atg gct atc ggc atg gca cgc cat ggc ggc att ggt gtt ttg cac cgc 355
Met Ala Ile Gly Met Ala Arg His Gly Gly Ile Gly Val Leu His Arg

70 75 80 85

aac ctg tct att caa gag cag gca gaa aac gtt gag ctg gtg aag cgt 403
Asn Leu Ser Ile Gln Glu Gln Ala Glu Asn Val Glu Leu Val Lys Arg

90 95 100
tct gag tct gga atg gtc act gat cct gtt acc tgt act cct gac atg 451
Ser Glu Ser Gly Met Val Thr Asp Pro Val Thr Cys Thr Pro Asp Met

105 110 115
agc atc caa gaa gtg gat gat ctg tgt gca cgc ttc cgc att tcc ggt 499
Ser Ile Gln Glu Val Asp Asp Leu Cys Ala Arg Phe Arg Ile Ser Gly

120 125 130
ctg cct gtt gtt gat gag gcc gga aag ttg gtt ggt att tgc acc aac 547
Leu Pro Val Val Asp Glu Ala Gly Lys Leu Val Gly Ile Cys Thr Asn

135 140 145
cgc gat atg cgt ttt gaa agc gac atg 574
Arg Asp Met Arg Phe Glu Ser Asp Met

150 155
<210> 948
<211> 158
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 948
Met Thr Thr Gln Ser Arg Val Ser Thr Gly Gly Asp Asn Pro Asn Lys
1 5 10 15
Val Ala Leu Val Gly Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu Leu Pro Asp
20 25 30
Ala Ser Asp Val Val Pro Ser Glu Val Asp Thr Ser Thr Gln Leu Thr
35 40 45

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

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

Gly Ile Cys Thr Asn Arg Asp Met Arg Phe Glu Ser Asp Met

145 150 155
<210> 949
<211> 557
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(534)

<223> FRXA00488

<400> 949

cag atc act gcg atc atg gag gca gct gtt cca gct cac aag gct ggc 48
Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala Ala Val Pro Ala His Lys Ala Gly

1 5 10 15
gtt cct atc atc gcc gat ggc ggc atg cag ttc tct ggt gat atc gct 96
Val Pro Ile Ile Ala Asp Gly Gly Met Gln Phe Ser Gly Asp Ile Ala

20 25 30
aag gct ttg gct gct ggc gct aac tcc gtg atg ctg ggc tcc atg ctg 144
Lys Ala Leu Ala Ala Gly Ala Asn Ser Val Met Leu Gly Ser Met Leu

35 40 45
gct ggt acc gct gag gct cct ggt gag acc atc acc atc aac ggc aag 192
Ala Gly Thr Ala Glu Ala Pro Gly Glu Thr Ile Thr Ile Asn Gly Lys

50 55 60
cag tac aag cgt tac cgc ggc atg ggc tcc atg ggc gct atg cag ggc 240
Gln Tyr Lys Arg Tyr Arg Gly Met Gly Ser Met Gly Ala Met Gln Gly

65 70 75 80
cgt gga ctt agt ggt gag aag cgt tcc tac tcc aag gac cgt tac ttc 288
Arg Gly Leu Ser Gly Glu Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Asp Arg Tyr Phe

85 90 95
cag tct gac gtt aag agc gaa gac aag ctc gtt cca gaa ggc atc gaa 336
Gln Ser Asp Val Lys Ser Glu Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu

100 105 110
ggt cgc gtg cct ttc cgc ggt ccc atc gga gac atc att cac cag cag 384
Gly Arg Val Pro Phe Arg Gly Pro Ile Gly Asp Ile Ile His Gln Gln

115 120 125
gtc ggt gga ctt cgt gca gca atg ggc tac acc ggt tcc tcc acc att 432
Val Gly Gly Leu Arg Ala Ala Met Gly Tyr Thr Gly Ser Ser Thr Ile

130 135 140
gaa gag ctg cac aac gct cgt ttc gtg cag atc acc agc gcg ggt ctg 480
Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe Val Gln Ile Thr Ser Ala Gly Leu

145 150 155 160
aag gaa tcc cac ccg cac cac atc cag cag act gtg gaa gct cct aac 528
Lys Glu Ser His Pro His His Ile Gln Gln Thr Val Glu Ala Pro Asn

165 170 175
tac cac tagattttgc tcacttaaagc agc 557
Tyr His

<210> 950

<211> 178

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 950

Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala Ala Val Pro Ala His Lys Ala Gly

1 5 10 15

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

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

Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe Val Gln Ile Thr Ser Ala Gly Leu
145 150 155 160

Lys Glu Ser His Pro His His Ile Gln Gln Thr Val Glu Ala Pro Asn
165 170 175
Tyr His

<210> 951
<211> 1554
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1531)
<223> RXA02469
<400> 951
cgtcgaaaag cagtagtaaa gcagcaggaa ggtggtggaa agagcaattg aggtaccctt 60
gccgtgttca gggataactg attaatcaac taggagaccc atg cgt ttt ctt aac 115
Met Arg Phe Leu Asn

1 5
aat tcc aat ccg ccc tat gag ctg aca tat tcc gat gtg ttt atg gtg 163
Asn Ser Asn Pro Pro Tyr Glu Leu Thr Tyr Ser Asp Val Phe Met Val

10 15 20
cct tcg cgt tct gac gta ggc tcc cgc atg tcc gtg gat ctg cgc acc 211
Pro Ser Arg Ser Asp Val Gly Ser Arg Met Ser Val Asp Leu Arg Thr

25 30 35
aat gac gga act gga aca acc atc ccg ctc gtt gtg gca aac atg act 259
Asn Asp Gly Thr Gly Thr Thr Ile Pro Leu Val Val Ala Asn Met Thr

40 45 50
gct gtt gct ggc cga cgc atg gct gag acc att gcg cgc cgc ggt ggc 307
Ala Val Ala Gly Arg Arg Met Ala Glu Thr Ile Ala Arg Arg Gly Gly

55	60	65	
atg gcg att ctt ccg cag gat gtg ccc gcc gat att gct gca gag act	355		
Met Ala Ile Leu Pro Gln Asp Val Pro Ala Asp Ile Ala Ala Glu Thr			
70	75	80	85
atc gcg aat gtg aag aaa gcg gac ctg gtt ttt gat acc cca att acc	403		
Ile Ala Asn Val Lys Lys Ala Asp Leu Val Phe Asp Thr Pro Ile Thr			
90	95	100	
gta aaa ccg cac cac acc gtg ggt tat gca cgc aac ttg atc cac aag	451		
Val Lys Pro His His Thr Val Gly Tyr Ala Arg Asn Leu Ile His Lys			
105	110	115	
cgt gcg cac ggt gca gcc att gtt ttg gag ggc gat cag ccg gtc ggc	499		
Arg Ala His Gly Ala Ala Ile Val Leu Glu Gly Asp Gln Pro Val Gly			
120	125	130	
atc gtc acc gac aag gac ctc gaa ggc gca gac aac ttc act cag gtg	547		
Ile Val Thr Asp Lys Asp Leu Glu Gly Ala Asp Asn Phe Thr Gln Val			
135	140	145	
ggc acc ctc atg tcc acc tcc cta ttg acg ctg cct gag gat att tcc	595		
Gly Thr Leu Met Ser Thr Ser Leu Leu Thr Leu Pro Glu Asp Ile Ser			
150	155	160	165
ccc gaa gac gcc ttc gga atc ctc cac gaa cac agc cgc aaa ctc gcc	643		
Pro Glu Asp Ala Phe Gly Ile Leu His Glu His Ser Arg Lys Leu Ala			
170	175	180	
ccc gtc gtc gcg gct gac ggc tca ctc cgc ggc atc ctc acc cgc acc	691		
Pro Val Val Ala Ala Asp Gly Ser Leu Arg Gly Ile Leu Thr Arg Thr			
185	190	195	
ggc gcc ctg cgc gcc acc atg tac aag ccg gct atc gac gcc aac ggc	739		
Gly Ala Leu Arg Ala Thr Met Tyr Lys Pro Ala Ile Asp Ala Asn Gly			
200	205	210	
cgc ctg cga gtc ggc gcc gcc atc ggc atc aac ggc gac atc gaa gga	787		
Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Ile Gly Ile Asn Gly Asp Ile Glu Gly			
215	220	225	
cgc acc aaa acg ctt ctc gac gcc ggc gcc gac gtt cta gtc gtc gac	835		
Arg Thr Lys Thr Leu Leu Asp Ala Gly Ala Asp Val Leu Val Val Asp			
230	235	240	245
aca gca cac ggc cac caa tcc acc atg atc agc gcc ctc aaa cgc atc	883		
Thr Ala His Gly His Gln Ser Thr Met Ile Ser Ala Leu Lys Arg Ile			
250	255	260	
cgc gca ctc gac gtc aac gtc ccc atc gtt gct ggc aac gtg gtc acc	931		
Arg Ala Leu Asp Val Asn Val Pro Ile Val Ala Gly Asn Val Val Thr			
265	270	275	
gcc gat ggt gtc cgc gac cta gtt gaa gca ggc gca aac atc atc aag	979		
Ala Asp Gly Val Arg Asp Leu Val Glu Ala Gly Ala Asn Ile Ile Lys			

280	285	290	
gta ggc gtt gga cca ggc gca atg tgc acc acc cgc atg caa acc ggc			1027
Val Gly Val Gly Pro Gly Ala Met Cys Thr Thr Arg Met Gln Thr Gly			
295	300	305	
gtt ggc cga cca cag ttc tcc gca gtg ctg gaa tgc gca gcc gaa gcc			1075
Val Gly Arg Pro Gln Phe Ser Ala Val Leu Glu Cys Ala Ala Glu Ala			
310	315	320	325
cgc aaa ctc ggc gca cac gta tgg gca gac ggc gga gtc cgc gac ccc			1123
Arg Lys Leu Gly Ala His Val Trp Ala Asp Gly Gly Val Arg Asp Pro			
330	335	340	
cgc gac gtc gcc ctg gca ctc gca gct ggc gcc tcc aac gtg atg gtc			1171
Arg Asp Val Ala Leu Ala Leu Ala Ala Gly Ala Ser Asn Val Met Val			
345	350	355	
gga tcc tgg ttc tcc gga acc tac gaa tcc ccc ggc gac ctc cgc ttc			1219
Gly Ser Trp Phe Ser Gly Thr Tyr Glu Ser Pro Gly Asp Leu Arg Phe			
360	365	370	
gaa tcc gac gga cgc atg tac aaa gaa tcc ttc ggt atg gca tcc cgg			1267
Glu Ser Asp Gly Arg Met Tyr Lys Glu Ser Phe Gly Met Ala Ser Arg			
375	380	385	
cgc gcc gtg gaa agc cga aac caa aag gtc gaa gct ttc gaa aaa gca			1315
Arg Ala Val Glu Ser Arg Asn Gln Lys Val Glu Ala Phe Glu Lys Ala			
390	395	400	405
cgc cgc gca atg ttc gaa gaa ggc atc tcc act gcc cgc atc tac att			1363
Arg Arg Ala Met Phe Glu Glu Gly Ile Ser Thr Ala Arg Ile Tyr Ile			
410	415	420	
gac aaa cgc cac ggc gga gtc gag gac ctg gta gat caa atc atc tcc			1411
Asp Lys Arg His Gly Gly Val Glu Asp Leu Val Asp Gln Ile Ile Ser			
425	430	435	
ggt gtc cgc tcc tca ttc acc tac gca ggc gcc gat tcg att gaa acc			1459
Gly Val Arg Ser Ser Phe Thr Tyr Ala Gly Ala Asp Ser Ile Glu Thr			
440	445	450	
ttc ttc gaa cgc gcc acc gtc gga gtt caa tcc acc gaa ggc tac gca			1507
Phe Phe Glu Arg Ala Thr Val Gly Val Gln Ser Thr Glu Gly Tyr Ala			
455	460	465	
gaa gga aag cca cgc gct tcg cgt taagtgttgt tgtgcctttg aga			1554
Glu Gly Lys Pro Arg Ala Ser Arg			
470	475		
<210> 952			
<211> 477			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 952			
Met Arg Phe Leu Asn Asn Ser Asn Pro Pro Tyr Glu Leu Thr Tyr Ser			
1	5	10	15

Asp Val Phe Met Val Pro Ser Arg Ser Asp Val Gly Ser Arg Met Ser
 20 25 30
 Val Asp Leu Arg Thr Asn Asp Gly Thr Gly Thr Thr Ile Pro Leu Val
 35 40 45
 Val Ala Asn Met Thr Ala Val Ala Gly Arg Arg Met Ala Glu Thr Ile
 50 55 60
 Ala Arg Arg Gly Gly Met Ala Ile Leu Pro Gln Asp Val Pro Ala Asp
 65 70 75 80
 Ile Ala Ala Glu Thr Ile Ala Asn Val Lys Lys Ala Asp Leu Val Phe
 85 90 95
 Asp Thr Pro Ile Thr Val Lys Pro His His Thr Val Gly Tyr Ala Arg
 100 105 110
 Asn Leu Ile His Lys Arg Ala His Gly Ala Ala Ile Val Leu Glu Gly
 115 120 125
 Asp Gln Pro Val Gly Ile Val Thr Asp Lys Asp Leu Glu Gly Ala Asp
 130 135 140
 Asn Phe Thr Gln Val Gly Thr Leu Met Ser Thr Ser Leu Leu Thr Leu
 145 150 155 160
 Pro Glu Asp Ile Ser Pro Glu Asp Ala Phe Gly Ile Leu His Glu His
 165 170 175
 Ser Arg Lys Leu Ala Pro Val Val Ala Ala Asp Gly Ser Leu Arg Gly
 180 185 190
 Ile Leu Thr Arg Thr Gly Ala Leu Arg Ala Thr Met Tyr Lys Pro Ala
 195 200 205
 Ile Asp Ala Asn Gly Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Ile Gly Ile Asn
 210 215 220
 Gly Asp Ile Glu Gly Arg Thr Lys Thr Leu Leu Asp Ala Gly Ala Asp
 225 230 235 240
 Val Leu Val Val Asp Thr Ala His Gly His Gln Ser Thr Met Ile Ser
 245 250 255
 Ala Leu Lys Arg Ile Arg Ala Leu Asp Val Asn Val Pro Ile Val Ala
 260 265 270
 Gly Asn Val Val Thr Ala Asp Gly Val Arg Asp Leu Val Glu Ala Gly
 275 280 285
 Ala Asn Ile Ile Lys Val Gly Val Gly Pro Gly Ala Met Cys Thr Thr
 290 295 300
 Arg Met Gln Thr Gly Val Gly Arg Pro Gln Phe Ser Ala Val Leu Glu
 305 310 315 320
 Cys Ala Ala Glu Ala Arg Lys Leu Gly Ala His Val Trp Ala Asp Gly
 325 330 335
 Gly Val Arg Asp Pro Arg Asp Val Ala Leu Ala Leu Ala Ala Gly Ala
 340 345 350
 Ser Asn Val Met Val Gly Ser Trp Phe Ser Gly Thr Tyr Glu Ser Pro
 355 360 365
 Gly Asp Leu Arg Phe Glu Ser Asp Gly Arg Met Tyr Lys Glu Ser Phe
 370 375 380
 Gly Met Ala Ser Arg Arg Ala Val Glu Ser Arg Asn Gln Lys Val Glu

385	390	395	400
Ala Phe Glu Lys	Ala Arg Arg Ala Met	Phe Glu Glu Gly	Ile Ser Thr
	405	410	415
Ala Arg Ile Tyr	Ile Asp Lys Arg His	Gly Gly Val Glu	Asp Leu Val
	420	425	430
Asp Gln Ile Ile	Ser Gly Val Arg Ser	Ser Phe Thr Tyr	Ala Gly Ala
	435	440	445
Asp Ser Ile Glu	Thr Phe Phe Glu Arg	Ala Thr Val Gly	Val Gln Ser
	450	455	460
Thr Glu Gly Tyr	Ala Glu Gly Lys Pro	Arg Ala Ser Arg	
465	470	475	
<210> 953			
<211> 1692			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1669)			
<223> RXN00487			
<400> 953			
agggcgccag gggcatccag ccattaaagc ttttcgacga gccctcgccc atgtggccaa	60		
agaatcttat ttggaggctc gtctagtaga gtgagttctt gtg agc ctt cag aca	115		
		Val Ser Leu Gln Thr	
		1	5
aat cat cgc cca gta ctc gtc gtt gac ttc ggc gca cag tac gcg cag	163		
Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly Ala Gln Tyr Ala Gln			
	10	15	20
ctg atc gca cgt cgt gtg cgt gag gcc ggc atc tac tcc gaa gtc atc	211		
Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile Tyr Ser Glu Val Ile			
	25	30	35
ccg cac acc gcc acc gca gac gat gtg cgc gct aaa aat gca gca gcc	259		
Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala Lys Asn Ala Ala Ala			
	40	45	50
ctc gtc ctt tcc ggt ggc cca tcc tcc gtg tat gcc gag gga gca cca	307		
Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr Ala Glu Gly Ala Pro			
	55	60	65
tcc ctt gac gct gag att ctt gat ctc gga ttg cca gta ttt ggc att	355		
Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu Pro Val Phe Gly Ile			
	70	75	80
tgc tac ggc ttc caa gcc atg acc cac gcg ctt ggt ggc acc gtt gcc	403		
Cys Tyr Gly Phe Gln Ala Met Thr His Ala Leu Gly Gly Thr Val Ala			
	90	95	100
aac acc ggt aag cgc gaa tac gga cgc acc gac atc aac gtt gcc ggt	451		
Asn Thr Gly Lys Arg Glu Tyr Gly Arg Thr Asp Ile Asn Val Ala Gly			

105	110	115	
ggc gtc ctc cac gaa ggc ctc gaa gcc tgc cac aag gtg tgg atg agc			499
Gly Val Leu His Glu Gly Leu Glu Ala Cys His Lys Val Trp Met Ser			
120	125	130	
cac ggc gac gcc gtc tct gaa gcc cca gaa ggt ttc gta gtc acc gcg			547
His Gly Asp Ala Val Ser Glu Ala Pro Glu Gly Phe Val Val Thr Ala			
135	140	145	
tcc tcc gaa ggt gcg cct gtc gca gct ttc gaa aac aag gaa cgc aaa			595
Ser Ser Glu Gly Ala Pro Val Ala Ala Phe Glu Asn Lys Glu Arg Lys			
150	155	160	165
atg gct ggc gtg cag tac cac cca gag gta ttg cac tca cca cac ggc			643
Met Ala Gly Val Gln Tyr His Pro Glu Val Leu His Ser Pro His Gly			
170	175	180	
cag gca gtt ctg acc cgc ttc ctc act gag atc gca ggt cta gag cag			691
Gln Ala Val Leu Thr Arg Phe Leu Thr Glu Ile Ala Gly Leu Glu Gln			
185	190	195	
aac tgg acc gca gca aac atc gct gaa gaa ctc atc gaa aag gtc cgc			739
Asn Trp Thr Ala Ala Asn Ile Ala Glu Glu Leu Ile Glu Lys Val Arg			
200	205	210	
gag cag atc ggc gaa gat ggc cgc gct att tgt ggc cta tcc ggt ggt			787
Glu Gln Ile Gly Glu Asp Gly Arg Ala Ile Cys Gly Leu Ser Gly Gly			
215	220	225	
gtg gac tcc gct gtt gcc ggt gct ttg gtg cag cgc gcc att ggt gac			835
Val Asp Ser Ala Val Ala Gly Ala Leu Val Gln Arg Ala Ile Gly Asp			
230	235	240	245
cgt ttg acc tgt gtc ttt gtt gac cac ggt ctg ctg cgt gcc ggt gag			883
Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu Leu Arg Ala Gly Glu			
250	255	260	
cgc gag cag gtg gaa aaa gac ttc gtc gca gca acc ggc gcc aag ctg			931
Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala Thr Gly Ala Lys Leu			
265	270	275	
gtt acc gtt gat gag cgc cag gca ttc cta tcc aag ctg gcc gga gtt			979
Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser Lys Leu Ala Gly Val			
280	285	290	
acc gaa cca gaa gca aag cgc aag gct atc ggc gct gag ttc atc cgc			1027
Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly Ala Glu Phe Ile Arg			
295	300	305	
tcc ttc gag cgc gca gtt gcc ggt gtg ctg gaa gaa gct cca gaa ggt			1075
Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu Glu Ala Pro Glu Gly			
310	315	320	325
tcc acc gtg gac ttc ctg gtt cag ggc acc ctg tac cca gac gtc gtg			1123
Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu Tyr Pro Asp Val Val			

330	335	340	
gaa tcc ggt ggt gga tct ggt acc gca aac atc aag agc cac cac aac			1171
Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile Lys Ser His His Asn			
345	350	355	
gtc ggt gga ctg cca gac gat gtg gaa ttc aag ctt gtt gag cca ctg			1219
Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys Leu Val Glu Pro Leu			
360	365	370	
cgt gac ctc ttc aaa gac gaa gtc cgt gcc gtt ggc cgt gaa ctt ggc			1267
Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val Gly Arg Glu Leu Gly			
375	380	385	
ctg cct gag gaa atc gtt ggc cgc cag cca ttc cca gga cca gga ctt			1315
Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe Pro Gly Pro Gly Leu			
390	395	400	405
ggt atc cgc atc atc ggt gaa gtc acc gaa gat cgc cta gaa acc ctc			1363
Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp Arg Leu Glu Thr Leu			
410	415	420	
cgc cac gct gac ctg atc gcc cgc acc gag ctc acc gaa gcc gga ctt			1411
Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu Thr Glu Ala Gly Leu			
425	430	435	
gac ggc gtg atc tgg cag tgc cca gta gtc ctc ctg gca gat gtc cgc			1459
Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu Leu Ala Asp Val Arg			
440	445	450	
tct gtt ggt gtt caa ggc gat ggc cgc acc tac gga cac cca atc gtg			1507
Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg Thr Tyr Gly His Pro Ile Val			
455	460	465	
ctg cgc cca gtg tct tcc gaa gac gca atg acc gcc gac tgg acc cgc			1555
Leu Arg Pro Val Ser Ser Glu Asp Ala Met Thr Ala Asp Trp Thr Arg			
470	475	480	485
ctg cca tac gag gtt ctg gag aag atc tcc acc cgc atc acc aac gaa			1603
Leu Pro Tyr Glu Val Leu Glu Lys Ile Ser Thr Arg Ile Thr Asn Glu			
490	495	500	
gtt cca gat gtg aac cgc gtg gtg ctg gac gta acc tcc aag cca cca			1651
Val Pro Asp Val Asn Arg Val Val Leu Asp Val Thr Ser Lys Pro Pro			
505	510	515	
gga acc atc gaa tgg gag taggccttaa atgagccttc gtt			1692
Gly Thr Ile Glu Trp Glu			
520			
<210> 954			
<211> 523			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 954			
Val Ser Leu Gln Thr Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly			
1	5	10	15

Ala Gln Tyr Ala Gln Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile
20 25 30
Tyr Ser Glu Val Ile Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala
35 40 45
Lys
Asn Ala Ala Ala Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr
50 55 60
Ala Glu Gly Ala Pro Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu
65 70 75 80
Pro Val Phe Gly Ile Cys Tyr Gly Phe Gln Ala Met Thr His Ala Leu
85 90 95
Gly Gly Thr Val Ala Asn Thr Gly Lys Arg Glu Tyr Gly Arg Thr Asp
100 105 110
Ile Asn Val Ala Gly Gly Val Leu His Glu Gly Leu Glu Ala Cys His
115 120 125
Lys Val Trp Met Ser His Gly Asp Ala Val Ser Glu Ala Pro Glu Gly
130 135 140
Phe Val Val Thr Ala Ser Ser Glu Gly Ala Pro Val Ala Ala Phe Glu
145 150 155 160
Asn Lys Glu Arg Lys Met Ala Gly Val Gln Tyr His Pro Glu Val Leu
165 170 175
His Ser Pro His Gly Gln Ala Val Leu Thr Arg Phe Leu Thr Glu Ile
180 185 190
Ala Gly Leu Glu Gln Asn Trp Thr Ala Ala Asn Ile Ala Glu Glu Leu
195 200 205
Ile Glu Lys Val Arg Glu Gln Ile Gly Glu Asp Gly Arg Ala Ile Cys
210 215 220
Gly Leu Ser Gly Gly Val Asp Ser Ala Val Ala Gly Ala Leu Val Gln
225 230 235 240
Arg Ala Ile Gly Asp Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu
245 250 255
Leu Arg Ala Gly Glu Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala
260 265 270
Thr Gly Ala Lys Leu Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser
275 280 285
Lys Leu Ala Gly Val Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly
290 295 300
Ala Glu Phe Ile Arg Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu
305 310 315 320
Glu Ala Pro Glu Gly Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu
325 330 335
Tyr Pro Asp Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile
340 345 350
Lys Ser His His Asn Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys
355 360 365
Leu Val Glu Pro Leu Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val
370 375 380
Gly Arg Glu Leu Gly Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe

385	390	395	400
Pro Gly Pro Gly Leu Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp			
	405	410	415
Arg Leu Glu Thr Leu Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu			
	420	425	430
Thr Glu Ala Gly Leu Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu			
	435	440	445
Leu Ala Asp Val Arg Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg Thr Tyr			
	450	455	460
Gly His Pro Ile Val Leu Arg Pro Val Ser Ser Glu Asp Ala Met Thr			
465	470	475	480
Ala Asp Trp Thr Arg Leu Pro Tyr Glu Val Leu Glu Lys Ile Ser Thr			
	485	490	495
Arg Ile Thr Asn Glu Val Pro Asp Val Asn Arg Val Val Leu Asp Val			
	500	505	510
Thr Ser Lys Pro Pro Gly Thr Ile Glu Trp Glu			
	515	520	
<210>	955		
<211>	1486		
<212>	DNA		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(101)..(1486)		
<223>	FRXA00487		
<400>	955		
agggcgccag gggcatccag ccattaaagc ttttcgacga gccctcgccc atgtggccaa	60		
agaatcttat ttggaggctc gtctagtaga gtgagttctt gtg agc ctt cag aca	115		
	Val Ser Leu Gln Thr		
		1	5
aat cat cgc cca gta ctc gtc gtt gac ttc ggc gca cag tac gcg cag	163		
Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly Ala Gln Tyr Ala Gln			
	10	15	20
ctg atc gca cgt cgt gtg cgt gag gcc ggc atc tac tcc gaa gtc atc	211		
Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile Tyr Ser Glu Val Ile			
	25	30	35
ccg cac acc gcc acc gca gac gat gtg cgc gct aaa aat gca gca gcc	259		
Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala Lys Asn Ala Ala Ala			
	40	45	50
ctc gtc ctt tcc ggt ggc cca tcc tcc gtg tat gcc gag gga gca cca	307		
Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr Ala Glu Gly Ala Pro			
	55	60	65
tcc ctt gac gct gag att ctt gat ctc gga ttg cca gta ttt ggc att	355		
Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu Pro Val Phe Gly Ile			
70	75	80	85

tgc tac ggc ttc caa gcc atg acc cac gcg ctt ggt ggc acc gtt gcc	403
Cys Tyr Gly Phe Gln Ala Met Thr His Ala Leu Gly Gly Thr Val Ala	
90 95 100	
aac acc ggt aag cgc gaa tac gga cgc acc gac atc aac gtt gcc ggt	451
Asn Thr Gly Lys Arg Glu Tyr Gly Arg Thr Asp Ile Asn Val Ala Gly	
105 110 115	
ggc gtc ctc cac gaa ggc ctc gaa gcc tgc cac aag gtg tgg atg agc	499
Gly Val Leu His Glu Gly Leu Glu Ala Cys His Lys Val Trp Met Ser	
120 125 130	
cac ggc gac gcc gtc tct gaa gcc cca gaa ggt ttc gta gtc acc gcg	547
His Gly Asp Ala Val Ser Glu Ala Pro Glu Gly Phe Val Val Thr Ala	
135 140 145	
tcc tcc gaa ggt gcg cct gtc gca gct ttc gaa aac aag gaa cgc aaa	595
Ser Ser Glu Gly Ala Pro Val Ala Ala Phe Glu Asn Lys Glu Arg Lys	
150 155 160 165	
atg gct ggc gtg cag tac cac cca gag gta ttg cac tca cca cac ggc	643
Met Ala Gly Val Gln Tyr His Pro Glu Val Leu His Ser Pro His Gly	
170 175 180	
cag gca gtt ctg acc cgc ttc ctc act gag atc gca ggt cta gag cag	691
Gln Ala Val Leu Thr Arg Phe Leu Thr Glu Ile Ala Gly Leu Glu Gln	
185 190 195	
aac tgg acc gca gca aac atc gct gaa gaa ctc atc gaa aag gtc cgc	739
Asn Trp Thr Ala Ala Asn Ile Ala Glu Glu Leu Ile Glu Lys Val Arg	
200 205 210	
gag cag atc ggc gaa gat ggc cgc gct att tgt ggc cta tcc ggt ggt	787
Glu Gln Ile Gly Glu Asp Gly Arg Ala Ile Cys Gly Leu Ser Gly Gly	
215 220 225	
gtg gac tcc gct gtt gcc ggt gct ttg gtg cag cgc gcc att ggt gac	835
Val Asp Ser Ala Val Ala Gly Ala Leu Val Gln Arg Ala Ile Gly Asp	
230 235 240 245	
cgt ttg acc tgt gtc ttt gtt gac cac ggt ctg ctg cgt gcc ggt gag	883
Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu Leu Arg Ala Gly Glu	
250 255 260	
cgc gag cag gtg gaa aaa gac ttc gtc gca gca acc ggc gcc aag ctg	931
Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala Thr Gly Ala Lys Leu	
265 270 275	
gtt acc gtt gat gag cgc cag gca ttc cta tcc aag ctg gcc gga gtt	979
Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser Lys Leu Ala Gly Val	
280 285 290	
acc gaa cca gaa gca aag cgc aag gct atc ggc gct gag ttc atc cgc	1027
Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly Ala Glu Phe Ile Arg	
295 300 305	

```

tcc ttc gag cgc gca gtt gcc ggt gtg ctg gaa gaa gct cca gaa ggt 1075
Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu Glu Ala Pro Glu Gly

310          315          320          325
tcc acc gtg gac ttc ctg gtt cag ggc acc ctg tac cca gac gtc gtg 1123
Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu Tyr Pro Asp Val Val

          330          335          340
gaa tcc ggt ggt gga tct ggt acc gca aac atc aag agc cac cac aac 1171
Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile Lys Ser His His Asn

          345          350          355
gtc ggt gga ctg cca gac gat gtg gaa ttc aag ctt gtt gag cca ctg 1219
Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys Leu Val Glu Pro Leu

          360          365          370
cgt gac ctc ttc aaa gac gaa gtc cgt gcc gtt ggc cgt gaa ctt ggc 1267
Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val Gly Arg Glu Leu Gly

          375          380          385
ctg cct gag gaa atc gtt ggc cgc cag cca ttc cca gga cca gga ctt 1315
Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe Pro Gly Pro Gly Leu

390          395          400          405
ggt atc cgc atc atc ggt gaa gtc acc gaa gat cgc cta gaa acc ctc 1363
Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp Arg Leu Glu Thr Leu

          410          415          420
cgc cac gct gac ctg atc gcc cgc acc gag ctc acc gaa gcc gga ctt 1411
Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu Thr Glu Ala Gly Leu

          425          430          435
gac ggc gtg atc tgg cag tgc cca gta gtc ctc ctg gca gat gtc cgc 1459
Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu Leu Ala Asp Val Arg

          440          445          450
tct gtt ggt gtt caa ggc gat ggc cgc 1486
Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg

          455          460
<210> 956
<211> 462
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 956
Val Ser Leu Gln Thr Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly
  1          5          10          15
Ala Gln Tyr Ala Gln Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile
          20          25          30
Tyr Ser Glu Val Ile Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala
          35          40          45

Lys Asn Ala Ala Ala Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr
  50          55          60
Ala Glu Gly Ala Pro Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu

```

65	70	75	80
Pro Val Phe Gly Ile Cys Tyr Gly Phe Gln Ala Met Thr His Ala Leu			
	85	90	95
Gly Gly Thr Val Ala Asn Thr Gly Lys Arg Glu Tyr Gly Arg Thr Asp			
	100	105	110
Ile Asn Val Ala Gly Gly Val Leu His Glu Gly Leu Glu Ala Cys His			
	115	120	125
Lys Val Trp Met Ser His Gly Asp Ala Val Ser Glu Ala Pro Glu Gly			
	130	135	140
Phe Val Val Thr Ala Ser Ser Glu Gly Ala Pro Val Ala Ala Phe Glu			
	145	150	155
Asn Lys Glu Arg Lys Met Ala Gly Val Gln Tyr His Pro Glu Val Leu			
	165	170	175
His Ser Pro His Gly Gln Ala Val Leu Thr Arg Phe Leu Thr Glu Ile			
	180	185	190
Ala Gly Leu Glu Gln Asn Trp Thr Ala Ala Asn Ile Ala Glu Glu Leu			
	195	200	205
Ile Glu Lys Val Arg Glu Gln Ile Gly Glu Asp Gly Arg Ala Ile Cys			
	210	215	220
Gly Leu Ser Gly Gly Val Asp Ser Ala Val Ala Gly Ala Leu Val Gln			
	225	230	235
Arg Ala Ile Gly Asp Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu			
	245	250	255
Leu Arg Ala Gly Glu Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala			
	260	265	270
Thr Gly Ala Lys Leu Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser			
	275	280	285
Lys Leu Ala Gly Val Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly			
	290	295	300
Ala Glu Phe Ile Arg Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu			
	305	310	315
Glu Ala Pro Glu Gly Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu			
	325	330	335
Tyr Pro Asp Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile			
	340	345	350
Lys Ser His His Asn Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys			
	355	360	365
Leu Val Glu Pro Leu Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val			
	370	375	380
Gly Arg Glu Leu Gly Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe			
	385	390	395
Pro Gly Pro Gly Leu Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp			
	405	410	415
Arg Leu Glu Thr Leu Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu			
	420	425	430
Thr Glu Ala Gly Leu Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu			
	435	440	445

Leu Ala Asp Val Arg Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg

```

      450              455              460
<210> 957
<211> 693
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(670)
<223> RXA02237
<400> 957
gacgagctgg gcattgctca gacccgtcgt ctctgtggac tgggtgaccg tcagcgtcgc 60
gcacttctcg agcgtttcgg ctctgaggat taattcttca gtg tcg ggc gat aac 115
                               Val Ser Gly Asp Asn

                               1              5
caa cta gga cgg ctc gta att ctt gcg ggc ccc tca gcg gtc ggt aaa 163
Gln Leu Gly Arg Leu Val Ile Leu Ala Gly Pro Ser Ala Val Gly Lys

              10              15              20
tcg act gtg gtt gat cgc ctc cgc aat gac gtt cca aac ctg tat ttc 211
Ser Thr Val Val Asp Arg Leu Arg Asn Asp Val Pro Asn Leu Tyr Phe

              25              30              35
agt gtg tcg atg acc act agg gca cct cgt cct ggt gaa gtc gat gga 259
Ser Val Ser Met Thr Thr Arg Ala Pro Arg Pro Gly Glu Val Asp Gly

              40              45              50
cgt gac tac ttc tat gtc act gca cag gaa ttt cag gac aaa atc gac 307
Arg Asp Tyr Phe Tyr Val Thr Ala Gln Glu Phe Gln Asp Lys Ile Asp

              55              60              65
tgt gga gag atg ctt gaa tgg gca gat atc cac ggc ggt ttg cag cgt 355
Cys Gly Glu Met Leu Glu Trp Ala Asp Ile His Gly Gly Leu Gln Arg

              70              75              80              85
tca ggc act cca gca ggt ccc gtc aat gag gct cgc caa aat ggt cgg 403
Ser Gly Thr Pro Ala Gly Pro Val Asn Glu Ala Arg Gln Asn Gly Arg

              90              95              100
cca gta ttg gtt gag gtt gat ctt gca gga gcc cga aac atc gct agc 451
Pro Val Leu Val Glu Val Asp Leu Ala Gly Ala Arg Asn Ile Ala Ser

              105              110              115
tta att cca gat gca gaa acc atc ttc ctt gct cca cct tca tgg gaa 499
Leu Ile Pro Asp Ala Glu Thr Ile Phe Leu Ala Pro Pro Ser Trp Glu

              120              125              130
gtt ttg gtt gaa cgc ctc act gga cgt ggc acc gaa agc gaa gac gtt 547
Val Leu Val Glu Arg Leu Thr Gly Arg Gly Thr Glu Ser Glu Asp Val

              135              140              145
att gct cgc agg ctc gag acc gca cgc gaa gaa ttg gct gct cag agc 595

```

Ile Ala Arg Arg Leu Glu Thr Ala Arg Glu Glu Leu Ala Ala Gln Ser

150 155 160 165
gaa ttt aag cac gtc att atc aat gat gat gtg gat aca gcc gtc aag 643
Glu Phe Lys His Val Ile Ile Asn Asp Asp Val Asp Thr Ala Val Lys

170 175 180
gct att gag gat gtt ctc ctc ggc gct tagccaaaac atagagcgg 690
Ala Ile Glu Asp Val Leu Leu Gly Ala

185 190
agg 693

<210> 958

<211> 190

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 958

Val Ser Gly Asp Asn Gln Leu Gly Arg Leu Val Ile Leu Ala Gly Pro

1 5 10 15

Ser Ala Val Gly Lys Ser Thr Val Val Asp Arg Leu Arg Asn Asp Val

20 25 30

Pro Asn Leu Tyr Phe Ser Val Ser Met Thr Thr Arg Ala Pro Arg Pro

35 40

45

Gly Glu Val Asp Gly Arg Asp Tyr Phe Tyr Val Thr Ala Gln Glu Phe

50 55 60

Gln Asp Lys Ile Asp Cys Gly Glu Met Leu Glu Trp Ala Asp Ile His

65 70 75 80

Gly Gly Leu Gln Arg Ser Gly Thr Pro Ala Gly Pro Val Asn Glu Ala

85 90 95

Arg Gln Asn Gly Arg Pro Val Leu Val Glu Val Asp Leu Ala Gly Ala

100 105 110

Arg Asn Ile Ala Ser Leu Ile Pro Asp Ala Glu Thr Ile Phe Leu Ala

115 120 125

Pro Pro Ser Trp Glu Val Leu Val Glu Arg Leu Thr Gly Arg Gly Thr

130 135 140

Glu Ser Glu Asp Val Ile Ala Arg Arg Leu Glu Thr Ala Arg Glu Glu

145 150 155 160

Leu Ala Ala Gln Ser Glu Phe Lys His Val Ile Ile Asn Asp Asp Val

165 170 175

Asp Thr Ala Val Lys Ala Ile Glu Asp Val Leu Leu Gly Ala

180 185 190

<210> 959

<211> 1413

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1390)

<223> RXA01446

<400> 959

gatgattaaa aacctcacat gggatagtaa gatgaaataa cgtctgtgtg cgcacacgcg 60

tgcaactcc aacttcattgg atcgggatgtg acgtaaacca atg gct gca atc gtt	115		
Met Ala Ala Ile Val			
1	5		
att gtc ggc gct caa tgg ggc gat gaa ggc aaa ggt aag gcc acg gat	163		
Ile Val Gly Ala Gln Trp Gly Asp Glu Gly Lys Gly Lys Ala Thr Asp			
10	15	20	
att ctc ggc gga ctc gtc gat tac gtg gtt aag ccc aat ggc ggt aac	211		
Ile Leu Gly Gly Leu Val Asp Tyr Val Val Lys Pro Asn Gly Gly Asn			
25	30	35	
aac gct gga cac act gtt gtg gtc ggc ggc gag aag tac gag cta aag	259		
Asn Ala Gly His Thr Val Val Val Gly Gly Glu Lys Tyr Glu Leu Lys			
40	45	50	
ctc ctt cct gcc ggc gtc ctc tcc gaa acg gcc acc cca att ttg ggc	307		
Leu Leu Pro Ala Gly Val Leu Ser Glu Thr Ala Thr Pro Ile Leu Gly			
55	60	65	
aac ggc gtt gtg atc aac ctt gag gca ctg ttc gaa gaa atc gac ggc	355		
Asn Gly Val Val Ile Asn Leu Glu Ala Leu Phe Glu Glu Ile Asp Gly			
70	75	80	85
ctt gag gct cgc ggt gcg gat gca tcc cgc ctg cgc atc tct gca aac	403		
Leu Glu Ala Arg Gly Ala Asp Ala Ser Arg Leu Arg Ile Ser Ala Asn			
90	95	100	
gct cac ctg gtt gct cca tac cac cag gtg atg gac cgt gtt cag gaa	451		
Ala His Leu Val Ala Pro Tyr His Gln Val Met Asp Arg Val Gln Glu			
105	110	115	
cgc ttc ctg ggc aag cgc gca atc ggc acc acc ggc cgt ggc atc ggc	499		
Arg Phe Leu Gly Lys Arg Ala Ile Gly Thr Thr Gly Arg Gly Ile Gly			
120	125	130	
cca acc tac gcg gac aaa gta tcc cgc gtg gga atc cgt gtt caa gac	547		
Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Val Ser Arg Val Gly Ile Arg Val Gln Asp			
135	140	145	
att ttc gac gaa tcc atc ctt cgt caa aaa gtc gaa tcc gcc ctg gat	595		
Ile Phe Asp Glu Ser Ile Leu Arg Gln Lys Val Glu Ser Ala Leu Asp			
150	155	160	165
tac aaa aac cag gtg ctg gtg aag atg tac aac cgc aag gcc atc gtc	643		
Tyr Lys Asn Gln Val Leu Val Lys Met Tyr Asn Arg Lys Ala Ile Val			
170	175	180	
gct gag gaa atc gtg cag tac ttc ctc tcc tac gct gat cgt ctg cgc	691		
Ala Glu Glu Ile Val Gln Tyr Phe Leu Ser Tyr Ala Asp Arg Leu Arg			
185	190	195	
ccc atg gtc atc gat gcc acc ttg gtg ctc aac gag gca ctt gat cag	739		
Pro Met Val Ile Asp Ala Thr Leu Val Leu Asn Glu Ala Leu Asp Gln			

ggc aag cac gtt ctt atg gaa ggt ggc cag gca acc atg ctc gac gtg 787
Gly Lys His Val Leu Met Glu Gly Gly Gln Ala Thr Met Leu Asp Val

215 220 225
gac cac ggc acc tac cca ttc gtc acc tcc tcc aac cca acc gcc ggt 835
Asp His Gly Thr Tyr Pro Phe Val Thr Ser Ser Asn Pro Thr Ala Gly

230 235 240 245
ggc gca agt gtt ggt tca ggt atc ggc cca acc aag atc acc agc tcc 883
Gly Ala Ser Val Gly Ser Gly Ile Gly Pro Thr Lys Ile Thr Ser Ser

250 255 260
ttg ggt atc atc aag gcc tac acc act cgt gtt ggt gcc ggc cca ttc 931
Leu Gly Ile Ile Lys Ala Tyr Thr Thr Arg Val Gly Ala Gly Pro Phe

265 270 275
cca act gag ctg ttt gat aag tgg ggc gag tac ctg cag acc gtc ggt 979
Pro Thr Glu Leu Phe Asp Lys Trp Gly Glu Tyr Leu Gln Thr Val Gly

280 285 290
ggc gag gtc ggc gtg aac acc ggc cgt aag cgt cgc tgt ggc tgg tac 1027
Gly Glu Val Gly Val Asn Thr Gly Arg Lys Arg Arg Cys Gly Trp Tyr

295 300 305
gac tcc gtg att gct cgt tac gca tcc cgc gtc aac gga ttc acc gac 1075
Asp Ser Val Ile Ala Arg Tyr Ala Ser Arg Val Asn Gly Phe Thr Asp

310 315 320 325
tac ttc ctg acc aag cta gac gtg ctc acc ggc atc ggt gaa atc cca 1123
Tyr Phe Leu Thr Lys Leu Asp Val Leu Thr Gly Ile Gly Glu Ile Pro

330 335 340
atc tgc gta gct tac gac gtt gat ggt gtt cgc cac gat gaa atg cca 1171
Ile Cys Val Ala Tyr Asp Val Asp Gly Val Arg His Asp Glu Met Pro

345 350 355
ctg acc cag tca gag ttc cac cac gca acc cca atc ttt gaa acc atg 1219
Leu Thr Gln Ser Glu Phe His His Ala Thr Pro Ile Phe Glu Thr Met

360 365 370
cct gca tgg gac gaa gac atc acc gac tgc aag acc ttc gag gat ctt 1267
Pro Ala Trp Asp Glu Asp Ile Thr Asp Cys Lys Thr Phe Glu Asp Leu

375 380 385
cca caa aag gcc cag gac tac gtc cga cgt ctg gaa gaa ctc tct ggt 1315
Pro Gln Lys Ala Gln Asp Tyr Val Arg Arg Leu Glu Glu Leu Ser Gly

390 395 400 405
gct cgc ttc tcc tac atc ggt gtt gga cct ggt cgc gat cag acc atc 1363
Ala Arg Phe Ser Tyr Ile Gly Val Gly Pro Gly Arg Asp Gln Thr Ile

410 415 420
gtc ctg cat gac gta cta gct gac aac tagtactgat aaacatcagt 1410
Val Leu His Asp Val Leu Ala Asp Asn

425 430

1413

gag

<210> 960

<211> 430

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 960

Met Ala Ala Ile Val Ile Val Gly Ala Gln Trp Gly Asp Glu Gly Lys

1 5 10 15

Gly Lys Ala Thr Asp Ile Leu Gly Gly Leu Val Asp Tyr Val Val Lys

20 25 30

Pro Asn Gly Gly Asn Asn Ala Gly His Thr Val Val Val Gly Gly Glu

35 40

45

Lys Tyr Glu Leu Lys Leu Leu Pro Ala Gly Val Leu Ser Glu Thr Ala

50 55 60

Thr Pro Ile Leu Gly Asn Gly Val Val Ile Asn Leu Glu Ala Leu Phe

65 70 75 80

Glu Glu Ile Asp Gly Leu Glu Ala Arg Gly Ala Asp Ala Ser Arg Leu

85 90 95

Arg Ile Ser Ala Asn Ala His Leu Val Ala Pro Tyr His Gln Val Met

100 105 110

Asp Arg Val Gln Glu Arg Phe Leu Gly Lys Arg Ala Ile Gly Thr Thr

115 120 125

Gly Arg Gly Ile Gly Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Val Ser Arg Val Gly

130 135 140

Ile Arg Val Gln Asp Ile Phe Asp Glu Ser Ile Leu Arg Gln Lys Val

145 150 155 160

Glu Ser Ala Leu Asp Tyr Lys Asn Gln Val Leu Val Lys Met Tyr Asn

165 170 175

Arg Lys Ala Ile Val Ala Glu Glu Ile Val Gln Tyr Phe Leu Ser Tyr

180 185 190

Ala Asp Arg Leu Arg Pro Met Val Ile Asp Ala Thr Leu Val Leu Asn

195 200 205

Glu Ala Leu Asp Gln Gly Lys His Val Leu Met Glu Gly Gly Gln Ala

210 215 220

Thr Met Leu Asp Val Asp His Gly Thr Tyr Pro Phe Val Thr Ser Ser

225 230 235 240

Asn Pro Thr Ala Gly Gly Ala Ser Val Gly Ser Gly Ile Gly Pro Thr

245 250 255

Lys Ile Thr Ser Ser Leu Gly Ile Ile Lys Ala Tyr Thr Thr Arg Val

260 265 270

Gly Ala Gly Pro Phe Pro Thr Glu Leu Phe Asp Lys Trp Gly Glu Tyr

275 280 285

Leu Gln Thr Val Gly Gly Glu Val Gly Val Asn Thr Gly Arg Lys Arg

290 295 300

Arg Cys Gly Trp Tyr Asp Ser Val Ile Ala Arg Tyr Ala Ser Arg Val

305 310 315 320

Asn Gly Phe Thr Asp Tyr Phe Leu Thr Lys Leu Asp Val Leu Thr Gly

325 330 335

Ile Gly Glu Ile Pro Ile Cys Val Ala Tyr Asp Val Asp Gly Val Arg

340 345 350
 His Asp Glu Met Pro Leu Thr Gln Ser Glu Phe His His Ala Thr Pro
 355 360 365
 Ile Phe Glu Thr Met Pro Ala Trp Asp Glu Asp Ile Thr Asp Cys Lys
 370 375 380
 Thr Phe Glu Asp Leu Pro Gln Lys Ala Gln Asp Tyr Val Arg Arg Leu
 385 390 395 400
 Glu Glu Leu Ser Gly Ala Arg Phe Ser Tyr Ile Gly Val Gly Pro Gly
 405 410 415
 Arg Asp Gln Thr Ile Val Leu His Asp Val Leu Ala Asp Asn
 420 425 430
 <210> 961
 <211> 1551
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1528)
 <223> RXA00619
 <400> 961
 tcaaaggaag acaccattga aggtgtgcgc aaaatcggag aattcatcaa aaaatagcag 60
 cgactagggtt agtttcggtt cgtggggaat aataatttgc gtg gct gat aaa aag 115
 Val Ala Asp Lys Lys
 1 5
 aag atc gca aac gtc ctg tcg aac cgt tac gcc tcc gcg gaa ctt tct 163
 Lys Ile Ala Asn Val Leu Ser Asn Arg Tyr Ala Ser Ala Glu Leu Ser
 10 15 20
 aac ctg tgg agt gcc gaa gag aag atc atc atg gag cgc cag ctc tgg 211
 Asn Leu Trp Ser Ala Glu Glu Lys Ile Ile Met Glu Arg Gln Leu Trp
 25 30 35
 atc gcc gtg atg aaa gcc cag aaa gat ttg gga gtt gag atc cct gcc 259
 Ile Ala Val Met Lys Ala Gln Lys Asp Leu Gly Val Glu Ile Pro Ala
 40 45 50
 gag gca att gaa tcc tat gaa gca gtg atc gac cag gtt gat ttg gca 307
 Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Glu Ala Val Ile Asp Gln Val Asp Leu Ala
 55 60 65
 agc atc gcc gat cgt gag cgc gtc acc cgc cac gat gtg aag gcc cgc 355
 Ser Ile Ala Asp Arg Glu Arg Val Thr Arg His Asp Val Lys Ala Arg
 70 75 80 85
 atc gaa gaa ttc aat gca ctg gct ggc cat gag cac atc cac aag ggc 403
 Ile Glu Glu Phe Asn Ala Leu Ala Gly His Glu His Ile His Lys Gly
 90 95 100
 atg acc tcc cgc gac ctc acc gaa aat gtt gaa cag ctg cag atc cac 451
 Met Thr Ser Arg Asp Leu Thr Glu Asn Val Glu Gln Leu Gln Ile His

105	110	115	
cgc tcc ctt gag ctg gtc cgc aac aag ggc att gca gtt gtt gca gct			499
Arg Ser Leu Glu Leu Val Arg Asn Lys Gly Ile Ala Val Val Ala Ala			
120	125	130	
atc gga tcc cgc gca gcg cag tac caa agc ctg gtc atg gct ggc cgt			547
Ile Gly Ser Arg Ala Ala Gln Tyr Gln Ser Leu Val Met Ala Gly Arg			
135	140	145	
tcc cac aac gtg gca gcg cag gca act acc ttg ggc aag cgt ttc gca			595
Ser His Asn Val Ala Ala Gln Ala Thr Thr Leu Gly Lys Arg Phe Ala			
150	155	160	165
acc gca gct gat gaa atg ctc gtg gca ctt gag cgc gtc acc gaa ctg			643
Thr Ala Ala Asp Glu Met Leu Val Ala Leu Glu Arg Val Thr Glu Leu			
170	175	180	
ctc aac cgc tac cca ctt cgc gga atc aag ggc cca atg gga acc gcc			691
Leu Asn Arg Tyr Pro Leu Arg Gly Ile Lys Gly Pro Met Gly Thr Ala			
185	190	195	
caa gac atg ctt gac ctc atg gaa ggc gac gag gct cgt ctc tcc gat			739
Gln Asp Met Leu Asp Leu Met Glu Gly Asp Glu Ala Arg Leu Ser Asp			
200	205	210	
ctg gaa acc cgc atc gca gca cac ctc ggc ttt gat cgc gtc ttc gac			787
Leu Glu Thr Arg Ile Ala Ala His Leu Gly Phe Asp Arg Val Phe Asp			
215	220	225	
tcc gtc ggc cag gtc tac cca cgt tcc ctt gac ttc gat gca gta tct			835
Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp Phe Asp Ala Val Ser			
230	235	240	245
gct ctg gtt cag ctt ggc tcc ggc cca tca tcg ctg tcc cac acc att			883
Ala Leu Val Gln Leu Gly Ser Gly Pro Ser Ser Leu Ser His Thr Ile			
250	255	260	
cgt ctc atg gcc ggc acc gaa act gtt acc gaa ggt ttt aag gaa ggc			931
Arg Leu Met Ala Gly Thr Glu Thr Val Thr Glu Gly Phe Lys Glu Gly			
265	270	275	
cag gtc ggt tcc tct gca atg cct cac aag atg aac gct cgc tcc tgt			979
Gln Val Gly Ser Ser Ala Met Pro His Lys Met Asn Ala Arg Ser Cys			
280	285	290	
gag cgc gtg ggc ggc ctg cag gtt att ctt cgc gga tac ctc acc atg			1027
Glu Arg Val Gly Gly Leu Gln Val Ile Leu Arg Gly Tyr Leu Thr Met			
295	300	305	
gtt gct gat ctt tcc ggc cag cag tgg aac gaa ggc gat gtc ttc tgc			1075
Val Ala Asp Leu Ser Gly Gln Gln Trp Asn Glu Gly Asp Val Phe Cys			
310	315	320	325
tcc gtg atc cgc cgc gtt gca ctg cca gac gca ttc ttc gcg att gac			1123
Ser Val Ile Arg Arg Val Ala Leu Pro Asp Ala Phe Phe Ala Ile Asp			

330	335	340	
gga atg ttt gaa act ttc ctg aca gtc ctg gat gaa ttc ggt gca ttc			1171
Gly Met Phe Glu Thr Phe Leu Thr Val Leu Asp Glu Phe Gly Ala Phe			
345	350	355	
cct gcc atg atc gag cgc gaa ctt gag cgt tac ctg cca ttc ctg gca			1219
Pro Ala Met Ile Glu Arg Glu Leu Glu Arg Tyr Leu Pro Phe Leu Ala			
360	365	370	
act acc cgt atc ctc atg gcc gct gtc cgc gca ggc gtt ggc cgc gaa			1267
Thr Thr Arg Ile Leu Met Ala Ala Val Arg Ala Gly Val Gly Arg Glu			
375	380	385	
acc gca cac gaa gta atc aag gaa aac gct gtc gcg gtt gcc ctc aac			1315
Thr Ala His Glu Val Ile Lys Glu Asn Ala Val Ala Val Ala Leu Asn			
390	395	400	405
atg cgc gaa aat ggc ggt gac cag gac ctt atc cag cgc ctc gct gct			1363
Met Arg Glu Asn Gly Gly Asp Gln Asp Leu Ile Gln Arg Leu Ala Ala			
410	415	420	
gat gag cgc ctc cca atg agc gaa gct gac ctt gag gca gcg ctg gct			1411
Asp Glu Arg Leu Pro Met Ser Glu Ala Asp Leu Glu Ala Ala Leu Ala			
425	430	435	
gac cgc cac gcc ttc atc ggt gcc gct gag tcc cag gtc tcc cgt gtg			1459
Asp Arg His Ala Phe Ile Gly Ala Ala Glu Ser Gln Val Ser Arg Val			
440	445	450	
ctc gac cgc att cag gtg ctt gtc gac gcc cac ccc ggc gcc gca gac			1507
Leu Asp Arg Ile Gln Val Leu Val Asp Ala His Pro Gly Ala Ala Asp			
455	460	465	
tac cga cca ggt gag att ctt taaaggtttt taacggcggtt cac			1551
Tyr Arg Pro Gly Glu Ile Leu			
470	475		
<210> 962			
<211> 476			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 962			
Val Ala Asp Lys Lys Lys Ile Ala Asn Val Leu Ser Asn Arg Tyr Ala			
1 5 10 15			
Ser Ala Glu Leu Ser Asn Leu Trp Ser Ala Glu Glu Lys Ile Ile Met			
20 25 30			
Glu Arg Gln Leu Trp Ile Ala Val Met Lys Ala Gln Lys Asp Leu Gly			
35 40 45			
Val Glu Ile Pro Ala Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Glu Ala Val Ile Asp			
50 55 60			
Gln Val Asp Leu Ala Ser Ile Ala Asp Arg Glu Arg Val Thr Arg His			
65 70 75 80			
Asp Val Lys Ala Arg Ile Glu Glu Phe Asn Ala Leu Ala Gly His Glu			
85 90 95			

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

 Val Met Ala Gly Arg Ser His Asn Val Ala Ala Gln Ala Thr Thr Leu
 145 150 155 160

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

 Asp Arg Val Phe Asp Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp
 225 230 235 240

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

 Gly Tyr Leu Thr Met Val Ala Asp Leu Ser Gly Gln Gln Trp Asn Glu
 305 310 315 320

 Gly Asp Val Phe Cys Ser Val Ile Arg Arg Val Ala Leu Pro Asp Ala
 325 330 335
 Phe Phe Ala Ile Asp Gly Met Phe Glu Thr Phe Leu Thr Val Leu Asp
 340 345 350
 Glu Phe Gly Ala Phe Pro Ala Met Ile Glu Arg Glu Leu Glu Arg Tyr
 355 360 365
 Leu Pro Phe Leu Ala Thr Thr Arg Ile Leu Met Ala Ala Val Arg Ala
 370 375 380

 Gly Val Gly Arg Glu Thr Ala His Glu Val Ile Lys Glu Asn Ala Val
 385 390 395 400

 Ala Val Ala Leu Asn Met Arg Glu Asn Gly Gly Asp Gln Asp Leu Ile
 405 410 415
 Gln Arg Leu Ala Ala Asp Glu Arg Leu Pro Met Ser Glu Ala Asp Leu
 420 425 430
 Glu Ala Ala Leu Ala Asp Arg His Ala Phe Ile Gly Ala Ala Glu Ser
 435 440 445
 Gln Val Ser Arg Val Leu Asp Arg Ile Gln Val Leu Val Asp Ala His
 450 455 460

Pro Leu Ile Asp His Tyr Gly Asp Lys Ile Ile Asn Ile Glu Ala Glu

150 155 160 165
ggc gaa gtc gaa gag atc aac gct cgt acc ctc aag gca ctg ggc aaa 643
Gly Glu Val Glu Glu Ile Asn Ala Arg Thr Leu Lys Ala Leu Gly Lys

170 175 180
taagatttct tctctagtc tgc 666
<210> 964
<211> 181
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 964
Met Arg Leu Val Leu Leu Gly Pro Pro Gly Ala Gly Lys Gly Thr Gln
1 5 10 15
Ala Ala Ile Leu Ser Glu Lys Leu Gly Ile Pro His Ile Ser Thr Gly
20 25 30
Asp Leu Phe Arg Ala Asn Ile
Gly Glu Gly Thr Pro Leu Gly Ile Glu
35 40 45
Ala Lys Gln Tyr Ile Asp Ala Gly Lys Leu Val Pro Thr Asp Val Thr
50 55 60
Ala Arg Met Val Ala Ser Arg Leu Ala Glu Ser Asp Ala Ala Glu Gly
65 70 75 80

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

Arg Asp Glu Thr Ala Pro Leu Ile Asp His Tyr Gly Asp Lys Ile Ile
145 150 155 160

Asn Ile Glu Ala Glu Gly Glu Val Glu Glu Ile Asn Ala Arg Thr Leu
165 170 175
Lys Ala Leu Gly Lys

180
<210> 965
<211> 531
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(508)
<223> RXA00266
<400> 965
agtaggggat cgtccagcga agcggtcgca gaggtgtga ggaagctcta agtcgactta 60
agtgcgcgaa gcagaccacc attaggtaga atcacccaac atg act gaa cgt act 115
Met Thr Glu Arg Thr

ctc atc ctt atc aag cca gac ggt gtt acc aac gga cac gtc ggc gaa 163
 Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn Gly His Val Gly Glu

10 15 20
 atc atc gca cgt att gag cgc aag ggc ctg aag ctc gct gct ctg gat 211
 Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys Leu Ala Ala Leu Asp

25 30 35
 ctg cgt gtt gca gac cgc gag acc gct gaa aag cac tac gaa gag cac 259
 Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys His Tyr Glu Glu His

40 45 50
 gct gac aag cca ttc ttc ggt gag ctc gtt gaa ttc atc acc tct gca 307
 Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu Phe Ile Thr Ser Ala

55 60 65
 cct ctg atc gca ggc atc gtc gaa ggc gag cgt gca atc gat gca tgg 355
 Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg Ala Ile Asp Ala Trp

70 75 80 85
 cgt cag ctt gct ggt ggc acc gac cca gtt gct aag gca acc cca ggc 403
 Arg Gln Leu Ala Gly Gly Thr Asp Pro Val Ala Lys Ala Thr Pro Gly

90 95 100
 acc atc cgc ggc gat ttc gca ctg act gtt gga gag aac gtt gtt cac 451
 Thr Ile Arg Gly Asp Phe Ala Leu Thr Val Gly Glu Asn Val Val His

105 110 115
 ggt tct gat tcc cca gag tcc gct gag cgc gag atc tcc atc tgg ttc 499
 Gly Ser Asp Ser Pro Glu Ser Ala Glu Arg Glu Ile Ser Ile Trp Phe

120 125 130
 cct aac ctg taatttttac ggtagaaaa aaa 531
 Pro Asn Leu

135
 <210> 966
 <211> 136
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 966
 Met Thr Glu Arg Thr Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn
 1 5 10 15
 Gly His Val Gly Glu Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys
 20 25 30
 Leu Ala Ala Leu Asp Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys
 35 40 45
 His Tyr Glu Glu
 His Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu
 50 55 60
 Phe Ile Thr Ser Ala Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg
 65 70 75 80

Ala Ile Asp Ala Trp Arg Gln Leu Ala Gly Gly Thr Asp Pro Val Ala
 85 90 95
 Lys Ala Thr Pro Gly Thr Ile Arg Gly Asp Phe Ala Leu Thr Val Gly

```

          100          105          110
Glu Asn Val Val His Gly Ser Asp Ser Pro Glu Ser Ala Glu Arg Glu
          115          120          125
Ile Ser Ile Trp Phe Pro Asn Leu

          130          135
<210> 967
<211> 1245
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1222)
<223> RXA00489
<400> 967
cagcccgatt tcttcattga aatcgggctg tttctggttg tgtcgcgtat ctcgggtaaa 60
gtcttcgtcg tatacgacca tttaaggag gcccgtcaca atg cgt gac cac gtt 115
Met Arg Asp His Val

          1          5
gaa atc ggt atc ggc cgt gag gca cga cgc acc tac agc ttg gac gat 163
Glu Ile Gly Ile Gly Arg Glu Ala Arg Arg Thr Tyr Ser Leu Asp Asp

          10          15          20
att tct gtc gtt tct agc cgc cgc acc cgt tca tcc aaa gat gtc gac 211
Ile Ser Val Val Ser Ser Arg Arg Thr Arg Ser Ser Lys Asp Val Asp

          25          30          35
acc act tgg cat att gac gcc tac aag ttt gat ctg ccg ttc atg aat 259
Thr Thr Trp His Ile Asp Ala Tyr Lys Phe Asp Leu Pro Phe Met Asn

          40          45          50
cac cca agt gat gca ttg gca agc cct gag ttt gtc att gaa atg ggc 307
His Pro Ser Asp Ala Leu Ala Ser Pro Glu Phe Val Ile Glu Met Gly

          55          60          65
aag cag ggt ggc ctt ggc gtg atc aac gct gag ggt ctg tgg ggt cgc 355
Lys Gln Gly Gly Leu Gly Val Ile Asn Ala Glu Gly Leu Trp Gly Arg

          70          75          80          85
cat gct gat ctc gat gag gcg atc gca aag gtg att gct gcg tat gag 403
His Ala Asp Leu Asp Glu Ala Ile Ala Lys Val Ile Ala Ala Tyr Glu

          90          95          100
gaa ggc gac cag gct gca gcc act cgc act ctt cag gag ctg cac gca 451
Glu Gly Asp Gln Ala Ala Ala Thr Arg Thr Leu Gln Glu Leu His Ala

          105          110          115
gcg cca ctg gat act gag ctg ctg agt gag cgc att gcg cag gtt cgt 499
Ala Pro Leu Asp Thr Glu Leu Leu Ser Glu Arg Ile Ala Gln Val Arg

          120          125          130
gat tcc ggt gag atc gtt gct gtg cgc gtg tct cca caa aat gtt cgt 547
Asp Ser Gly Glu Ile Val Ala Val Arg Val Ser Pro Gln Asn Val Arg

```


135	140	145	
gag atc gca cca atc gtc atc aag gca ggt gct gat ctg ctg gtt atc			595
Glu Ile Ala Pro Ile Val Ile Lys Ala Gly Ala Asp Leu Leu Val Ile			
150	155	160	165
cag ggc acc ctg atc tct gca gag cac gtc aac acc ggt gga gag gcc			643
Gln Gly Thr Leu Ile Ser Ala Glu His Val Asn Thr Gly Gly Glu Ala			
170	175	180	
ctg aac cta aag gaa ttc atc ggt tct ttg gat gtt cct gtc atc gct			691
Leu Asn Leu Lys Glu Phe Ile Gly Ser Leu Asp Val Pro Val Ile Ala			
185	190	195	
ggt ggc gtg aac gat tac acc acc gcg ttg cac atg atg cgt acc ggt			739
Gly Gly Val Asn Asp Tyr Thr Thr Ala Leu His Met Met Arg Thr Gly			
200	205	210	
gct gtg ggc atc atc gtc ggt ggc ggc gag aac acc aac agc cta gca			787
Ala Val Gly Ile Ile Val Gly Gly Gly Glu Asn Thr Asn Ser Leu Ala			
215	220	225	
ttg ggc atg gag gta tcc atg gcc act gcg att gct gat gtc gct gcg			835
Leu Gly Met Glu Val Ser Met Ala Thr Ala Ile Ala Asp Val Ala Ala			
230	235	240	245
gca cgt cgt gat tac ctg gat gag acc ggt gga cgt tac gtg cac atc			883
Ala Arg Arg Asp Tyr Leu Asp Glu Thr Gly Gly Arg Tyr Val His Ile			
250	255	260	
att gca gat gga agc att gaa aac tcc ggt gat gta gtc aag gct att			931
Ile Ala Asp Gly Ser Ile Glu Asn Ser Gly Asp Val Val Lys Ala Ile			
265	270	275	
gcc tgt ggc gca gat gct gtg gtg ctg ggt tca ccg ttg gct cgc gct			979
Ala Cys Gly Ala Asp Ala Val Val Leu Gly Ser Pro Leu Ala Arg Ala			
280	285	290	
gaa gaa gct gct gga aag ggc tac ttc tgg cca gca gtg gca gcg cac			1027
Glu Glu Ala Ala Gly Lys Gly Tyr Phe Trp Pro Ala Val Ala Ala His			
295	300	305	
cct cgt ttc cca cgc ggt gtg gtt act gag tcc gtg gac ttg gat gag			1075
Pro Arg Phe Pro Arg Gly Val Val Thr Glu Ser Val Asp Leu Asp Glu			
310	315	320	325
gca gca cca agc ttg gag cag att ctg cat ggt ccg tct acg atg ccg			1123
Ala Ala Pro Ser Leu Glu Gln Ile Leu His Gly Pro Ser Thr Met Pro			
330	335	340	
tgg ggt gtg gaa aac ttc gaa ggt gga tta aag cgt gcg ctg gct aag			1171
Trp Gly Val Glu Asn Phe Glu Gly Gly Leu Lys Arg Ala Leu Ala Lys			
345	350	355	
tgt ggc tac acc gat ttg aag agc ttc caa aag gta agc ctg cac gtt			1219
Cys Gly Tyr Thr Asp Leu Lys Ser Phe Gln Lys Val Ser Leu His Val			

360 365 370 1245
aac taggtgtgtg tactcgctc ttc
Asn

<210> 968

<211> 374

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 968

Met Arg Asp His Val Glu Ile Gly Ile Gly Arg Glu Ala Arg Arg Thr
1 5 10 15
Tyr Ser Leu Asp Asp Ile Ser Val Val Ser Ser Arg Arg Thr Arg Ser
20 25 30
Ser Lys Asp Val Asp Thr Thr Trp His Ile Asp Ala Tyr Lys Phe Asp
35 40 45
Leu Pro Phe Met Asn His Pro Ser
Asp Ala Leu Ala Ser Pro Glu Phe
50 55 60
Val Ile Glu Met Gly Lys Gln Gly Gly Leu Gly Val Ile Asn Ala Glu
65 70 75 80

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

Pro Gln Asn Val Arg Glu Ile Ala Pro Ile Val Ile Lys Ala Gly Ala
145 150 155 160

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

Thr Asn Ser Leu Ala Leu Gly Met Glu Val Ser Met Ala Thr Ala Ile
225 230 235 240

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

Ala Val Ala Ala His Pro Arg Phe Pro Arg Gly Val Val Thr Glu Ser

305	310	315	320
Val Asp Leu Asp Glu Ala Ala Pro Ser Leu Glu Gln Ile Leu His Gly			
	325	330	335
Pro Ser Thr Met Pro Trp Gly Val Glu Asn Phe Glu Gly Gly Leu Lys			
	340	345	350
Arg Ala Leu Ala Lys Cys Gly Tyr Thr Asp Leu Lys Ser Phe Gln Lys			
	355	360	365
Val Ser Leu His Val Asn			
370			
<210> 969			
<211> 1545			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1531)			
<223> RXN02281			
<400> 969			
aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt cttgcatacg	60		
cctataaaag cacagttttg aatccacagg gcatacagggc gtg cag aaa gat agt	115		
Val Gln Lys Asp Ser			
		1	5
gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc	163		
Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu			
	10	15	20
att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac	211		
Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn			
	25	30	35
aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc	259		
Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr			
	40	45	50
gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc	307		
Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly			
	55	60	65
tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc	355		
Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg			
	70	75	80
gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat	403		
Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn			
	90	95	100
tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg	451		
Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro			
	105	110	115
gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt	499		

Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly

120 125 130
gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac 547
Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp

135 140 145
gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg 595
Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro

150 155 160 165
ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc 643
Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile

170 175 180
gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg 691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu

185 190 195
ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg 739
Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met

200 205 210
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca 787
Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro

215 220 225
aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa 835
Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu

230 235 240 245
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc 883
Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile

250 255 260
acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca 931
Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro

265 270 275
tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa 979
Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu

280 285 290
gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc 1027
Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg

295 300 305
atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att 1075
Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile

310 315 320 325
ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa 1123
Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu

330 335 340
atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc gac 1171

Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser Asp

345 350 355
aac agc ctc atg cgc acc ggt acg gtc tta tcc acc gac gac cga aac 1219
Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser Thr Asp Asp Arg Asn

360 365 370
tgg gaa tgg cac acc cca gaa aac ctc tgg aac tgg ctc aaa gga tcc 1267
Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn Trp Leu Lys Gly Ser

375 380 385
acc gcc gca gct gtt gac atg gaa tct tcc acc ttg gcc acc aac gga 1315
Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr Leu Ala Thr Asn Gly

390 395 400 405
tat cga ttc cgc att cca tac ggc acc ctg ctg agc gtc tct gac ctg 1363
Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu Ser Val Ser Asp Leu

410 415 420
cca cta cac gca gtg ccg aaa ctt tcc gcg caa gcg cag gcg ttt tac 1411
Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln Ala Gln Ala Phe Tyr

425 430 435
ttc aac tcc aag gaa gcc cac gtc atg tgt gct gtt cgt gca atg gaa 1459
Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala Val Arg Ala Met Glu

440 445 450
tac ctg gca gta gat cct gaa cgg ttg cgt acc cgt aaa ctg cgc agg 1507
Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr Arg Lys Leu Arg Arg

455 460 465
acc ttg ggt gag gtg ccg ttt cgc taaagtctcg gaga 1545
Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg

470 475
<210> 970
<211> 477
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 970
Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp
1 5 10 15
Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala
20 25 30
Lys Glu Thr Leu Asn Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val
35 40 45

Tyr Pro Lys Leu Thr Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg
50 55 60
Thr Glu Pro Phe Gly Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr
65 70 75 80

Leu Ser Lys Pro Arg Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu
85 90 95
Arg Leu Thr Ser Asn Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp
100 105 110

Ile Arg Ile Pro Pro Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu
 115 120 125
 Ala Arg Arg Ala Gly Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu
 130 135 140
 Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
 145 150 155 160
 Gly Pro Glu Leu Pro Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile
 165 170 175
 Ala Cys Ala Arg Ile Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val
 180 185 190
 Gln Lys Tyr Ile Leu Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe
 195 200 205
 Val His Phe Ala Met Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val
 210 215 220
 Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
 225 230 235 240
 Ser Leu Gly Thr Glu Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro
 245 250 255
 Arg Tyr Asp Leu Ile Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn
 260 265 270
 Ile Gly Val Gly Pro Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala
 275 280 285
 Val Leu Arg Pro Glu Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met
 290 295 300
 Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
 305 310 315 320
 Arg Glu Asp His Ile Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile
 325 330 335
 Pro Ala Ile Pro Glu Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu
 340 345 350
 Ile Tyr Gly Ser Asp Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser
 355 360 365
 Thr Asp Asp Arg Asn Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn
 370 375 380
 Trp Leu Lys Gly Ser Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr
 385 390 395 400
 Leu Ala Thr Asn Gly Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu
 405 410 415
 Ser Val Ser Asp Leu Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln
 420 425 430
 Ala Gln Ala Phe Tyr Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala
 435 440 445
 Val Arg Ala Met Glu Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr
 450 455 460
 Arg Lys Leu Arg Arg Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg
 465 470 475

<210> 971
 <211> 1191
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1168)
 <223> FRXA02281
 <400> 971

aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt ctigcatacg 60
 cctataaaag cacagttttg aatccacagg gcatcagggc gtg cag aaa gat agt 115
 Val Gln Lys Asp Ser

1 5
 gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc 163
 Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu

10 15 20
 att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac 211
 Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn

25 30 35
 aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc 259
 Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr

40 45 50
 gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc 307
 Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly

55 60 65
 tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc 355
 Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg

70 75 80 85
 gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat 403
 Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn

90 95 100
 tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg 451
 Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro

105 110 115
 gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt 499
 Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly

120 125 130
 gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac 547
 Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp

135 140 145
 gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg 595
 Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro

150 155 160 165
 ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc 643

Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile

170 175 180
gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg 691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu

185 190 195
ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg 739
Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met

200 205 210
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca 787
Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro

215 220 225
aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa 835
Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu

230 235 240 245
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc 883
Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile

250 255 260
acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca 931
Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro

265 270 275
tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa 979
Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu

280 285 290
gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc 1027
Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg

295 300 305
atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att 1075
Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile

310 315 320 325
ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa 1123
Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu

330 335 340
atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc 1168
Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser

345 350 355
tagtattcta tagtgtcacc taa 1191
<210> 972
<211> 356
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 972
Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp
1 5 10 15
Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala

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

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

 Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
 145 150 155 160

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

 Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
 225 230 235 240

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

 Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
 305 310 315 320

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

355
 <210> 973
 <211> 1302
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1279)

<223> RXA00147

<400> 973

attgcatata atgcaatgaa ttgaataaac tacattcagg gttatcaacc agccaatttc 60
 ttttaaaaag gcagacacac gaaaggcgac aacagtcacc gtg agt aaa gac acc 115
 Val Ser Lys Asp Thr

1 5
 acc acc tac cag gga gtc acc gag atc gga tcc gtt ccg gca tac ctg 163
 Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser Val Pro Ala Tyr Leu

10 15 20
 gtt ctt gca gac gga cgt acc ttc acc gga ttt ggc ttt gga gct atc 211
 Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe Gly Phe Gly Ala Ile

25 30 35
 ggc acc acc ctt ggt gag gca gtg ttc act acc gcc atg acc ggt tac 259
 Gly Thr Thr Leu Gly Glu Ala Val Phe Thr Thr Ala Met Thr Gly Tyr

40 45 50
 caa gaa acc atg acc gat cct tcc tat cac cgc cag att gtt gtg gct 307
 Gln Glu Thr Met Thr Asp Pro Ser Tyr His Arg Gln Ile Val Val Ala

55 60 65
 acc gca cca cag atc ggc aac acc ggc tgg aac gat gag gac aac gag 355
 Thr Ala Pro Gln Ile Gly Asn Thr Gly Trp Asn Asp Glu Asp Asn Glu

70 75 80 85
 tcc cgc gac ggc aag att tgg gtt gca ggc ctt gtt atc cgc gac ctc 403
 Ser Arg Asp Gly Lys Ile Trp Val Ala Gly Leu Val Ile Arg Asp Leu

90 95 100
 gca gca cgt gtg tcc aac tgg cgc gcc acc acc tcc ttg cag cag gaa 451
 Ala Ala Arg Val Ser Asn Trp Arg Ala Thr Thr Ser Leu Gln Gln Glu

105 110 115
 atg gca ggc cag ggc atc gtc ggc atc ggc gga atc gac acc cgc gca 499
 Met Ala Gly Gln Gly Ile Val Gly Ile Gly Gly Ile Asp Thr Arg Ala

120 125 130
 ctg gtt cgc cac ctg cgc aat gaa ggt tcc att gca gcg ggc atc ttc 547
 Leu Val Arg His Leu Arg Asn Glu Gly Ser Ile Ala Ala Gly Ile Phe

135 140 145
 tcc ggc gct gac gca cag cgc cca gtt gaa gaa ctc gta gag atc gtc 595
 Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu Leu Val Glu Ile Val

150 155 160 165
 aag aat cag cca gca atg acc ggc gca aac ctc tcc gtt gag gtc tct 643
 Lys Asn Gln Pro Ala Met Thr Gly Ala Asn Leu Ser Val Glu Val Ser

170 175 180
 gct gat gaa acc tac gtc atc gaa gct gaa ggc gaa gag cgc cac acc 691

Ala Asp Glu Thr Tyr Val Ile Glu Ala Glu Gly Glu Glu Arg His Thr

185 190 195
gtc gtg gcc tac gac ctg ggc att aag caa aac acc cca cgt cgt ttc 739
Val Val Ala Tyr Asp Leu Gly Ile Lys Gln Asn Thr Pro Arg Arg Phe

200 205 210
tct gca cgc ggt gtt cgc acc gtc atc gtg cct gct gaa acc cca ttc 787
Ser Ala Arg Gly Val Arg Thr Val Ile Val Pro Ala Glu Thr Pro Phe

215 220 225
gag gat atc aag cag tac aac cca tca ggc gtg ttc atc tcc aac ggc 835
Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val Phe Ile Ser Asn Gly

230 235 240 245
cct ggc gat cct gca gca gca gac gtc atg gtt gat atc gtc cgc gaa 883
Pro Gly Asp Pro Ala Ala Ala Asp Val Met Val Asp Ile Val Arg Glu

250 255 260
gtt ctt gaa gcc gac att cca ttc ttt ggc atc tgc ttc ggc aac cag 931
Val Leu Glu Ala Asp Ile Pro Phe Phe Gly Ile Cys Phe Gly Asn Gln

265 270 275
att ctt ggc cgc gca ttc ggc atg gag acc tac aag ctg aag ttc ggc 979
Ile Leu Gly Arg Ala Phe Gly Met Glu Thr Tyr Lys Leu Lys Phe Gly

280 285 290
cac cgc ggc atc aac gtt cca gtg aag aac cac atc acc ggc aag atc 1027
His Arg Gly Ile Asn Val Pro Val Lys Asn His Ile Thr Gly Lys Ile

295 300 305
gac atc acc gcc cag aac cac ggc ttc gca ctc aag ggt gaa gca ggc 1075
Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu Lys Gly Glu Ala Gly

310 315 320 325
cag gaa ttc gag acc gat ttc ggc act gca att gtc acc cac acc tgc 1123
Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile Val Thr His Thr Cys

330 335 340
ctc aac gac ggc gtc gtt gaa ggt att gcg ctg aag tcc gga cgc gca 1171
Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu Lys Ser Gly Arg Ala

345 350 355
tac tcc gtt cag tac cac cca gag gcc gct gcc ggc cca aat gat gca 1219
Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala Gly Pro Asn Asp Ala

360 365 370
agc ccc ctg ttt gac cag ttt gtt gag ctg atg gat gca gac gct cag 1267
Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met Asp Ala Asp Ala Gln

375 380 385
aag aaa ggc gca taaataacat gccaaagcgt tca 1302
Lys Lys Gly Ala

390

<210> 974

<211> 393

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 974

```
Val Ser Lys Asp Thr Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser
  1             5             10             15
Val Pro Ala Tyr Leu Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe
             20             25             30
Gly Phe Gly Ala Ile Gly Thr Thr Leu Gly Glu Ala Val Phe Thr Thr
             35             40             45
Ala Met Thr
Gly Tyr Gln Glu Thr Met Thr Asp Pro Ser Tyr His Arg
             50             55             60
Gln Ile Val Val Ala Thr Ala Pro Gln Ile Gly Asn Thr Gly Trp Asn
  65             70             75             80
```

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

```
Ala Ala Gly Ile Phe Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu
  145            150            155            160
```

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

```
Ala Glu Thr Pro Phe Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val
  225            230            235            240
```

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

```
Ile Thr Gly Lys Ile Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu
  305            310            315            320
```

```
Lys Gly Glu Ala Gly Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile
             325            330            335
Val Thr His Thr Cys Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu
             340            345            350
```

Lys Ser Gly Arg Ala Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala
355 360 365
Gly Pro Asn Asp Ala Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met
370 375 380

Asp Ala Asp Ala Gln Lys Lys Gly Ala

385 390
<210> 975
<211> 1059
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1036)
<223> RXA00145
<400> 975
ccccaccgca cgcgcggaag acgtttccgt catgcttaca gaaatcgacg gccgcgatgc 60
agtcacgctc acccgagaag actctgaagg ggattcctag atg aag cac ctc cta 115
Met Lys His Leu Leu

1 5
tcc att agc gat ctt tcc aaa gat gag att gtt gga ttg ctg gat gaa 163
Ser Ile Ser Asp Leu Ser Lys Asp Glu Ile Val Gly Leu Leu Asp Glu

10 15 20
gcg gat cgc ttt aag gag gtg ctc gaa gga cgt gaa gta aag aag ctg 211
Ala Asp Arg Phe Lys Glu Val Leu Glu Gly Arg Glu Val Lys Lys Leu

25 30 35
ccc acg ctg cgt ggt cgc acc att ttt acc ttg ttc tat gag aac tcc 259
Pro Thr Leu Arg Gly Arg Thr Ile Phe Thr Leu Phe Tyr Glu Asn Ser

40 45 50
acg cgc acc cgt tgc tcc ttt gaa acc gca gga aag tgg atg agc gcc 307
Thr Arg Thr Arg Ser Ser Phe Glu Thr Ala Gly Lys Trp Met Ser Ala

55 60 65
gat gtg att aac att tgc gcc tca tca tcc agc gtg aag aag ggc gag 355
Asp Val Ile Asn Ile Ser Ala Ser Ser Ser Ser Val Lys Lys Gly Glu

70 75 80 85
tcg ctg aaa gat acc ggc ttg act ttg tgc gca atc ggc gcg gat gcg 403
Ser Leu Lys Asp Thr Gly Leu Thr Leu Ser Ala Ile Gly Ala Asp Ala

90 95 100
atc atc atg cgc cac cca gcc tca ggc gcc gcg cag cag ctt gcg cag 451
Ile Ile Met Arg His Pro Ala Ser Gly Ala Ala Gln Gln Leu Ala Gln

105 110 115
ttc gtc gca cca ggt ggc aac ggc ccc agc gtg atc aac gcg ggt gac 499
Phe Val Ala Pro Gly Gly Asn Gly Pro Ser Val Ile Asn Ala Gly Asp

120 125 130
ggg tgc cac cag cac ccc acc cag gcg ctt ctc gac gct tta acc atc 547

Gly Ser His Gln His Pro Thr Gln Ala Leu Leu Asp Ala Leu Thr Ile

135 140 145
cgg cag cgc acc ggc cgc att gag gga ctc aaa gtt gtc atc gtg ggc 595
Arg Gln Arg Thr Gly Arg Ile Glu Gly Leu Lys Val Val Ile Val Gly

150 155 160 165
gac tgt ttg cac tcc cgg gtg gtg cgc tcc aat gtg gat ctg ctg tcc 643
Asp Cys Leu His Ser Arg Val Val Arg Ser Asn Val Asp Leu Leu Ser

170 175 180
act ttg ggc gca gag gta gtg ctg gtt gct cct ccg aca ctg ctt cct 691
Thr Leu Gly Ala Glu Val Val Leu Val Ala Pro Pro Thr Leu Leu Pro

185 190 195
att ggt gtg gag aac tgg cca gtc cga ttc tcc tac gac atg gac gca 739
Ile Gly Val Glu Asn Trp Pro Val Arg Phe Ser Tyr Asp Met Asp Ala

200 205 210
gaa att gcc gac gcc gac gta gtg atg atg ctg cgc gtt cag caa gaa 787
Glu Ile Ala Asp Ala Asp Val Val Met Met Leu Arg Val Gln Gln Glu

215 220 225
cgc atg cag ggt ggt ttc ttc ccc tca cac cgt gag tac gca acg ctg 835
Arg Met Gln Gly Gly Phe Phe Pro Ser His Arg Glu Tyr Ala Thr Leu

230 235 240 245
tac ggc atg tcc aaa gag cgc gaa gct cgc ctc aag gac tcc gcc atc 883
Tyr Gly Met Ser Lys Glu Arg Glu Ala Arg Leu Lys Asp Ser Ala Ile

250 255 260
atc atg cac ccc ggc ccc atg ctt cgt ggc atg gaa att aac ttc cag 931
Ile Met His Pro Gly Pro Met Leu Arg Gly Met Glu Ile Asn Phe Gln

265 270 275
gtg gca gac gca cca cgc acc gcg gta ctg cag cag gta agc aac ggt 979
Val Ala Asp Ala Pro Arg Thr Ala Val Leu Gln Gln Val Ser Asn Gly

280 285 290
gtg cac atg cgc atg gcc att ttg ttc gcc ctg gtc gca ggc tct gac 1027
Val His Met Arg Met Ala Ile Leu Phe Ala Leu Val Ala Gly Ser Asp

295 300 305
gcg act atc taatcgcgac catctgatcg cga 1059
Ala Thr Ile

310
<210> 976
<211> 312
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 976
Met Lys His Leu Leu Ser Ile Ser Asp Leu Ser Lys Asp Glu Ile Val
1 5 10 15
Gly Leu Leu Asp Glu Ala Asp Arg Phe Lys Glu Val Leu Glu Gly Arg
20 25 30

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

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

Asp Ala Leu Thr Ile Arg Gln Arg Thr Gly Arg Ile Glu Gly Leu Lys
 145 150 155 160

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

Arg Val Gln Gln Glu Arg Met Gln Gly Gly Phe Phe Pro Ser His Arg
 225 230 235 240

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

Val Ala Gly Ser Asp Ala Thr Ile

305 310
 <210> 977
 <211> 1464
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1441)
 <223> RXA00146
 <400> 977

atggccattt tggtcgccct gggtcgaggc tctgacgcga ctatctaata gcgaccatct 60
 gatcgcgaaa ttctagaaaa ggtaacgagg gattaaagaa gtg gtt gac agc aac 115

	Val Val Asp Ser Asn	
	1 5	
acc cag tat cca gaa acc ggc gca ctg gca ccg gct cct gca gac tca	163	
Thr Gln Tyr Pro Glu Thr Gly Ala Leu Ala Pro Ala Pro Ala Asp Ser		
	10 15 20	
ctc cta atc agc aac gtt ttg gtc tac ggc gaa ggc gag cca acg aat	211	
Leu Leu Ile Ser Asn Val Leu Val Tyr Gly Glu Gly Glu Pro Thr Asn		
	25 30 35	
gtg ttt gtt aaa gat ggt gtg atc gca gct atc ggc ggc act cat gag	259	
Val Phe Val Lys Asp Gly Val Ile Ala Ala Ile Gly Gly Thr His Glu		
	40 45 50	
gct gac cgc acc atc gac ggc aat ggg gga gtt ctc ctt cca ggt ttc	307	
Ala Asp Arg Thr Ile Asp Gly Asn Gly Gly Val Leu Leu Pro Gly Phe		
	55 60 65	
gtg gac atg cac gtt cac ctg cgt gag cca ggc cgc gaa gac act gaa	355	
Val Asp Met His Val His Leu Arg Glu Pro Gly Arg Glu Asp Thr Glu		
	70 75 80 85	
acc att gcc act ggt tct gcc gcc gca gcc aag ggc gga ttc acc gca	403	
Thr Ile Ala Thr Gly Ser Ala Ala Ala Ala Lys Gly Gly Phe Thr Ala		
	90 95 100	
gta ttc acc atg gcg aac acc act cca gtg atg gat cag ccg gtt atc	451	
Val Phe Thr Met Ala Asn Thr Thr Pro Val Met Asp Gln Pro Val Ile		
	105 110 115	
gcg gaa tcc gta tgg ttc aag ggc caa aac att ggc ctg tgc gac gtg	499	
Ala Glu Ser Val Trp Phe Lys Gly Gln Asn Ile Gly Leu Cys Asp Val		
	120 125 130	
cat cca gtt gga tcc atc acc aag ggt ctt gag ggc aag gag ctt act	547	
His Pro Val Gly Ser Ile Thr Lys Gly Leu Glu Gly Lys Glu Leu Thr		
	135 140 145	
gag ttc ggc atg atg gct cgc tct gaa gcc aag gtg cgc atg ttc tct	595	
Glu Phe Gly Met Met Ala Arg Ser Glu Ala Lys Val Arg Met Phe Ser		
	150 155 160 165	
gat gat ggc aag tgc gtc gat gat cct cag gtc atg cgc cgc gcg ctg	643	
Asp Asp Gly Lys Cys Val Asp Asp Pro Gln Val Met Arg Arg Ala Leu		
	170 175 180	
gaa tac gcc aag ggc atg gac gtt ttg atc gcc cag cac gct gag gat	691	
Glu Tyr Ala Lys Gly Met Asp Val Leu Ile Ala Gln His Ala Glu Asp		
	185 190 195	
cac cgc ctg act gag ggc gct tca gca cac gag ggt gaa aac gca gct	739	
His Arg Leu Thr Glu Gly Ala Ser Ala His Glu Gly Glu Asn Ala Ala		
	200 205 210	
cgt ctg ggt ctg cgc ggc tgg cca cgt gtg gct gag gaa tcc atc gtg	787	

Arg Leu Gly Leu Arg Gly Trp Pro Arg Val Ala Glu Glu Ser Ile Val

215 220 225
gtg cgc gat gcc atc atg gct cgt gac tac ggc aac cgc gtg cac atc 835
Val Arg Asp Ala Ile Met Ala Arg Asp Tyr Gly Asn Arg Val His Ile

230 235 240 245
tgc cac gcc tcc act gaa ggc acc gtg gag ttg ctt cgt tgg gct aag 883
Cys His Ala Ser Thr Glu Gly Thr Val Glu Leu Leu Arg Trp Ala Lys

250 255 260
tcc cag ggc att cca atc acc gcg gaa gtc acc ccg cac cac ctc acc 931
Ser Gln Gly Ile Pro Ile Thr Ala Glu Val Thr Pro His His Leu Thr

265 270 275
ttg acc gat gag cgc ctg gaa acc tac gac gcg gtc aac aaa gtc aat 979
Leu Thr Asp Glu Arg Leu Glu Thr Tyr Asp Ala Val Asn Lys Val Asn

280 285 290
ccg cca ctg cgc gaa agc cgc gat gcc gaa gcg ctc aag aag gcg ctt 1027
Pro Pro Leu Arg Glu Ser Arg Asp Ala Glu Ala Leu Lys Lys Ala Leu

295 300 305
ctc gac ggc acc atc gat gtt gtt gca acc gac cac gct cct cac ggt 1075
Leu Asp Gly Thr Ile Asp Val Val Ala Thr Asp His Ala Pro His Gly

310 315 320 325
tcc gaa gat aag tgc tgt gaa ttc gaa aac gcc aag cca ggc atg ctc 1123
Ser Glu Asp Lys Cys Cys Glu Phe Glu Asn Ala Lys Pro Gly Met Leu

330 335 340
gga ttg gaa acc tca ctg tcc atc atc gtg gac acc ttc gtt gcc acc 1171
Gly Leu Glu Thr Ser Leu Ser Ile Ile Val Asp Thr Phe Val Ala Thr

345 350 355
gga ctt gca gac tgg cgc ttt gtt gcg cgc gtg atg agt gaa cgc cca 1219
Gly Leu Ala Asp Trp Arg Phe Val Ala Arg Val Met Ser Glu Arg Pro

360 365 370
gca gaa atc acc cgt cta cca ggc cag ggt cgc cca atc gca gaa ggt 1267
Ala Glu Ile Thr Arg Leu Pro Gly Gln Gly Arg Pro Ile Ala Glu Gly

375 380 385
gag cca gca aac ctc gcg att gtt gat cca gga aaa acc tgg aca gca 1315
Glu Pro Ala Asn Leu Ala Ile Val Asp Pro Gly Lys Thr Trp Thr Ala

390 395 400 405
tcc ggt gca gac ttt gcg tcc aag gct gaa aat acc cca ttt gag ggc 1363
Ser Gly Ala Asp Phe Ala Ser Lys Ala Glu Asn Thr Pro Phe Glu Gly

410 415 420
caa gaa ttc agt gcc aag gtc aca cac acc gtg ctt cgt ggc aag gtg 1411
Gln Glu Phe Ser Ala Lys Val Thr His Thr Val Leu Arg Gly Lys Val

425 430 435
act tgt gca gac gga gtt gca caa aac gct taacgggtgg gtgcatagta 1461

Thr Cys Ala Asp Gly Val Ala Gln Asn Ala

440 445 1464

tgc

<210> 978

<211> 447

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 978

Val Val Asp Ser Asn Thr Gln Tyr Pro Glu Thr Gly Ala Leu Ala Pro

1 5 10 15

Ala Pro Ala Asp Ser Leu Leu Ile Ser Asn Val Leu Val Tyr Gly Glu

20 25 30

Gly Glu Pro Thr Asn Val Phe Val Lys Asp Gly Val

Ile Ala Ala Ile

35 40 45

Gly Gly Thr His Glu Ala Asp Arg Thr Ile Asp Gly Asn Gly Gly Val

50 55 60

Leu Leu Pro Gly Phe Val Asp Met His Val His Leu Arg Glu Pro Gly

65 70 75 80

Arg Glu Asp Thr Glu Thr Ile Ala Thr Gly Ser Ala Ala Ala Ala Lys

85 90 95

Gly Gly Phe Thr Ala Val Phe Thr Met Ala Asn Thr Thr Pro Val Met

100 105 110

Asp Gln Pro Val Ile Ala Glu Ser Val Trp Phe Lys Gly Gln Asn Ile

115 120 125

Gly Leu Cys Asp Val His Pro Val Gly Ser Ile Thr Lys Gly Leu Glu

130 135 140

Gly Lys Glu Leu Thr Glu Phe Gly Met Met Ala Arg Ser Glu Ala Lys

145 150 155 160

Val Arg Met Phe Ser Asp Asp Gly Lys Cys Val Asp Asp Pro Gln Val

165 170 175

Met Arg Arg Ala Leu Glu Tyr Ala Lys Gly Met Asp Val Leu Ile Ala

180 185 190

Gln His Ala Glu Asp His Arg Leu Thr Glu Gly Ala Ser Ala His Glu

195 200 205

Gly Glu Asn Ala Ala Arg Leu Gly Leu Arg Gly Trp Pro Arg Val Ala

210 215 220

Glu Glu Ser Ile Val Val Arg Asp Ala Ile Met Ala Arg Asp Tyr Gly

225 230 235 240

Asn Arg Val His Ile Cys His Ala Ser Thr Glu Gly Thr Val Glu Leu

245 250 255

Leu Arg Trp Ala Lys Ser Gln Gly Ile Pro Ile Thr Ala Glu Val Thr

260 265 270

Pro His His Leu Thr Leu Thr Asp Glu Arg Leu Glu Thr Tyr Asp Ala

275 280 285

Val Asn Lys Val Asn Pro Pro Leu Arg Glu Ser Arg Asp Ala Glu Ala

290 295 300

Leu Lys Lys Ala Leu Leu Asp Gly Thr Ile Asp Val Val Ala Thr Asp

305 310 315 320

His Ala Pro His Gly Ser Glu Asp Lys Cys Cys Glu Phe Glu Asn Ala
 325 330 335

Lys Pro Gly Met Leu Gly Leu Glu Thr Ser Leu Ser Ile Ile Val Asp
 340 345 350

Thr Phe Val Ala Thr Gly Leu Ala Asp Trp Arg Phe Val Ala Arg Val
 355 360 365

Met Ser Glu Arg Pro Ala Glu Ile Thr Arg Leu Pro Gly Gln Gly Arg
 370 375 380

Pro Ile Ala Glu Gly Glu Pro Ala Asn Leu Ala Ile Val Asp Pro Gly
 385 390 395 400

Lys Thr Trp Thr Ala Ser Gly Ala Asp Phe Ala Ser Lys Ala Glu Asn
 405 410 415

Thr Pro Phe Glu Gly Gln Glu Phe Ser Ala Lys Val Thr His Thr Val
 420 425 430

Leu Arg Gly Lys Val Thr Cys Ala Asp Gly Val Ala Gln Asn Ala

 435 440 445

<210> 979
 <211> 1025
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(1002)
 <223> RXA02208
 <400> 979

ctc gga gtc gtc gac ggc gtc gca cct cta aac cgc acc atg gaa aaa 48
 Leu Gly Val Val Asp Gly Val Ala Pro Leu Asn Arg Thr Met Glu Lys

 1 5 10 15

atc atc gca gtg cac gat gat tcc ctc tcc cag gaa gtc ttc ggc gtc 96
 Ile Ile Ala Val His Asp Asp Ser Leu Ser Gln Glu Val Phe Gly Val

 20 25 30

acc ttc cca cga cca cta ggc ctc gcc gca ggt ttc gac aaa aac gca 144
 Thr Phe Pro Arg Pro Leu Gly Leu Ala Ala Gly Phe Asp Lys Asn Ala

 35 40 45

tca atg gct gat gcc tgg ggt gcc gtt gga ttc gga tac gcc gaa ctt 192
 Ser Met Ala Asp Ala Trp Gly Ala Val Gly Phe Gly Tyr Ala Glu Leu

 50 55 60

ggc acc gtc acc gcc ttc cca cag cca gga aac ccc acc ccg cgc ctt 240
 Gly Thr Val Thr Ala Phe Pro Gln Pro Gly Asn Pro Thr Pro Arg Leu

 65 70 75 80

ttc cgc ctg cct gcc gac aaa gct atc ttg aac cgc atg gga ttc aac 288
 Phe Arg Leu Pro Ala Asp Lys Ala Ile Leu Asn Arg Met Gly Phe Asn

 85 90 95

aac ctg ggt gca gca gaa gtc gca aaa aac ctg cgc aac cgg aaa tcc 336

Asn Leu Gly Ala Ala Glu Val Ala Lys Asn Leu Arg Asn Arg Lys Ser

100 105 110
acc gat gtc atc ggc atc aac atc ggt aaa acc aaa gtg gtt ccc gct 384
Thr Asp Val Ile Gly Ile Asn Ile Gly Lys Thr Lys Val Val Pro Ala

115 120 125
gaa cac gca gta gat gac tac cgc cgt tct gca tct ttg tta ggt gat 432
Glu His Ala Val Asp Asp Tyr Arg Arg Ser Ala Ser Leu Leu Gly Asp

130 135 140
ctt gct gat tac ctg gtt gtc aac gtt tcc tcc ccc aac act ccg ggt 480
Leu Ala Asp Tyr Leu Val Val Asn Val Ser Ser Pro Asn Thr Pro Gly

145 150 155 160
ctc cgc gat ctg cag gct gtg gaa tct ttg cga cca atc ctc gcc gca 528
Leu Arg Asp Leu Gln Ala Val Glu Ser Leu Arg Pro Ile Leu Ala Ala

165 170 175
gtg cag gaa tcc acc acc gtc cca gtc ttg gtg aaa atc gca cca gac 576
Val Gln Glu Ser Thr Thr Val Pro Val Leu Val Lys Ile Ala Pro Asp

180 185 190
ctc tcc gac gaa gac atc gac gcc gta gct gac ctg gca gtt gag ctc 624
Leu Ser Asp Glu Asp Ile Asp Ala Val Ala Asp Leu Ala Val Glu Leu

195 200 205
aaa ctc gcc gga atc gta gcc acc aat acc acc att tcc cgc gaa ggc 672
Lys Leu Ala Gly Ile Val Ala Thr Asn Thr Thr Ile Ser Arg Glu Gly

210 215 220
ctc aac act cct tca ggt gaa gtc gaa gcc atg ggt gct ggc gga atc 720
Leu Asn Thr Pro Ser Gly Glu Val Glu Ala Met Gly Ala Gly Gly Ile

225 230 235 240
tcc ggt gct cca gta gca gcc cga tct ttg gag gta ctc aag cgc ctc 768
Ser Gly Ala Pro Val Ala Ala Arg Ser Leu Glu Val Leu Lys Arg Leu

245 250 255
tac gca cgg gta ggc aaa gag atg gtg ttg atc tct gtc ggt ggc atc 816
Tyr Ala Arg Val Gly Lys Glu Met Val Leu Ile Ser Val Gly Gly Ile

260 265 270
agc acc cct gag caa gcc tgg gaa cgc atc acc tcc ggc gca acc ctt 864
Ser Thr Pro Glu Gln Ala Trp Glu Arg Ile Thr Ser Gly Ala Thr Leu

275 280 285
ctg cag gga tac acc cca ttc atc tac ggt ggc ccc gat tgg atc aga 912
Leu Gln Gly Tyr Thr Pro Phe Ile Tyr Gly Gly Pro Asp Trp Ile Arg

290 295 300
gat atc cac ctt ggt atc gcc aag cag ctg aaa gct cac ggt ctg cgc 960
Asp Ile His Leu Gly Ile Ala Lys Gln Leu Lys Ala His Gly Leu Arg

305 310 315 320

aac atc gct gac gct gtg ggc agc gaa ttg gag tgg aag aac 1002
 Asn Ile Ala Asp Ala Val Gly Ser Glu Leu Glu Trp Lys Asn

325 330
 taaacagacc aaacacacgt gcc 1025
 <210> 980
 <211> 334
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <400> 980
 Leu Gly Val Val Asp Gly Val Ala Pro Leu Asn Arg Thr Met Glu Lys
 1 5 10 15
 Ile Ile Ala Val His Asp Asp Ser Leu Ser Gln Glu Val Phe Gly Val
 20 25 30
 Thr Phe Pro Arg Pro Leu Gly Leu
 Ala Ala Gly Phe Asp Lys Asn Ala
 35 40 45
 Ser Met Ala Asp Ala Trp Gly Ala Val Gly Phe Gly Tyr Ala Glu Leu
 50 55 60
 Gly Thr Val Thr Ala Phe Pro Gln Pro Gly Asn Pro Thr Pro Arg Leu
 65 70 75 80

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

Leu Ala Asp Tyr Leu Val Val Asn Val Ser Ser Pro Asn Thr Pro Gly
 145 150 155 160

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

Leu Asn Thr Pro Ser Gly Glu Val Glu Ala Met Gly Ala Gly Gly Ile
 225 230 235 240

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

Asp Ile His Leu Gly Ile Ala Lys Gln Leu Lys Ala His Gly Leu Arg

305	310	315	320
Asn Ile Ala Asp Ala Val Gly Ser Glu Leu Glu Trp Lys Asn			
	325	330	
<210> 981			
<211> 675			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(652)			
<223> RXA01660			
<400> 981			
gaaaactgggt gtttttcggc cgtgtccacc ccaggttcta tgctgtaaca aacgcgggtt	60		
taaacctcaa tcatcaaatt aggggaagggc tgggaaatcc atg tca tct aat tcc	115		
		Met Ser Ser Asn Ser	
		1	5
att aac gca gaa gcg cgc gct gag ctt gct gaa ctg atc aaa gag cta	163		
Ile Asn Ala Glu Ala Arg Ala Glu Leu Ala Glu Leu Ile Lys Glu Leu			
	10	15	20
gct gtc gtc cac ggt gaa gtc acc ttg tct tcg ggc aag aag gct gat	211		
Ala Val Val His Gly Glu Val Thr Leu Ser Ser Gly Lys Lys Ala Asp			
	25	30	35
tac tac atc gat gtc cgt cgt gcc acc ttg cac gcg cgc gca tct cgc	259		
Tyr Tyr Ile Asp Val Arg Arg Ala Thr Leu His Ala Arg Ala Ser Arg			
	40	45	50
ctg atc ggt cag ctg ctg cgc gaa gcc acc gct gac tgg gac tat gac	307		
Leu Ile Gly Gln Leu Leu Arg Glu Ala Thr Ala Asp Trp Asp Tyr Asp			
	55	60	65
gca gtt ggc ggc ctg acc ttg ggc gct gac ccg gtt gcc acc gcc atc	355		
Ala Val Gly Gly Leu Thr Leu Gly Ala Asp Pro Val Ala Thr Ala Ile			
	70	75	80
atg cac gcc gac ggc cgc gat atc aac gcg ttt gtg gtg cgc aag gag	403		
Met His Ala Asp Gly Arg Asp Ile Asn Ala Phe Val Val Arg Lys Glu			
	90	95	100
gcc aag aag cac ggc atg cag cgt cgc att gag ggc cct gac ctg acg	451		
Ala Lys Lys His Gly Met Gln Arg Arg Ile Glu Gly Pro Asp Leu Thr			
	105	110	115
ggc aag aag gtg ctc gtg gtg gaa gat acc acc acc acc gga aat tcc	499		
Gly Lys Lys Val Leu Val Val Glu Asp Thr Thr Thr Thr Gly Asn Ser			
	120	125	130
cct ctg aca gct gtt gcc gcg ttg cgt gaa gct ggc att gag gtt gtg	547		
Pro Leu Thr Ala Val Ala Ala Leu Arg Glu Ala Gly Ile Glu Val Val			
	135	140	145
ggc gtt gcc acc gtg gtc gat cgc gca acc ggt gca gat gag gtt atc	595		

Gly Val Ala Thr Val Val Asp Arg Ala Thr Gly Ala Asp Glu Val Ile

150 155 160 165
gca gcg gaa ggc ctt cct tac cgc agc ttg ctg gga ctt tct gat ctt 643
Ala Ala Glu Gly Leu Pro Tyr Arg Ser Leu Leu Gly Leu Ser Asp Leu

170 175 180
gga ctc aac taacaccccc ggccccacgg agt 675
Gly Leu Asn

<210> 982

<211> 184

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 982

Met Ser Ser Asn Ser Ile Asn Ala Glu Ala Arg Ala Glu Leu Ala Glu
1 5 10 15
Leu Ile Lys Glu Leu Ala Val Val His Gly Glu Val Thr Leu Ser Ser
20 25 30
Gly Lys Lys Ala Asp Tyr Tyr Ile Asp Val Arg Arg Ala Thr Leu His
35 40 45
Ala Arg Ala Ser Arg Leu Ile Gly
Gln Leu Leu Arg Glu Ala Thr Ala
50 55 60
Asp Trp Asp Tyr Asp Ala Val Gly Gly Leu Thr Leu Gly Ala Asp Pro
65 70 75 80

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

Gly Ile Glu Val Val Gly Val Ala Thr Val Val Asp Arg Ala Thr Gly
145 150 155 160

Ala Asp Glu Val Ile Ala Ala Glu Gly Leu Pro Tyr Arg Ser Leu Leu
165 170 175
Gly Leu Ser Asp Leu Gly Leu Asn

180

<210> 983

<211> 957

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(934)

<223> RXA02235

<400> 983

gtgtcaccgc agctgtccag ggcatagagg cctgcgtga gggcgttgtc agcgtccgcg 60
cgctgcagga actcgaccac gcagtcaagg cttaagccct atg aca ttc ggc gag 115

										Met	Thr	Phe	Gly	Glu	
										1				5	
aag	ctt	ctg	aac	gcc	gcc	tcc	acc	cgt	ggc	agg	cta	tgc	gtg	ggc	att
Lys	Leu	Leu	Asn	Ala	Ala	Ser	Thr	Arg	Gly	Arg	Leu	Cys	Val	Gly	Ile
										10		15		20	
gat	ccc	cac	gaa	agc	ctg	ctg	acg	tcc	tgg	ggg	ctg	ccg	gta	aac	gta
Asp	Pro	His	Glu	Ser	Leu	Leu	Thr	Ser	Trp	Gly	Leu	Pro	Val	Asn	Val
										25		30		35	
gac	gga	ctt	gcg	gag	ttc	tcc	cgc	gcc	tgc	gtg	gag	gct	ttc	gcc	gac
Asp	Gly	Leu	Ala	Glu	Phe	Ser	Arg	Ala	Cys	Val	Glu	Ala	Phe	Ala	Asp
										40		45		50	
acc	gtg	gca	ttg	gtg	aag	cct	cag	gtg	gcg	ttc	tat	gag	cgt	ttc	ggt
Thr	Val	Ala	Leu	Val	Lys	Pro	Gln	Val	Ala	Phe	Tyr	Glu	Arg	Phe	Gly
										55		60		65	
tcc	gct	ggc	ttt	gcc	atc	ttg	gaa	gaa	acc	att	cag	acg	ctg	cgt	gag
Ser	Ala	Gly	Phe	Ala	Ile	Leu	Glu	Glu	Thr	Ile	Gln	Thr	Leu	Arg	Glu
										70		75		80	
cgt	ggc	tgt	ttg	gtg	gtc	tct	gac	gcc	aaa	cgc	ggc	gat	att	ggc	tcc
Arg	Gly	Cys	Leu	Val	Val	Ser	Asp	Ala	Lys	Arg	Gly	Asp	Ile	Gly	Ser
										90		95		100	
acc	atg	gct	ggc	tat	gcc	tca	gcg	tgg	tta	gat	cca	gcg	tca	ccg	ctg
Thr	Met	Ala	Gly	Tyr	Ala	Ser	Ala	Trp	Leu	Asp	Pro	Ala	Ser	Pro	Leu
										105		110		115	
tct	agc	gac	gct	gtg	acg	gtc	tct	ccc	tac	ctt	ggt	ttt	cat	tcc	ttg
Ser	Ser	Asp	Ala	Val	Thr	Val	Ser	Pro	Tyr	Leu	Gly	Phe	His	Ser	Leu
										120		125		130	
gac	cca	gtg	ttc	gaa	ctt	gcc	gag	caa	cac	ggc	agg	gga	gtg	ttt	gtc
Asp	Pro	Val	Phe	Glu	Leu	Ala	Glu	Gln	His	Gly	Arg	Gly	Val	Phe	Val
										135		140		145	
ttg	gcc	gcg	acc	tca	aac	cct	gag	gcc	cgc	gaa	ctc	cag	gac	cag	caa
Leu	Ala	Ala	Thr	Ser	Asn	Pro	Glu	Ala	Arg	Glu	Leu	Gln	Asp	Gln	Gln
										150		155		160	
aac	gct	gac	ggc	gtg	agc	att	tcc	cag	cag	atc	gtg	gat	cag	gca	gcg
Asn	Ala	Asp	Gly	Val	Ser	Ile	Ser	Gln	Gln	Ile	Val	Asp	Gln	Ala	Ala
										170		175		180	
gcg	ctt	aac	gcg	cct	tat	atg	gcc	cag	ggc	aag	gct	ggc	aac	att	ggc
Ala	Leu	Asn	Ala	Pro	Tyr	Met	Ala	Gln	Gly	Lys	Ala	Gly	Asn	Ile	Gly
										185		190		195	
gtc	gtc	atc	ggc	gcc	acc	ttg	tcc	aaa	cca	cca	cgc	tta	tcg	acg	ctc
Val	Val	Ile	Gly	Ala	Thr	Leu	Ser	Lys	Pro	Pro	Arg	Leu	Ser	Thr	Leu
										200		205		210	
ggg	ggc	gcc	att	ttg	atg	ccc	ggc	gtc	ggc	gcc	cag	ggc	ggc	acg	gca

Gly Gly Ala Ile Leu Met Pro Gly Val Gly Ala Gln Gly Gly Thr Ala

215 220 225
agc gac gtt gat gag att gcg gga gac atg gct cat ctt gca ttc cca 835
Ser Asp Val Asp Glu Ile Ala Gly Asp Met Ala His Leu Ala Phe Pro

230 235 240 245
aat gtc tct aga agt att ttg gcg aca ggc cca gat atc gct gaa atg 883
Asn Val Ser Arg Ser Ile Leu Ala Thr Gly Pro Asp Ile Ala Glu Met

250 255 260
aag aat tct gtg gca aaa aat gct gca gac ttt cct ggt ttc ccc agg 931
Lys Asn Ser Val Ala Lys Asn Ala Ala Asp Phe Pro Gly Phe Pro Arg

265 270 275
tca tagtcgcgga aacggccctt aat 957
Ser

<210> 984

<211> 278

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 984

Met Thr Phe Gly Glu Lys Leu Leu Asn Ala Ala Ser Thr Arg Gly Arg
1 5 10 15
Leu Cys Val Gly Ile Asp Pro His Glu Ser Leu Leu Thr Ser Trp Gly
20 25 30
Leu Pro Val Asn Val Asp Gly Leu Ala Glu Phe Ser Arg Ala Cys Val
35 40 45
Glu Ala Phe Ala Asp Thr Val Ala
Leu Val Lys Pro Gln Val Ala Phe
50 55 60
Tyr Glu Arg Phe Gly Ser Ala Gly Phe Ala Ile Leu Glu Glu Thr Ile
65 70 75 80

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

Arg Gly Val Phe Val Leu Ala Ala Thr Ser Asn Pro Glu Ala Arg Glu
145 150 155 160

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

Gln Gly Gly Thr Ala Ser Asp Val Asp Glu Ile Ala Gly Asp Met Ala

225	230	235	240	
His Leu Ala Phe Pro Asn Val Ser Arg Ser Ile Leu Ala Thr Gly Pro				
	245	250	255	
Asp Ile Ala Glu Met Lys Asn Ser Val Ala Lys Asn Ala Ala Asp Phe				
	260	265	270	
Pro Gly Phe Pro Arg Ser				
	275			
<210> 985				
<211> 852				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (101)..(829)				
<223> RXN01892				
<400> 985				
ggtctcagtg gcttcttggt tgctgtgatt ttttcaaggc gtaccccgtag gccgatgtta	60			
aaagcggttg gcacaacccc tactgaagga gaacaccact gtg acc acc tcg agt	115			
		Val Thr Thr Ser Ser		
		1	5	
gaa caa ccc cgt aca gga tac aag cga gtg atg tta aag ctc gga ggt	163			
Glu Gln Pro Arg Thr Gly Tyr Lys Arg Val Met Leu Lys Leu Gly Gly				
	10	15	20	
gaa atg ttt ggt ggt ggc aaa gtc ggc gtc gat cct gat gta gta gac	211			
Glu Met Phe Gly Gly Gly Lys Val Gly Val Asp Pro Asp Val Val Asp				
	25	30	35	
aat gtt gca cgt cag atc gct gaa gtt gct aaa act gga gca gag att	259			
Asn Val Ala Arg Gln Ile Ala Glu Val Ala Lys Thr Gly Ala Glu Ile				
	40	45	50	
gcc gtt gtt atc ggt ggc gga aac ttc ttc cgc gga gct gag ctt cag	307			
Ala Val Val Ile Gly Gly Gly Asn Phe Phe Arg Gly Ala Glu Leu Gln				
	55	60	65	
cag cgt ggc atg gac cgc gca cgg tcc gat tac atg ggt atg ctc ggc	355			
Gln Arg Gly Met Asp Arg Ala Arg Ser Asp Tyr Met Gly Met Leu Gly				
	70	75	80	
aca gtc atg aac tgc ctc gcc ttg cag gac ttc ctc ggt cag cat ggc	403			
Thr Val Met Asn Cys Leu Ala Leu Gln Asp Phe Leu Gly Gln His Gly				
	90	95	100	
gtt gaa tgc cgt gtc cag acc gcc atc aac atg gca cag gtc gca gaa	451			
Val Glu Cys Arg Val Gln Thr Ala Ile Asn Met Ala Gln Val Ala Glu				
	105	110	115	
cca tat ctg cca ctg cgc gca gaa cgc cac ctg gaa aag ggc cgc gtt	499			
Pro Tyr Leu Pro Leu Arg Ala Glu Arg His Leu Glu Lys Gly Arg Val				

gtc atc ttc ggt gct ggc atg ggt atg ccg tac ttt tcc acg gac acc 547
Val Ile Phe Gly Ala Gly Met Gly Met Pro Tyr Phe Ser Thr Asp Thr

135 140 145
act gct gca cag cgt gcg ttg gaa atc ggc tgt gac gtc cta ctg atg 595
Thr Ala Ala Gln Arg Ala Leu Glu Ile Gly Cys Asp Val Leu Leu Met

150 155 160 165
gct aag gct gtt gac ggt gtg tac agc gat gat cct cgt acc aac cca 643
Ala Lys Ala Val Asp Gly Val Tyr Ser Asp Asp Pro Arg Thr Asn Pro

170 175 180
gat gct gag ctc ttc acc gaa att act cca aag gaa gta att gag aag 691
Asp Ala Glu Leu Phe Thr Glu Ile Thr Pro Lys Glu Val Ile Glu Lys

185 190 195
ggc ctg aag gtt gcc gat gca act gca ttc agc ctc tgc atg gac aac 739
Gly Leu Lys Val Ala Asp Ala Thr Ala Phe Ser Leu Cys Met Asp Asn

200 205 210
aag atg cct atc ttg gtg ttt aac ctg ctt act gaa ggc aac att gct 787
Lys Met Pro Ile Leu Val Phe Asn Leu Leu Thr Glu Gly Asn Ile Ala

215 220 225
cgc gcc atc agc ggt gaa cgt atc ggt act ctg gtc gag tcc 829
Arg Ala Ile Ser Gly Glu Arg Ile Gly Thr Leu Val Glu Ser

230 235 240
tgatacattt agtcttataa aca 852
<210> 986
<211> 243
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 986
Val Thr Thr Ser Ser Glu Gln Pro Arg Thr Gly Tyr Lys Arg Val Met
1 5 10 15
Leu Lys Leu Gly Glu Met Phe Gly Gly Gly Lys Val Gly Val Asp
20 25 30
Pro Asp Val Val Asp Asn Val Ala Arg
Gln Ile Ala Glu Val Ala Lys
35 40 45
Thr Gly Ala Glu Ile Ala Val Val Ile Gly Gly Gly Asn Phe Phe Arg
50 55 60
Gly Ala Glu Leu Gln Gln Arg Gly Met Asp Arg Ala Arg Ser Asp Tyr
65 70 75 80
Met Gly Met Leu Gly Thr Val Met Asn Cys Leu Ala Leu Gln Asp Phe
85 90 95
Leu Gly Gln His Gly Val Glu Cys Arg Val Gln Thr Ala Ile Asn Met
100 105 110
Ala Gln Val Ala Glu Pro Tyr Leu Pro Leu Arg Ala Glu Arg His Leu
115 120 125
Glu Lys Gly Arg Val Val Ile Phe Gly Ala Gly Met Gly Met Pro Tyr
130 135 140
Phe Ser Thr Asp Thr Thr Ala Ala Gln Arg Ala Leu Glu Ile Gly Cys

[illegible]

105	110	115	
gaa cca tat ctg cca ctg cgc gca gaa cgc cac ctg gaa aag ggc cgc			442
Glu Pro Tyr Leu Pro Leu Arg Ala Glu Arg His Leu Glu Lys Gly Arg			
120	125	130	
gtt gtc atc ttc ggt gct ggc atg ggt atg ccg tac ttt tcc acg gac			490
Val Val Ile Phe Gly Ala Gly Met Gly Met Pro Tyr Phe Ser Thr Asp			
135	140	145	
acc act gct gca cag cgt gcg ttg gaa atc ggc tgt gac gtc cta ctg			538
Thr Thr Ala Ala Gln Arg Ala Leu Glu Ile Gly Cys Asp Val Leu Leu			
150	155	160	
atg gct aag gct gtt gac ggt gtg tac agc gat gat cct cgt acc aac			586
Met Ala Lys Ala Val Asp Gly Val Tyr Ser Asp Asp Pro Arg Thr Asn			
165	170	175	180
cca gat gct gag ctc ttc acc gaa att act cca aag gaa gta att gag			634
Pro Asp Ala Glu Leu Phe Thr Glu Ile Thr Pro Lys Glu Val Ile Glu			
185	190	195	
aag ggc ctg aag gtt gcc gat gca act gca ttc agc ctc tgc atg gac			682
Lys Gly Leu Lys Val Ala Asp Ala Thr Ala Phe Ser Leu Cys Met Asp			
200	205	210	
aac aag atg cct atc ttg gtg ttt aac ctg ctt act gaa ggc aac att			730
Asn Lys Met Pro Ile Leu Val Phe Asn Leu Leu Thr Glu Gly Asn Ile			
215	220	225	
gct cgc gcc atc agc ggt gaa cgt atc ggt act ctg gtc gag tcc			775
Ala Arg Ala Ile Ser Gly Glu Arg Ile Gly Thr Leu Val Glu Ser			
230	235	240	
tgatacatTT agtcttataa aca			798
<210> 988			
<211> 243			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 988			
Val Thr Thr Ser Ser Glu Gln Pro Arg Thr Gly Tyr Lys Arg Val Met			
1	5	10	15
Leu Lys Leu Glu Gly Glu Met Phe Gly Gly Gly Lys Val Gly Val Asp			
20	25	30	
Pro Asp Val Val Asp Asn Val Ala			
Arg Gln Ile Ala Glu Val Ala Lys			
35	40	45	
Thr Gly Ala Glu Ile Ala Val Val Ile Gly Gly Gly Asn Phe Phe Arg			
50	55	60	
Gly Ala Glu Leu Gln Gln Arg Gly Met Asp Arg Ala Arg Ser Asp Tyr			
65	70	75	80
Met Gly Met Leu Gly Thr Val Met Asn Cys Leu Ala Leu Gln Asp Phe			
85	90	95	
Leu Gly Gln His Gly Val Glu Cys Arg Val Gln Thr Ala Ile Asn Met			
100	105	110	
Ala Gln Val Ala Glu Pro Tyr Leu Pro Leu Arg Ala Glu Arg His Leu			

[illegible]

Trp Ala Asp Glu Asp Gly Glu Leu Gly Pro Val Tyr Gly Val Gln Trp

90 95 100
cgt tct tgg cca acc cct gat ggt cgt cac att gac cag atc tca ggt 451
Arg Ser Trp Pro Thr Pro Asp Gly Arg His Ile Asp Gln Ile Ser Gly

105 110 115
gct tta gaa act ctg cga aac aac cct gat tca cgt cgc aat att gtc 499
Ala Leu Glu Thr Leu Arg Asn Asn Pro Asp Ser Arg Arg Asn Ile Val

120 125 130
tcg gcg tgg aat gtt tcc gag ctt gaa aac atg gct ctt ccc cct tgt 547
Ser Ala Trp Asn Val Ser Glu Leu Glu Asn Met Ala Leu Pro Pro Cys

135 140 145
cac ttg ctt ttc cag ctc tat gtc gcc gat ggc aaa ctg tct tgc cag 595
His Leu Leu Phe Gln Leu Tyr Val Ala Asp Gly Lys Leu Ser Cys Gln

150 155 160 165
ctc tac cag cgt tct gcg gac atg ttc ctg ggt gtg cct ttc aac atc 643
Leu Tyr Gln Arg Ser Ala Asp Met Phe Leu Gly Val Pro Phe Asn Ile

170 175 180
gca tct tat gca ctg ctc acc cac atg ttt gcc cag cag gca ggc ttg 691
Ala Ser Tyr Ala Leu Leu Thr His Met Phe Ala Gln Gln Ala Gly Leu

185 190 195
gaa gtc ggc gag ttc att tgg act ggc ggc gac tgc cac att tat gac 739
Glu Val Gly Glu Phe Ile Trp Thr Gly Gly Asp Cys His Ile Tyr Asp

200 205 210
aac cac aag gaa cag gtc gcg gag cag ctg agc cga taagctcgcc 785
Asn His Lys Glu Gln Val Ala Glu Gln Leu Ser Arg

215 220 225
cctacccac ctt 798
<210> 990
<211> 225
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 990
Met Thr Val Pro Thr Pro Tyr Glu Asp Leu Leu Arg Lys Ile Ala Glu
1 5 10 15
Glu Gly Ser His Lys Asp Asp Arg Thr Gly Thr Gly Thr Thr Ser Leu
20 25 30
Phe Gly Gln Gln Ile Arg Phe Asp Leu Asn Glu Gly Phe Pro Leu Leu
35 40
45
Thr Thr Lys Lys Val His Phe His Ser Val Val Gly Glu Leu Leu Trp
50 55 60
Phe Leu Gln Gly Asp Ser Asn Val Lys Trp Leu Gln Asp Asn Asn Ile
65 70 75 80
85 90 95
Arg Ile Trp Asn Glu Trp Ala Asp Glu Asp Gly Glu Leu Gly Pro Val
Tyr Gly Val Gln Trp Arg Ser Trp Pro Thr Pro Asp Gly Arg His Ile

100 105 110
 Asp Gln Ile Ser Gly Ala Leu Glu Thr Leu Arg Asn Asn Pro Asp Ser
 115 120 125
 Arg Arg Asn Ile Val Ser Ala Trp Asn Val Ser Glu Leu Glu Asn Met
 130 135 140

Ala Leu Pro Pro Cys His Leu Leu Phe Gln Leu Tyr Val Ala Asp Gly
 145 150 155 160

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

Arg

225

<210> 991

<211> 732

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(709)

<223> RXA00131

<400> 991

aggctctcgg cggtcagctc accgaactga ccaaggagca ggctgagtac atcggcggttg 60
 acgttgacagg ccattcaag ccggagcact accgtacta atg att gtc agc att 115
 Met Ile Val Ser Ile

1 5
 gag gga atc gac ggc gcc ggc aaa aac acc ctg gtt tcg gca tta acg 163
 Glu Gly Ile Asp Gly Ala Gly Lys Asn Thr Leu Val Ser Ala Leu Thr

10 15 20
 cag gtt att gat gca aaa gtc ctt gca ttc cca cgt tat gaa acc tcg 211
 Gln Val Ile Asp Ala Lys Val Leu Ala Phe Pro Arg Tyr Glu Thr Ser

25 30 35
 att cac gcc caa ttg gcc gcg gaa gca ctc cac ggc cgc atg ggc gac 259
 Ile His Ala Gln Leu Ala Ala Glu Ala Leu His Gly Arg Met Gly Asp

40 45 50
 ctc acc gac agc gcc tac gcc atg gcc acg ctt ttc gcc ctc gac cgc 307
 Leu Thr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Ala Thr Leu Phe Ala Leu Asp Arg

55 60 65
 cac ttc gcg att gat gac tta aat gcg ccc ggc gtg gtg ctg ctc gac 355
 His Phe Ala Ile Asp Asp Leu Asn Ala Pro Gly Val Val Leu Leu Asp

70 75 80 85

cga tac gtc gcc tcc aac gcg gct tat acc gcc gcc aga ttg ctt gac 403
Arg Tyr Val Ala Ser Asn Ala Ala Tyr Thr Ala Ala Arg Leu Leu Asp

90 95 100
gac gac gcc ccc cgc tgg gtt gcc gac ctg gaa ttc ggg cgg ctt ggg 451
Asp Asp Ala Pro Arg Trp Val Ala Asp Leu Glu Phe Gly Arg Leu Gly

105 110 115
ctc cca cgt ccg acg ctt caa gtg ttg ttg gat acc ccc gcg gag gta 499
Leu Pro Arg Pro Thr Leu Gln Val Leu Leu Asp Thr Pro Ala Glu Val

120 125 130
gcg caa gat agg gct aga cgt cga gaa gcg ctt gac tcc gcg cgt gcg 547
Ala Gln Asp Arg Ala Arg Arg Arg Glu Ala Leu Asp Ser Ala Arg Ala

135 140 145
cgg gac cgc tat gaa tcg gat tcg gcg ctg cag caa cgc acc gcc gag 595
Arg Asp Arg Tyr Glu Ser Asp Ser Ala Leu Gln Gln Arg Thr Ala Glu

150 155 160 165
cac tat cgc cgc ctc gcg gcg gac aac tgg gaa tca ccg tgg atc gtg 643
His Tyr Arg Arg Leu Ala Ala Asp Asn Trp Glu Ser Pro Trp Ile Val

170 175 180
gtt gcc cct gat gaa gac ccc ggc cac gtt gcg cag aga atc gtg gaa 691
Val Ala Pro Asp Glu Asp Pro Gly His Val Ala Gln Arg Ile Val Glu

185 190 195
ttc ctg ggt act ata aac taatccaat tagcaggaag gat 732
Phe Leu Gly Thr Ile Asn

200
<210> 992
<211> 203
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 992
Met Ile Val Ser Ile Glu Gly Ile Asp Gly Ala Gly Lys Asn Thr Leu
1 5 10 15
Val Ser Ala Leu Thr Gln Val Ile Asp Ala Lys Val Leu Ala Phe Pro
20 25 30
Arg Tyr Glu Thr Ser Ile His Ala Gln Leu Ala Ala Glu Ala Leu His
35 40 45
Gly
Arg Met Gly Asp Leu Thr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Ala Thr Leu
50 55 60
Phe Ala Leu Asp Arg His Phe Ala Ile Asp Asp Leu Asn Ala Pro Gly
65 70 75 80

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

Asp Ser Ala Arg Ala Arg Asp Arg Tyr Glu Ser Asp Ser Ala Leu Gln
145 150 155 160

Gln Arg Thr Ala Glu His Tyr Arg Arg Leu Ala Ala Asp Asn Trp Glu
165 170 175
Ser Pro Trp Ile Val Val Ala Pro Asp Glu Asp Pro Gly His Val Ala
180 185 190
Gln Arg Ile Val Glu Phe Leu Gly Thr Ile Asn

195 200

<210> 993
<211> 531
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(508)
<223> RXA00266
<400> 993

agtaggggat cgtccagcga agcggtcgca gaggtgtga ggaagctcta agtcgactta 60
agtgcgcgaa gcagaccacc attaggtaga atcacccaac atg act gaa cgt act 115
Met Thr Glu Arg Thr

1 5
ctc atc ctt atc aag cca gac ggt gtt acc aac gga cac gtc ggc gaa 163
Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn Gly His Val Gly Glu

10 15 20
atc atc gca cgt att gag cgc aag ggc ctg aag ctc gct gct ctg gat 211
Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys Leu Ala Ala Leu Asp

25 30 35
ctg cgt gtt gca gac cgc gag acc gct gaa aag cac tac gaa gag cac 259
Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys His Tyr Glu Glu His

40 45 50
gct gac aag cca ttc ttc ggt gag ctc gtt gaa ttc atc acc tct gca 307
Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu Phe Ile Thr Ser Ala

55 60 65
cct ctg atc gca ggc atc gtc gaa ggc gag cgt gca atc gat gca tgg 355
Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg Ala Ile Asp Ala Trp

70 75 80 85
cgt cag ctt gct ggt ggc acc gac cca gtt gct aag gca acc cca ggc 403
Arg Gln Leu Ala Gly Gly Thr Asp Pro Val Ala Lys Ala Thr Pro Gly

90 95 100
acc atc cgc ggc gat ttc gca ctg act gtt gga gag aac gtt gtt cac 451
Thr Ile Arg Gly Asp Phe Ala Leu Thr Val Gly Glu Asn Val Val His

105 110 115
ggt tct gat tcc cca gag tcc gct gag cgc gag atc tcc atc tgg ttc 499

Gly Ser Asp Ser Pro Glu Ser Ala Glu Arg Glu Ile Ser Ile Trp Phe

120 125 130 531
cct aac ctg taatttttac ggtagaaaa aaa
Pro Asn Leu

135
<210> 994
<211> 136
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 994
Met Thr Glu Arg Thr Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn
1 5 10 15
Gly His Val Gly Glu Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys
20 25 30
Leu Ala Ala Leu Asp Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys
35 40 45
His Tyr Glu Glu
His Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu
50 55 60
Phe Ile Thr Ser Ala Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg
65 70 75 80

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

130 135
<210> 995
<211> 831
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(808)
<223> RXA00718
<400> 995
gcaccaagct gcacaccgtt cagcttgggtg atcagaagcc aggttcctt cgtgcactga 60
actcctctga gctgaccagc ttatacaagg tggccaact gtg acg gaa att tcc 115
Val Thr Glu Ile Ser

1 5
aac atg cct gcc ggt ggc ctc atc gta gcc atc gac ggg ccg tct ggc 163
Asn Met Pro Ala Gly Gly Leu Ile Val Ala Ile Asp Gly Pro Ser Gly

10 15 20
acc gga aaa tcc acc aca tcc cgc gcg ctc gca acc cgt ctc tcg gcc 211
Thr Gly Lys Ser Thr Thr Ser Arg Ala Leu Ala Thr Arg Leu Ser Ala

25 30 35
aag tac cta gat act ggt gcg atg tac cgc gtc gca acg ctt cat gtg 259

Lys Tyr Leu Asp Thr Gly Ala Met Tyr Arg Val Ala Thr Leu His Val

40 45 50
 ctt aac cag ggg att gac cct gca gat agc gca gcc gtg atc gct gca 307
 Leu Asn Gln Gly Ile Asp Pro Ala Asp Ser Ala Ala Val Ile Ala Ala

55 60 65
 acc gct gta ttg ccg ttg tcg att tct gac gat ccc gcc tcc act gag 355
 Thr Ala Val Leu Pro Leu Ser Ile Ser Asp Asp Pro Ala Ser Thr Glu

70 75 80 85
 gtg ttg ctc gcg ggc gtc gat gtg caa aag gac atc cgc gga cca gaa 403
 Val Leu Leu Ala Gly Val Asp Val Gln Lys Asp Ile Arg Gly Pro Glu

90 95 100
 gtc acc caa aat gtc tcc gca gtg tcc gcg atc cct gag gtt cgt gaa 451
 Val Thr Gln Asn Val Ser Ala Val Ser Ala Ile Pro Glu Val Arg Glu

105 110 115
 aac ttg gtg gcg ttg cag cgc gca ctc gcc gcc aaa gca cat cgc tgc 499
 Asn Leu Val Ala Leu Gln Arg Ala Leu Ala Ala Lys Ala His Arg Cys

120 125 130
 gtc gtc gaa ggc aga gac atc gga acg gca gtg ctt gtc gac gcg ccc 547
 Val Val Glu Gly Arg Asp Ile Gly Thr Ala Val Leu Val Asp Ala Pro

135 140 145
 atc aag gcg ttt ctc acc gcc tca gcg gaa gtc cgc gcc cag cga cgc 595
 Ile Lys Ala Phe Leu Thr Ala Ser Ala Glu Val Arg Ala Gln Arg Arg

150 155 160 165
 ttt gac caa gac acc gca gca ggt cgc gac gta gat ttc gac gct gtg 643
 Phe Asp Gln Asp Thr Ala Ala Gly Arg Asp Val Asp Phe Asp Ala Val

170 175 180
 ctg gca gat gtt gtt cgc cgc gat gaa cta gat tcc acc cgt gcc gcc 691
 Leu Ala Asp Val Val Arg Arg Asp Glu Leu Asp Ser Thr Arg Ala Ala

185 190 195
 tca ccg ctg aaa cca gca gat gat gca cac atc gtg gac acc tct gat 739
 Ser Pro Leu Lys Pro Ala Asp Asp Ala His Ile Val Asp Thr Ser Asp

200 205 210
 atg acc atg gat caa gta ctt gat cac ctc atc cac cta gtg gaa gcc 787
 Met Thr Met Asp Gln Val Leu Asp His Leu Ile His Leu Val Glu Ala

215 220 225
 tcc gct gaa agg agc aac cag tgactgataa acacaccatg cct 831
 Ser Ala Glu Arg Ser Asn Gln

230 235
 <210> 996
 <211> 236
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 996

Val Thr Glu Ile Ser Asn Met Pro Ala Gly Gly Leu Ile Val Ala Ile
1 5 10 15
Asp Gly Pro Ser Gly Thr Gly Lys Ser Thr Thr Ser Arg Ala Leu Ala
20 25 30
Thr Arg Leu Ser Ala Lys Tyr Leu Asp Thr Gly Ala Met Tyr Arg Val
35 40 45

Ala Thr Leu His Val Leu Asn Gln Gly Ile Asp Pro Ala Asp Ser Ala
50 55 60
Ala Val Ile Ala Ala Thr Ala Val Leu Pro Leu Ser Ile Ser Asp Asp
65 70 75 80

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

Leu Val Asp Ala Pro Ile Lys Ala Phe Leu Thr Ala Ser Ala Glu Val
145 150 155 160

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

His Leu Val Glu Ala Ser Ala Glu Arg Ser Asn Gln

225 230 235
<210> 997
<211> 1785
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1762)
<223> RXA01599
<400> 997
cacggaacgt ttaagttttc cgcaccgcct gactcgaaaa gatctttttt aaagagctgt 60
tcgatgttta ggttcaacca ggaaggctgt ctcagacatc atg acc tct agt cga 115
Met Thr Ser Ser Arg
1 5
aaa gtc cgt ccc acc aaa cac att ttc gtc acc ggt gga gtt gtt tcc 163
Lys Val Arg Pro Thr Lys His Ile Phe Val Thr Gly Gly Val Val Ser
10 15 20
tca ctc ggc aaa ggc ctg acc gca gca agc ctt ggt caa ttg ctg att 211

Ser Leu Gly Lys Gly Leu Thr Ala Ala Ser Leu Gly Gln Leu Leu Ile

25 30 35
gca cgg gga ctg tgc gtg acc atg cag aag ctg gat cca tac ctc aat 259
Ala Arg Gly Leu Ser Val Thr Met Gln Lys Leu Asp Pro Tyr Leu Asn

40 45 50
gtt gat ccg ggc acc atg aat cct ttt gaa cac ggt gaa gtc ttt gtc 307
Val Asp Pro Gly Thr Met Asn Pro Phe Glu His Gly Glu Val Phe Val

55 60 65
acc gaa gac ggg gca gaa aca gac ctg gat ttg ggc cac tac gag cgt 355
Thr Glu Asp Gly Ala Glu Thr Asp Leu Asp Leu Gly His Tyr Glu Arg

70 75 80 85
ttc ctc gat cgc aac ctg ggg ctc aac gcc aat gtc acc acc ggc aag 403
Phe Leu Asp Arg Asn Leu Gly Leu Asn Ala Asn Val Thr Thr Gly Lys

90 95 100
gtg tat tcc act gtg atc gcc aag gag cgc agg gga gag tac ctg ggt 451
Val Tyr Ser Thr Val Ile Ala Lys Glu Arg Arg Gly Glu Tyr Leu Gly

105 110 115
aaa act gtg cag gtc atc cca cac atc act gat gag atc aaa gct cgt 499
Lys Thr Val Gln Val Ile Pro His Ile Thr Asp Glu Ile Lys Ala Arg

120 125 130
att ttg agc atg ggc gaa cca gat gct cat ggt aac gcc cca gac gtg 547
Ile Leu Ser Met Gly Glu Pro Asp Ala His Gly Asn Ala Pro Asp Val

135 140 145
gtg atc tct gag gtc ggt ggc acc gtc ggt gac att gaa tcc cag cca 595
Val Ile Ser Glu Val Gly Gly Thr Val Gly Asp Ile Glu Ser Gln Pro

150 155 160 165
ttc ctt gaa gca gct cgc cag gta cgc cat gaa att ggt cgt gaa aac 643
Phe Leu Glu Ala Ala Arg Gln Val Arg His Glu Ile Gly Arg Glu Asn

170 175 180
tgc ttc ttc atc cac tgt tct ttg gtg cca tac ttg gct acc tca ggt 691
Cys Phe Phe Ile His Cys Ser Leu Val Pro Tyr Leu Ala Thr Ser Gly

185 190 195
gag ctg aag acc aaa ccc acc cag cat tct gtc gca gag ctg cgc ggc 739
Glu Leu Lys Thr Lys Pro Thr Gln His Ser Val Ala Glu Leu Arg Gly

200 205 210
atc ggt att ttg ccg gat gct ctc gtg ctt cgt tgc gat cgg gag gtc 787
Ile Gly Ile Leu Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg Cys Asp Arg Glu Val

215 220 225
cct caa ggt ctg aaa gat aag atc gcg atg atg tgc gat gtt gat tat 835
Pro Gln Gly Leu Lys Asp Lys Ile Ala Met Met Cys Asp Val Asp Tyr

230 235 240 245

gaa ggc gtt gta tct tgc cct gat tcc agt tct att tac aac att cca	883
Glu Gly Val Val Ser Cys Pro Asp Ser Ser Ser Ile Tyr Asn Ile Pro	
250 255 260	
gat gtc ctc tac cgc gag cac ctg gac acc ttc att att cgt cgc ctg	931
Asp Val Leu Tyr Arg Glu His Leu Asp Thr Phe Ile Ile Arg Arg Leu	
265 270 275	
ggc ctt ccg ttc cgt gat gtt gac tgg agc acc tgg cac gat ctg ctg	979
Gly Leu Pro Phe Arg Asp Val Asp Trp Ser Thr Trp His Asp Leu Leu	
280 285 290	
gaa cgg gtg aac aac cca cgc cat gag ctc acc gtc ggc atc gtg ggc	1027
Glu Arg Val Asn Asn Pro Arg His Glu Leu Thr Val Gly Ile Val Gly	
295 300 305	
aag tac att gat ctt ccc gat gct tat ctc tca gtg gtg gaa gct gtt	1075
Lys Tyr Ile Asp Leu Pro Asp Ala Tyr Leu Ser Val Val Glu Ala Val	
310 315 320 325	
cgc gct gca ggc tac gcc aat tgg acg cgc acc aat atc aag tgg att	1123
Arg Ala Ala Gly Tyr Ala Asn Trp Thr Arg Thr Asn Ile Lys Trp Ile	
330 335 340	
acc tca gat gat tgc gaa acc cca tct ggc gcc atg aaa gcg ctc agc	1171
Thr Ser Asp Asp Cys Glu Thr Pro Ser Gly Ala Met Lys Ala Leu Ser	
345 350 355	
ggg ttg gat gcc atc gtg gtt ccc gga ggt ttc ggt atc cga ggt atc	1219
Gly Leu Asp Ala Ile Val Val Pro Gly Gly Phe Gly Ile Arg Gly Ile	
360 365 370	
gaa ggc aaa atc ggt gcg att acg ttt gca cgt gag cac aag atc ccg	1267
Glu Gly Lys Ile Gly Ala Ile Thr Phe Ala Arg Glu His Lys Ile Pro	
375 380 385	
ctt ctt ggc cta tgc ctt ggc ctg cag tgc acc gtc atc gag gca gca	1315
Leu Leu Gly Leu Cys Leu Gly Leu Gln Cys Thr Val Ile Glu Ala Ala	
390 395 400 405	
cgc cag gca gga ctg gag cag gca tca tcc act gag ttt gac cca gct	1363
Arg Gln Ala Gly Leu Glu Gln Ala Ser Ser Thr Glu Phe Asp Pro Ala	
410 415 420	
gca acg cag cca gtg atc gcc acc atg gaa gag cag aaa gct gct gtg	1411
Ala Thr Gln Pro Val Ile Ala Thr Met Glu Glu Gln Lys Ala Ala Val	
425 430 435	
tcg ggt gaa gct gat ctg ggt ggc acc atg cgt ctt ggc gca tat cct	1459
Ser Gly Glu Ala Asp Leu Gly Gly Thr Met Arg Leu Gly Ala Tyr Pro	
440 445 450	
gca acc ctg gag gaa ggc tcc tta gta gcg gaa ctg tat ggc aca acg	1507
Ala Thr Leu Glu Glu Gly Ser Leu Val Ala Glu Leu Tyr Gly Thr Thr	
455 460 465	

gaa gtc tcc gag cgc cac cgt cac cgc tat gag gtc aat aat gcc tac 1555
Glu Val Ser Glu Arg His Arg His Arg Tyr Glu Val Asn Asn Ala Tyr

470 475 480 485
cgc gcc cag att gct gaa ggt tca gat ttg gtc ttc tcc gga acc tca 1603
Arg Ala Gln Ile Ala Glu Gly Ser Asp Leu Val Phe Ser Gly Thr Ser

490 495 500
cct gat gga cat ttg gtg gag ttc gtg gag tac ccc aaa gag gtg cat 1651
Pro Asp Gly His Leu Val Glu Phe Val Glu Tyr Pro Lys Glu Val His

505 510 515
cct tat ctg gtg gca acc cag gcg cac cct gag tac aaa tct cgt cca 1699
Pro Tyr Leu Val Ala Thr Gln Ala His Pro Glu Tyr Lys Ser Arg Pro

520 525 530
acc cat gct cat cca ctg ttt tac ggc ctg gtg aag acc gct ttg gag 1747
Thr His Ala His Pro Leu Phe Tyr Gly Leu Val Lys Thr Ala Leu Glu

535 540 545
ctg cgt gtc cac cct tagatctaca atgtgatcat ggt 1785
Leu Arg Val His Pro

550
<210> 998
<211> 554
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 998
Met Thr Ser Ser Arg Lys Val Arg Pro Thr Lys His Ile Phe Val Thr
1 5 10 15
Gly Gly Val Val Ser Ser Leu Gly Lys Gly Leu Thr Ala Ala Ser Leu
20 25 30
Gly Gln Leu Leu Ile Ala Arg Gly Leu Ser Val Thr Met Gln Lys Leu
35 40 45
Asp Pro
Tyr Leu Asn Val Asp Pro Gly Thr Met Asn Pro Phe Glu His
50 55 60
Gly Glu Val Phe Val Thr Glu Asp Gly Ala Glu Thr Asp Leu Asp Leu
65 70 75 80

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

Asn Ala Pro Asp Val Val Ile Ser Glu Val Gly Gly Thr Val Gly Asp
145 150 155 160

Ile Glu Ser Gln Pro Phe Leu Glu Ala Ala Arg Gln Val Arg His Glu
165 170 175
Ile Gly Arg Glu Asn Cys Phe Phe Ile His Cys Ser Leu Val Pro Tyr

[illegible]

545		550			
<210>	999				
<211>	3462				
<212>	DNA				
<213>	Corynebacterium glutamicum				
<220>					
<221>	CDS				
<222>	(101)..(3439)				
<223>	RXN02234				
<400>	999				
accagaggc cgctgccggc ccaaatgatg caagcccct gtttgaccag tttgttgagc	60				
tgatggatgc agacgctcag aagaaaggcg cataaataac atg cca aag cgt tca	115				
	Met Pro Lys Arg Ser				
		1	5		
gat att aac cac gtc ctg gtc atc ggt tcc gcc ccc atc gtc att gcc	163				
Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly Pro Ile Val Ile Gly					
		10	15	20	
cag gca tgt gaa ttc gac tac tcc gcc acc cag gct tgc cgc gtg ctg	211				
Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln Ala Cys Arg Val Leu					
		25	30	35	
aag gaa gag gga ctg cgc gtc acc ctg atc aac tcc aac cca gca acg	259				
Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn Ser Asn Pro Ala Thr					
		40	45	50	
atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac acc tac gtg gag cca atc	307				
Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr Tyr Val Glu Pro Ile					
		55	60	65	
gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct aag gaa atc gag cag gcc	355				
Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala Lys Glu Ile Glu Gln Gly					
		70	75	80	85
cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt ggt gcc cag act gca ctt	403				
His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu Gly Gly Gln Thr Ala Leu					
		90	95	100	
aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctg gcc atc ctg gaa aag tac gcc	451				
Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly Ile Leu Glu Lys Tyr Gly					
		105	110	115	
gtt gaa ctg atc ggt gca gac atc gat gcc att gag cgc gcc gaa gat	499				
Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala Ile Glu Arg Gly Glu Asp					
		120	125	130	
cgc cag aag ttc aag gat att gtc acc acc atc ggt gcc gaa tcc gcg	547				
Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr Ile Gly Gly Glu Ser Ala					
		135	140	145	
cgt tcc cgc gtc tgc cac aac atg gaa gaa gtc cac gag act gtc gca	595				
Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val His Glu Thr Val Ala					
150	155	160	165		

gaa ctc ggc ctt cca gta gtc gtg cgt cca tcc ttc act atg ggt ggc	643
Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro Ser Phe Thr Met Gly Gly	
170 175 180	
ctg ggc tcc ggt ctt gca tac aac acc gaa gac ctt gag cgc atc gct	691
Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu Asp Leu Glu Arg Ile Ala	
185 190 195	
ggt ggc gga ctt gct gca tct cct gaa gca aac gtc ttg atc gaa gaa	739
Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala Asn Val Leu Ile Glu Glu	
200 205 210	
tcc atc ctt ggt tgg aag gaa ttc gag ctc gag ctc atg cgc gat acc	787
Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu Glu Leu Met Arg Asp Thr	
215 220 225	
gca gac aac gtt gtg gtt atc tgc tcc att gaa aac gtc gac gca ctg	835
Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu Asn Val Asp Ala Leu	
230 235 240 245	
ggc gtg cac acc ggc gac tct gtc acc gtg gca cct gcc ctg acc ctg	883
Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val Ala Pro Ala Leu Thr Leu	
250 255 260	
act gac cgt gaa ttc cag aag atg cgc gat cag ggt atc gcc atc atc	931
Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp Gln Gly Ile Ala Ile Ile	
265 270 275	
cgc gag gtc ggc gtg gac acc ggt gga tgt aac atc cag ttc gcc atc	979
Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys Asn Ile Gln Phe Ala Ile	
280 285 290	
aac cca gtt gat ggc cgc atc atc acc att gag atg aac cca cgt gtg	1027
Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile Glu Met Asn Pro Arg Val	
295 300 305	
tct cgt tcc tcc gct ctg gca tcc aag gca acg ggc ttc cca att gcc	1075
Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr Gly Phe Pro Ile Ala	
310 315 320 325	
aag atg gct gcc aag ctg gct atc gga tac acc ctg gat gag atc acc	1123
Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr Leu Asp Glu Ile Thr	
330 335 340	
aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg ttt gag ccc acc atc gac	1171
Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe Glu Pro Thr Ile Asp	
345 350 355	
tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct ttc gag aag ttt gtc ggc	1219
Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe Glu Lys Phe Val Gly	
360 365 370	
gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag tcc gtc ggt gag gtc atg	1267
Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser Val Gly Glu Val Met	
375 380 385	

tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg aac aag gca ctg cgt tcc	1315			
Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn Lys Ala Leu Arg Ser				
390	395	400	405	
ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc aag cct gat gag ttc ttc	1363			
Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys Pro Asp Glu Phe Phe				
410	415	420		
gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct gtt ctg gaa gat ctc aag	1411			
Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val Leu Glu Asp Leu Lys				
425	430	435		
cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt gag ctg gca atg cgc ctt	1459			
Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu Leu Ala Met Arg Leu				
440	445	450		
ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca tct tct att gat cct tgg	1507			
Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser Ser Ile Asp Pro Trp				
455	460	465		
ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag ttc cgc cag aag ctc gtt	1555			
Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe Arg Gln Lys Leu Val				
470	475	480	485	
gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg cgc gaa gca aag ttc atg	1603			
Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu Arg Glu Ala Lys Phe Met				
490	495	500		
ggt ctg tcc gac ctg cag atc gca gcc ctt cgc cca gag ttc gct ggc	1651			
Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu Arg Pro Glu Phe Ala Gly				
505	510	515		
gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc cta ggc atc cgc cca gta	1699			
Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser Leu Gly Ile Arg Pro Val				
520	525	530		
ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag ttt gaa gct aag act ccg	1747			
Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu Phe Glu Ala Lys Thr Pro				
535	540	545		
tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca gca gct gag tct gag gtc	1795			
Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala Ala Glu Ser Glu Val				
550	555	560	565	
gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg atc ttg ggc tcc ggt cca	1843			
Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile Leu Gly Ser Gly Pro				
570	575	580		
aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac tac tcc tgt gtt cac gca	1891			
Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr Ser Cys Val His Ala				
585	590	595		
gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa act gtc atg gtc aac tgc	1939			
Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr Val Met Val Asn Cys				

aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac acc gct gac cgc ctg tac	1987
Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr Ala Asp Arg Leu Tyr	
615 620 625	
ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg gag gtc tac cac gct gag	2035
Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu Val Tyr His Ala Glu	
630 635 640 645	
gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc gtc cag ctt ggt ggc cag	2083
Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val Gln Leu Gly Gly Gln	
650 655 660	
act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag aag gct ggc gtc cct gtc	2131
Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys Lys Ala Gly Val Pro Val	
665 670 675	
att ggt acc tcc cca gag gca atc gac atg gct gag gac cgt ggc gag	2179
Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met Ala Glu Asp Arg Gly Glu	
680 685 690	
ttc ggt gca ctg ctg aac cgc gag cag ctt cct gct cca gca ttc ggc	2227
Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu Pro Ala Pro Ala Phe Gly	
695 700 705	
acc gca acc tct ttc gaa gag gct cgc aca gta gcc gat gag atc agc	2275
Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr Val Ala Asp Glu Ile Ser	
710 715 720 725	
tac cca gtg ctg gtt cgc cct tcc tac gtc ttg ggt ggc cgt ggc atg	2323
Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val Leu Gly Gly Arg Gly Met	
730 735 740	
gag att gtc tac gat gag gct tcc ctc gag gat tac atc aac cgc gca	2371
Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu Asp Tyr Ile Asn Arg Ala	
745 750 755	
act gag ttg tct tct gac cac cca gtg ctg gtt gac cgc ttc cta gac	2419
Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu Val Asp Arg Phe Leu Asp	
760 765 770	
aac gct att gag atc gac gtc gac gca ctg tgc gac ggc gag gtc	2467
Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu Cys Asp Gly Asp Glu Val	
775 780 785	
tac ctg gca ggc gtc atg gag cac atc gag gaa gcc ggc att cac tcc	2515
Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu Glu Ala Gly Ile His Ser	
790 795 800 805	
ggt gac tcc gca tgt gca ctt cct cca atg act ttg ggc gca cag gac	2563
Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met Thr Leu Gly Ala Gln Asp	
810 815 820	
atc gag aag gtc cgc gaa gca acc aag aag ctg gct ctg ggc atc ggt	2611
Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu Ala Leu Gly Ile Gly	
825 830 835	

gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca ctc aag gac gac atc ctc 2659
Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu Lys Asp Asp Ile Leu

840 845 850
tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc cgc acc gtg ccg ttc gtc 2707
Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg Thr Val Pro Phe Val

855 860 865
tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag gca gca tcc cgt atc gca 2755
Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala Ala Ser Arg Ile Ala

870 875 880 885
gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat gag ggc atg att cct acc 2803
Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu Gly Met Ile Pro Thr

890 895 900
gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac gct cca atc gct gtg aag 2851
Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala Pro Ile Ala Val Lys

905 910 915
gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt cgc cca gat gga aag acc 2899
Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg Pro Asp Gly Lys Thr

920 925 930
ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag tcc act ggc gag gtc atg 2947
Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser Thr Gly Glu Val Met

935 940 945
ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat gca aag gct gaa gct ggc 2995
Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala Lys Ala Glu Ala Gly

950 955 960 965
gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc gtc ttc gtg acc gtg gct 3043
Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val Phe Val Thr Val Ala

970 975 980
aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca atc cag cgc ctg gcg ttg 3091
Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro Ile Gln Arg Leu Ala Leu

985 990 995
atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc acc gca ggc atg ctg cgc 3139
Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr Ala Gly Met Leu Arg

1000 1005 1010
cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc aag gct tcc gac atc cgc 3187
Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys Ala Ser Asp Ile Arg

1015 1020 1025
gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat cgt atc cgc gaa ggc gaa 3235
Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg Ile Arg Glu Gly Glu

1030 1035 1040 1045
gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt tct gct ggc gct cgc cac 3283
Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser Ala Gly Ala Arg His

1050 1055 1060

gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg acc gtg ggt gtt ccg ctg 3331
Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val Thr Val Gly Val Pro Leu

1065 1070 1075
atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct gtc cag ggc ata gag gcc 3379
Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val Gln Gly Ile Glu Ala

1080 1085 1090
ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg ctg cag gaa ctc gac cac 3427
Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu Gln Glu Leu Asp His

1095 1100 1105
gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc gag 3462
Ala Val Lys Ala

1110
<210> 1000
<211> 1113
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1000
Met Pro Lys Arg Ser Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly
1 5 10 15
Pro Ile Val Ile Gly Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln
20 25 30
Ala Cys Arg Val Leu Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn
35 40 45
Ser Asn
Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr
50 55 60
Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala Lys
65 70 75 80

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

Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val
145 150 155 160

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

Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu

225	230	235	240
Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val Ala			
	245	250	255
Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp Gln			
	260	265	270
Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys Asn			
	275	280	285
Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile Glu			
	290	295	300
Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr			
305	310	315	320
Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr			
	325	330	335
Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe			
	340	345	350
Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe			
	355	360	365
Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser			
	370	375	380
Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn			
385	390	395	400
Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys			
	405	410	415
Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val			
	420	425	430
Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu			
	435	440	445
Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser			
	450	455	460
Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe			
465	470	475	480
Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu Arg			
	485	490	495
Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu Arg			
	500	505	510
Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser Leu			
	515	520	525
Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu Phe			
	530	535	540
Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala			
545	550	555	560
Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile			
	565	570	575
Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr			
	580	585	590
Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr			
	595	600	605

Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr															
610					615					620					
Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu															
625					630					635					640
Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val															
				645						650					655
Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys Lys															
				660						665					670
Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met Ala															
				675						680					685
Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu Pro															
				690						695					700
Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr Val															
705					710					715					720
Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val Leu															
				725						730					735
Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu Asp															
				740						745					750
Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu Val															
				755						760					765
Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu Cys															
				770						775					780
Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu Glu															
785					790					795					800
Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met Thr															
				805						810					815
Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu															
				820						825					830
Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu															
				835						840					845
Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg															
				850						855					860
Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala															
865					870					875					880
Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu															
				885						890					895
Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala															
				900						905					910
Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg															
				915						920					925
Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser															
				930						935					940
Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala															
945					950					955					960
Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val															
				965						970					975

Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro Ile
 980 985 990
 Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr
 995 1000 1005
 Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys
 1010 1015 1020

Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg
 1025 1030 1035 1040

Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser
 1045 1050 1055
 Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Val Thr
 1060 1065 1070
 Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val
 1075 1080 1085
 Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu
 1090 1095
 1100
 Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala

1105 1110
 <210> 1001
 <211> 3221
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(3198)
 <223> FRXA02234
 <400> 1001

ggc tcc aac cca gca acg atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac 48
 Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His

1 5 10 15
 acc tac gtg gag cca atc gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct 96
 Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala

20 25 30
 aag gaa atc gag cag ggc cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt 144
 Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu

35 40 45
 ggt ggc cag act gca ctt aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctc ggc 192
 Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly

50 55 60
 atc ctg gaa aag tac ggc gtt gaa ctc atc ggt gca gac atc gat gcc 240
 Ile Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala

65 70 75 80
 att gag cgc ggc gaa gat cgc cag aag ttc aag gat att gtc acc acc 288
 Ile Glu Arg Gly Glu Asp Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr

85 90 95

atc ggt ggc gaa tcc gcg cgt tcc cgc gtc tgc cac aac atg gaa gaa	336
Ile Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu	
100 105 110	
gtc cac gag act gtc gca gaa ctc ggc ctt cca gta gtc gtg cgt cca	384
Val His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro	
115 120 125	
tcc ttc act atg ggt ggc ctg ggc tcc ggt ctt gca tac aac acc gaa	432
Ser Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu	
130 135 140	
gac ctt gag cgc atc gct ggt ggc gga ctt gct gca tct cct gaa gca	480
Asp Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala	
145 150 155 160	
aac gtc ttg atc gaa gaa tcc atc ctt ggt tgg aag gaa ttc gag ctc	528
Asn Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu	
165 170 175	
gag ctc atg cgc gat acc gca gac aac gtt gtg gtt atc tgc tcc att	576
Glu Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile	
180 185 190	
gaa aac gtc gac gca ctg ggc gtg cac acc ggc gac tct gtc acc gtg	624
Glu Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val	
195 200 205	
gca cct gcc ctg acc ctg act gac cgt gaa ttc cag aag atg cgc gat	672
Ala Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp	
210 215 220	
cag ggt atc gcc atc atc cgc gag gtc ggc gtg gac acc ggt gga tgt	720
Gln Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys	
225 230 235 240	
aac atc cag ttc gcc atc aac cca gtt gat ggc cgc atc atc acc att	768
Asn Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile	
245 250 255	
gag atg aac cca cgt gtg tct cgt tcc tcc gct ctg gca tcc aag gca	816
Glu Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala	
260 265 270	
acg ggc ttc cca att gcc aag atg gct gcc aag ctg gct atc gga tac	864
Thr Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr	
275 280 285	
acc ctg gat gag atc acc aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg	912
Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala	
290 295 300	
ttt gag ccc acc atc gac tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct	960
Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala	

305	310	315	320	
ttc gag aag ttt gtc ggc gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag				1008
Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys				
	325	330	335	
tcc gtc ggt gag gtc atg tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg				1056
Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu				
	340	345	350	
aac aag gca ctg cgt tcc ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc				1104
Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr				
	355	360	365	
aag cct gat gag ttc ttc gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct				1152
Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala				
	370	375	380	
gtt ctg gaa gat ctc aag cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt				1200
Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val				
	385	390	395	400
gag ctg gca atg cgc ctt ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca				1248
Glu Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala				
	405	410	415	
tct tct att gat cct tgg ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag				1296
Ser Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln				
	420	425	430	
ttc cgc cag aag ctc gtt gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg				1344
Phe Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu				
	435	440	445	
cgc gaa gca aag ttc atg ggt ctg tcc gac ctg cag atc gca gcc ctt				1392
Arg Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu				
	450	455	460	
cgc cca gag ttc gct ggc gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc				1440
Arg Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser				
	465	470	475	480
cta ggc atc cgc cca gta ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag				1488
Leu Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu				
	485	490	495	
ttt gaa gct aag act ccg tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca				1536
Phe Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro				
	500	505	510	
gca gct gag tct gag gtc gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg				1584
Ala Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu				
	515	520	525	
atc ttg ggc tcc ggt cca aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac				1632
Ile Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp				

530	535	540	
tac tcc tgt gtt cac gca gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa			1680
Tyr Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu			
545	550	555	560
act gtc atg gtc aac tgc aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac			1728
Thr Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp			
565	570	575	
acc gct gac cgc ctg tac ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg			1776
Thr Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met			
580	585	590	
gag gtc tac cac gct gag gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc			1824
Glu Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile			
595	600	605	
gtc cag ctt ggt ggc cag act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag			1872
Val Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys			
610	615	620	
aag gct ggc gtc cct gtc att ggt acc tcc cca gag gca atc gac atg			1920
Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met			
625	630	635	640
gct gag gac cgt ggc gag ttc ggt gca ctg ctg aac cgc gag cag ctt			1968
Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu			
645	650	655	
cct gct cca gca ttc ggc acc gca acc tct ttc gaa gag gct cgc aca			2016
Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr			
660	665	670	
gta gcc gat gag atc agc tac cca gtg ctg gtt cgc cct tcc tac gtc			2064
Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val			
675	680	685	
ttg ggt ggc cgt ggc atg gag att gtc tac gat gag gct tcc ctc gag			2112
Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu			
690	695	700	
gat tac atc aac cgc gca act gag ttg tct tct gac cac cca gtg ctg			2160
Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu			
705	710	715	720
gtt gac cgc ttc cta gac aac gct att gag atc gac gtc gac gca ctg			2208
Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu			
725	730	735	
tgc gac ggc gac gag gtc tac ctg gca ggc gtc atg gag cac atc gag			2256
Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu			
740	745	750	
gaa gcc ggc att cac tcc ggt gac tcc gca tgt gca ctt cct cca atg			2304
Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met			

755	760	765	
act ttg ggc gca cag gac atc gag aag gtc cgc gaa gca acc aag aag			2352
Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys			
770	775	780	
ctg gct ctg ggc atc ggt gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca			2400
Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala			
785	790	795	800
ctc aag gac gac atc ctc tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc			2448
Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser			
805	810	815	
cgc acc gtg ccg ttc gtc tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag			2496
Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys			
820	825	830	
gca gca tcc cgt atc gca gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat			2544
Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp			
835	840	845	
gag ggc atg att cct acc gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac			2592
Glu Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp			
850	855	860	
gct cca atc gct gtg aag gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt			2640
Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg			
865	870	875	880
cgc cca gat gga aag acc ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag			2688
Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys			
885	890	895	
tcc act ggc gag gtc atg ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat			2736
Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr			
900	905	910	
gca aag gct gaa gct ggc gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc			2784
Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr			
915	920	925	
gtc ttc gtg acc gtg gct aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca			2832
Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro			
930	935	940	
atc cag cgc ctg gcg ttg atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc			2880
Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly			
945	950	955	960
acc gca ggc atg ctg cgc cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc			2928
Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu			
965	970	975	
aag gct tcc gac atc cgc gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat			2976
Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp			

980 985 990
 cgt atc cgc gaa ggc gaa gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt 3024
 Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly

995 1000 1005
 tct gct ggc gct cgc cac gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg 3072
 Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val

1010 1015 1020
 acc gtg ggt gtt ccg ctg atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct 3120
 Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala

1025 1030 1035 1040
 gtc cag ggc ata gag gcc ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg 3168
 Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala

1045 1050 1055
 ctg cag gaa ctc gac cac gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc 3218
 Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala

1060 1065 3221
 gag
 <210> 1002
 <211> 1066
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1002
 Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His
 1 5 10 15
 Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala
 20 25 30
 Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala
 Val Leu Ala Thr Leu
 35 40 45
 Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly
 50 55 60
 Ile Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala
 65 70 75 80

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

Asp Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala
 145 150 155 160

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

Ala Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp
210 215 220

Gln Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys
225 230 235 240

Asn Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile
245 250 255

Glu Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala
260 265 270

Thr Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr
275 280 285

Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala
290 295 300

Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala
305 310 315 320

Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys
325 330 335

Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu
340 345 350

Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr
355 360 365

Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala
370 375 380

Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val
385 390 395 400

Glu Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala
405 410 415

Ser Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln
420 425 430

Phe Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu
435 440 445

Arg Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu
450 455 460

Arg Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser
465 470 475 480

Leu Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu
485 490 495

Phe Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro
500 505 510

Ala Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu
515 520 525

Ile Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp
530 535 540

Tyr Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu
545 550 555 560

Thr Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp
565 570 575

Thr Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met
 580 585 590
 Glu Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile
 595 600 605
 Val Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys
 610 615 620

 Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met
 625 630 635 640

 Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu
 645 650 655
 Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr
 660 665 670
 Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val
 675 680 685
 Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu
 690 695 700

 Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu
 705 710 715 720

 Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu
 725 730 735
 Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu
 740 745 750
 Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met
 755 760 765
 Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys
 770 775 780

 Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala
 785 790 795 800

 Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser
 805 810 815
 Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys
 820 825 830
 Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp
 835 840 845
 Glu Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp
 850 855 860

 Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg
 865 870 875 880

 Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys
 885 890 895
 Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr
 900 905 910
 Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr
 915 920 925
 Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro
 930 935 940

 Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly

945	950	955	960
Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu			
	965	970	975
Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp			
	980	985	990
Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly			
	995	1000	1005
Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val			
1010	1015	1020	
Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala			
1025	1030	1035	1040
Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala			
	1045	1050	1055
Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala			
	1060	1065	
<210>	1003		
<211>	424		
<212>	DNA		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(101)..(424)		
<223>	RXN00450		
<400>	1003		
tttgcgatga catggatttg gatccttccg aacaattgct ggcgatcgcg gaagaactcg	60		
gttttgataa tgatctggct cgggtggtgg gattcgacta gtg ggc gtt tta cct	115		
	Val Gly Val Leu Pro		
		1	5
gtg cag gcg cgc atc aaa gac gat gag cgc cgc atg cgc cat gct ttg	163		
Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg Met Arg His Ala Leu			
	10	15	20
gat att gct cgc caa acc cct gag ggg gac gtt ccc gtt ggc gcc gtc	211		
Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val Pro Val Gly Ala Val			
	25	30	35
att tac gcg ccg acc ggg gag atc ctg gcg acc gca acg aac cgt cga	259		
Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr Ala Thr Asn Arg Arg			
	40	45	50
gaa gca gac cgc gat ccc acg gcc cac gcc gaa att att gct tta cga	307		
Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Ile Ala Leu Arg			
	55	60	65
cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc	355		
Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr			
	70	75	80
gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc gcc gcc ttg gtg	403		

Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val

90 95 100
ggg gct cga atc gga cgc atc 424
Gly Ala Arg Ile Gly Arg Ile

105
<210> 1004
<211> 108
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1004
Val Gly Val Leu Pro Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg
1 5 10 15
Met Arg His Ala Leu Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val
20 25 30
Pro Val Gly Ala Val Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr
35 40 45

Ala Thr Asn Arg Arg Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu
50 55 60
Ile Ile Ala Leu Arg Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg
65 70 75 80

Leu Ser Asp Cys Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys
85 90 95
Ala Gly Ala Leu Val Gly Ala Arg Ile Gly Arg Ile

100 105
<210> 1005
<211> 418
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(418)
<223> FRXA00450
<400> 1005
tttgcgatga catggatttg gatccttccg aacaattgct gcgcatcgcg gaagaactcg 60
gttttgataa tgatctggct cgggtgggtgg gattcgacta gtg ggc gtt tta cct 115
Val Gly Val Leu Pro

1 5
gtg cag gcg cgc atc aaa gac gat gag cgc cgc atg cgc cat gct ttg 163
Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg Met Arg His Ala Leu

10 15 20
gat att gct cgc caa acc cct gag ggg gac gtt ccc gtt ggc gcc gtc 211
Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val Pro Val Gly Ala Val

25 30 35
att tac gcg ccg acc ggg gag atc ctg gcg acc gca acg aac cgt cga 259
Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr Ala Thr Asn Arg Arg

40 45 50
gaa gca gac cgc gat ccc acg gcc cac gcc gaa att att gct tta cga 307

Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Ile Ala Leu Arg

55 60 65 355
cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc
Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr

70 75 80 85 403
gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc ggc gcc ttg gtg
Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val

90 95 100 418
ggt gct cga atc gga
Gly Ala Arg Ile Gly

105
<210> 1006
<211> 106
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1006
Val Gly Val Leu Pro Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg
1 5 10 15
Met Arg His Ala Leu Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val
20 25 30
Pro Val Gly Ala Val Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr
35 40 45
Ala Thr
Asn Arg Arg Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu
50 55 60
Ile Ile Ala Leu Arg Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg
65 70 75 80

Leu Ser Asp Cys Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys
85 90 95
Ala Gly Ala Leu Val Gly Ala Arg Ile Gly

100 105
<210> 1007
<211> 1368
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1345)
<223> RXN02272
<400> 1007
tatttaactc cacactaata cctgtcaagc aatagaatag atagcatctg gatcctccag 60
agtttgaaaa tatgccttga catgtagaaa tggagttctt gtg cgc att aca aac 115
Val Arg Ile Thr Asn

1 5 163
gcc cag gtt aag aac tac gca gag tta gtt gat atc acc ata gag ggt
Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp Ile Thr Ile Glu Gly

10 15 20 211
gaa aaa att tcc tcg att acc ccc tct tca att cga tca gaa gaa gat

Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile Arg Ser Glu Glu Asp

25 30 35
cac cgc gcg gac gat tac gat gcc gca gga aga ctg gtc gca ccc cag 259
His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg Leu Val Ala Pro Gln

40 45 50
ttc gcc gaa gca cac atc cac ctt gac tac gca aac acc gct gga atc 307
Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala Asn Thr Ala Gly Ile

55 60 65
cct cgc gaa aac tct tcc ggc aca ctt ttt gaa gcc atc gaa atc tgg 355
Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu Ala Ile Glu Ile Trp

70 75 80 85
gcc gac cgc aag acc caa ggc ttc cac atc aaa gaa gac att aaa gcg 403
Ala Asp Arg Lys Thr Gln Gly Phe His Ile Lys Glu Asp Ile Lys Ala

90 95 100
aag gcc ctc cag gca gcc cgt cgg gca gca gaa cac ggc gtt ggt ttc 451
Lys Ala Leu Gln Ala Ala Arg Arg Ala Ala Glu His Gly Val Gly Phe

105 110 115
atc cgc act cac gta gat gtc acc gat ccc acg ttt gct gga ttc gaa 499
Ile Arg Thr His Val Asp Val Thr Asp Pro Thr Phe Ala Gly Phe Glu

120 125 130
gca att gcg gag ctg cgc gat gaa gtc cgc gag tgg tgc gat atc cag 547
Ala Ile Ala Glu Leu Arg Asp Glu Val Arg Glu Trp Cys Asp Ile Gln

135 140 145
att gtc gcc ttc ccg caa aat ggc att tac gcc tac gaa ggt ggc cag 595
Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala Tyr Glu Gly Gly Gln

150 155 160 165
aag cta atc tca gat gca atg tct gca ggt gca gat gtc gtt ggt ggc 643
Lys Leu Ile Ser Asp Ala Met Ser Ala Gly Ala Asp Val Val Gly Gly

170 175 180
atc cca cac ctt gaa ccc acc cga gac gat ggc gtc gag tgc gtg aaa 691
Ile Pro His Leu Glu Pro Thr Arg Asp Asp Gly Val Glu Ser Val Lys

185 190 195
tgg ctg ttc gac ctt gca gag aag cac tca gcc ccc atc gat atc cac 739
Trp Leu Phe Asp Leu Ala Glu Lys His Ser Ala Pro Ile Asp Ile His

200 205 210
act gat gaa att gac gat cca cat tcc cga ttt gtc gaa gtc ctc gcc 787
Thr Asp Glu Ile Asp Asp Pro His Ser Arg Phe Val Glu Val Leu Ala

215 220 225
gca gaa gcc gca aaa cgt gac atg ggc gca caa acc gtg gtg tct cat 835
Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln Thr Val Val Ser His

230 235 240 245

tct gtg gcg atg gcc tat tac tca cct ggc tac atg gcg cga ctt tta 883
Ser Val Ala Met Ala Tyr Tyr Ser Pro Gly Tyr Met Ala Arg Leu Leu

250 255 260
ccc aag ctc gca gca tca aag gtt cgt ttt gca gta tgc ccc aat gaa 931
Pro Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Arg Phe Ala Val Cys Pro Asn Glu

265 270 275
aac ctc cat ctg caa gga ctt ggt ttc caa gga ccc gtc ccc cga ggt 979
Asn Leu His Leu Gln Gly Leu Gly Phe Gln Gly Pro Val Pro Arg Gly

280 285 290
gtt gca ccg gta aag caa ctt acc gaa tgg gga att cca gta agt ttt 1027
Val Ala Pro Val Lys Gln Leu Thr Glu Trp Gly Ile Pro Val Ser Phe

295 300 305
tgc cag gac tca ctc aat gac ccc ttc tac ccc atg ggc gat gga gat 1075
Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro Met Gly Asp Gly Asp

310 315 320 325
cta ctc cgc att ctc gat tct gga tta cac gtg tcc cac atg ctc aca 1123
Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val Ser His Met Leu Thr

330 335 340
gcc agc cac ttg aag aat gca cta tcg ttc atc acc acc aat cca gcc 1171
Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile Thr Thr Asn Pro Ala

345 350 355
gga aac cta ggc ctg gac aat tac gac att gca gaa aac tcc ccg gcg 1219
Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala Glu Asn Ser Pro Ala

360 365 370
aac ctg ctg gtt ctt gat gcg agc agc gag aag gaa gct gta cag aga 1267
Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys Glu Ala Val Gln Arg

375 380 385
aaa gct tcc gta ctt ttg agc atc cac cgc ggc aaa aag gtg ctc tcc 1315
Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly Lys Lys Val Leu Ser

390 395 400 405
agg gag ccc gaa cag gtg gac tgg aac atc taacagccca gttgggcctc 1365
Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile

410 415
ctt 1368
<210> 1008
<211> 415
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1008
Val Arg Ile Thr Asn Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp
1 5 10 15
Ile Thr Ile Glu Gly Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile
20 25 30
Arg Ser Glu Glu Asp His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg
35 40
45

Leu Val Ala Pro Gln Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala
50 55 60
Asn Thr Ala Gly Ile Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu
65 70 75 80

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

Trp Cys Asp Ile Gln Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala
145 150 155 160

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

Val Glu Val Leu Ala Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln
225 230 235 240

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

Ile Pro Val Ser Phe Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro
305 310 315 320

Met Gly Asp Gly Asp Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val
325 330 335
Ser His Met Leu Thr Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile
340 345 350
Thr Thr Asn Pro Ala Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala
355 360 365
Glu Asn Ser Pro Ala Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys
370 375 380

Glu Ala Val Gln Arg Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly
385 390 395 400

Lys Lys Val Leu Ser Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile
405 410 415

<210> 1009

<211> 1368
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1345)
 <223> FRXA02272
 <400> 1009

tatttaactc cacactaata cctgtcaagc aatagaatag atagcatctg gatcctccag 60
 agtttgaaaa tatgccttga catgtagaaa tggagttctt gtg cgc att aca aac 115
 Val Arg Ile Thr Asn

1 5
 gcc cag gtt aag aac tac gca gag tta gtt gat atc acc ata gag ggt 163
 Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp Ile Thr Ile Glu Gly

10 15 20
 gaa aaa att tcc tcg att acc ccc tct tca att cga tca gaa gaa gat 211
 Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile Arg Ser Glu Glu Asp

25 30 35
 cac cgc gcg gac gat tac gat gcc gca gga aga ctg gtc gca ccc cag 259
 His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg Leu Val Ala Pro Gln

40 45 50
 ttc gcc gaa gca cac atc cac ctt gac tac gca aac acc gct gga atc 307
 Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala Asn Thr Ala Gly Ile

55 60 65
 cct cgc gaa aac tct tcc ggc aca ctt ttt gaa gcc atc gaa atc tgg 355
 Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu Ala Ile Glu Ile Trp

70 75 80 85
 gcc gac cgc aag acc caa ggc ttc cac atc aaa gaa gac att aaa gcg 403
 Ala Asp Arg Lys Thr Gln Gly Phe His Ile Lys Glu Asp Ile Lys Ala

90 95 100
 aag gcc ctc cag gca gcc cgt cgg gca gca gaa cac ggc gtt ggt ttc 451
 Lys Ala Leu Gln Ala Ala Arg Arg Ala Ala Glu His Gly Val Gly Phe

105 110 115
 atc cgc act cac gta gat gtc acc gat ccc acg ttt gct gga ttc gaa 499
 Ile Arg Thr His Val Asp Val Thr Asp Pro Thr Phe Ala Gly Phe Glu

120 125 130
 gca att gcg gag ctg cgc gat gaa gtc cgc gag tgg tgc gat atc cag 547
 Ala Ile Ala Glu Leu Arg Asp Glu Val Arg Glu Trp Cys Asp Ile Gln

135 140 145
 att gtc gcc ttc ccg caa aat ggc att tac gcc tac gaa ggt ggc cag 595
 Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala Tyr Glu Gly Gly Gln

150 155 160 165
 aag cta atc tca gat gca atg tct gca ggt gca gat gtc gtt ggt ggc 643

Lys Leu Ile Ser Asp Ala Met Ser Ala Gly Ala Asp Val Val Gly Gly

170 175 180
atc cca cac ctt gaa ccc acc cga gac gat ggc gtc gag tcg gtg aaa 691
Ile Pro His Leu Glu Pro Thr Arg Asp Asp Gly Val Glu Ser Val Lys

185 190 195
tgg ctg ttc gac ctt gca gag aag cac tca gcc ccc atc gat atc cac 739
Trp Leu Phe Asp Leu Ala Glu Lys His Ser Ala Pro Ile Asp Ile His

200 205 210
act gat gaa att gac gat cca cat tcc cga ttt gtc gaa gtc ctc gcc 787
Thr Asp Glu Ile Asp Asp Pro His Ser Arg Phe Val Glu Val Leu Ala

215 220 225
gca gaa gcc gca aaa cgt gac atg ggc gca caa acc gtg gtg tct cat 835
Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln Thr Val Val Ser His

230 235 240 245
tct gtg gcg atg gcc tat tac tca cct ggc tac atg gcg cga ctt tta 883
Ser Val Ala Met Ala Tyr Tyr Ser Pro Gly Tyr Met Ala Arg Leu Leu

250 255 260
ccc aag ctc gca gca tca aag gtt cgt ttt gca gta tgc ccc aat gaa 931
Pro Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Arg Phe Ala Val Cys Pro Asn Glu

265 270 275
aac ctc cat ctg caa gga ctt ggt ttc caa gga ccc gtc ccc cga ggt 979
Asn Leu His Leu Gln Gly Leu Gly Phe Gln Gly Pro Val Pro Arg Gly

280 285 290
gtt gca ccg gta aag caa ctt acc gaa tgg gga att cca gta agt ttt 1027
Val Ala Pro Val Lys Gln Leu Thr Glu Trp Gly Ile Pro Val Ser Phe

295 300 305
tgc cag gac tca ctc aat gac ccc ttc tac ccc atg ggc gat gga gat 1075
Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro Met Gly Asp Gly Asp

310 315 320 325
cta ctc cgc att ctc gat tct gga tta cac gtg tcc cac atg ctc aca 1123
Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val Ser His Met Leu Thr

330 335 340
gcc agc cac ttg aag aat gca cta tcg ttc atc acc acc aat cca gcc 1171
Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile Thr Thr Asn Pro Ala

345 350 355
gga aac cta ggc ctg gac aat tac gac att gca gaa aac tcc ccg gcg 1219
Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala Glu Asn Ser Pro Ala

360 365 370
aac ctg ctg gtt ctt gat gcg agc agc gag aag gaa gct gta cag aga 1267
Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys Glu Ala Val Gln Arg

375 380 385
aaa gct tcc gta ctt ttg agc atc cac cgc ggc aaa aag gtg ctc tcc 1315

Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly Lys Lys Val Leu Ser

390 395 400 405
agg gag ccc gaa cag gtg gac tgg aac atc taacagccca gttgggcctc 1365
Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile

410 415
ctt 1368
<210> 1010
<211> 415
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1010
Val Arg Ile Thr Asn Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp
1 5 10 15
Ile Thr Ile Glu Gly Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile
20 25 30
Arg Ser Glu Glu Asp His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg
35 40
45
Leu Val Ala Pro Gln Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala
50 55 60
Asn Thr Ala Gly Ile Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu
65 70 75 80

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

Trp Cys Asp Ile Gln Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala
145 150 155 160

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

Val Glu Val Leu Ala Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln
225 230 235 240

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

Ile Pro Val Ser Phe Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro
305 310 315 320

Met Gly Asp Gly Asp Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val
325 330 335

Ser His Met Leu Thr Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile
340 345 350

Thr Thr Asn Pro Ala Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala
355 360 365

Glu Asn Ser Pro Ala Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys
370 375 380

Glu Ala Val Gln Arg Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly
385 390 395 400

Lys Lys Val Leu Ser Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile
405 410 415

<210> 1011
<211> 580
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(580)
<223> RXN03004
<400> 1011

gctagcacga taaaaatcag cgccagcacc acgcgcccga ggaacctcat cgcagcaacc 60
cgtggcccaa cctgaacgc tgaacgtac actggttgac gtg ctt ctt tca gat 115
Val Leu Leu Ser Asp

1 5
cgt gac att cgt aaa tca att gac gca ggc gac ttg gga att gaa cct 163
Arg Asp Ile Arg Lys Ser Ile Asp Ala Gly Asp Leu Gly Ile Glu Pro

10 15 20
ttc gac gct gag ctg att cag cgc tcg agt gtc gat gtc cgc atg gac 211
Phe Asp Ala Glu Leu Ile Gln Pro Ser Ser Val Asp Val Arg Met Asp

25 30 35
cgc tac ttc cgg gtt ttc aat aac tct aag tac acc cac att gac cct 259
Arg Tyr Phe Arg Val Phe Asn Asn Ser Lys Tyr Thr His Ile Asp Pro

40 45 50
aag ttg aat cag gat gag ctg acc agc ctt gtt gag gtt gag gac ggc 307
Lys Leu Asn Gln Asp Glu Leu Thr Ser Leu Val Glu Val Glu Asp Gly

55 60 65
gag ggc ttt gtg ctg cat ccg ggt gag ttt gtg ctg gcg tcc acg ctg 355
Glu Gly Phe Val Leu His Pro Gly Glu Phe Val Leu Ala Ser Thr Leu

70 75 80 85
gaa aag ttc act ttg cct gcg cat ctg gct ggt cgt ttg gag ggt aag 403
Glu Lys Phe Thr Leu Pro Ala His Leu Ala Gly Arg Leu Glu Gly Lys

90 95 100
tcg tct ctt ggt cgt ctt ggc ttg ttg acg cac tct act gct ggt ttc 451
Ser Ser Leu Gly Arg Leu Gly Leu Leu Thr His Ser Thr Ala Gly Phe

105 110 115
att gat cct ggt ttt agt ggt tac atc acg ttg gag ttg tcc aat gtg 499
Ile Asp Pro Gly Phe Ser Gly Tyr Ile Thr Leu Glu Leu Ser Asn Val

120 125 130
gct aat ctg ccg atc acg ttg tgg ccg ggt atg aag gtg ggg cag ctg 547
Ala Asn Leu Pro Ile Thr Leu Trp Pro Gly Met Lys Val Gly Gln Leu

135 140 145
gct ttg ttc cag atg agt tcc cct gcg gag act 580
Ala Leu Phe Gln Met Ser Ser Pro Ala Glu Thr

150 155 160
<210> 1012
<211> 160
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1012
Val Leu Leu Ser Asp Arg Asp Ile Arg Lys Ser Ile Asp Ala Gly Asp
1 5 10 15
Leu Gly Ile Glu Pro Phe Asp Ala Glu Leu Ile Gln Pro Ser Ser Val
20 25 30
Asp Val Arg Met Asp Arg Tyr Phe Arg Val Phe Asn Asn Ser Lys Tyr
35 40 45
Thr His Ile Asp Pro Lys Leu Asn
Gln Asp Glu Leu Thr Ser Leu Val
50 55 60
Glu Val Glu Asp Gly Glu Gly Phe Val Leu His Pro Gly Glu Phe Val
65 70 75 80

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

Lys Val Gly Gln Leu Ala Leu Phe Gln Met Ser Ser Pro Ala Glu Thr
145 150 155 160

<210> 1013
<211> 225
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(202)
<223> RXN03137
<400> 1013

cggcgagttc atttggactg gcggcgactg ccacatttat gacaaccaca aggaacaggt 60
cgcgagcag ctgagccgat aagctcgccc ctacccacc ttg gag ctc aac aag 115
Leu Glu Leu Asn Lys

1 5
gca gcg tac atg ttt gag tac agc ttc gat gac atc acc gtg tcc ggc 163
Ala Ala Tyr Met Phe Glu Tyr Ser Phe Asp Asp Ile Thr Val Ser Gly

10 15 20
tac gat cca cac cca ttg atc cgc ggc aag gtc gcc gta tgatcggtgc 212
Tyr Asp Pro His Pro Leu Ile Arg Gly Lys Val Ala Val

25 30
gatttgggca caa 225
<210> 1014
<211> 34
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1014
Leu Glu Leu Asn Lys Ala Ala Tyr Met Phe Glu Tyr Ser Phe Asp Asp
1 5 10 15
Ile Thr Val Ser Gly Tyr Asp Pro His Pro Leu Ile Arg Gly Lys Val
20 25 30
Ala Val

<210> 1015
<211> 613
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(613)
<223> RXN03171
<400> 1015
atactttggt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttcgcccgcg 60
cggctcttct ctggcgcgca atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile

1 5
gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag 163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu

10 15 20
cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc 211
Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala

25 30 35
atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac 259
Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp

40 45 50
acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca 307
Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro

55 60 65
ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca 355

Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro

70 75 80 85
 gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc 403
 Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala

90 95 100
 cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca 451
 Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro

105 110 115
 cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc 499
 Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala

120 125 130
 acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt gcc 547
 Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly

135 140 145
 gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg 595
 Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val

150 155 160 165
 gac gca ttg gcg gaa tct 613
 Asp Ala Leu Ala Glu Ser

170
 <210> 1016
 <211> 171
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1016
 Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala
 20 25 30
 Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
 35 40 45
 Val
 Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
 50 55 60
 Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu
 65 70 75 80

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

Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser
 145 150 155 160

Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser
165 170

<210> 1017

<211> 613

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(613)

<223> FRXA02857

<400> 1017

atactttgtt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttgcccgcg 60
cgtgtcttctt ctgggcggca atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile

1 5
gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag 163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu

10 15 20
cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc 211
Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala

25 30 35
atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac 259
Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp

40 45 50
acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca 307
Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro

55 60 65
ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca 355
Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro

70 75 80 85
gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc 403
Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala

90 95 100
cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca 451
Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro

105 110 115
cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc 499
Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala

120 125 130
acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt ggc 547
Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly

135 140 145
gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg 595
Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val

150 155 160 165
gac gca ttg gcg gaa tct 613
Asp Ala Leu Ala Glu Ser

170
<210> 1018
<211> 171
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1018
Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
1 5 10 15
Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala
20 25 30
Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
35 40 45
Val
Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
50 55 60
Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu
65 70 75 80

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

Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser
145 150 155 160

Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser
165 170

<210> 1019
<211> 678
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(655)
<223> RXA02771
<400> 1019
gtttgtgata gatgcacag tcggtaacgt tgttgtaaat acagacctag ccggtatcgg 60
atggaacatg gaccgttggt ccagaagtga ggaataagta gtg agc gaa caa gct 115
Val Ser Glu Gln Ala

1 5
cta agc acc ttc gac agg gca cgt gag gcc ctg gac aag aaa acc cga 163
Leu Ser Thr Phe Asp Arg Ala Arg Glu Ala Leu Asp Lys Lys Thr Arg
10 15 20
tat gtg cag gat ttc cca gaa aaa ggt gtg ctt ttt gaa gac ctc acc 211

Tyr Val Gln Asp Phe Pro Glu Lys Gly Val Leu Phe Glu Asp Leu Thr

25 30 35
 ccg gtg ttg ggc gat gca gaa tca ttt gtg gcc gtg gtg gac gcc atg 259
 Pro Val Leu Gly Asp Ala Glu Ser Phe Val Ala Val Val Asp Ala Met

40 45 50
 gct gaa gct gca gaa aaa ctg aat gca gaa atc atc ggt ggc ttg gat 307
 Ala Glu Ala Ala Glu Lys Leu Asn Ala Glu Ile Ile Gly Gly Leu Asp

55 60 65
 gcg cga gga ttc ctc ctc gga tct gct gtc gct tac aaa ctc ggc cta 355
 Ala Arg Gly Phe Leu Leu Gly Ser Ala Val Ala Tyr Lys Leu Gly Leu

70 75 80 85
 ggt gtg ctg gct atc cgc aag aag gga aag ctc ccc cca cct gtg gtg 403
 Gly Val Leu Ala Ile Arg Lys Lys Gly Lys Leu Pro Pro Pro Val Val

90 95 100
 acc cag gag tat gaa ctt gaa tac ggc act gca gca ctc gag ctg ccc 451
 Thr Gln Glu Tyr Glu Leu Glu Tyr Gly Thr Ala Ala Leu Glu Leu Pro

105 110 115
 agt gaa gga atc gac att gct ggt aaa aac atc gtt ttg atc gac gat 499
 Ser Glu Gly Ile Asp Ile Ala Gly Lys Asn Ile Val Leu Ile Asp Asp

120 125 130
 gtg ctg gca acc ggc ggc acc ttg ggc gct gca cgt aaa cta att gaa 547
 Val Leu Ala Thr Gly Gly Thr Leu Gly Ala Ala Arg Lys Leu Ile Glu

135 140 145
 tcg tgt gac gga cat gtt tcc gga tat gtt ctt gcc att gag gtc cca 595
 Ser Cys Asp Gly His Val Ser Gly Tyr Val Leu Ala Ile Glu Val Pro

150 155 160 165
 ggc ctc ggc ggt agg gat aat ctt ggt gat agg ccc gtc att gtg gtc 643
 Gly Leu Gly Gly Arg Asp Asn Leu Gly Asp Arg Pro Val Ile Val Val

170 175 180
 aga gat cct cag tagaaggatc gaaagaaagg cgg 678
 Arg Asp Pro Gln

185
 <210> 1020
 <211> 185
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1020
 Val Ser Glu Gln Ala Leu Ser Thr Phe Asp Arg Ala Arg Glu Ala Leu
 1 5 10 15
 Asp Lys Lys Thr Arg Tyr Val Gln Asp Phe Pro Glu Lys Gly Val Leu
 20 25 30
 Phe Glu Asp Leu Thr Pro Val Leu Gly Asp Ala Glu Ser Phe Val Ala
 35 40 45
 Val Val Asp Ala Met Ala Glu Ala
 Ala Glu Lys Leu Asn Ala Glu Ile

50 55 60
 Ile Gly Gly Leu Asp Ala Arg Gly Phe Leu Leu Gly Ser Ala Val Ala
 65 70 75 80

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

 Arg Lys Leu Ile Glu Ser Cys Asp Gly His Val Ser Gly Tyr Val Leu
 145 150 155 160

 Ala Ile Glu Val Pro Gly Leu Gly Gly Arg Asp Asn Leu Gly Asp Arg
 165 170 175
 Pro Val Ile Val Val Arg Asp Pro Gln

 180 185
 <210> 1021
 <211> 723
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(700)
 <223> RXA01512
 <400> 1021
 gggtaaaagc gataatggaa ggttggaagt ggtgcgcaaa agtggcaagc ttaagatcac 60
 tgattgacac ctgaatctac aacacaaggg gaacgcgacg atg agc aac aac gta 115
 Met Ser Asn Asn Val

 1 5
 gaa atg gcc gac cac aaa gat ctc aat gtt cca gcc aac cca tac ggc 163
 Glu Met Ala Asp His Lys Asp Leu Asn Val Pro Ala Asn Pro Tyr Gly

 10 15 20
 acc gac att gaa tca gta ttg atc agc gaa gag aag ctc aag cag cgc 211
 Thr Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Ser Glu Glu Lys Leu Lys Gln Arg

 25 30 35
 atc gcc gaa atg gcc aag cgc gtc tcc gaa gag ttc aaa gac gcc gaa 259
 Ile Ala Glu Met Ala Lys Arg Val Ser Glu Glu Phe Lys Asp Ala Glu

 40 45 50
 gaa gac ctc atc ctg gtg tgc gtg ctc aag ggc gcg ttc tac ttc ctg 307
 Glu Asp Leu Ile Leu Val Cys Val Leu Lys Gly Ala Phe Tyr Phe Leu

 55 60 65
 gca gat ttc tcc cgc atg ctc gac atc ccc acc cag tcc gag ttc atg 355
 Ala Asp Phe Ser Arg Met Leu Asp Ile Pro Thr Gln Ser Glu Phe Met

 70 75 80 85

gcg gtg tcc tct tac gga aac tcc acc tcc tct tca ggc gtg gtg cgc 403
Ala Val Ser Ser Tyr Gly Asn Ser Thr Ser Ser Ser Gly Val Val Arg

90 95 100
atc ctc aag gac ctg gac aag gaa att gaa ggc cgc gac gtt ttg atc 451
Ile Leu Lys Asp Leu Asp Lys Glu Ile Glu Gly Arg Asp Val Leu Ile

105 110 115
gtg gaa gac atc atc gat tcc gga ctg acc ctg tcc tgg ctg atg cgc 499
Val Glu Asp Ile Ile Asp Ser Gly Leu Thr Leu Ser Trp Leu Met Arg

120 125 130
aac ctg aaa aac cgc aac cct aag tcc ctc aac gtg atc acc ttg ctg 547
Asn Leu Lys Asn Arg Asn Pro Lys Ser Leu Asn Val Ile Thr Leu Leu

135 140 145
cgt aag cca gag cgc ctg acc acc aac atc gac atg ttc gac att gga 595
Arg Lys Pro Glu Arg Leu Thr Thr Asn Ile Asp Met Phe Asp Ile Gly

150 155 160 165
ttt gat att cca aat gag ttt gtt gtg ggc tac gga ctt gat ttc gca 643
Phe Asp Ile Pro Asn Glu Phe Val Val Gly Tyr Gly Leu Asp Phe Ala

170 175 180
gaa cgc tac cgc gac ctg cca tat gtg ggc acc ctc gag cct cac gtg 691
Glu Arg Tyr Arg Asp Leu Pro Tyr Val Gly Thr Leu Glu Pro His Val

185 190 195
tac tcc gac tagtaatcaa aagtgcgaaa gag 723
Tyr Ser Asp

200
<210> 1022
<211> 200
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1022
Met Ser Asn Asn Val Glu Met Ala Asp His Lys Asp Leu Asn Val Pro
1 5 10 15
Ala Asn Pro Tyr Gly Thr Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Ser Glu Glu
20 25 30
Lys Leu Lys Gln Arg Ile Ala Glu Met Ala Lys Arg Val Ser Glu Glu
35 40 45
Phe Lys Asp Ala Glu Glu Asp Leu
Ile Leu Val Cys Val Leu Lys Gly
50 55 60
Ala Phe Tyr Phe Leu Ala Asp Phe Ser Arg Met Leu Asp Ile Pro Thr
65 70 75 80
Gln Ser Glu Phe Met Ala Val Ser Ser Tyr Gly Asn Ser Thr Ser Ser
85 90 95
Ser Gly Val Val Arg Ile Leu Lys Asp Leu Asp Lys Glu Ile Glu Gly
100 105 110
Arg Asp Val Leu Ile Val Glu Asp Ile Ile Asp Ser Gly Leu Thr Leu
115 120 125
Ser Trp Leu Met Arg Asn Leu Lys Asn Arg Asn Pro Lys Ser Leu Asn
130 135 140

Val Ile Thr Leu Leu Arg Lys Pro Glu Arg Leu Thr Thr Asn Ile Asp
145 150 155 160

Met Phe Asp Ile Gly Phe Asp Ile Pro Asn Glu Phe Val Val Gly Tyr
165 170 175
Gly Leu Asp Phe Ala Glu Arg Tyr Arg Asp Leu Pro Tyr Val Gly Thr
180 185 190
Leu Glu Pro His Val Tyr Ser Asp

195 200

<210> 1023
<211> 597
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(574)
<223> RXA02031
<400> 1023

tgcttggcgc ttaacgattc tatatatact tccctagaaa tcaagtgagc attcatctca 60
ttgcagaacg ttgaagcatc attgactagg atatgtagac atg aca gag gaa cgc 115
Met Thr Glu Glu Arg

1 5
gag att ctg acc tat gag atg ttc gga aca gca atg cgg gag ctg gcc 163
Glu Ile Leu Thr Tyr Glu Met Phe Gly Thr Ala Met Arg Glu Leu Ala

10 15 20
caa gaa att att gat gac tac cag cca gat tgc gtg ctg tcc att gcg 211
Gln Glu Ile Ile Asp Asp Tyr Gln Pro Asp Cys Val Leu Ser Ile Ala

25 30 35
cgt ggt ggt ctt cta atc ggt ggc gca ctt ggt tat gcg ctg ggt atc 259
Arg Gly Gly Leu Leu Ile Gly Gly Ala Leu Gly Tyr Ala Leu Gly Ile

40 45 50
aag aat gta tcg gtg atc aat gtg gag ttc tac acc gat att gga gag 307
Lys Asn Val Ser Val Ile Asn Val Glu Phe Tyr Thr Asp Ile Gly Glu

55 60 65
cac ttg gag gag cca atg atg ctg cct cca act cca aaa gct gtt gat 355
His Leu Glu Glu Pro Met Met Leu Pro Pro Thr Pro Lys Ala Val Asp

70 75 80 85
ctc tcg gga atg cgt gtg ctc gtc gct gac gat gtc gcg gat acc gga 403
Leu Ser Gly Met Arg Val Leu Val Ala Asp Asp Val Ala Asp Thr Gly

90 95 100
aag act ctt gag ttg gtc agg gac ttc ctg ggt gac caa gtt gtc gaa 451
Lys Thr Leu Glu Leu Val Arg Asp Phe Leu Gly Asp Gln Val Val Glu

105 110 115
gtg cgc act gca gtg atc tat cac aag cca aac agt gtg ttt aag ccg 499

Val Arg Thr Ala Val Ile Tyr His Lys Pro Asn Ser Val Phe Lys Pro

120 125 130
gag tat gtg tgg cgt gag act gat aag tgg att aac ttc cca tgg tct 547
Glu Tyr Val Trp Arg Glu Thr Asp Lys Trp Ile Asn Phe Pro Trp Ser

135 140 145
acc ctg cct cca gtg gag cct tct aag taatttttca cccgtgaaag 594
Thr Leu Pro Pro Val Glu Pro Ser Lys

150 155
tgc 597
<210> 1024
<211> 158
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1024
Met Thr Glu Glu Arg Glu Ile Leu Thr Tyr Glu Met Phe Gly Thr Ala
1 5 10 15
Met Arg Glu Leu Ala Gln Glu Ile Ile Asp Asp Tyr Gln Pro Asp Cys
20 25 30
Val Leu Ser Ile Ala Arg Gly Gly Leu Leu Ile Gly Gly
Ala Leu Gly
35 40 45
Tyr Ala Leu Gly Ile Lys Asn Val Ser Val Ile Asn Val Glu Phe Tyr
50 55 60
Thr Asp Ile Gly Glu His Leu Glu Glu Pro Met Met Leu Pro Pro Thr
65 70 75 80

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

Asn Phe Pro Trp Ser Thr Leu Pro Pro Val Glu Pro Ser Lys

145 150 155
<210> 1025
<211> 753
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(730)
<223> RXA00981
<400> 1025
aaccaatggc tgggtactga tgtggtgatc agtgcccagt ttcttctttc tactagtgtc 60
ggatagaagt acccccagtc cagaatgaag gtcaccacca atg tca gag aat ttg 115
Met Ser Glu Asn Leu
1 5
cca gcg ccc gag aat ctc ctg gac gcc gag aga att cag atg atc aag 163

Pro Ala Pro Glu Asn Leu Leu Asp Ala Glu Arg Ile Gln Met Ile Lys

10 15 20
aac ttc cgc aac gaa tta acg ggg ttc atg ctc aac tac caa ttt ggc 211
Asn Phe Arg Asn Glu Leu Thr Gly Phe Met Leu Asn Tyr Gln Phe Gly

25 30 35
att gat gag atc ctg acc aag atc aac atc ctg aaa act gaa ttc agc 259
Ile Asp Glu Ile Leu Thr Lys Ile Asn Ile Leu Lys Thr Glu Phe Ser

40 45 50
cag ctg cac gaa tac gca cct atc gag cac gta tct tca cga ttg aag 307
Gln Leu His Glu Tyr Ala Pro Ile Glu His Val Ser Ser Arg Leu Lys

55 60 65
aca cca gaa agc atc gtc aaa aag gtc atc cga aaa gga gac gag ctc 355
Thr Pro Glu Ser Ile Val Lys Lys Val Ile Arg Lys Gly Asp Glu Leu

70 75 80 85
tcc ctc gca gct atc aaa gac aca gtg ttt gat atc gca ggc att cga 403
Ser Leu Ala Ala Ile Lys Asp Thr Val Phe Asp Ile Ala Gly Ile Arg

90 95 100
atc gtc tgc agt ttc ctc aaa gat gcc tac gca atc gcc gat atg ctg 451
Ile Val Cys Ser Phe Leu Lys Asp Ala Tyr Ala Ile Ala Asp Met Leu

105 110 115
acc aac caa aaa gac gtc acg gtc atc gag gcc aaa gac tac atc gct 499
Thr Asn Gln Lys Asp Val Thr Val Ile Glu Ala Lys Asp Tyr Ile Ala

120 125 130
aac cca aag ccg aac ggc tac aag agt ttg cac ctt atc ctc caa gtg 547
Asn Pro Lys Pro Asn Gly Tyr Lys Ser Leu His Leu Ile Leu Gln Val

135 140 145
cct gtc ttc ctg tct aac tcc gtg gaa aag gtc aat gtt gaa gtc cag 595
Pro Val Phe Leu Ser Asn Ser Val Glu Lys Val Asn Val Glu Val Gln

150 155 160 165
atc cgc acc att gcc atg gac ttc tgg gca agc ctc gag cac aaa atc 643
Ile Arg Thr Ile Ala Met Asp Phe Trp Ala Ser Leu Glu His Lys Ile

170 175 180
tac tac aaa ttt gaa caa gaa gtt cct cag tca atc ctt gat gag ctc 691
Tyr Tyr Lys Phe Glu Gln Glu Val Pro Gln Ser Ile Leu Asp Glu Leu

185 190 195
agt gaa gat gga aag aat cca cgg gga agt gaa gtc act taaacctcca 740
Ser Glu Asp Gly Lys Asn Pro Arg Gly Ser Glu Val Thr

200 205 210
gttgaacca ctg 753
<210> 1026
<211> 210
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1026

Met Ser Glu Asn Leu Pro Ala Pro Glu Asn Leu Leu Asp Ala Glu Arg
1 5 10 15

Ile Gln Met Ile Lys Asn Phe Arg Asn Glu Leu Thr Gly Phe Met Leu
20 25 30

Asn Tyr Gln Phe Gly Ile Asp Glu Ile Leu Thr Lys Ile Asn Ile Leu
35 40

Lys Thr Glu Phe Ser Gln Leu His Glu Tyr Ala Pro Ile Glu His Val
50 55 60

Ser Ser Arg Leu Lys Thr Pro Glu Ser Ile Val Lys Lys Val Ile Arg
65 70 75 80

Lys Gly Asp Glu Leu Ser Leu Ala Ala Ile Lys Asp Thr Val Phe Asp
85 90 95

Ile Ala Gly Ile Arg Ile Val Cys Ser Phe Leu Lys Asp Ala Tyr Ala
100 105 110

Ile Ala Asp Met Leu Thr Asn Gln Lys Asp Val Thr Val Ile Glu Ala
115 120 125

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

Leu Ile Leu Gln Val Pro Val Phe Leu Ser Asn Ser Val Glu Lys Val
145 150 155 160

Asn Val Glu Val Gln Ile Arg Thr Ile Ala Met Asp Phe Trp Ala Ser
165 170 175

Leu Glu His Lys Ile Tyr Tyr Lys Phe Glu Gln Glu Val Pro Gln Ser
180 185 190

Ile Leu Asp Glu Leu Ser Glu Asp Gly Lys Asn Pro Arg Gly Ser Glu
195 200 205

Val Thr

210

<210> 1027

<211> 1158

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1135)

<223> RXN02772

<400> 1027

tgagggtccca ggcctcggcg gtagggataa tcttggtgat aggcccgta ttgtggtcag 60
agatcctcag tagaaggatc gaaagaaagg cggcaggaaa atg agt ctg gag cgc 115
Met Ser Leu Glu Arg

aac aca caa aaa tct tcc atg ggt gtg cga agc atg tca gcc agg ctt 163
Asn Thr Gln Lys Ser Ser Met Gly Val Arg Ser Met Ser Ala Arg Leu

gcc cgc agc ctc aca gga aac cgc gtt cgc acc aac cct gtg ctg gat 211
Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr Asn Pro Val Leu Asp

25

30

35

ccg ctg ctg agc atc cac cgg caa ttt cac cca cgc gcc gac gta caa	259
Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro Arg Ala Asp Val Gln	
40 45 50	
gtg ttg gaa cgt gca tat gac acc gcg gaa cgt ctt cat gat ggt gtg	307
Val Leu Glu Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg Leu His Asp Gly Val	
55 60 65	
att cga aaa tcg ggc gat ccg tat att acc cac ccg ttg gct gtc gcc	355
Ile Arg Lys Ser Gly Asp Pro Tyr Ile Thr His Pro Leu Ala Val Ala	
70 75 80 85	
acc atc gcc gcg gaa atc ggc atg gac acc acc acg ctc gtc gca gcc	403
Thr Ile Ala Ala Glu Ile Gly Met Asp Thr Thr Thr Leu Val Ala Ala	
90 95 100	
ttg ttg cat gac acg gtg gaa gac acc gac tac tct ttg gac gat ctc	451
Leu Leu His Asp Thr Val Glu Asp Thr Asp Tyr Ser Leu Asp Asp Leu	
105 110 115	
acc cga gat ttc gga gaa gaa gtt gcc agg ctt gtc gac ggt gtc acc	499
Thr Arg Asp Phe Gly Glu Glu Val Ala Arg Leu Val Asp Gly Val Thr	
120 125 130	
aag ctc gac aaa gtc gca cta ggt gct gcc gcg gag gcc gaa acg att	547
Lys Leu Asp Lys Val Ala Leu Gly Ala Ala Ala Glu Ala Glu Thr Ile	
135 140 145	
cgc aaa atg atc gtc gcc atg agc cag gac ccc cgc gtg ctg gtg att	595
Arg Lys Met Ile Val Ala Met Ser Gln Asp Pro Arg Val Leu Val Ile	
150 155 160 165	
aaa gtg gcc gac cgt ttg cac aat atg cgc acc atg cgg ttc ctg ccg	643
Lys Val Ala Asp Arg Leu His Asn Met Arg Thr Met Arg Phe Leu Pro	
170 175 180	
ccg gaa aag caa gct aaa aaa gca cgc caa acc ctt gaa gtg att gct	691
Pro Glu Lys Gln Ala Lys Lys Ala Arg Gln Thr Leu Glu Val Ile Ala	
185 190 195	
cct ttg gca cac cgc ctg ggc atg gcc agc gtg aaa tgg gaa ttg gaa	739
Pro Leu Ala His Arg Leu Gly Met Ala Ser Val Lys Trp Glu Leu Glu	
200 205 210	
gat cta tcc ttt gcc att ttg tac ccc aag aag tac gaa gag atc gtg	787
Asp Leu Ser Phe Ala Ile Leu Tyr Pro Lys Lys Tyr Glu Glu Ile Val	
215 220 225	
cgt ctt gtt gcc gac cgc gcg ccc tct aga gac cgg tac ctc aaa gaa	835
Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp Arg Tyr Leu Lys Glu	
230 235 240 245	
att att gat caa gtc acc ggt ggc ttg cgc gaa aac aac atc gcg gca	883
Ile Ile Asp Gln Val Thr Gly Gly Leu Arg Glu Asn Asn Ile Ala Ala	
250 255 260	

gaa gtg ctt ggt cga cca aag cac tac tgg tct atc tat caa aag atg 931
Glu Val Leu Gly Arg Pro Lys His Tyr Trp Ser Ile Tyr Gln Lys Met

265 270 275
atc gtt cgc ggt cgt gat ttt gac gat att ttt gat ctt gtt ggc atc 979
Ile Val Arg Gly Arg Asp Phe Asp Asp Ile Phe Asp Leu Val Gly Ile

280 285 290
cgc atc ctg gta gac aac gtg aac aac tgt gta cgc cgc cat cgg tgt 1027
Arg Ile Leu Val Asp Asn Val Asn Asn Cys Val Arg Arg His Arg Cys

295 300 305
cgt gca ctc cct gtt caa tgc tct gcc tgg ccg att caa aga cta tat 1075
Arg Ala Leu Pro Val Gln Cys Ser Ala Trp Pro Ile Gln Arg Leu Tyr

310 315 320 325
ttc agc ccc gcg ctt cgg tgt cta cca atc cct gca cac cac cgt gat 1123
Phe Ser Pro Ala Leu Arg Cys Leu Pro Ile Pro Ala His His Arg Asp

330 335 340
ggg acc tgg cgg taagcctctg gaagttcagg cac 1158
Gly Thr Trp Arg

345
<210> 1028
<211> 345
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1028
Met Ser Leu Glu Arg Asn Thr Gln Lys Ser Ser Met Gly Val Arg Ser
1 5 10 15
Met Ser Ala Arg Leu Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr
20 25 30
Asn Pro Val Leu Asp Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro
35 40 45
Arg Ala Asp Val Gln Val Leu Glu
Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg
50 55 60
Leu His Asp Gly Val Ile Arg Lys Ser Gly Asp Pro Tyr Ile Thr His
65 70 75 80

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

Glu Ala Glu Thr Ile Arg Lys Met Ile Val Ala Met Ser Gln Asp Pro
145 150 155 160

Arg Val Leu Val Ile Lys Val Ala Asp Arg Leu His Asn Met Arg Thr
165 170 175
Met Arg Phe Leu Pro Pro Glu Lys Gln Ala Lys Lys Ala Arg Gln Thr

180 185 190
 Leu Glu Val Ile Ala Pro Leu Ala His Arg Leu Gly Met Ala Ser Val
 195 200 205
 Lys Trp Glu Leu Glu Asp Leu Ser Phe Ala Ile Leu Tyr Pro Lys Lys
 210 215 220

 Tyr Glu Glu Ile Val Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp
 225 230 235 240

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

 Arg Arg His Arg Cys Arg Ala Leu Pro Val Gln Cys Ser Ala Trp Pro
 305 310 315 320

 Ile Gln Arg Leu Tyr Phe Ser Pro Ala Leu Arg Cys Leu Pro Ile Pro
 325 330 335
 Ala His His Arg Asp Gly Thr Trp Arg

 340 345
 <210> 1029
 <211> 903
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(880)
 <223> FRXA02772
 <220>

 <221> misc_feature
 <222> 850, 853
 <223> n = a, c, t, or g
 <400> 1029
 cattgtggtc agagatcctc agtagaagga tcgaaagaaa ggcggcagga aatgagtct 60
 ggagcgcaac acacaaaaat cttccatggg tgtgcgaagc atg tca gcc agg ctt 115
 Met Ser Ala Arg Leu

 1 5
 gcc cgc agc ctc aca gga aac cgc gtt cgc acc aac cct gtg ctg gat 163
 Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr Asn Pro Val Leu Asp

 10 15 20
 ccg ctg ctg agc atc cac cgg caa ttt cac cca cgc gcc gac gta caa 211
 Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro Arg Ala Asp Val Gln

 25 30 35
 gtg ttg gaa cgt gca tat gac acc gcg gaa cgt ctt cat gat ggt gtg 259

Val Leu Glu Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg Leu His Asp Gly Val

40 45 50
att cga aaa tcg ggc gat ccg tat att acc cac ccg ttg gct gtc gcc 307
Ile Arg Lys Ser Gly Asp Pro Tyr Ile Thr His Pro Leu Ala Val Ala

55 60 65
acc atc gcc gcg gaa atc ggc atg gac acc acc acg ctc gtc gca gcc 355
Thr Ile Ala Ala Glu Ile Gly Met Asp Thr Thr Thr Leu Val Ala Ala

70 75 80 85
ttg ttg cat gac acg gtg gaa gac acc gac tac tct ttg gac gat ctc 403
Leu Leu His Asp Thr Val Glu Asp Thr Asp Tyr Ser Leu Asp Asp Leu

90 95 100
acc cga gat ttc gga gaa gaa gtt gcc agg ctt gtc gac ggt gtc acc 451
Thr Arg Asp Phe Gly Glu Glu Val Ala Arg Leu Val Asp Gly Val Thr

105 110 115
aag ctc gac aaa gtc gca cta ggt gct gcc gcg gag gcc gaa acg att 499
Lys Leu Asp Lys Val Ala Leu Gly Ala Ala Ala Glu Ala Glu Thr Ile

120 125 130
cgc aaa atg atc gtc gcc atg agc cag gac ccc cgc gtg ctg gtg att 547
Arg Lys Met Ile Val Ala Met Ser Gln Asp Pro Arg Val Leu Val Ile

135 140 145
aaa gtg gcc gac cgt ttg cac aat atg cgc acc atg cgg ttc ctg ccg 595
Lys Val Ala Asp Arg Leu His Asn Met Arg Thr Met Arg Phe Leu Pro

150 155 160 165
ccg gaa aag caa gct aaa aaa gca cgc caa acc ctt gaa gtg att gct 643
Pro Glu Lys Gln Ala Lys Lys Ala Arg Gln Thr Leu Glu Val Ile Ala

170 175 180
cct ttg gca cac cgc ctg ggc atg gcc agc gtg aaa tgg gaa ttg gaa 691
Pro Leu Ala His Arg Leu Gly Met Ala Ser Val Lys Trp Glu Leu Glu

185 190 195
gat cta tcc ttt gcc att ttg tac ccc aag aag tac gaa gag atc gtg 739
Asp Leu Ser Phe Ala Ile Leu Tyr Pro Lys Lys Tyr Glu Glu Ile Val

200 205 210
cgt ctt gtt gcc gac cgc gcg ccc tct aga gac cgg tac ctc aaa gaa 787
Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp Arg Tyr Leu Lys Glu

215 220 225
att att gat caa gtc acc ggt ggc ttg cgc gaa aac aac atc gcg gca 835
Ile Ile Asp Gln Val Thr Gly Gly Leu Arg Glu Asn Asn Ile Ala Ala

230 235 240 245
gaa gtg ctt ggt cgn ccn aag cac tct ggt ctt tct ttc aaa aga 880
Glu Val Leu Gly Arg Pro Lys His Ser Gly Leu Ser Phe Lys Arg

250 255 260
tgatcgttcg cggctcgtgat ttt 903

<210> 1030
 <211> 260
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <400> 1030
 Met Ser Ala Arg Leu Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr
 1 5 10 15
 Asn Pro Val Leu Asp Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro
 20 25 30
 Arg Ala Asp Val Gln Val Leu Glu Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg
 35 40
 45
 Leu His Asp Gly Val Ile Arg Lys Ser Gly Asp Pro Tyr Ile Thr His
 50 55 60
 Pro Leu Ala Val Ala Thr Ile Ala Ala Glu Ile Gly Met Asp Thr Thr
 65 70 75 80
 Thr Leu Val Ala Ala Leu Leu His Asp Thr Val Glu Asp Thr Asp Tyr
 85 90 95
 Ser Leu Asp Asp Leu Thr Arg Asp Phe Gly Glu Glu Val Ala Arg Leu
 100 105 110
 Val Asp Gly Val Thr Lys Leu Asp Lys Val Ala Leu Gly Ala Ala Ala
 115 120 125
 Glu Ala Glu Thr Ile Arg Lys Met Ile Val Ala Met Ser Gln Asp Pro
 130 135 140
 Arg Val Leu Val Ile Lys Val Ala Asp Arg Leu His Asn Met Arg Thr
 145 150 155 160
 Met Arg Phe Leu Pro Pro Glu Lys Gln Ala Lys Lys Ala Arg Gln Thr
 165 170 175
 Leu Glu Val Ile Ala Pro Leu Ala His Arg Leu Gly Met Ala Ser Val
 180 185 190
 Lys Trp Glu Leu Glu Asp Leu Ser Phe Ala Ile Leu Tyr Pro Lys Lys
 195 200 205
 Tyr Glu Glu Ile Val Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp
 210 215 220
 Arg Tyr Leu Lys Glu Ile Ile Asp Gln Val Thr Gly Gly Leu Arg Glu
 225 230 235 240
 Asn Asn Ile Ala Ala Glu Val Leu Gly Arg Pro Lys His Ser Gly Leu
 245 250 255
 Ser Phe Lys Arg

260

<210> 1031
 <211> 262
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(262)
 <223> FRXA02773

<220>

<221> misc_feature

<222> 71, 74, 155, 162, 192, 214, 225, 230, 233

<223> n = a, c, t, or g

<220>

<221> VARIANT

<222> 19

<223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val

<220>

<221> VARIANT

<222> 21

<223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly

<220>

<221> VARIANT

<222> 31

<223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg

<220>

<221> VARIANT

<222> 42

<223> Xaa = Val, Ala, Asp, or Gly

<220>

<221> VARIANT

<222> 44

<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<220>

<221> VARIANT

<222> 45

<223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val

<400> 1031

tcaaagaat tattgatcaa gtcaccggig gcttgcgga aaacaacatc gcggcagaag 60
tgcttggcgc ncnaagcac tctggtcttt cttcaaaag atg atc gtt cgc ggt 115
Met Ile Val Arg Gly

1 5
cgt gat ttt gac gat att ttt gat ctt gtt ggc atc cgc ntc ctg gna 163
Arg Asp Phe Asp Asp Ile Phe Asp Leu Val Gly Ile Arg Xaa Leu Xaa

10 15 20
gac aac gtg aac aac tgg gta cgc cgc cnt cgg tgt cgt gca ctc ccn 211
Asp Asn Val Asn Asn Trp Val Arg Arg Xaa Arg Cys Arg Ala Leu Pro

25 30 35
gtn caa tgc tct gnc tgg ncg ntt caa aga cta tat ttc agc ccc gcg 259
Val Gln Cys Ser Xaa Trp Xaa Xaa Gln Arg Leu Tyr Phe Ser Pro Ala

40 45 50
ctt 262
Leu

<210> 1032
 <211> 54
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 19
 <223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 21
 <223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 31
 <223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 42
 <223> Xaa = Val, Ala, Asp, or Gly
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 44
 <223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 45
 <223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val
 <400> 1032

Met	Ile	Val	Arg	Gly	Arg	Asp	Phe	Asp	Asp	Ile	Phe	Asp	Leu	Val	Gly
1				5					10					15	
Ile	Arg	Xaa	Leu	Xaa	Asp	Asn	Val	Asn	Asn	Trp	Val	Arg	Arg	Xaa	Arg
			20					25					30		
Cys	Arg	Ala	Leu	Pro	Val	Gln	Cys	Ser	Xaa	Trp	Xaa	Xaa	Gln	Arg	Leu
		35					40					45			
Tyr	Phe	Ser	Pro	Ala	Leu										

50
 <210> 1033
 <211> 654
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(631)
 <223> RXA01835
 <400> 1033
 tcaacatcta ttctcctgc gatttgcattg ggatatatat taaaaattct agccgaaagt 60
 ttctgcgtg aatacattt cccgcgcct tcgcaaagct atg aat act gcc gcg 115

Met Asn Thr Ala Ala

1 5
tgg gca cac cgc cac cac gta cgc aaa ggc ggt gga att ccg tat gtc 163
Trp Ala His Arg His His Val Arg Lys Gly Gly Gly Ile Pro Tyr Val

10 15 20
agc cat ctt tat tca gtg atg tac ttg ctg gcc agc gtc act aat gat 211
Ser His Leu Tyr Ser Val Met Tyr Leu Leu Ala Ser Val Thr Asn Asp

25 30 35
gaa gat gtg ctc atc gcc ggg ctg ctc cac gac acc ctc gaa gac gta 259
Glu Asp Val Leu Ile Ala Gly Leu Leu His Asp Thr Leu Glu Asp Val

40 45 50
ccc gag gaa tac aat tct gcc caa ctt gaa gct gat ttt ggt ccg cgg 307
Pro Glu Glu Tyr Asn Ser Ala Gln Leu Glu Ala Asp Phe Gly Pro Arg

55 60 65
gtg cgc gag ttg gtg gaa gag ctc acc aaa cag ccc tta aaa agc tgg 355
Val Arg Glu Leu Val Glu Glu Leu Thr Lys Gln Pro Leu Lys Ser Trp

70 75 80 85
aaa gcg cgt gcc gac gct tac ctc ctg cac ctc agc gca ggt gcc agc 403
Lys Ala Arg Ala Asp Ala Tyr Leu Leu His Leu Ser Ala Gly Ala Ser

90 95 100
tta gag gct gtc tta atc tcc acc gca gat aaa ctg cat aat ctc atg 451
Leu Glu Ala Val Leu Ile Ser Thr Ala Asp Lys Leu His Asn Leu Met

105 110 115
tcc atc ttg gat gac ctt gaa ata cac ggt gaa gat tta tgg caa cgc 499
Ser Ile Leu Asp Asp Leu Glu Ile His Gly Glu Asp Leu Trp Gln Arg

120 125 130
ttt aac gct ggc aaa gag cag caa atc tgg tgg tat agc gag gtt tat 547
Phe Asn Ala Gly Lys Glu Gln Gln Ile Trp Trp Tyr Ser Glu Val Tyr

135 140 145
cag ata tet ctc cag cgc tta ggg ttc aat gag ttg aat aaa caa ctg 595
Gln Ile Ser Leu Gln Arg Leu Gly Phe Asn Glu Leu Asn Lys Gln Leu

150 155 160 165
ggg ttg tgc gtc gaa aag ctc tta aag caa agc gcc taggcgctcg 641
Gly Leu Cys Val Glu Lys Leu Leu Lys Gln Ser Ala

170 175
gcggcgtcga taa 654
<210> 1034
<211> 177
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1034
Met Asn Thr Ala Ala Trp Ala His Arg His His Val Arg Lys Gly Gly
1 5 10 15
Gly Ile Pro Tyr Val Ser His Leu Tyr Ser Val Met Tyr Leu Leu Ala

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

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

 Tyr Ser Glu Val Tyr Gln Ile Ser Leu Gln Arg Leu Gly Phe Asn Glu
 145 150 155 160

 Leu Asn Lys Gln Leu Gly Leu Cys Val Glu Lys Leu Leu Lys Gln Ser
 165 170 175
 Ala

 <210> 1035
 <211> 1395
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1372)
 <223> RXA01483
 <400> 1035
 gggtgcccga taaggtgaag catctttgcg cgcaatccaa ggtctgctgc gcccttcgcg 60
 gcgtgcacgc catgagcaac ttcggaggct gaaaaagtag atg tac ccc tat tcc 115
 Met Tyr Pro Tyr Ser

 1 5
 gac gca gac gct ttt cga cgc cag cct gag cgc gcc aag tcc agc caa 163
 Asp Ala Asp Ala Phe Arg Arg Gln Pro Glu Arg Ala Lys Ser Ser Gln

 10 15 20
 ctg cgt acc agc gcc gta gac acc cgc agc gcg ttc gcc cgc gac cgg 211
 Leu Arg Thr Ser Ala Val Asp Thr Arg Ser Ala Phe Ala Arg Asp Arg

 25 30 35
 gct cgc gtg ctg cat tct gct gct ctt cga cgc ctc gcg gat aaa acc 259
 Ala Arg Val Leu His Ser Ala Ala Leu Arg Arg Leu Ala Asp Lys Thr

 40 45 50
 caa gtg gtt ggc ccc aat gat ggt gat act ccg cgc acc cgg ctg acg 307
 Gln Val Val Gly Pro Asn Asp Gly Asp Thr Pro Arg Thr Arg Leu Thr

 55 60 65

cac tct ttg gaa gta gct caa att gca cgg gga atc gga gct gga ctg 355
 His Ser Leu Glu Val Ala Gln Ile Ala Arg Gly Ile Gly Ala Gly Leu

 70 75 80 85
 gat ttg gat cct gat ctg tgc gat ctg gca ggg ctg tgc cat gac att 403
 Asp Leu Asp Pro Asp Leu Cys Asp Leu Ala Gly Leu Cys His Asp Ile

 90 95 100
 ggg cat ccg ccg tat gga cac aac ggt gaa aac gcg ttg aat gaa gtt 451
 Gly His Pro Pro Tyr Gly His Asn Gly Glu Asn Ala Leu Asn Glu Val

 105 110 115
 gct gcg gcc tgt gga gga ttt gag ggc aac gcc caa acc ttg cgt att 499
 Ala Ala Ala Cys Gly Gly Phe Glu Gly Asn Ala Gln Thr Leu Arg Ile

 120 125 130
 ctc acg cgt ctg gag cca aaa att gtc tct gat gag ggg gag agc ttt 547
 Leu Thr Arg Leu Glu Pro Lys Ile Val Ser Asp Glu Gly Glu Ser Phe

 135 140 145
 ggg ctg aac ttg tcg cgg gct gct ctt gat gct gca tgt aag tat ccg 595
 Gly Leu Asn Leu Ser Arg Ala Ala Leu Asp Ala Ala Cys Lys Tyr Pro

 150 155 160 165
 tgg gct aaa aca aat gcg gat ggc agt gtc aat aag aaa tac agt gct 643
 Trp Ala Lys Thr Asn Ala Asp Gly Ser Val Asn Lys Lys Tyr Ser Ala

 170 175 180
 tat gac gag gac gca gaa atc ctc gct tgg att aga caa ggc cat gag 691
 Tyr Asp Glu Asp Ala Glu Ile Leu Ala Trp Ile Arg Gln Gly His Glu

 185 190 195
 gat ctt cgc cca ccg atc gaa gcg cag gtc atg gac ttt tct gat gac 739
 Asp Leu Arg Pro Pro Ile Glu Ala Gln Val Met Asp Phe Ser Asp Asp

 200 205 210
 att gcc tac tcg gtg cac gat gtg gaa gac ggt att gta tcc ggg cgt 787
 Ile Ala Tyr Ser Val His Asp Val Glu Asp Gly Ile Val Ser Gly Arg

 215 220 225
 atc gac tta aaa gtg ctg tgg gac ctg gtt gaa tta gca gct ttg gca 835
 Ile Asp Leu Lys Val Leu Trp Asp Leu Val Glu Leu Ala Ala Leu Ala

 230 235 240 245
 gac aaa gga gca gct gct ttc gga ggt tcg cct gca gag ctc atc gag 883
 Asp Lys Gly Ala Ala Ala Phe Gly Gly Ser Pro Ala Glu Leu Ile Glu

 250 255 260
 ggt gca gca tcg ttg cgg gaa ctt ccg gtg gtg gct gcc gct gcg gat 931
 Gly Ala Ala Ser Leu Arg Glu Leu Pro Val Val Ala Ala Ala Asp

 265 270 275
 ttt gat ttc tca ctg cgt tcc tac gct gcg ctg aag gcg atg act tca 979
 Phe Asp Phe Ser Leu Arg Ser Tyr Ala Ala Leu Lys Ala Met Thr Ser

 280 285 290

gaa cta gtg gga aga tac gtt ggc tct acc atc gag tca aca aag aaa 1027
Glu Leu Val Gly Arg Tyr Val Gly Ser Thr Ile Glu Ser Thr Lys Lys

295 300 305
aca cac gct ggc att gat gtg gga cgc atg cac ggc gat ttg atc att 1075
Thr His Ala Gly Ile Asp Val Gly Arg Met His Gly Asp Leu Ile Ile

310 315 320 325
cca gaa aca gcg gcc agt gaa gta aaa ctg ctc aaa acg tta gcg gtt 1123
Pro Glu Thr Ala Ala Ser Glu Val Lys Leu Leu Lys Thr Leu Ala Val

330 335 340
ctc tac gtg atg gat gac cca ggg cac ctt gcg cgc caa aac agg caa 1171
Leu Tyr Val Met Asp Asp Pro Gly His Leu Ala Arg Gln Asn Arg Gln

345 350 355
cgg gat cgt atc ttc cgg gtt ttt gac tac ctg gtg ctg ggg gct ccg 1219
Arg Asp Arg Ile Phe Arg Val Phe Asp Tyr Leu Val Leu Gly Ala Pro

360 365 370
gga tcg ttg gat ccg atg tat cgc cag tgg ttt att gaa gcg gat tca 1267
Gly Ser Leu Asp Pro Met Tyr Arg Gln Trp Phe Ile Glu Ala Asp Ser

375 380 385
gaa tcg gaa cag atc cgt gtg att gtt gat cag att gcg tcg atg acg 1315
Glu Ser Glu Gln Ile Arg Val Ile Val Asp Gln Ile Ala Ser Met Thr

390 395 400 405
gag tct cgt ctg gaa cgc ctt gcc cgg aat gct gct gac atc tca gga 1363
Glu Ser Arg Leu Glu Arg Leu Ala Arg Asn Ala Ala Asp Ile Ser Gly

410 415 420
ttt ttg gga taattggtta gagcagcagt aag 1395
Phe Leu Gly

<210> 1036

<211> 424

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1036

Met Tyr Pro Tyr Ser Asp Ala Asp Ala Phe Arg Arg Gln Pro Glu Arg

1 5 10 15

Ala Lys Ser Ser Gln Leu Arg Thr Ser Ala Val Asp Thr Arg Ser Ala

20 25 30

Phe Ala Arg Asp Arg Ala Arg Val Leu His Ser Ala Ala Leu Arg Arg

35 40 45

Leu Ala Asp Lys Thr Gln Val Val

Gly Pro Asn Asp Gly Asp Thr Pro

50 55 60

Arg Thr Arg Leu Thr His Ser Leu Glu Val Ala Gln Ile Ala Arg Gly

65 70 75 80

Ile Gly Ala Gly Leu Asp Leu Asp Pro Asp Leu Cys Asp Leu Ala Gly

85 90 95

Leu Cys His Asp Ile Gly His Pro Pro Tyr Gly His Asn Gly Glu Asn

100 105 110

Ala Leu Asn Glu Val Ala Ala Ala Cys Gly Gly Phe Glu Gly Asn Ala
 115 120 125
 Gln Thr Leu Arg Ile Leu Thr Arg Leu Glu Pro Lys Ile Val Ser Asp
 130 135 140

Glu Gly Glu Ser Phe Gly Leu Asn Leu Ser Arg Ala Ala Leu Asp Ala
 145 150 155 160

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

Ile Val Ser Gly Arg Ile Asp Leu Lys Val Leu Trp Asp Leu Val Glu
 225 230 235 240

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

Glu Ser Thr Lys Lys Thr His Ala Gly Ile Asp Val Gly Arg Met His
 305 310 315 320

Gly Asp Leu Ile Ile Pro Glu Thr Ala Ala Ser Glu Val Lys Leu Leu
 325 330 335
 Lys Thr Leu Ala Val Leu Tyr Val Met Asp Asp Pro Gly His Leu Ala
 340 345 350
 Arg Gln Asn Arg Gln Arg Asp Arg Ile Phe Arg Val Phe Asp Tyr Leu
 355 360 365
 Val Leu Gly Ala Pro Gly Ser Leu Asp Pro Met Tyr Arg Gln Trp Phe
 370 375 380

Ile Glu Ala Asp Ser Glu Ser Glu Gln Ile Arg Val Ile Val Asp Gln
 385 390 395 400

Ile Ala Ser Met Thr Glu Ser Arg Leu Glu Arg Leu Ala Arg Asn Ala
 405 410 415
 Ala Asp Ile Ser Gly Phe Leu Gly

420

<210> 1037

<211> 1131

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1108)

<223> RXN01027

<400> 1037

aatagatgga agtagttttt cattcactta tgtgcgcgtt tttaatctgg tttctaccaa 60
gaactgtgtg caccacaacg cggaaggtga atcgacacca atg gca aat aag aac 115
Met Ala Asn Lys Asn

1 5
aat aag cct cat gag gtg gac aaa gac caa gat tca gcc atg ctg atc 163
Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp Ser Ala Met Leu Ile

10 15 20
aac ggt cgc ctg caa cag atc ccg gcg cgt ccc act gag gaa ttc acc 211
Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro Thr Glu Glu Phe Thr

25 30 35
cgc cca act ctt gca gca ggt gca gta ctg tgg cgc ggc gac atc acc 259
Arg Pro Thr Leu Ala Ala Gly Ala Val Leu Trp Arg Gly Asp Ile Thr

40 45 50
aac ccg gac agc atc gag gtc gct gtc atc cac cgc ccg cac tat gat 307
Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His Arg Pro His Tyr Asp

55 60 65
gac tgg tcc ctg gcc aag ggc aaa gtc gat ccc ggc gag tct att ccg 355
Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro Gly Glu Ser Ile Pro

70 75 80 85
aca acc gcg gcc cgt gaa atc ctt gaa gaa act ggc tac gac atc cgt 403
Thr Thr Ala Ala Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr Gly Tyr Asp Ile Arg

90 95 100
ctg ggc aag ctg atc ggc aag gtt act tac cct gtg ctc gac cga acc 451
Leu Gly Lys Leu Ile Gly Lys Val Thr Tyr Pro Val Leu Asp Arg Thr

105 110 115
aaa gtg gtc tac tac tgg act gcc cag gtt ctt ggt gga gag ttt gtc 499
Lys Val Val Tyr Tyr Trp Thr Ala Gln Val Leu Gly Gly Glu Phe Val

120 125 130
ccc aac gat gaa gtt gat gaa atc cgt tgg ctg tct gtt gat gaa gca 547
Pro Asn Asp Glu Val Asp Glu Ile Arg Trp Leu Ser Val Asp Glu Ala

135 140 145
tgc gag ttg ctc agc tac caa gta gat acc gaa gtt ctg gcc aag gca 595
Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala

150 155 160 165
gca aag cgt ttc cgc act cct tcc acc act cgg gtg ctg tat gtt cgc 643
Ala Lys Arg Phe Arg Thr Pro Ser Thr Thr Arg Val Leu Tyr Val Arg

170 175 180
cat gct cat gca cat ggt cgc caa acc tgg ggt ggc gac gac aat aag 691
His Ala His Ala His Gly Arg Gln Thr Trp Gly Gly Asp Asp Asn Lys

185 190 195

cgc cca ttg gac aaa aag ggg cgt cga caa gca gaa atg ctc gta ccc 739
 Arg Pro Leu Asp Lys Lys Gly Arg Arg Gln Ala Glu Met Leu Val Pro

 200 205 210
 atg ttg ttg ccc ttc aaa ccc acc gca att tac tcg gcg gtg ccc gat 787
 Met Leu Leu Pro Phe Lys Pro Thr Ala Ile Tyr Ser Ala Val Pro Asp

 215 220 225
 cgc tgc caa gcc acc gcg ctc ccc ctt gcc gat gag ctc ggc ctc gac 835
 Arg Cys Gln Ala Thr Ala Leu Pro Leu Ala Asp Glu Leu Gly Leu Asp

 230 235 240 245
 gtg tcc gtc aac cga ctg ttc ggc gac gac gcc tgg gaa acc gat ccc 883
 Val Ser Val Asn Arg Leu Phe Gly Asp Asp Ala Trp Glu Thr Asp Pro

 250 255 260
 gag gcc tgc aag aag cgc ttc acc gac gtg gtc gcg caa ggt ggc gtg 931
 Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val Ala Gln Gly Gly Val

 265 270 275
 ccg atg atc gtt ggg cag ggc gac atc att ccg gaa atg atc aaa tgg 979
 Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro Glu Met Ile Lys Trp

 280 285 290
 ttc tcc gag aac ggc acc ctc cct atc gat gag aag atc aag gcg aaa 1027
 Phe Ser Glu Asn Gly Thr Leu Pro Ile Asp Glu Lys Ile Lys Ala Lys

 295 300 305
 aag ggc agc gtg tgg gtg ttg agc ttt cac gac ggt gtg ttc acc ggc 1075
 Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp Gly Val Phe Thr Gly

 310 315 320 325
 gct gat tac ctg gcg agt tcc ctg ccg gtt aaa taggagcgcg ttttaaggcct 1128
 Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys

 330 335
 cca 1131
 <210> 1038
 <211> 336
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1038
 Met Ala Asn Lys Asn Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp
 1 5 10 15
 Ser Ala Met Leu Ile Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro
 20 25 30
 Thr Glu Glu Phe Thr Arg Pro Thr Leu Ala Ala
 Gly Ala Val Leu Trp
 35 40 45
 Arg Gly Asp Ile Thr Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His
 50 55 60
 Arg Pro His Tyr Asp Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro
 65 70 75 80

 Gly Glu Ser Ile Pro Thr Thr Ala Ala Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr
 85 90 95

Gly Tyr Asp Ile Arg Leu Gly Lys Leu Ile Gly Lys Val Thr Tyr Pro
100 105 110
Val Leu Asp Arg Thr Lys Val Val Tyr Tyr Trp Thr Ala Gln Val Leu
115 120 125
Gly Gly Glu Phe Val Pro Asn Asp Glu Val Asp Glu Ile Arg Trp Leu
130 135 140
Ser Val Asp Glu Ala Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu
145 150 155 160
Val Leu Ala Lys Ala Ala Lys Arg Phe Arg Thr Pro Ser Thr Thr Arg
165 170 175
Val Leu Tyr Val Arg His Ala His Ala His Gly Arg Gln Thr Trp Gly
180 185 190
Gly Asp Asp Asn Lys Arg Pro Leu Asp Lys Lys Gly Arg Arg Gln Ala
195 200 205
Glu Met Leu Val Pro Met Leu Leu Pro Phe Lys Pro Thr Ala Ile Tyr
210 215 220
Ser Ala Val Pro Asp Arg Cys Gln Ala Thr Ala Leu Pro Leu Ala Asp
225 230 235 240
Glu Leu Gly Leu Asp Val Ser Val Asn Arg Leu Phe Gly Asp Asp Ala
245 250 255
Trp Glu Thr Asp Pro Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val
260 265 270
Ala Gln Gly Gly Val Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro
275 280 285
Glu Met Ile Lys Trp Phe Ser Glu Asn Gly Thr Leu Pro Ile Asp Glu
290 295 300
Lys Ile Lys Ala Lys Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp
305 310 315 320
Gly Val Phe Thr Gly Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys
325 330 335
<210> 1039
<211> 757
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(757)
<223> FRXA01024
<400> 1039
aatagatgga agtagttttt cattcactta tgtgcgcgtt tttaatctgg ttctaccaa 60
gaactgtgtg caccacaacg cggaaggtga atgcaccca atg gca aat aag aac 115
Met Ala Asn Lys Asn
1 5
aat aag cct cat gag gtg gac aaa gac caa gat tca gcc atg ctg atc 163
Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp Ser Ala Met Leu Ile
10 15 20
aac ggt cgc ctg caa cag atc ccg gcg cgt ccc act gag gaa ttc acc 211

Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro Thr Glu Glu Phe Thr

25 30 35
 cgc cca act ctt gca gca ggt gca gta ctg tgg cgc ggc gac atc acc 259
 Arg Pro Thr Leu Ala Ala Gly Ala Val Leu Trp Arg Gly Asp Ile Thr

40 45 50
 aac ccg gac agc atc gag gtc gct gtc atc cac cgc ccg cac tat gat 307
 Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His Arg Pro His Tyr Asp

55 60 65
 gac tgg tcc ctg gcc aag ggc aaa gtc gat ccc ggc gag tct att ccg 355
 Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro Gly Glu Ser Ile Pro

70 75 80 85
 aca acc gcg gcc cgt gaa atc ctt gaa gaa act ggc tac gac atc cgt 403
 Thr Thr Ala Ala Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr Gly Tyr Asp Ile Arg

90 95 100
 ctg ggc aag ctg atc ggc aag gtt act tac cct gtg ctc gac cga acc 451
 Leu Gly Lys Leu Ile Gly Lys Val Thr Tyr Pro Val Leu Asp Arg Thr

105 110 115
 aaa gtg gtc tac tac tgg act gcc cag gtt ctt ggt gga gag ttt gtc 499
 Lys Val Val Tyr Tyr Trp Thr Ala Gln Val Leu Gly Gly Glu Phe Val

120 125 130
 ccc aac gat gaa gtt gat gaa atc cgt tgg ctg tct gtt gat gaa gca 547
 Pro Asn Asp Glu Val Asp Glu Ile Arg Trp Leu Ser Val Asp Glu Ala

135 140 145
 tgc gag ttg ctc agc tac caa gta gat acc gaa gtt ctg gcc aag gca 595
 Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala

150 155 160 165
 gca aag cgt ttc cgc act cct tcc acc act cgg gtg ctg tat gtt cgc 643
 Ala Lys Arg Phe Arg Thr Pro Ser Thr Thr Arg Val Leu Tyr Val Arg

170 175 180
 cat get cat gca cat ggt cgc caa acc tgg ggt ggc gac gac aat aag 691
 His Ala His Ala His Gly Arg Gln Thr Trp Gly Gly Asp Asp Asn Lys

185 190 195
 cgc cca ttg gac aaa aag ggg cgt cga caa gca gaa atg ctc gta ccc 739
 Arg Pro Leu Asp Lys Lys Gly Arg Arg Gln Ala Glu Met Leu Val Pro

200 205 210
 atg ttg ttg ccc ttc aaa 757
 Met Leu Leu Pro Phe Lys

215
 <210> 1040
 <211> 219
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1040

Met Ala Asn Lys Asn Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp
1 5 10 15
Ser Ala Met Leu Ile Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro
20 25 30
Thr Glu Glu Phe Thr Arg Pro Thr Leu Ala Ala Gly Ala Val Leu Trp
35 40 45
Arg
Gly Asp Ile Thr Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His
50 55 60
Arg Pro His Tyr Asp Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro
65 70 75 80

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

Ser Val Asp Glu Ala Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu
145 150 155 160

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

210 215
<210> 1041
<211> 257
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(234)
<223> FRXA01027
<400> 1041
acc gat ccc gag gcc tgc aag aag cgc ttc acc gac gtg gtc gcg caa 48
Thr Asp Pro Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val Ala Gln
1 5 10 15
ggg ggc gtg ccg atg atc gtt ggg cag ggc gac atc att ccg gaa atg 96
Gly Gly Val Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro Glu Met
20 25 30
atc aaa tgg ttc tcc gag aac ggc acc ctc cct atc gat gag aag atc 144
Ile Lys Trp Phe Ser Glu Asn Gly Thr Leu Pro Ile Asp Glu Lys Ile
35 40 45
aag gcg aaa aag ggc agc gtg tgg gtg ttg agc ttt cac gac ggt gtg 192

Lys Ala Lys Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp Gly Val

50 55 60
 ttc acc ggc gct gat tac ctg gcg agt tcc ctg ccg gtt aaa 234
 Phe Thr Gly Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys

65 70 75
 taggagcgcg tttaaggcct cca 257
 <210> 1042
 <211> 78
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1042
 Thr Asp Pro Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val Ala Gln
 1 5 10 15
 Gly Gly Val Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro Glu Met
 20 25 30
 Ile Lys Trp Phe Ser Glu Asn Gly
 Thr Leu Pro Ile Asp Glu Lys Ile
 35 40 45
 Lys Ala Lys Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp Gly Val
 50 55 60
 Phe Thr Gly Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys

65 70 75
 <210> 1043
 <211> 651
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(628)
 <223> RXA01528
 <400> 1043
 caccacaaacc caaacctctc agtcgaataa gcagaagtct caggacaacc gcaggggtaa 60
 gggtcgtagg tctccaacca ggaggcggtc caacacgagg gtg aat cag gcg tgg 115
 Val Asn Gln Ala Trp

1 5
 cag cag tcc cgt ttg gtt act tct gat gag act tcc gca ggt ggt ctc 163
 Gln Gln Ser Arg Leu Val Thr Ser Asp Glu Thr Ser Ala Gly Gly Leu

10 15 20
 gtg gtg tca ggt ttg gct gag gcg gtc aac gct aac aat gag gtt gat 211
 Val Val Ser Gly Leu Ala Glu Ala Val Asn Ala Asn Asn Glu Val Asp

25 30 35
 ctg tcg aag att tat gtt gcg ttg att ggt cgc ctt gat cgt cgt ggt 259
 Leu Ser Lys Ile Tyr Val Ala Leu Ile Gly Arg Leu Asp Arg Arg Gly

40 45 50
 cgt ttg ttg tgg tcg atg ccg aag ggc cat gtt gag cct ggt gag gat 307
 Arg Leu Leu Trp Ser Met Pro Lys Gly His Val Glu Pro Gly Glu Asp

55 60 65

aag gct gcg act gct gag cgt gag gtg tgg gag gag acc ggc atc cac 355
Lys Ala Ala Thr Ala Glu Arg Glu Val Trp Glu Glu Thr Gly Ile His

70 75 80 85
ggg gag gtg ttc act gag ttg ggt gtg att gat tat tgg ttc gtt tcg 403
Gly Glu Val Phe Thr Glu Leu Gly Val Ile Asp Tyr Trp Phe Val Ser

90 95 100
gaa ggg aag cgg atc cat aag acg gtg cat cat cat ttg ttg cgt tat 451
Glu Gly Lys Arg Ile His Lys Thr Val His His His Leu Leu Arg Tyr

105 110 115
gtt gat ggc gat ttg aat gat gag gat cca gaa gtc act gag gtg gcg 499
Val Asp Gly Asp Leu Asn Asp Glu Asp Pro Glu Val Thr Glu Val Ala

120 125 130
tgg att ccg gcg aat cag ttg att gag cat ttg gct ttt gcg gat gag 547
Trp Ile Pro Ala Asn Gln Leu Ile Glu His Leu Ala Phe Ala Asp Glu

135 140 145
cgg aag ttg gct agg cag gcg cat gat ttg ttg cct gag ttt gct ttg 595
Arg Lys Leu Ala Arg Gln Ala His Asp Leu Leu Pro Glu Phe Ala Leu

150 155 160 165
aag gaa aag gcg gag gga agg tcc acc cca agg tgattccgaa ccccaaccg 648
Lys Glu Lys Ala Glu Gly Arg Ser Thr Pro Arg

170 175
aac 651
<210> 1044
<211> 176
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1044
Val Asn Gln Ala Trp Gln Gln Ser Arg Leu Val Thr Ser Asp Glu Thr
1 5 10 15
Ser Ala Gly Gly Leu Val Val Ser Gly Leu Ala Glu Ala Val Asn Ala
20 25 30
Asn Asn Glu Val Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Val
Ala Leu Ile Gly Arg
35 40 45
Leu Asp Arg Arg Gly Arg Leu Leu Trp Ser Met Pro Lys Gly His Val
50 55 60
Glu Pro Gly Glu Asp Lys Ala Ala Thr Ala Glu Arg Glu Val Trp Glu
65 70 75 80
Glu Thr Gly Ile His Gly Glu Val Phe Thr Glu Leu Gly Val Ile Asp
85 90 95
Tyr Trp Phe Val Ser Glu Gly Lys Arg Ile His Lys Thr Val His His
100 105 110
His Leu Leu Arg Tyr Val Asp Gly Asp Leu Asn Asp Glu Asp Pro Glu
115 120 125
Val Thr Glu Val Ala Trp Ile Pro Ala Asn Gln Leu Ile Glu His Leu
130 135 140
Ala Phe Ala Asp Glu Arg Lys Leu Ala Arg Gln Ala His Asp Leu Leu

145						150						155						160
Pro	Glu	Phe	Ala	Leu	Lys	Glu	Lys	Ala	Glu	Gly	Arg	Ser	Thr	Pro	Arg			
				165					170					175				
<210> 1045																		
<211> 541																		
<212> DNA																		
<213> Corynebacterium glutamicum																		
<220>																		
<221> CDS																		
<222> (101)..(541)																		
<223> RXA00072																		
<400> 1045																		
acggccagga cgatccagtg cacaggccag caccagcaaa gtccacatcg caagcattaa															60			
aagaatctct cgaaagacac aaaagagggtg agtcgcaaca atg agc ttt caa cta															115			
															Met Ser Phe Gln Leu			
															1 5			
gtt aac gcc ctg aaa aat act ggt tcg gta aaa gat ccc gag atc tca															163			
Val Asn Ala Leu Lys Asn Thr Gly Ser Val Lys Asp Pro Glu Ile Ser																		
															10 15 20			
ccc gaa gga cct cgc acg acc aca ccg ttg tca cca gag gta gca aaa															211			
Pro Glu Gly Pro Arg Thr Thr Thr Pro Leu Ser Pro Glu Val Ala Lys																		
															25 30 35			
cat aac gag gaa ctc gtc gaa aag cat gct gct gcg ttg tat gac gcc															259			
His Asn Glu Glu Leu Val Glu Lys His Ala Ala Ala Leu Tyr Asp Ala																		
															40 45 50			
agc gcg caa gag atc ctg gaa tgg aca gcc gag cac gcg ccg ggc gct															307			
Ser Ala Gln Glu Ile Leu Glu Trp Thr Ala Glu His Ala Pro Gly Ala																		
															55 60 65			
att gca gtg acc ttg agc atg gaa aac acc gtg ctg gcg gag ctg gct															355			
Ile Ala Val Thr Leu Ser Met Glu Asn Thr Val Leu Ala Glu Leu Ala																		
															70 75 80 85			
gcg cgg cac ctg ccg gaa gct gat ttc ctc ttt ttg gac acc ggt tac															403			
Ala Arg His Leu Pro Glu Ala Asp Phe Leu Phe Leu Asp Thr Gly Tyr																		
															90 95 100			
cac ttc aag gag acc ctt gaa gtt gcc cgt cag gta gat gag cgc tat															451			
His Phe Lys Glu Thr Leu Glu Val Ala Arg Gln Val Asp Glu Arg Tyr																		
															105 110 115			
tcc cag aag ctt gtc acc gcg ctg ccg atc ctc aag cgc acg gag cag															499			
Ser Gln Lys Leu Val Thr Ala Leu Pro Ile Leu Lys Arg Thr Glu Gln																		
															120 125 130			
gat tcc att tat ggt ctc aac ctg tac cgc agc aac cca gcg															541			
Asp Ser Ile Tyr Gly Leu Asn Leu Tyr Arg Ser Asn Pro Ala																		
															135 140 145			
<210> 1046																		

<211> 147
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1046
 Met Ser Phe Gln Leu Val Asn Ala Leu Lys Asn Thr Gly Ser Val Lys
 1 5 10 15
 Asp Pro Glu Ile Ser Pro Glu Gly Pro Arg Thr Thr Thr Pro Leu Ser
 20 25 30
 Pro Glu Val Ala Lys His Asn Glu Glu Leu Val Glu Lys His Ala Ala
 35 40 45

 Ala Leu Tyr Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ile Leu Glu Trp Thr Ala Glu
 50 55 60
 His Ala Pro Gly Ala Ile Ala Val Thr Leu Ser Met Glu Asn Thr Val
 65 70 75 80

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

 Asn Pro Ala

 145
 <210> 1047
 <211> 1002
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(979)
 <223> RXA01878
 <400> 1047
 gggttcaggct gcacaagggtt ggggagcatg gcctgcttgc accgcaagct tgggcatccg 60
 atagtagaaa tctggcatcc aataggtaga ttgggatgct atg gaa gaa ccc tca 115
 Met Glu Glu Pro Ser

 1 5
 ggt gca cag ctg ctc ggc ccg gta gaa atc cgt gcg ctg gca gaa aag 163
 Gly Ala Gln Leu Leu Gly Pro Val Glu Ile Arg Ala Leu Ala Glu Lys

 10 15 20
 ctc gac gtc aca cca act aag aag ttg ggg cag aac ttt gtt cac gat 211
 Leu Asp Val Thr Pro Thr Lys Lys Leu Gly Gln Asn Phe Val His Asp

 25 30 35
 ccc aac acg gtg cgt cgc att gtt gct gcg gca gag ctc acc cca aac 259
 Pro Asn Thr Val Arg Arg Ile Val Ala Ala Ala Glu Leu Thr Pro Asn

 40 45 50
 gac cac gtg gtg gaa gtt ggc cct ggt ctg ggc tct ctg acc ctt gcc 307

Asp His Val Val Glu Val Gly Pro Gly Leu Gly Ser Leu Thr Leu Ala

55 60 65
ctg gtg gaa tct gct gct tca gta act gcg gtg gaa att gat ccc cgt 355
Leu Val Glu Ser Ala Ala Ser Val Thr Ala Val Glu Ile Asp Pro Arg

70 75 80 85
ttg gct gcg gaa ttg ccg gag act ttt cag tgg cgc gcg ccg gcc ctt 403
Leu Ala Ala Glu Leu Pro Glu Thr Phe Gln Trp Arg Ala Pro Ala Leu

90 95 100
gct cac aag ttg agc atc gtg ctg aaa gac gcc ctg aag gtt caa caa 451
Ala His Lys Leu Ser Ile Val Leu Lys Asp Ala Leu Lys Val Gln Gln

105 110 115
tcc gat atg gct gtt caa ccc acc gcc ttg gtg gct aac ttg ccg tac 499
Ser Asp Met Ala Val Gln Pro Thr Ala Leu Val Ala Asn Leu Pro Tyr

120 125 130
aac gtc tct gtc cct gtc ttg ttg cac atg atg gag gag ttt ccc acc 547
Asn Val Ser Val Pro Val Leu Leu His Met Met Glu Glu Phe Pro Thr

135 140 145
atc aac aag gtg ctt gtc atg gtg cag gca gag gtt gct gat cgt ttg 595
Ile Asn Lys Val Leu Val Met Val Gln Ala Glu Val Ala Asp Arg Leu

150 155 160 165
gct gcg gat cca gga tgc aag att tat ggt gtg cct agc gtg aag gcg 643
Ala Ala Asp Pro Gly Ser Lys Ile Tyr Gly Val Pro Ser Val Lys Ala

170 175 180
tcc ttc tac ggt cca gtt act cgc gcc ggg tgc att ggt aag aat gtc 691
Ser Phe Tyr Gly Pro Val Thr Arg Ala Gly Ser Ile Gly Lys Asn Val

185 190 195
ttt tgg cca gct cca aag atc gaa tcc ggt ttg gtg aag atc gtg cgc 739
Phe Trp Pro Ala Pro Lys Ile Glu Ser Gly Leu Val Lys Ile Val Arg

200 205 210
gaa gac acc gcg tgg aag cag gac gat gag acg cgt aag aag gtg tgg 787
Glu Asp Thr Ala Trp Lys Gln Asp Asp Glu Thr Arg Lys Lys Val Trp

215 220 225
ccg atc att gat gct gct ttc ttg cag cgc cgt aaa acc cta aga gct 835
Pro Ile Ile Asp Ala Ala Phe Leu Gln Arg Arg Lys Thr Leu Arg Ala

230 235 240 245
gcg ctt tct gga cac tac ggt tct ggc cag gca gct gag gaa gct ttg 883
Ala Leu Ser Gly His Tyr Gly Ser Gly Gln Ala Ala Glu Glu Ala Leu

250 255 260
cgg gcc gct gat att gat cca acg ctt cgt ggc gaa aag ctt gat gtc 931
Arg Ala Ala Asp Ile Asp Pro Thr Leu Arg Gly Glu Lys Leu Asp Val

265 270 275
act gac tat gtg cgc cta gct ggg gtg ttg cag caa aag gat gag aag 979

Thr Asp Tyr Val Arg Leu Ala Gly Val Leu Gln Gln Lys Asp Glu Lys

280 285 290 1002
tgaaaattac cgctaaggcg tgg

<210> 1048

<211> 293

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1048

Met Glu Glu Pro Ser Gly Ala Gln Leu Leu Gly Pro Val Glu Ile Arg
1 5 10 15

Ala Leu Ala Glu Lys Leu Asp Val Thr Pro Thr Lys Lys Leu Gly Gln
20 25 30

Asn Phe Val His Asp Pro

Asn Thr Val Arg Arg Ile Val Ala Ala Ala

35 40 45

Glu Leu Thr Pro Asn Asp His Val Val Glu Val Gly Pro Gly Leu Gly
50 55 60

Ser Leu Thr Leu Ala Leu Val Glu Ser Ala Ala Ser Val Thr Ala Val
65 70 75 80

Glu Ile Asp Pro Arg Leu Ala Ala Glu Leu Pro Glu Thr Phe Gln Trp
85 90 95

Arg Ala Pro Ala Leu Ala His Lys Leu Ser Ile Val Leu Lys Asp Ala
100 105 110

Leu Lys Val Gln Gln Ser Asp Met Ala Val Gln Pro Thr Ala Leu Val
115 120 125

Ala Asn Leu Pro Tyr Asn Val Ser Val Pro Val Leu Leu His Met Met
130 135 140

Glu Glu Phe Pro Thr Ile Asn Lys Val Leu Val Met Val Gln Ala Glu
145 150 155 160

Val Ala Asp Arg Leu Ala Ala Asp Pro Gly Ser Lys Ile Tyr Gly Val
165 170 175

Pro Ser Val Lys Ala Ser Phe Tyr Gly Pro Val Thr Arg Ala Gly Ser
180 185 190

Ile Gly Lys Asn Val Phe Trp Pro Ala Pro Lys Ile Glu Ser Gly Leu
195 200 205

Val Lys Ile Val Arg Glu Asp Thr Ala Trp Lys Gln Asp Asp Glu Thr
210 215 220

Arg Lys Lys Val Trp Pro Ile Ile Asp Ala Ala Phe Leu Gln Arg Arg
225 230 235 240

Lys Thr Leu Arg Ala Ala Leu Ser Gly His Tyr Gly Ser Gly Gln Ala
245 250 255

Ala Glu Glu Ala Leu Arg Ala Ala Asp Ile Asp Pro Thr Leu Arg Gly
260 265 270

Glu Lys Leu Asp Val Thr Asp Tyr Val Arg Leu Ala Gly Val Leu Gln
275 280 285

Gln Lys Asp Glu Lys

290

<210> 1049

<211> 1545

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1531)

<223> RXN02281

<400> 1049

aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt ctgcatcacg 60
cctataaaag cacagttttg aatccacagg gcatcagggc gtg cag aaa gat agt 115
Val Gln Lys Asp Ser

1 5
gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc 163
Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu

10 15 20
att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac 211
Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn

25 30 35
aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc 259
Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr

40 45 50
gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc 307
Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly

55 60 65
tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc 355
Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg

70 75 80 85
gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat 403
Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn

90 95 100
tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg 451
Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro

105 110 115
gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt 499
Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly

120 125 130
gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac 547
Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp

135 140 145
gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg 595
Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro

150 155 160 165
ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc 643
Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile

170

175

180

gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg	691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu	
185 190 195	
ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg	739
Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met	
200 205 210	
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca	787
Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro	
215 220 225	
aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa	835
Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu	
230 235 240 245	
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc	883
Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile	
250 255 260	
acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca	931
Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro	
265 270 275	
tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa	979
Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu	
280 285 290	
gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc	1027
Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg	
295 300 305	
atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att	1075
Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile	
310 315 320 325	
ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa	1123
Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu	
330 335 340	
atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc gac	1171
Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser Asp	
345 350 355	
aac agc ctc atg cgc acc ggt acg gtc tta tcc acc gac gac cga aac	1219
Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser Thr Asp Asp Arg Asn	
360 365 370	
tgg gaa tgg cac acc cca gaa aac ctc tgg aac tgg ctc aaa gga tcc	1267
Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn Trp Leu Lys Gly Ser	
375 380 385	
acc gcc gca gct gtt gac atg gaa tct tcc acc ttg gcc acc aac gga	1315
Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr Leu Ala Thr Asn Gly	

390 395 400 405
tat cga ttc cgc att cca tac ggc acc ctg ctg agc gtc tct gac ctg 1363
Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu Ser Val Ser Asp Leu

410 415 420
cca cta cac gca gtg ccg aaa ctt tcc gcg caa gcg cag gcg ttt tac 1411
Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln Ala Gln Ala Phe Tyr

425 430 435
ttc aac tcc aag gaa gcc cac gtc atg tgt gct gtt cgt gca atg gaa 1459
Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala Val Arg Ala Met Glu

440 445 450
tac ctg gca gta gat cct gaa cgg ttg cgt acc cgt aaa ctg cgc agg 1507
Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr Arg Lys Leu Arg Arg

455 460 465
acc ttg ggt gag gtg ccg ttt cgc taaagtctcg gaga 1545
Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg

470 475
<210> 1050
<211> 477
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 1050
Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp
1 5 10 15
Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala
20 25 30
Lys Glu Thr Leu Asn Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val
35 40 45
Tyr Pro Lys Leu Thr Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg
50 55 60
Thr Glu Pro Phe Gly Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr
65 70 75 80
Leu Ser Lys Pro Arg Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu
85 90 95
Arg Leu Thr Ser Asn Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp
100 105 110
Ile Arg Ile Pro Pro Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu
115 120 125
Ala Arg Arg Ala Gly Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu
130 135 140
Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
145 150 155 160
Gly Pro Glu Leu Pro Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile
165 170 175
Ala Cys Ala Arg Ile Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val
180 185 190
Gln Lys Tyr Ile Leu Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe
195 200 205
Val His Phe Ala Met Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val

210 215 220
 Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
 225 230 235 240

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

Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
 305 310 315 320

Arg Glu Asp His Ile Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile
 325 330 335
 Pro Ala Ile Pro Glu Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu
 340 345 350
 Ile Tyr Gly Ser Asp Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser
 355 360 365
 Thr Asp Asp Arg Asn Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn
 370 375 380

Trp Leu Lys Gly Ser Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr
 385 390 395 400

Leu Ala Thr Asn Gly Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu
 405 410 415
 Ser Val Ser Asp Leu Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln
 420 425 430
 Ala Gln Ala Phe Tyr Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala
 435 440 445
 Val Arg Ala Met Glu Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr
 450 455 460

Arg Lys Leu Arg Arg Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg

465 470 475

<210> 1051

<211> 1191

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1168)

<223> FRXA02281

<400> 1051

aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt cttgcatacg 60
 cctataaaaag cacagttttg aatccacagg gcatcagggc gtg cag aaa gat agt 115
 Val Gln Lys Asp Ser

gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc	163
Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu	
10 15 20	
att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac	211
Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn	
25 30 35	
aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc	259
Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr	
40 45 50	
gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc	307
Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly	
55 60 65	
tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc	355
Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg	
70 75 80 85	
gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat	403
Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn	
90 95 100	
tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg	451
Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro	
105 110 115	
gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt	499
Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly	
120 125 130	
gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac	547
Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp	
135 140 145	
gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg	595
Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro	
150 155 160 165	
ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc	643
Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile	
170 175 180	
gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg	691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu	
185 190 195	
ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg	739
Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met	
200 205 210	
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca	787
Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro	
215 220 225	

aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa 835
Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu

230 235 240 245
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc 883
Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile

250 255 260
acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca 931
Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro

265 270 275
tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa 979
Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu

280 285 290
gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc 1027
Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg

295 300 305
atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att 1075
Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile

310 315 320 325
ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa 1123
Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu

330 335 340
atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc 1168
Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser

345 350 355
tagtattcta tagtgcacc taa 1191
<210> 1052
<211> 356
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1052
Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp
1 5 10 15
Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala
20 25 30
Lys Glu Thr Leu Asn Asn Glu
Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val
35 40 45
Tyr Pro Lys Leu Thr Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg
50 55 60
Thr Glu Pro Phe Gly Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr
65 70 75 80

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

130 135 140

Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
145 150 155 160

Gly Pro Glu Leu Pro Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile
165 170 175

Ala Cys Ala Arg Ile Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val
180 185 190

Gln Lys Tyr Ile Leu Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe
195 200 205

Val His Phe Ala Met Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val
210 215 220

Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
225 230 235 240

Ser Leu Gly Thr Glu Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro
245 250 255

Arg Tyr Asp Leu Ile Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn
260 265 270

Ile Gly Val Gly Pro Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala
275 280 285

Val Leu Arg Pro Glu Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met
290 295 300

Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
305 310 315 320

Arg Glu Asp His Ile Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile
325 330 335

Pro Ala Ile Pro Glu Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu
340 345 350

Ile Tyr Gly Ser

355

<210> 1053

<211> 1146

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1123)

<223> RXN01240

<400> 1053

ttgtttctcac atctaccggt atctttgttg gtttttagtac ccgatatgga gttttgatcc 60
ctgcacagga aagtttagcgg cgctactatg aacgatcgat atg tct gac aac act 115
Met Ser Asp Asn Thr

1 5

ctc tcc caa ttt ggc agt tac tac cac gaa ttc cga cgt gcc cat ccc 163
Leu Ser Gln Phe Gly Ser Tyr Tyr His Glu Phe Arg Arg Ala His Pro

10 15 20

atg gcc gac gtc gaa ttc ctc cta gca att gaa gaa tta ctt acg gac 211

Met Ala Asp Val Glu Phe Leu Leu Ala Ile Glu Glu Leu Leu Thr Asp

25 30 35
 ggt ggt gtc acc ttc gat cgc gtc acc aca cgc atc aaa gaa tgg tca 259
 Gly Gly Val Thr Phe Asp Arg Val Thr Thr Arg Ile Lys Glu Trp Ser

40 45 50
 agc ctg aaa gcc aag gct cgc aag cgt cgc aac gat ggc tgc ttg atc 307
 Ser Leu Lys Ala Lys Ala Arg Lys Arg Arg Asn Asp Gly Ser Leu Ile

55 60 65
 tac cct gat ccg cgc aaa gac atc cac gac atg atc ggt gtt cgg atc 355
 Tyr Pro Asp Pro Arg Lys Asp Ile His Asp Met Ile Gly Val Arg Ile

70 75 80 85
 acc acg tac cac tcc acg gaa ata ccc gtg gcc cta aaa gtg ctc caa 403
 Thr Thr Tyr His Ser Thr Glu Ile Pro Val Ala Leu Lys Val Leu Gln

90 95 100
 gac tcc ttc atc gtc cac aaa tcc gta gac aaa gcc gct gaa act cgc 451
 Asp Ser Phe Ile Val His Lys Ser Val Asp Lys Ala Ala Glu Thr Arg

105 110 115
 atc tca ggc ggc ttt ggt tac ggc tcc cac cac ctg att ctg gaa gtc 499
 Ile Ser Gly Gly Phe Gly Tyr Gly Ser His His Leu Ile Leu Glu Val

120 125 130
 gat gac acc tcc gat gac ctc cag gac tac aaa ggc ctc gtc ttt gaa 547
 Asp Asp Thr Ser Asp Asp Leu Gln Asp Tyr Lys Gly Leu Val Phe Glu

135 140 145
 gtt cag gtg cgc acc gtg ctg caa cac gcc tgg gca gag ttc gaa cac 595
 Val Gln Val Arg Thr Val Leu Gln His Ala Trp Ala Glu Phe Glu His

150 155 160 165
 gat atc cgc tat aaa cgc gcc gat gtg tcc aac cca gaa gac ttc agc 643
 Asp Ile Arg Tyr Lys Arg Ala Asp Val Ser Asn Pro Glu Asp Phe Ser

170 175 180
 gca gaa gta gac cgc atg ttc acc ctc gct gcc gga ctc atc gaa tta 691
 Ala Glu Val Asp Arg Met Phe Thr Leu Ala Ala Gly Leu Ile Glu Leu

185 190 195
 gcg gac caa caa ttc gac caa atc gcc gca ctc aaa gaa acc agc cga 739
 Ala Asp Gln Gln Phe Asp Gln Ile Ala Ala Leu Lys Glu Thr Ser Arg

200 205 210
 gtt gct gat gaa tcc gtc gaa ctc acc gca gag aca ctt ccc ggc gtt 787
 Val Ala Asp Glu Ser Val Glu Leu Thr Ala Glu Thr Leu Pro Gly Val

215 220 225
 ctt gcc atg ctc att ggc aac cgc ttc ccc cgc cca cgc tcc aca aac 835
 Leu Ala Met Leu Ile Gly Asn Arg Phe Pro Arg Pro Arg Ser Thr Asn

230 235 240 245

tac cgc ttc ctc gaa gac atc ctg gtg gcc aac tcc att acc tct gtg 883
Tyr Arg Phe Leu Glu Asp Ile Leu Val Ala Asn Ser Ile Thr Ser Val

250 255 260
gtg cag ctg cgc gag ctg ctc aac ccc acc gac att gaa gtg ctg ttg 931
Val Gln Leu Arg Glu Leu Leu Asn Pro Thr Asp Ile Glu Val Leu Leu

265 270 275
aaa gta atg aac tac cgc ttc cac cca ggc cag atc cgc atc atc gac 979
Lys Val Met Asn Tyr Arg Phe His Pro Gly Gln Ile Arg Ile Ile Asp

280 285 290
gat tta cta ctc aaa cga ttt ggc caa tca cac atc gat gcc acc gtc 1027
Asp Leu Leu Leu Lys Arg Phe Gly Gln Ser His Ile Asp Ala Thr Val

295 300 305
gcc acc gac tcc caa cca ctc aac gcc aaa cgc cac agg cag cta aaa 1075
Ala Thr Asp Ser Gln Pro Leu Asn Ala Lys Arg His Arg Gln Leu Lys

310 315 320 325
cgc aag cta gag ctc atg acc caa gct cat ctt gtg gaa cca cca aac 1123
Arg Lys Leu Glu Leu Met Thr Gln Ala His Leu Val Glu Pro Pro Asn

330 335 340
taaagttccc ccaaagtttag ccc 1146
<210> 1054
<211> 341
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1054
Met Ser Asp Asn Thr Leu Ser Gln Phe Gly Ser Tyr Tyr His Glu Phe
1 5 10 15
Arg Arg Ala His Pro Met Ala Asp Val Glu Phe Leu Leu Ala Ile Glu
20 25 30
Glu Leu Leu Thr Asp Gly
Gly Val Thr Phe Asp Arg Val Thr Thr Arg
35 40 45
Ile Lys Glu Trp Ser Ser Leu Lys Ala Lys Ala Arg Lys Arg Arg Asn
50 55 60
Asp Gly Ser Leu Ile Tyr Pro Asp Pro Arg Lys Asp Ile His Asp Met
65 70 75 80

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

Gly Leu Val Phe Glu Val Gln Val Arg Thr Val Leu Gln His Ala Trp
145 150 155 160

Ala Glu Phe Glu His Asp Ile Arg Tyr Lys Arg Ala Asp Val Ser Asn
165 170 175
Pro Glu Asp Phe Ser Ala Glu Val Asp Arg Met Phe Thr Leu Ala Ala

180 185 190
 Gly Leu Ile Glu Leu Ala Asp Gln Gln Phe Asp Gln Ile Ala Ala Leu
 195 200 205
 Lys Glu Thr Ser Arg Val Ala Asp Glu Ser Val Glu Leu Thr Ala Glu
 210 215 220
 Thr Leu Pro Gly Val Leu Ala Met Leu Ile Gly Asn Arg Phe Pro Arg
 225 230 235 240
 Pro Arg Ser Thr Asn Tyr Arg Phe Leu Glu Asp Ile Leu Val Ala Asn
 245 250 255
 Ser Ile Thr Ser Val Val Gln Leu Arg Glu Leu Leu Asn Pro Thr Asp
 260 265 270
 Ile Glu Val Leu Leu Lys Val Met Asn Tyr Arg Phe His Pro Gly Gln
 275 280 285
 Ile Arg Ile Ile Asp Asp Leu Leu Leu Lys Arg Phe Gly Gln Ser His
 290 295 300
 Ile Asp Ala Thr Val Ala Thr Asp Ser Gln Pro Leu Asn Ala Lys Arg
 305 310 315 320
 His Arg Gln Leu Lys Arg Lys Leu Glu Leu Met Thr Gln Ala His Leu
 325 330 335
 Val Glu Pro Pro Asn
 340
 <210> 1055
 <211> 1234
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1234)
 <223> RXN02008
 <400> 1055
 tactggtcta tctatcaaaa gatgatcggt cgcggtcgtg attttgacga tatttttgat 60
 cttgttgga tccgcatcct ggtagacaac gtgaacaact gtg tac gcc gcc atc 115
 Val Tyr Ala Ala Ile
 1 5
 ggt gtc gtg cac tcc ctg ttc aat gct ctg cct ggc cga ttc aaa gac 163
 Gly Val Val His Ser Leu Phe Asn Ala Leu Pro Gly Arg Phe Lys Asp
 10 15 20
 tat att tca gcc ccg cgc ttc ggt gtc tac caa tcc ctg cac acc acc 211
 Tyr Ile Ser Ala Pro Arg Phe Gly Val Tyr Gln Ser Leu His Thr Thr
 25 30 35
 gtg atg gga cct ggc ggt aag cct ctg gaa gtt cag gca cgt acc cac 259
 Val Met Gly Pro Gly Gly Lys Pro Leu Glu Val Gln Ala Arg Thr His
 40 45 50
 gac atg cac tac aac gcc gaa ttc ggc att gca gcg cac tgg cga tac 307
 Asp Met His Tyr Asn Ala Glu Phe Gly Ile Ala Ala His Trp Arg Tyr

55	60	65	
aaa gaa acc aaa ggc agc cac agt ggc gag caa gcc gaa gtg gat caa	355		
Lys Glu Thr Lys Gly Ser His Ser Gly Glu Gln Ala Glu Val Asp Gln			
70	75	80	85
atg gcg tgg atg cgc caa ctt ctg gac tgg caa aaa gaa gca gcc gac	403		
Met Ala Trp Met Arg Gln Leu Leu Asp Trp Gln Lys Glu Ala Ala Asp			
90	95	100	
ccc aac gag ttc ctg gac agc ctg cgc tac gat ctg act tcc aag cag	451		
Pro Asn Glu Phe Leu Asp Ser Leu Arg Tyr Asp Leu Thr Ser Lys Gln			
105	110	115	
atc ttc gtg ttc aca ccc aaa ggt gat gtg gtc aac ctg ccg gtg aac	499		
Ile Phe Val Phe Thr Pro Lys Gly Asp Val Val Asn Leu Pro Val Asn			
120	125	130	
tcc acc ccg gtg gac ttc gcc tac gcg gtg cac acc gaa gtg ggg cac	547		
Ser Thr Pro Val Asp Phe Ala Tyr Ala Val His Thr Glu Val Gly His			
135	140	145	
cgc tgc atc ggc gcc aaa atc aac ggc aaa ctg gtc gct ttg gaa acg	595		
Arg Cys Ile Gly Ala Lys Ile Asn Gly Lys Leu Val Ala Leu Glu Thr			
150	155	160	165
aaa ctc aaa tcc ggc gat cgt gtt gaa gtc ttt acc tcc aag gac caa	643		
Lys Leu Lys Ser Gly Asp Arg Val Glu Val Phe Thr Ser Lys Asp Gln			
170	175	180	
aac gct ggc cca agt agg gga tgg caa gaa ttt gtt gtc tca cct cgt	691		
Asn Ala Gly Pro Ser Arg Gly Trp Gln Glu Phe Val Val Ser Pro Arg			
185	190	195	
gca aag gcc aag att cgc cag tgg ttt gcc aag gaa cga cgc gaa gaa	739		
Ala Lys Ala Lys Ile Arg Gln Trp Phe Ala Lys Glu Arg Arg Glu Glu			
200	205	210	
tac cta gaa gcc gga cgc gat gcg ctg gca gca gtt att cag cgt ggc	787		
Tyr Leu Glu Ala Gly Arg Asp Ala Leu Ala Ala Val Ile Gln Arg Gly			
215	220	225	
ggc ctg cca atg cac cgc ttg ttc acc gcg tcc tcc atg aag acg gtg	835		
Gly Leu Pro Met His Arg Leu Phe Thr Ala Ser Ser Met Lys Thr Val			
230	235	240	245
gca aca gag ctg cac tac cca gat gta gat gcg ctc tac aca gcc atc	883		
Ala Thr Glu Leu His Tyr Pro Asp Val Asp Ala Leu Tyr Thr Ala Ile			
250	255	260	
ggc tcc ggt tct gta tct gcg caa cac gta gtc aac cgt ctc atg gct	931		
Gly Ser Gly Ser Val Ser Ala Gln His Val Val Asn Arg Leu Met Ala			
265	270	275	
atc ttt ggt gac gaa gaa gat gcc gaa gac gca ttg gtt gca cgc acc	979		
Ile Phe Gly Asp Glu Glu Asp Ala Glu Asp Ala Leu Val Ala Arg Thr			

280	285	290	
cca ttc agc gag ctg gtc aac tcc cgt gcc acc acg gaa agc agc acc			1027
Pro Phe Ser Glu Leu Val Asn Ser Arg Ala Thr Thr Glu Ser Ser Thr			
295	300	305	
ggc atc ctg gtc gaa ggc agc cca gat gtc atg gct aag ctc gct aaa			1075
Gly Ile Leu Val Glu Gly Ser Pro Asp Val Met Ala Lys Leu Ala Lys			
310	315	320	325
tgc tgt atg cca gtg cca gga gat gaa atc ttt gga ttc gtc acc cgt			1123
Cys Cys Met Pro Val Pro Gly Asp Glu Ile Phe Gly Phe Val Thr Arg			
330	335	340	
ggt ggc ggt gtc tcc gta cac cga aca gac tgc acg aat gtg gaa aag			1171
Gly Gly Gly Val Ser Val His Arg Thr Asp Cys Thr Asn Val Glu Lys			
345	350	355	
ctc aaa gaa gag cca gaa cgc att gtc tcc gtc tcc tgg gct tcg gaa			1219
Leu Lys Glu Glu Pro Glu Arg Ile Val Ser Val Ser Trp Ala Ser Glu			
360	365	370	
ggt caa ggt tca gta			1234
Gly Gln Gly Ser Val			
375			
<210> 1056			
<211> 378			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 1056			
Val Tyr Ala Ala Ile Gly Val Val His Ser Leu Phe Asn Ala Leu Pro			
1 5 10 15			
Gly Arg Phe Lys Asp Tyr Ile Ser Ala Pro Arg Phe Gly Val Tyr Gln			
20 25 30			
Ser Leu His Thr Thr Val Met Gly Pro Gly Gly Lys Pro Leu Glu Val			
35 40 45			
Gln Ala			
Arg Thr His Asp Met His Tyr Asn Ala Glu Phe Gly Ile Ala			
50 55 60			
Ala His Trp Arg Tyr Lys Glu Thr Lys Gly Ser His Ser Gly Glu Gln			
65 70 75 80			
Ala Glu Val Asp Gln Met Ala Trp Met Arg Gln Leu Leu Asp Trp Gln			
85 90 95			
Lys Glu Ala Ala Asp Pro Asn Glu Phe Leu Asp Ser Leu Arg Tyr Asp			
100 105 110			
Leu Thr Ser Lys Gln Ile Phe Val Phe Thr Pro Lys Gly Asp Val Val			
115 120 125			
Asn Leu Pro Val Asn Ser Thr Pro Val Asp Phe Ala Tyr Ala Val His			
130 135 140			
Thr Glu Val Gly His Arg Cys Ile Gly Ala Lys Ile Asn Gly Lys Leu			
145 150 155 160			
Val Ala Leu Glu Thr Lys Leu Lys Ser Gly Asp Arg Val Glu Val Phe			
165 170 175			

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

Val Ile Gln Arg Gly Gly Leu Pro Met His Arg Leu Phe Thr Ala Ser
 225 230 235 240

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

Thr Glu Ser Ser Thr Gly Ile Leu Val Glu Gly Ser Pro Asp Val Met
 305 310 315 320

Ala Lys Leu Ala Lys Cys Cys Met Pro Val Pro Gly Asp Glu Ile Phe
 325 330 335
 Gly Phe Val Thr Arg Gly Gly Gly Val Ser Val His Arg Thr Asp Cys
 340 345 350
 Thr Asn Val Glu Lys Leu Lys Glu Glu Pro Glu Arg Ile Val Ser Val
 355 360 365
 Ser Trp Ala Ser Glu Gly Gln Gly Ser Val

370 375
 <210> 1057
 <211> 1059
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1036)
 <223> RXN01940
 <400> 1057

ccagaatcaa tcaccgatac agtggcagcc aaagtccagg ctgaagaagc cgctcaagcc 60
 gccagctaaa tcacaaact gaactaagga gttttaccct atg acc acc aag atc 115
 Met Thr Thr Lys Ile

1 5
 atc ctc gac tgc gat cca gga cac gac gac gct gta gcc atg ctg ctc 163
 Ile Leu Asp Cys Asp Pro Gly His Asp Asp Ala Val Ala Met Leu Leu

10 15 20
 gca gcc ggc agc cca gaa att gaa ctg ctt gga atc acc acg gtc ggc 211
 Ala Ala Gly Ser Pro Glu Ile Glu Leu Leu Gly Ile Thr Thr Val Gly

25 30 35
 ggc aac cag acc ttg gac aag gtc acc cac aat acg cag gtc gta gcc 259

Gly Asn Gln Thr Leu Asp Lys Val Thr His Asn Thr Gln Val Val Ala

40 45 50
acc atc gct gat atc aat gcg ccc atc tac cgc ggt gtc acc cga cca 307
Thr Ile Ala Asp Ile Asn Ala Pro Ile Tyr Arg Gly Val Thr Arg Pro

55 60 65
ttg gtg cgc ccc gtt gag gta gcc gaa gat atc cac ggc gat acc ggc 355
Leu Val Arg Pro Val Glu Val Ala Glu Asp Ile His Gly Asp Thr Gly

70 75 80 85
atg gaa atc cac aag tac gaa ctg cct gaa cca acc aag cag gta gaa 403
Met Glu Ile His Lys Tyr Glu Leu Pro Glu Pro Thr Lys Gln Val Glu

90 95 100
gac acc cac gcg gtg gat ttc atc atc gat acc atc atg aat aac gag 451
Asp Thr His Ala Val Asp Phe Ile Ile Asp Thr Ile Met Asn Asn Glu

105 110 115
ccc ggc agc gta gcg ctg gtt ccc acc gga cca ctg acc aac atc gcg 499
Pro Gly Ser Val Ala Leu Val Pro Thr Gly Pro Leu Thr Asn Ile Ala

120 125 130
ctg gca gtc cgg aaa gaa cca cgc atc gcc gag cga gtc aag gaa gtt 547
Leu Ala Val Arg Lys Glu Pro Arg Ile Ala Glu Arg Val Lys Glu Val

135 140 145
gtc ctc atg ggc ggg ggc tac cac gta gga aac tgg acc gcc gta gct 595
Val Leu Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn Trp Thr Ala Val Ala

150 155 160 165
gaa ttc aac atc aag atc gac ccc gaa gca gcc cac atc gta ttc aac 643
Glu Phe Asn Ile Lys Ile Asp Pro Glu Ala Ala His Ile Val Phe Asn

170 175 180
gaa aag tgg cca ctg act atg gtc ggc ctc gac ctt acc cac cag gcg 691
Glu Lys Trp Pro Leu Thr Met Val Gly Leu Asp Leu Thr His Gln Ala

185 190 195
ctc gca aca cct gag atc gaa gcc aag ttc aac gag ctg ggc acc gac 739
Leu Ala Thr Pro Glu Ile Glu Ala Lys Phe Asn Glu Leu Gly Thr Asp

200 205 210
gtc gcc gac ttc gtc gtc gcg ctt ttc gac gct ttc cgc aag aat tac 787
Val Ala Asp Phe Val Val Ala Leu Phe Asp Ala Phe Arg Lys Asn Tyr

215 220 225
cag gac gca cag ggt ttt gat aac cca cca gta cac gac cct tgt gct 835
Gln Asp Ala Gln Gly Phe Asp Asn Pro Pro Val His Asp Pro Cys Ala

230 235 240 245
gtt gca tac ctt gtt gac cca acc gta ttc acc acc cgc aaa gca cca 883
Val Ala Tyr Leu Val Asp Pro Thr Val Phe Thr Thr Arg Lys Ala Pro

250 255 260
ctc gat gtg gag ctg tac ggc gca ctc acc aca ggc atg acc gtt gct 931

Leu Asp Val Glu Leu Tyr Gly Ala Leu Thr Thr Gly Met Thr Val Ala

265 270 275
gat ttc cgc gca ccg gct cca gca gat tgc acc acc caa gta gct gtt 979
Asp Phe Arg Ala Pro Ala Pro Ala Asp Cys Thr Thr Gln Val Ala Val

280 285 290
gac ctg gac ttt gat aaa ttc tgg aac atg gtg atc gat gca gta aag 1027
Asp Leu Asp Phe Asp Lys Phe Trp Asn Met Val Ile Asp Ala Val Lys

295 300 305
cgc atc gga tagacctgtt cacaaggttg tta 1059
Arg Ile Gly

310

<210> 1058

<211> 312

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1058

Met Thr Thr Lys Ile Ile Leu Asp Cys Asp Pro Gly His Asp Asp Ala
1 5 10 15
Val Ala Met Leu Leu Ala Ala Gly Ser Pro Glu Ile Glu Leu Leu Gly
20 25 30
Ile Thr Thr Val Gly Gly Asn Gln Thr Leu Asp Lys Val Thr His Asn
35 40 45
Thr Gln Val Val
Ala Thr Ile Ala Asp Ile Asn Ala Pro Ile Tyr Arg
50 55 60
Gly Val Thr Arg Pro Leu Val Arg Pro Val Glu Val Ala Glu Asp Ile
65 70 75 80

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

Arg Val Lys Glu Val Val Leu Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn
145 150 155 160

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

Phe Arg Lys Asn Tyr Gln Asp Ala Gln Gly Phe Asp Asn Pro Pro Val
225 230 235 240

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

Ile Asp Ala Val Lys Arg Ile Gly

305 310
 <210> 1059
 <211> 602
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(579)
 <223> FRXA01940
 <400> 1059

aga gta acg ctt gtt tcc acc ggg cca ctg acc aac atc gcg ctg gca 48
 Arg Val Thr Leu Val Ser Thr Gly Pro Leu Thr Asn Ile Ala Leu Ala

1 5 10 15
 gtc cgg aaa gaa cca cgc atc gcc gag cga gtc aag gaa gtt gtc ctc 96
 Val Arg Lys Glu Pro Arg Ile Ala Glu Arg Val Lys Glu Val Val Leu

20 25 30
 atg ggc ggg ggc tac cac gta gga aac tgg acc gcc gta gct gaa ttc 144
 Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn Trp Thr Ala Val Ala Glu Phe

35 40 45
 aac atc aag atc gac ccc gaa gca gcc cac atc gta ttc aac gaa aag 192
 Asn Ile Lys Ile Asp Pro Glu Ala Ala His Ile Val Phe Asn Glu Lys

50 55 60
 tgg cca ctg act atg gtc ggc ctc gac ctt acc cac cag gcg ctc gca 240
 Trp Pro Leu Thr Met Val Gly Leu Asp Leu Thr His Gln Ala Leu Ala

65 70 75 80
 aca cct gag atc gaa gcc aag ttc aac gag ctg ggc acc gac gtc gcc 288
 Thr Pro Glu Ile Glu Ala Lys Phe Asn Glu Leu Gly Thr Asp Val Ala

85 90 95
 gac ttc gtc gtc gcg ctt ttc gac gct ttc cgc aag aat tac cag gac 336
 Asp Phe Val Val Ala Leu Phe Asp Ala Phe Arg Lys Asn Tyr Gln Asp

100 105 110
 gca cag ggt ttt gat aac cca cca gta cac gac cct tgt gct gtt gca 384
 Ala Gln Gly Phe Asp Asn Pro Pro Val His Asp Pro Cys Ala Val Ala

115 120 125
 tac ctt gtt gac cca acc gta ttc acc acc cgc aaa gca cca ctc gat 432

Tyr Leu Val Asp Pro Thr Val Phe Thr Thr Arg Lys Ala Pro Leu Asp

130 135 140
gtg gag ctg tac ggc gca ctc acc aca ggc atg acc gtt gct gat ttc 480
Val Glu Leu Tyr Gly Ala Leu Thr Thr Gly Met Thr Val Ala Asp Phe

145 150 155 160
cgc gca ccg gct cca gca gat tgc acc acc caa gta gct gtt gac ctg 528
Arg Ala Pro Ala Pro Ala Asp Cys Thr Thr Gln Val Ala Val Asp Leu

165 170 175
gac ttt gat aaa ttc tgg aac atg gtg atc gat gca gta aag cgc atc 576
Asp Phe Asp Lys Phe Trp Asn Met Val Ile Asp Ala Val Lys Arg Ile

180 185 190
gga tagacctgtt cacaagggtg tta 602
Gly

<210> 1060
<211> 193
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1060
Arg Val Thr Leu Val Ser Thr Gly Pro Leu Thr Asn Ile Ala Leu Ala
1 5 10 15
Val Arg Lys Glu Pro Arg Ile Ala Glu Arg Val Lys Glu Val Val Leu
20 25 30
Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn Trp Thr Ala Val Ala Glu Phe
35 40 45
Asn Ile Lys Ile Asp Pro Glu Ala
Ala His Ile Val Phe Asn Glu Lys
50 55 60
Trp Pro Leu Thr Met Val Gly Leu Asp Leu Thr His Gln Ala Leu Ala
65 70 75 80

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

Val Glu Leu Tyr Gly Ala Leu Thr Thr Gly Met Thr Val Ala Asp Phe
145 150 155 160

Arg Ala Pro Ala Pro Ala Asp Cys Thr Thr Gln Val Ala Val Asp Leu
165 170 175
Asp Phe Asp Lys Phe Trp Asn Met Val Ile Asp Ala Val Lys Arg Ile
180 185 190
Gly

<210> 1061
<211> 1026
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1003)

<223> RXA02559

<400> 1061

ttagtcctct atggcagcaa gcctgccaga ggagcctatc cagcactaga ccccaactag 60
aaccacaacc caaaaccaga aaacactaag ctctgtgagac atg att cct gtt ctc 115
Met Ile Pro Val Leu

1 5
atc gac tgc gac acc ggc atc gac gac gcc ctc gcc ctg atc tac ctg 163
Ile Asp Cys Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala Leu Ala Leu Ile Tyr Leu

10 15 20
gtt gct ttg cat aaa cgt ggt gaa atc caa ctt ttt gga gca acg acc 211
Val Ala Leu His Lys Arg Gly Glu Ile Gln Leu Phe Gly Ala Thr Thr

25 30 35
acc gca gga aat gtt gat gtg aaa caa acc gcc atc aat acc agg tgg 259
Thr Ala Gly Asn Val Asp Val Lys Gln Thr Ala Ile Asn Thr Arg Trp

40 45 50
gtg ttg gat cag tgt gga tta gcg gac atc ccg gtc ctc gca gga caa 307
Val Leu Asp Gln Cys Gly Leu Ala Asp Ile Pro Val Leu Ala Gly Gln

55 60 65
cct gaa cca aag cac gtg ccg cta gtg act act cca gaa aca cac ggc 355
Pro Glu Pro Lys His Val Pro Leu Val Thr Thr Pro Glu Thr His Gly

70 75 80 85
gac cat ggc ctt ggt tat ata aac cca ggt cac gtc gaa att cca gaa 403
Asp His Gly Leu Gly Tyr Ile Asn Pro Gly His Val Glu Ile Pro Glu

90 95 100
ggt gac tgg aag cag ctg tgg aaa gaa cac ctc agt aac cca gaa act 451
Gly Asp Trp Lys Gln Leu Trp Lys Glu His Leu Ser Asn Pro Glu Thr

105 110 115
aag ctg att gtc acc ggg ccc gcc acc aac ctt gcg gaa ttc ggg cca 499
Lys Leu Ile Val Thr Gly Pro Ala Thr Asn Leu Ala Glu Phe Gly Pro

120 125 130
gtg gaa aac gtc acg ctg atg ggt ggc acc tac ctt tat cca ggc aac 547
Val Glu Asn Val Thr Leu Met Gly Gly Thr Tyr Leu Tyr Pro Gly Asn

135 140 145
acc act cca acg gca gaa tgg aat acc tgg gtt gat cca cac gga gct 595
Thr Thr Pro Thr Ala Glu Trp Asn Thr Trp Val Asp Pro His Gly Ala

150 155 160 165
aaa gaa gca ttc gcg gca gcc caa aag ccc att acg gtg tgt tcc ttg 643
Lys Glu Ala Phe Ala Ala Ala Gln Lys Pro Ile Thr Val Cys Ser Leu

170 175 180

ggc gtg acc gag cag ttt acg ctg aac ccg gac atc ctt tct aca ctt 691
 Gly Val Thr Glu Gln Phe Thr Leu Asn Pro Asp Ile Leu Ser Thr Leu

 185 190 195
 atc aac acg ctt ggc agc caa ccc atc gca gag cat tta cct gag atg 739
 Ile Asn Thr Leu Gly Ser Gln Pro Ile Ala Glu His Leu Pro Glu Met

 200 205 210
 ctg cgc ttt tac ttt gaa ttt cac gaa gtg cag ggc gaa ggt tac ctt 787
 Leu Arg Phe Tyr Phe Glu Phe His Glu Val Gln Gly Glu Gly Tyr Leu

 215 220 225
 gct caa att cat gac ctg ctg acc tgc atg att gcc ttg gat aaa atc 835
 Ala Gln Ile His Asp Leu Leu Thr Cys Met Ile Ala Leu Asp Lys Ile

 230 235 240 245
 cca ttt tca ggc cgt gaa gta acc gtg gac gtg gag gct gat tgc ccc 883
 Pro Phe Ser Gly Arg Glu Val Thr Val Asp Val Glu Ala Asp Ser Pro

 250 255 260
 ttg atg cgt ggc acc act gtt gca gat att cgc gga cat tgg ggc aag 931
 Leu Met Arg Gly Thr Thr Val Ala Asp Ile Arg Gly His Trp Gly Lys

 265 270 275
 cca gct aac gca ttt ctt gtg gaa acc gca gac att gag gcc gcc cac 979
 Pro Ala Asn Ala Phe Leu Val Glu Thr Ala Asp Ile Glu Ala Ala His

 280 285 290
 gcg gaa ctt cta aga gca gtg gaa tgaataatc cgggtgctgat gca 1026
 Ala Glu Leu Leu Arg Ala Val Glu

 295 300
 <210> 1062
 <211> 301
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1062
 Met Ile Pro Val Leu Ile Asp Cys Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala Leu
 1 5 10 15
 Ala Leu Ile Tyr Leu Val Ala Leu His Lys Arg Gly Glu Ile Gln Leu
 20 25 30
 Phe Gly Ala Thr Thr Thr Ala Gly Asn Val Asp Val Lys Gln Thr Ala
 35 40 45

 Ile Asn Thr Arg Trp Val Leu Asp Gln Cys Gly Leu Ala Asp Ile Pro
 50 55 60
 Val Leu Ala Gly Gln Pro Glu Pro Lys His Val Pro Leu Val Thr Thr
 65 70 75 80

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

130	135	140	
Leu Tyr Pro Gly Asn Thr Thr Pro Thr Ala Glu Trp Asn Thr Trp Val			
145	150	155	160
Asp Pro His Gly Ala Lys Glu Ala Phe Ala Ala Ala Gln Lys Pro Ile			
	165	170	175
Thr Val Cys Ser Leu Gly Val Thr Glu Gln Phe Thr Leu Asn Pro Asp			
	180	185	190
Ile Leu Ser Thr Leu Ile Asn Thr Leu Gly Ser Gln Pro Ile Ala Glu			
	195	200	205
His Leu Pro Glu Met Leu Arg Phe Tyr Phe Glu Phe His Glu Val Gln			
	210	215	220
Gly Glu Gly Tyr Leu Ala Gln Ile His Asp Leu Leu Thr Cys Met Ile			
225	230	235	240
Ala Leu Asp Lys Ile Pro Phe Ser Gly Arg Glu Val Thr Val Asp Val			
	245	250	255
Glu Ala Asp Ser Pro Leu Met Arg Gly Thr Thr Val Ala Asp Ile Arg			
	260	265	270
Gly His Trp Gly Lys Pro Ala Asn Ala Phe Leu Val Glu Thr Ala Asp			
	275	280	285
Ile Glu Ala Ala His Ala Glu Leu Leu Arg Ala Val Glu			
290	295	300	
<210> 1063			
<211> 1050			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1027)			
<223> RXA02497			
<400> 1063			
tcgatgccgc cgctggcgaa gactcgggga aacctaataaa taccgaagaa gaatttgacc 60			
gattcacact ttgccaccct agaccgtcta accttttaggt gtg aga tta ggt gta 115			
		Val Arg Leu Gly Val	
		1	5
tta gat gtg ggc agc aat act gtc cac cta gtt gca gta gac gcg cgt 163			
Leu Asp Val Gly Ser Asn Thr Val His Leu Val Ala Val Asp Ala Arg			
	10	15	20
ccc ggt gga cac ccc acc ccg atg agc aat tgg cgt acc cca ctg cgc 211			
Pro Gly Gly His Pro Thr Pro Met Ser Asn Trp Arg Thr Pro Leu Arg			
	25	30	35
ctt gtt gag ctt ctt gat gac tcc ggg gcg atc tcc gaa aag ggc atc 259			
Leu Val Glu Leu Leu Asp Asp Ser Gly Ala Ile Ser Glu Lys Gly Ile			
	40	45	50
aac aaa ctc acc tca gca gtc ggg gaa gca gca gac cta gcg aaa acg 307			
Asn Lys Leu Thr Ser Ala Val Gly Glu Ala Ala Asp Leu Ala Lys Thr			

55	60	65	
ctc ggc tgc gct gaa ctg atg cca ttt gct aca tcg gca gtc cgc tcc	355		
Leu Gly Cys Ala Glu Leu Met Pro Phe Ala Thr Ser Ala Val Arg Ser			
70	75	80	85
gcc acc aac agc gag gca gtg ctc gac cac gtg gag aag gaa acc ggc	403		
Ala Thr Asn Ser Glu Ala Val Leu Asp His Val Glu Lys Glu Thr Gly			
90	95	100	
gtc cgc ctg tcc atc ctt tcc ggt gaa gac gaa gca cgc caa act ttc	451		
Val Arg Leu Ser Ile Leu Ser Gly Glu Asp Glu Ala Arg Gln Thr Phe			
105	110	115	
ctc gca gtt cga cgt tgg tat gga tgg tcc gca ggc cgc ata act aac	499		
Leu Ala Val Arg Arg Trp Tyr Gly Trp Ser Ala Gly Arg Ile Thr Asn			
120	125	130	
ctc gac atc ggt ggc ggc tcc ctg gaa cta tcc tcc gga acc gac gaa	547		
Leu Asp Ile Gly Gly Gly Ser Leu Glu Leu Ser Ser Gly Thr Asp Glu			
135	140	145	
tcc cca gac ctc gcg ttc tca ctg gat ctg ggt gcg ggc cgc ttg acc	595		
Ser Pro Asp Leu Ala Phe Ser Leu Asp Leu Gly Ala Gly Arg Leu Thr			
150	155	160	165
cac aac tgg ttc gac acc gat cca ccg gca cgt aag aaa atc aac ctc	643		
His Asn Trp Phe Asp Thr Asp Pro Pro Ala Arg Lys Lys Ile Asn Leu			
170	175	180	
ctg cgc gat tat atc gat gcg gaa ctt gca gaa ccc gcc cgc cag atg	691		
Leu Arg Asp Tyr Ile Asp Ala Glu Leu Ala Glu Pro Ala Arg Gln Met			
185	190	195	
cgc acc cta ggg ccc gcg cgc ctg gca gtg gga aca tcc aaa act ttc	739		
Arg Thr Leu Gly Pro Ala Arg Leu Ala Val Gly Thr Ser Lys Thr Phe			
200	205	210	
cgc acc ctg gca cga ctg act ggt gct gcg ccc tca tcc gca gga cca	787		
Arg Thr Leu Ala Arg Leu Thr Gly Ala Ala Pro Ser Ser Ala Gly Pro			
215	220	225	
cac gtc acc cga acc ctc acc gcg ccg ggt ctg cgc cag ctg atc gca	835		
His Val Thr Arg Thr Leu Thr Ala Pro Gly Leu Arg Gln Leu Ile Ala			
230	235	240	245
ttt atc tca cga atg act gcg gcg gac cgc gct gag ctg gaa ggt atc	883		
Phe Ile Ser Arg Met Thr Ala Ala Asp Arg Ala Glu Leu Glu Gly Ile			
250	255	260	
agc tcg gat cgg tca cat cag atc gtg gca ggt gcg cta gtt gcg gaa	931		
Ser Ser Asp Arg Ser His Gln Ile Val Ala Gly Ala Leu Val Ala Glu			
265	270	275	
gct gcg atg cgt gcg ttg gat att gac aag gta gaa att tgt ccg tgg	979		
Ala Ala Met Arg Ala Leu Asp Ile Asp Lys Val Glu Ile Cys Pro Trp			

280 285 290
gca ctt cgt gaa ggt gtg atc ctc acc agg atc gac aaa gga ctc gag 1027
Ala Leu Arg Glu Gly Val Ile Leu Thr Arg Ile Asp Lys Gly Leu Glu

295 300 305
taacattttac ccggaaagga gtt 1050

<210> 1064

<211> 309

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1064

Val Arg Leu Gly Val Leu Asp Val Gly Ser Asn Thr Val His Leu Val
1 5 10 15
Ala Val Asp Ala Arg Pro Gly Gly His Pro Thr Pro Met Ser Asn Trp
20 25 30
Arg Thr Pro Leu Arg Leu
Val Glu Leu Leu Asp Asp Ser Gly Ala Ile
35 40 45
Ser Glu Lys Gly Ile Asn Lys Leu Thr Ser Ala Val Gly Glu Ala Ala
50 55 60
Asp Leu Ala Lys Thr Leu Gly Cys Ala Glu Leu Met Pro Phe Ala Thr
65 70 75 80

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

Ser Gly Thr Asp Glu Ser Pro Asp Leu Ala Phe Ser Leu Asp Leu Gly
145 150 155 160

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

Ser Ser Ala Gly Pro His Val Thr Arg Thr Leu Thr Ala Pro Gly Leu
225 230 235 240

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

Asp Lys Gly Leu Glu

305

<210> 1065

<211> 2226

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2203)

<223> RXN01079

<400> 1065

accttaaaac ttaatcaatc aatacaaagt tcacacctct tttgaaaggg acattccttt 60
gactgcatcg ggaaccaccg tcgtgccacg cggagaccag atg gac ttc cac gct 115
Met Asp Phe His Ala

1 5
ctt aac gcg ttg ctc aac ctt tac gat gac aac ggc aag atc cag ttt 163
Leu Asn Ala Leu Leu Asn Leu Tyr Asp Asp Asn Gly Lys Ile Gln Phe

10 15 20
gag aaa gac cgt gaa gct gca aac cag tac ttc ctg cag cac gtc aac 211
Glu Lys Asp Arg Glu Ala Ala Asn Gln Tyr Phe Leu Gln His Val Asn

25 30 35
cag aac acc gtc ttc ttc cac aac ctg cag gaa aag atc gac tac ctg 259
Gln Asn Thr Val Phe Phe His Asn Leu Gln Glu Lys Ile Asp Tyr Leu

40 45 50
gtt gaa aac aag tac tat gac cca atc gtt ctg gac aag tac gac ttc 307
Val Glu Asn Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu Asp Lys Tyr Asp Phe

55 60 65
cag ttc atc aag gac ctc ttc aag cgc gca tac gga ttc aag ttc cgc 355
Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr Gly Phe Lys Phe Arg

70 75 80 85
ttc cag tcc ttc ctc ggt gca tac aag tac tac act tcc tac acc ctg 403
Phe Gln Ser Phe Leu Gly Ala Tyr Lys Tyr Tyr Thr Ser Tyr Thr Leu

90 95 100
aag acc ttc gac ggt cgc cgc tac ctc gag cgt ttc gaa gac cgt gtc 451
Lys Thr Phe Asp Gly Arg Arg Tyr Leu Glu Arg Phe Glu Asp Arg Val

105 110 115
tgc atg gtc gcc ctc acc ctc gct gac ggc gac cgc gca ttg gcc gag 499
Cys Met Val Ala Leu Thr Leu Ala Asp Gly Asp Arg Ala Leu Ala Glu

120 125 130
aac ctg gtc gat gag atc atg tct ggc cgt ttc caa cca gca acc cca 547
Asn Leu Val Asp Glu Ile Met Ser Gly Arg Phe Gln Pro Ala Thr Pro

135 140 145
acc ttc ctg aac tcc ggc aag gca cag cgc ggc gag cca gta tcc tgc 595

Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly Glu Pro Val Ser Cys

150 155 160 165
 ttc ctc ctg cgt atc gaa gac aac atg gag tcc atc gga cgt tcc atc 643
 Phe Leu Leu Arg Ile Glu Asp Asn Met Glu Ser Ile Gly Arg Ser Ile

170 175 180
 aac tct gct ctt cag ctg tcc aag cgt ggc ggt ggc gta gcg ttg ctg 691
 Asn Ser Ala Leu Gln Leu Ser Lys Arg Gly Gly Gly Val Ala Leu Leu

185 190 195
 ctg tcc aac ctt cgt gaa gcc ggt gca ccg att aag aag att gaa aac 739
 Leu Ser Asn Leu Arg Glu Ala Gly Ala Pro Ile Lys Lys Ile Glu Asn

200 205 210
 cag tct tcc ggt gtt atc cca gtg atg aaa ctt ctg gaa gat gct ttc 787
 Gln Ser Ser Gly Val Ile Pro Val Met Lys Leu Leu Glu Asp Ala Phe

215 220 225
 tcc tac gct aac cag ctg ggt gct cgt cag ggt gca ggt gct gtg tac 835
 Ser Tyr Ala Asn Gln Leu Gly Ala Arg Gln Gly Ala Gly Ala Val Tyr

230 235 240 245
 ctc aac gct cac cac cca gat atc ctg tcc ttc ctg gat acc aag cgt 883
 Leu Asn Ala His His Pro Asp Ile Leu Ser Phe Leu Asp Thr Lys Arg

250 255 260
 gag aac gcc gat gag aag atc cgc atc aag acc ctg tcc ctg ggt gtt 931
 Glu Asn Ala Asp Glu Lys Ile Arg Ile Lys Thr Leu Ser Leu Gly Val

265 270 275
 gtg att ccg gac atc acc ttc gag ctg gct aag cgc aac gat gac atg 979
 Val Ile Pro Asp Ile Thr Phe Glu Leu Ala Lys Arg Asn Asp Asp Met

280 285 290
 tac ctg ttc tcc cca tac gat gtg gag cgc att tac ggc aag cct ttc 1027
 Tyr Leu Phe Ser Pro Tyr Asp Val Glu Arg Ile Tyr Gly Lys Pro Phe

295 300 305
 gca gac gtc tca atc acc gag cac tac gac gag atg gtg gat gat gac 1075
 Ala Asp Val Ser Ile Thr Glu His Tyr Asp Glu Met Val Asp Asp Asp

310 315 320 325
 cgc atc cgc aag acc aag atc aac gcg cgt cag ttc ttc cag acc ctg 1123
 Arg Ile Arg Lys Thr Lys Ile Asn Ala Arg Gln Phe Phe Gln Thr Leu

330 335 340
 gca gaa atc cag ttc gag tcc ggt tac cca tac atc atg tat gaa gac 1171
 Ala Glu Ile Gln Phe Glu Ser Gly Tyr Pro Tyr Ile Met Tyr Glu Asp

345 350 355
 acc gtg aat gca tcc aac cca atc gaa ggt cgc atc acc cac tca aac 1219
 Thr Val Asn Ala Ser Asn Pro Ile Glu Gly Arg Ile Thr His Ser Asn

360 365 370
 ctg tgc tct gag atc ctt cag gtg tcc acc cca tct gaa ttc aac gat 1267

Leu Cys Ser Glu Ile Leu Gln Val Ser Thr Pro Ser Glu Phe Asn Asp

375 380 385
gac ctg act tac gca gag gtc ggc gaa gac att tct tgt aac ttg ggt 1315
Asp Leu Thr Tyr Ala Glu Val Gly Glu Asp Ile Ser Cys Asn Leu Gly

390 395 400 405
tcc ctc aac gtt gca atg gct atg gat gca cca aac ttt gag aag acc 1363
Ser Leu Asn Val Ala Met Ala Met Asp Ala Pro Asn Phe Glu Lys Thr

410 415 420
atc gaa acc gaa atc cgc ggc tta act gca gtg cct gag cag acc agc 1411
Ile Glu Thr Glu Ile Arg Gly Leu Thr Ala Val Pro Glu Gln Thr Ser

425 430 435
atc gat tcc gtg cct tcc atc cgt aag ggc aac gaa gca gct cac gcc 1459
Ile Asp Ser Val Pro Ser Ile Arg Lys Gly Asn Glu Ala Ala His Ala

440 445 450
atc ggc ctt ggc cag atg aac ctt cac ggc tac ttc ggt cgc gag cac 1507
Ile Gly Leu Gly Gln Met Asn Leu His Gly Tyr Phe Gly Arg Glu His

455 460 465
atg cac tac ggc tcc gag gaa gcc ctg gac ttc acc aac gca tac ttt 1555
Met His Tyr Gly Ser Glu Glu Ala Leu Asp Phe Thr Asn Ala Tyr Phe

470 475 480 485
gct gcc gtg ctg tac cag tgc ctg cgt gca tcc aac cag atc gct act 1603
Ala Ala Val Leu Tyr Gln Cys Leu Arg Ala Ser Asn Gln Ile Ala Thr

490 495 500
gag cgt gga gag cgt ttc aag aac ttc gaa aac tcc aag tat gca acc 1651
Glu Arg Gly Glu Arg Phe Lys Asn Phe Glu Asn Ser Lys Tyr Ala Thr

505 510 515
ggg gag tac ttc gat gat ttc gat gca aac gac ttc gca cca aag tcc 1699
Gly Glu Tyr Phe Asp Asp Phe Asp Ala Asn Asp Phe Ala Pro Lys Ser

520 525 530
gac aag gtc aag gaa ctc ttt gcc aag tcg aac atc cac acc cca acc 1747
Asp Lys Val Lys Glu Leu Phe Ala Lys Ser Asn Ile His Thr Pro Thr

535 540 545
gtt gag gac tgg gct gcg ctg aag gcc gac gtg atg gag cac ggt ctg 1795
Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala Asp Val Met Glu His Gly Leu

550 555 560 565
ttc aac cgt aac ctg caa gcg gtt cca cca acc ggt tcg atc tcc tac 1843
Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro Pro Thr Gly Ser Ile Ser Tyr

570 575 580
atc aac aac tcc acc tcg tcg atc cac cca atc gca tcc aag att gag 1891
Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His Pro Ile Ala Ser Lys Ile Glu

585 590 595
atc cgc aag gaa ggc aag atc ggc cgc gtt tac tac cca gct cca cac 1939

Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg Val Tyr Tyr Pro Ala Pro His

600 605 610
atg gac aat gac aac ctt gag tac ttc gag gac gcc tac gaa atc ggc 1987
Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe Glu Asp Ala Tyr Glu Ile Gly

615 620 625
tac gag aag atc att gac acc tac gct gtg gca acc aag tac gtt gac 2035
Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala Val Ala Thr Lys Tyr Val Asp

630 635 640 645
cag ggc ctg tca ctg acc ttg ttc ttc aag gac act gcc acc acc cgt 2083
Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe Lys Asp Thr Ala Thr Thr Arg

650 655 660
gac atc aac cgt gcg cag atc tac gca tgg cgc aag ggc atc aag acc 2131
Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala Trp Arg Lys Gly Ile Lys Thr

665 670 675
ttg tac tac att cgc ctg cgc cag gtt gct ctg gaa ggc act gaa gtt 2179
Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val Ala Leu Glu Gly Thr Glu Val

680 685 690
gac ggc tgc gtc agc tgc atg ctg taaaagcact taaaaatatc ccc 2226
Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu

695 700
<210> 1066
<211> 701
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1066

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

Lys Ile Asp Tyr Leu Val Glu Asn Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu
50 55 60
Asp Lys Tyr Asp Phe Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr
65 70 75 80

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

Gln Pro Ala Thr Pro Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly
145 150 155 160

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

 Leu Glu Asp Ala Phe Ser Tyr Ala Asn Gln Leu Gly Ala Arg Gln Gly
 225 230 235 240

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

 Tyr Gly Lys Pro Phe Ala Asp Val Ser Ile Thr Glu His Tyr Asp Glu
 305 310 315 320

 Met Val Asp Asp Asp Arg Ile Arg Lys Thr Lys Ile Asn Ala Arg Gln
 325 330 335
 Phe Phe Gln Thr Leu Ala Glu Ile Gln Phe Glu Ser Gly Tyr Pro Tyr
 340 345 350
 Ile Met Tyr Glu Asp Thr Val Asn Ala Ser Asn Pro Ile Glu Gly Arg
 355 360 365
 Ile Thr His Ser Asn Leu Cys Ser Glu Ile Leu Gln Val Ser Thr Pro
 370 375 380

 Ser Glu Phe Asn Asp Asp Leu Thr Tyr Ala Glu Val Gly Glu Asp Ile
 385 390 395 400

 Ser Cys Asn Leu Gly Ser Leu Asn Val Ala Met Ala Met Asp Ala Pro
 405 410 415
 Asn Phe Glu Lys Thr Ile Glu Thr Glu Ile Arg Gly Leu Thr Ala Val
 420 425 430
 Pro Glu Gln Thr Ser Ile Asp Ser Val Pro Ser Ile Arg Lys Gly Asn
 435 440 445
 Glu Ala Ala His Ala Ile Gly Leu Gly Gln Met Asn Leu His Gly Tyr
 450 455 460

 Phe Gly Arg Glu His Met His Tyr Gly Ser Glu Glu Ala Leu Asp Phe
 465 470 475 480

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

Ile His Thr Pro Thr Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala Asp Val
545 550 555 560

Met Glu His Gly Leu Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro Pro Thr
565 570 575
Gly Ser Ile Ser Tyr Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His Pro Ile
580 585 590
Ala Ser Lys Ile Glu Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg Val Tyr
595 600 605
Tyr Pro Ala Pro His Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe Glu Asp
610 615 620

Ala Tyr Glu Ile Gly Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala Val Ala
625 630 635 640

Thr Lys Tyr Val Asp Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe Lys Asp
645 650 655
Thr Ala Thr Thr Arg Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala Trp Arg
660 665 670
Lys Gly Ile Lys Thr Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val Ala Leu
675 680 685
Glu Gly Thr Glu Val Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu

690 695 700

<210> 1067

<211> 790

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(790)

<223> FRXA01079

<400> 1067

accttaaaac ttaatcaatc aatacaaagt tcacacctct ttgaaaggg acattccttt 60
gactgcatcg ggaaccacg tcgtgccacg cggagaccag atg gac ttc cac gct 115
Met Asp Phe His Ala

1 5
ctt aac gcg ttg ctc aac ctt tac gat gac aac ggc aag atc cag ttt 163
Leu Asn Ala Leu Leu Asn Leu Tyr Asp Asp Asn Gly Lys Ile Gln Phe

10 15 20
gag aaa gac cgt gaa gct gca aac cag tac ttc ctg cag cac gtc aac 211
Glu Lys Asp Arg Glu Ala Ala Asn Gln Tyr Phe Leu Gln His Val Asn

25 30 35
cag aac acc gtc ttc ttc cac aac ctg cag gaa aag atc gac tac ctg 259
Gln Asn Thr Val Phe Phe His Asn Leu Gln Glu Lys Ile Asp Tyr Leu

40 45 50
gtt gaa aac aag tac tat gac cca atc gtt ctg gac aag tac gac ttc 307
Val Glu Asn Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu Asp Lys Tyr Asp Phe

55 60 65
cag ttc atc aag gac ctc ttc aag cgc gca tac gga ttc aag ttc cgc 355

Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr Gly Phe Lys Phe Arg

70 75 80 85
 ttc cag tcc ttc ctc ggt gca tac aag tac tac act tcc tac acc ctg 403
 Phe Gln Ser Phe Leu Gly Ala Tyr Lys Tyr Tyr Thr Ser Tyr Thr Leu

90 95 100
 aag acc ttc gac ggt cgc cgc tac ctc gag cgt ttc gaa gac cgt gtc 451
 Lys Thr Phe Asp Gly Arg Arg Tyr Leu Glu Arg Phe Glu Asp Arg Val

105 110 115
 tgc atg gtc gcc ctc acc ctc gct gac ggc gac cgc gca ttg gcc gag 499
 Cys Met Val Ala Leu Thr Leu Ala Asp Gly Asp Arg Ala Leu Ala Glu

120 125 130
 aac ctg gtc gat gag atc atg tct ggc cgt ttc caa cca gca acc cca 547
 Asn Leu Val Asp Glu Ile Met Ser Gly Arg Phe Gln Pro Ala Thr Pro

135 140 145
 acc ttc ctg aac tcc ggc aag gca cag cgc ggc gag cca gta tcc tgc 595
 Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly Glu Pro Val Ser Cys

150 155 160 165
 ttc ctc ctg cgt atc gaa gac aac atg gag tcc atc gga cgt tcc atc 643
 Phe Leu Leu Arg Ile Glu Asp Asn Met Glu Ser Ile Gly Arg Ser Ile

170 175 180
 aac tct gct ctt cag ctg tcc aag cgt ggc ggt ggc gta gcg ttg ctg 691
 Asn Ser Ala Leu Gln Leu Ser Lys Arg Gly Gly Gly Val Ala Leu Leu

185 190 195
 ctg tcc aac ctt cgt gaa gcc ggt gca ccg att aag aag att gaa atc 739
 Leu Ser Asn Leu Arg Glu Ala Gly Ala Pro Ile Lys Lys Ile Glu Ile

200 205 210
 cag tct tcc ggt gtt atc cca gtg atg aaa ctt ctg gaa gat gct ttc 787
 Gln Ser Ser Gly Val Ile Pro Val Met Lys Leu Leu Glu Asp Ala Phe

215 220 225
 tcc 790
 Ser

230
 <210> 1068
 <211> 230
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1068
 Met Asp Phe His Ala Leu Asn Ala Leu Leu Asn Leu Tyr Asp Asp Asn
 1 5 10 15
 Gly Lys Ile Gln Phe Glu Lys Asp Arg Glu Ala Ala Asn Gln Tyr Phe
 20 25 30
 Leu Gln His Val Asn Gln Asn Thr Val Phe Phe His Asn Leu Gln Glu
 35 40 45
 Lys Ile Asp Tyr Leu Val Glu Asn
 Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu

50 55 60
 Asp Lys Tyr Asp Phe Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr
 65 70 75 80

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

Gln Pro Ala Thr Pro Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly
 145 150 155 160

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

Leu Glu Asp Ala Phe Ser

225 230
 <210> 1069
 <211> 1364
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(1341)
 <223> FRXA01084
 <220>

<221> misc_feature
 <222> 504, 535
 <223> n = a, t, c, or g
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 168
 <223> Xaa = Ile or Met
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 179
 <223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala
 <400> 1069

tcc ttt ctg gat acc aag cgc gag aac gcc gat gag aag atc cgc atc 48
 Ser Phe Leu Asp Thr Lys Arg Glu Asn Ala Asp Glu Lys Ile Arg Ile

1	5	10	15	
aag acc ctg tcc ctg ggt gtt gtg att ccg gac atc acc ttc gag ctg				96
Lys Thr Leu Ser Leu Gly Val Val Ile Pro Asp Ile Thr Phe Glu Leu				
	20	25	30	
gct aag cgc aac gat gac atg tac ctg ttc tcc cca tac gat gtg gag				144
Ala Lys Arg Asn Asp Asp Met Tyr Leu Phe Ser Pro Tyr Asp Val Glu				
	35	40	45	
cgc att tac ggc aag cct ttc gca gac gtc tca atc acc gag cac tac				192
Arg Ile Tyr Gly Lys Pro Phe Ala Asp Val Ser Ile Thr Glu His Tyr				
	50	55	60	
gac gag atg gtg gat gat gac cgc atc cgc aag acc aag atc aac gcg				240
Asp Glu Met Val Asp Asp Asp Arg Ile Arg Lys Thr Lys Ile Asn Ala				
	65	70	75	80
cgt cag ttc ttc cag acc ctg gca gaa atc cag ttc gag tcc ggt tac				288
Arg Gln Phe Phe Gln Thr Leu Ala Glu Ile Gln Phe Glu Ser Gly Tyr				
	85	90	95	
cca tac atc atg tat gaa gac acc gtg aat gca tcc aac cca atc gaa				336
Pro Tyr Ile Met Tyr Glu Asp Thr Val Asn Ala Ser Asn Pro Ile Glu				
	100	105	110	
ggt cgc atc acc cac tca aac ctg tgc tct gag atc ctt cag gtg tcc				384
Gly Arg Ile Thr His Ser Asn Leu Cys Ser Glu Ile Leu Gln Val Ser				
	115	120	125	
acc cca tct gaa ttc aac gat gac ctg act tac gca gag gtc ggc gaa				432
Thr Pro Ser Glu Phe Asn Asp Asp Leu Thr Tyr Ala Glu Val Gly Glu				
	130	135	140	
gac att tct tgt aac ttg ggt tcc ctc aac gtt gca atg gct atg gat				480
Asp Ile Ser Cys Asn Leu Gly Ser Leu Asn Val Ala Met Ala Met Asp				
	145	150	155	160
gca cca aac ttt gag aag acc atn gaa acc gaa atc cgc ggc tta act				528
Ala Pro Asn Phe Glu Lys Thr Xaa Glu Thr Glu Ile Arg Gly Leu Thr				
	165	170	175	
gca gtg nct gag cag acc agc atc gat tcc gtg cct tcc atc cgt aag				576
Ala Val Xaa Glu Gln Thr Ser Ile Asp Ser Val Pro Ser Ile Arg Lys				
	180	185	190	
ggc aac gaa gca gct cac gcc atc ggc ctt ggc cag atg aac ctt cac				624
Gly Asn Glu Ala Ala His Ala Ile Gly Leu Gly Gln Met Asn Leu His				
	195	200	205	
ggc tac ttc ggt cgc gag cac atg cac tac ggc tcc gag gaa gcc ctg				672
Gly Tyr Phe Gly Arg Glu His Met His Tyr Gly Ser Glu Glu Ala Leu				
	210	215	220	
gac ttc acc aac gca tac ttt gct gcc gtg ctg tac cag tgc ctg cgt				720

Asp Phe Thr Asn Ala Tyr Phe Ala Ala Val Leu Tyr Gln Cys Leu Arg

225 230 235 240
gca tcc aac cag atc gct act gag cgt gga gag cgt ttc aag aac ttc 768
Ala Ser Asn Gln Ile Ala Thr Glu Arg Gly Glu Arg Phe Lys Asn Phe

245 250 255
gaa aac tcc aag tat gca acc ggt gag tac ttc gat gat ttc gat gca 816
Glu Asn Ser Lys Tyr Ala Thr Gly Glu Tyr Phe Asp Asp Phe Asp Ala

260 265 270
aac gac ttc gca cca aag tcc gac aag gtc aag gaa ctc ttt gcc aag 864
Asn Asp Phe Ala Pro Lys Ser Asp Lys Val Lys Glu Leu Phe Ala Lys

275 280 285
tcg aac atc cac acc cca acc gtt gag gac tgg gct gcg ctg aag gcc 912
Ser Asn Ile His Thr Pro Thr Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala

290 295 300
gag gtg atg gag cac ggt ctg ttc aac cgt aac ctg caa gcg gtt cca 960
Asp Val Met Glu His Gly Leu Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro

305 310 315 320
cca acc ggt tcg atc tcc tac atc aac aac tcc acc tcg tcg atc cac 1008
Pro Thr Gly Ser Ile Ser Tyr Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His

325 330 335
cca atc gca tcc aag att gag atc cgc aag gaa ggc aag atc ggc cgc 1056
Pro Ile Ala Ser Lys Ile Glu Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg

340 345 350
gtt tac tac cca gct cca cac atg gac aat gac aac ctt gag tac ttc 1104
Val Tyr Tyr Pro Ala Pro His Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe

355 360 365
gag gac gcc tac gaa atc ggc tac gag aag atc att gac acc tac gct 1152
Glu Asp Ala Tyr Glu Ile Gly Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala

370 375 380
gtg gca acc aag tac gtt gac cag ggc ctg tca ctg acc ttg ttc ttc 1200
Val Ala Thr Lys Tyr Val Asp Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe

385 390 395 400
aag gac act gcc acc acc cgt gac atc aac cgt gcg cag atc tac gca 1248
Lys Asp Thr Ala Thr Thr Arg Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala

405 410 415
tgg cgc aag ggc atc aag acc ttg tac tac att cgc ctg cgc cag gtt 1296
Trp Arg Lys Gly Ile Lys Thr Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val

420 425 430
gct ctg gaa ggc act gaa gtt gac ggc tgc gtc agc tgc atg ctg 1341
Ala Leu Glu Gly Thr Glu Val Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu

435 440 445
taaaagcact taataatc ccc 1364

<210> 1070
 <211> 447
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 168
 <223> Xaa = Ile or Met
 <220>

<221> VARIANT
 <222> 179
 <223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala
 <400> 1070

Ser	Phe	Leu	Asp	Thr	Lys	Arg	Glu	Asn	Ala	Asp	Glu	Lys	Ile	Arg	Ile
1				5					10					15	
Lys	Thr	Leu	Ser	Leu	Gly	Val	Val	Ile	Pro	Asp	Ile	Thr	Phe	Glu	Leu
		20						25					30		
Ala	Lys	Arg	Asn	Asp	Asp	Met	Tyr	Leu	Phe	Ser	Pro	Tyr	Asp	Val	Glu
		35					40					45			
Arg	Ile	Tyr	Gly	Lys	Pro	Phe	Ala	Asp	Val						
Ser	Ile	Thr	Glu	His	Tyr										
	50					55				60					
Asp	Glu	Met	Val	Asp	Asp	Asp	Arg	Ile	Arg	Lys	Thr	Lys	Ile	Asn	Ala
65					70				75						80

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

Asp	Ile	Ser	Cys	Asn	Leu	Gly	Ser	Leu	Asn	Val	Ala	Met	Ala	Met	Asp
145				150					155						160

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

Asp	Phe	Thr	Asn	Ala	Tyr	Phe	Ala	Ala	Val	Leu	Tyr	Gln	Cys	Leu	Arg
225				230						235					240

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

Ser Asn Ile His Thr Pro Thr Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala
 290 295 300

Asp Val Met Glu His Gly Leu Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro
 305 310 315 320

Pro Thr Gly Ser Ile Ser Tyr Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His
 325 330 335

Pro Ile Ala Ser Lys Ile Glu Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg
 340 345 350

Val Tyr Tyr Pro Ala Pro His Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe
 355 360 365

Glu Asp Ala Tyr Glu Ile Gly Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala
 370 375 380

Val Ala Thr Lys Tyr Val Asp Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe
 385 390 395 400

Lys Asp Thr Ala Thr Thr Arg Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala
 405 410 415

Trp Arg Lys Gly Ile Lys Thr Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val
 420 425 430

Ala Leu Glu Gly Thr Glu Val Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu
 435 440 445

<210> 1071
 <211> 1125
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1102)
 <223> RXN01920
 <400> 1071

cttctgaagg gcttcggttg gggttaagctg gcgatctgaa atcgcgctgc attgtggcgt 60
 cgaaaagcaa aaaaatttgt agaagggaag agcgcaccta atg gct gct gat tct 115
 Met Ala Ala Asp Ser

1 5
 gat ctc agt gtt cac gat gct tac tta aag gag cat gtt gca cct gta 163
 Asp Leu Ser Val His Asp Ala Tyr Leu Lys Glu His Val Ala Pro Val

10 15 20
 aag gcg atc aac tgg aac tcc atc cca gat tcc aaa gat ctt gaa gtc 211
 Lys Ala Ile Asn Trp Asn Ser Ile Pro Asp Ser Lys Asp Leu Glu Val

25 30 35
 tgg gat cgt ctg acc ggt aac ttc tgg ctc cca gaa aag gtc cca gta 259
 Trp Asp Arg Leu Thr Gly Asn Phe Trp Leu Pro Glu Lys Val Pro Val

40 45 50
 tcc aac gac atc aag agc tgg gga acc ctc aac gag gtt gaa aaa gcc 307
 Ser Asn Asp Ile Lys Ser Trp Gly Thr Leu Asn Glu Val Glu Lys Ala

55 60 65

gca acc atg cgc gtg ttc acc gga ctt acc ctg ctg gac acc att cag 355
Ala Thr Met Arg Val Phe Thr Gly Leu Thr Leu Leu Asp Thr Ile Gln

70 75 80 85
ggc act gtc ggc gca atc tcc ctg ctt cca gac gca gat tca ctg cac 403
Gly Thr Val Gly Ala Ile Ser Leu Leu Pro Asp Ala Asp Ser Leu His

90 95 100
gaa gaa gcg gtg cta acc aac att gcg ttc atg gaa tcc gtg cac gca 451
Glu Glu Ala Val Leu Thr Asn Ile Ala Phe Met Glu Ser Val His Ala

105 110 115
aag agt tac tcc aac atc ttc atg act ctg gcc tcc acc gcg gaa atc 499
Lys Ser Tyr Ser Asn Ile Phe Met Thr Leu Ala Ser Thr Ala Glu Ile

120 125 130
aac gat gcg ttc cgt tgg tct gag gaa aat gaa aac ctg cag cgc aag 547
Asn Asp Ala Phe Arg Trp Ser Glu Glu Asn Glu Asn Leu Gln Arg Lys

135 140 145
gca aag atc atc ctg tct tac tat gag ggc gat gat cca cta aag cgc 595
Ala Lys Ile Ile Leu Ser Tyr Tyr Glu Gly Asp Asp Pro Leu Lys Arg

150 155 160 165
aag atc gcc tcc gtg atc ctg gag tcc ttc ctg ttc tac tcc ggc ttc 643
Lys Ile Ala Ser Val Ile Leu Glu Ser Phe Leu Phe Tyr Ser Gly Phe

170 175 180
tac ctc cca atg tat tgg tcc agc cac tcc aag ctg gcc aac acc gcc 691
Tyr Leu Pro Met Tyr Trp Ser Ser His Ser Lys Leu Ala Asn Thr Ala

185 190 195
gac gtg atc cgc ctg atc atc cgc gat gag gca gtg cac ggc tac tac 739
Asp Val Ile Arg Leu Ile Ile Arg Asp Glu Ala Val His Gly Tyr Tyr

200 205 210
att ggc tac aag tat caa aag gct gtc gcg aag gag act cca gag cgt 787
Ile Gly Tyr Lys Tyr Gln Lys Ala Val Ala Lys Glu Thr Pro Glu Arg

215 220 225
cag gaa gag ctg aag gag tac acc ttc gat ctg ctc tac gat ctt tac 835
Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu Leu Tyr Asp Leu Tyr

230 235 240 245
gat aac gaa act cag tac tcc gaa gat ctc tac gac gat ctt gga tgg 883
Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr Asp Asp Leu Gly Trp

250 255 260
acc gag gat gtt aag cga ttc ctt cgc tac aac gcc aac aag gcc ctc 931
Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn Ala Asn Lys Ala Leu

265 270 275
aac aac ctt ggc tac gaa gga ctc ttc cca gcg gat gaa acc aag gtg 979
Asn Asn Leu Gly Tyr Glu Gly Leu Phe Pro Ala Asp Glu Thr Lys Val

280 285 290

tcc cca aac atc ttg tct gcg ctg tca cca aac gct gat gag aac cac 1027
Ser Pro Asn Ile Leu Ser Ala Leu Ser Pro Asn Ala Asp Glu Asn His

295 300 305
gac ttc ttc tcc ggc tcc ggt tcc tct tac gtt att ggt aag gca gaa 1075
Asp Phe Phe Ser Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Val Ile Gly Lys Ala Glu

310 315 320 325
aac acc gag gat gat gac tgg gac ttc taacttttaa aaagctgaag 1122
Asn Thr Glu Asp Asp Asp Trp Asp Phe

330 1125
cgc
<210> 1072
<211> 334
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1072
Met Ala Ala Asp Ser Asp Leu Ser Val His Asp Ala Tyr Leu Lys Glu
1 5 10 15
His Val Ala Pro Val Lys Ala Ile Asn Trp Asn Ser Ile Pro Asp Ser
20 25 30
Lys Asp Leu Glu Val Trp Asp Arg Leu Thr Gly Asn Phe
Trp Leu Pro
35 40 45
Glu Lys Val Pro Val Ser Asn Asp Ile Lys Ser Trp Gly Thr Leu Asn
50 55 60
Glu Val Glu Lys Ala Ala Thr Met Arg Val Phe Thr Gly Leu Thr Leu
65 70 75 80

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

Asn Leu Gln Arg Lys Ala Lys Ile Ile Leu Ser Tyr Tyr Glu Gly Asp
145 150 155 160

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

Glu Thr Pro Glu Arg Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu
225 230 235 240

Leu Tyr Asp Leu Tyr Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr
245 250 255
Asp Asp Leu Gly Trp Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn

260 265 270
 Ala Asn Lys Ala Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Glu Gly Leu Phe Pro Ala
 275 280 285
 Asp Glu Thr Lys Val Ser Pro Asn Ile Leu Ser Ala Leu Ser Pro Asn
 290 295 300

 Ala Asp Glu Asn His Asp Phe Phe Ser Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Val
 305 310 315 320

 Ile Gly Lys Ala Glu Asn Thr Glu Asp Asp Asp Trp Asp Phe
 325 330

 <210> 1073
 <211> 437
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (1)..(414)
 <223> FRXA01920
 <400> 1073
 gcc gac gtg atc cgc ctg atc atc cgc gat gag gca gtg cac ggc tac 48
 Ala Asp Val Ile Arg Leu Ile Ile Arg Asp Glu Ala Val His Gly Tyr

 1 5 10 15
 tac att ggc tac aag tat caa aag gct gtc gcg aag gag act cca gag 96
 Tyr Ile Gly Tyr Lys Tyr Gln Lys Ala Val Ala Lys Glu Thr Pro Glu

 20 25 30
 cgt cag gaa gag ctg aag gag tac acc ttc gat ctg ctc tac gat ctt 144
 Arg Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu Leu Tyr Asp Leu

 35 40 45
 tac gat aac gaa act cag tac tcc gaa gat ctc tac gac gat ctt gga 192
 Tyr Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr Asp Asp Leu Gly

 50 55 60
 tgg acc gag gat gtt aag cga ttc ctt cgc tac aac gcc aac aag gcc 240
 Trp Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn Ala Asn Lys Ala

 65 70 75 80
 ctc aac aac ctt ggc tac gaa gga ctc ttc cca gcg gat gaa acc aag 288
 Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Glu Gly Leu Phe Pro Ala Asp Glu Thr Lys

 85 90 95
 gtg tcc cca aac atc ttg tct gcg ctg tca cca aac gct gat gag aac 336
 Val Ser Pro Asn Ile Leu Ser Ala Leu Ser Pro Asn Ala Asp Glu Asn

 100 105 110
 cac gac ttc ttc tcc ggc tcc ggt tcc tct tac gtt att ggt aag gca 384
 His Asp Phe Phe Ser Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Val Ile Gly Lys Ala

 115 120 125
 gaa aac acc gag gat gat gac tgg gac ttc taacttttaa aaagctgaag 434
 Glu Asn Thr Glu Asp Asp Asp Trp Asp Phe

130 135 437
cgc
<210> 1074
<211> 138
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1074
Ala Asp Val Ile Arg Leu Ile Ile Arg Asp Glu Ala Val His Gly Tyr
1 5 10 15
Tyr Ile Gly Tyr Lys Tyr Gln Lys Ala Val Ala Lys Glu Thr Pro Glu
20 25 30
Arg Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu
Leu Tyr Asp Leu
35 40 45
Tyr Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr Asp Asp Leu Gly
50 55 60
Trp Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn Ala Asn Lys Ala
65 70 75 80

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

130 135
<210> 1075
<211> 567
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(544)
<223> RXA01080
<400> 1075
ttcagttctt cccttcaacg cccttgaagg gggaaactga taccagcaag cacactaggc 60
ttgcgcacaa acggtattta gaagggaagt gagttcgagg atg cta atc gtg tat 115
Met Leu Ile Val Tyr

1 5
ttt tcc tcg gcc acc gac aac acg cat cgt ttt gta caa aag ctc gat 163
Phe Ser Ser Ala Thr Asp Asn Thr His Arg Phe Val Gln Lys Leu Asp

10 15 20
tta ccc aac gtg cgc atc ccc ctc act agg gtg gaa gaa ccg ctg aaa 211
Leu Pro Asn Val Arg Ile Pro Leu Thr Arg Val Glu Glu Pro Leu Lys

25 30 35
atc aac gag ccc tac gtg cta atc acc ccg acc tat ggt ggt gga gtc 259
Ile Asn Glu Pro Tyr Val Leu Ile Thr Pro Thr Tyr Gly Gly Gly Val

40 45 50
tcc atg act gga gaa aac tcc cgc ccg gtc cca cca caa gtc atc agg 307

Ser Met Thr Gly Glu Asn Ser Arg Pro Val Pro Pro Gln Val Ile Arg

55 60 65
 ttt tta aat gat gaa cac aac cgc agc ttc atc agg gca gtt gtt gca 355
 Phe Leu Asn Asp Glu His Asn Arg Ser Phe Ile Arg Ala Val Val Ala

70 75 80 85
 ggt gga aac tca aac ttc ggc tcc gat ttt ggg ttg gca ggc gag atc 403
 Gly Gly Asn Ser Asn Phe Gly Ser Asp Phe Gly Leu Ala Gly Glu Ile

90 95 100
 att tcc aag aaa tgt aaa gtg ccc tat gtc tac cgt ttc gag ctc atg 451
 Ile Ser Lys Lys Cys Lys Val Pro Tyr Val Tyr Arg Phe Glu Leu Met

105 110 115
 ggc aat gag gaa gat gta agt atc ctt cgt gga ggt ctt act caa aac 499
 Gly Asn Glu Glu Asp Val Ser Ile Leu Arg Gly Gly Leu Thr Gln Asn

120 125 130
 gcc caa gct ttg ggg ctg gaa cca caa gaa cca gtt acc tcg cga 544
 Ala Gln Ala Leu Gly Leu Glu Pro Gln Glu Pro Val Thr Ser Arg

135 140 145
 taaaccttaa aacttaatca atc 567
 <210> 1076
 <211> 148
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1076
 Met Leu Ile Val Tyr Phe Ser Ser Ala Thr Asp Asn Thr His Arg Phe
 1 5 10 15
 Val Gln Lys Leu Asp Leu Pro Asn Val Arg Ile Pro Leu Thr Arg Val
 20 25 30
 Glu Glu Pro Leu Lys Ile Asn
 Glu Pro Tyr Val Leu Ile Thr Pro Thr
 35 40 45
 Tyr Gly Gly Gly Val Ser Met Thr Gly Glu Asn Ser Arg Pro Val Pro
 50 55 60
 Pro Gln Val Ile Arg Phe Leu Asn Asp Glu His Asn Arg Ser Phe Ile
 65 70 75 80

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

Val Thr Ser Arg

145
 <210> 1077
 <211> 650
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(627)

<223> RXA00867

<400> 1077

ttc ggc gac atg gac ttc aag gtt gcc ggc acc gca gac ttc atc acc 48
Phe Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Ala Asp Phe Ile Thr

1 5 10 15
gca ctt cag ctg gac acc aag ctg gac ggc att cct tcc aag gtg ctg 96
Ala Leu Gln Leu Asp Thr Lys Leu Asp Gly Ile Pro Ser Lys Val Leu

20 25 30
tcc gat gcg ctt gag cag gca cgc gat gcc cga ctg acc atc ctg aac 144
Ser Asp Ala Leu Glu Gln Ala Arg Asp Ala Arg Leu Thr Ile Leu Asn

35 40 45
acc atg gct gat gtc atc aac gga cct gat gag atg agc aag ttc gct 192
Thr Met Ala Asp Val Ile Asn Gly Pro Asp Glu Met Ser Lys Phe Ala

50 55 60
cct cgc atc acc acc gtg aag atc cca gtg gca aag atc ggt gag ctg 240
Pro Arg Ile Thr Thr Val Lys Ile Pro Val Ala Lys Ile Gly Glu Leu

65 70 75 80
atc gga cca aag ggt aag aac atc aac gct ctt acc gaa gag acc ggc 288
Ile Gly Pro Lys Gly Lys Asn Ile Asn Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly

85 90 95
gca aac atc tcc atc gaa gat gac ggc acc gtg ttc atc tct gca gct 336
Ala Asn Ile Ser Ile Glu Asp Asp Gly Thr Val Phe Ile Ser Ala Ala

100 105 110
gac ggc gca tct gct gaa gcg gcg atc gaa aag atc aac gct ctg gcg 384
Asp Gly Ala Ser Ala Glu Ala Ala Ile Glu Lys Ile Asn Ala Leu Ala

115 120 125
aac cca cag ctg cca aag gtt ggc gag cgc ttc ctc gga acc gtc gtc 432
Asn Pro Gln Leu Pro Lys Val Gly Glu Arg Phe Leu Gly Thr Val Val

130 135 140
aag acc acc gca ttc gga gca ttc gtt tcc ttg ctc cca ggc cgc gac 480
Lys Thr Thr Ala Phe Gly Ala Phe Val Ser Leu Leu Pro Gly Arg Asp

145 150 155 160
ggc ctt gtt cac atc tcc aag ctg ggt aac ggc aag cga gta gaa aag 528
Gly Leu Val His Ile Ser Lys Leu Gly Asn Gly Lys Arg Val Glu Lys

165 170 175
gtc gac gat gtg gtg aag gtt ggc gag aag att cag gtc gaa atc gct 576
Val Asp Asp Val Val Lys Val Gly Glu Lys Ile Gln Val Glu Ile Ala

180 185 190
gac atc gac aac cgc ggc aag atc tcc ttg gtc cca gtt gtt gaa gag 624

Asp Ile Asp Asn Arg Gly Lys Ile Ser Leu Val Pro Val Val Glu Glu

195 200 205 650
gac taattagttc tggctagatc ggg
Asp

<210> 1078
<211> 209
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1078
Phe Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Ala Asp Phe Ile Thr
1 5 10 15
Ala Leu Gln Leu Asp Thr Lys Leu Asp Gly Ile Pro Ser Lys Val Leu
20 25 30
Ser Asp Ala Leu Glu Gln Ala Arg Asp Ala Arg Leu Thr Ile Leu Asn
35 40 45
Thr Met Ala Asp Val Ile Asn Gly
Pro Asp Glu Met Ser Lys Phe Ala
50 55 60
Pro Arg Ile Thr Thr Val Lys Ile Pro Val Ala Lys Ile Gly Glu Leu
65 70 75 80

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

Lys Thr Thr Ala Phe Gly Ala Phe Val Ser Leu Leu Pro Gly Arg Asp
145 150 155 160

Gly Leu Val His Ile Ser Lys Leu Gly Asn Gly Lys Arg Val Glu Lys
165 170 175
Val Asp Asp Val Val Lys Val Gly Glu Lys Ile Gln Val Glu Ile Ala
180 185 190
Asp Ile Asp Asn Arg Gly Lys Ile Ser Leu Val Pro Val Val Glu Glu
195 200 205
Asp

<210> 1079
<211> 630
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(630)
<223> RXA01416
<400> 1079
gct ggc gct tcc gaa aac gtt gtc aac cgc gtc aag gac ggt gca cca 48
Ala Gly Ala Ser Glu Asn Val Val Asn Arg Val Lys Asp Gly Ala Pro

1	5	10	15	
gca cca acc gaa aag atc gtc tcc gac ggc ctt gaa gca gct aag cca	96			
Ala Pro Thr Glu Lys Ile Val Ser Asp Gly Leu Glu Ala Ala Lys Pro				
	20	25	30	
ttc atc gac atc ctg tgc cgc gca cag gaa ggt ctg gca cag cgc gtt	144			
Phe Ile Asp Ile Leu Cys Arg Ala Gln Glu Gly Leu Ala Gln Arg Val				
	35	40	45	
gga aac gca gcc aag gaa ttc cca ctg ttc cct cca tac acc gac gag	192			
Gly Asn Ala Ala Lys Glu Phe Pro Leu Phe Pro Pro Tyr Thr Asp Glu				
	50	55	60	
gtg tac tcc gca gtg gag cgc aag gta tcc aag aag cta gct tct ttg	240			
Val Tyr Ser Ala Val Glu Arg Lys Val Ser Lys Lys Leu Ala Ser Leu				
	65	70	75	80
ctg acc ctg aag gca aag caa gag cgc gac gac gct acc aac gcc tac	288			
Leu Thr Leu Lys Ala Lys Gln Glu Arg Asp Asp Ala Thr Asn Ala Tyr				
	85	90	95	
atg gaa gaa atc gaa gcc gaa ctg ctt cca aag ttc gag gct tcc tac	336			
Met Glu Glu Ile Glu Ala Glu Leu Leu Pro Lys Phe Glu Ala Ser Tyr				
	100	105	110	
agc tca gca gct gaa gcg tcc aag gaa atc cgt gca gga tac aac gct	384			
Ser Ser Ala Ala Glu Ala Ser Lys Glu Ile Arg Ala Gly Tyr Asn Ala				
	115	120	125	
gtc atg aag gcc atc gtg cgc cgc atg atc ctc acc gat cac ttc cgc	432			
Val Met Lys Ala Ile Val Arg Arg Met Ile Leu Thr Asp His Phe Arg				
	130	135	140	
atc gac ggc cgc gga gtc acc gac atc cgt gac ctg gca gta gaa gtt	480			
Ile Asp Gly Arg Gly Val Thr Asp Ile Arg Asp Leu Ala Val Glu Val				
	145	150	155	160
gag ctc atc cca cgt gcg cac ggt tcc tcc ctc ttc gag cgt ggc gag	528			
Glu Leu Ile Pro Arg Ala His Gly Ser Ser Leu Phe Glu Arg Gly Glu				
	165	170	175	
acc cag atc ctt ggt gtc acc acc ctg gac atg ctc aag atg gaa cag	576			
Thr Gln Ile Leu Gly Val Thr Thr Leu Asp Met Leu Lys Met Glu Gln				
	180	185	190	
caa atc gac tcc ctg gca cca ggc gat gcg aag cgc tac atg cac cac	624			
Gln Ile Asp Ser Leu Ala Pro Gly Asp Ala Lys Arg Tyr Met His His				
	195	200	205	
tac aac				630
Tyr Asn				
	210			
<210> 1080				
<211> 210				
<212> PRT				

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1080

Ala Gly Ala Ser Glu Asn Val Val Asn Arg Val Lys Asp Gly Ala Pro
 1 5 10 15
 Ala Pro Thr Glu Lys Ile Val Ser Asp Gly Leu Glu Ala Ala Lys Pro
 20 25 30
 Phe Ile Asp Ile Leu Cys Arg Ala Gln Glu Gly Leu Ala Gln Arg Val
 35 40 45
 Gly Asn Ala Ala Lys Glu Phe Pro
 Leu Phe Pro Pro Tyr Thr Asp Glu
 50 55 60
 Val Tyr Ser Ala Val Glu Arg Lys Val Ser Lys Lys Leu Ala Ser Leu
 65 70 75 80

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

Ile Asp Gly Arg Gly Val Thr Asp Ile Arg Asp Leu Ala Val Glu Val
 145 150 155 160

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

210

<210> 1081

<211> 757

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(757)

<223> RXA01486

<400> 1081

agagaactgg taaggttttt accgttctag accgcagaaa tcttcgcggc gacaccgatg 60
 atcgccgagc agaactaaac atgaggagac ctactcgcat atg agc gat gta aag 115
 Met Ser Asp Val Lys

1 5
 gac ttc gaa gac acc gaa ttt ggc ctg atc gag gcc gtc gca acc atc 163
 Asp Phe Glu Asp Thr Glu Phe Gly Leu Ile Glu Ala Val Ala Thr Ile

10 15 20
 gac aac ggt gac ttc gga acc cgc acc atc cgt ttt gaa acc ggc caa 211
 Asp Asn Gly Asp Phe Gly Thr Arg Thr Ile Arg Phe Glu Thr Gly Gln

25	30	35	
ctt gcc cgc cag gca gat ggt gca gtg acc acc tac ctc gac gat gac	259		
Leu Ala Arg Gln Ala Asp Gly Ala Val Thr Thr Tyr Leu Asp Asp Asp			
40	45	50	
acg atg ctg ctg gca acc acc acc gca tcc aac cag cca cgc gag ggc	307		
Thr Met Leu Leu Ala Thr Thr Thr Ala Ser Asn Gln Pro Arg Glu Gly			
55	60	65	
ttt gac ttc ttc cca ctg acc gtg gac gtt gaa gag cgt atg tac gca	355		
Phe Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asp Val Glu Glu Arg Met Tyr Ala			
70	75	80	85
gct ggt cgc atc cct ggc tct ttc ttc cgt cgg gag ggt cgc cca tcc	403		
Ala Gly Arg Ile Pro Gly Ser Phe Phe Arg Arg Glu Gly Arg Pro Ser			
90	95	100	
acc gaa gct atc ctg gct tgc cgt ctc atc gac cgc cca ctg cgc cca	451		
Thr Glu Ala Ile Leu Ala Cys Arg Leu Ile Asp Arg Pro Leu Arg Pro			
105	110	115	
acc ttt gtt aag ggc ctg cgc aat gag gtt cag atc gtt gtc acc gtc	499		
Thr Phe Val Lys Gly Leu Arg Asn Glu Val Gln Ile Val Val Thr Val			
120	125	130	
atg tcc atg aac cct gag gat tac tac gat gtc gta gca atc aac gga	547		
Met Ser Met Asn Pro Glu Asp Tyr Tyr Asp Val Val Ala Ile Asn Gly			
135	140	145	
gct tcc gca gca acc cgc atc tcc gga ctt cct gtc tcc ggc gct gtc	595		
Ala Ser Ala Ala Thr Arg Ile Ser Gly Leu Pro Val Ser Gly Ala Val			
150	155	160	165
ggt ggc gtt cgc atg gca ctg gtt ggt gat gaa aag cac cca gaa ggc	643		
Gly Gly Val Arg Met Ala Leu Val Gly Asp Glu Lys His Pro Glu Gly			
170	175	180	
caa tgg gtt gca ttc cca acc cac gct caa cat gag cag tcc gta ttt	691		
Gln Trp Val Ala Phe Pro Thr His Ala Gln His Glu Gln Ser Val Phe			
185	190	195	
gaa atc gtt gtg gct ggt cgc ctc gtc gag cgc aag cgc ggc aac aag	739		
Glu Ile Val Val Ala Gly Arg Leu Val Glu Arg Lys Arg Gly Asn Lys			
200	205	210	
acc ttc tcc gac gtc gca	757		
Thr Phe Ser Asp Val Ala			
215			
<210> 1082			
<211> 219			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 1082			
Met Ser Asp Val Lys Asp Phe Glu Asp Thr Glu Phe Gly Leu Ile Glu			
1	5	10	15

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

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

Val Ala Ile Asn Gly Ala Ser Ala Ala Thr Arg Ile Ser Gly Leu Pro
 145 150 155 160

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

210 215
 <210> 1083
 <211> 651
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(628)
 <223> RXA01678
 <400> 1083

tattgtccag gcgcaggaaa atatctcata gttcaacatc gcaaatatca ccgacttcca 60
 cggtatatatc tctgcaactg cagctcacc cgggtgcagca atg ctg aaa tgt gca 115
 Met Leu Lys Cys Ala

1 5
 gtc gat gaa gcc gct ggc gga cgc gcc caa gct ttc gta tcc tca ggc 163
 Val Asp Glu Ala Ala Gly Gly Arg Ala Gln Ala Phe Val Ser Ser Gly

10 15 20
 gat aac att ggt ggc agc ccg ttc caa tcc tcc att ctt ggt gat gaa 211
 Asp Asn Ile Gly Gly Ser Pro Phe Gln Ser Ser Ile Leu Gly Asp Glu

25 30 35
 ccc acc ttg gaa gca ctc aac caa atg ggt ctt gat tac tca gca gtg 259

Pro Thr Leu Glu Ala Leu Asn Gln Met Gly Leu Asp Tyr Ser Ala Val

40 45 50
ggc aac cac gaa ttt gat aaa ggc tac gca gac tta agc agt cga gtc 307
Gly Asn His Glu Phe Asp Lys Gly Tyr Ala Asp Leu Ser Ser Arg Val

55 60 65
gct gac ctt gct gat ttt gat tat ctc ggc gca aac gtt gag ggc gaa 355
Ala Asp Leu Ala Asp Phe Asp Tyr Leu Gly Ala Asn Val Glu Gly Glu

70 75 80 85
aac cca gat ctt gca cca tat gga att tct cac ctt gat ggt gtg aag 403
Asn Pro Asp Leu Ala Pro Tyr Gly Ile Ser His Leu Asp Gly Val Lys

90 95 100
gtt gct ttc gta ggc acc gta tcc caa gaa act ccg atg ttg gtc aat 451
Val Ala Phe Val Gly Thr Val Ser Gln Glu Thr Pro Met Leu Val Asn

105 110 115
tct gaa ggc att gag gga atc acg ttt act gac cca ctt gaa gca acc 499
Ser Glu Gly Ile Glu Gly Ile Thr Phe Thr Asp Pro Leu Glu Ala Thr

120 125 130
aac cgt gta gct gat gaa ctc gtg gga agt ggc gca gca gat gtt gtc 547
Asn Arg Val Ala Asp Glu Leu Val Gly Ser Gly Ala Ala Asp Val Val

135 140 145
gtt gcg ctt tac cac gaa ggc att acc ggc acc gaa gca tgg tca gaa 595
Val Ala Leu Tyr His Glu Gly Ile Thr Gly Thr Glu Ala Trp Ser Glu

150 155 160 165
aat atc gac gtt gtt ttc gca ggt cac acc cac taagttcgtg atctaggaac 648
Asn Ile Asp Val Val Phe Ala Gly His Thr His

170 175
cga 651
<210> 1084
<211> 176
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1084
Met Leu Lys Cys Ala Val Asp Glu Ala Ala Gly Gly Arg Ala Gln Ala
1 5 10 15
Phe Val Ser Ser Gly Asp Asn Ile Gly Gly Ser Pro Phe Gln Ser Ser
20 25 30
Ile Leu Gly Asp Glu Pro Thr Leu Glu Ala Leu
Asn Gln Met Gly Leu
35 40 45
Asp Tyr Ser Ala Val Gly Asn His Glu Phe Asp Lys Gly Tyr Ala Asp
50 55 60
Leu Ser Ser Arg Val Ala Asp Leu Ala Asp Phe Asp Tyr Leu Gly Ala
65 70 75 80
Asn Val Glu Gly Glu Asn Pro Asp Leu Ala Pro Tyr Gly Ile Ser His
85 90 95
Leu Asp Gly Val Lys Val Ala Phe Val Gly Thr Val Ser Gln Glu Thr

	100		105		110	
Pro Met Leu Val Asn Ser Glu Gly Ile Glu Gly Ile Thr Phe Thr Asp						
	115		120		125	
Pro Leu Glu Ala Thr Asn Arg Val Ala Asp Glu Leu Val Gly Ser Gly						
	130		135		140	
Ala Ala Asp Val Val Val Ala Leu Tyr His Glu Gly Ile Thr Gly Thr						
145		150		155		160
Glu Ala Trp Ser Glu Asn Ile Asp Val Val Phe Ala Gly His Thr His						
	165		170		175	
<210> 1085						
<211> 1359						
<212> DNA						
<213> Corynebacterium glutamicum						
<220>						
<221> CDS						
<222> (101)..(1336)						
<223> RXA01679						
<400> 1085						
cattaccggc accgaagcat ggtcagaaaa tatcgacgtt gttttcgcag gtcacaccca 60						
ctaagttcgt gatctaggaa cgcacaacgg tccactaatc atg cag tct gga aac 115						
				Met Gln Ser Gly Asn		
				1	5	
tac ggg cac gca ctt gcc gat gta gat ttc agc ttc aac cac gac acc 163						
Tyr Gly His Ala Leu Ala Asp Val Asp Phe Ser Phe Asn His Asp Thr						
	10		15		20	
ggt gag ctc acc gta gat gat gcc cgc atg ctc gga gtc gac gat atc 211						
Gly Glu Leu Thr Val Asp Asp Ala Arg Met Leu Gly Val Asp Asp Ile						
	25		30		35	
aac gcg tgt gaa aac cca gat gac acc att gca gat att gtt gct cag 259						
Asn Ala Cys Glu Asn Pro Asp Asp Thr Ile Ala Asp Ile Val Ala Gln						
	40		45		50	
gcg gaa ctt gat gct ggt gaa gcc ggc aaa gaa gta gta gcg acc atc 307						
Ala Glu Leu Asp Ala Gly Glu Ala Gly Lys Glu Val Val Ala Thr Ile						
	55		60		65	
gat ggc gat ttt ctc cgc gcc agc gac gaa gga gca gaa tct ggc tcc 355						
Asp Gly Asp Phe Leu Arg Ala Ser Asp Glu Gly Ala Glu Ser Gly Ser						
	70		75		80	
aac tac ggc gct gaa tcc cag ctc gtc aac atg att gcc agt gct gtg 403						
Asn Tyr Gly Ala Glu Ser Gln Leu Val Asn Met Ile Ala Ser Ala Val						
	90		95		100	
cgt tgg tcc atg tcc acc aat acc gcc acc acc gca gac att ggg ctt 451						
Arg Trp Ser Met Ser Thr Asn Thr Ala Thr Thr Ala Asp Ile Gly Leu						
	105		110		115	
atg aac gcc gga gga ctc cac act gac cta ttc agc ggc gat gtt acc 499						

Met Asn Ala Gly Gly Leu His Thr Asp Leu Phe Ser Gly Asp Val Thr

120 125 130
tac gcc gaa gct ttt gaa atc cag cct ttc tcc ggt gaa gat tca ttt 547
Tyr Ala Glu Ala Phe Glu Ile Gln Pro Phe Ser Gly Glu Asp Ser Phe

135 140 145
gtc acc ctc aag gga tca gtc ttc aaa gat gcc ctt gac cag cag tgg 595
Val Thr Leu Lys Gly Ser Val Phe Lys Asp Ala Leu Asp Gln Gln Trp

150 155 160 165
gaa gaa ggt tct gca cga cca gtg gca gca ctt ggc gta tcc gac aac 643
Glu Glu Gly Ser Ala Arg Pro Val Ala Ala Leu Gly Val Ser Asp Asn

170 175 180
gtt tcc tac acc tac gac atc aac cgt cca atc ggt gac cgc gtc act 691
Val Ser Tyr Thr Tyr Asp Ile Asn Arg Pro Ile Gly Asp Arg Val Thr

185 190 195
tcc gtg acc att gat gat acc cca ctt gat ccg gaa cgc gac tac gtt 739
Ser Val Thr Ile Asp Asp Thr Pro Leu Asp Pro Glu Arg Asp Tyr Val

200 205 210
gtt gca gct tcc ctg tac ctc cag tcc ggc aac gaa ggt atg acc gca 787
Val Ala Ala Ser Leu Tyr Leu Gln Ser Gly Asn Glu Gly Met Thr Ala

215 220 225
ctg acc cgc gga acc gca cct gca caa acc ggc atc gtg gat gta cag 835
Leu Thr Arg Gly Thr Ala Pro Ala Gln Thr Gly Ile Val Asp Val Gln

230 235 240 245
tcc acc atc gga tac ttg tcc aac aac aat gtc acc cca cgt act ggt 883
Ser Thr Ile Gly Tyr Leu Ser Asn Asn Asn Val Thr Pro Arg Thr Gly

250 255 260
caa gcc cag att tcc atc acc cca tcc ggt gag ttc aat gcg ggt gaa 931
Gln Ala Gln Ile Ser Ile Thr Pro Ser Gly Glu Phe Asn Ala Gly Glu

265 270 275
acc atc acc ctt gac atg gca gga ctc cgc tac acc caa ggc gac act 979
Thr Ile Thr Leu Asp Met Ala Gly Leu Arg Tyr Thr Gln Gly Asp Thr

280 285 290
gcc acg gaa gta act gtc agc ctt cga gaa gaa att gtt tca gca cca 1027
Ala Thr Glu Val Thr Val Ser Leu Arg Glu Glu Ile Val Ser Ala Pro

295 300 305
att gat cct cag ctc gga gaa gct ggc ttt ggc gaa gct gga acc gcg 1075
Ile Asp Pro Gln Leu Gly Glu Ala Gly Phe Gly Glu Ala Gly Thr Ala

310 315 320 325
aca gtg agc ttg gac att cct gca acc ctt tca ggt act caa aac ctc 1123
Thr Val Ser Leu Asp Ile Pro Ala Thr Leu Ser Gly Thr Gln Asn Leu

330 335 340
gtt gtc acc acc gat acc ggc acc cgt att tcc atg cca gtt gag att 1171

Val Val Thr Thr Asp Thr Gly Thr Arg Ile Ser Met Pro Val Glu Ile

345 350 355
gtt ggc gca gaa caa cca gca ccg caa cca gca ggt tcc tct gtt tta 1219
Val Gly Ala Glu Gln Pro Ala Pro Gln Pro Ala Gly Ser Ser Val Leu

360 365 370
gga act gga gtg ctc agt gga ctc ctc ggc att gtt gta gga att cta 1267
Gly Thr Gly Val Leu Ser Gly Leu Leu Gly Ile Val Val Gly Ile Leu

375 380 385
gga atg gtc ggt ctg gtg aac tgg att gac cca agc ttc att caa cag 1315
Gly Met Val Gly Leu Val Asn Trp Ile Asp Pro Ser Phe Ile Gln Gln

390 395 400 405
atc cag cag caa atc ttt gct taaatttagt aaaaagcatg cat 1359
Ile Gln Gln Gln Ile Phe Ala

410
<210> 1086
<211> 412
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1086
Met Gln Ser Gly Asn Tyr Gly His Ala Leu Ala Asp Val Asp Phe Ser
1 5 10 15
Phe Asn His Asp Thr Gly Glu Leu Thr Val Asp Asp Ala Arg Met Leu
20 25 30
Gly Val Asp Asp Ile Asn Ala Cys Glu Asn Pro Asp Asp Thr Ile Ala
35 40 45
Asp Ile Val Ala Gln Ala Glu Leu Asp Ala Gly Glu Ala Gly Lys Glu
50 55 60
Val Val Ala Thr Ile Asp Gly Asp Phe Leu Arg Ala Ser Asp Glu Gly
65 70 75 80
Ala Glu Ser Gly Ser Asn Tyr Gly Ala Glu Ser Gln Leu Val Asn Met
85 90 95
Ile Ala Ser Ala Val Arg Trp Ser Met Ser Thr Asn Thr Ala Thr Thr
100 105 110
Ala Asp Ile Gly Leu Met Asn Ala Gly Gly Leu His Thr Asp Leu Phe
115 120 125
Ser Gly Asp Val Thr Tyr Ala Glu Ala Phe Glu Ile Gln Pro Phe Ser
130 135 140
Gly Glu Asp Ser Phe Val Thr Leu Lys Gly Ser Val Phe Lys Asp Ala
145 150 155 160
Leu Asp Gln Gln Trp Glu Glu Gly Ser Ala Arg Pro Val Ala Ala Leu
165 170 175
Gly Val Ser Asp Asn Val Ser Tyr Thr Tyr Asp Ile Asn Arg Pro Ile
180 185 190
Gly Asp Arg Val Thr Ser Val Thr Ile Asp Asp Thr Pro Leu Asp Pro
195 200 205
Glu Arg Asp Tyr Val Val Ala Ser Leu Tyr Leu Gln Ser Gly Asn
210 215 220

Glu Gly Met Thr Ala Leu Thr Arg Gly Thr Ala Pro Ala Gln Thr Gly
225 230 235 240

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

Ile Val Ser Ala Pro Ile Asp Pro Gln Leu Gly Glu Ala Gly Phe Gly
305 310 315 320

Glu Ala Gly Thr Ala Thr Val Ser Leu Asp Ile Pro Ala Thr Leu Ser
325 330 335
Gly Thr Gln Asn Leu Val Val Thr Thr Asp Thr Gly Thr Arg Ile Ser
340 345 350
Met Pro Val Glu Ile Val Gly Ala Glu Gln Pro Ala Pro Gln Pro Ala
355 360 365
Gly Ser Ser Val Leu Gly Thr Gly Val Leu Ser Gly Leu Leu Gly Ile
370 375 380

Val Val Gly Ile Leu Gly Met Val Gly Leu Val Asn Trp Ile Asp Pro
385 390 395 400

Ser Phe Ile Gln Gln Ile Gln Gln Gln Ile Phe Ala
405 410

<210> 1087

<211> 1071

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1048)

<223> RXN01488

<400> 1087

ccagcgctta aggccgggtca ccggccatca agcttgtcac atcgggtgcc ttatgatggt 60
gcccgcacctt aaaaataaaa acctgaaagg ttaaaaacgc atg agc aaa aaa gcc 115
Met Ser Lys Lys Ala

1 5
atc ctt gat atc gac acc ggc atc gat gat gcc ctc gca ctt gcc tac 163
Ile Leu Asp Ile Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala Leu Ala Leu Ala Tyr

10 15 20
gca ctg ggc tca cct gaa cta gag ctc att ggt gtc acc acc acc tac 211
Ala Leu Gly Ser Pro Glu Leu Glu Leu Ile Gly Val Thr Thr Thr Tyr

25 30 35
ggt aac gtg cta ctc gaa acc ggt gca gtc aat gac ctg gca ctg ctt 259
Gly Asn Val Leu Leu Glu Thr Gly Ala Val Asn Asp Leu Ala Leu Leu

40

45

50

gat ctg ttc ggt gca cca gaa gta cct gtg tac ttg ggt gag cca cac	307
Asp Leu Phe Gly Ala Pro Glu Val Pro Val Tyr Leu Gly Glu Pro His	
55 60 65	
gca cag acc aag gat ggc ttt gaa gtt ctt gag atc tcc gcg ttc att	355
Ala Gln Thr Lys Asp Gly Phe Glu Val Leu Glu Ile Ser Ala Phe Ile	
70 75 80 85	
cac gga caa aac ggc atc ggc gaa gtc gag ctg cca gca agc gag tca	403
His Gly Gln Asn Gly Ile Gly Glu Val Glu Leu Pro Ala Ser Glu Ser	
90 95 100	
aag gca ctc ccc ggc gca gtg gat ttc ctc att gat tcc gtc aac acc	451
Lys Ala Leu Pro Gly Ala Val Asp Phe Leu Ile Asp Ser Val Asn Thr	
105 110 115	
cac ggc gat gac ctg gtg atc atc gca act ggt ccc atg acc aac ctg	499
His Gly Asp Asp Leu Val Ile Ile Ala Thr Gly Pro Met Thr Asn Leu	
120 125 130	
tct gcg gca atc gca aag gat cca agc ttt gct tcc aag gct cac gtg	547
Ser Ala Ala Ile Ala Lys Asp Pro Ser Phe Ala Ser Lys Ala His Val	
135 140 145	
gtc atc atg ggt ggc gcc ttg act gtc cca ggc aac gtc agc aca tgg	595
Val Ile Met Gly Gly Ala Leu Thr Val Pro Gly Asn Val Ser Thr Trp	
150 155 160 165	
gca gaa gca aac atc aac cag gac cca gat gca gca aac gat ctg ttc	643
Ala Glu Ala Asn Ile Asn Gln Asp Pro Asp Ala Ala Asn Asp Leu Phe	
170 175 180	
cgt tcc ggt gca gat gtc acc atg atc ggt ctt gat gtc acc ctg cag	691
Arg Ser Gly Ala Asp Val Thr Met Ile Gly Leu Asp Val Thr Leu Gln	
185 190 195	
acc ctt ctt acc aag aag cac act gcg cag tgg cgc gaa ctg ggc act	739
Thr Leu Leu Thr Lys Lys His Thr Ala Gln Trp Arg Glu Leu Gly Thr	
200 205 210	
cca gct gct atc gca ctg gcc gac atg act gat tac tac atc aag gca	787
Pro Ala Ala Ile Ala Leu Ala Asp Met Thr Asp Tyr Tyr Ile Lys Ala	
215 220 225	
tat gag acc acc gca cca cac ctg ggc ggt tgc ggc ctg cac gac cca	835
Tyr Glu Thr Thr Ala Pro His Leu Gly Gly Cys Gly Leu His Asp Pro	
230 235 240 245	
ctg gca gta ggc gtt gca gtg gac cca agc ctg gtc act ttg ctc ccc	883
Leu Ala Val Gly Val Ala Val Asp Pro Ser Leu Val Thr Leu Leu Pro	
250 255 260	
atc aac ctc aag gta gac att gag ggc gag acc cgt gga cgc acc att	931
Ile Asn Leu Lys Val Asp Ile Glu Gly Glu Thr Arg Gly Arg Thr Ile	
265 270 275	

ggc gat gaa gtc cgc ctc aac gat cca gtg cgc acc tcc cgc gca gct 979
Gly Asp Glu Val Arg Leu Asn Asp Pro Val Arg Thr Ser Arg Ala Ala

280 285 290
gtc gcc gta gac gtg gat cgt ttc ctt tct gaa ttc atg acc cgc atc 1027
Val Ala Val Asp Val Asp Arg Phe Leu Ser Glu Phe Met Thr Arg Ile

295 300 305
ggc cga gtc gca gca cag cag taaaagcagc tctggtgaag gtt 1071
Gly Arg Val Ala Ala Gln Gln

310 315
<210> 1088
<211> 316
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1088
Met Ser Lys Lys Ala Ile Leu Asp Ile Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala
1 5 10 15
Leu Ala Leu Ala Tyr Ala Leu Gly Ser Pro Glu Leu Glu Leu Ile Gly
20 25 30
Val Thr Thr Thr Tyr Gly Asn Val Leu Leu Glu Thr Gly Ala Val Asn
35 40 45
Asp Leu Ala Leu Leu Asp Leu Phe Gly Ala Pro Glu Val Pro Val Tyr
50 55 60
Leu Gly Glu Pro His Ala Gln Thr Lys Asp Gly Phe Glu Val Leu Glu
65 70 75 80
Ile Ser Ala Phe Ile His Gly Gln Asn Gly Ile Gly Glu Val Glu Leu
85 90 95
Pro Ala Ser Glu Ser Lys Ala Leu Pro Gly Ala Val Asp Phe Leu Ile
100 105 110
Asp Ser Val Asn Thr His Gly Asp Asp Leu Val Ile Ile Ala Thr Gly
115 120 125
Pro Met Thr Asn Leu Ser Ala Ala Ile Ala Lys Asp Pro Ser Phe Ala
130 135 140
Ser Lys Ala His Val Val Ile Met Gly Gly Ala Leu Thr Val Pro Gly
145 150 155 160
Asn Val Ser Thr Trp Ala Glu Ala Asn Ile Asn Gln Asp Pro Asp Ala
165 170 175
Ala Asn Asp Leu Phe Arg Ser Gly Ala Asp Val Thr Met Ile Gly Leu
180 185 190
Asp Val Thr Leu Gln Thr Leu Leu Thr Lys Lys His Thr Ala Gln Trp
195 200 205
Arg Glu Leu Gly Thr Pro Ala Ala Ile Ala Leu Ala Asp Met Thr Asp
210 215 220
Tyr Tyr Ile Lys Ala Tyr Glu Thr Thr Ala Pro His Leu Gly Gly Cys
225 230 235 240
Gly Leu His Asp Pro Leu Ala Val Gly Val Ala Val Asp Pro Ser Leu
245 250 255
Val Thr Leu Leu Pro Ile Asn Leu Lys Val Asp Ile Glu Gly Glu Thr

260 265 270
 Arg Gly Arg Thr Ile Gly Asp Glu Val Arg Leu Asn Asp Pro Val Arg
 275 280 285
 Thr Ser Arg Ala Ala Val Ala Val Asp Val Asp Arg Phe Leu Ser Glu
 290 295 300

 Phe Met Thr Arg Ile Gly Arg Val Ala Ala Gln Gln

 305 310 315
 <210> 1089
 <211> 366
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(343)
 <223> RXC00540
 <400> 1089
 tctccctatc taagggtctgg cttaggtttga ccagtggcaa cagttacact tgtgtctgta 60
 aaacattgtc ctccccatit cttgagtaag ggaaaataacc gtg gcc cgt gta gtt 115
 Val Ala Arg Val Val

 1 5
 gtc aat gtc atg cct aag gct gag att ctg gat ccc cag ggg cag gcg 163
 Val Asn Val Met Pro Lys Ala Glu Ile Leu Asp Pro Gln Gly Gln Ala

 10 15 20
 gta cac cgc gcc ctc gga cgt atc gga gtt tct ggc gtt tcc gat gtc 211
 Val His Arg Ala Leu Gly Arg Ile Gly Val Ser Gly Val Ser Asp Val

 25 30 35
 cgt cag gga aag cgc ttc gag ctt gag gta gat gat tcc gtc acc gaa 259
 Arg Gln Gly Lys Arg Phe Glu Leu Glu Val Asp Asp Ser Val Thr Glu

 40 45 50
 gct gac cta aag aaa att gct gaa acc ctc ctc gca aac acc gtc atc 307
 Ala Asp Leu Lys Lys Ile Ala Glu Thr Leu Leu Ala Asn Thr Val Ile

 55 60 65
 gaa gac ttc gat gtg gtg gga gtt gag gtc gcg aag tgagcgccaa 353
 Glu Asp Phe Asp Val Val Gly Val Glu Val Ala Lys

 70 75 80
 aatcggtgtc att 366
 <210> 1090
 <211> 81
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1090
 Val Ala Arg Val Val Val Asn Val Met Pro Lys Ala Glu Ile Leu Asp
 1 5 10 15
 Pro Gln Gly Gln Ala Val His Arg Ala Leu Gly Arg Ile Gly Val Ser
 20 25 30
 Gly Val Ser Asp Val Arg Gln Gly Lys Arg
 Phe Glu Leu Glu Val Asp
 35 40 45

Asp Ser Val Thr Glu Ala Asp Leu Lys Lys Ile Ala Glu Thr Leu Leu
 50 55 60
 Ala Asn Thr Val Ile Glu Asp Phe Asp Val Val Gly Val Glu Val Ala
 65 70 75 80

Lys
 <210> 1091
 <211> 498
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(475)
 <223> RXC00560
 <400> 1091

aaggacgact tciggggagc ggtgtggatt ctcacgggga ttctcatgcg gattatcaga 60
 catatggaca ctttaacggt tcgtactagg ctgatgcttc atg agg att gat ccg 115
 Met Arg Ile Asp Pro

1 5
 ctg gaa acc cgg caa gcc gta ttg gcc gtc aaa gac tgg att gaa ggg 163
 Leu Glu Thr Arg Gln Ala Val Leu Ala Val Lys Asp Trp Ile Glu Gly

10 15 20
 gag gga gac gtc aaa aag cct ggt cgt gcg gca ctt gcc gcc gca act 211
 Glu Gly Asp Val Lys Lys Pro Gly Arg Ala Ala Leu Ala Ala Ala Thr

25 30 35
 cgc ctg agc gtc cga ctg ctc gcg caa cac gcg ccg gga aac agc gtg 259
 Arg Leu Ser Val Arg Leu Leu Ala Gln His Ala Pro Gly Asn Ser Val

40 45 50
 gag gtg cgg gta ccc cca ttt gtt gcg gtg caa tgc ata gag ggg cca 307
 Glu Val Arg Val Pro Pro Phe Val Ala Val Gln Cys Ile Glu Gly Pro

55 60 65
 aaa cat aca cgc ggc aca cca ccc aac gtg gtg gag acc gac gcc aag 355
 Lys His Thr Arg Gly Thr Pro Pro Asn Val Val Glu Thr Asp Ala Lys

70 75 80 85
 acc tgg tta cgc tta gca cct ggg caa acc aca ttt gat gca gaa ttt 403
 Thr Trp Leu Arg Leu Ala Pro Gly Gln Thr Thr Phe Asp Ala Glu Phe

90 95 100
 gaa agc gga aaa att agc gca tca ggt acc cga gcc aaa gag att gcg 451
 Glu Ser Gly Lys Ile Ser Ala Ser Gly Thr Arg Ala Lys Glu Ile Ala

105 110 115
 gac tgg tta cca gtg gtc aaa ctt tagatttcct aatgctcatt agt 498
 Asp Trp Leu Pro Val Val Lys Leu

120 125
 <210> 1092
 <211> 125
 <212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1092

Met Arg Ile Asp Pro Leu Glu Thr Arg Gln Ala Val Leu Ala Val Lys
 1 5 10 15
 Asp Trp Ile Glu Gly Glu Gly Asp Val Lys Lys Pro Gly Arg Ala Ala
 20 25 30
 Leu Ala Ala Ala Thr Arg Leu Ser Val Arg Leu Leu Ala Gln His Ala
 35 40 45
 Pro Gly Asn Ser Val Glu Val Arg
 Val Pro Pro Phe Val Ala Val Gln
 50 55 60
 Cys Ile Glu Gly Pro Lys His Thr Arg Gly Thr Pro Pro Asn Val Val
 65 70 75 80

Glu Thr Asp Ala Lys Thr Trp Leu Arg Leu Ala Pro Gly Gln Thr Thr
 85 90 95
 Phe Asp Ala Glu Phe Glu Ser Gly Lys Ile Ser Ala Ser Gly Thr Arg
 100 105 110
 Ala Lys Glu Ile Ala Asp Trp Leu Pro Val Val Lys Leu

115 120 125

<210> 1093

<211> 1305

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1282)

<223> RXC01088

<400> 1093

tgccttgagt ctaattctcc cgcccgtagc atgggtttta gctggactga taaacctttt 60
 gtgaaccgaa ttttttaact gatttgaaga agcgagaata atg gga ctg tgg atc 115
 Met Gly Leu Trp Ile

1 5

gat gca acc gct ggc gtt gca ggg gat atg ttg ctg gga gca ctc att 163
 Asp Ala Thr Ala Gly Val Ala Gly Asp Met Leu Leu Gly Ala Leu Ile

10 15 20

gat gca ggt gca gaa cta gaa aaa atc caa cag gtt gtg gaa gca gtc 211
 Asp Ala Gly Ala Glu Leu Glu Lys Ile Gln Gln Val Val Glu Ala Val

25 30 35

atc ccc ggt gac gtg ctc ttg cgc acc gaa gag gta gtg cgc caa ggc 259
 Ile Pro Gly Asp Val Leu Leu Arg Thr Glu Glu Val Val Arg Gln Gly

40 45 50

caa cga ggc atc aag ctg cat gtg gac gca caa cat gaa cac cat cat 307
 Gln Arg Gly Ile Lys Leu His Val Asp Ala Gln His Glu His His His

55 60 65

cac cgc cac tta agc acc att aaa gaa ctg ctt gtc aat gct gac atc 355
 His Arg His Leu Ser Thr Ile Lys Glu Leu Leu Val Asn Ala Asp Ile

70 75 80 85

cct gaa caa acc aag cag gat gcc tta ggc gtt ttt gaa ctc atc gct	403
Pro Glu Gln Thr Lys Gln Asp Ala Leu Gly Val Phe Glu Leu Ile Ala	
90 95 100	
atc gct gaa gga aaa gtc cac ggc atc gag ccg gag aaa atc cac ttc	451
Ile Ala Glu Gly Lys Val His Gly Ile Glu Pro Glu Lys Ile His Phe	
105 110 115	
cat gag gta gga gct tgg gat tcc atc gca gac att gtg ggt gtg tgc	499
His Glu Val Gly Ala Trp Asp Ser Ile Ala Asp Ile Val Gly Val Cys	
120 125 130	
gaa gcg atc agg cag ctt aac cca ggt ttg att gct gca tct ccg att	547
Glu Ala Ile Arg Gln Leu Asn Pro Gly Leu Ile Ala Ala Ser Pro Ile	
135 140 145	
gct tta gga ttc gga cgc atc aag gca gct cac gga gat att cca gtg	595
Ala Leu Gly Phe Gly Arg Ile Lys Ala Ala His Gly Asp Ile Pro Val	
150 155 160 165	
cca gtt cca gcc gtg gca gag ctg gtg aaa ggc tgg ccc acc caa acc	643
Pro Val Pro Ala Val Ala Glu Leu Val Lys Gly Trp Pro Thr Gln Thr	
170 175 180	
gga gct ctt atg gag agc acc gaa cct gtt ggt gaa tta gcc acc cca	691
Gly Ala Leu Met Glu Ser Thr Glu Pro Val Gly Glu Leu Ala Thr Pro	
185 190 195	
act ggt gtt gcg ttg atc cgt cac ttt gcc acc caa gat ggc cct ttc	739
Thr Gly Val Ala Leu Ile Arg His Phe Ala Thr Gln Asp Gly Pro Phe	
200 205 210	
cca ggt ggc atc atc aat gaa gtt ggc att ggt gca gga aca aaa gat	787
Pro Gly Gly Ile Ile Asn Glu Val Gly Ile Gly Ala Gly Thr Lys Asp	
215 220 225	
aca gaa ggc cgt cca aat ata gtg cgc gca att ttg ttc aac acc tct	835
Thr Glu Gly Arg Pro Asn Ile Val Arg Ala Ile Leu Phe Asn Thr Ser	
230 235 240 245	
agg agt aac cca gat acc cgc aca ctg gtg caa tta gaa gcc aat gtt	883
Arg Ser Asn Pro Asp Thr Arg Thr Leu Val Gln Leu Glu Ala Asn Val	
250 255 260	
gat gat caa gac cca cgg ctg tgg cca gga gta ata gag atc ctc ttt	931
Asp Asp Gln Asp Pro Arg Leu Trp Pro Gly Val Ile Glu Ile Leu Phe	
265 270 275	
gcc gct ggc gca gta gat gca tgg ctg act cca att ttg atg aag aag	979
Ala Ala Gly Ala Val Asp Ala Trp Leu Thr Pro Ile Leu Met Lys Lys	
280 285 290	
ggc cgt cct gca cat agg gtg tca gca ttg gtg gat agc tcc gag gtg	1027
Gly Arg Pro Ala His Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Ser Ser Glu Val	
295 300 305	

gaa gca gtg aaa acc gca tta ttt gca gcc acc acg act ttt ggg atc 1075
Glu Ala Val Lys Thr Ala Leu Phe Ala Ala Thr Thr Thr Phe Gly Ile

310 315 320 325
aga tca tgg gaa gtc gaa cga gaa ggc ttg gac cgt cgt ttc gaa caa 1123
Arg Ser Trp Glu Val Glu Arg Glu Gly Leu Asp Arg Arg Phe Glu Gln

330 335 340
gtc gag gtg gac gga cac acc atc aac atc aaa atc ggt tcc cgt gat 1171
Val Glu Val Asp Gly His Thr Ile Asn Ile Lys Ile Gly Ser Arg Asp

345 350 355
gat caa gta atc agt gca cag tcc gag ttt gaa gat att cgg tct gca 1219
Asp Gln Val Ile Ser Ala Gln Ser Glu Phe Glu Asp Ile Arg Ser Ala

360 365 370
gcg gtg gcc ttg gga att tca gag cgg gaa gtt gtg gca aga att ccg 1267
Ala Val Ala Leu Gly Ile Ser Glu Arg Glu Val Val Ala Arg Ile Pro

375 380 385
caa ggc acc acc gag taacaaccaa aaggtcgact gct 1305
Gln Gly Thr Thr Glu

390
<210> 1094
<211> 394
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1094
Met Gly Leu Trp Ile Asp Ala Thr Ala Gly Val Ala Gly Asp Met Leu
1 5 10 15
Leu Gly Ala Leu Ile Asp Ala Gly Ala Glu Leu Glu Lys Ile Gln Gln
20 25 30
Val Val Glu Ala Val Ile Pro Gly Asp Val Leu Leu Arg Thr Glu Glu
35 40 45
Val Val
Arg Gln Gly Gln Arg Gly Ile Lys Leu His Val Asp Ala Gln
50 55 60
His Glu His His His His Arg His Leu Ser Thr Ile Lys Glu Leu Leu
65 70 75 80

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

Ala Ala Ser Pro Ile Ala Leu Gly Phe Gly Arg Ile Lys Ala Ala His
145 150 155 160

Gly Asp Ile Pro Val Pro Val Pro Ala Val Ala Glu Leu Val Lys Gly
165 170 175
Trp Pro Thr Gln Thr Gly Ala Leu Met Glu Ser Thr Glu Pro Val Gly

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

 Ala Gly Thr Lys Asp Thr Glu Gly Arg Pro Asn Ile Val Arg Ala Ile
 225 230 235 240

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

 Asp Ser Ser Glu Val Glu Ala Val Lys Thr Ala Leu Phe Ala Ala Thr
 305 310 315 320

 Thr Thr Phe Gly Ile Arg Ser Trp Glu Val Glu Arg Glu Gly Leu Asp
 325 330 335
 Arg Arg Phe Glu Gln Val Glu Val Asp Gly His Thr Ile Asn Ile Lys
 340 345 350
 Ile Gly Ser Arg Asp Asp Gln Val Ile Ser Ala Gln Ser Glu Phe Glu
 355 360 365
 Asp Ile Arg Ser Ala Ala Val Ala Leu Gly Ile Ser Glu Arg Glu Val
 370 375 380

 Val Ala Arg Ile Pro Gln Gly Thr Thr Glu

 385 390
 <210> 1095
 <211> 1419
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1396)
 <223> RXC02624
 <400> 1095
 acccggtcag atccgacgtc gccggccaaa accgcaagca cctgcgcgaaa cgccacagaa 60
 ggcagctcag caatcaaagt tgctgcgttt ccttccaacc gtg ctg att ccg cat 115
 Val Leu Ile Pro His

 1 5
 ggc gtg gcg gtg ctt ttg gtt att att ctc gcc gta gcc tcc cta atg 163
 Gly Val Ala Val Leu Leu Val Ile Ile Leu Ala Val Ala Ser Leu Met

 10 15 20
 ttc acc aat tct tca atg gtg aat ctt tcg gca acg att gca cag ctg 211
 Phe Thr Asn Ser Ser Met Val Asn Leu Ser Ala Thr Ile Ala Gln Leu

 25 30 35
 tgg ctt tcc cta aat ctc ggt gcg gtg gac ggc agt ggg gaa gtg atc 259

Trp Leu Ser Leu Asn Leu Gly Ala Val Asp Gly Ser Gly Glu Val Ile

40 45 50
tca gta ctg ccc acg ctt ccc ggc ttt ata ttc ctc tgg gcc atc gcc 307
Ser Val Leu Pro Thr Leu Pro Gly Phe Ile Phe Leu Trp Ala Ile Ala

55 60 65
gcg cgc atc cac cgc gca gtc aaa gat cgt gtc agc atc gcc gac tta 355
Ala Arg Ile His Arg Ala Val Lys Asp Arg Val Ser Ile Ala Asp Leu

70 75 80 85
ggc gtc ctc gca gca ctc gtc ctc ggc atc ccg ctt gcg ctc acc gcc 403
Gly Val Leu Ala Ala Leu Val Leu Gly Ile Pro Leu Ala Leu Thr Ala

90 95 100
atc gca gcg ttc atg ctt ttc gac gcc tcc agc gtc ctc aac gtc gag 451
Ile Ala Ala Phe Met Leu Phe Asp Ala Ser Ser Val Leu Asn Val Glu

105 110 115
gtc ccg cca atc acg cgc ctc cta cgc gtg atg ttg ttc cac ctc agc 499
Val Pro Pro Ile Thr Arg Leu Leu Arg Val Met Leu Phe His Leu Ser

120 125 130
gcc ctc ttc ctc ggc atg ggg cca cgc ctg tgg cag gcg ttg gcg cgc 547
Ala Leu Phe Leu Gly Met Gly Pro Arg Leu Trp Gln Ala Leu Ala Arg

135 140 145
cgc tac ggt gct cca gaa tgg ctt atc gac gcc atc acc caa gct ttc 595
Arg Tyr Gly Ala Pro Glu Trp Leu Ile Asp Ala Ile Thr Gln Ala Phe

150 155 160 165
cgc ttc ctc atc gca ttt gga aca gtc tcc ttg gtt tcc gtg ctc gtg 643
Arg Phe Leu Ile Ala Phe Gly Thr Val Ser Leu Val Ser Val Leu Val

170 175 180
atg acc gcg atc aac cac agt gca ttc acc gcg acc atg cag ggt tac 691
Met Thr Ala Ile Asn His Ser Ala Phe Thr Ala Thr Met Gln Gly Tyr

185 190 195
gac gac tcc gcc tct gtt gtg gcc ttg atc gtc ctg agc att ctg tat 739
Asp Asp Ser Ala Ser Val Val Ala Leu Ile Val Leu Ser Ile Leu Tyr

200 205 210
ctg ccc aac atg atg atc ttt gcg atg ggc aat ctg atc ggc tca ccc 787
Leu Pro Asn Met Met Ile Phe Ala Met Gly Asn Leu Ile Gly Ser Pro

215 220 225
ctt tac ttc ggt gac gcc tcc atc agc gtc ttc agc gtg cat tcc gtt 835
Leu Tyr Phe Gly Asp Ala Ser Ile Ser Val Phe Ser Val His Ser Val

230 235 240 245
cca ttg cca ccg ctt ccc atc ctc gca gct ctc ccc agc gaa gcc ctc 883
Pro Leu Pro Pro Leu Pro Ile Leu Ala Ala Leu Pro Ser Glu Ala Leu

250 255 260
tca tgg gca gtg gcc tta ctg gtc atc cct gca att att gcc acc tgg 931

Ser Trp Ala Val Ala Leu Leu Val Ile Pro Ala Ile Ile Ala Thr Trp

265 270 275
gtc tgc gtg aga aac ccc atg cgc ctt gcc gtg aac aca aca gca gca 979
Val Cys Val Arg Asn Pro Met Arg Leu Ala Val Asn Thr Thr Ala Ala

280 285 290
gtc att tca gca ctg tgt ttc ctc gtc ctg gca gtt ttc gcc ggc gga 1027
Val Ile Ser Ala Leu Cys Phe Leu Val Leu Ala Val Phe Ala Gly Gly

295 300 305
acc ttg ggc gta tac aac tac gtc gga ctc aac ctc ctg gcg tca gtt 1075
Thr Leu Gly Val Tyr Asn Tyr Val Gly Leu Asn Leu Leu Ala Ser Val

310 315 320 325
ggc cta gtt ttc gtc tat ttc gcc ctc gtt gga ctc ctc atc gcc gga 1123
Gly Leu Val Phe Val Tyr Phe Ala Leu Val Gly Leu Leu Ile Ala Gly

330 335 340
atc gac aag ctg cgc aac cct gta gaa gtt aag tct gtt aag gct gtg 1171
Ile Asp Lys Leu Arg Asn Pro Val Glu Val Lys Ser Val Lys Ala Val

345 350 355
gct gtt gtg gag ccc gag cct gaa gaa gtt gaa gag gac gaa gag gag 1219
Ala Val Val Glu Pro Glu Pro Glu Glu Val Glu Glu Asp Glu Glu Glu

360 365 370
cat gtt gaa gaa gaa gta gat gag gag gaa gag gaa gtt gag gaa ggg 1267
His Val Glu Glu Glu Val Asp Glu Glu Glu Glu Glu Val Glu Glu Gly

375 380 385
gta gaa gag gtc gaa gaa gac gac gca gag gat cct gaa gag aat cct 1315
Val Glu Glu Val Glu Glu Asp Asp Ala Glu Asp Pro Glu Glu Asn Pro

390 395 400 405
gaa gag gaa gaa tcc gac gaa gaa att gag aca gaa act gag gct gaa 1363
Glu Glu Glu Glu Ser Asp Glu Glu Ile Glu Thr Glu Thr Glu Ala Glu

410 415 420
gaa acc aat gat ggt tcc gag gcc gaa gac cgt taacatatct gttgtgaatt 1416
Glu Thr Asn Asp Gly Ser Glu Ala Glu Asp Arg

425 430
ctg 1419
<210> 1096
<211> 432
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1096
Val Leu Ile Pro His Gly Val Ala Val Leu Leu Val Ile Ile Leu Ala
1 5 10 15
Val Ala Ser Leu Met Phe Thr Asn Ser Ser Met Val Asn Leu Ser Ala
20 25 30
Thr Ile Ala Gln Leu Trp Leu Ser Leu Asn Leu
Gly Ala Val Asp Gly
35 40 45

Ser Gly Glu Val Ile Ser Val Leu Pro Thr Leu Pro Gly Phe Ile Phe
50 55 60
Leu Trp Ala Ile Ala Ala Arg Ile His Arg Ala Val Lys Asp Arg Val
65 70 75 80

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

Gln Ala Leu Ala Arg Arg Tyr Gly Ala Pro Glu Trp Leu Ile Asp Ala
145 150 155 160

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

Leu Ile Gly Ser Pro Leu Tyr Phe Gly Asp Ala Ser Ile Ser Val Phe
225 230 235 240

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

Val Phe Ala Gly Gly Thr Leu Gly Val Tyr Asn Tyr Val Gly Leu Asn
305 310 315 320

Leu Leu Ala Ser Val Gly Leu Val Phe Val Tyr Phe Ala Leu Val Gly
325 330 335
Leu Leu Ile Ala Gly Ile Asp Lys Leu Arg Asn Pro Val Glu Val Lys
340 345 350
Ser Val Lys Ala Val Ala Val Val Glu Pro Glu Pro Glu Glu Val Glu
355 360 365
Glu Asp Glu Glu Glu His Val Glu Glu Glu Val Asp Glu Glu Glu Glu
370 375 380

Glu Val Glu Glu Gly Val Glu Glu Val Glu Glu Asp Asp Ala Glu Asp
385 390 395 400

Pro Glu Glu Asn Pro Glu Glu Glu Glu Ser Asp Glu Glu Ile Glu Thr
405 410 415
Glu Thr Glu Ala Glu Glu Thr Asn Asp Gly Ser Glu Ala Glu Asp Arg

420 425 430

<210> 1097
 <211> 603
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(580)
 <223> RXC02665
 <400> 1097

caagcgacc caatggcggt taaagtaaca accccattg atatgatgct ggcacaacgc 60
 atcaccgacg aagccgaacc cacaatattt gaggtaccag gtg act aac cca atc 115
 Val Thr Asn Pro Ile

1 5
 atc ccc cgc gta gga atc gcc aca gac gcc cac caa atc gaa gcg gga 163
 Ile Pro Arg Val Gly Ile Ala Thr Asp Ala His Gln Ile Glu Ala Gly

10 15 20
 aaa ccc tgc tgg atc gcc tgc ctc ctc ttt gaa ggc gtc gac ggc tgc 211
 Lys Pro Cys Trp Ile Ala Cys Leu Leu Phe Glu Gly Val Asp Gly Cys

25 30 35
 gaa ggc cac tcc gac ggt gat gtt gta gct cat gca att gtg gat gct 259
 Glu Gly His Ser Asp Gly Asp Val Val Ala His Ala Ile Val Asp Ala

40 45 50
 ctc ctt tct gcc tct ggt ctg ggg gat ttg ggc tct ttc gtt ggt gtg 307
 Leu Leu Ser Ala Ser Gly Leu Gly Asp Leu Gly Ser Phe Val Gly Val

55 60 65
 ggg aga cct gaa tac gat ggt gtt tct ggt aca cag ttg ttg aag gaa 355
 Gly Arg Pro Glu Tyr Asp Gly Val Ser Gly Thr Gln Leu Leu Lys Glu

70 75 80 85
 gtt cgg gag ctg ctt tgc gca cac ggg tac gtc att gga aat gtc gcc 403
 Val Arg Glu Leu Leu Ser Ala His Gly Tyr Val Ile Gly Asn Val Ala

90 95 100
 gcc caa ctg gtt ggc caa acc ccc aaa ttt gga ccc cgc cgc gaa gaa 451
 Ala Gln Leu Val Gly Gln Thr Pro Lys Phe Gly Pro Arg Arg Glu Glu

105 110 115
 gca caa caa gtc atc tcc gaa atc atc ggc gca cca tgc tca ctg tct 499
 Ala Gln Gln Val Ile Ser Glu Ile Ile Gly Ala Pro Cys Ser Leu Ser

120 125 130
 gcc acc acc act gat cac atg gga ttc act ggt cgc agc gag ggt cgt 547
 Ala Thr Thr Thr Asp His Met Gly Phe Thr Gly Arg Ser Glu Gly Arg

135 140 145
 gca tcg gta gca acg gca gtg gtg tgg aag gct taagttttct gtagggattg 600
 Ala Ser Val Ala Thr Ala Val Val Trp Lys Ala

150 155 160

ggc 603

<210> 1098

<211> 160

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1098

Val Thr Asn Pro Ile Ile Pro Arg Val Gly Ile Ala Thr Asp Ala His
1 5 10 15
Gln Ile Glu Ala Gly Lys Pro Cys Trp Ile Ala Cys Leu Leu Phe Glu
20 25 30
Gly Val Asp Gly Cys Glu Gly His Ser Asp Gly Asp Val Val Ala His
35 40
45
Ala Ile Val Asp Ala Leu Leu Ser Ala Ser Gly Leu Gly Asp Leu Gly
50 55 60
Ser Phe Val Gly Val Gly Arg Pro Glu Tyr Asp Gly Val Ser Gly Thr
65 70 75 80

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

Arg Ser Glu Gly Arg Ala Ser Val Ala Thr Ala Val Val Trp Lys Ala
145 150 155 160

<210> 1099

<211> 1689

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1666)

<223> RXC02770

<400> 1099

tcgccggggc aaaaaccgta taattacagt cctattacga ttcggggaaa ggctgggtac 60
ttcacacatg ttgtttcga agtcacgcag cgcggtaatc atg ttg gtt gca gcg 115
Met Leu Val Ala Ala

1 5
tta gtg atg aca agc tgt ggt gat ggg gaa ccg gaa cca acc agc cac 163
Leu Val Met Thr Ser Cys Gly Asp Gly Glu Pro Glu Pro Thr Ser His

10 15 20
caa aca agc ctt ttc ggc tac gca gtt aac tct tcg ctg gct aca acc 211
Gln Thr Ser Leu Phe Gly Tyr Ala Val Asn Ser Ser Leu Ala Thr Thr

25 30 35
aac gcg gcg tcg ctg ttg gga gtg gct aat gat gct ggt ctt ttg gct 259
Asn Ala Ala Ser Leu Leu Gly Val Ala Asn Asp Ala Gly Leu Leu Ala

40 45 50

gcc aga gtg tat ccg ggt gtg tat gtt cag ggt cct tct ggg cag atg 307
Ala Arg Val Tyr Pro Gly Val Tyr Val Gln Gly Pro Ser Gly Gln Met

55 60 65
att ccc aac act gat ctt gct tcc acg cag gta ttg ccg ggt att aac 355
Ile Pro Asn Thr Asp Leu Ala Ser Thr Gln Val Leu Pro Gly Ile Asn

70 75 80 85
cgc cag gtg att tac act atc aat gaa gat gcc acc tac tca gat ggt 403
Arg Gln Val Ile Tyr Thr Ile Asn Glu Asp Ala Thr Tyr Ser Asp Gly

90 95 100
cag cct gtg gtg tgt gat gat ttt ctg ctc tct gcg aca gct ggg cag 451
Gln Pro Val Val Cys Asp Asp Phe Leu Leu Ser Ala Thr Ala Gly Gln

105 110 115
atg ccg gaa ctg ttc cag tcc cat gtg cca ttg acc tcg cag att gag 499
Met Pro Glu Leu Phe Gln Ser His Val Pro Leu Thr Ser Gln Ile Glu

120 125 130
cga gtg gac tgt gta tct ggt tct aaa gta gcc acc gtg gtg ttc aag 547
Arg Val Asp Cys Val Ser Gly Ser Lys Val Ala Thr Val Val Phe Lys

135 140 145
gaa gac ctc ggt gag cgt tgg cgt tat ctt ttt gag cag ggc gat ttg 595
Glu Asp Leu Gly Glu Arg Trp Arg Tyr Leu Phe Glu Gln Gly Asp Leu

150 155 160 165
ttg cca gcc cat gcc gtt gct tcc aaa gca ggt atg acc ttg gag gag 643
Leu Pro Ala His Ala Val Ala Ser Lys Ala Gly Met Thr Leu Glu Glu

170 175 180
ctt aat cag gcg ttg aag gat aag gat cct gaa gcg ttg act gaa cct 691
Leu Asn Gln Ala Leu Lys Asp Lys Asp Pro Glu Ala Leu Thr Glu Pro

185 190 195
gct cgt gtg tgg agc gaa ggt ttc cag ctg tcc cag ttt gat cca gag 739
Ala Arg Val Trp Ser Glu Gly Phe Gln Leu Ser Gln Phe Asp Pro Glu

200 205 210
ctg cag acg gct ttt ggc ccg tac aag gtg gat tct gtg ggt gaa ttc 787
Leu Gln Thr Ala Phe Gly Pro Tyr Lys Val Asp Ser Val Gly Glu Phe

215 220 225
ggc gaa gtc aag ctg gta cgc aat gag ttt tac agt ggc gac cag gcg 835
Gly Glu Val Lys Leu Val Arg Asn Glu Phe Tyr Ser Gly Asp Gln Ala

230 235 240 245
gtt gaa gca gaa atc acg atg tgg cct aaa ggc tcg gat ctc agc gcc 883
Val Glu Ala Glu Ile Thr Met Trp Pro Lys Gly Ser Asp Leu Ser Ala

250 255 260
att gcg gat aat gga aac ctt cag atc gca cat gtt gtg gcg tgg gag 931
Ile Ala Asp Asn Gly Asn Leu Gln Ile Ala His Val Val Ala Trp Glu

265 270 275

agc gag ccg tgg gta aat cgc gat gac cca ttg aat cct tat gac att 979
Ser Glu Pro Trp Val Asn Arg Asp Asp Pro Leu Asn Pro Tyr Asp Ile

280 285 290
aag gaa gag gtc ggt gtt ttg act gag cag ctc acc ttg gcc agt gcc 1027
Lys Glu Glu Val Gly Val Leu Thr Glu Gln Leu Thr Leu Ala Ser Ala

295 300 305
ggt gtg ttt tac gct gcg gag gcc cgg cag gcg ttt gcg gcc tgc gtt 1075
Gly Val Phe Tyr Ala Ala Glu Ala Arg Gln Ala Phe Ala Ala Cys Val

310 315 320 325
gac cag gaa gcg gtg gct gcg gcg tcg tca agc atc tct gga atc gat 1123
Asp Gln Glu Ala Val Ala Ala Ala Ser Ser Ser Ile Ser Gly Ile Asp

330 335 340
gtg cct gcc gta ggt gtg cac tcg gtg cgt cac caa aat ccg gtc gtg 1171
Val Pro Ala Val Gly Val His Ser Val Arg His Gln Asn Pro Val Val

345 350 355
cac caa atc ggt gat ctg cca gca cag cac atg gcg gtg gat att aat 1219
His Gln Ile Gly Asp Leu Pro Ala Gln His Met Ala Val Asp Ile Asn

360 365 370
gcc gca tca gcg ttg gcg ggt caa tcc atc cgc att ggc tac gac gga 1267
Ala Ala Ser Ala Leu Ala Gly Gln Ser Ile Arg Ile Gly Tyr Asp Gly

375 380 385
ccc gat gag cgc aag gct gca atg gtg gag gcg att cgc caa agt tgt 1315
Pro Asp Glu Arg Lys Ala Ala Met Val Glu Ala Ile Arg Gln Ser Cys

390 395 400 405
gag cct gcc ggt atc acc gtt atc gat gcg tcg cag gag gct gtt agt 1363
Glu Pro Ala Gly Ile Thr Val Ile Asp Ala Ser Gln Glu Ala Val Ser

410 415 420
ctt aat gat ctc agt cga acc gaa gtc agt gaa tgg ggc tat gag cag 1411
Leu Asn Asp Leu Ser Arg Thr Glu Val Ser Glu Trp Gly Tyr Glu Gln

425 430 435
tac ttc gaa ggg aca ctt gac gct gtt ctg cgt aca gtg gat cca cat 1459
Tyr Phe Glu Gly Thr Leu Asp Ala Val Leu Arg Thr Val Asp Pro His

440 445 450
cgg gag tat gaa aat gcc aat acc att gga act gat gcg gag tcg acg 1507
Arg Glu Tyr Glu Asn Ala Asn Thr Ile Gly Thr Asp Ala Glu Ser Thr

455 460 465
agg cgc act gaa gaa caa ttg tgg gct gaa gtc cca tca att cca cta 1555
Arg Arg Thr Glu Glu Gln Leu Trp Ala Glu Val Pro Ser Ile Pro Leu

470 475 480 485
gca gcg caa ccc cga gtg ttt gtg ata gat cgc aca gtc ggt aac gtt 1603
Ala Ala Gln Pro Arg Val Phe Val Ile Asp Arg Thr Val Gly Asn Val

490 495 500

gtt gtt aat aca gac cta gcc ggt atc gga tgg aac atg gac cgt tgg 1651
Val Val Asn Thr Asp Leu Ala Gly Ile Gly Trp Asn Met Asp Arg Trp

505 510 515
tcc aga agt gag gaa taagtagtga gcgaacaagc tct 1689
Ser Arg Ser Glu Glu

520
<210> 1100
<211> 522
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1100
Met Leu Val Ala Ala Leu Val Met Thr Ser Cys Gly Asp Gly Glu Pro
1 5 10 15
Glu Pro Thr Ser His Gln Thr Ser Leu Phe Gly Tyr Ala Val Asn Ser
20 25 30
Ser Leu Ala Thr Thr Asn Ala Ala Ser Leu Leu Gly Val Ala Asn Asp
35 40 45
Ala Gly
Leu Leu Ala Ala Arg Val Tyr Pro Gly Val Tyr Val Gln Gly
50 55 60
Pro Ser Gly Gln Met Ile Pro Asn Thr Asp Leu Ala Ser Thr Gln Val
65 70 75 80

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

Thr Val Val Phe Lys Glu Asp Leu Gly Glu Arg Trp Arg Tyr Leu Phe
145 150 155 160

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

Ser Val Gly Glu Phe Gly Glu Val Lys Leu Val Arg Asn Glu Phe Tyr
225 230 235 240

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

Thr Leu Ala Ser Ala Gly Val Phe Tyr Ala Ala Glu Ala Arg Gln Ala
305 310 315 320

Phe Ala Ala Cys Val Asp Gln Glu Ala Val Ala Ala Ala Ser Ser Ser
325 330 335
Ile Ser Gly Ile Asp Val Pro Ala Val Gly Val His Ser Val Arg His
340 345 350
Gln Asn Pro Val Val His Gln Ile Gly Asp Leu Pro Ala Gln His Met
355 360 365
Ala Val Asp Ile Asn Ala Ala Ser Ala Leu Ala Gly Gln Ser Ile Arg
370 375 380

Ile Gly Tyr Asp Gly Pro Asp Glu Arg Lys Ala Ala Met Val Glu Ala
385 390 395 400

Ile Arg Gln Ser Cys Glu Pro Ala Gly Ile Thr Val Ile Asp Ala Ser
405 410 415
Gln Glu Ala Val Ser Leu Asn Asp Leu Ser Arg Thr Glu Val Ser Glu
420 425 430
Trp Gly Tyr Glu Gln Tyr Phe Glu Gly Thr Leu Asp Ala Val Leu Arg
435 440 445
Thr Val Asp Pro His Arg Glu Tyr Glu Asn Ala Asn Thr Ile Gly Thr
450 455 460

Asp Ala Glu Ser Thr Arg Arg Thr Glu Glu Gln Leu Trp Ala Glu Val
465 470 475 480

Pro Ser Ile Pro Leu Ala Ala Gln Pro Arg Val Phe Val Ile Asp Arg
485 490 495
Thr Val Gly Asn Val Val Val Asn Thr Asp Leu Ala Gly Ile Gly Trp
500 505 510
Asn Met Asp Arg Trp Ser Arg Ser Glu Glu

515 520
<210> 1101
<211> 408
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(385)
<223> RXC02238
<400> 1101
ggcgcttagc caaaacatag agcggtaggg tatgcttata 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> 1102
<211> 95
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1102
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> 1103
<211> 1298
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (1)..(1275)
<223> RXC01946
<400> 1103
atc cgc aag tac tcc agg ctc gag gaa caa ttc cag tcg ctc ggc ggc 48
Ile Arg Lys Tyr Ser Arg Leu Glu Glu Gln Phe Gln Ser Leu Gly Gly

1 5 10 15
tac gaa gct gac gcc gaa gca gcc cag atc tgc gac aac ctc ggc ctc 96
Tyr Glu Ala Asp Ala Glu Ala Ala Gln Ile Cys Asp Asn Leu Gly Leu

20	25	30	
gag gca cgc atc ctc gac cag cag ctt aaa acc ctg tcc ggc ggc cag			144
Glu Ala Arg Ile Leu Asp Gln Gln Leu Lys Thr Leu Ser Gly Gly Gln			
35	40	45	
cgc cgc cgc gtc gag ttg gcg cag atc ctc ttc gcc gcc acc aac ggc			192
Arg Arg Arg Val Glu Leu Ala Gln Ile Leu Phe Ala Ala Thr Asn Gly			
50	55	60	
tcc ggc aaa tca aaa acc aca ttg ctt ctc gac gag ccc acc aac cac			240
Ser Gly Lys Ser Lys Thr Thr Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn His			
65	70	75	80
ttg gac gca gac tcg atc acc tgg ctc cgt gac ttc ctg gcg aag cac			288
Leu Asp Ala Asp Ser Ile Thr Trp Leu Arg Asp Phe Leu Ala Lys His			
85	90	95	
gaa ggt gga ctg atc atg att tcg cac gac gtc gaa ctg ctt ggc gcc			336
Glu Gly Gly Leu Ile Met Ile Ser His Asp Val Glu Leu Leu Gly Ala			
100	105	110	
gta tgt aac aag att tgg tac ctc gac gca gta cgc agc gaa gcc gat			384
Val Cys Asn Lys Ile Trp Tyr Leu Asp Ala Val Arg Ser Glu Ala Asp			
115	120	125	
gtc tac aac atg ggc ttt agc aaa tac gtc gat gca cgt gca ctc gat			432
Val Tyr Asn Met Gly Phe Ser Lys Tyr Val Asp Ala Arg Ala Leu Asp			
130	135	140	
gaa gca cgc cga cgc cgt gag cgc gca aac gcc gaa aag aag gcc gga			480
Glu Ala Arg Arg Arg Arg Glu Arg Ala Asn Ala Glu Lys Lys Ala Gly			
145	150	155	160
gcc ctc aag gac cag gct gca cgc ctc ggc gcg aaa gca acc aag gct			528
Ala Leu Lys Asp Gln Ala Ala Arg Leu Gly Ala Lys Ala Thr Lys Ala			
165	170	175	
gcc gca gct aag cag atg atc gcc cgt gcg gaa cga atg atc gac aac			576
Ala Ala Ala Lys Gln Met Ile Ala Arg Ala Glu Arg Met Ile Asp Asn			
180	185	190	
ctc gac gaa atc cgc gta gct gac cgc gcc gcc aac atc gtt ttc cca			624
Leu Asp Glu Ile Arg Val Ala Asp Arg Ala Ala Asn Ile Val Phe Pro			
195	200	205	
gaa cca gca ccc tgt gga aaa acc cca ctc aac gcc aag ggc ctg acc			672
Glu Pro Ala Pro Cys Gly Lys Thr Pro Leu Asn Ala Lys Gly Leu Thr			
210	215	220	
aag atg tac ggc tcc ctc gaa gtc ttc gcc ggc gtc gac cta gcc atc			720
Lys Met Tyr Gly Ser Leu Glu Val Phe Ala Gly Val Asp Leu Ala Ile			
225	230	235	240
gac aaa ggc tcc cgc gta gtc gtc ctc gga ttc aac ggt gca ggt aaa			768
Asp Lys Gly Ser Arg Val Val Val Leu Gly Phe Asn Gly Ala Gly Lys			

245	250	255	
acc acc ctg ctc aaa ctc ctc gcc ggt gtg gaa cgc acc gac ggc gaa			816
Thr Thr Leu Leu Lys Leu Leu Ala Gly Val Glu Arg Thr Asp Gly Glu			
260	265	270	
ggc ggc atc gtc acc gga tac ggc ctc aaa atc ggc tac ttc gcc cag			864
Gly Gly Ile Val Thr Gly Tyr Gly Leu Lys Ile Gly Tyr Phe Ala Gln			
275	280	285	
gaa cac gac acc atc gac ccc gac aaa tcc gtc tgg caa aac acc atc			912
Glu His Asp Thr Ile Asp Pro Asp Lys Ser Val Trp Gln Asn Thr Ile			
290	295	300	
gaa gcc tgc gcc gac gcc gac caa caa agc ctc cgc agc ctc ctc gga			960
Glu Ala Cys Ala Asp Ala Asp Gln Gln Ser Leu Arg Ser Leu Leu Gly			
305	310	315	320
tcc ttc atg ttc tcc ggc gaa caa ctc gac caa cca gca gga aca ctc			1008
Ser Phe Met Phe Ser Gly Glu Gln Leu Asp Gln Pro Ala Gly Thr Leu			
325	330	335	
tcc ggc ggt gaa aaa acc cgc ctc gca ctg gcc acc ctc gtg tcc tcc			1056
Ser Gly Gly Glu Lys Thr Arg Leu Ala Leu Ala Thr Leu Val Ser Ser			
340	345	350	
cgc gca aac gtc ctg ctt ctc gac gag ccc acc aac aac ctt gac ccg			1104
Arg Ala Asn Val Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn Asn Leu Asp Pro			
355	360	365	
atc tcc cgc gaa cag gtc ctc gac gca ctg cgc acc tac acc ggc gca			1152
Ile Ser Arg Glu Gln Val Leu Asp Ala Leu Arg Thr Tyr Thr Gly Ala			
370	375	380	
gtc gtc ctg gtt acc cac gac ccg ggt gca gtc aag gcc ctt gag cca			1200
Val Val Leu Val Thr His Asp Pro Gly Ala Val Lys Ala Leu Glu Pro			
385	390	395	400
gaa cgc gtc atc gtg ctt cct gat ggc acc gag gat ctt tgg aat gat			1248
Glu Arg Val Ile Val Leu Pro Asp Gly Thr Glu Asp Leu Trp Asn Asp			
405	410	415	
cag tac atg gaa atc gtg gaa ttg gcg taggttctaa ggctgtttat			1295
Gln Tyr Met Glu Ile Val Glu Leu Ala			
420	425		
gct			1298
<210> 1104			
<211> 425			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 1104			
Ile Arg Lys Tyr Ser Arg Leu Glu Glu Gln Phe Gln Ser Leu Gly Gly			
1 5 10 15			
Tyr Glu Ala Asp Ala Glu Ala Ala Gln Ile Cys Asp Asn Leu Gly Leu			
20 25 30			
Glu Ala Arg Ile Leu Asp Gln Gln Leu Lys Thr Leu Ser Gly Gly Gln			

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

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

 Glu Ala Arg Arg Arg Arg Glu Arg Ala Asn Ala Glu Lys Lys Ala Gly
 145 150 155 160

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

 Lys Met Tyr Gly Ser Leu Glu Val Phe Ala Gly Val Asp Leu Ala Ile
 225 230 235 240

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

 Glu Ala Cys Ala Asp Ala Asp Gln Gln Ser Leu Arg Ser Leu Leu Gly
 305 310 315 320

 Ser Phe Met Phe Ser Gly Glu Gln Leu Asp Gln Pro Ala Gly Thr Leu
 325 330 335
 Ser Gly Gly Glu Lys Thr Arg Leu Ala Leu Ala Thr Leu Val Ser Ser
 340 345 350
 Arg Ala Asn Val Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn Asn Leu Asp Pro
 355 360 365
 Ile Ser Arg Glu Gln Val Leu Asp Ala Leu Arg Thr Tyr Thr Gly Ala
 370 375 380

 Val Val Leu Val Thr His Asp Pro Gly Ala Val Lys Ala Leu Glu Pro
 385 390 395 400

 Glu Arg Val Ile Val Leu Pro Asp Gly Thr Glu Asp Leu Trp Asn Asp

405 410 415
Gln Tyr Met Glu Ile Val Glu Leu Ala

420 425

<210> 1105
<211> 613
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(613)
<223> RXN03171
<400> 1105
atactttgtt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttcgcccgcg 60
cggctcttctt ctgggcggca atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile

1 5
gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag 163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu

10 15 20
cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc 211
Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala

25 30 35
atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac 259
Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp

40 45 50
acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca 307
Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro

55 60 65
ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca 355
Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro

70 75 80 85
gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc 403
Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala

90 95 100
cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca 451
Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro

105 110 115
cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc 499
Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala

120 125 130
acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt ggc 547
Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly

135 140 145
gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg 595

Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val

150 155 160 165
gac gca ttg gcg gaa tct 613
Asp Ala Leu Ala Glu Ser

170

<210> 1106

<211> 171

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1106

Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
1 5 10 15
Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala
20 25 30
Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
35 40 45
Val
Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
50 55 60
Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu
65 70 75 80

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

Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser
145 150 155 160

Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser
165 170

<210> 1107

<211> 613

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(613)

<223> FRXA02857

<400> 1107

atactttgtt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttcgcccgcg 60
cggtcttctt ctggcgcgca atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile

1 5
gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag 163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu

10

15

20

cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc 211
 Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala

 25 30 35
 atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac 259
 Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp

 40 45 50
 acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca 307
 Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro

 55 60 65
 ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca 355
 Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro

 70 75 80 85
 gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc 403
 Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala

 90 95 100
 cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca 451
 Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro

 105 110 115
 cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc 499
 Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala

 120 125 130
 acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt ggc 547
 Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly

 135 140 145
 gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg 595
 Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val

 150 155 160 165
 gac gca ttg gcg gaa tct 613
 Asp Ala Leu Ala Glu Ser

 170
 <210> 1108
 <211> 171
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1108
 Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
 1 5 10 15
 Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala
 20 25 30
 Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
 35 40 45
 Val
 Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
 50 55 60
 Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu

65	70	75	80
Gly Met Ile Asp Pro Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly			
	85	90	95
Phe Ile Gly Leu Ala Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr			
	100	105	110
Leu Glu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val			
	115	120	125
Asp Pro Met Leu Ala Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu			
	130	135	140
Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser			
145	150	155	160
Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser			
	165	170	
<210> 1109			
<211> 424			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(424)			
<223> RXN00450			
<400> 1109			
tttgcgatga catggatttg gatccttcg aacaattgct gcgcacgcgc gaagaactcg 60			
gttttgataa tgatctggct cgggtggtgg gattcgacta gtg ggc gtt tta cct 115			
			Val Gly Val Leu Pro
		1	5
gtg cag gcg cgc atc aaa gac gat gag cgc cgc atg cgc cat gct ttg 163			
Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg Met Arg His Ala Leu			
	10	15	20
gat att gct cgc caa acc cct gag ggg gac gtt ccc gtt ggc gcc gtc 211			
Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val Pro Val Gly Ala Val			
	25	30	35
att tac gcg ccg acc ggg gag atc ctg gcg acc gca acg aac cgt cga 259			
Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr Ala Thr Asn Arg Arg			
	40	45	50
gaa gca gac cgc gat ccc acg gcc cac gcc gaa att att gct tta cga 307			
Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Ile Ala Leu Arg			
	55	60	65
cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc 355			
Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr			
	70	75	80
gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc ggc gcc ttg gtg 403			
Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val			
	90	95	100
ggt gct cga atc gga cgc atc 424			

Gly Ala Arg Ile Gly Arg Ile

105

<210> 1110

<211> 108

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1110

Val	Gly	Val	Leu	Pro	Val	Gln	Ala	Arg	Ile	Lys	Asp	Asp	Glu	Arg	Arg
1			5						10					15	
Met	Arg	His	Ala	Leu	Asp	Ile	Ala	Arg	Gln	Thr	Pro	Glu	Gly	Asp	Val
			20					25					30		
Pro	Val	Gly	Ala	Val	Ile	Tyr	Ala	Pro	Thr	Gly	Glu	Ile	Leu	Ala	Thr
		35					40					45			

Ala	Thr	Asn	Arg	Arg	Glu	Ala	Asp	Arg	Asp	Pro	Thr	Ala	His	Ala	Glu
	50					55				60					
Ile	Ile	Ala	Leu	Arg	Arg	Ala	Ala	Arg	Arg	Phe	Ser	Asp	Gly	Trp	Arg
65					70					75					80

Leu	Ser	Asp	Cys	Thr	Ala	Val	Val	Thr	Leu	Glu	Pro	Cys	Ser	Met	Cys
			85						90					95	
Ala	Gly	Ala	Leu	Val	Gly	Ala	Arg	Ile	Gly	Arg	Ile				

100

105

<210> 1111

<211> 418

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(418)

<223> FRXA00450

<400> 1111

tttgcgatga	catggatttg	gatacttccg	aacaattgct	gcgcacgcgc	gaagaactcg	60
gttttgataa	tgatctggct	cgggtgggtg	gattcgacta	gtg ggc gtt tta cct		115
				Val Gly Val Leu Pro		

				1										5	
gtg	cag	gcg	cgc	atc	aaa	gac	gat	gag	cgc	cgc	atg	cgc	cat	gct	ttg
Val	Gln	Ala	Arg	Ile	Lys	Asp	Asp	Glu	Arg	Arg	Met	Arg	His	Ala	Leu

				10						15					20
gat	att	gct	cgc	caa	acc	cct	gag	ggg	gac	gtt	ccc	ggt	ggc	gcc	gtc
Asp	Ile	Ala	Arg	Gln	Thr	Pro	Glu	Gly	Asp	Val	Pro	Val	Gly	Ala	Val

				25						30					35
att	tac	gcg	ccg	acc	ggg	gag	atc	ctg	gcg	acc	gca	acg	aac	cgt	cga
Ile	Tyr	Ala	Pro	Thr	Gly	Glu	Ile	Leu	Ala	Thr	Ala	Thr	Asn	Arg	Arg

				40						45					50
gaa	gca	gac	cgc	gat	ccc	acg	gcc	cac	gcc	gaa	att	att	gct	tta	cga
Glu	Ala	Asp	Arg	Asp	Pro	Thr	Ala	His	Ala	Glu	Ile	Ile	Ala	Leu	Arg

55

60

65

cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc 355
Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr

70 75 80 85
gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc ggc gcc ttg gtg 403
Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val

90 95 100
ggt gct cga atc gga 418
Gly Ala Arg Ile Gly

105
<210> 1112
<211> 106
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1112
Val Gly Val Leu Pro Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg
1 5 10 15
Met Arg His Ala Leu Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val
20 25 30
Pro Val Gly Ala Val Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr
35 40 45
Ala Thr
Asn Arg Arg Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu
50 55 60
Ile Ile Ala Leu Arg Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg
65 70 75 80

Leu Ser Asp Cys Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys
85 90 95
Ala Gly Ala Leu Val Gly Ala Arg Ile Gly

100 105
<210> 1113
<211> 615
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(592)
<223> RXA00465
<400> 1113
tccccaacgc gcaccgaact tagccggatc gcagacttca cctggatgac caccgcagcc 60
caagcgctac cagcgttgat gcgaggtttg agcgcctaac atg act gaa gat gac 115
Met Thr Glu Asp Asp

1 5
tta gat ctg ctg cac cgc aca gta gaa cta gcc acc cag gca ctc aag 163
Leu Asp Leu Leu His Arg Thr Val Glu Leu Ala Thr Gln Ala Leu Lys

10 15 20
cag gga aac agt cct tat gga tcc ctg ctg gtt gat ccc ttc ggc gcg 211
Gln Gly Asn Ser Pro Tyr Gly Ser Leu Leu Val Asp Pro Phe Gly Ala

25 30 35

gtc gtt ttt gaa gac cac aac cga gat gcc gat ggg gat ctg acc aag 259
Val Val Phe Glu Asp His Asn Arg Asp Ala Asp Gly Asp Leu Thr Lys

40 45 50
cac ccg gaa ttc gcc atc gcc aaa tat gcg atc gaa aat tac agt gca 307
His Pro Glu Phe Ala Ile Ala Lys Tyr Ala Ile Glu Asn Tyr Ser Ala

55 60 65
tca gaa cgt gct gcg tgc act gtt tat acc tcg acg gaa cat tgc gcg 355
Ser Glu Arg Ala Ala Cys Thr Val Tyr Thr Ser Thr Glu His Cys Ala

70 75 80 85
atg tgc gcc ggt gcc cat gcg tgg gct gga ctg ggc aaa att tac tgc 403
Met Cys Ala Gly Ala His Ala Trp Ala Gly Leu Gly Lys Ile Tyr Cys

90 95 100
gcc acc aca ggt ggg caa aca gcc gct tgg tac gca aag tgg ggt gca 451
Ala Thr Thr Gly Gly Gln Thr Ala Ala Trp Tyr Ala Lys Trp Gly Ala

105 110 115
gaa tct ggg cct ttg aac ccg att tca gcg gac aaa att agc ccg aac 499
Glu Ser Gly Pro Leu Asn Pro Ile Ser Ala Asp Lys Ile Ser Pro Asn

120 125 130
ata tcc atc gaa gga cct gct tcc aga ttt gag gaa gtc ctg tat gaa 547
Ile Ser Ile Glu Gly Pro Ala Ser Arg Phe Glu Glu Val Leu Tyr Glu

135 140 145
ctg cat cga tgg ttt tat tta ggg cag tct ccg aat aag gct ctt 592
Leu His Arg Trp Phe Tyr Leu Gly Gln Ser Pro Asn Lys Ala Leu

150 155 160
tagcgctggg catgtgactt taa 615
<210> 1114
<211> 164
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1114
Met Thr Glu Asp Asp Leu Asp Leu Leu His Arg Thr Val Glu Leu Ala
1 5 10 15
Thr Gln Ala Leu Lys Gln Gly Asn Ser Pro Tyr Gly Ser Leu Leu Val
20 25 30
Asp Pro Phe Gly Ala Val Val
Phe Glu Asp His Asn Arg Asp Ala Asp
35 40 45
Gly Asp Leu Thr Lys His Pro Glu Phe Ala Ile Ala Lys Tyr Ala Ile
50 55 60
Glu Asn Tyr Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala Cys Thr Val Tyr Thr Ser
65 70 75 80

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

Lys Ile Ser Pro Asn Ile Ser Ile Glu Gly Pro Ala Ser Arg Phe Glu
130 135 140

Glu Val Leu Tyr Glu Leu His Arg Trp Phe Tyr Leu Gly Gln Ser Pro
145 150 155 160

Asn Lys Ala Leu

<210> 1115

<211> 1083

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1060)

<223> RXA00717

<400> 1115

aagcatcagt taaagcccg actattaaaa tctcctaaaa taggctagaa ttcacgggat 60
tcaatttcat acgttttctc tcaagattaa ggacacttac gtg acc cca ccc gct 115
Val Thr Pro Pro Ala

1 5
cgc cga gat ggc aca ccg gac aag aag cag agc aat cgc tct ggc gga 163
Arg Arg Asp Gly Thr Pro Asp Lys Lys Gln Ser Asn Arg Ser Gly Gly

10 15 20
tac cgg tct tca gtt cgt ggc tac aag cca gga tca tcc cgc cca aac 211
Tyr Arg Ser Ser Val Arg Gly Tyr Lys Pro Gly Ser Ser Arg Pro Asn

25 30 35
aca cgc cag cag cct cag aag aag gat gag att ctt ctc tcc aac gct 259
Thr Arg Gln Gln Pro Gln Lys Lys Asp Glu Ile Leu Leu Ser Asn Ala

40 45 50
aag cct gcc aag aag caa aac gta aaa tcc gac gac gat tgg tcg atg 307
Lys Pro Ala Lys Lys Gln Asn Val Lys Ser Asp Asp Asp Trp Ser Met

55 60 65
ggc ttc tta aac cgc aat gac tct gac gga gtt cgc ctg cag aag gtg 355
Gly Phe Leu Asn Arg Asn Asp Ser Asp Gly Val Arg Leu Gln Lys Val

70 75 80 85
ctt gcc caa gca ggt gtg gca tca cgt cga cac gca gaa atc ctg att 403
Leu Ala Gln Ala Gly Val Ala Ser Arg Arg His Ala Glu Ile Leu Ile

90 95 100
gat cag ggc cgt gtg gag gtc aac gat cgt atc gtg acc acc cag ggc 451
Asp Gln Gly Arg Val Glu Val Asn Asp Arg Ile Val Thr Thr Gln Gly

105 110 115
gtg cgc gtg gat cca aac aac gat gtc atc cgt gtt gac ggc gtc cgc 499
Val Arg Val Asp Pro Asn Asn Asp Val Ile Arg Val Asp Gly Val Arg

120 125 130
atc cac atc aac gag gac ctc gag tac ttc gtg ctc aac aag cct cgt 547

Ile His Ile Asn Glu Asp Leu Glu Tyr Phe Val Leu Asn Lys Pro Arg

135 140 145
ggc atg cac tcc acc atg agc gat gaa ctt ggt cgc cca tgc gtg ggt 595
Gly Met His Ser Thr Met Ser Asp Glu Leu Gly Arg Pro Cys Val Gly

150 155 160 165
gat ctg gtc agt gag aag act gca tct gga cag cgt ctg ttc cac gtc 643
Asp Leu Val Ser Glu Lys Thr Ala Ser Gly Gln Arg Leu Phe His Val

170 175 180
ggt cgc ctc gac gcg gac acc gaa ggt ttg ctg ctg ctc acc aac gat 691
Gly Arg Leu Asp Ala Asp Thr Glu Gly Leu Leu Leu Leu Thr Asn Asp

185 190 195
ggt gag ttg gct aac cgc ctc atg cac cct aag tac gaa gtg tcc aag 739
Gly Glu Leu Ala Asn Arg Leu Met His Pro Lys Tyr Glu Val Ser Lys

200 205 210
act tac ctt gct acc gtt cgc ggt gaa gca acc aat aag cta gtc agc 787
Thr Tyr Leu Ala Thr Val Arg Gly Glu Ala Thr Asn Lys Leu Val Ser

215 220 225
gct ctt cgt gat ggc gtg gag ttg gaa gat ggc cct gcc aag gct gac 835
Ala Leu Arg Asp Gly Val Glu Leu Glu Asp Gly Pro Ala Lys Ala Asp

230 235 240 245
ttt gcg cag att atc gac gta ttc cag ggc aag tcc ttg ttg cgc atc 883
Phe Ala Gln Ile Ile Asp Val Phe Gln Gly Lys Ser Leu Leu Arg Ile

250 255 260
gaa atc cac gaa ggc cgc aag cac att gtg cga cgc ctc ttc gat gag 931
Glu Ile His Glu Gly Arg Lys His Ile Val Arg Arg Leu Phe Asp Glu

265 270 275
ctc ggt ttc cca gtc gag cgc ctc gtg cgc acc aag ctg cac acc gtt 979
Leu Gly Phe Pro Val Glu Arg Leu Val Arg Thr Lys Leu His Thr Val

280 285 290
cag ctt ggt gat cag aag cca ggt tcc ctt cgt gca ctg aac tcc tct 1027
Gln Leu Gly Asp Gln Lys Pro Gly Ser Leu Arg Ala Leu Asn Ser Ser

295 300 305
gag ctg acc agc tta tac aag gtg gtc caa ctg tgacggaaat ttccaacatg 1080
Glu Leu Thr Ser Leu Tyr Lys Val Val Gln Leu

310 315 320
cct 1083
<210> 1116
<211> 320
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1116
Val Thr Pro Pro Ala Arg Arg Asp Gly Thr Pro Asp Lys Lys Gln Ser
1 5 10 15
Asn Arg Ser Gly Gly Tyr Arg Ser Ser Val Arg Gly Tyr Lys Pro Gly

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

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

 Leu Asn Lys Pro Arg Gly Met His Ser Thr Met Ser Asp Glu Leu Gly
 145 150 155 160

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

 Asn Lys Leu Val Ser Ala Leu Arg Asp Gly Val Glu Leu Glu Asp Gly
 225 230 235 240

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

 Ala Leu Asn Ser Ser Glu Leu Thr Ser Leu Tyr Lys Val Val Gln Leu
 305 310 315 320

<210> 1117

<211> 978

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(955)

<223> RXA01894

<400> 1117

agaatttttt cgaaaatgct ggcaccatca acagtgacat tgttagaaac ttcaaggaga 60

accatgaat gaaccggagc aacatcacgc gtccatgagg atg ccc aaa ccc aaa 115
 Met Pro Lys Pro Lys

 1 5
 aat aat gcg ggt cga gat ctc aaa gct gcc att gct gtg ggg atc gga 163
 Asn Asn Ala Gly Arg Asp Leu Lys Ala Ala Ile Ala Val Gly Ile Gly

 10 15 20
 ctg ggg gtc ctg gtt ctt ttg ggg att gtc cta agc cca tgg ggt tgg 211
 Leu Gly Val Leu Val Leu Leu Gly Ile Val Leu Ser Pro Trp Gly Trp

 25 30 35
 tac atc ctc gtt gca ggt ttt atg gct gca gca aca tgg gaa gtt ggt 259
 Tyr Ile Leu Val Ala Gly Phe Met Ala Ala Ala Thr Trp Glu Val Gly

 40 45 50
 agc aga ctt aaa gaa ggc ggc tat cat ttg cca ctg ccg att atg atc 307
 Ser Arg Leu Lys Glu Gly Gly Tyr His Leu Pro Leu Pro Ile Met Ile

 55 60 65
 atc ggc ggt cag gca atc atc tgg ctg tca tgg cca ttt ggc acg atg 355
 Ile Gly Gly Gln Ala Ile Ile Trp Leu Ser Trp Pro Phe Gly Thr Met

 70 75 80 85
 ggc att ttg gcg tct ttt gtg gcc act gtg ttg gtg ctg atg tat ttc 403
 Gly Ile Leu Ala Ser Phe Val Ala Thr Val Leu Val Leu Met Tyr Phe

 90 95 100
 cga att ttc tac aat ggc acg gaa aaa gaa gcc cgc aac tat ttg agg 451
 Arg Ile Phe Tyr Asn Gly Thr Glu Lys Glu Ala Arg Asn Tyr Leu Arg

 105 110 115
 gac acc tct gtg ggc atc ttc gtg ctc acc tgg att cca ttg ttc gga 499
 Asp Thr Ser Val Gly Ile Phe Val Leu Thr Trp Ile Pro Leu Phe Gly

 120 125 130
 agc ttc gct gcg atg ctg tcg ctg atg caa aac aat tcc atc ccg ggt 547
 Ser Phe Ala Ala Met Leu Ser Leu Met Gln Asn Asn Ser Ile Pro Gly

 135 140 145
 aca tat ttc att ttg acg ttc atg ctg tgt gtg atc gca tcg gat gtg 595
 Thr Tyr Phe Ile Leu Thr Phe Met Leu Cys Val Ile Ala Ser Asp Val

 150 155 160 165
 ggc ggg tat atc gcg ggt gtg ttc ttt gga tcg cac cca atg gcg ccg 643
 Gly Gly Tyr Ile Ala Gly Val Phe Phe Gly Ser His Pro Met Ala Pro

 170 175 180
 ttg gtg agt ccg aag aag tct tgg gaa ggc ttt gcc ggc tcc att gtc 691
 Leu Val Ser Pro Lys Lys Ser Trp Glu Gly Phe Ala Gly Ser Ile Val

 185 190 195
 tta gga tcg gtc act ggt gca ctc agt gtt cac ttc ctg ctc gat cac 739
 Leu Gly Ser Val Thr Gly Ala Leu Ser Val His Phe Leu Leu Asp His

 200 205 210

cac tgg tgg atg ggt gtg atc ttg ggt tgt gcc cta gtt gtg tgc gcc 787
 His Trp Trp Met Gly Val Ile Leu Gly Cys Ala Leu Val Val Cys Ala

 215 220 225
 acg ttg ggt gac ttg gtt gag tgc cag ttc aaa cgc gat ttg ggc atc 835
 Thr Leu Gly Asp Leu Val Glu Ser Gln Phe Lys Arg Asp Leu Gly Ile

 230 235 240 245
 aag gat atg tgc aac ctt ctt cca ggc cac ggc gga ttg atg gac cgt 883
 Lys Asp Met Ser Asn Leu Leu Pro Gly His Gly Gly Leu Met Asp Arg

 250 255 260
 ttg gat ggc atg ctc ccg gcc gcg atg gtg acg tgg ttg atc ctg agt 931
 Leu Asp Gly Met Leu Pro Ala Ala Met Val Thr Trp Leu Ile Leu Ser

 265 270 275
 gtg atc agc agc tgc tat ccg tgc taaagcttgg gccagcttta agt 978
 Val Ile Ser Ser Ser Tyr Pro Ser

 280 285
 <210> 1118
 <211> 285
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1118
 Met Pro Lys Pro Lys Asn Asn Ala Gly Arg Asp Leu Lys Ala Ala Ile
 1 5 10 15
 Ala Val Gly Ile Gly Leu Gly Val Leu Val Leu Leu Gly Ile Val Leu
 20 25 30
 Ser Pro Trp Gly Trp Tyr Ile Leu Val Ala Gly Phe Met Ala Ala Ala
 35 40 45
 Thr Trp Glu Val Gly Ser Arg Leu
 Lys Glu Gly Gly Tyr His Leu Pro
 50 55 60
 Leu Pro Ile Met Ile Ile Gly Gly Gln Ala Ile Ile Trp Leu Ser Trp
 65 70 75 80

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

 Asn Ser Ile Pro Gly Thr Tyr Phe Ile Leu Thr Phe Met Leu Cys Val
 145 150 155 160

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

Leu Val Val Cys Ala Thr Leu Gly Asp Leu Val Glu Ser Gln Phe Lys
225 230 235 240

Arg Asp Leu Gly Ile Lys Asp Met Ser Asn Leu Leu Pro Gly His Gly
245 250 255

Gly Leu Met Asp Arg Leu Asp Gly Met Leu Pro Ala Ala Met Val Thr
260 265 270

Trp Leu Ile Leu Ser Val Ile Ser Ser Ser Tyr Pro Ser

275 280 285

<210> 1119

<211> 879

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(856)

<223> RXA02536

<400> 1119

aagaagtgat cacgcgaacc tgtgtataac ttgcctcaaa ggcctaggc tgtggattat 60
gcgtattgcc ttgcttcaga tctcgacgaa ttccgataag atg gac aac ttc gcc 115
Met Asp Asn Phe Ala

1 5

ctg ctg cgt gat gct gct gaa aaa gct gcg gaa cag ggg gct cgg gtg 163
Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu Gln Gly Ala Arg Val

10 15 20

ttg gtg ttt ccg gag gcg act tcg caa agc ttt ggt acg gga agg ctt 211
Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe Gly Thr Gly Arg Leu

25 30 35

gat act cag gcg gag gag ctc gat ggc gaa ttc tcc acc gcg gta cga 259
Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe Ser Thr Ala Val Arg

40 45 50

aaa tta gcc gat gag ctg gac gtt gtc atc gtt gcg ggc atg ttc acc 307
Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val Ala Gly Met Phe Thr

55 60 65

cct gct gac acc gtg cag cgc ggt gaa aaa acg atc tcg cgc gtc aac 355
Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr Ile Ser Arg Val Asn

70 75 80 85

aac acc gtg ctg att agt ggc gct gga ttg cat cag gga tac aac aaa 403
Asn Thr Val Leu Ile Ser Gly Ala Gly Leu His Gln Gly Tyr Asn Lys

90 95 100

att cac aca tat gac gcg ttc ggt tat agg gaa tcc gac act gtg aaa 451
Ile His Thr Tyr Asp Ala Phe Gly Tyr Arg Glu Ser Asp Thr Val Lys

105 110 115

ccg ggc gat gag ctg gtt gta ttc gag gtc gac gat att aaa ttt ggt 499

Pro Gly Asp Glu Leu Val Val Phe Glu Val Asp Asp Ile Lys Phe Gly

120 125 130
gtg gcg aca tgc tac gat att cga ttc cca gaa cag ttc aaa gac ctc 547
Val Ala Thr Cys Tyr Asp Ile Arg Phe Pro Glu Gln Phe Lys Asp Leu

135 140 145
gcc cgc aac ggt gca cag ata att gtg gtt ccc acg tcg tgg caa gac 595
Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro Thr Ser Trp Gln Asp

150 155 160 165
ggg cct gga aaa tta gaa caa tgg gaa gtc ctc cct cgc gcg cgt gca 643
Gly Pro Gly Lys Leu Glu Gln Trp Glu Val Leu Pro Arg Ala Arg Ala

170 175 180
ctg gat tcc acc tgc tgg atc gta gcg tgt ggg caa gcg cga ctt cca 691
Leu Asp Ser Thr Cys Trp Ile Val Ala Cys Gly Gln Ala Arg Leu Pro

185 190 195
gaa gaa tta cgc gat gaa cga aaa ggc cct acg ggg att ggt cat tcc 739
Glu Glu Leu Arg Asp Glu Arg Lys Gly Pro Thr Gly Ile Gly His Ser

200 205 210
atg gtg aca aac cca cac ggt gaa gta att gct agc gcg ggt tat gag 787
Met Val Thr Asn Pro His Gly Glu Val Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Glu

215 220 225
cca gaa atg ttg atc gcg gat att gat gtc agc ggt ttg gcc aaa att 835
Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser Gly Leu Ala Lys Ile

230 235 240 245
cgg gag gca ttg cct gtt ctt taaccactgt ctaaggaatc act 879
Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu

250
<210> 1120
<211> 252
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1120
Met Asp Asn Phe Ala Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu
1 5 10 15
Gln Gly Ala Arg Val Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe
20 25 30
Gly Thr Gly Arg Leu Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe
35 40 45
Ser Thr Ala Val Arg Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val
50 55 60
Ala Gly Met Phe Thr Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr
65 70 75 80
Ile Ser Arg Val Asn Asn Thr Val Leu Ile Ser Gly Ala Gly Leu His
85 90 95
Gln Gly Tyr Asn Lys Ile His Thr Tyr Asp Ala Phe Gly Tyr Arg Glu
100 105 110

Ser Asp Thr Val Lys Pro Gly Asp Glu Leu Val Val Phe Glu Val Asp
115 120 125
Asp Ile Lys Phe Gly Val Ala Thr Cys Tyr Asp Ile Arg Phe Pro Glu
130 135 140

Gln Phe Lys Asp Leu Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro
145 150 155 160

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

Ser Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser
225 230 235 240

Gly Leu Ala Lys Ile Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu
245 250

<210> 1121
<211> 1528
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1528)
<223> RXN01209
<400> 1121
cagattgcag cacagaaggc atcggcgcca ggcagctttg cgggtggcgtt tattgatgcg 60
ctttatgacg tggatgcccc ggctgtggcc tcgttgggtg atg tgc gag agg cct 115
Met Cys Glu Arg Pro

1 5
gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt 163
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val

10 15 20
ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att 211
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile

25 30 35
tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg 259
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val

40 45 50
gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctc tgc gat gct 307
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala

55 60 65
cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag 355
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu

70	75	80	85	
ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa				403
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln				
	90	95	100	
	gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa			451
	Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu			
	105	110	115	
aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt				499
Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly				
	120	125	130	
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg				547
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala				
	135	140	145	
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag				595
Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu				
	150	155	160	165
atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga				643
Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly				
	170	175	180	
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac				691
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp				
	185	190	195	
ggc ctg tgc gtg gtc tct gaa atc atg acc gcc gcc aat cca gca gct				739
Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala Ala Asn Pro Ala Ala				
	200	205	210	
gcg gca act cgc ctg cgg act gct ttt caa cct act ttc tcg cct gaa				787
Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro Thr Phe Ser Pro Glu				
	215	220	225	
act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat				835
Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn				
	230	235	240	245
tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca				883
Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr				
	250	255	260	
ggc ggt gca ggt att cag gct gat ctg aag tcc att gca gca ggt ggc				931
Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser Ile Ala Ala Gly Gly				
	265	270	275	
ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac				979
Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His				
	280	285	290	
ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag				1027
Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln				

295	300	305	
ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc			1075
Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly			
310	315	320	325
atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt			1123
Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly			
	330	335	340
tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc			1171
Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr			
	345	350	355
agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc			1219
Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg			
	360	365	370
ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc			1267
Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala			
	375	380	385
gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct			1315
Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala			
	390	395	400
cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag			1363
Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys			
	410	415	420
ggt gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc			1411
Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro			
	425	430	435
gac ggc tcg gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac			1459
Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn			
	440	445	450
tcc cat ggc aca ggc tgt tcg ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc			1507
Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile			
	455	460	465
gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa			1528
Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu			
470	475		
<210> 1122			
<211> 476			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 1122			
Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu			
1 5 10 15			
Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile			
20 25 30			
Val Asp Ser Ala Ile Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp			

35	40	45
Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys		
50	55	60
Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu		
65	70	75
		80
Asp Ile Ala Val Glu Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp		
85	90	95
Thr Pro Tyr Thr Gln Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu		
100	105	110
Gly Leu Ser Ile Glu Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln		
115	120	125
Cys Ala Glu Thr Gly Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro		
130	135	140
Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val		
145	150	155
		160
Glu Gly Ile Ala Glu Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala		
165	170	175
Ser Val Ala Ile Gly Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala		
180	185	190
Ala Thr Pro Ile Asp Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala		
195	200	205
Ala Asn Pro Ala Ala Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro		
210	215	220
Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln		
225	230	235
		240
Gly Ala Phe Val Asn Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala		
245	250	255
Gly Thr Asp Pro Thr Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser		
260	265	270
Ile Ala Ala Gly Gly Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val		
275	280	285
Ala Gln Asn Thr His Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr		
290	295	300
Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp		
305	310	315
		320
Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val		
325	330	335
Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro		
340	345	350
Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu		
355	360	365
Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn		
370	375	380
Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met		
385	390	395
		400
Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr		

```

            405                410                415
Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn
            420                425                430
Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
            435                440                445
Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
            450                455                460

Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

465                470                475
<210> 1123
<211> 1528
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1528)
<223> FRXA01209
<400> 1123
cagattgcag cacagaaggc atcggcgcca ggcagctttg cgggtggcgtt tattgatgcg 60
ctttatgacg tggatgcccc ggctgtggcc tcgttggttg atg tgc gag agg cct 115
Met Cys Glu Arg Pro

            1                5
gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt 163
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val

            10                15                20
ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att 211
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile

            25                30                35
tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg 259
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val

            40                45                50
gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctc tgc gat gct 307
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala

            55                60                65
cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag 355
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu

            70                75                80                85
ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa 403
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln

            90                95                100
gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa 451
Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu

            105                110                115
aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt 499

```


Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly

120 125 130
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg 547
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala

135 140 145
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag 595
Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu

150 155 160 165
atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga 643
Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly

170 175 180
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac 691
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp

185 190 195
ggc ctg tgc gtg gtc tct gaa atc atg acc gcc gcc aat cca gca gct 739
Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala Ala Asn Pro Ala Ala

200 205 210
gcg gca act cgc ctg cgg act gct ttt caa cct act ttc tcg cct gaa 787
Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro Thr Phe Ser Pro Glu

215 220 225
act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat 835
Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn

230 235 240 245
tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca 883
Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr

250 255 260
ggc ggt gca ggt att cag gct gat ctg aag tcc att gca gca ggt ggc 931
Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser Ile Ala Ala Gly Gly

265 270 275
ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac 979
Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His

280 285 290
ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag 1027
Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln

295 300 305
ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc 1075
Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly

310 315 320 325
atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt 1123
Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly

330 335 340
tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc 1171

Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr

345 350 355
 agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc 1219
 Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg

360 365 370
 ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc 1267
 Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala

375 380 385
 gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct 1315
 Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala

390 395 400 405
 cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag 1363
 Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys

410 415 420
 ggt gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc 1411
 Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro

425 430 435
 gac ggc tcg gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac 1459
 Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn

440 445 450
 tcc cat ggc aca ggc tgt tcg ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc 1507
 Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile

455 460 465
 gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa 1528
 Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

470 475
 <210> 1124
 <211> 476
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1124
 Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
 1 5 10 15
 Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile
 20 25 30
 Val Asp Ser Ala Ile Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp
 35 40 45

Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys
 50 55 60
 Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu
 65 70 75 80

Asp Ile Ala Val Glu Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp
 85 90 95
 Thr Pro Tyr Thr Gln Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu
 100 105 110

Gly Leu Ser Ile Glu Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln
 115 120 125
 Cys Ala Glu Thr Gly Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro
 130 135 140
 Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val
 145 150 155 160
 Glu Gly Ile Ala Glu Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala
 165 170 175
 Ser Val Ala Ile Gly Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala
 180 185 190
 Ala Thr Pro Ile Asp Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala
 195 200 205
 Ala Asn Pro Ala Ala Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro
 210 215 220
 Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln
 225 230 235 240
 Gly Ala Phe Val Asn Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala
 245 250 255
 Gly Thr Asp Pro Thr Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser
 260 265 270
 Ile Ala Ala Gly Gly Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val
 275 280 285
 Ala Gln Asn Thr His Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr
 290 295 300
 Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp
 305 310 315 320
 Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val
 325 330 335
 Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro
 340 345 350
 Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu
 355 360 365
 Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn
 370 375 380
 Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met
 385 390 395 400
 Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr
 405 410 415
 Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn
 420 425 430
 Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
 435 440 445
 Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
 450 455 460
 Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu
 465 470 475

<210> 1125
 <211> 795
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> (101)..(772)
 <223> RXN01617
 <400> 1125

tcagaagcta ccggcggcgc cggcatccag gttgatttga agaccttcca gcatttaaga 60
 tgtttatggc attgggtcca tcacatgctt gggtggcctt ttg atc cta aag aca 115
 Leu Ile Leu Lys Thr

1 5
 act gga atc acc gtt ttg tcc cgg ttt gat gcg cag gtt atc gct aat 163
 Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala Gln Val Ile Ala Asn

10 15 20
 cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg aag atc 211
 Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val Lys Ile

25 30 35
 ggt atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc gct ttg 259
 Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr Ala Leu

40 45 50
 gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg atc tgc 307
 Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu Ile Cys

55 60 65
 aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc ctt cgc 355
 Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala Leu Arg

70 75 80 85
 gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac ttc gag 403
 Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn Phe Glu

90 95 100
 gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac gac ctg 451
 Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp Asp Leu

105 110 115
 aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac gtc gtt 499
 Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr Val Val

120 125 130
 gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac gta ctt 547
 Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp Val Leu

135 140 145
 ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc ggc gac 595
 Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile Gly Asp

150 155 160 165
 gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc acc gca 643

Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala

170 175 180

gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc gct aag 691

Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr Ala Lys

185 190 195

cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac gca ccg 739

Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro

200 205 210

ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt aaacaagctc 792

Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

215 220

cct 795

<210> 1126

<211> 224

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1126

Leu Ile Leu Lys Thr Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala

1 5 10 15

Gln Val Ile Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu

20 25 30

Asp Val Val Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro

Ala Thr Ile Asp Thr

35 40 45

Val Ala Thr Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp

50 55 60

Pro Val Leu Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr

65 70 75 80

Asp Thr Ala Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr

85 90 95

Pro Asn Asn Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu

100 105 110

Thr Ile Asp Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly

115 120 125

Pro Gln Tyr Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn

130 135 140

Ala Val Asp Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu

145 150 155 160

Pro Lys Ile Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala

165 170 175

Ala Val Ile Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala

180 185 190

Val Thr Thr Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val

195 200 205

Ala Ser Asn Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

210 215 220

<210> 1127

<211> 638

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(615)

<223> FRXA01617

<400> 1127

gct aat cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg 48
Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val

1 5 10 15
aag atc ggt atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc 96
Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr

20 25 30
gct ttg gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg 144
Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu

35 40 45
atc tgc aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc 192
Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala

50 55 60
ctt cgc gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac 240
Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn

65 70 75 80
ttc gag gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac 288
Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp

85 90 95
gac ctg aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac 336
Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr

100 105 110
gtc gtt gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac 384
Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp

115 120 125
gta ctt ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc 432
Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile

130 135 140
ggc gac gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc 480
Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile

145 150 155 160
acc gca gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc 528
Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr

165 170 175
gct aag cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac 576
Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn

180 185 190

gca ccg ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt 625
Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

195 200 205 638
aaacaagctc cct

<210> 1128

<211> 205

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1128

Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val
1 5 10 15
Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr
20 25 30
Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu
35 40
45
Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala
50 55 60
Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn
65 70 75 80

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

Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile
145 150 155 160

Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr
165 170 175
Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn
180 185 190
Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

195 200 205

<210> 1129

<211> 792

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(769)

<223> RXC01600

<400> 1129

tgagtacaaa tctcgtccaa cccatgctca tccactgttt tacggcctgg tgaagaccgc 60
tttggagctg cgtgtccacc cttagatcta caatgtgate atg gtt tcg aag atg 115
Met Val Ser Lys Met

1 5
cac att ccc ggt acc cat gag ttc acg gtg aca gat act gaa ctg ttg 163

His Ile Pro Gly Thr His Glu Phe Thr Val Thr Asp Thr Glu Leu Leu

10 15 20
tta gag tcc cca att ttg ggc gtt cgt cga gat tca ttg atc atg ccg 211
Leu Glu Ser Pro Ile Leu Gly Val Arg Arg Asp Ser Leu Ile Met Pro

25 30 35
ggt ggt tcc act gcc cgc cgt gaa gtg gtt gaa cac ttt ggg gcg gtc 259
Gly Gly Ser Thr Ala Arg Arg Glu Val Val Glu His Phe Gly Ala Val

40 45 50
gca gtg gtt gcc ttt gat ggt gaa aac att gcg atg gtc aag cag tac 307
Ala Val Val Ala Phe Asp Gly Glu Asn Ile Ala Met Val Lys Gln Tyr

55 60 65
cgt cgc agc gtg ggg gat tcc ttg tgg gag ctg cct gca ggt ttg ttg 355
Arg Arg Ser Val Gly Asp Ser Leu Trp Glu Leu Pro Ala Gly Leu Leu

70 75 80 85
gat att gct gat gag gat gaa ctc acg ggc gcg cag cgc gag ctc atg 403
Asp Ile Ala Asp Glu Asp Glu Leu Thr Gly Ala Gln Arg Glu Leu Met

90 95 100
gag gag gct ggt ttg gag gcc agt gag tgg tcc gtg ctc act gat ttg 451
Glu Glu Ala Gly Leu Glu Ala Ser Glu Trp Ser Val Leu Thr Asp Leu

105 110 115
att acc tcg cct ggt ttc tgc gat gaa gcg gtg cgt gtc ttt cta gcc 499
Ile Thr Ser Pro Gly Phe Cys Asp Glu Ala Val Arg Val Phe Leu Ala

120 125 130
cga ggc ctc aca aag gtt gag cgc ccg aag gtt atg ggc gat gaa gaa 547
Arg Gly Leu Thr Lys Val Glu Arg Pro Lys Val Met Gly Asp Glu Glu

135 140 145
gcg gac atg att aac cag tgg gtt ccg cta cat gag gca gtg gga atg 595
Ala Asp Met Ile Asn Gln Trp Val Pro Leu His Glu Ala Val Gly Met

150 155 160 165
gtg ttt agt ggc cag ttg gtt aac tcc att gcc att gcg ggt gtc atg 643
Val Phe Ser Gly Gln Leu Val Asn Ser Ile Ala Ile Ala Gly Val Met

170 175 180
gct gct gat gct gtg att gcg ggt cgt gcg tct gcg cgt gcc gtc acc 691
Ala Ala Asp Ala Val Ile Ala Gly Arg Ala Ser Ala Arg Ala Val Thr

185 190 195
gcg ccg ttt acc tat cgc cct acg gcg ttg gcg cag cgt cga aaa gcg 739
Ala Pro Phe Thr Tyr Arg Pro Thr Ala Leu Ala Gln Arg Arg Lys Ala

200 205 210
cac ggc att gtt cct gac atg aaa aaa cta tgaaggctcg cgtttttagcg 789
His Gly Ile Val Pro Asp Met Lys Lys Leu

215 220
aaa 792

<210> 1130

<211> 223

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1130

```
Met Val Ser Lys Met His Ile Pro Gly Thr His Glu Phe Thr Val Thr
  1             5             10             15
Asp Thr Glu Leu Leu Leu Glu Ser Pro Ile Leu Gly Val Arg Arg Asp
      20             25             30
Ser Leu Ile Met Pro Gly Gly Ser Thr Ala Arg Arg
Glu Val Val Glu
      35             40             45
His Phe Gly Ala Val Ala Val Val Ala Phe Asp Gly Glu Asn Ile Ala
      50             55             60
Met Val Lys Gln Tyr Arg Arg Ser Val Gly Asp Ser Leu Trp Glu Leu
      65             70             75             80
```

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

```
Met Gly Asp Glu Glu Ala Asp Met Ile Asn Gln Trp Val Pro Leu His
      145            150            155            160
```

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

```
      210            215            220
```

<210> 1131

<211> 726

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(703)

<223> RXC01622

<400> 1131

```
aaggcgtggg cgtttttgaa ggagcttcgt ttggagcgcg gtcctttgga tcgtgaagtt 60
gccatgcgag agctgaagag ctgggtgggaa ggagaaaaca atg agt gat ttt tat 115
Met Ser Asp Phe Tyr
```

```
      1             5
gcc gac agg ttg ttt aac gcg atg gag cgc aat gag gta gct cca ggc 163
Ala Asp Arg Leu Phe Asn Ala Met Glu Arg Asn Glu Val Ala Pro Gly
```

```
      10             15             20
```

atg ttg ttg gtg gct gcg ccc gat atg gcg tcg gag gat ttt gag cgc 211
Met Leu Leu Val Ala Ala Pro Asp Met Ala Ser Glu Asp Phe Glu Arg

25 30 35
agc atc gtg ttg atc atc gag cat tct cct gcc acc act ttt ggt gtg 259
Ser Ile Val Leu Ile Ile Glu His Ser Pro Ala Thr Thr Phe Gly Val

40 45 50
aac att tct tca cgt tcc gat gtt gct gtg gcc aat gtg ttg ccc gag 307
Asn Ile Ser Ser Arg Ser Asp Val Ala Val Ala Asn Val Leu Pro Glu

55 60 65
tgg gtg gac ctc acc tcg aag cca cag gca ctg tac atc ggt ggg ccg 355
Trp Val Asp Leu Thr Ser Lys Pro Gln Ala Leu Tyr Ile Gly Gly Pro

70 75 80 85
ttg agc cag cag gct gtg gtt ggt ttg ggc gtg acc aag ccg ggc gtg 403
Leu Ser Gln Gln Ala Val Val Gly Leu Gly Val Thr Lys Pro Gly Val

90 95 100
gat att gaa aat tcc acc agc ttc aac aag ctc gcc aac cgc ctg gtg 451
Asp Ile Glu Asn Ser Thr Ser Phe Asn Lys Leu Ala Asn Arg Leu Val

105 110 115
cac gtg gat ctg cgt tct gca cct gaa gat gtg gct gat gat ctt gag 499
His Val Asp Leu Arg Ser Ala Pro Glu Asp Val Ala Asp Asp Leu Glu

120 125 130
ggc atg cgc ttt ttt gcg ggc tac gcg gag tgg gct ccg ggc cag ctc 547
Gly Met Arg Phe Phe Ala Gly Tyr Ala Glu Trp Ala Pro Gly Gln Leu

135 140 145
aac gag gaa att gag cag ggt gat tgg ttc gtc aca cct gcg ttg ccg 595
Asn Glu Glu Ile Glu Gln Gly Asp Trp Phe Val Thr Pro Ala Leu Pro

150 155 160 165
tcg gac att atc gcg ccg ggc cgc gtc gat att tgg ggc gac gtg atg 643
Ser Asp Ile Ile Ala Pro Gly Arg Val Asp Ile Trp Gly Asp Val Met

170 175 180
cgt cga caa gca atg cct ttg ccg ttg tat tcc acg ttt ccg tcg gac 691
Arg Arg Gln Ala Met Pro Leu Pro Leu Tyr Ser Thr Phe Pro Ser Asp

185 190 195
cct tca gat aat tagatgagtt ccgaaaattt aaa 726
Pro Ser Asp Asn

200
<210> 1132
<211> 201
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1132
Met Ser Asp Phe Tyr Ala Asp Arg Leu Phe Asn Ala Met Glu Arg Asn
1 5 10 15
Glu Val Ala Pro Gly Met Leu Leu Val Ala Ala Pro Asp Met Ala Ser

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

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

 Ala Pro Gly Gln Leu Asn Glu Glu Ile Glu Gln Gly Asp Trp Phe Val
 145 150 155 160

 Thr Pro Ala Leu Pro Ser Asp Ile Ile Ala Pro Gly Arg Val Asp Ile
 165 170 175
 Trp Gly Asp Val Met Arg Arg Gln Ala Met Pro Leu Pro Leu Tyr Ser
 180 185 190
 Thr Phe Pro Ser Asp Pro Ser Asp Asn

 195 200
 <210> 1133
 <211> 1827
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1804)
 <223> RXC00128
 <400> 1133
 ccattttccg tttggtcttg cctaaagaac cgcatggaaa ttatcgtgaa gcaccgatecc 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 65 355
tat ccg act cag cag tat gaa gcg gcg aag gcg tat ctg acg gaa ggg
Tyr Pro Thr Gln Gln Tyr Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Leu Thr Glu Gly

70 75 80 85 403
acg cgc agc acg tgg aat ccg gct gcg tcg act cgt att ttg gat cgc
Thr Arg Ser Thr Trp Asn Pro Ala Ala Ser Thr Arg Ile Leu Asp Arg

90 95 100 451
att gat ctg aac act ctg cca ggt tcg acg aat gcg gaa cga acg att
Ile Asp Leu Asn Thr Leu Pro Gly Ser Thr Asn Ala Glu Arg Thr Ile

105 110 115 499
gcg atc cgt gga acg cag gtc gga acg ttg ctc agc ggt ggc gtg tat
Ala Ile Arg Gly Thr Gln Val Gly Thr Leu Leu Ser Gly Gly Val Tyr

120 125 130 547
cag ccg gag aat gcg gag ttt gaa gct gag atc acg atg cgt cgg gaa
Gln Pro Glu Asn Ala Glu Phe Glu Ala Glu Ile Thr Met Arg Arg Glu

135 140 145 595
gat ggg gag tgg cgt atc gat gct ttg ccg gac ggg att tta tta gag
Asp Gly Glu Trp Arg Ile Asp Ala Leu Pro Asp Gly Ile Leu Leu Glu

150 155 160 165 643
aga aac gat ctg cgg aac cat tac act ccg cac gat gtg tat ttc ttt
Arg Asn Asp Leu Arg Asn His Tyr Thr Pro His Asp Val Tyr Phe Phe

170 175 180 691
gat cct tct ggc cag gtg ttg gtg ggg gat cgg cgt tgg ttg ttc aat
Asp Pro Ser Gly Gln Val Leu Val Gly Asp Arg Arg Trp Leu Phe Asn

185 190 195 739
gag tcg cag tcg atg tcc acg gtg ctg atg gcc ctt ctg gtt aat ggt
Glu Ser Gln Ser Met Ser Thr Val Leu Met Ala Leu Leu Val Asn Gly

200 205 210 787
cct tcg ccg gca att tct cct ggt gtg gtc aat cag ctg tcc acg gat
Pro Ser Pro Ala Ile Ser Pro Gly Val Val Asn Gln Leu Ser Thr Asp

215 220 225 835
gcg tcg ttc gtg ggg ttc aat gat ggg gag tat cag ttc act ggt ttg
Ala Ser Phe Val Gly Phe Asn Asp Gly Glu Tyr Gln Phe Thr Gly Leu

230 235 240 245 883
gga aat ttg gat gat gat gcg cgt ttg cgt ttc gcc gcc cag gcc gtg
Gly Asn Leu Asp Asp Asp Ala Arg Leu Arg Phe Ala Ala Gln Ala Val

250 255 260 931
tgg acg ttg gcg cat gct gat gtc gca ggc ccc tac act ttg gtc gct
Trp Thr Leu Ala His Ala Asp Val Ala Gly Pro Tyr Thr Leu Val Ala

265 270 275 979
gac ggc gcg ccg ttg ctg tcg gag ttc cca acg ctc acc acc gat gac

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> 1134

<211> 568

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1134

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> 1135

<211> 555

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(532)

<223> RXC01709

<400> 1135

gcaagtggaa ccacgatggg aacggtaact gctgccgctg cggtattact cgtagtttca 60
gaaattaggt gtcgatgcag caatacggaa ctttgccaat gtg ttt gaa caa gct 115
Val Phe Glu Gln Ala

1 5
ctc ggg ctc acc acc ctt gca caa aca gct gga gcg ggc gca gcg ggg 163
Leu Gly Leu Thr Thr Leu Ala Gln Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ala Gly

10 15 20
ggc ttg ggt ttc atg gca atg gcg ttg ttg tct gca ggg atg cgc tcc 211
Gly Leu Gly Phe Met Ala Met Ala Leu Leu Ser Ala Gly Met Arg Ser

25 30 35
ggc gtg gac atg att ctt aat gaa acc ggg ggt gaa aag atg ctt gca 259
Gly Val Asp Met Ile Leu Asn Glu Thr Gly Gly Glu Lys Met Leu Ala

40 45 50
cag gca gat tta gtc atc act gga gaa gga cgc att gat gca cag acc 307
Gln Ala Asp Leu Val Ile Thr Gly Glu Gly Arg Ile Asp Ala Gln Thr

55 60 65
ctc agc ggg aaa gct cct act gga atc gcc aaa cgg gca cgt gcg aaa 355
Leu Ser Gly Lys Ala Pro Thr Gly Ile Ala Lys Arg Ala Arg Ala Lys

70 75 80 85
gga att cca gta ctg gcg gtt tgt ggg cag agc cta ttg ggt cca gca 403
Gly Ile Pro Val Leu Ala Val Cys Gly Gln Ser Leu Leu Gly Pro Ala

90 95 100
atc tca aat gag cta ttt gaa gac atc tac agc ttt acc gat ttc gaa 451
Ile Ser Asn Glu Leu Phe Glu Asp Ile Tyr Ser Phe Thr Asp Phe Glu

105 110 115
tct gac atc aat gaa tgc att cga aac ccg ctc cca att ttg gaa ggt 499
Ser Asp Ile Asn Glu Cys Ile Arg Asn Pro Leu Pro Ile Leu Glu Gly

120 125 130
atc ggt ttt aac atc gcc aaa cat cat ctg agt tagcgatatt tcagcaaacc 552
Ile Gly Phe Asn Ile Ala Lys His His Leu Ser

135 140
gat 555

<210> 1136

<211> 144

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1136

Val Phe Glu Gln Ala Leu Gly Leu Thr Thr Leu Ala Gln Thr Ala Gly
1 5 10 15
Ala Gly Ala Ala Gly Gly Leu Gly Phe Met Ala Met Ala Leu Leu Ser

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

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

 <210> 1137
 <211> 898
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(898)
 <223> RXC02207
 <400> 1137
 gaatcggatga ctttgccaac accaatcaca caagcccttg atgatgtctc cctgtgactt 60
 ggtccaatta cattcactgg taatctgaaa ccttgtgaat atg cgc cgt cga tcc 115
 Met Arg Arg Arg Ser

 1 5
 cgt gtg tcc cgt ttg ctt ccc gcc aca gct ttg ctg gcc tca act gca 163
 Arg Val Ser Arg Leu Leu Pro Ala Thr Ala Leu Leu Ala Ser Thr Ala

 10 15 20
 ctt ctt tta agt gca tgt acg caa ggg gta acg gac tcc ccg gat atg 211
 Leu Leu Leu Ser Ala Cys Thr Gln Gly Val Thr Asp Ser Pro Asp Met

 25 30 35
 ggc aag gca act ccc gct gtc tcc ccc gca gca agc aac ccg gat ggc 259
 Gly Lys Ala Thr Pro Ala Val Ser Pro Ala Ala Ser Asn Pro Asp Gly

 40 45 50
 caa gta att gag ttc ggc aac atc act gac atg gaa gtc act gat ggt 307
 Gln Val Ile Glu Phe Gly Asn Ile Thr Asp Met Glu Val Thr Asp Gly

 55 60 65
 gac atc ctc ggt gta cgc acc gaa gac gca ctc gct att ggt aca gtc 355
 Asp Ile Leu Gly Val Arg Thr Glu Asp Ala Leu Ala Ile Gly Thr Val

 70 75 80 85
 tcc gac ttc gaa gcg ggt agc cag gtg gaa ctg gac gtc gat aag caa 403
 Ser Asp Phe Glu Ala Gly Ser Gln Val Glu Leu Asp Val Asp Lys Gln

90	95	100	
tgc ggc gac ctg acc gca acc ggc ggc act ttc gtg ctc ccc tgc gcc			451
Cys Gly Asp Leu Thr Ala Thr Gly Gly Thr Phe Val Leu Pro Cys Ala			
105	110	115	
gat ggc gtt tat ttg att gat gcc aag gac ccg gat ctg gat gag ttg			499
Asp Gly Val Tyr Leu Ile Asp Ala Lys Asp Pro Asp Leu Asp Glu Leu			
120	125	130	
cgt gca act gac aag cca gtc acg gtg gca gcc ttg acc agc gat gat			547
Arg Ala Thr Asp Lys Pro Val Thr Val Ala Ala Leu Thr Ser Asp Asp			
135	140	145	
cag ctt ctg gtg ggc aat ggt gaa gat gaa gaa ctc acc atc tac cgc			595
Gln Leu Leu Val Gly Asn Gly Glu Asp Glu Glu Leu Thr Ile Tyr Arg			
150	155	160	165
gag ggc gaa gag cca gaa acc ttc acc gtc gcg ggt ccc aat acc cag			643
Glu Gly Glu Glu Pro Glu Thr Phe Thr Val Ala Gly Pro Asn Thr Gln			
170	175	180	
ctc atc gcc gtt cct gtc att gat cgc cac gac gcc gtt gtg cgc acc			691
Leu Ile Ala Val Pro Val Ile Asp Arg His Asp Ala Val Val Arg Thr			
185	190	195	
tgg aac gaa aac acc acg att caa gat gtg gac tac ccc aac gac cgt			739
Trp Asn Glu Asn Thr Thr Ile Gln Asp Val Asp Tyr Pro Asn Asp Arg			
200	205	210	
gaa ggc gcg acc ctt cgc gtg gga ctc ggc gtt ggt caa atg gct ggt			787
Glu Gly Ala Thr Leu Arg Val Gly Leu Gly Val Gly Gln Met Ala Gly			
215	220	225	
ggc gaa gac ggc ctg ctg gtg gtc tct gat gaa atg ggt ggc caa att			835
Gly Glu Asp Gly Leu Leu Val Val Ser Asp Glu Met Gly Gly Gln Ile			
230	235	240	245
gcc atc tac aac gct gat gat gtc atc cga ctt caa aat gac cgc ccc			883
Ala Ile Tyr Asn Ala Asp Asp Val Ile Arg Leu Gln Asn Asp Arg Pro			
250	255	260	
cac cga cga gga acc			898
His Arg Arg Gly Thr			
265			
<210> 1138			
<211> 266			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 1138			
Met Arg Arg Arg Ser Arg Val Ser Arg Leu Leu Pro Ala Thr Ala Leu			
1 5 10 15			
Leu Ala Ser Thr Ala Leu Leu Leu Ser Ala Cys Thr Gln Gly Val Thr			
20 25 30			
Asp Ser Pro Asp Met Gly Lys Ala Thr Pro Ala Val Ser Pro Ala Ala			
35 40 45			

Ser Asn
Pro Asp Gly Gln Val Ile Glu Phe Gly Asn Ile Thr Asp Met
50 55 60
Glu Val Thr Asp Gly Asp Ile Leu Gly Val Arg Thr Glu Asp Ala Leu
65 70 75 80

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

Leu Thr Ser Asp Asp Gln Leu Leu Val Gly Asn Gly Glu Asp Glu Glu
145 150 155 160

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

Gly Gln Met Ala Gly Gly Glu Asp Gly Leu Leu Val Val Ser Asp Glu
225 230 235 240

Met Gly Gly Gln Ile Ala Ile Tyr Asn Ala Asp Asp Val Ile Arg Leu
245 250 255
Gln Asn Asp Arg Pro His Arg Arg Gly Thr

260 265

<210> 1139
<211> 891
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

<221> CDS
<222> (101)..(868)
<223> RXA00347
<400> 1139
tcggccagca atccgcttgg tgtctctggat cgcgccgaca tcttaaggtg ccagggtttt 60
aaagtgccag ggggtctgtg ggatccgtac actggttccc atg act ttg act att 115
Met Thr Leu Thr Ile

1 5
gag gaa atc gcc aag acc aaa aag ctt ttg gtt gtg tcc gat ttt gat 163
Glu Glu Ile Ala Lys Thr Lys Lys Leu Leu Val Val Ser Asp Phe Asp

10 15 20
gga acc atc gca gga ttt agc aag gac gct tac aac gtt cct atc aac 211

Gly Thr Ile Ala Gly Phe Ser Lys Asp Ala Tyr Asn Val Pro Ile Asn

25 30 35
cag aaa tcc ctc aag gcg gta aaa gac ctc tcc caa caa gca gac act 259
Gln Lys Ser Leu Lys Ala Val Lys Asp Leu Ser Gln Gln Ala Asp Thr

40 45 50
gat gtt gtc att ttg tgc gga cgt cac ctg gag gga ttg aag acg gtt 307
Asp Val Val Ile Leu Ser Gly Arg His Leu Glu Gly Leu Lys Thr Val

55 60 65
ctt gat ctt ggt cag tac gac atc acc atg gtg ggt tca cac ggt tct 355
Leu Asp Leu Gly Gln Tyr Asp Ile Thr Met Val Gly Ser His Gly Ser

70 75 80 85
gag gat tcc tcc cgc ccg cgt acc ctc act cct gaa gag gta gct cgc 403
Glu Asp Ser Ser Arg Pro Arg Thr Leu Thr Pro Glu Glu Val Ala Arg

90 95 100
ctc gcc aag att gaa gca gat ctg gaa aag atc gtc gac ggc atc gaa 451
Leu Ala Lys Ile Glu Ala Asp Leu Glu Lys Ile Val Asp Gly Ile Glu

105 110 115
ggc gca ttc gtg gag atc aag cct ttc cac cgc gtg ctg cac ttc atc 499
Gly Ala Phe Val Glu Ile Lys Pro Phe His Arg Val Leu His Phe Ile

120 125 130
cgt gtt tcc gac aag gac aaa gtc caa gga atc ctc gcc caa gca gca 547
Arg Val Ser Asp Lys Asp Lys Val Gln Gly Ile Leu Ala Gln Ala Ala

135 140 145
cac gta gac tct tcc ggc ctg aag gtt act aac ggc aag agc atc atc 595
His Val Asp Ser Ser Gly Leu Lys Val Thr Asn Gly Lys Ser Ile Ile

150 155 160 165
gaa tac tcc atc agc tcc acc acc aag ggc acc tgg ctg aag gaa tac 643
Glu Tyr Ser Ile Ser Ser Thr Thr Lys Gly Thr Trp Leu Lys Glu Tyr

170 175 180
gtt gac cgc acc gag ccc act ggt gtg att ttc ctc ggc gat gac acc 691
Val Asp Arg Thr Glu Pro Thr Gly Val Ile Phe Leu Gly Asp Asp Thr

185 190 195
acc gat gag cac ggt ttc aaa gct tta gaa aac gat gat cgt gcc cta 739
Thr Asp Glu His Gly Phe Lys Ala Leu Glu Asn Asp Asp Arg Ala Leu

200 205 210
acc gtc aag gtt ggc gaa gga gac act gca gcc aaa acc cgc gtc gac 787
Thr Val Lys Val Gly Glu Gly Asp Thr Ala Ala Lys Thr Arg Val Asp

215 220 225
gat gtt gat aat gtg gga att ttc cta gag aaa ctc gcc tac cac cgc 835
Asp Val Asp Asn Val Gly Ile Phe Leu Glu Lys Leu Ala Tyr His Arg

230 235 240 245

atg cag tat gcg gaa agc gtg cga ttg ggg att taagagagcc taaacgcacg 888

Met Gln Tyr Ala Glu Ser Val Arg Leu Gly Ile

250

255

891

aaa

<210> 1140

<211> 256

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1140

Met Thr Leu Thr Ile Glu Glu Ile Ala Lys Thr Lys Lys Leu Leu Val

1 5 10 15

Val Ser Asp Phe Asp Gly Thr Ile Ala Gly Phe Ser Lys Asp Ala Tyr

20 25 30

Asn Val Pro Ile Asn Gln Lys Ser Leu Lys Ala

Val Lys Asp Leu Ser

35 40 45

Gln Gln Ala Asp Thr Asp Val Val Ile Leu Ser Gly Arg His Leu Glu

50 55 60

Gly Leu Lys Thr Val Leu Asp Leu Gly Gln Tyr Asp Ile Thr Met Val

65 70 75 80

Gly Ser His Gly Ser Glu Asp Ser Ser Arg Pro Arg Thr Leu Thr Pro

85 90 95

Glu Glu Val Ala Arg Leu Ala Lys Ile Glu Ala Asp Leu Glu Lys Ile

100 105 110

Val Asp Gly Ile Glu Gly Ala Phe Val Glu Ile Lys Pro Phe His Arg

115 120 125

Val Leu His Phe Ile Arg Val Ser Asp Lys Asp Lys Val Gln Gly Ile

130 135 140

Leu Ala Gln Ala Ala His Val Asp Ser Ser Gly Leu Lys Val Thr Asn

145 150 155 160

Gly Lys Ser Ile Ile Glu Tyr Ser Ile Ser Ser Thr Thr Lys Gly Thr

165 170 175

Trp Leu Lys Glu Tyr Val Asp Arg Thr Glu Pro Thr Gly Val Ile Phe

180 185 190

Leu Gly Asp Asp Thr Thr Asp Glu His Gly Phe Lys Ala Leu Glu Asn

195 200 205

Asp Asp Arg Ala Leu Thr Val Lys Val Gly Glu Gly Asp Thr Ala Ala

210 215 220

Lys Thr Arg Val Asp Asp Val Asp Asn Val Gly Ile Phe Leu Glu Lys

225 230 235 240

Leu Ala Tyr His Arg Met Gln Tyr Ala Glu Ser Val Arg Leu Gly Ile

245 250 255

<210> 1141

<211> 2556

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2533)

<223> RXN01239

<400> 1141

gcacttgctg cgtaaatttt ttteccacgc cgggaatgcg tgaacactaa gatcgaggac 60
gtaccgcacg attttgccta acttttaagg gtgtttcatc atg gca cgt cca att 115
Met Ala Arg Pro Ile

1 5
tcc gca acg tac agg ctt caa atg cga gga cct caa gca gat agc gcc 163
Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro Gln Ala Asp Ser Ala

10 15 20
ggg cgt tca ttt ggt ttt gcg cag gcc aaa gcc cag ctt ccc tat ctg 211
Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala Gln Leu Pro Tyr Leu

25 30 35
aag aag cta ggc atc agc cac ctg tac ctc tcc cct att ttt acg gcc 259
Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser Pro Ile Phe Thr Ala

40 45 50
atg cca gat tcc aat cat ggc tac gat gtc att gat ccc acc acc atc 307
Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile Asp Pro Thr Thr Ile

55 60 65
aat gaa gag ctc ggt ggc atg gag ggt ctt cga gat ctt gcc gca gct 355
Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg Asp Leu Ala Ala Ala

70 75 80 85
aca cac gag ttg ggc atg ggc atc atc att gat att gtt ccc aac cat 403
Thr His Glu Leu Gly Met Gly Ile Ile Ile Asp Ile Val Pro Asn His

90 95 100
tta ggt gtt gcc gtt cca cat ttg aat cct tgg tgg tgg gat gtt cta 451
Leu Gly Val Ala Val Pro His Leu Asn Pro Trp Trp Trp Asp Val Leu

105 110 115
aaa aac ggc aaa gat tcc gct ttt gag ttc tat ttc gat att gac tgg 499
Lys Asn Gly Lys Asp Ser Ala Phe Glu Phe Tyr Phe Asp Ile Asp Trp

120 125 130
cac gaa gac aac ggt tct ggt ggc aag ctg ggc atg ccg att ctg ggt 547
His Glu Asp Asn Gly Ser Gly Gly Lys Leu Gly Met Pro Ile Leu Gly

135 140 145
gct gaa ggc gat gaa gac aag ctg gaa ttc gcg gag ctt gat gga gag 595
Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala Glu Leu Asp Gly Glu

150 155 160 165
aaa gtg ctc aaa tat ttt gac cac ctc ttc cca atc gcg cct ggt acc 643
Lys Val Leu Lys Tyr Phe Asp His Leu Phe Pro Ile Ala Pro Gly Thr

170 175 180
gaa gaa ggg aca ccg caa gaa gtc tac aag cgc cag cat tac cgc ctg 691
Glu Glu Gly Thr Pro Gln Glu Val Tyr Lys Arg Gln His Tyr Arg Leu

185 190 195
cag ttc tgg cgc gat ggc gtg atc aac ttc cgt cgc ttc ttt tcc gtg 739

Gln Phe Trp Arg Asp Gly Val Ile Asn Phe Arg Arg Phe Phe Ser Val

200 205 210
aat acg ttg gct ggc atc agg caa gaa gat ccc tta gtg ttt gaa cat 787
Asn Thr Leu Ala Gly Ile Arg Gln Glu Asp Pro Leu Val Phe Glu His

215 220 225
act cat cgt ctg ctg cgc gaa ttg gtg gcg gaa gac ctc att gac ggc 835
Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu Asp Leu Ile Asp Gly

230 235 240 245
gtg cgc gtc gat cac ccc gac ggg ctt tcc gat cct ttt gga tat ctg 883
Val Arg Val Asp His Pro Asp Gly Leu Ser Asp Pro Phe Gly Tyr Leu

250 255 260
cac aga ctc cgc gac ctc att gga cct gac cgc tgg ctg atc atc gaa 931
His Arg Leu Arg Asp Leu Ile Gly Pro Asp Arg Trp Leu Ile Ile Glu

265 270 275
aag atc ttg agc gtt gat gaa cca ctc gat ccc cgc ctg gcc gtt gat 979
Lys Ile Leu Ser Val Asp Glu Pro Leu Asp Pro Arg Leu Ala Val Asp

280 285 290
ggc acc act ggc tac gac gcc ctc cgt gaa ctc gac ggc gtg ttt atc 1027
Gly Thr Thr Gly Tyr Asp Ala Leu Arg Glu Leu Asp Gly Val Phe Ile

295 300 305
tcc cga gaa tct gag gac aaa ttc tcc atg ctg gcg ctg acc cac agt 1075
Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu Ala Leu Thr His Ser

310 315 320 325
gga tcc acc tgg gat gaa cgc gcc ctc aaa tcc acg gag gaa agc ctc 1123
Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser Thr Glu Glu Ser Leu

330 335 340
aaa cga gtc gtc gcc caa caa gaa ctc gca gcc gaa atc tta agg ctc 1171
Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala Glu Ile Leu Arg Leu

345 350 355
gcc cgc gcc atg cgc cgc gat aac ttc tcc acc gca ggc acc aac gtc 1219
Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr Ala Gly Thr Asn Val

360 365 370
acc gaa gac aaa ctt agc gaa acc atc atc gaa tta gtc gcc gcc atg 1267
Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu Leu Val Ala Ala Met

375 380 385
ccc gtc tac cgc gcc gac tac atc tcc ctc tca cgc acc acc gcc acc 1315
Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser Arg Thr Thr Ala Thr

390 395 400 405
gtc atc gcg gag atg tcc aaa cgc ttc ccc tcc cgg cgt gac gca ctc 1363
Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser Arg Arg Asp Ala Leu

410 415 420
gac ctc atc gcg gcc gcc cta ctt ggc aat ggc gag gcc aaa atc cgc 1411

Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly Glu Ala Lys Ile Arg

425 430 435
 ttc gct caa gtc tgc ggc gcc gtc atg gct aaa ggt gtg gaa gac acc 1459
 Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys Gly Val Glu Asp Thr

440 445 450
 acc ttc tac cgc gca tct agg ctc gtt gca ttg caa gaa gtc ggt ggc 1507
 Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu Gln Glu Val Gly Gly

455 460 465
 gcg ccg ggg aga ttc ggc gtc tcc gct gca gaa ttc cac ttg ctg cag 1555
 Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu Phe His Leu Leu Gln

470 475 480 485
 gaa gaa cgc agc ctg ctg tgg cca cgc acc atg acc acc ttg tcc acg 1603
 Glu Glu Arg Ser Leu Leu Trp Pro Arg Thr Met Thr Thr Leu Ser Thr

490 495 500
 cat gac acc aaa cgt ggc gaa gat acc cgc gcc cgc atc atc tcc ctg 1651
 His Asp Thr Lys Arg Gly Glu Asp Thr Arg Ala Arg Ile Ile Ser Leu

505 510 515
 tct gaa gtc ccc gat atg tac tcc gag ctg gtc aat cgt gtt ttc gcg 1699
 Ser Glu Val Pro Asp Met Tyr Ser Glu Leu Val Asn Arg Val Phe Ala

520 525 530
 gtg ctc ccc gcg cca gac ggc gca acg ggc agt ttc ctc cta caa aac 1747
 Val Leu Pro Ala Pro Asp Gly Ala Thr Gly Ser Phe Leu Leu Gln Asn

535 540 545
 ctg ctg ggc gta tgg ccc gcc gac ggc gtg atc acc gat gcg ctg cgc 1795
 Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile Thr Asp Ala Leu Arg

550 555 560 565
 gat cga ttc agg gaa tac gcc cta aaa gct atc cgc gaa gca tcc aca 1843
 Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile Arg Glu Ala Ser Thr

570 575 580
 aaa acc acg tgg gtg gac ccc aac gag tcc ttc gag gct gcg gtc tgc 1891
 Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe Glu Ala Ala Val Cys

585 590 595
 gat tgg gtg gaa gcg ctt ttc gac gga ccc tcc acc tca cta atc acc 1939
 Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser Thr Ser Leu Ile Thr

600 605 610
 gaa ttt gtc tcc cac atc aac cgt ggc tct gtg caa atc tcc tta ggc 1987
 Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val Gln Ile Ser Leu Gly

615 620 625
 agg aaa ctg ctg caa atg gtg ggc gct gga atc ccc gac act tac caa 2035
 Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile Pro Asp Thr Tyr Gln

630 635 640 645

gga act gag ttt tta gaa gac tcc ctg gta gat ccc gat aac cga cgc 2083
Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp Pro Asp Asn Arg Arg

650 655 660
ttt gtt gat tac acc gcc aga gaa caa gtc ctg gag cgc ctg caa acc 2131
Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu Glu Arg Leu Gln Thr

665 670 675
tgg gct tgg acg cag gtt aat tcg gta gaa gac ttg gtg gat aac gcc 2179
Trp Ala Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp Leu Val Asp Asn Ala

680 685 690
gac atc gcc aaa atg gcc gtg gtc cat aaa tcc ctc gag ttg cgt gct 2227
Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser Leu Glu Leu Arg Ala

695 700 705
gaa ttt cgt gca agc ttt gtt ggt gga gat cat cag gca gta ttt ggc 2275
Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His Gln Ala Val Phe Gly

710 715 720 725
gaa ggt cgc gca gaa tcc cac atc atg ggc atc gcc cgc ggt aca gac 2323
Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile Ala Arg Gly Thr Asp

730 735 740
cga aac cac ctc aac atc att gct ctt gct acc cgt cga cca ctg atc 2371
Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr Arg Arg Pro Leu Ile

745 750 755
ttg gaa gac cgt ggc gga tgg tat gac acc acc gtc acg ctt cct ggt 2419
Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr Val Thr Leu Pro Gly

760 765 770
gga caa tgg gaa gac agg ctc acc ggg caa cgc ttc agt ggt gtt gtc 2467
Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg Phe Ser Gly Val Val

775 780 785
cca gcc acc gat ttg ttc tca cat cta ccc gta tct ttg ttg gtt tta 2515
Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val Ser Leu Leu Val Leu

790 795 800 805
gta ccc gat agt gag ttt tgatccctgc acaggaaagt tag 2556
Val Pro Asp Ser Glu Phe

810
<210> 1142
<211> 811
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1142
Met Ala Arg Pro Ile Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro
1 5 10 15
Gln Ala Asp Ser Ala Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala
20 25 30
Gln Leu Pro Tyr Leu Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser
35 40 45
Pro
Ile Phe Thr Ala Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile

50 55 60
 Asp Pro Thr Thr Ile Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg
 65 70 75 80

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

 Met Pro Ile Leu Gly Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala
 145 150 155 160

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

 Leu Val Phe Glu His Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu
 225 230 235 240

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

 Asp Gly Val Phe Ile Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu
 305 310 315 320

 Ala Leu Thr His Ser Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser
 325 330 335
 Thr Glu Glu Ser Leu Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala
 340 345 350
 Glu Ile Leu Arg Leu Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr
 355 360 365
 Ala Gly Thr Asn Val Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu
 370 375 380

 Leu Val Ala Ala Met Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser
 385 390 395 400

 Arg Thr Thr Ala Thr Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser
 405 410 415
 Arg Arg Asp Ala Leu Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly
 420 425 430

Glu Ala Lys Ile Arg Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys
 435 440 445
 Gly Val Glu Asp Thr Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu
 450 455 460

 Gln Glu Val Gly Gly Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu
 465 470 475 480

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

 Phe Leu Leu Gln Asn Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile
 545 550 555 560

 Thr Asp Ala Leu Arg Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile
 565 570 575
 Arg Glu Ala Ser Thr Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe
 580 585 590
 Glu Ala Ala Val Cys Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser
 595 600 605
 Thr Ser Leu Ile Thr Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val
 610 615 620

 Gln Ile Ser Leu Gly Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile
 625 630 635 640

 Pro Asp Thr Tyr Gln Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp
 645 650 655
 Pro Asp Asn Arg Arg Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu
 660 665 670
 Glu Arg Leu Gln Thr Trp Ala Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp
 675 680 685
 Leu Val Asp Asn Ala Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser
 690 695 700

 Leu Glu Leu Arg Ala Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His
 705 710 715 720

 Gln Ala Val Phe Gly Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile
 725 730 735
 Ala Arg Gly Thr Asp Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr
 740 745 750
 Arg Arg Pro Leu Ile Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr
 755 760 765
 Val Thr Leu Pro Gly Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg
 770 775 780

 Phe Ser Gly Val Val Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val
 785 790 795 800

Ser Leu Leu Val Leu Val Pro Asp Ser Glu Phe

805

810

<210> 1143

<211> 2556

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2533)

<223> FRXA01239

<400> 1143

gcacttgctg cgtaaatttt tttccacgc cgggaatgcg tgaacactaa gatcgaggac 60
gtaccgcacg attttgccta acttttaagg gtgtttcatc atg gca cgt cca att 115
Met Ala Arg Pro Ile

1

5

tcc gca acg tac agg ctt caa atg cga gga cct caa gca gat agc gcc 163
Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro Gln Ala Asp Ser Ala

10

15

20

ggg cgt tca ttt ggt ttt gcg cag gcc aaa gcc cag ctt ccc tat ctg 211
Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala Gln Leu Pro Tyr Leu

25

30

35

aag aag cta ggc atc agc cac ctg tac ctc tcc cct att ttt acg gcc 259
Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser Pro Ile Phe Thr Ala

40

45

50

atg cca gat tcc aat cat ggc tac gat gtc att gat ccc acc acc atc 307
Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile Asp Pro Thr Thr Ile

55

60

65

aat gaa gag ctc ggt ggc atg gag ggt ctt cga gat ctt gcc gca gct 355
Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg Asp Leu Ala Ala Ala

70

75

80

85

aca cac gag ttg ggc atg ggc atc atc att gat att gtt ccc aac cat 403
Thr His Glu Leu Gly Met Gly Ile Ile Ile Asp Ile Val Pro Asn His

90

95

100

tta ggt gtt gcc gtt cca cat ttg aat cct tgg tgg tgg gat gtt cta 451
Leu Gly Val Ala Val Pro His Leu Asn Pro Trp Trp Trp Asp Val Leu

105

110

115

aaa aac ggc aaa gat tcc gct ttt gag ttc tat ttc gat att gac tgg 499
Lys Asn Gly Lys Asp Ser Ala Phe Glu Phe Tyr Phe Asp Ile Asp Trp

120

125

130

cac gaa gac aac ggt tct ggt ggc aag ctg ggc atg ccg att ctg ggt 547
His Glu Asp Asn Gly Ser Gly Gly Lys Leu Gly Met Pro Ile Leu Gly

135

140

145

gct gaa ggc gat gaa gac aag ctg gaa ttc gcg gag ctt gat gga gag 595
Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala Glu Leu Asp Gly Glu

150	155	160	165	
aaa gtg ctc aaa tat ttt gac cac ctc ttc cca atc gcg cct ggt acc	643			
Lys Val Leu Lys Tyr Phe Asp His Leu Phe Pro Ile Ala Pro Gly Thr				
170	175	180		
gaa gaa ggg aca ccg caa gaa gtc tac aag cgc cag cat tac cgc ctg	691			
Glu Glu Gly Thr Pro Gln Glu Val Tyr Lys Arg Gln His Tyr Arg Leu				
185	190	195		
cag ttc tgg cgc gat ggc gtg atc aac ttc cgt cgc ttc ttt tcc gtg	739			
Gln Phe Trp Arg Asp Gly Val Ile Asn Phe Arg Arg Phe Phe Ser Val				
200	205	210		
aat acg ttg gct ggc atc agg caa gaa gat ccc tta gtg ttt gaa cat	787			
Asn Thr Leu Ala Gly Ile Arg Gln Glu Asp Pro Leu Val Phe Glu His				
215	220	225		
act cat cgt ctg ctg cgc gaa ttg gtg gcg gaa gac ctc att gac ggc	835			
Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu Asp Leu Ile Asp Gly				
230	235	240	245	
gtg cgc gtc gat cac ccc gac ggg ctt tcc gat cct ttt gga tat ctg	883			
Val Arg Val Asp His Pro Asp Gly Leu Ser Asp Pro Phe Gly Tyr Leu				
250	255	260		
cac aga ctc cgc gac ctc att gga cct gac cgc tgg ctg atc atc gaa	931			
His Arg Leu Arg Asp Leu Ile Gly Pro Asp Arg Trp Leu Ile Ile Glu				
265	270	275		
aag atc ttg agc gtt gat gaa cca ctc gat ccc cgc ctg gcc gtt gat	979			
Lys Ile Leu Ser Val Asp Glu Pro Leu Asp Pro Arg Leu Ala Val Asp				
280	285	290		
ggc acc act ggc tac gac gcc ctc cgt gaa ctc gac ggc gtg ttt atc	1027			
Gly Thr Thr Gly Tyr Asp Ala Leu Arg Glu Leu Asp Gly Val Phe Ile				
295	300	305		
tcc cga gaa tct gag gac aaa ttc tcc atg ctg gcg ctg acc cac agt	1075			
Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu Ala Leu Thr His Ser				
310	315	320	325	
gga tcc acc tgg gat gaa cgc gcc ctc aaa tcc acg gag gaa agc ctc	1123			
Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser Thr Glu Glu Ser Leu				
330	335	340		
aaa cga gtc gtc gcc caa caa gaa ctc gca gcc gaa atc tta agg ctc	1171			
Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala Glu Ile Leu Arg Leu				
345	350	355		
gcc cgc gcc atg cgc cgc gat aac ttc tcc acc gca ggc acc aac gtc	1219			
Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr Ala Gly Thr Asn Val				
360	365	370		
acc gaa gac aaa ctt agc gaa acc atc atc gaa tta gtc gcc gcc atg	1267			
Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu Leu Val Ala Ala Met				

375	380	385	
ccc gtc tac cgc gcc gac tac atc tcc ctc tca cgc acc acc gcc acc	1315		
Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser Arg Thr Thr Ala Thr			
390	395	400	405
gtc atc gcg gag atg tcc aaa cgc ttc ccc tcc cgg cgt gac gca ctc	1363		
Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser Arg Arg Asp Ala Leu			
410	415	420	
gac ctc atc gcg gcc gcc cta ctt ggc aat ggc gag gcc aaa atc cgc	1411		
Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly Glu Ala Lys Ile Arg			
425	430	435	
ttc gct caa gtc tgc ggc gcc gtc atg gct aaa ggt gtg gaa gac acc	1459		
Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys Gly Val Glu Asp Thr			
440	445	450	
acc ttc tac cgc gca tct agg ctc gtt gca ttg caa gaa gtc ggt ggc	1507		
Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu Gln Glu Val Gly Gly			
455	460	465	
gcg ccg ggg aga ttc ggc gtc tcc gct gca gaa ttc cac ttg ctg cag	1555		
Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu Phe His Leu Leu Gln			
470	475	480	485
gaa gaa cgc agc ctg ctg tgg cca cgc acc atg acc acc ttg tcc acg	1603		
Glu Glu Arg Ser Leu Leu Trp Pro Arg Thr Met Thr Thr Leu Ser Thr			
490	495	500	
cat gac acc aaa cgt ggc gaa gat acc cgc gcc cgc atc atc tcc ctg	1651		
His Asp Thr Lys Arg Gly Glu Asp Thr Arg Ala Arg Ile Ile Ser Leu			
505	510	515	
tct gaa gtc ccc gat atg tac tcc gag ctg gtc aat cgt gtt ttc gcg	1699		
Ser Glu Val Pro Asp Met Tyr Ser Glu Leu Val Asn Arg Val Phe Ala			
520	525	530	
gtg ctc ccc gcg cca gac ggc gca acg ggc agt ttc ctc cta caa aac	1747		
Val Leu Pro Ala Pro Asp Gly Ala Thr Gly Ser Phe Leu Leu Gln Asn			
535	540	545	
ctg ctg ggc gta tgg ccc gcc gac ggc gtg atc acc gat gcg ctg cgc	1795		
Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile Thr Asp Ala Leu Arg			
550	555	560	565
gat cga ttc agg gaa tac gcc cta aaa gct atc cgc gaa gca tcc aca	1843		
Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile Arg Glu Ala Ser Thr			
570	575	580	
aaa acc acg tgg gtg gac ccc aac gag tcc ttc gag gct gcg gtc tgc	1891		
Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe Glu Ala Ala Val Cys			
585	590	595	
gat tgg gtg gaa gcg ctt ttc gac gga ccc tcc acc tca cta atc acc	1939		
Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser Thr Ser Leu Ile Thr			

600	605	610	
gaa ttt gtc tcc cac atc aac cgt ggc tct gtg caa atc tcc tta ggc			1987
Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val Gln Ile Ser Leu Gly			
615	620	625	
agg aaa ctg ctg caa atg gtg ggc gct gga atc ccc gac act tac caa			2035
Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile Pro Asp Thr Tyr Gln			
630	635	640	645
gga act gag ttt tta gaa gac tcc ctg gta gat ccc gat aac cga cgc			2083
Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp Pro Asp Asn Arg Arg			
650	655	660	
ttt gtt gat tac acc gcc aga gaa caa gtc ctg gag cgc ctg caa acc			2131
Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu Glu Arg Leu Gln Thr			
665	670	675	
tgg gat tgg acg cag gtt aat tcg gta gaa gac ttg gtg gat aac gcc			2179
Trp Asp Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp Leu Val Asp Asn Ala			
680	685	690	
gac atc gcc aaa atg gcc gtg gtc cat aaa tcc ctc gag ttg cgt gct			2227
Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser Leu Glu Leu Arg Ala			
695	700	705	
gaa ttt cgt gca agc ttt gtt ggt gga gat cat cag gca gta ttt ggc			2275
Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His Gln Ala Val Phe Gly			
710	715	720	725
gaa ggt cgc gca gaa tcc cac atc atg ggc atc gcc cgc ggt aca gac			2323
Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile Ala Arg Gly Thr Asp			
730	735	740	
cga aac cac ctc aac atc att gct ctt gct acc cgt cga cca ctg atc			2371
Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr Arg Arg Pro Leu Ile			
745	750	755	
ttg gaa gac cgt ggc gga tgg tat gac acc acc gtc acg ctt cct ggt			2419
Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr Val Thr Leu Pro Gly			
760	765	770	
gga caa tgg gaa gac agg ctc acc ggg caa cgc ttc agt ggt gtt gtc			2467
Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg Phe Ser Gly Val Val			
775	780	785	
cca gcc acc gat ttg ttc tca cat cta ccc gta tct ttg ttg gtt tta			2515
Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val Ser Leu Leu Val Leu			
790	795	800	805
gta ccc gat agt gag ttt tgatccctgc acaggaaagt tag			2556
Val Pro Asp Ser Glu Phe			

810

<210> 1144
 <211> 811
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1144

```

Met Ala Arg Pro Ile Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro
  1           5           10           15
Gln Ala Asp Ser Ala Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala
      20           25           30
Gln Leu Pro Tyr Leu Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser
      35           40           45
Pro
Ile Phe Thr Ala Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile
      50           55           60
Asp Pro Thr Thr Ile Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg
      65           70           75           80

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

Met Pro Ile Leu Gly Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala
      145          150          155          160

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

Leu Val Phe Glu His Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu
      225          230          235          240

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

Asp Gly Val Phe Ile Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu
      305          310          315          320

Ala Leu Thr His Ser Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser
      325          330          335
Thr Glu Glu Ser Leu Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala
      340          345          350
Glu Ile Leu Arg Leu Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr
      355          360          365
Ala Gly Thr Asn Val Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu

```


370	375	380	
Leu Val Ala Ala Met Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser			
385	390	395	400
Arg Thr Thr Ala Thr Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser			
	405	410	415
Arg Arg Asp Ala Leu Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly			
	420	425	430
Glu Ala Lys Ile Arg Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys			
	435	440	445
Gly Val Glu Asp Thr Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu			
	450	455	460
Gln Glu Val Gly Gly Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu			
465	470	475	480
Phe His Leu Leu Gln Glu Glu Arg Ser Leu Leu Trp Pro Arg Thr Met			
	485	490	495
Thr Thr Leu Ser Thr His Asp Thr Lys Arg Gly Glu Asp Thr Arg Ala			
	500	505	510
Arg Ile Ile Ser Leu Ser Glu Val Pro Asp Met Tyr Ser Glu Leu Val			
	515	520	525
Asn Arg Val Phe Ala Val Leu Pro Ala Pro Asp Gly Ala Thr Gly Ser			
	530	535	540
Phe Leu Leu Gln Asn Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile			
545	550	555	560
Thr Asp Ala Leu Arg Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile			
	565	570	575
Arg Glu Ala Ser Thr Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe			
	580	585	590
Glu Ala Ala Val Cys Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser			
	595	600	605
Thr Ser Leu Ile Thr Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val			
	610	615	620
Gln Ile Ser Leu Gly Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile			
625	630	635	640
Pro Asp Thr Tyr Gln Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp			
	645	650	655
Pro Asp Asn Arg Arg Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu			
	660	665	670
Glu Arg Leu Gln Thr Trp Asp Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp			
	675	680	685
Leu Val Asp Asn Ala Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser			
	690	695	700
Leu Glu Leu Arg Ala Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His			
705	710	715	720
Gln Ala Val Phe Gly Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile			
	725	730	735
Ala Arg Gly Thr Asp Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr			

740 745 750
 Arg Arg Pro Leu Ile Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr
 755 760 765
 Val Thr Leu Pro Gly Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg
 770 775 780

 Phe Ser Gly Val Val Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val
 785 790 795 800

 Ser Leu Leu Val Leu Val Pro Asp Ser Glu Phe
 805 810

 <210> 1145
 <211> 1953
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

 <221> CDS
 <222> (101)..(1930)
 <223> RXA02645
 <400> 1145
 gatacagctc ctgatggag tgaataaatt cgcgagcctg ctcctgatct tgcacacgcg 60
 tgatataggt cagaaatcgc gagcgcttga tctctagtgc atg ctc aaa gac ttg 115
 Met Leu Lys Asp Leu

 1 5
 acc ggc ctg agg gag ttg gta ttg cgt gag atg tgc cat agc atc tca 163
 Thr Gly Leu Arg Glu Leu Val Leu Arg Glu Met Cys His Ser Ile Ser

 10 15 20
 cat ctt agc tcg cca acc ggc agc att ttc act agc ctg gtg gcc atg 211
 His Leu Ser Ser Pro Thr Gly Ser Ile Phe Thr Ser Leu Val Ala Met

 25 30 35
 ttg acc tcg caa agc ttt tca gtg tgg gct cca ctt ccc cac gat gta 259
 Leu Thr Ser Gln Ser Phe Ser Val Trp Ala Pro Leu Pro His Asp Val

 40 45 50
 cat ctg atc ctc aac ggc gaa acc ctc ccc atg cac aaa acg gag ggc 307
 His Leu Ile Leu Asn Gly Glu Thr Leu Pro Met His Lys Thr Glu Gly

 55 60 65
 agc tgg tgg cgc gcc gag atc gcg ccc aag gcc ggc gat cgt tac ggt 355
 Ser Trp Trp Arg Ala Glu Ile Ala Pro Lys Ala Gly Asp Arg Tyr Gly

 70 75 80 85
 ttt tcg ctt ttc gac ggc tcc tcc tgg tca aaa acc ctc ccc gat ccc 403
 Phe Ser Leu Phe Asp Gly Ser Ser Trp Ser Lys Thr Leu Pro Asp Pro

 90 95 100
 cgc tcc aca tct caa cca gac ggg gtt cat ggt tta agt gaa gtc tcc 451
 Arg Ser Thr Ser Gln Pro Asp Gly Val His Gly Leu Ser Glu Val Ser

 105 110 115
 gat gat tcc tat ctg tgg ggt gac cag cag tgg act ggc cga att ctc 499

Asp Asp Ser Tyr Leu Trp Gly Asp Gln Gln Trp Thr Gly Arg Ile Leu

120 125 130
cct ggc tgc gtg tta tat gag ctg cat gtg ggc acc ttt agt gaa gat 547
Pro Gly Ser Val Leu Tyr Glu Leu His Val Gly Thr Phe Ser Glu Asp

135 140 145
gga acg ttt gag gga gtc gtc gac aag ctt cct tat ctg cgc gac ctc 595
Gly Thr Phe Glu Gly Val Val Asp Lys Leu Pro Tyr Leu Arg Asp Leu

150 155 160 165
ggc gtg acc gcc atc gaa ctt tta ccc gtg cag ccc ttt ggc ggc aac 643
Gly Val Thr Ala Ile Glu Leu Leu Pro Val Gln Pro Phe Gly Gly Asn

170 175 180
cgc aat tgg ggc tac gac ggg gtg ctg tgg cac gcc gtc cat gca ggc 691
Arg Asn Trp Gly Tyr Asp Gly Val Leu Trp His Ala Val His Ala Gly

185 190 195
tac ggc ggt ccg gcg ggc ttg aaa aag ctt atc gac gcc tcc cac cag 739
Tyr Gly Gly Pro Ala Gly Leu Lys Lys Leu Ile Asp Ala Ser His Gln

200 205 210
gcc ggc atc gcc gtc tac tta gac gtc gtg tac aac cac ttc ggc ccc 787
Ala Gly Ile Ala Val Tyr Leu Asp Val Val Tyr Asn His Phe Gly Pro

215 220 225
gac ggc aac tac aac ggg caa ttt ggc ccc tac acc tct ggc ggc agc 835
Asp Gly Asn Tyr Asn Gly Gln Phe Gly Pro Tyr Thr Ser Gly Gly Ser

230 235 240 245
acc ggc tgg ggc gac gtg gtc aac atc aac ggc cat gat tca gat gaa 883
Thr Gly Trp Gly Asp Val Val Asn Ile Asn Gly His Asp Ser Asp Glu

250 255 260
gtc cgc aat tat att ctc gac gcc gca cgc cag tgg ttc gaa gat ttt 931
Val Arg Asn Tyr Ile Leu Asp Ala Ala Arg Gln Trp Phe Glu Asp Phe

265 270 275
cac gtt gat ggg ctc cgc ctc gat gcg gtg cat tct ctc gat gat cgc 979
His Val Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala Val His Ser Leu Asp Asp Arg

280 285 290
ggc gcc tat tcc cta ctt gcg cag ctg acc atg gtg gcc gag gat gtc 1027
Gly Ala Tyr Ser Leu Leu Ala Gln Leu Thr Met Val Ala Glu Asp Val

295 300 305
tcc gca caa aca ggc atc cca cgc tca ttg att gca gaa tct gaa ctc 1075
Ser Ala Gln Thr Gly Ile Pro Arg Ser Leu Ile Ala Glu Ser Glu Leu

310 315 320 325
aat gac ccc aag ttc gtt acc tcc cgc gag gcc ggc ggt ttt ggc ctg 1123
Asn Asp Pro Lys Phe Val Thr Ser Arg Glu Ala Gly Gly Phe Gly Leu

330 335 340
gat gca cag tgg gtt gac gat atc cac cac gcc ctc cat gcc ctc gtt 1171

Asp Ala Gln Trp Val Asp Asp Ile His His Ala Leu His Ala Leu Val

345 350 355
tct ggc gaa cgc aat ggt tat tac agc gat ttc gga tct gtc gac aca 1219
Ser Gly Glu Arg Asn Gly Tyr Tyr Ser Asp Phe Gly Ser Val Asp Thr

360 365 370
tta gcc aaa acc ctg cgt gaa gta ttt gaa cac acc gga aac tac tcc 1267
Leu Ala Lys Thr Leu Arg Glu Val Phe Glu His Thr Gly Asn Tyr Ser

375 380 385
acg tac cgc gga cgc aac cac ggc cgc cct gtg cac ccc gat atc acc 1315
Thr Tyr Arg Gly Arg Asn His Gly Arg Pro Val His Pro Asp Ile Thr

390 395 400 405
cct gcc tcg cgc ttt gtc acc tac acc acc acc cat gat cag acc ggc 1363
Pro Ala Ser Arg Phe Val Thr Tyr Thr Thr Thr His Asp Gln Thr Gly

410 415 420
aac cgc gca atc ggc gac cgt cct tcc acg act ctc acc ccg gaa cag 1411
Asn Arg Ala Ile Gly Asp Arg Pro Ser Thr Thr Leu Thr Pro Glu Gln

425 430 435
cag gtg ttg aag gca gcc att atc tac agc tcg ccg tat acc ccg atg 1459
Gln Val Leu Lys Ala Ala Ile Ile Tyr Ser Ser Pro Tyr Thr Pro Met

440 445 450
ttg ttt atg ggt gaa gaa ttc gga gcc acc acc cca ttc gcc ttc ttt 1507
Leu Phe Met Gly Glu Glu Phe Gly Ala Thr Thr Pro Phe Ala Phe Phe

455 460 465
tgc tcc cac acc gac ccc gag ctc aac cgg cta acc tcc gag ggc cgc 1555
Cys Ser His Thr Asp Pro Glu Leu Asn Arg Leu Thr Ser Glu Gly Arg

470 475 480 485
aaa cgg gaa ttc gca cgc ctt ggc tgg aac gcc gac gac atc ccc tcc 1603
Lys Arg Glu Phe Ala Arg Leu Gly Trp Asn Ala Asp Asp Ile Pro Ser

490 495 500
ccc gag ctg gaa tcc acc ttc acc tcc tcc aaa ctc gat tgg gag ttc 1651
Pro Glu Leu Glu Ser Thr Phe Thr Ser Ser Lys Leu Asp Trp Glu Phe

505 510 515
act gcg gag cag cgc cgc atc aac gac gct tac aag cag ctg ttg cac 1699
Thr Ala Glu Gln Arg Arg Ile Asn Asp Ala Tyr Lys Gln Leu Leu His

520 525 530
ctg cgg cac acc ttg ggc ttc tcc caa cca aac ttg ctc aca ctc gag 1747
Leu Arg His Thr Leu Gly Phe Ser Gln Pro Asn Leu Leu Thr Leu Glu

535 540 545
gtt gag cac ggc gag aac tgg cta tcg atg gcc aat ggt cgc ggc cga 1795
Val Glu His Gly Glu Asn Trp Leu Ser Met Ala Asn Gly Arg Gly Arg

550 555 560 565

att ctg gcg aat ttc tcc gac gac acc atc acc gtc ccg ctt ggc ggc 1843
Ile Leu Ala Asn Phe Ser Asp Asp Thr Ile Thr Val Pro Leu Gly Gly

570 575 580
gag ctg att tac agc ttc act tcc ccc acc gtc acc gac acc tcc aca 1891
Glu Leu Ile Tyr Ser Phe Thr Ser Pro Thr Val Thr Asp Thr Ser Thr

585 590 595
acc ctt cag ccg tgg ggc ttt gcg atc ctg acc cga aac tagaaaaagg 1940
Thr Leu Gln Pro Trp Gly Phe Ala Ile Leu Thr Arg Asn

600 605 610
ccacctcgat tga 1953
<210> 1146
<211> 610
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1146
Met Leu Lys Asp Leu Thr Gly Leu Arg Glu Leu Val Leu Arg Glu Met
1 5 10 15
Cys His Ser Ile Ser His Leu Ser Ser Pro Thr Gly Ser Ile Phe Thr
20 25 30
Ser Leu Val Ala Met Leu Thr Ser Gln Ser Phe Ser Val Trp Ala Pro
35 40
45
Leu Pro His Asp Val His Leu Ile Leu Asn Gly Glu Thr Leu Pro Met
50 55 60
His Lys Thr Glu Gly Ser Trp Trp Arg Ala Glu Ile Ala Pro Lys Ala
65 70 75 80

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

Thr Phe Ser Glu Asp Gly Thr Phe Glu Gly Val Val Asp Lys Leu Pro
145 150 155 160

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

Asn His Phe Gly Pro Asp Gly Asn Tyr Asn Gly Gln Phe Gly Pro Tyr
225 230 235 240

Thr Ser Gly Gly Ser Thr Gly Trp Gly Asp Val Val Asn Ile Asn Gly
245 250 255
His Asp Ser Asp Glu Val Arg Asn Tyr Ile Leu Asp Ala Ala Arg Gln

260 265 270
 Trp Phe Glu Asp Phe His Val Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala Val His
 275 280 285
 Ser Leu Asp Asp Arg Gly Ala Tyr Ser Leu Leu Ala Gln Leu Thr Met
 290 295 300

 Val Ala Glu Asp Val Ser Ala Gln Thr Gly Ile Pro Arg Ser Leu Ile
 305 310 315 320

 Ala Glu Ser Glu Leu Asn Asp Pro Lys Phe Val Thr Ser Arg Glu Ala
 325 330 335
 Gly Gly Phe Gly Leu Asp Ala Gln Trp Val Asp Asp Ile His His Ala
 340 345 350
 Leu His Ala Leu Val Ser Gly Glu Arg Asn Gly Tyr Tyr Ser Asp Phe
 355 360 365
 Gly Ser Val Asp Thr Leu Ala Lys Thr Leu Arg Glu Val Phe Glu His
 370 375 380

 Thr Gly Asn Tyr Ser Thr Tyr Arg Gly Arg Asn His Gly Arg Pro Val
 385 390 395 400

 His Pro Asp Ile Thr Pro Ala Ser Arg Phe Val Thr Tyr Thr Thr Thr
 405 410 415
 His Asp Gln Thr Gly Asn Arg Ala Ile Gly Asp Arg Pro Ser Thr Thr
 420 425 430
 Leu Thr Pro Glu Gln Gln Val Leu Lys Ala Ala Ile Ile Tyr Ser Ser
 435 440 445
 Pro Tyr Thr Pro Met Leu Phe Met Gly Glu Glu Phe Gly Ala Thr Thr
 450 455 460

 Pro Phe Ala Phe Phe Cys Ser His Thr Asp Pro Glu Leu Asn Arg Leu
 465 470 475 480

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

 Leu Leu Thr Leu Glu Val Glu His Gly Glu Asn Trp Leu Ser Met Ala
 545 550 555 560

 Asn Gly Arg Gly Arg Ile Leu Ala Asn Phe Ser Asp Asp Thr Ile Thr
 565 570 575
 Val Pro Leu Gly Gly Glu Leu Ile Tyr Ser Phe Thr Ser Pro Thr Val
 580 585 590
 Thr Asp Thr Ser Thr Thr Leu Gln Pro Trp Gly Phe Ala Ile Leu Thr
 595 600 605
 Arg Asn

610
 <210> 1147
 <211> 832

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(832)

<223> RXN02355

<400> 1147

atTTTgacc cTccgggggt gatttaacct aaaattccac acaaactgtg tcgaggtcat 60
tagattgata agcatctgtt gttaagaaag gtgacttcct atg tcc tcg att tcc 115
Met Ser Ser Ile Ser

1 5
cgc aag acc ggc gcg tca ctt gca gcc acc aca ctg ttg gca gcg atc 163
Arg Lys Thr Gly Ala Ser Leu Ala Ala Thr Thr Leu Leu Ala Ala Ile

10 15 20
gca ctg gcc ggt tgt agt tca gac tca agc tcc gac tcc aca gat tcc 211
Ala Leu Ala Gly Cys Ser Ser Asp Ser Ser Ser Asp Ser Thr Asp Ser

25 30 35
acc gct agc gaa ggc gca gac agc cgc ggc ccc atc acc ttt gcg atg 259
Thr Ala Ser Glu Gly Ala Asp Ser Arg Gly Pro Ile Thr Phe Ala Met

40 45 50
ggc aaa aac gac acc gac aaa gtc att ccg atc atc gac cgc tgg aac 307
Gly Lys Asn Asp Thr Asp Lys Val Ile Pro Ile Ile Asp Arg Trp Asn

55 60 65
gaa gcc cac ccc gat gag cag gta acg ctc aac gaa ctc gcc ggt gaa 355
Glu Ala His Pro Asp Glu Gln Val Thr Leu Asn Glu Leu Ala Gly Glu

70 75 80 85
gcc gac gcg cag cgc gaa acc ctc gtg caa tcc ctg cag gcc ggc aac 403
Ala Asp Ala Gln Arg Glu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Ala Gly Asn

90 95 100
tct gac tac gac gtc atg gcg ctc gac gtc atc tgg acc gca gac ttc 451
Ser Asp Tyr Asp Val Met Ala Leu Asp Val Ile Trp Thr Ala Asp Phe

105 110 115
gcg gca aac caa tgg ctc gca cca ctt gaa ggc gac ctc gag gta gac 499
Ala Ala Asn Gln Trp Leu Ala Pro Leu Glu Gly Asp Leu Glu Val Asp

120 125 130
acc tcc gga ctg ctg caa tcc acc gtg gat tcc gca acc tac aac ggc 547
Thr Ser Gly Leu Leu Gln Ser Thr Val Asp Ser Ala Thr Tyr Asn Gly

135 140 145
acc ctc tac gca ctg cca cag aac acc aac ggc cag cta ctg ttc cgc 595
Thr Leu Tyr Ala Leu Pro Gln Asn Thr Asn Gly Gln Leu Leu Phe Arg

150 155 160 165
aac acc gaa atc atc cca gaa gca cca gca aac tgg gct gac ctc gtg 643
Asn Thr Glu Ile Ile Pro Glu Ala Pro Ala Asn Trp Ala Asp Leu Val

170 175 180
 gaa tcc tgc acg ctt gct gaa gaa gca ggc gtt gat tgc ctg acc act 691
 Glu Ser Cys Thr Leu Ala Glu Glu Ala Gly Val Asp Cys Leu Thr Thr

 185 190 195
 cag ctc aag cag tac gaa ggc ctt tca gtg aac acc atc ggc ttc atc 739
 Gln Leu Lys Gln Tyr Glu Gly Leu Ser Val Asn Thr Ile Gly Phe Ile

 200 205 210
 gaa ggt tgg gga ggc agc gtc cta gac gat gac ggc aaa cgt cac cgt 787
 Glu Gly Trp Gly Gly Ser Val Leu Asp Asp Asp Gly Lys Arg His Arg

 215 220 225
 aga cag cac gac ggc aag gca ggc ctt caa gcg ctt gtc gac ggc 832
 Arg Gln His Asp Gly Lys Ala Gly Leu Gln Ala Leu Val Asp Gly

 230 235 240
 <210> 1148
 <211> 244
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1148
 Met Ser Ser Ile Ser Arg Lys Thr Gly Ala Ser Leu Ala Ala Thr Thr
 1 5 10 15
 Leu Leu Ala Ala Ile Ala Leu Ala Gly Cys Ser Ser Asp Ser Ser Ser
 20 25 30
 Asp Ser Thr Asp Ser Thr Ala Ser Glu Gly Ala Asp Ser Arg Gly Pro
 35 40 45

 Ile Thr Phe Ala Met Gly Lys Asn Asp Thr Asp Lys Val Ile Pro Ile
 50 55 60
 Ile Asp Arg Trp Asn Glu Ala His Pro Asp Glu Gln Val Thr Leu Asn
 65 70 75 80

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

 Ala Thr Tyr Asn Gly Thr Leu Tyr Ala Leu Pro Gln Asn Thr Asn Gly
 145 150 155 160

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

 Gly Lys Arg His Arg Arg Gln His Asp Gly Lys Ala Gly Leu Gln Ala

225	230	235	240
Leu Val Asp Gly			
<210> 1149			
<211> 609			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(586)			
<223> RXN02909			
<400> 1149			
caacgcgaat	gaaaacgaac	agcgagcagg	tctataccca
cgacgtcaac	gtgtgggcta	60	
atagtttctt	ggattgtttg	gcacagtcgg	gagaaaaactc
atg	aac	cgc	gca
cga	115		
		Met	Asn
		Arg	Ala
		Arg	
		1	5
atc	gcg	acc	ata
ggc	gtt	ctt	ccg
ctt	gct	tta	ctg
ctg	gcg	tcc	tgt
163			
Ile	Ala	Thr	Ile
Gly	Val	Leu	Pro
Leu	Ala	Leu	Leu
Ala	Ser	Cys	
	10	15	20
ggc	tca	gac	acc
gtg	gaa	atg	aca
gat	tcc	acc	tgg
ttg	gtg	acc	aat
211			
Gly	Ser	Asp	Thr
Val	Glu	Met	Thr
Asp	Ser	Thr	Trp
Leu	Val	Thr	Asn
	25	30	35
att	tac	acc	gat
cca	gat	gag	tcg
aat	tcg	atc	agt
aat	ctt	gtc	att
259			
Ile	Tyr	Thr	Asp
Pro	Asp	Glu	Ser
Asn	Ser	Ile	Ser
Asn	Leu	Val	Ile
	40	45	50
tcc	cag	ccc	agc
tta	gat	ttt	ggc
aat	tct	tcc	ctg
tct	ggc	ttc	act
307			
Ser	Gln	Pro	Ser
Leu	Asp	Phe	Gly
Asn	Ser	Ser	Leu
Ser	Gly	Phe	Thr
	55	60	65
ggc	tgt	gtg	cct
ttt	acg	ggg	cgt
gcg	gaa	ttc	ttc
caa	aat	ggc	gag
355			
Gly	Cys	Val	Pro
Phe	Thr	Gly	Arg
Ala	Glu	Phe	Phe
Gln	Asn	Gly	Glu
	70	75	80
caa	agc	tct	gtt
ctg	gat	gcc	gat
tat	gtg	acc	ttg
tct	tcc	ctg	gat
403			
Gln	Ser	Ser	Val
Leu	Asp	Ala	Asp
Tyr	Val	Thr	Leu
Ser	Ser	Leu	Asp
	90	95	100
ttc	gat	aaa	ctt
ccc	gat	gat	tgc
caa	gga	caa	gaa
ctc	aaa	gtt	cat
451			
Phe	Asp	Lys	Leu
Pro	Asp	Asp	Cys
Gln	Gly	Gln	Glu
Leu	Lys	Val	His
	105	110	115
aac	gag	ctg	gtt
gat	ctt	ctg	cct
ggc	tct	ttt	gaa
atc	tcc	agg	act
499			
Asn	Glu	Leu	Val
Asp	Leu	Leu	Pro
Gly	Ser	Phe	Glu
Ile	Ser	Arg	Thr
	120	125	130
tct	ggc	tca	gaa
atc	ttg	ctg	act
agc	gat	gtc	gat
gaa	ctc	gat	cgg
547			
Ser	Gly	Ser	Glu
Ile	Leu	Leu	Thr
Ser	Asp	Val	Asp
Glu	Leu	Asp	Arg
	135	140	145
cca	gca	atc	cgc
ttg	gtg	tcc	tgg
atc	gcg	ccg	aca
tct	taaggtgcca	590	

Pro Ala Ile Arg Leu Val Ser Trp Ile Ala Pro Thr Ser

150
gggctttaaa gtg
<210> 1150
<211> 162
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*
<400> 1150
Met Asn Arg Ala Arg Ile Ala Thr Ile Gly Val Leu Pro Leu Ala Leu
1 5 10 15
Leu Leu Ala Ser Cys Gly Ser Asp Thr Val Glu Met Thr Asp Ser Thr
20 25 30
Trp Leu Val Thr Asn Ile Tyr Thr Asp
Pro Asp Glu Ser Asn Ser Ile
35 40 45
Ser Asn Leu Val Ile Ser Gln Pro Ser Leu Asp Phe Gly Asn Ser Ser
50 55 60
Leu Ser Gly Phe Thr Gly Cys Val Pro Phe Thr Gly Arg Ala Glu Phe
65 70 75 80

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

Asp Glu Leu Asp Arg Pro Ala Ile Arg Leu Val Ser Trp Ile Ala Pro
145 150 155 160

Thr Ser
<210> 1151
<211> 1590
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>

```
<221> CDS
<222> (101)..(1567)
<223> RXS00349
<400> 1151
tgtgtacatc acaatggaat tcggggctag agtatctggt gaaccgtgca taaacgacct 60
gtgattggac tctttttcct tgcaaaatgt tttccagcgg atg ttg agt ttt gcg 115
Met Leu Ser Phe Ala
```

acc ctt cgt ggc cgc att tca aca gtt gac gct gca aaa gcc gca cct 163
Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala Ala Lys Ala Ala Pro

10 15 20

cgc cca tgc cca cta gcc ccg att gat ctg act gac cat agt caa gtg 211
Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr Asp His Ser Gln Val

25 30 35
- 1604 -

gcc ggt gtg atg aat ttg gct gcg aga att ggc gat att ttg ctt tct 259
Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly Asp Ile Leu Leu Ser

40 45 50
tca ggt acg tca aat agt gac acc aag gta caa gtt cga gca gtg acc 307
Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln Val Arg Ala Val Thr

55 60 65
tct gcg tac ggt ttg tac tac acg cac gtg gat atc acg ttg aat acg 355
Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp Ile Thr Leu Asn Thr

70 75 80 85
atc acc atc ttc acc aac atc ggt gtg gag agg aag atg ccg gtc aac 403
Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg Lys Met Pro Val Asn

90 95 100
gtg ttt cat gtt gta ggc aag ttg gac acc aac ttc tcc aaa ctg tct 451
Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn Phe Ser Lys Leu Ser

105 110 115
gag gtt gac cgt ttg atc cgt tcc att cag gct ggt gcg acc ccg cct 499
Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala Gly Ala Thr Pro Pro

120 125 130
gag gtt gcc gag aaa atc ctg gac gag ttg gag caa tcc cct gcg tct 547
Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu Gln Ser Pro Ala Ser

135 140 145
tat ggt ttc cct gtt gcg ttg ctt ggc tgg gca atg atg ggt ggt gct 595
Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala Met Met Gly Gly Ala

150 155 160 165
gtt gct gtg ctg ttg ggt ggt gga tgg cag gtt tcc cta att gct ttt 643
Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val Ser Leu Ile Ala Phe

170 175 180
att acc gcg ttc acg atc att gcc acg acg tca ttt ttg gga aag aag 691
Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser Phe Leu Gly Lys Lys

185 190 195
ggt ttg cct act ttc ttc caa aat gtt gtt ggt ggt ttt att gcc acg 739
Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly Gly Phe Ile Ala Thr

200 205 210
ctg cct gca tcg att gct tat tct ttg gcg ttg caa ttt ggt ctt gag 787
Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu Gln Phe Gly Leu Glu

215 220 225
atc aaa ccg agc cag atc atc gca tct gga att gtt gtg ctg ttg gca 835
Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile Val Val Leu Leu Ala

230 235 240 245
ggt ttg aca ctc gtg caa tct ctg cag gac ggc atc acg ggc gct ccg 883
Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly Ile Thr Gly Ala Pro

250 255 260

gtg aca gca agt gca cga ttt ttc gaa aca ctc ctg ttt acc ggc ggc	931
Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu Leu Phe Thr Gly Gly	
265 270 275	
att gtt gct ggc gtg ggt ttg ggc att cag ctt tct gaa atc ttg cat	979
Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu Ser Glu Ile Leu His	
280 285 290	
gtc atg ttg cct gcc atg gag tcc gct gca gca cct aat tat tcg tct	1027
Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala Pro Asn Tyr Ser Ser	
295 300 305	
aca ttc gcc cgc att atc gct ggt ggc gtc acc gca gcg gcc ttc gca	1075
Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr Ala Ala Ala Phe Ala	
310 315 320 325	
gtg ggt tgt tac gcg gag tgg tcc tcg gtg att att gcg ggg ctt act	1123
Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile Ile Ala Gly Leu Thr	
330 335 340	
gcg ctg atg ggt tct gcg ttt tat tac ctc ttc gtt gtt tat tta ggc	1171
Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe Val Val Tyr Leu Gly	
345 350 355	
ccc gtc tct gcc gct gcg att gct gca aca gca gtt ggt ttc act ggt	1219
Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala Val Gly Phe Thr Gly	
360 365 370	
ggt ttg ctt gcc cgt cga ttc ttg att cca ccg ttg att gtg gcg att	1267
Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro Leu Ile Val Ala Ile	
375 380 385	
gcc ggc atc aca cca atg ctt cca ggt cta gca att tac cgc gga atg	1315
Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Arg Gly Met	
390 395 400 405	
tac gcc acc ctg aat gat caa aca ctc atg ggt ttc acc aac att gcg	1363
Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly Phe Thr Asn Ile Ala	
410 415 420	
gtt gct tta gcc act gct tca tca ctt gcc gct ggc gtg gtt ttg ggt	1411
Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala Gly Val Val Leu Gly	
425 430 435	
gag tgg att gcc cgc agg cta cgt cgt cca cca cgc ttc aac cca tac	1459
Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro Arg Phe Asn Pro Tyr	
440 445 450	
cgt gca ttt acc aag gcg aat gag ttc tcc ttc cag gag gaa gct gag	1507
Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe Gln Glu Glu Ala Glu	
455 460 465	
cag aat cag cgc cgg cag aga aaa cgt cca aag act aat cag aga ttc	1555
Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys Thr Asn Gln Arg Phe	

470 475 480 485
ggt aat aaa agg taaaaatac cctgcttagg cgt 1590
Gly Asn Lys Arg

<210> 1152

<211> 489

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1152

Met Leu Ser Phe Ala Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala

1 5 10 15

Ala Lys Ala Ala Pro Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr

20 25 30

Asp His Ser Gln Val Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly

35 40 45

Asp Ile Leu Leu Ser Ser Gly Thr

Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln

50 55 60

Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp

65 70 75 80

Ile Thr Leu Asn Thr Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg

85 90 95

Lys Met Pro Val Asn Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn

100 105 110

Phe Ser Lys Leu Ser Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala

115 120 125

Gly Ala Thr Pro Pro Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu

130 135 140

Gln Ser Pro Ala Ser Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala

145 150 155 160

Met Met Gly Gly Ala Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val

165 170 175

Ser Leu Ile Ala Phe Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser

180 185 190

Phe Leu Gly Lys Lys Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly

195 200 205

Gly Phe Ile Ala Thr Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu

210 215 220

Gln Phe Gly Leu Glu Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile

225 230 235 240

Val Val Leu Leu Ala Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly

245 250 255

Ile Thr Gly Ala Pro Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu

260 265 270

Leu Phe Thr Gly Gly Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu

275 280 285

Ser Glu Ile Leu His Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala

290 295 300

Pro Asn Tyr Ser Ser Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr

305 310 315 320

Ala Ala Ala Phe Ala Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile
 325 330 335
 Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe
 340 345 350
 Val Val Tyr Leu Gly Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala
 355 360 365
 Val Gly Phe Thr Gly Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro
 370 375 380

Leu Ile Val Ala Ile Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala
 385 390 395 400

Ile Tyr Arg Gly Met Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly
 405 410 415
 Phe Thr Asn Ile Ala Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala
 420 425 430
 Gly Val Val Leu Gly Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro
 435 440 445
 Arg Phe Asn Pro Tyr Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe
 450 455 460

Gln Glu Glu Ala Glu Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys
 465 470 475 480

Thr Asn Gln Arg Phe Gly Asn Lys Arg
 485

<210> 1153

<211> 440

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(417)

<223> RXS03183

<400> 1153

gaa gcc gaa gca acc gca ggc aaa ttc gaa gta cag ccc ctc gta ggt 48
 Glu Ala Glu Ala Thr Ala Gly Lys Phe Glu Val Gln Pro Leu Val Gly

1 5 10 15
 aaa gac ggc gtc ggc gta tcc acc ctt ggt ggc tac aac aac ggc atc 96
 Lys Asp Gly Val Gly Val Ser Thr Leu Gly Gly Tyr Asn Asn Gly Ile

20 25 30
 aac gtc aac tcc gaa aac aag gca acc gcc cgc gac ttc atc gaa ttc 144
 Asn Val Asn Ser Glu Asn Lys Ala Thr Ala Arg Asp Phe Ile Glu Phe

35 40 45
 atc atc aac gaa gag aac caa acc tgg ttc gcg gac aac tcc ttc cca 192
 Ile Ile Asn Glu Glu Asn Gln Thr Trp Phe Ala Asp Asn Ser Phe Pro

50 55 60
 cca gtt ctg gca tcc atc tac gat gat gag tcc ctt gtt gag cag tac 240
 Pro Val Leu Ala Ser Ile Tyr Asp Asp Glu Ser Leu Val Glu Gln Tyr

65 70 75 80

cca tac ctg cca gca ctg aag gaa tcc ctg gaa aac gca gca cca cgc 288
Pro Tyr Leu Pro Ala Leu Lys Glu Ser Leu Glu Asn Ala Ala Pro Arg

85 90 95
cca gtg tct cct ttc tac cca gcc atc tcc aag gca atc cag gac aac 336
Pro Val Ser Pro Phe Tyr Pro Ala Ile Ser Lys Ala Ile Gln Asp Asn

100 105 110
gcc tac gca gcg ctt aac ggc aac gtc gac gtt gac cag gca acc acc 384
Ala Tyr Ala Ala Leu Asn Gly Asn Val Asp Val Asp Gln Ala Thr Thr

115 120 125
gat atg aag gca gcg atc gaa aac gct tcc agc tagttcggta atttagttca 437
Asp Met Lys Ala Ala Ile Glu Asn Ala Ser Ser

130 135
ttc 440

<210> 1154

<211> 139

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1154

Glu Ala Glu Ala Thr Ala Gly Lys Phe Glu Val Gln Pro Leu Val Gly

1 5 10 15

Lys Asp Gly Val Gly Val Ser Thr Leu Gly Gly Tyr Asn Asn Gly Ile

20 25 30

Asn Val Asn Ser Glu Asn Lys Ala Thr Ala Arg

Asp Phe Ile Glu Phe

35 40 45

Ile Ile Asn Glu Glu Asn Gln Thr Trp Phe Ala Asp Asn Ser Phe Pro

50 55 60

Pro Val Leu Ala Ser Ile Tyr Asp Asp Glu Ser Leu Val Glu Gln Tyr

65 70 75 80

Pro Tyr Leu Pro Ala Leu Lys Glu Ser Leu Glu Asn Ala Ala Pro Arg

85 90 95

Pro Val Ser Pro Phe Tyr Pro Ala Ile Ser Lys Ala Ile Gln Asp Asn

100 105 110

Ala Tyr Ala Ala Leu Asn Gly Asn Val Asp Val Asp Gln Ala Thr Thr

115 120 125

Asp Met Lys Ala Ala Ile Glu Asn Ala Ser Ser

130 135

<210> 1155

<211> 1212

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1189)

<223> RXC00874

<400> 1155

agctgttccc taccattgct gaacgggagt ggattgtcac tttagccct cacggattct 60

tctggtttga tctcaccgcc gatgaaaagg acgatatgga atg agc att ggc caa 115

Met Ser Ile Gly Gln

	1	5	
cac atc atc acc gag cgt ttc tac ggc gcc aag tcc cac acc atc gac			163
His Ile Ile Thr Glu Arg Phe Tyr Gly Ala Lys Ser His Thr Ile Asp			
	10	15	20
aac gta gat att gtg ttg tcc cgc gaa tgt ggc gag aac act ttg gct			211
Asn Val Asp Ile Val Leu Ser Arg Glu Cys Gly Glu Asn Thr Leu Ala			
	25	30	35
gta gtg cgc atc aac aat gcg ctg tat cag ttg ttg gtc aat gat gat			259
Val Val Arg Ile Asn Asn Ala Leu Tyr Gln Leu Leu Val Asn Asp Asp			
	40	45	50
ggc aaa gat gtt ctc aac gac cac gta gaa gag gtc ggt gcg agt ttc			307
Gly Lys Asp Val Leu Asn Asp His Val Glu Glu Val Gly Ala Ser Phe			
	55	60	65
gga gca tgg act ggc agc tct gct ttt ccc att ggc cct ttc act cca			355
Gly Ala Trp Thr Gly Ser Ser Ala Phe Pro Ile Gly Pro Phe Thr Pro			
	70	75	80
ctc ggc aca gaa caa tcc aat agc tct ttc atc acc gcc gac aat aaa			403
Leu Gly Thr Glu Gln Ser Asn Ser Ser Phe Ile Thr Ala Asp Asn Lys			
	90	95	100
gcg atc gtg aaa tac ttc cgc aaa tta gaa tcc ggg caa aac ccc gat			451
Ala Ile Val Lys Tyr Phe Arg Lys Leu Glu Ser Gly Gln Asn Pro Asp			
	105	110	115
gtg gag cta att tct aaa att tcc tcc tgc ccc aac atc gcg ccc atc			499
Val Glu Leu Ile Ser Lys Ile Ser Ser Cys Pro Asn Ile Ala Pro Ile			
	120	125	130
ctg ggt ttt tcc tcc gct gag atc tcc ggg gct aac tac acc ctg gtc			547
Leu Gly Phe Ser Ser Ala Glu Ile Ser Gly Ala Asn Tyr Thr Leu Val			
	135	140	145
atg gcg cag cag tac gtt cca ggt ttg gat ggc tgg tca cac gcg ctg			595
Met Ala Gln Gln Tyr Val Pro Gly Leu Asp Gly Trp Ser His Ala Leu			
	150	155	160
act act acc tct ggc agc ttt gca gag gat gca gaa aag atc ggc gaa			643
Thr Thr Thr Ser Gly Ser Phe Ala Glu Asp Ala Glu Lys Ile Gly Glu			
	170	175	180
gcc acc cgc aat gtt cac act gct ctt gca tcg gcc ttc cct act cgg			691
Ala Thr Arg Asn Val His Thr Ala Leu Ala Ser Ala Phe Pro Thr Arg			
	185	190	195
gta gtt ccc gta gaa gca ctc gcc gat gcg ctc act acc cgc ctt aat			739
Val Val Pro Val Glu Ala Leu Ala Asp Ala Leu Thr Thr Arg Leu Asn			
	200	205	210
gaa cta atc tcc caa gca ccc gaa atc gcc cgc ttc aaa gaa gca gcc			787
Glu Leu Ile Ser Gln Ala Pro Glu Ile Ala Arg Phe Lys Glu Ala Ala			

215 220 225
 atc gac ctc tac caa tcg ttg gaa ggc gaa gcc cac atc caa cgc atc 835
 Ile Asp Leu Tyr Gln Ser Leu Glu Gly Glu Ala His Ile Gln Arg Ile

 230 235 240 245
 cac ggt gac ctc cac ttg ggg cag ctc atc aaa acc ccc gaa cgc tac 883
 His Gly Asp Leu His Leu Gly Gln Leu Ile Lys Thr Pro Glu Arg Tyr

 250 255 260
 atc ctc atc gat ttc gaa ggc gaa cct gcc cgc cca ctt aat caa cga 931
 Ile Leu Ile Asp Phe Glu Gly Glu Pro Ala Arg Pro Leu Asn Gln Arg

 265 270 275
 cgc ctc ccc gac tct ccc ctg aaa gat ctc gcc ggc atc atc aga tcc 979
 Arg Leu Pro Asp Ser Pro Leu Lys Asp Leu Ala Gly Ile Ile Arg Ser

 280 285 290
 atc gac tac gca gcc tac ttc gac ggc gaa cac acc caa tgg gcc aac 1027
 Ile Asp Tyr Ala Ala Tyr Phe Asp Gly Glu His Thr Gln Trp Ala Asn

 295 300 305
 gaa gcc acc gcg cta ttc ctc gac ggc tac gga tca att gaa gac caa 1075
 Glu Ala Thr Ala Leu Phe Leu Asp Gly Tyr Gly Ser Ile Glu Asp Gln

 310 315 320 325
 gaa ctc ctc aat gcc tac att ctg gac aag gcg ttg tac gag gtt gcc 1123
 Glu Leu Leu Asn Ala Tyr Ile Leu Asp Lys Ala Leu Tyr Glu Val Ala

 330 335 340
 tat gaa ata aac aac cgc ccc gac tgg gtg aaa atc cca ctc gag gcg 1171
 Tyr Glu Ile Asn Asn Arg Pro Asp Trp Val Lys Ile Pro Leu Glu Ala

 345 350 355
 gtc gaa agg ctt cta gac tagttagtta ctctgcgtca aac 1212
 Val Glu Arg Leu Leu Asp

 360
 <210> 1156
 <211> 363
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 1156
 Met Ser Ile Gly Gln His Ile Ile Thr Glu Arg Phe Tyr Gly Ala Lys
 1 5 10 15
 Ser His Thr Ile Asp Asn Val Asp Ile Val Leu Ser Arg Glu Cys Gly
 20 25 30
 Glu Asn Thr Leu Ala Val Val Arg Ile Asn Asn Ala Leu Tyr Gln Leu
 35 40 45
 Leu
 Val Asn Asp Asp Gly Lys Asp Val Leu Asn Asp His Val Glu Glu
 50 55 60
 Val Gly Ala Ser Phe Gly Ala Trp Thr Gly Ser Ser Ala Phe Pro Ile
 65 70 75 80

 Gly Pro Phe Thr Pro Leu Gly Thr Glu Gln Ser Asn Ser Ser Phe Ile
 85 90 95

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

Asn Tyr Thr Leu Val Met Ala Gln Gln Tyr Val Pro Gly Leu Asp Gly
 145 150 155 160

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

Phe Lys Glu Ala Ala Ile Asp Leu Tyr Gln Ser Leu Glu Gly Glu Ala
 225 230 235 240

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

Thr Gln Trp Ala Asn Glu Ala Thr Ala Leu Phe Leu Asp Gly Tyr Gly
 305 310 315 320

Ser Ile Glu Asp Gln Glu Leu Leu Asn Ala Tyr Ile Leu Asp Lys Ala
 325 330 335
 Leu Tyr Glu Val Ala Tyr Glu Ile Asn Asn Arg Pro Asp Trp Val Lys
 340 345 350
 Ile Pro Leu Glu Ala Val Glu Arg Leu Leu Asp

355 360
 <210> 1157
 <211> 18
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 1157
 ggaaacagta tgaccatg 18
 <210> 1158
 <211> 17
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence
 <220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer
 <400> 1158
 gtaaaacgac ggccagt 17