

(19) 日本国特許庁 (JP)

(12) 特 許 公 報 (B2)

(11) 特許番号

特許第4786107号
(P4786107)

(45) 発行日 平成23年10月5日 (2011. 10. 5)

(24) 登録日 平成23年7月22日 (2011. 7. 22)

(51) Int. Cl.

F I

C O 7 K 14/34 (2006. 01)

C O 7 K 14/34 Z N A

C 1 2 N 15/09 (2006. 01)

C 1 2 N 15/00 A

C 1 2 P 13/08 (2006. 01)

C 1 2 P 13/08 A

C 1 2 P 13/12 (2006. 01)

C 1 2 P 13/12 A

C 1 2 N 1/15 (2006. 01)

C 1 2 N 1/15

請求項の数 25 (全 282 頁) 最終頁に続く

(21) 出願番号 特願2001-565737 (P2001-565737)
 (86) (22) 出願日 平成12年12月22日 (2000. 12. 22)
 (65) 公表番号 特表2003-525623 (P2003-525623A)
 (43) 公表日 平成15年9月2日 (2003. 9. 2)
 (86) 国際出願番号 PCT/IB2000/002035
 (87) 国際公開番号 W02001/066573
 (87) 国際公開日 平成13年9月13日 (2001. 9. 13)
 審査請求日 平成19年12月4日 (2007. 12. 4)
 (31) 優先権主張番号 60/187, 970
 (32) 優先日 平成12年3月9日 (2000. 3. 9)
 (33) 優先権主張国 米国 (US)
 (31) 優先権主張番号 09/606, 740
 (32) 優先日 平成12年6月23日 (2000. 6. 23)
 (33) 優先権主張国 米国 (US)

(73) 特許権者 501073862
 エボニック デグサ ゲーエムベーハー
 Evonik Degussa GmbH
 ドイツ連邦共和国 エッセン レリングハ
 ウザー シュトラーセ 1-11
 Rellinghauser Stras
 se 1-11, D-45128 Es
 sen, Germany
 (74) 代理人 100100354
 弁理士 江藤 聡明
 (72) 発明者 ポムペウス, マルクス
 ドイツ、67251、フラインスハイム、
 ヴェンイェンシュトラーセ、21

最終頁に続く

(54) 【発明の名称】 コリネバクテリウム-グルタミカム遺伝子を用いるファインケミカルの製造方法、及びリシンの収率を向上させる方法。

(57) 【特許請求の範囲】

【請求項 1】

配列番号 5 に示されたヌクレオチド配列を含むコリネバクテリウム - グルタミカム由来の単離された核酸分子を含むベクターを含む細胞を培養して、ファインケミカルを製造する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 2】

配列番号 6 に示されたアミノ酸配列のポリペプチドの自然に発生する対立変異体をコードする単離された核酸分子を含むベクターを含む細胞を培養して、ファインケミカルを製造する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 3】

配列番号 5 に示されたヌクレオチド配列に対して 90% 以上の相同性を示すヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子を含むベクターを含む細胞を培養して、ファインケミカルを製造する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 4】

配列番号 5 に示されたヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子を含むベクターを含む細胞を培養して、ファインケミカルを製造する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 5】

前記ベクターが、更に 1 種以上の代謝経路核酸分子を含む請求項 1 ~ 4 のいずれか 1 項に記載のファインケミカルの製造方法。

【請求項 6】

前記細胞を、硫黄源の存在下で培養する請求項 1 ~ 5 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 7】

前記方法が、更に前記培養物からファインケミカルを回収する工程を含む請求項 1 ~ 6 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 8】

前記ファインケミカルがアミノ酸である請求項 1 ~ 7 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 9】

前記アミノ酸がメチオニン又はリシンである請求項 8 に記載の方法。

【請求項 10】

前記方法が、更に前記ベクターによってトランスフェクションして、前記ベクター含有細胞を形成する工程を含む請求項 1 ~ 9 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 11】

前記細胞がコリネバクテリウム属又はブレバクテリウム属に属する請求項 1 ~ 10 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 12】

前記細胞が、コリネバクテリウム - グルタミカム (*Corynebacterium glutamicum*)、コリネバクテリウム - ヘルキュリス (*Corynebacterium herculis*)、コリネバクテリウム - リリウム (*Corynebacterium, lilium*)、コリネバクテリウム - アセトアシドフィラム (*Corynebacterium acetoacidophilum*)、コリネバクテリウム - アセトグルタミカム (*Corynebacterium acetoglutamicum*)、コリネバクテリウム - アセトフィラム (*Corynebacterium acetophilum*)、コリネバクテリウム - アンモニアゲネス (*Corynebacterium ammoniagenes*)、コリネバクテリウム - フジオケンス (*Corynebacterium fujiokense*)、コリネバクテリウム - ニトリロフィラス (*Corynebacterium nitrilophilus*)、ブレバクテリウム - アンモニアゲネス (*Brevibacterium ammoniagenes*)、ブレバクテリウム - ブタニカム (*Brevibacterium butanicum*)、ブレバクテリウム - ジバリカツム (*Brevibacterium divaricatum*)、ブレバクテリウム - フラバム (*Brevibacterium flavum*)、ブレバクテリウム - ヘアリ (*Brevibacterium healii*)、ブレバクテリウム - ケトグルタミカム (*Brevibacterium ketoglutamicum*)、ブレバクテリウム - ケトソレダクタム (*Brevibacterium ketosoreductum*)、ブレバクテリウム - ラクトフェルメントム (*Brevibacterium lactofermentum*)、ブレバクテリウム - リネンス (*Brevibacterium linens*)、ブレバクテリウム - パラフィノリツカム (*Brevibacterium paraffinolyticum*) からなる群より選択される、請求項 1 ~ 11 のいずれか 1 項に記載の方法。

【請求項 13】

配列番号 5 に示されたヌクレオチド配列を含むコリネバクテリウム - グルタミカム由来の単離された核酸分子を含むことによりゲノム DNA を変異させた細胞を培養する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 14】

配列番号 6 に示されたアミノ酸配列のポリペプチドの自然に発生する対立変異体をコードする単離された核酸分子を含むことによりゲノム DNA を変異させた細胞を培養する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 15】

配列番号 5 に示されたヌクレオチド配列に対して 90% 以上の相同性を示すヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子を含むことによりゲノム DNA を変異させた細胞を培養する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 16】

配列番号 5 に示されたヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子を含むことによりゲノム DNA を変異させた細胞を培養する工程を含むファインケミカルの製造方法。

【請求項 17】

前記核酸分子のみを含むか、又は前記核酸分子と 1 種以上の代謝経路核酸分子とを組み

10

20

30

40

50

合わせて含むことによってゲノムDNAを変異させた細胞を培養する工程を含む請求項13～16のいずれか1項に記載のファインケミカルの製造方法。

【請求項18】

代謝経路核酸分子が、metZ、metC、metB、metA、metE、metH、hom、asd、lysC、lysC/ask、rxs00657、dapA、dapB、dapC、dapD/argD、dapE、dapF、lysA、ddh、lysE、lysG、lysR、hsk、ppc、pycA、accD、accA、accB、accC、グルコース - 6 - リン酸デヒドロゲナーゼをコードするgpdh遺伝子、opcA、pgdh、ta、tk、pgl、rIpe、rpe又は上述した遺伝子の組み合わせから選択される請求項17に記載の方法。

【請求項19】

前記代謝経路がメチオニン又はリシンの代謝である請求項17又は18に記載の方法。

10

【請求項20】

配列番号5に示されたヌクレオチド配列を含むコリネバクテリウム - グルタミカム由来の単離された核酸分子を細胞に導入して、細胞からのリシンの収率を向上させる方法。

【請求項21】

配列番号6に示されたアミノ酸配列のポリペプチドの自然に発生する対立変異体をコードする単離された核酸分子を細胞に導入して、細胞からのリシンの収率を向上させる方法。

【請求項22】

配列番号5に示されたヌクレオチド配列に対して90%以上の相同性を示すヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子を細胞に導入して、細胞からのリシンの収率を向上させる方法。

20

【請求項23】

配列番号5に示されたヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子を細胞に導入して、細胞からのリシンの収率を向上させる方法。

【請求項24】

前記核酸分子を細胞の染色体に組み込む請求項20～23のいずれか1項に記載の方法。

【請求項25】

前記核酸分子をプラスミドで保持する請求項20～23のいずれか1項に記載の方法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

30

[関連出願]

本願は、2000年6月23日に出願された米国特許出願第09/606740号の一部についての継続出願である。更に本願は、2000年6月23日に出願された米国特許出願第09/603124号の一部についての継続出願である。本願は、先の出願である1999年6月25日出願の米国仮出願第60/141031号、1999年7月2日出願の米国仮出願第60/142101号、1999年8月12日出願の米国仮出願第60/148613号、2000年3月9日出願の米国仮出願第60/187970号、及び1999年7月8日出願のドイツ特許出願第19931420.9号を優先権の基礎とするものである。上述した全ての特許出願の全内容を、参考のため本明細書に特に取り込むものである。

【0002】

40

[出願の背景]

細胞内の天然の代謝工程による所定の産物および副産物は、食品、飼料、化粧品および医薬業を含む多種産業で用いられる。集合的に「ファインケミカル」と呼ばれるこれらの分子には、有機酸、タンパク質源及び非タンパク質源のアミノ酸、ヌクレオチド及びヌクレオシド、脂質及び脂肪酸、ジオール、炭水化物、芳香族化合物、ビタミン類、補助因子（コファクター）、並びに酵素が含まれる。これらの生産は、特に所望の分子を大量に生産および分泌させるために開発されたバクテリアの大規模な培養により最も簡便に行われる。この目的における特に有用な生物の一種に、グラム陽性、非病原性のバクテリアであるコリネバクテリウム - グルタミカム（コリネバクテリウム - グルタミカム）がある。株（菌種）を選択することにより、多数の変異株が開発されており、これらにより一連の所望

50

の化合物を産生する。しかしながら、特定分子生産のための改良された株の選択は時間のかかる困難な作業である。

【 0 0 0 3 】

〔 発 明 の 要 約 〕

本発明によると、コリネバクテリウム - グルタミカム由来の新規バクテリア核酸分子 (配列番号 5 に示されたヌクレオチド配列、及び配列番号 6 に示されたアミノ酸配列に係る核酸分子)が提供され、ファインケミカル (例えば、リシン及びメチオニン等のアミノ酸) の製造方法、及びリシンの収率を向上させる方法に用いられる。これらの新規核酸分子は、本明細書で代謝経路 (M P) タンパク質と呼ぶタンパク質をコードするものである。

【 0 0 0 4 】

C . グルタミカムは、グラム陽性の好気性バクテリアであり、種々のファインケミカルの大量生産を行う産業分野において、および炭化水素 (例えば石油中) の分解およびテルペイドの酸化に一般的に使用されている。従って、本発明の M P 核酸分子を、ファインケミカルの生産に発酵処理によって生産可能な微生物の識別に使用可能である。本発明の M P 核酸の発現の調節、または本発明の M P 核酸分子の配列の修飾は、微生物から得られる 1 種類以上のファインケミカルの生産を調節するため (例えばコリネバクテリウム (*Corynebacterium*) またはブレビバクテリウム (*Brevibacterium*) 種からの 1 種類以上のファインケミカルの収率または生産を向上させるため) に使用可能である。好ましい実施形態において、本発明の M P 遺伝子を、同一または異なる代謝経路に含まれる 1 種以上の遺伝子と組み合わせて、微生物から得られる 1 種類以上のファインケミカルを調節する。

【 0 0 0 5 】

本発明の M P 核酸を、コリネバクテリウム - グルタミカムまたはこれに密接に関連する微生物を識別するため、または微生物の混合集団における C . グルタミカムまたはこれに密接に関連する微生物の存在を認識するために用いても良い。本発明は、多数の C . グルタミカム遺伝子の核酸配列を提供するものであり、この配列は、緊縮 (ストリンジェント) 条件下で、微生物の単独培養体または微生物の混合集団培養体から抽出されたゲノム DNA を、この生物に特有である C . グルタミカム遺伝子領域に及ぶプローブによって検出し、この生物が存在するか否かを評価可能となる。コリネバクテリウム - グルタミカムそれ自体は非病原性であるが、ヒトにおける病原体種、例えばコリネバクテリウム - ジフテリア (ジフテリアの原因物質) に関連する。従って、かかる微生物の検出は重要な臨床関連性を有する。

【 0 0 0 6 】

本発明の M P 核酸分子は、C . グルタミカムのゲノムまたは関連する微生物のゲノムの染色体地図作製の参照点として作用する場合がある。

【 0 0 0 7 】

同様に、これらの分子、またはこれらの変異体、または一部は、遺伝子工学的に得られたコリネバクテリウムまたはブレビバクテリウム種の標識として作用する場合もある。

【 0 0 0 8 】

本発明の新規核酸分子によりコードされる M P タンパク質により、例えば、所定のファインケミカルの代謝に含まれる酵素的な工程を実施可能となり、このファインケミカルには、アミノ酸 (例えば、リシン及びメチオニン) 、ビタミン類、コファクター (補助因子) 、機能性食品 (ノトラセウチカル) 、ヌクレオチド、ヌクレオシド、およびトレハロースが含まれる。コリネバクテリウム - グルタミカムに用いられるクローニングベクターの所定の有効性は、例えば、Sinskey等、米国特許第4,649,119号、およびC . グルタミカムおよび関連するブレビバクテリウム種 (例えば、*Lactofermentum*) の遺伝子操作に関する技術 (Yoshihama等著、J. Bacteriol. 162: 591-597(1985); Katsumata等著、J. Bacteriol. 159: 306-311 (1984); and Santamaria等著、J. Gen. Microbiol. 130: 2237-2246 (1984)) に記載されており、本発明の核酸分子を、この生物の遺伝子操作に用いても良く、これにより 1 種類以上のファインケミカルの生産が改良されるか、または更に効率的な製造が行われる。

【 0 0 0 9 】

ファインケミカルの製造および製造効率の改善は、本発明の遺伝子操作による直接的効果であることも、またはかかる操作の間接的効果であることもある。特に、アミノ酸（例えば、リシン及びメチオニン）、ビタミン類、補助因子、ヌクレオチド、及びトレハロースのC-グルタミカム代謝経路で変性したことにより、この生物から得られる1種以上の所望の化合物の製造全体に直接的な影響を与える場合がある。例えば、リシンまたはメチオニンの生合成（代謝）経路タンパク質の活性を最適化するか、或いはリシンまたはメチオニンの分解経路タンパク質の活性を低減することにより、かかる生物から得られるリシンまたはメチオニンの収率が増大し、または製造効率が向上する。この代謝経路に含まれるタンパク質の変化により、所望のファインケミカルの製造または製造効率に間接的な影響も与える。例えば、所望の分子の製造に必要な中間体に競争する反応を無視しても良いし、或いは所望の雅号物の特定中間体の製造に必要な代謝経路を最適化しても良い。更に、例えばアミノ酸（例えば、リシンまたはメチオニン）、ビタミン、またはヌクレオチドの生合成における調節または分解が、微生物の能力全体が向上して、迅速に成長及び分割するので、培養体中の微生物の数および/または製造能力を増大させ、これにより所望のファインケミカルの可能な収率が向上する。

10

【 0 0 1 0 】

本発明の核酸及びタンパク質分子は、これを単独で、或いは同一でもまたは異なっても良い代謝経路の核酸及びタンパク質分子1種以上と組み合わせ用いて、コリネバクテリウム-グルタミカム（例えば、メチオニンまたはリシン）から得られる1種以上の所望のファインケミカルの製造を直接改善するか、または製造効率を直接向上させる場合がある。当該技術者等に周知の組み換え遺伝子技術を用いると、アミノ酸（例えば、リシン及びメチオニン）、ビタミン類、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロース用である本発明による1種以上の生合成または分解酵素を、その機能が調節されるように操作しても良い。例えば、生合成酵素の能率（効率）を改良しても良いし、或いはそのアロステリック制御領域が、化合物の製造によるフィードバック阻害を防ぐように破壊する。同様に、置換、欠失、または付加によって分解酵素を欠失または修飾して、その分解活性を、細胞の生存力に害を与えることなく所望の化合物用に低減させても良い。それぞれの場合で、所望のファインケミカルの収率または製造速度全体が向上される。

20

30

【 0 0 1 1 】

本発明によるタンパク質及びヌクレオチド分子のかかる変化により、アミノ酸（例えば、リシン及びメチオニン）、ビタミン類、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、及びトレハロースに他に、他のファインケミカルの生産を間接的な機構によって改善しても良い。いずれか1つの化合物の代謝を必然的に他の生合成や細胞内の分解経路と絡み合い、そして1つの経路で必要な補助因子、中間体、または基質を、別のかかる経路により供給または限定する。したがって、本発明によるタンパク質の1種以上の活性を調節することにより、別のファインケミカル生合成経路または分解経路の活性の生産または効率に影響を与える場合がある。例えば、アミノ酸は、全てのタンパク質の構造単位として機能し、その上、タンパク質合成に関して限定しているレベルで細胞間に存在しうる；したがって、細胞内における1種以上のアミノ酸の生産効率あるいは収率を向上させることにより、生合成タンパク質または分解タンパク質等のタンパク質をさらに容易に合成しうる。同様に、特定の副反応が多かれ少なかれ好適になるように代謝経路酵素における変更（変化）により、所望のファインケミカルの生産に中間体または基質として利用される1種以上の化合物を過剰生産または低生産する場合がある。

40

【 0 0 1 2 】

本発明は、タンパク質（以下、代謝経路（“MP”）タンパク質とする）をコードする新規な核酸分子を提供するものであり、これにより、アミノ酸（例えば、リシン及びメチオニン）、ビタミン類、補助因子、ヌクレオチド及びヌクレオシド、またはトレハロース等の、細胞の一般的な機能に重要な分子の代謝に含まれる酵素工程を実施可能となる。MP

50

タンパク質をコードする核酸分子は、以下、MP核酸分子と称される。好ましい実施形態において、MPタンパク質は、これを単独で、あるいは同一でもまたは異なっているても良い代謝経路の1種以上のタンパク質と組み合わせて、1種以上の以下のもの：すなわち、アミノ酸（例えば、リシン及びメチオニン）、ビタミン類、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、及びトレハロースの代謝に関連する酵素工程を行うことになる。かかるタンパク質には、例えば表1に示された遺伝子によってコードされるタンパク質が含まれる。

【0013】

従って、本発明は更に、MPタンパク質またはこのうちの生物学的に活性なタンパク質をコードするヌクレオチド配列を含む単離された核酸分子（例えば、cDNA、DNA、RNA）、並びにMPをコードする核酸（例えば、DNAまたはmRNA）の検出または増幅のためのプライマーまたはハイブリダイゼーションプローブとして適する核酸フラグメントに関する。特に好ましい実施形態において、単離された核酸分子は、配列表中の奇数番号のSEQ ID NO（配列番号）の配列（例えば、SEQ ID NO:1、SEQ ID NO:3、またはSEQ ID NO:5）により示されるヌクレオチド配列のいずれか、あるいはこのような配列におけるコード領域または相補性領域を含むものである。他の特に好ましい実施形態において、本発明による単離された核酸分子が、配列表中の奇数番号のSEQ ID NO（例えば、SEQ ID NO:1、SEQ ID NO:3、またはSEQ ID NO:5）として示されているヌクレオチド配列にハイブリダイズ（交雑）するか、あるいは少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上の相同なヌクレオチド配列またはその一部を含む。好ましい他の実施形態において、単離された核酸分子が、配列表中の偶数のSEQ ID NO（例えば、SEQ ID NO:2、SEQ ID NO:4、またはSEQ ID NO:6）に示されたアミノ酸配列のいずれかをコードする。本発明によるこの好ましいMPタンパク質は、本明細書に記載のMP活性の少なくとも1種類を有することが好ましい。

【0014】

他の実施形態において、単離された核酸分子は、タンパク質またはタンパク質の一部をコードするが、この場合のタンパク質またはその一部には本発明のアミノ酸配列（例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2、SEQ ID NO:4、またはSEQ ID NO:6等の偶数のSEQ ID NOの配列）に十分に相同なアミノ酸配列、例えば、タンパク質またはその一部がMP活性を維持するに十分に相同なアミノ酸配列を含む。核酸分子によりコードされたタンパク質またはその一部は、アミノ酸（例えば、リシンまたはメチオニン）、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路での酵素反応を実施するための能力を維持しているのが好ましい。一実施形態において、核酸分子でコードされたタンパク質は、少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上の相同な本発明によるアミノ酸配列（例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2、SEQ ID NO:4、またはSEQ ID NO:6等の偶数のSEQ ID NOを有するものから選択されるアミノ酸配列全体）である。他の好ましい実施形態において、タンパク質は、本発明によるアミノ酸配列全体に実質上相同なC-グルタミカムタンパク質全体である（配列表中

の奇数のSEQ ID NOに対応するオープン・リーディング・フレーム (open reading frame) によりコードされたもの (例えば、SEQ ID NO: 1、SEQ ID NO: 3、またはSEQ ID NO: 5)。

【0015】

他の好ましい実施形態において、単離された核酸分子はC・グルタミカム由来のものであり、本発明によるアミノ酸配列 (例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, またはSEQ ID NO:6等の偶数のSEQ ID NOのいずれかの配列) のいずれかに少なくとも約50%以上相同な生物学的に活性なドメインを含むタンパク質 (例えば、MP融合タンパク質) をコードし且つアミノ酸 (例えば、リシンまたはメチオニン)、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロース、あるいは表1に示されている1種以上の活性についての代謝経路における反応に触媒作用を及ぼすことが可能であり、そしてこれは、更に非相同ポリペプチドまたは調節領域をコードする非相同核酸配列も含むものである。

【0016】

他の実施形態において、単離された核酸分子の長さは、少なくとも15ヌクレオチドであり、そしてこの核酸分子は、本発明のヌクレオチド配列を含む核酸分子と緊縮条件下でハイブリダイズする (例えば、配列表中の、SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:3, またはSEQ ID NO:5等の奇数のSEQ ID NOの配列)。単離された核酸分子は、天然に発生する核酸分子に対応するものであることが好ましい。単離された核酸が、天然に発生するC・グルタミカムMPタンパク質、またはその生物学的に活性な部分をコードしていると更に好ましい。

【0017】

更に本発明は、ベクター、例えば本発明による核酸分子を単独で、あるいは同一でもまたは異なっても良い代謝経路に含まれる1種以上の核酸分子と組み合わせて含む組換え発現ベクター、並びにかかるベクターが組み込まれた宿主細胞に関する。一実施形態においては、宿主細胞は、この様な宿主細胞を適当な培地で培養することによりMPタンパク質を製造するため用いられる。このように製造されたMPタンパク質は培地または宿主細胞から単離される。

【0018】

更に本発明は、1種以上のMP遺伝子を、単独でまたは同一または異なっても良い代謝経路に含まれる1種以上の遺伝子と組み合わせて導入されているか、または変化している遺伝的に変化した微生物に関するものである。一実施形態において、この微生物のゲノムを、1種以上の野生型または変異型MP配列をコードする本発明による核酸分子をトランス遺伝子として、単独でまたは同一または異なっても良い代謝経路に含まれる1種以上の遺伝子と組み合わせて導入することにより変化させておく。他の実施形態において、微生物のゲノム中の内因性MP遺伝子1種以上に対して、改変された1種以上のMP遺伝子との相同組換えにより例えば機能的に混乱させる等の変性が行なわれる。他の実施形態において、微生物中の内因性または誘導されたMP遺伝子1種以上を、単独でまたは同一または異なっても良い代謝経路に含まれる1種以上の遺伝子と組み合わせて、1カ所以上の点変異、欠失、逆位により変化しているにもかかわらず機能性MPタンパク質をコードしている。更に他の実施形態において、微生物における1種以上のMP遺伝子の1つ以上の調節領域 (例えば、プロモーター、リプレッサー、インデューサー) を、単独でまたは1種以上のMP遺伝子と組み合わせるか、もしくは同一または異なっても良い代謝経路の1種以上の遺伝子と組み合わせて、1種以上のMP遺伝子の発現が調節されるように変化している (例えば、欠失、切断、逆位、点変異による)。好ましい実施形態において、この微生物がコリネバクテリウムまたはブレビバクテリウム属に属していると好ましく、コリネバクテリウム・グルタミカムに属していると更に好ましい。好ましい実施形態において、この微生物を、所望の化合物、例えばアミノ酸、特にリシン (リジン) およびメチオニンの製造に使用することも好ましい。特に好ましい実施形態において、MP遺伝子は、metZ遺伝子 (SEQ ID NO:1)、metC遺伝子 (SEQ ID NO:3)、またはRXA00657遺

10

20

30

40

50

伝子 (SEQ ID NO:5) であり、これを単独で、あるいは本発明による 1 種以上の M P 遺伝子と組み合わせるかまたはメチオニンおよび / またはリシン代謝に含まれる 1 種以上の遺伝子と組み合わせる。

【 0 0 1 9 】

更に本発明は、コリネバクテリウム - ジフテリア (*Corynebacterium diptheriae*) の存在または活性を認識する方法を提供するものである。この方法は、被検体中の本発明による 1 種以上の核酸またはアミノ酸配列 (例えば、表 1 および配列表中に S E Q I D N O . 1 ~ 1 2 2 で示された配列) の検出を含み、これにより、被検体中のコリネバクテリウム - ジフテリアの存在または活性が検出される。

【 0 0 2 0 】

また本発明は、単離された M P タンパク質またはその一部、例えば生物学的に活性な部分に関する。好ましい実施の形態においては、単離された M P タンパク質またはその一部は、単独であるいは本発明による 1 種以上の M P 遺伝子と組み合わせるかまたは同一でもまたは異なっても良い代謝経路の 1 種以上のタンパク質と組み合わせて、アミノ酸 (例えば、リシンまたはメチオニン)、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの 1 種以上の代謝経路に含まれる酵素反応に触媒作用を及ぼす。他の好ましい実施の形態において、単離された M P タンパク質またはその一部が、本発明によるアミノ酸配列 (例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4 または SEQ ID NO:6 等の偶数の SEQ ID NO の配列) に対して、このタンパク質またはその一部がアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの 1 種以上の代謝経路に含まれる酵素反応に触媒作用を及ぼす能力を維持するように十分な相同性を示す。

【 0 0 2 1 】

更に本発明では、単離された M P タンパク質の製造法を提供する。好ましい実施の形態において、M P タンパク質が本発明のアミノ酸配列 (例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4 または SEQ ID NO:6 等の偶数の S E Q I D N O の配列) を含む。他の好ましい実施の形態において、本発明は、本発明による全アミノ酸配列 (例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4 または SEQ ID NO:6 等の偶数の S E Q I D N O の配列) (これに対応する配列表中の、SEQ ID NO:1, SEQ ID NO:3 または SEQ ID NO:5 等の奇数の S E Q I D N O に示されたオープン・リーディング・フレームによりコードされている) に実質的に相同な、単離されたタンパク質全体を含む。更に他の実施の形態において、タンパク質は、本発明による全アミノ酸配列 (例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4 または SEQ ID NO:6 等の偶数の S E Q I D N O の配列) に対して少なくとも約 5 0 %、5 1 %、5 2 %、5 3 %、5 4 %、5 5 %、5 6 %、5 7 %、5 8 %、5 9 %、または 6 0 %、好ましくは少なくとも約 6 1 %、6 2 %、6 3 %、6 4 %、6 5 %、6 6 %、6 7 %、6 8 %、6 9 %、または 7 0 %、更に好ましくは少なくとも約 7 1 %、7 2 %、7 3 %、7 4 %、7 5 %、7 6 %、7 7 %、7 8 %、7 9 %、または 8 0 %、8 1 %、8 2 %、8 3 %、8 4 %、8 5 %、8 6 %、8 7 %、8 8 %、8 9 %、または 9 0 %、または 9 1 %、9 2 %、9 3 %、9 4 %、および更に好ましくは少なくとも約 9 5 %、9 6 %、9 7 %、9 8 %、9 9 %、9 9 . 7 % またはそれ以上相同である。他の好ましい実施の形態において、単離された M P タンパク質は、本発明によるアミノ酸配列 (例えば、配列表中の、SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4 または SEQ ID NO:6 等の偶数の S E Q I D N O の配列) のいずれかに対して少なくとも約 5 0 % 以上相同アミノ酸配列であり、アミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路における酵素反応に、これを単独で、あるいは本発明による 1 種以上の M P タンパク質または同一でもまたは異なっても良い代謝経路のいずれかと組み合わせて触媒作用を及ぼすことが可能となるか、または表 1 に記載の 1 種類以上の活性を有するものである。

【 0 0 2 2 】

あるいは、単離された M P タンパク質は、例えば緊縮条件下で配列表に記載された偶数の

10

20

30

40

50

SEQ ID NOのいずれかのヌクレオチド配列にハイブリダイズするヌクレオチド配列によりコードされているか、または少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上相同なヌクレオチド配列によりコードされたアミノ酸配列を含んでもよい。MPタンパク質の好ましい形態は、本明細書に記載の1種類以上のMP生物学的活性を有するものである。

10

【0023】

MPポリペプチド、またはこのペプチドの生物学的に活性な部分は、非MPポリペプチドと有効に結合して、融合タンパク質を形成する。好ましい実施の形態において、この融合タンパク質がMPタンパク質単独の場合と異なる活性を有する。他の好ましい実施の形態において、この融合タンパク質をアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品のC-グルタミカム代謝経路に導入する場合、この融合タンパク質により、C-グルタミカム由来の所望のファインケミカルの収率および/または製造効率が向上する。特に好ましい実施の形態において、この融合タンパク質を宿主細胞のアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロース代謝経路へ導入することにより、この細胞からの所望の化合物の生産を調節することになる。

20

【0024】

更に、本発明は、タンパク質自体、基質もしくはMPタンパク質の結合対象との相互作用により、または本発明によるMP核酸分子の転写または翻訳を調節することにより、MPタンパク質の活性を調節する分子をスクリーニングする方法を提供する。

【0025】

更に本発明は、ファインケミカルの製造法に関する。この方法では、1種類以上のMP核酸分子を単独で、あるいは本発明による1種類以上のMP核酸分子または同一でもまたは異なっても良い代謝経路の核酸分子のいずれかと組み合わせ、その発現を支配する1種類以上のベクターを含む細胞を培養し、これによりファインケミカルを製造する工程を含む。好ましい実施の形態によると、同製造法には更にこの様なベクターを含む細胞を得る工程が含まれ、この工程において、MP核酸の発現を支配するベクターを細胞に移入する(トランスフェクションする)。他の好ましい実施の形態において、更にこの方法は、培養体から得られたファインケミカルを回収する工程を含む。特に好ましい実施の形態において、細胞がコリネバクテリウムまたはブレヴィバクテリウム属由来であるか、あるいは表3に記載された株から選択されたものである。別の好ましい実施の形態において、MP遺伝子は、metZ遺伝子(SEQ ID NO:1)、metC遺伝子(SEQ ID NO:3)、またはRXA00657遺伝子(SEQ ID NO:5)(表1を参照)であり、これを単独で、あるいは本発明による1種類以上のMP核酸分子と組み合わせるかまたはメチオニンおよび/またはリシン代謝に含まれる1種類以上の遺伝子と組み合わせる。更に別の好ましい実施形態において、ファインケミカルはアミノ酸、例えばL-リシンおよびL-メチオニンである。

30

40

【0026】

更に本発明の方法は、微生物由来の分子の製造を調節する方法に関する。かかる方法では、細胞を、MPタンパク質活性またはMP核酸発現を調節する薬剤と接触させて、細胞に関連する活性を、この薬剤を用いない場合の活性に対して変化させる。好ましい実施形態において、この細胞を、1種類以上のC-グルタミカムのアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロース代謝経路用に調節して、この微生物による所望のファインケミカルの収率または製造速度を向上させる。MPタンパク質活性を調節する薬剤としては、MPタンパク質の活性またはMP核酸の発現を刺激する薬剤が使用可能である。MPタンパク質の活性またはMP核酸の発現を刺激する薬

50

剤の例には、小さい分子、活性M P タンパク質、およびM P タンパク質をコードする細胞中に導入された核酸が含まれる。M P 活性または発現を阻害する薬剤の例には、小さい分子およびアンチセンスM P 核酸分子が含まれる。

【0027】

更に本発明は、別のプラスミドに存在するか、または宿主細胞のゲノムに組み込まれた、野生型もしくは変異型M P 遺伝子の細胞への導入を、これを単独で、あるいは本発明による1種以上のM P 核酸分子または同一でもまたは異なっても良い代謝経路の核酸分子のいずれかと組み合わせる工程を含み、こうして得られた細胞からの所望の化合物の収率を調節する方法を含む。ゲノムに組み込まれる場合の導入はランダムであることが可能であり、あるいは天然の遺伝子が導入されたコピーにより代替されるように相同な組換えを行うことも可能であり、これにより調節されるべき細胞から所望の化合物が製造される。好ましい実施の形態において、収率が上昇する。別の好ましい実施形態において、上記ケミカルはファインケミカルである。特に好ましい実施の形態において、得られるファインケミカルはアミノ酸である。このアミノ酸がL - リジンおよびL - メチオニンであると特に好ましい。別の好ましい実施の形態において、上記遺伝子は、metZ遺伝子 (SEQ ID NO:1)、metC遺伝子 (SEQ ID NO:3)、またはRXA00657遺伝子 (SEQ ID NO:5) であり、これを単独で、あるいは本発明による1種以上のM P 核酸分子と組み合わせるかまたはメチオニンおよび/またはリシン代謝に含まれる1種以上の遺伝子と組み合わせる。

【0028】

[発明の詳細な説明]

本発明は、アミノ酸 (例えば、リジンおよびメチオニン)、ビタミン類、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、およびトレハロースを含むコリネバクテリウム - グルタミカムにおける所定のファインケミカルの代謝に含まれるM P 核酸およびタンパク質分子を提供する。本発明による分子をC . グルタミカム等の微生物から得られるファインケミカルの製造調節に、直接的に (例えば、リジンまたはメチオニン生合成タンパク質の活性の調節が微生物からのリジンまたはメチオニンの製造または製造効率に対して直接的に影響を与える場合) 使用しても良く、あるいはこの分子は、所望の化合物の収率または製造効率を結果的に向上させる間接的な影響を及ぼしても良い (例えば、ヌクレオチド生合成タンパク質の活性の調節が、必要な補助因子、エネルギー化合物、または前駆体分子の成長を改善するか、またはこれらの供給を増大させたことが原因で、バクテリアより得られる有機酸又は脂肪酸の製造に影響を与える場合)。M P 分子は、これを単独で、あるいは本発明による他のM P 分子と組み合わせるか、または同一でもまたは異なっても良い代謝経路 (例えば、リジンまたはメチオニンの代謝) に含まれる他の分子と組み合わせる用いても良い。好ましい実施形態において、M P 分子は、metZ (SEQ ID NO:1)、metC (SEQ ID NO:3)、またはRXA00657 (SEQ ID NO:5) 核酸分子と、これらの核酸分子によりコードされるタンパク質 (それぞれSEQ ID NO:2、SEQ ID NO:4およびSEQ ID NO:6) である。本発明について、以下に更に詳細に説明する。

【0029】

[1 . ファインケミカル]

「ファインケミカル」という用語は従来の認識どおり、生物により生産され、種々の産業、例えば医薬、農業、化粧品産業 (これらに限定されるものではない) に用いられる分子を意味する。かかる化合物には、有機酸、例えば酒石酸、イタコン酸、ジアミノピメリン酸、タンパク質原およびタンパク質原以外のアミノ酸、プリンおよびピリミジン塩基、ヌクレオシド、ヌクレオチド (Kuninaka, A. 著、(1996) Nucleotides and related compounds, p. 561-612、(Biotechnology第6巻における論考、Rehm等著、VCH編、Weinheim、および同文献中に記載された参考文献)、脂質、飽和および不飽和脂肪酸 (例えば、アラキドン酸)、ジオール (例えば、プロパンジオールおよびブタンジオール)、炭水化物 (例えば、ヒアルロン酸およびトレハロース)、芳香族化合物 (例えば、芳香族アミン、バニリンおよびインジゴ)、ビタミン類および補助因子 (Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, 第A27巻、"Vitamins", p.443-613 (1996) VCH: Weinheimおよび同文

献中に記載された参考文献; Ong, A.S., Niki, E. & Packer, L. 著、(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 (マレーシア、ペナンにおいて1994年9月1～3日に開催)、(1995)、酵素、ポリケタイド(Cane等著 (1998) Science 282: 63-68)、およびGutcho (1983) Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086および同文献中に挙げられた参考文献中に記載されている他の全ての化学物質がある。これらのファインケミカルの代謝および所定の使用法について以下に詳細に説明する。

【0030】

A. アミノ酸代謝および使用法

アミノ酸はあらゆるタンパク質の塩基性構造単位であるため、全生物の正常な細胞機能に重要である。「アミノ酸」の用語は、従来より公知である。タンパク質源となるアミノ酸(タンパク質生成アミノ酸)は20種類存在し、タンパク質の構造単位としての役割を有し、ペプチド結合により結合する。一方、タンパク質原以外のアミノ酸(数百種類が公知である)はタンパク質内に一般に見出されない(Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, 第A2巻、p. 57-97 VCH: Weinheim (1985)、参照)。アミノ酸は、D - または L - 光学的立体配置であっても良いが、自然に発生するタンパク質には通常 L - アミノ酸のみが存在する。20種類のタンパク質原アミノ酸の各生合成および分解経路は、原核細胞および真核細胞(例えば、Stryer, L. Biochemistry第3版、578-590頁、(1988)、参照)の双方において顕著な特徴を有する。必須アミノ酸(ヒスチジン、イソロイシン、ロイシン、リシン、メチオニン、フェニルアラニン、スレオニン、トリプトファンおよびバリン)は、これらが、通常、その複雑な生合成における栄養的必須成分であるためにこのように呼ばれるものであり、これを簡単な生合成経路により残りの11種類の「非必須」アミノ酸(アラニン、アルギニン、アスパラギン、アスパラテート、ヒスチジン、システイン、グルタメート、グルタミン、グリシン、プロリン、セリン、およびチロシン)に変換される。高等動物は、これらのアミノ酸の幾つかを合成する能力を保持するが、必須アミノ酸は食事から供給されなければならない、これにより、正常なタンパク質合成が起こる。

【0031】

タンパク質合成における機能とは別に、これらのアミノ酸は、本来重要な化学物質であり、多くは食品、飼料、化学、化粧品、農業、医薬の各業界で様々な使用されている。リジンはヒトのみならず、単胃動物、例えば飼鳥類および豚においても栄養的に重要なアミノ酸である。グルタミン酸塩(グルタメート)は最も一般的に使用される香味添加物であり(グルタミン酸モノソーダ(mono-sodium glutamate)、MSG)、アスパラギン酸塩(アスパラテート)、フェニルアラニン、グリシンおよびシステインと同様に食品業界全体で広く使用されている。グリシン、L - メチオニンおよびトリプトファンは、化粧品業界で全て使用されている。グルタミン、バリン、ロイシン、イソロイシン、ヒスチジン、アルギニン、プロリン、セリンおよびアラニンは医薬品および化粧品業界の双方で使用されている。スレオニン、トリプトファンおよびD / Lメチオニンは一般的な飼料添加剤である(Leuchtenberger, W. 著、(1996) Amino acids-technical production and use, p. 466-502 (Rehm等著(編) Biotechnology第6巻、第14a章、VCH: Weinheim)。更に、これらのアミノ酸は合成アミノ酸およびタンパク質の合成用前駆体として使用されることがわかっている。この例には、N - アセチルシステイン、S - カルボキシメチル - L - システイン、(S) - 5 - ヒドロキシトリプトファン、およびUlmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, 第A2巻、p. 57-97, VCH: Weinheim 1985に記載の他の物質がある。

【0032】

生物、例えばバクテリアにより製造される天然のアミノ酸は顕著な特徴を有する(bacterial amino acid biosynthesis and regulation thereofのレビューに対して、Umbarger, H. E. 著、(1978) Ann. Rev. Biochem. 47:533-606、参照)。グルタミン酸塩は、クエン酸回路の中間体である - ケトグルタレートの前駆体として使用されることがわかっている。この例には、N - アセチルシステイン、S - カルボキシメチル - L - システイン、(S) - 5 - ヒドロキシトリプトファン、およびUlmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, 第A2巻、p. 57-97, VCH: Weinheim 1985に記載の他の物質がある。

生合成は、3 - ホスホグリセレート（解糖の中間体）を出発物質として3工程から成り、酸化、アミノ基転移、および加水分解工程を経てこのアミノ酸が得られる。システインおよびグリセリンの双方はセリンから生産され、前者はホモシステインとセリンの縮合により、後者は側鎖 - 炭素原子が、セリンのトランスヒドロキシメチラーゼにより触媒される反応において、テトラヒドロ葉酸塩に伝達されることにより製造される。

【0033】

フェニルアラニンおよびチロシンは、プレフェネート合成後の最後の2工程のみが異なる9工程の生合成経路において、解糖経路およびペントースリン酸経路の前駆体のエリトース4 - ホスフェートおよびホスホエノールピルベートから合成される。トリプトファンもこれらの2つの主要な分子から製造されるが、合成は11工程の経路によるものである。チロシンは、フェニルアラニンヒドロキシラーゼにより触媒される反応においてフェニルアラニンから合成可能である。アラニン、バリンおよびロイシンは、全て、解糖の最終生成物であるピルビン酸（ピルベート）の生合成産物である。アスパラギン酸塩は、クエン酸回路の中間体であるオキサロ酢酸（オキサロアセテート）より形成する。アスパラギン、メチオニン、スレオニン、およびリシンは、アスパレーートの転換によってそれぞれ形成する。イソロイシンはスレオニンから生成する。

【0034】

メチオニンを形成する生合成経路は、種々の微生物において研究されている。第1工程はホモセリンのアシル化であり、転移されたアシル基の供給源が異なっていたとしても全ての微生物に共通している。大腸菌 (*Escherichia coli*) およびこれに関連する種類は、スクニシル - CoA (Michaeli, S. and Ron, E. Z. (1981) *Mol. Gen. Genet.* 182, 349-354) を使用し、一方、*Saccharomyces cerevisiae* (Langin, T., et al. (1986) *Gene* 49, 83-293)、*Brevibacterium flavum* (Miyajima, R. and Shio, I. (1973) *J. Biochem.* 73, 1061-1068; Ozaki, H. and Shio, I. (1982) *J. Biochem.* 91, 1163-1171)、*C. glutamicum* (Park, S.-D., et al. (1998) *Mol. Cells* 8, 286-294)、および *Leptospira meyeri* (Belfaiza, J. et al. (1998) 180, 250-255; Bourhy, P., et al. (1997) *J. Bacteriol.* 179, 4396-4398) は、アシル供与体としてアセチル - CoAを使用する。アシルホモセリンよりホモセリンを形成するのは、2種の異なる方法で起こりうる。大腸菌は、シスタチオニン - シンターゼ (metBの産物) およびシスタチオニン - リアーゼ (metCの産物) により触媒される硫黄転移経路を使用する。*S. cerevisiae* (Cherest, H. and Surdin-Kerjan, Y. (1992) *Genetics* 130, 51-58)、*B. flavum* (Ozaki, H. and Shio, I. (1982) *J. Biochem.* 91, 1163-1171)、*Pseudomonas aeruginosa* (Fogliano, M., et al. (1995) *Microbiology* 141, 431-439)、および *L. meyeri* (Belfaiza, J., et al. (1998) *J. Bacteriol.* 180, 250-255) では、アシルホモセリンのスルフヒドリラーゼ (sulfhydrylase) により触媒される直接スルフヒドリレーション経路を利用する。直接スルフヒドリレーション経路のみ使用する密接に関連した *B. flavum* と異なり、硫黄移転経路の酵素活性を *C. glutamicum* 細胞の抽出物において検出し、そしてこの経路を、生物のメチオニン生合成の経路とする (Hwang, B.-J., et al. (1999) *Mol. Cells* 9, 300-308; Kase, H. and Nakayama, K. (1974) *Agr. Biol. Chem.* 38, 2021-2030; Park, S.-D., et al. (1998) *Mol. Cells* 8, 286-294)。

【0035】

C. glutamicum でのメチオニン生合成に関与する遺伝子の幾つかを単離したが、*C. glutamicum* のメチオニン生合成の情報は依然として極めて限定されている。metAおよびmetB以外の遺伝子を生物から単離しなかった。*C. glutamicum* においてメチオニンをもたらす生合成経路を理解するために、本発明者等は、*C. glutamicum* のmetC遺伝子 (SEQ ID NO:3) およびmetZ遺伝子 (metYとも称される) (SEQ ID NO:1) を単離し、そしてこれについて特徴付けた (表1を参照)。

【0036】

細胞のタンパク合成に必要な分を上回るアミノ酸は貯蔵されずに劣化し、細胞の主要な代謝経路における中間体を提供する (Stryer, L. *Biochemistry*, 第3版、21章、"Amino

10

20

30

40

50

Acid Degradation and the Urea Cycle” p. 495-516 (1988)、参照)。細胞は不必要なアミノ酸を有用な代謝中間体に変換することができるが、合成によるアミノ酸合成では、エネルギー、前駆物質分子および必要な酵素において高コストとなる。すなわち、アミノ酸生合成がフィードバック阻害により調節されていることは驚くべきことではなく、特別なアミノ酸の存在により、製造速度が低下したり、完全に停止する（アミノ酸生合成経路におけるフィードバックメカニズムについては、Stryer, L. Biochemistry, 第3版. 24章: “Biosynthesis of Amino Acids and Heme” 575-600頁 (1988)を参照されたい)。従って、特定のアミノ酸の放出は、そのアミノ酸の細胞内における存在量により制御されている。

【 0 0 3 7 】

B. ビタミン、補助因子、および機能性食品の代謝および使用法

ビタミン、補助因子、および機能性食品には、他の種類の分子が含まれ、バクテリア等の生物によりこれらを簡単に合成することができるが、高等動物はその合成能力を失い、そのため摂取する必要がある。これらの分子は、生物学的に活性な物質そのものであるか、または種々の代謝経路における電子の担体および中間体として作用する生物学的に活性な物質の前駆体である。これらの化合物は栄養的な価値とは別に、着色剤、酸化防止剤、触媒または他の加工助剤としての重要な工業的価値を有する（これらの化合物の構造、活性および工業的用途については、例えばUllmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, “Vitamins”, 第A27巻、p.443-613, VCH: Weinheim, (1996)を参照のこと）。「ビタミン」という用語は、従来より認識されているとおりであり、この物質は、生物が通常の機能を得るために必要であるが、生物自身は合成不可能である栄養分を含む。ビタミン群は、補助因子および機能性食品化合物を含む場合がある。「補助因子（コファクター）」という用語は、通常必要な酵素活性を得るための非タンパク質原化合物を含む。かかる化合物は、有機物でも、または無機物でもよいが、本発明のコファクター分子は有機物であると好ましい。「機能性食品」という用語には、動植物、特にヒトの健康に利益を与える補助食品（サプリメント）が含まれる。かかる分子の例は、ビタミン、酸化防止剤、および所定の脂質（例えば、ポリ不飽和脂肪酸）である。

【 0 0 3 8 】

これらの物質を製造可能な生物、例えばバクテリアにおけるこれらの分子の生合成は、顕著な特徴を有する(Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, “Vitamins” 第A 27巻, p. 443-613, VCH: Weinheim, 1996; Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley & Sons; Ong, A.S., Nik i, E. & Packer, L. (1995) “Nutrition, Lipids, Health, and Disease” Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia, およびthe Society for Free Radical Research Asia (マレーシア、ペナンにおいて1994年9月1～3日に開催)、AOCS Press: AOCS Press, Champaign, IL X, 374 S)。

【 0 0 3 9 】

チアミン（ビタミンB₁）は、ピリミジンとチアゾール部分の化学的結合により製造される。リボフラビン（ビタミンB₂）は、グアノシン-5'-三リン酸（GTP）およびリボース-5'-リン酸から合成される。リボフラビンはフラビンモノヌクレオチド（FMN）およびフラビンアデニンジヌクレオチド（FAD）の合成に使用される。集合的に「ビタミンB₆」と呼ばれる化合物のファミリー（例えば、ピリドキシン、ピリドキシアミン、ピリドオキサ-5'-リン酸、および慣用の塩酸ピリドキシン）の全ては、一般的な構造単位である5-ヒドロキシ-6-メチルピリジンの誘導体である。パントテネート（パントテン酸、(R)-(+)-N-(2,4-ジヒドロキシ-3,3-ジメチル-1-オキソブチル)-アラニン）は、化学合成または発酵のいずれかにより製造されうる。パントテネート生合成の最終工程は、アラニンとパントイン酸のATPにより稼働する縮合である。パントイン酸またはアラニンへの変換、およびパントテン酸への縮合における生合成工程にかかわる酵素は公知である。パントテン酸の代謝活性形は補酵素Aで

10

20

30

40

50

あり、これを得るために、酵素による5工程の生合成が起こる。パントテネート、ピリドキサル-5'-リン酸、システインおよびATPは、補酵素Aの前駆体である。これらの酵素は、パントテネートの生成を触媒するのみではなく、(R)-パントン酸、(R)-パントラクトン、(R)-パンテノール(プロビタミンB₅)、パンテテイン(およびその誘導体)および補酵素Aも製造する。

【0040】

微生物中の前駆体物分子ピメロイル-CoAからのピオチン生合成は、詳細に研究されており、関与する数種類の遺伝子が認識されている。対応するタンパク質の多くが、フェクラスター合成に関与することわかっており、nifSタンパク質のメンバーである。リボ酸は、オクタン酸から誘導され、エネルギー代謝の補酵素として作用し、ピルビン酸デヒドロゲナーゼ複合体およびα-ケトグルタル酸デヒドロゲナーゼ複合体の一部を構成している。葉酸塩(folate)は、葉酸から誘導された全ての誘導体から構成される物質であり、葉酸はL-グルタル酸、p-アミノ安息香酸および6-メチルプテリンから誘導される。葉酸およびこの誘導体の生合成は、代謝中間産物であるグアノシン-5'-酸リン酸(GTP)、L-グルタル酸およびp-アミノ安息香酸を出発するものであり、これについては特定の微生物において詳細に研究されている。

【0041】

コリノイド(例えば、コバラミンおよび特にビタミンB₁₂)およびポルフィリンは、テトラピロール環系により特徴づけられた化学物質の種類に属する。ビタミンB₁₂の生合成は、未だ完全に特徴が把握されていない程非常に複雑であるが、これに関連する酵素および物質は公知である。ニコチン酸(ニコチン酸塩)およびニコチンアミドは、「ナイアシン」とも呼ばれるピリジン誘導体である。ナイアシンは、重要な補酵素NAD(ニコチンアミド アデニン ジヌクレオチド)およびNADP(ニコチンアミド アデニン ジヌクレオチド リン酸(ホスフェート))およびその還元形態の前駆物質である。

【0042】

これらの化合物の大量生産は、細胞を含まない化学合成に大きく依存している。しかしながら、これらの化学物質の一部、例えばリボフラビン、ビタミンB₆、パントテン酸(パントテネート)およびピオチン等は微生物の大規模培養によっても製造される。ビタミンB₁₂だけは、その合成自体が複雑なことから発酵によってのみ製造される。In vitroの方法では、相当な材料と時間が必要であり、費用が高む場合も多い。

【0043】

C. プリン、ピリミジン、ヌクレオシドおよびヌクレオチドの代謝および使用法
プリンおよびピリミジン代謝遺伝子およびこれに対応するタンパク質は、腫瘍による疾病およびウイルス感染の治療法に用いられる重要な標的である。「プリン」または「ピリミジン」という用語には、核酸、補酵素およびヌクレオチドの構成単位である窒素含有塩基が含まれる。「ヌクレオチド」なる用語には、核酸分子の塩基性構造単位が含まれ、窒素含有塩基、五炭糖(RNAの場合の糖はリボースであり、これはDNAの場合の糖はD-デオキシリボースである)およびリン酸から構成される。「ヌクレオシド」という用語は、ヌクレオチドへの前駆体として作用するが、ヌクレオチドが有するリン酸部分を有さない分子である。これらの分子の生合成または核酸分子を形成するための代謝を阻害することにより、RNAおよびDNAの合成を阻害可能となる。例えばガン細胞に対して標的とする方法でこの様な活性を阻害すれば、腫瘍細胞の分裂と複製の能力を阻害する場合がある。更に、核酸分子を形成しないが、エネルギー源(例えば、AMP)または補酵素(例えば、FADおよびNAD)として作用するヌクレオチドが存在する。

【0044】

複数の文献に、プリンおよび/またはピリミジン代謝に影響を与えることにより、これらの医薬用化学物質を使用する方法が記載されている(例えば、Christopherson, R.I.およびLyons, S.D. 著、(1990) "Potent inhibitors of de novo pyrimidine and purine biosynthesis as chemotherapeutic agents." Med. Res. Reviews 10: 505-548)。プリンおよびピリミジンの代謝に関与する酵素の研究では、例えば免疫抑制剤または抗増殖剤と

10

20

30

40

50

して使用される新薬の開発に焦点が当てられている(Smith, J.L., (1995) "Enzymes in nucleotide synthesis." Curr. Opin. Struct. Biol. 5: 752-757; (1995) Biochem Soc. Transact. 23: 877-902)。しかしながら、プリンおよびピリミジン塩基、ヌクレオシドおよびヌクレオチドは、数種類のファインケミカルの生合成の中間体として(例えば、チアミン、S-アデノシル-メチオニン、葉酸またはリボフラビン)、または細胞へのエネルギー担体(例えば、ATPまたはGTP)として、そして化学調味料として一般に使用される薬剤そのもの(例えば、IMPまたはGMP)として、または複数の医学的用途に(例えば、Kuninaka, A. 著(1996) Nucleotides and Related Compounds in Biotechnology 第6巻, Rehm等編 VCH: Weinheim, p. 561-612を参照されたい)としての用途がある。更に、プリン、ピリミジン、ヌクレオシドまたはヌクレオチドの代謝に關与する酵素も標 10
的として、これに対する農作物保護用の化学物質、例えば殺菌剤、除草剤および殺虫剤の開発が進んでいる。

【0045】

バクテリアにおけるこれらの化合物の代謝は、顕著な特徴を有する(例えば、Zalkin, H. およびDixon, J.E. 著、(1992) "de novo purine nucleotide biosynthesis" (Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology, 第42巻, Academic Pressにおける論考, p. 259-287; Michal, G. 著、(1999) "Nucleotides and Nucleosides", 第8章(Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley: New Yorkにおける論考)を参照されたい)。プリン代謝は集中的な研究対象であり、細胞の正常な機能にとって重要なものである。高等生物のプリン代謝が悪影響を受けると、痛風などの深刻な疾患が生ずる。プリンのヌクレオチドは、リボース-5-リン酸から、中間体化合物イノシン-5'-リン酸(IMP)から複数工程を経て、グアノシン-5'- 20
-リン酸(GMP)またはアデノシン-5'-リン酸(AMP)が製造され、これらからヌクレオチドとして使用される三リン酸が容易に生成する。これらの化合物はエネルギー源としても利用されるので、その分解により、細胞中における多種多様な生化学プロセスのエネルギーを生成する。ピリミジン生合成は、リボース-5-リン酸からのウリジン-5'-モノリン酸(UMP)の生成により行われる。このUMPは、次いでシチジン-5'-三リン酸(CTP)に変換される。これら全てのヌクレオチドのデオキシ形態は、ヌクレオチドの二リン酸リボースからヌクレオチドの二リン酸デオキシリボースへの一工程の還元反応により行われる。これらの分子は加リン酸反応においてDNA合成に關与 30
することがある。

【0046】

D.トレハロースの代謝および使用法

トレハロースは、 α -D-グルコピラノシド(1 \rightarrow 4)結合により結合する2個のグルコース分子から構成される。トレハロースは、食品産業において、甘味料、乾燥または冷凍食品用添加剤として、および飲料用に一般に使用される。しかしながら、トレハロースには、医薬品、化粧品およびバイオテクノロジー業界での用途もある(例えばNishimoto等、(1998) 米国特許第5,759,610号明細書; Singer, M.A. およびLindquist, S. 著、(1998) Trends Biotech. 16: 460-467; Paiva, C.L.A. およびPanek, A.D. 著、(1996) Biotech. Ann. Rev. 2: 293-314、およびShiosaka, M. 著、(1997) J. Japan 172: 97-102、参照)。トレハロースは、 40
多種微生物から酵素により産生し、周辺の媒体に自然に放出されるものであり、これを公知方法により回収可能である。

【0047】

[II. 本発明の要素および方法]

本発明は、本明細書でMP核酸およびタンパク質分子と称される(表1を参照)新規な分子の発見に少なくとも一部分基づいているものであり、この新規な分子は、1種以上の細胞代謝経路において役割を果す、または機能するものである。一実施形態において、MP分子は、1種以上のアミノ酸(例えば、リシンまたはメチオニン)、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路を含む酵素反応を触媒する。好ましい一実施形態において、アミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性 50

食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの1種以上のC・グルタミカム代謝経路における本発明による1種以上のMP分子の活性は、この分子を単独で、あるいは同一でもまたは異なっても良い代謝経路（例えば、メチオニンまたはリシンの代謝）に含まれる分子と組み合わせると、この生物による所望のファインケミカルの製造に影響を与える。特に好ましい実施形態において、本発明のMP分子により活性を調節して、本発明によるMPタンパク質を含むC・グルタミカム代謝経路を、効率および産出量の点で調節するが、これはC・グルタミカムによる所望のファインケミカルの製造または製造効率を直接または間接的に調節することによって行われる。好ましい実施形態において、ファインケミカルは、アミノ酸、例えばリシンまたはメチオニンである。別の好ましい実施形態において、MP分子は、metZ、metYおよび/またはRXA00657である（表1を参照）。

10

【0048】

「MPタンパク質」または「MPポリペプチド」という用語には、1種以上のアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシドまたはトレハロースの代謝経路において、例えば酵素反応を触媒する役割を果たしているタンパク質が含まれる。MPタンパク質の例には、表1に示されているMP遺伝子によりコードされるようなものと、奇数番号の配列識別番号（SEQ ID NO）によりコードされているものが含まれる。「MP遺伝子」または「MP核酸配列」という用語には、コード領域とこれに対応する非翻訳5'および3'配列領域から成る、MPタンパク質をコードする核酸配列が含まれる。MP遺伝子の例には、表1に示された遺伝子が含まれる。「製造（生産）」または「生産性」という用語は当該技術者等に由来から認識されているものであり、所定時間および所定の発酵体積（例えば、1L（リットル）、1時間当たりのkgの生成物）内に形成される発酵生成物（例えば、所望のファインケミカル）の濃度が含まれる。「製造効率」という用語には、達成されるべき生産の特定レベルに必要なとされる時間が含まれる（例えば、細胞がファインケミカルの生産量の特定速度を得るためにどのくらいの時間がかかるのかということ）。「収率」または「産物/炭素収率」という用語は当該技術者等に由来から認識されているものであり、生成物（すなわち、ファインケミカル）中への炭素源を変換効率が含まれる。これは、一般に、例えば、炭素源kg当りのkgの生成物（kg産物/kg炭素源）と表記される。化合物の収率あるいは製造を向上させると、回収された分子の量、または所定時間量にわたって所定量の培養においてその化合物の有効に回収された分子の量は増加する。「生合成」または「生合成経路」という用語は当該技術者等に由来から認識されているものであり、多工程で且つ高度に制御された方法で細胞を用いて中間体より得られる化合物、好ましくは有機化合物の合成が含まれる。「分解」あるいは「分解経路」は当該技術者等に由来から認識されているものであり、多工程で且つ高度に制御された方法で細胞を用いて化合物、好ましくは有機化合物を分解生成物に分解することが含まれる（一般的に言えば、より小さくまたは複雑でない分子）。「代謝」という用語は当該技術者等に由来から認識されているものであり、生物で起こる生化学反応全体が含まれる。特定の化合物の代謝（例えば、グリシン等のアミノ酸の代謝）は、この化合物に関連している細胞における生合成、修飾、および分解経路全体を含む。

20

30

【0049】

本発明によるMP分子を、本発明による1種以上のMP分子か、あるいは1種以上の同一でもまたは異なっても良い代謝経路と組み合わせ、所望のファインケミカルの収率を向上させても良い。好ましい実施形態において、ファインケミカルはアミノ酸、例えばリシンまたはメチオニンである。あるいは、または更に、望ましくない副生成物を、MP分子または代謝分子（例えば、リシンまたはメチオニンの代謝に含まれる分子）の組み合わせまたは分解によって低減させても良い。同一でもまたは異なっても良い代謝経路の他の分子と組み合わせるMP分子は、そのヌクレオチド配列を変更しても良いし、そしてこれに対応するアミノ酸配列を変更して、緊縮条件下での活性を変更し、所望のファインケミカルの生産性および/または収率を向上させても良い。他の実施形態において、MP分子の最初の形態または上述したMP分子の変形態を、同一でもまたは異なっていて

40

50

も良い代謝経路の他の分子（ヌクレオチド配列が変更されている）と組み合わせて、緊縮条件下における活性を、所望のファインケミカル、例えばメチオニン又はリシン等のアミノ酸の生産性および／または収率が向上するように変更する。

【0050】

別の実施形態において、本発明のMP分子は、この分子を単独で、あるいは同一でもまたは異なっても良い代謝経路の1種以上の分子と組み合わせると、C. グルタミカム等の微生物中で、ファインケミカル等の所望の分子の生産を調節することができる。組換え遺伝子技術を使用して、1種以上の、アミノ酸（リシンまたはメチオニン）、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシドまたはトレハロースの本発明による生合成酵素または分解酵素を操作して、その機能が調節されるようにしても良い。例えば、生合成酵素の効率を向上させるか、あるいはそのアロステリック制御領域を破壊して、化合物の製造におけるフィードバック阻害を防いでも良い。同様に、分解酵素を置換、欠失、または付加によって欠失または修飾して、細胞の生存率に害を与えることなく、酵素の分解活性を所望の化合物用に低減しても良い。それぞれの場合で、これら所望のファインケミカルの1つについての全収率または全製造速度を向上させることが可能である。

【0051】

本発明によるタンパク質およびヌクレオチド分子におけるかかる変更により、アミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、およびトレハロース以外のその他のファインケミカルの製造を改善する場合がある。いずれか1つの化合物の代謝は、他の生合成および細胞内の分解経路と必然的に絡み合い、そして1つの経路で必要な補助因子、中間体、または基質を、別のかかる経路により供給または限定する。したがって、本発明によるタンパク質の1種以上の活性を調節することにより、別のファインケミカル生合成経路または分解経路の活性の生産または効率に影響を与える場合がある。例えば、アミノ酸は、全てのタンパク質の構造単位として機能し、その上、タンパク質合成に関して限定しているレベルで細胞間に存在しうる；したがって、細胞内における1種以上のアミノ酸の生産効率あるいは収率を向上させることにより、生合成タンパク質または分解タンパク質等のタンパク質をさらに容易に合成しうる。同様に、特定の副反応が多かれ少なかれ好適になるように代謝経路酵素における変更により、所望のファインケミカルの生産に中間体または基質として利用される1種以上の化合物を過剰生産または低生産する場合がある。

【0052】

本発明の単離された核酸配列は、ATCC 13032として認識される、American Type Culture Collectionにより市販されているコリネバクテリウム - グルタミカム株のゲノム内に含まれている。単離されたC. グルタミカムMP DNAのヌクレオチド配列が配列表の奇数のSEQ ID NOとして、C. グルタミカムMPタンパク質において予想された（predicted）アミノ酸配列が配列表の偶数のSEQ ID NOとしてそれぞれ示されている。コンピューターにより解析して、これらのヌクレオチド配列を、代謝経路のタンパク質、例えばメチオニンまたはリシンの代謝経路に含まれるタンパク質をコードする配列として分類および／または同定する。

【0053】

本発明は、本発明によるアミノ酸配列に実質的に相同なアミノ酸配列（例えば、配列表中の偶数のSEQ ID NOによる配列）を有するタンパク質に関する。本明細書では、選択されたアミノ酸配列に対して実質的に相同なアミノ酸配列を有するタンパク質が、選択されたアミノ酸配列、例えば選択されたアミノ酸配列全体に対して少なくとも約50%相同である。選択されたアミノ酸配列に対して実質的に相同なアミノ酸配列を有するタンパク質は、選択されたアミノ酸配列に対して、少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、

86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上相同である。

【0054】

本発明によるMPタンパク質、または生物学的に活性な部分またはそのフラグメントは、これを単独で、あるいは1種以上の同一でもまたは異なっても良い代謝経路と組み合わせ、1種以上のアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路における酵素反応を触媒可能であり、あるいは表1に記載の1種類以上の活性を有する（例えば、メチオニンまたはリシンの生合成における代謝）。

10

【0055】

本発明の実施形態の詳細について、以下に更に説明する。

【0056】

A. 単離された核酸分子

本発明は、MPポリペプチドまたはその生物学的に活性な部分をコードする単離された核酸分子、並びにMPをコードする核酸（例えば、MP DNA）の認識（同定）または増幅のために用いられるハイブリダイゼーションプローブまたはプライマーとして使用可能な核酸分子フラグメントを含む。本明細書では、「核酸分子」なる用語を、DNA分子（例えば、cDNAまたはゲノムDNA）およびRNA分子（例えば、mRNA）およびヌクレオチドの類似体を用いて生成したDNAおよびRNAの類似体を含む意図で使用する。この用語は、遺伝子のコード領域の3'および5'末端双方に存在する未翻訳の配列、すなわち遺伝子のコード領域の5'末端から上流の少なくとも約100ヌクレオチドの配列、および遺伝子のコード領域の3'末端から下流の少なくとも約20ヌクレオチドの配列も含む。核酸分子は1本鎖または2本鎖であるが、2本鎖のDNAであることが好ましい。「単離された」核酸分子は、核酸の天然源に存在する他の核酸分子から分離されたものである。「単離された」核酸分子は、生物のゲノムDNAに由来し、天然にはこのゲノムDNAの核酸の側方に位置する配列（すなわち核酸の5'末端および3'末端に配置された配列）を有さないことが好ましい。例えば、種々の実施の形態において、単離されたMP核酸分子は、天然の状態では、この核酸を誘導する細胞（例えば、C. グルタミカム細胞）のゲノムDNAの側方に位置し、約5 kb、4 kb、3 kb、2 kb、1 kb、0.5 kbまたは0.1 kb未満の長さのヌクレオチド配列から構成されうる。更に、「単離された」核酸分子、例えばDNA分子は、他の細胞材料、組換え技術により製造された場合に用いられた培地を実質上含まず、または化学的に合成された場合も化学的前駆体や他の化学物質を実質上含まない。

20

30

【0057】

本発明の核酸分子、例えば配列表の奇数のSEQ ID NOのヌクレオチド配列を有する核酸分子またはその一部は、標準的な分子生物学による技術により単離され、配列情報は本明細書に記載する。例えば、C. グルタミカムMP DNAは、ハイブリダイゼーションプローブおよび標準的なハイブリダイゼーション技術として、配列表の奇数のSEQ ID NO配列のいずれかの全体または一部を用い、C. グルタミカムライブラリから単離可能である（例えば、Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Maniatis, T. 共著、Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 第2版., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989に開示されている）。更に、本発明の核酸配列によるいずれか（例えば奇数のSEQ ID NO）の、全体または一部を含む核酸分子を、この配列に基づき設計されたオリゴヌクレオチドプライマーを用いたポリメラーゼ連鎖反応により単離可能である（例えば、本発明による核酸配列のいずれか（例えば、配列表の奇数のSEQ ID NO）の、全体または一部を含む核酸分子は、同様の配列に基づき設計されたオリゴヌクレオチドプライマーを用いたポリメラーゼ連鎖反応により単離可能である）。例えば、mRNAは、通常の内皮細胞から単離され（例えば、Chirgwin等著、(1979) Biochemistry 18: 5294-5299に記載のグアニジニウム - チオシアン酸抽出操作による）、そし

40

50

てDNAは、逆転写酵素を用いて製造される（例えば、Gibco/BRL、Bethesda, MD製、Moloney MLV 逆転写酵素、または Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL製 AMV 逆転写酵素）。ポリメラーゼ連鎖反応による増幅に用いられる合成オリゴヌクレオチドプライマーは、配列表に記載のいずれかのヌクレオチド配列に基づき設計されうる。本発明の核酸は、テンプレートとしてのcDNAまたはゲノムDNAと、標準的なPCR増幅技術において適当とされるオリゴヌクレオチドプライマーとを用いて増幅される。このように増幅された核酸は、適当なベクターにクローンされ、そしてDNA配列分析により特徴付けが行われる。更に、MP核酸配列に対応するオリゴヌクレオチドは、標準的合成技術により、例えば自動DNA合成機器を用いて製造される。

【0058】

好ましい実施の形態において、本発明の単離された核酸分子は、配列表に記載されたヌクレオチド配列のいずれかを含む。配列表に記載された本発明の核酸配列は、本発明のコリネバクテリウム - グルタミカムMP DNAに相当する。このDNAには、MPタンパク質をコードする配列（すなわち配列表における奇数のSEQ ID NOの配列に示されている「コード領域」）、並びに配列表の奇数のSEQ ID NOの配列に示されている5'末翻訳配列および3'末翻訳配列を含む。あるいは、この核酸分子は、配列表の核酸配列のいずれかのコード領域のみを含むものであってもよい。

【0059】

本願の目的のために、配列表に記載されたMP核酸およびアミノ酸配列の一部には、「RXA」、「RXN」、「RXS」または「RXC」の表示と、その後の5桁の数値とを含む識別用のRXA、RXN、RXSまたはRXC番号が付けられている（例えば、RXA、RXN、RXS、またはRXC）。各核酸配列は、3個までの部分、すなわち5'上流領域、コード領域、下流領域を含む。これらの3領域は、混乱を防ぐため、それぞれ共通の（同一の）RXA、RXN、RXS、またはRXC表示により識別される。「配列表における奇数の配列のいずれか」という表現は、異なるRXA、RXN、RXS、またはRXC表示により認識可能な、配列表中の核酸配列のいずれかであることを示している。各配列のコード領域は、配列表に偶数のSEQ ID NOとして、すなわち対応する核酸配列のすぐ下に記載されている対応のアミノ酸配列に翻訳される。例えば、RXA00115のコード領域はSEQ ID NO: 69に示され、これがコードするアミノ酸配列はSEQ ID NO: 70に記載されている。本発明による核酸分子配列は、これらがコードするアミノ酸分子と同じRXA、RXN、RXS、またはRXCの表示により識別されて、相関性が容易に読みとれる。例えば、RXA00115と表示したアミノ酸配列は、核酸分子RXA00115のヌクレオチド配列のコード領域を翻訳したものであり、RXN00403と表示したアミノ酸配列は、RXN00403のヌクレオチド配列におけるコード領域を翻訳したものであり、およびRXS03158と表示したアミノ酸配列は、RXS03158のヌクレオチド配列におけるコード領域を翻訳して得られたものである。本発明のRXA、RXN、RXS、およびRXCによるヌクレオチド配列およびアミノ酸配列と、これらの割り当てられたSEQ ID NOとの対応関係は、表1に示されている。

【0060】

本発明における数種類の遺伝子は、「F表示（指示）遺伝子（F-designated genes）」である。F表示遺伝子は、RXA、RXN、RXS、またはRXCの表示の前に「F」を有し、表1に記載の遺伝子を含む。例えば、表1に記載されているようにSEQ ID NO: 77は、「F RXA00254」というF表示遺伝子である。表1には、metZ（またはmetY）およびmetC遺伝子（それぞれSEQ ID NO:1およびSEQ ID NO:3と示されている）についても列挙されている。metZおよびmetC遺伝子によりコードされる対応のアミノ酸配列は、それぞれSEQ ID NO:2およびSEQ ID NO:4と示されている。

【0061】

一実施の形態において、本発明の核酸分子は、表2に記載されたものは含まなくてもよい。

【0062】

他の好ましい実施の形態において、本発明の単離された核酸分子は、本発明のヌクレオチド配列のいずれか（例えば、配列表の奇数のSEQ ID NOの配列）に相補性を有する核酸分

10

20

30

40

50

子、またはその一部を含む。本発明のヌクレオチド配列のいずれかに相補性のある核酸分子は、配列表に示されたヌクレオチド配列のいずれか（例えば、奇数のSEQ ID NOの配列）に対し十分な相補性を有し、これにハイブリダイズし、安定な二本鎖を形成する。

【0063】

更に他の実施の形態において、本発明の単離された核酸分子は、少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上、本発明のヌクレオチド配列（配列表の奇数のSEQ ID NOの配列）またはその一部に相同である。上記各値の中間値により示される値の範囲（例えば、70%～90%同一または80～95%同一）も本発明に含まれる。例えば、上限値および/または下限値として記載された上述の値のいずれを組み合わせる値の範囲としてもよい。更に他の好ましい実施の形態において、本発明の単離された核酸分子が、ハイブリダイズする、例えば緊縮条件下で、本発明のヌクレオチド配列またはその一部のいずれかとハイブリダイズする、ヌクレオチド配列を含む。

【0064】

更に、本発明の核酸分子は、配列表の奇数のSEQ ID NOのいずれかの配列におけるコード領域の一部のみ、例えばプローブもしくはプライマーとして使用可能なフラグメント、またはMPタンパク質の生物学的に活性な部分をコードするフラグメントのみから成ってもよい。C. グルタミカム由来のMP遺伝子のクローニングにより決定されたヌクレオチド配列により、他種の細胞および生物に相同なMP並びに他のコリネバクテリアまたは関連種由来のMP類似体を認識および/またはクローニングで使用するために設計されたプローブまたはプライマーの生成が行われる。プローブ/プライマーは、通常、実質的に精製されたオリゴヌクレオチドを含む。このオリゴヌクレオチドは、一般に、緊縮条件下で少なくとも約12、好ましくは約25、更に好ましくは40、50または75の連続した、本発明によるヌクレオチド配列のいずれか（例えば、配列表の奇数のSEQ ID NOのいずれかの配列）におけるセンス鎖ヌクレオチドとハイブリダイズするヌクレオチド配列領域、この配列のいずれかにおけるアンチセンス配列、または天然に発生するこれらの変異体を含む。本発明のヌクレオチド配列に基づくプライマーをPCR反応に使用して、MP相同体のクローンを可能となる。MPヌクレオチド配列に基づくプローブを使用して、転写により得られた配列（転写物）、または同配列または相同なタンパク質をコードするゲノム配列を検出する。好ましい実施の形態において、更にプローブは、これに付されたラベルグループを有している。このラジオグループの例は、放射性同位体、紫外線化合物、酵素、酵素補助因子である。かかるプローブは、例えば細胞サンプル中のMPコード核酸のレベルを、例えばMP mRNAレベルの検出またはゲノムMP遺伝子の変異または欠失を確認して測定することにより、MPタンパク質の誤発現を行う細胞を認識するための医療（診断）用テストキットの一部として使用される。

【0065】

一実施の形態において、本発明の核酸分子は、本発明のアミノ酸配列（例えば配列表の偶数のSEQ ID NOの配列）に、タンパク質またはその一部（タンパク質部分）がアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路における酵素反応を触媒する能力を維持するために十分な程度に相同なアミノ酸配列を含むタンパク質またはタンパク質部分をコードする。本明細書における「十分に相同」という表現は、本発明のアミノ酸配列と同一または等価（例えば、配列表の偶数のSEQ ID NOのいずれかの配列におけるアミノ酸残基と類似する側鎖を有するアミノ残基）である最小数のアミノ酸残基を含むアミノ酸配列を有するタンパク質またはその一部分を意味して、このタンパク質またはその一部分がC. グルタミカムのアミノ酸、ビタミン、補

助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロース代謝経路における酵素反応を触媒可能となる。このような代謝経路のタンパク質メンバーは、本明細書に記載のとおり、１種類以上のアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの生合成または分解を触媒するための機能を有する。従って、「MPタンパク質の機能」は、１種類以上の代謝経路の機能全体に関与し、そして１種類以上のファインケミカルの収率、製造および／または製造効率に直接的または間接的に関与するものである。MPタンパク質活性の例を表１に記載する。

【００６６】

他の実施の形態において、タンパク質は、本発明のアミノ酸の配列全体（例えば配列表の偶数のSEQ ID NOによる配列）に対して、少なくとも約５０％、５１％、５２％、５３％、５４％、５５％、５６％、５７％、５８％、５９％、または６０％、好ましくは少なくとも約６１％、６２％、６３％、６４％、６５％、６６％、６７％、６８％、６９％、または７０％、更に好ましくは少なくとも約７１％、７２％、７３％、７４％、７５％、７６％、７７％、７８％、７９％、または８０％、８１％、８２％、８３％、８４％、８５％、８６％、８７％、８８％、８９％、または９０％、または９１％、９２％、９３％、９４％、および更に好ましくは少なくとも約９５％、９６％、９７％、９８％、９９％、９９．７％またはそれ以上相同である。

【００６７】

本発明のMP核酸分子によりコードされたタンパク質部分は、MPタンパク質のいずれかにおける生物学的に活性な部分であることが好ましい。本明細書中、「MPタンパク質の生物学的に活性な部分」という表現は、１種類以上のC-グルタミカムのアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロース代謝経路における酵素反応を触媒するか、あるいは表１に記載の活性を有する部分、例えばMPタンパク質のドメイン／モチーフを含むものである。MPタンパク質またはその生物学的に活性な部分がアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロース代謝経路における酵素反応を触媒可能であるかどうかを判断するために、酵素活性の評価を行う。このような評価方法は当該技術者等に公知であり、その具体例は実施例８に詳細に記載されている。

【００６８】

MPタンパク質の生物学的に活性な部分をコードしている他の核酸フラグメントは、本発明のアミノ酸配列（例えば配列表の偶数のSEQ ID NO）のいずれかの一部を単離することにより製造され、MPタンパク質またはペプチドのコードされた部分を発現し（例えばin vitroでの組換え発現による）、MPタンパク質またはペプチドのコードされた部分の活性を評価する。

【００６９】

更に本発明は、遺伝子コードの縮重により本発明のヌクレオチド配列（例えば配列表の奇数のSEQ ID NOの配列）（およびその一部）とは異なる配列を有し、本発明のヌクレオチド配列によりコードされていると同じMPタンパク質をコードしている核酸分子を含む。他の実施の形態において、本発明の単離された核酸分子が配列表に記載のアミノ酸配列（例えば偶数のSEQ ID NO）を有するタンパク質をコードするヌクレオチド配列を有していると好ましい。更に他の実施の形態において、本発明の単離された核酸分子は、本発明のアミノ酸配列に対して実質的に相同なC-グルタミカムタンパク質の全体をコードする（配列表中の奇数のSEQ ID NOに示されたオープン・リーディング・フレームによりコードされている）。

【００７０】

一実施の形態において、本発明の配列は、本発明より以前に得られた表２に記載のGenbank配列等の従来技術による配列を含まないことは当該技術者等には明白である。一実施の形態において、本発明は、従来技術による配列（例えば、表２に記載のGenbank配列（またはかかる配列によりコードされるタンパク質））と比較して、本発明のヌクレオチドまたはアミノ酸配列に同一な部分の割合が大きいヌクレオチド配列およびアミノ酸配列を含

10

20

30

40

50

む。例えば、本発明は、RXA00657という表示によるヌクレオチド配列 (SEQ ID NO: 5) に 45% 以上同一なヌクレオチド配列を含む。当該技術者等により、本発明の所定の配列に対する同一性の割合の下限は、この所定配列についてヒットした表 4 に記載の上位 3 つに関して G A P により計算された同一性割合のスコアを検討し、そして G A P により計算された最高の同一性割合の値 (%) を 100% から差し引くことにより、計算可能となった。このように計算された下限値よりも高い同一性割合を有する核酸およびアミノ酸配列 (例えば、少なくとも約 50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または 60%、好ましくは少なくとも約 61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または 70%、更に好ましくは少なくとも約 71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または 80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または 90%、または 91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約 95%、96%、97%、98%、99%、99.7% またはそれ以上同一) が、本発明に含まれることは、当該技術者等には明白に理解される。

【0071】

奇数の SEQ ID NO として配列表に記載されている C . グルタミカム M P 核酸配列の他に、個体群 (例えば、C . グルタミカム個体群) 中に M P タンパク質のアミノ酸配列の変化を起こす D N A 配列多形性 (polymorphism) が存在し得ることも当該技術者等には理解される。M P 遺伝子におけるこのような遺伝的多形性は、天然の変異に起因して個体群の個体に存在することもある。本明細書で用いられる「遺伝子」および「組換え遺伝子」という用語は、M P タンパク質、好ましくは C . グルタミカム M P タンパク質をコードするオープン・リーディング・フレームを含む核酸分子を意味する。かかる天然の変異により、M P 遺伝子のヌクレオチド配列において、通常は 1 ~ 5% 変動する。M P における、上述のような、または他の全てのヌクレオチドの変動 (変異) およびこれにより得られるアミノ酸の多形性は、天然の変異の結果であり、M P タンパク質の機能的活性を変化させるものではなく、本発明に含まれるものである。

【0072】

本発明の C . グルタミカム M P D N A の天然変異体および非 - C . グルタミカム相同体に対応する核酸分子は、C . グルタミカム、またはこれらの一部に関して上述した C . グルタミカム M P 核酸に対する相同性に基づいて、緊縮ハイブリダイゼーション条件下の標準的ハイブリダイゼーション技術によりハイブリダイゼーションプローブとして単離される。従って、他の実施の形態において、本発明の単離された核酸分子は、15 以上の長さのヌクレオチドから成り、配列表の奇数の SEQ ID NO のヌクレオチド配列を含む核酸分子に対し、緊縮条件下でハイブリダイズする。他の実施の形態において、核酸分子は、少なくとも 30、50、100、または 250 以上の長さのヌクレオチドを有する。本明細書で使用される「緊縮条件下でハイブリダイズする」なる用語は、相互に 60% 以上相同なヌクレオチド配列が相互にハイブリッドした状態を保つ、ハイブリダイゼーションとウォッシングの条件を示す目的で使用する。この条件は、少なくとも約 65%、更に好ましくは少なくとも約 70%、および更に好ましくは少なくとも約 75% 以上相互に相同な配列が相互にハイブリッドした状態を保つ条件であることが好ましい。かかる緊縮条件は当該技術者等に公知であり、Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3.1-6.3.6. に記載されている。

【0073】

緊縮ハイブリダイゼーション条件の好ましい例 (これに限定されない) は、6X 塩化ナトリウム / クエン酸ナトリウム (SSC) にて約 45 でハイブリダイズした後、0.2 X SSC、0.1% SDS で、50 ~ 65 にて 1 回以上洗浄したことによるハイブリダイゼーションである。緊縮条件下で本発明のヌクレオチド配列にハイブリダイズする本発明の単離された核酸分子は、天然に発生する核酸分子に対応していることが好ましい。本明細書で、「天然に発生する」核酸分子とは、天然に起こるヌクレオチド配列を有する R N A または D N A 分子 (例えば、天然のタンパク質をコードしている) を意味する。一実施の形態にお

いて、核酸は、天然のC・グルタミカムMPタンパク質をコードするものである。

【0074】

個体群中に存在する可能性のあるMP配列の天然に発生する変異体の他に、本発明のヌクレオチド配列に変異による変化が生じ、これからコードされたMPタンパク質のアミノ酸配列に変化が生じ、その際MPタンパク質の機能上の能力には変化が起こらないことも、当該技術者等には理解される。例えば、「非必須」アミノ酸残基におけるアミノ酸の置換を引き起こすヌクレオチドの置換は、本発明のヌクレオチド配列中で起こり得る。「非必須」アミノ酸残基は、MPタンパク質のいずれかの野生型配列（例えば、配列表の偶数のSEQ ID NO）から変化が生じうる残基であり、その際このMPタンパク質の活性には変化のないものである。一方、「必須」アミノ酸残基は、MPタンパク質活性に必要なアミノ酸残基である。しかしながら、他のアミノ酸残基（例えば、MP活性を有するドメインで保存されていないか、または半保存状態であるアミノ酸）は活性に必須でないこともあるため、MP活性に変化のない状態で変化を受けやすい。

10

【0075】

従って、更に本発明は、MP活性に必須ではないアミノ酸残基中に変化を含むMPタンパク質をコードする核酸分子に関する。かかるMPタンパク質のアミノ酸配列は、配列表の偶数のSEQ ID NOの配列とは異なるが、本明細書中に記載した1種類以上のMP活性を含むものである。一実施の形態において、単離された核酸分子は、本発明のアミノ酸配列に少なくとも約50%相同なアミノ酸配列を含み、かつアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路における酵素反応を触媒可能であるか、あるいは表1に記載の1種類以上の活性を有するアミノ酸配列を含むタンパク質をコードするヌクレオチド配列を含む。核酸分子にコードされるタンパク質は、本発明によるいずれかのアミノ酸配列に対して、少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上相同であることが好ましい。

20

30

【0076】

2種類のアミノ酸配列（例えば、本発明のアミノ酸配列のいずれかと、この変異形）または2種類の核酸の相同な割合を測定するため、最適な比較が可能なように配列が決定される（例えば、一方のタンパク質または核酸の配列と他方のタンパク質または核酸との最適な位置（アライメント）を得るためにギャップを設けることができる）。アミノ酸残基またはヌクレオチドとの、対応するアミノ酸位置またはヌクレオチド位置同士を比較する。一方の配列の位置（例えば、本発明のアミノ酸配列の一つ）に、他方の配列（例えば、アミノ酸配列の変異形）の対応する位置と同一のアミノ酸残基またはヌクレオチドが存在する場合、この位置で分子は相同である（すなわち、本発明で使用されるアミノ酸または核酸の「相同性」は、アミノ酸または核酸の「同一性」と等価である）。2つの配列間の相同性割合は、これらの配列間に占める同一な位置の数に対する関数である（すなわち、相同性（%）＝同一位置の数／位置の総数×100）。

40

【0077】

本発明のタンパク質配列（例えば、配列表の偶数のSEQ ID NOの配列）に相同なMPタンパク質をコードしている単離された核酸分子は、本発明のヌクレオチド配列へ1個以上のヌクレオチドの置換、付加または欠失によって起こり、これによりコードされたタンパク質に1個以上のアミノ酸の置換、付加、欠失が生ずることにより生成する。標準的技術、例えば特定部位の突然変異誘発およびPCR仲介突然変異等により、本発明のいずれかのヌクレオチド配列の変異が生ずる。保存的アミノ酸置換が、1種類以上の予測された非必須アミノ酸残基上で起こるのが好ましい。「保存的アミノ酸置換」は、アミノ酸残基が、類

50

似の側鎖を有するアミノ酸残基により置換されることを意味する。類似する側鎖を有するアミノ酸残基のファミリーは、当該分野で定義されている。これらのファミリーには、塩基性側鎖を有するアミノ酸（例えば、リジン、アルギニン、ヒスチジン）、酸性側鎖を有するアミノ酸（例えば、アスパラギン酸、グルタミン酸）、非荷電極性側鎖を有するアミノ酸（例えば、グリシン、アスパラギン、グルタミン、セリン、スレオニン、チロシン、システイン）、非極性側鎖を有するアミノ酸（例えば、アラニン、バリン、ロイシン、イソロイシン、プロリン、フェニルアラニン、メチオニン、トリプトファン）、 γ -分岐側鎖を有するアミノ酸（例えば、スレオニン、バリン、イソロイシン）、および芳香性側鎖を有するアミノ酸（例えばチロシン、フェニルアラニン、トリプトファン、ヒスチジン）が含まれる。従って、MPタンパク質中の予測された非必須アミノ酸が、同じ側鎖ファミリーに属する他のアミノ酸残基により代替されることが好ましい。あるいは、他の好ましい実施の形態において、MPコード配列の全てまたは一部に対して、飽和変異生成(saturation mutagenesis)等によりランダムに変異が生じ、これにより得られた変異体の上記MP活性をスクリーニングし、変異体がMP活性を保持していることを確認する。配列表の奇数のSEQ ID NOのいずれかのヌクレオチド配列の変異生成により、これによりコードされたタンパク質は組換えによる発現を行うため、このタンパク質の活性を、例えば本明細書に記載の（具体例として実施例8を参照）評価法により評価する。

10

【0078】

上述のMPタンパク質をコードする核酸分子の他に、本発明は、これに対してアンチセンスな、単離された核酸分子に関する。「アンチセンス」な核酸とは、所定のタンパク質をコードする「センス」核酸に相補性を有するヌクレオチド配列、例えば2本鎖DNA分子のコードストランドまたはmRNA配列に対する相補性を有するヌクレオチド配列を意味する。従って、アンチセンス核酸はセンス核酸に水素結合することができる。アンチセンス核酸は全MPコードストランドに対して相補性を有することも、その一部にのみ相補性を有することも可能である。一実施の形態において、アンチセンスヌクレオチド分子は、MPタンパク質をコードするヌクレオチド配列のコードストランドの「コード領域」にアンチセンスである。「コード領域」とは、アミノ酸残基に翻訳されるコドンを含むヌクレオチド配列の領域を意味する（例えば、SEQ ID NO.: 1(metZ)のコード領域全体は、ヌクレオチド363～1673を含む）。他の実施の形態において、アンチセンス核酸分子はMPをコードするヌクレオチド配列のコード鎖（コードストランド）の「非コード領域」にアンチセンスである。「非コード領域」とは、アミノ酸に翻訳されない、コード領域の側方に存在する5'および3'配列を意味する（すなわち、5'および3'未翻訳領域とも称される）。

20

30

【0079】

本発明に開示されたMPをコードする所定のコード鎖配列（例えば、配列表の奇数のSEQ ID NOに示された配列）として、本発明のアンチセンス核酸は、ワトソンとクリックによる塩基対のルールにより設計することができる。アンチセンス核酸分子は、MP mRNAの全コード領域に相補性を有してもよいが、MP mRNAのコード領域または非コード領域の一部のみにアンチセンスなオリゴヌクレオチドでると好ましい。例えば、アンチセンスオリゴヌクレオチドは、MP mRNAの翻訳開始サイト（部位）を取り巻く領域に相補性を有することも可能である。アンチセンスオリゴヌクレオチドは、例えば、約5、10、15、20、25、30、35、40、45または50ヌクレオチド長とされうる。本発明のアンチセンス核酸は、当該分野で公知の手法により化学合成および酵素的結合反応により構成される。例えば、アンチセンス核酸（例えば、アンチセンスオリゴヌクレオチド）は、天然に発生するヌクレオチドを用いて化学的に合成可能であり、あるいは分子の生物学的安定性を向上させるため、もしくはアンチセンスとセンス核酸、例えばホスホロチオエート誘導体とアクリジン置換ヌクレオチドとの間で形成する2本鎖の物理的安定性を向上させるために設計された種々の修飾を有するヌクレオチドを使用可能である。アンチセンス核酸の生成に使用されうる修飾されたヌクレオチドの例は、5-フルオロウラシル、5-プロモウラシル、5-クロロウラシル、5-ヨードウラシル、ヒポキサンチン、キサンチン、4-ア

40

50

セチルシトシン、5 - (カルボキシヒドロキシメチル) ウラシル、5 - カルボキシメチルアミノメチル - 2 - チオウリジン、5 - カルボキシメチルアミノメチルウラシル、ジヒドロウラシル、 β - D - ガラクトシルキノシン、イノシン、N 6 - イソペンテニルアデニン、1 - メチルグアニン、1 - メチルイノシン、2 , 2 - ジメチルグアニン、2 - メチルアデニン、2 - メチルグアニン、3 - メチルシトシン、5 - メチルシトシン、N 6 - アデニン、7 - メチルグアニン、5 - メチルアミノメチルウラシル、5 - メトキシアミノメチル - 2 - チオウラシル、 β - D - マンノシルキノシン、5' - メトキシカルボキシメチルウラシル、5 - メトキシウラシル、2 - メチルチオ - N 6 - イソペンテニルアデニン、ウラシル - 5 - オキシ酢酸 (v)、ワイブトキソシン (wybutoxosine)、プソイドウラシル、キノシン、2 - チオシトシン、5 - メチル - 2 - チオウラシル、2 - チオウラシル、4 - チオウラシル、5 - メチルウラシル、ウラシル - 5 - オキシ酢酸メチルエステル、ウラシル - 5 - オキシ酢酸 (v)、5 - メチル - 2 - チオウラシル、3 - (3 - アミノ - 3 - N - 2 - カルボキシプロピル) ウラシル、(acp3)w、および 2 , 6 - ジアミノプリンである。あるいは、アンチセンス核酸は、核酸を発現ベクターにアンチセンス方向にサブクローニングしたものを用いて生物学的に製造可能でもある(すなわち、挿入された核酸から転写されたRNAは、目的の核酸に対してアンチセンスな方向に配置される。これについては以下に更に詳細に説明する。)。

【0080】

本発明のアンチセンス核酸分子は、MPタンパク質をコードする細胞のmRNAおよび/またはゲノムDNAとハイブリダイズまたは結合するように、一般的には細胞に投入されるか、または現場で生成され、転写および/または翻訳を阻害する等によりタンパク質の発現が阻害される。このハイブリダイゼーションは、安定な2本鎖を形成する本来のヌクレオチドの相補性により行うことができるが、DNA 2本鎖に結合するアンチセンス核酸分子の場合等には、二重らせんに結合する主溝での特異的相互作用により行うことも可能である。アンチセンス分子は、所定の細胞表面の受容体または同細胞表面で発現する抗原に特異的に結合するように、例えば細胞表面上の受容体または抗原と結合するペプチドまたは抗体にアンチセンス核酸分子を結合するなどして修飾されうる。アンチセンス核酸分子を、本発明に開示されているベクターを用いて細胞に導入することも可能である。アンチセンス分子の十分な細胞内濃度を得るために、原核細胞、ウイルス性または真核細胞のプロモータの強力な制御下に、アンチセンス核酸分子が配置されたベクター構成体が好ましく用いられる。

【0081】

他の実施の形態において、本発明のアンチセンス核酸分子として、 β - アノマー核酸分子が用いられる。 β - アノマー核酸分子は、相補性RNAと特異的な2本鎖ハイブリッドを形成し、この場合、通常の ユニットと異なり、各ストランドが互いに平行に伸長する (Gaultier等著、(1987) Nucleic Acids. Res. 15: 6625-6641)。アンチセンス核酸分子は、2' - o - メチルリボヌクレオチド (Inoue等著、(1987) Nucleic Acids Res. 15: 6131-6148)、またはキメラRNA-DNA類似体 (Inoue等著、(1987) FEBS Lett. 215: 327-330)を含んでもよい。

【0082】

他の実施の形態において、本発明のアンチセンス核酸がリボザイムであってもよい。リボザイムは触媒活性を有するRNA分子であり、相補性領域を有する1本鎖核酸、例えばmRNAを切断可能なリボヌクレアーゼ活性を有する。従って、リボザイム(例えば、ハンマーヘッドリボザイム (HaselhoffおよびGerlach著、(1988) Nature 334: 585-591に記載))を用いて、MP mRNAの転写体を触媒的に切断し、MP mRNAの翻訳を阻害することができる。MPコード核酸に対する特異性を有するリボザイムは、本明細書に記載のMP DNA (例えばSEQ ID NO: 1 (metZ))のヌクレオチド配列に基づき設計可能である。例えば、テトラヒメナL-19 IVS RNAの誘導体は、活性部位のヌクレオチド配列がMPコードmRNAにおいて切断可能なヌクレオチド配列に対して相補性を有する構成とされうる。これについては、例えばCech等、米国特許第4,987,071号、およびCech等、米国特

10

20

30

40

50

許第5,116,742号の各明細書を参照されたい。あるいは、M P m R N Aを用いて、R N A分子のプールより特異的リボヌクレアーゼ活性を有する触媒活性R N Aを選択することもできる。これについては、Bartel, D.およびSzostak, J.W. 共著 (1993) Science 261: 1411-1418を参照されたい。

【 0 0 8 3 】

あるいは、M Pヌクレオチド配列の調節領域（例えば、M Pプロモーターおよび/またはエンハンサー）に相補性を有するヌクレオチド配列を標的とすることによりM P遺伝子の発現を阻害して、標的細胞中におけるM P遺伝子の転写を防ぐ三重らせん構造を形成可能となる。これについては、Helene, C. (1991) Anticancer Drug Des. 6(6): 569-84; Helene, C. 等著、(1992) Ann. N.Y. Acad. Sci. 660: 27-36、およびMaher, L.J.等著 (1992) Bioassays 14(12): 807-15を参照されたい。

【 0 0 8 4 】

更に本発明は、メチオニンおよび/またはリシンの代謝に関与する遺伝子の組み合わせ、そして本発明の方法においてメチオニンおよび/またはリシンの代謝に関与する遺伝子の組み合わせの使用法に関する。組み合わせとしては、metZと、metC、metB（シスタチオニンシンターゼをコードする）、metA（ホモセリン - O - アセチルトランスフェラーゼをコードする）、metE（メチオニンシンターゼをコードする）、metH（メチオニンシンターゼをコードする）、hom（ホモセリンデヒドロゲナーゼをコードする）、asd（アスパラギン酸セミアルデヒドデヒドロゲナーゼをコードする）、lysC/ask（アスパラトキナーゼをコードする）およびrxa00657（本明細書で、SEQ ID NO.:5と示されている）、dapA（ジヒドロジピコリン酸シンターゼをコードする遺伝子）、dapC（2, 3, 4, 5 - テトラヒドロピリジン - 2 - カルボン酸 N - スクシニルトランスフェラーゼをコードする遺伝子）、dapD/argD（アセチルオルニチントランスアミナーゼをコードする遺伝子）、dapE（スクシニルジアミノピメリン酸デスクシニラーゼをコードする遺伝子）、dapF（ジアミノピメリン酸エピメラーゼをコードする遺伝子）、lysA（ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする遺伝子）、ddh（ジアミノピメリン酸デヒドロゲナーゼをコードする遺伝子）、lysE（リシンエクスポーター（lysine exporter）についてコードする遺伝子）、lysG（エクスポーター調節剤についてコードする遺伝子）、hsk（ホモセリンキナーゼをコードする遺伝子）、並びに補充反応に関与する遺伝子、例えばppc（ホスホエノンピルビン酸カルボキシラーゼをコードする遺伝子）、ppcK（ホスホエノンピルビン酸カルボキシキナーゼをコードする遺伝子）、pycA（ピルビン酸カルボキシラーゼをコードする遺伝子）、aacD、accA、accB、accC（アセチル - CoA - カルボキシラーゼのサブユニットについてコードする遺伝子）、並びにペントース - リン酸経路の遺伝子、グルコース - 6 - リン酸 - デヒドロゲナーゼをコードするgpdh遺伝子、opcA、pgdh（6 - ホスホグルコネート - デヒドロゲナーゼをコードする遺伝子）、ta（トランスアルドラーゼをコードする遺伝子）、tk（トランスケトラーゼをコードする遺伝子をコードする遺伝子）、pgl（6 - ホスホグルコノラクトナーゼをコードする遺伝子）、rlpe（リブロースリン酸3 - エピメラーゼをコードする遺伝子）、rpe（リブロース5 - リン酸エピメラーゼをコードする遺伝子）との組み合わせか、またはペントースリン酸経路に関して上述した遺伝子の組み合わせか、または本発明による他のM P遺伝子との組み合わせが好ましい。

【 0 0 8 5 】

この遺伝子のヌクレオチド配列および対応するアミノ酸配列を変化させて（変更して）誘導体を形成し、これにより生理学上の条件下でその活性を変化させて、所望のファインケミカル、例えばアミノ酸（例えば、メチオニンまたはリシン）の生産性および/または収率を向上させても良い。かかる変化または誘導体の種類の1つとして、アスパラトキナーゼをコードするask遺伝子のヌクレオチド配列が周知である。この変化により、アミノ酸のリシンおよびメチオニンによるフィードバック阻害を除去し、その後のリシンの過剰生産をもたらす。好ましい実施の形態において、metZ遺伝子またはこの変更形をコリネバクテリウム株において、ask、hom、metAおよびmetHまたはこれらの遺伝子の誘導体と組み合わせ使用して使用する。別の好ましい実施形態において、metZ遺伝子またはこの変更形をコリネ

10

20

30

40

50

バクテリウム株において、ask、hom、metAおよびmetEまたはこれらの遺伝子の誘導体と組み合わせる使用。更に好ましい実施形態において、metZ組み合わせ遺伝子またはmetZ遺伝子の変異形を、ask、hom、metAおよびmetHまたはこれらの遺伝子の誘導体と組み合わせるか、あるいはmetZをask、hom、metAおよびmetEまたはこれらの遺伝子の誘導体とコリネバクテリウム株において組み合わせ、そして硫黄源、例えばスルフェート、チオスルフェート、スルフィット、更に還元硫黄源、例えばH₂Sおよびスルフィド並びに誘導体を成育培地で使用する。更に、硫黄源、例えばメチルメルカプタン、メタンスルホン酸、チオグリコレート、チオシアネート、チオ尿素、アミノ酸（例えば、システイン）含有硫黄および他の硫黄含有化合物を使用可能である。更に本発明は、コリネバクテリウム株における上述した遺伝子組み合わせの使用法に関し、遺伝子導入前または導入後、当該技術者等に周知の放射線または突然変異化学によって突然変異を起こさせ、そして高濃度である所望のファインケミカル、例えばリシンまたはメチオニン、または所望のファインケミカルの類似物、例えばメチオニン類似エチオニン、メチルメチオニン、またはその他のものに対する耐性について選択する。別の実施形態において、上述した遺伝子組み合わせは、特定の遺伝子破壊を含むコリネバクテリウム株において発現可能である。所望の代謝物への炭素フラックスに相当であるタンパク質をコードする遺伝子破壊が好ましい。メチオニンが所望のファインケミカルである場合、リシンの形成が望ましくない場合がある。かかる場合、上述した遺伝子の組み合わせが、lysA遺伝子（ジアミノピメリン酸デカルボキシラーゼをコードする）またはddh遺伝子（テトラヒドロピコリネートのメソジアミノピメリン酸への変換を触媒するメソ - ジアミノピメリン酸デヒドロゲナーゼをコードする）についての遺伝子破壊を含むコリネバクテリウム株において発生しなければならない。好ましい実施の形態において、上述した遺伝子の好ましい組み合わせを完全に変更して、この遺伝子生成物について、所望のファインケミカルの形成する生合成経路の最終生成物または代謝物によってフィードバック阻害を起こさせないようにする。所望のファインケミカルがメチオニンである場合、遺伝子の組み合わせを突然変異誘発性薬剤もしくは放射線で予め処理した株（菌株）において発現させ、そして上述した耐性に関して選択する。更に、株を、1種以上の上述した硫黄源を含む成育培地で育成する必要がある。

【0086】

本発明の別の実施形態において、遺伝子は、仮説転写調節タンパク質についてコードする遺伝子として、コリネバクテリウム - グルタミカムのゲノム由来と同一であった。この遺伝子はRXA00657と示されている。RXA00657のヌクレオチド配列は、SEQ ID NO:5に対応する。RXA00657のアミノ酸配列は、SEQ ID NO:6に対応する。RXA00657遺伝子、並びに実施例に開示されている上流および下流調節領域をコリネバクテリウム - グルタミカムで折り曲げ可能なベクターにクローンし、そしてATCC13286等のリシン生成株に変換および発現し、この株により、上述したヌクレオチドフラグメント（断片）RXA00657を有さない同一のプラスミドで変換した株と比較して、更にリシンを製造する。リシンの滴定濃度を上述した株で増大させた観察結果の他に、これにより製造されたリシンのモル量で測定した選択率が、消費したスクロースのモル量と比較して、増大していた（実施例14、参照）。lysC、dapA、dapB、dapC、dapD、dapF、ddh、lysE、lysG、およびlysR等のリシンの特定経路に直接的または間接的に関与する、他の遺伝子の過発現（overexpression）と組み合わせるRXA00657の過発現により、RXA00657単独である場合と比較して、リシンの生産量が増大する。

【0087】

B．組換え発現ベクターおよび宿主細胞

本発明は、MPタンパク質（またはその一部）をコードする核酸、あるいは少なくとも1種の遺伝子がMPタンパク質についてコードする遺伝子の組み合わせを含むベクター、好ましくは発現ベクターに関する。本明細書で用いられる「ベクター」という用語は核酸分子を意味し、この核酸分子が結合している他の核酸を運搬する能力のある分子を意味する。ベクターの一例には、「プラスミド」があるが、これは、他のDNA部分を結紮可能な環状の2本鎖DNAループである。ベクターの他の例はウイルスベクターであり、このウ

イルスゲノムに他のDNAセグメントを結紮可能である。所定のベクターを宿主細胞に導入すると、この宿主細胞において自律的な複製が可能とされる（例えば、複製によるバクテリア由来のバクテリアベクターおよびエピソーム上の哺乳類ベクター）。他のベクター（例えば、エピソーム以外の哺乳類ベクター）を、宿主細胞に導入することにより宿主細胞のゲノムに組み込み、そして宿主ゲノムと共に複製する。更に、ある種のベクターは、これが協同的に結合している遺伝子の発現を支配可能である。かかるベクターを、本明細書では「発現ベクター」という。一般に、DNA組換え技術において使用される発現ベクターは、プラスミドの形態をとることが多い。本明細書においては、「プラスミド」と「ベクター」は相互変換可能に用いられるが、これは、プラスミドがベクターの最も頻繁に使用される形態だからである。しかしながら、本発明は、同様の機能を有する他の形態の発現ベクター、例えばウイルスベクター（例えば、複製欠陥レトロウイルス、アデノウイルスおよびアデノ随伴ウイルス）を含む。

【0088】

本発明の組換え発現ベクターは、宿主細胞中での核酸の発現に適する形態で本発明による核酸を含む。この組換え発現ベクターは、発現に使用される宿主細胞を基準に選択された1種類以上の調節配列を含み、発現すべき核酸配列に協同的に結合されている。組換え発現ベクターにおいて、「協同的に結合された」とは、ヌクレオチド配列の発現が可能のように調節配列に（例えば、*in vitro*転写/翻訳系で、または宿主細胞にベクターが導入される場合は宿主細胞中で）結合されていることを意味する。この「調節配列」という用語は、プロモーター、理PRESSER結合部位、活性化因子結合部位、エンハンサー、および他の発現調節要素（例えば、ターミネーター、ポリアデニル化シグナル、またはmRNA二次構造のその他の要素）を含む意図で使用する。この様な調節配列については、例えば Goeddel; Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990)に記載されている。調節配列は、多くの種類の宿主細胞中におけるヌクレオチド配列の構成発現を支配するものと、所定の宿主細胞中においてのみのヌクレオチド配列の発現を支配するものとを含む。好ましい調節配列は、例えばcos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, lacI^q, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, arny, SP02, -P_R- または -P_L等のプロモーターであり、これらはバクテリアにおいて好ましく使用される。他の調節配列の例は、ADC1、MF、AC、P-60、CYC1、GAPDH、TEF、rp28、ADH等の酵母および菌類由来のプロモーター、CaMV/35S、SSU、OCS、lib4、usp、STLS1、B33等の植物由来のプロモーター、nosまたはユビキチン - もしくはファセオリン - プロモーターである。人工のプロモーターを使用することも可能である。発現ベクターの設計は、形質転換すべき宿主細胞の選択等の要因、所望のタンパク質の発現程度等により変化することは、当該技術者等に理解されることである。本発明の発現ベクターは宿主細胞に導入可能であり、これにより、本発明に開示された核酸によりコードされた融合タンパク質またはペプチドを含むタンパク質またはペプチド（例えば、MPタンパク質、MPタンパク質の変異形、融合タンパク質等）が製造される。

【0089】

本発明の組換え発現ベクターは、原核生物または真核生物の各細胞におけるMPタンパク質の発現を行うために設計されうる。例えば、MP遺伝子は、C. グルタミカム等のバクテリア細胞、昆虫細胞（バキュロウイルス発現ベクター使用による）、酵母および他の菌類の細胞（Romanos, M.A. 等著、(1992) “Foreign gene expression in yeast: a review”, Yeast 8: 423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J. 等著、(1991) “Heterologous gene expression in filamentous fungi” (More Gene Manipulations in Fungiにおける論考、J.W. Bennet & L.L. Lasure編、p. 396-428: Academic Press: San Diego, およびvan den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) “Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi (Applied Molecular Genetics of Fungiにおける論考) Peberdy J.F. 等編、p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge、参照)、藻類および多細胞植物の細胞(Schmidt, R.、Willmitzer, L.共著 (1988) High efficiency Agrobacterium tumefaciens mediated transformation of Arabidopsis thaliana

10

20

30

40

50

na leaf and cotyledon explants” Plant Cell ReP.: 583-586、参照)、または哺乳類細胞において発現可能である。適当な宿主細胞については、Goeddel, Gene Expression Technology: Method in Enzymology185, Academic Press, San Diego, CA (1990)に詳細な説明がある。あるいは、組換え発現ベクターは、例えば、T7プロモータ調節配列およびT7ポリメラーゼ等を用いることにより、in vitroで転写および翻訳することもできる。

【0090】

原核生物におけるタンパク質の発現は、融合タンパク質または非融合タンパク質の発現を支配する構成性または誘導性プロモーターを含むベクターにより行われるのが最も一般的である。融合ベクターは、ここでコードされるタンパク質に対して、通常は組換えタンパク質の適当な領域内で融合する。かかる結合ベクターは、一般に3つの役割を果たす。すなわち、1)組換えタンパク質の発現を増大させる、2)組換えタンパク質の溶解性を向上させる、および3)親和精製におけるリガンドとして作用することにより組換えタンパク質の精製を補助する。融合発現ベクターにおいて、融合部分と組換えタンパク質の結合部分にタンパク質分解切断部位を導入して、融合タンパク質の精製を行うことにより融合部分を組換え部分から分離することを可能とすることも頻繁に行われている。かかる酵素およびそのコグネイト認識配列の例には、Xa因子、トロンピンおよびエンテロキナーゼがある。

【0091】

典型的な融合発現ベクターの例は、pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., Johnson, K.S.共著、(1988) Gene 67: 31-40)、pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) およびpRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ)であり、それぞれグルタチオンS-トランスフェラーゼ(GST)、マルトースE結合タンパク質、またはタンパク質Aを目的の組換えタンパク質に融合させる。一実施の形態において、MPタンパク質のコード配列はpGEX発現ベクターにクローンされて、N末端からC末端に向かって、GST-トロンピン切断部位-Xタンパク質を順に含む、融合タンパク質をコードするベクターが製造される。融合タンパク質は、グルタチオン-アガロース樹脂を用いたアフィニティー・クロマトグラフィーにより精製されうる。GSTへの融合から除去された組換えMPタンパク質は、融合タンパク質の、トロンピンによる切断により回収可能である。

【0092】

誘導性非融合E.coli発現ベクターの適例には、pTrc (Amann等著、(1988) Gene 69: 301-315) pLG338、pACYC184、pBR322、pUC18、pUC19、pKC30、pRep4、pHS1、pHS2、pPLc236、pMBL24、pLG200、pUR290、pIN-III 113-B1、gt11、pBdC1、およびpET 11d (Studier等著、Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 60-89、およびPouwels等編、(1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York ISBN 0 444 904018)がある。pTrcベクターによる標的遺伝子の発現は、ハイブリッドtrp-lac融合プロモーターからの宿主RNAポリメラーゼ転写により行われる。PET 11dベクターによる標的の遺伝子の発現は、協同発現するウイルスRNAポリメラーゼ(T7 gnl)により仲介されたT7 gn10-lac融合プロモータによる転写により行われる。このウイルスポリメラーゼは、lacUV5プロモータの転写支配下にT7gn1遺伝子を含む定住プロファージによる宿主株 BL21(DE3) またはHMS174(DE3) から供給される。他の多種のバクテリアの形質転換では、適当なベクターを選択することが可能である。例えば、プラスミドpIJ101、pIJ364、pIJ702 および pIJ361はストレプトマイセスの形質転換に有効であることが公知であり、一方、プラスミドpUB110、pC194またはpBD214はバキュラス種の形質転換に適している。遺伝情報をコリネバクテリウムに移送するために使用される数種類のプラスミドの例は、pHM1519、pBL1、pSA77、またはpAJ667 (Pouwels等編、(1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York ISBN 0 444 904018)である。

【0093】

組換えタンパク質の発現を最大限に行う1つの方法としては、組換えタンパク質のタンパク質分解的切断を行う能力に欠陥を有する宿主バクテリア中でタンパク質を発現させるこ

10

20

30

40

50

とである(Gottesman, S. 著、Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128)。他の方法(戦略)は、発現ベクターに挿入されるべき核酸の核酸配列を変化させて、各アミノ酸に対応する個々のコドンが、発現で選択される所定のバクテリア、例えば *C. glutamicum* で優先的に使用することである(Wada等、(1992) *Nucleic Acids Res.* 20: 2111-2118)。この様な本発明による核酸配列の変更は、標準的なDNA合成技術により行われうる。

【0094】

他の実施の形態においては、MPタンパク質発現ベクターとして酵母発現ベクターが用いられる。酵母 *S. cerevisiae* における発現を行うベクターの例としては、pYepSec1 (Balda ri等、(1987) *Embo J.* 6: 229-234)、2 μ 、pAG-1、Yep6、Yep13、pEMBLye23、pMFa(Kurj an、Herskowitz共著、(1982) *Cell* 30: 933-943)、pJRY88 (Schultz等著、(1987) *Gene* 54: 113-123)、およびpYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA)が挙げられる。繊維状細菌等の他の菌類に好ましく使用されるベクターを構成するために用いるベクターおよび方法については、van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi", (*Applied Molecular Genetics of Fungi*) J.F. Peberdy等編、p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge、およびPouwels等編、(1985) *Cloning Vectors*. Elsevier: New York (ISBN 0 444 904018)に詳細に記載されている。

【0095】

あるいは、本発明のMPタンパク質は、バキュロウイルス発現ベクターを用いて、昆虫細胞において発現可能である。培養された昆虫細胞(例えば、Sf9細胞)におけるタンパク質の発現が利用可能なバキュロウイルスベクターの例は、pAc系(Smith等著、(1983) *Mol. Cell. Biol.* 3:2156-2165)およびpVL系(LucklowおよびSummers共著、(1989) *Virology* 170: 31-39)である。

【0096】

他の実施の形態において、本発明のMPタンパク質は、単細胞植物の細胞(例えば藻類)または高等植物由来の植物細胞(例えば、農作物等の種子植物)において発現可能である。植物発現ベクターについては、Becker, D., Kemper, E., Schell, J. およびMasterson, R. 著、(1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20: 1195-1197; およびBevan, M.W. 著、(1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", *Nucl. Acid. Res.* 12: 8711-8721に詳細に記載されており、更にpLGV23、pGHIac+, pBIN19、pAK2004、およびpDH51 (Pouwels等編、(1985) *Cloning Vectors*. Elsevier: New York ISBN 0 444 904018)が、例として挙げられる。

【0097】

更に別の実施形態においては、本発明の核酸は、哺乳類発現ベクターを用いて哺乳類細胞において発現される。哺乳類発現ベクターの例は、pCDM8 (Seed, B. (1987) *Nature* 329: 840) およびpMT2PC (Kaufman等著、(1987) *EMBO J.* 6: 187-195)である。哺乳動物の細胞中で使用される場合の発現ベクターの制御機能は、ウイルスの調節要素により形成されることが多い。例えば、通常使用されるプロモーターは、ポリオーマウイルス属、アデノウイルス2、サイトメガロウイルス、およびシミアンウイルス40由来のものである。原核細胞および真核細胞の双方における他の適する発現システムについては、Sambrook, J., Fritsh, E.F. およびManiatis, T. 著、*Molecular Cloning: A Laboratory Manual*、第二版、第16、17章、Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989を参照されたい。

【0098】

他の実施の形態において、組換えによる哺乳類発現ベクターは、特定の細胞種に選択的な核酸の発現を支配可能である(例えば、この様な核酸の発現には、組織特異的調節要素を用いる)。組織特異的調節要素は、当該分野で公知である。組織特異的プロモーターとしては、アルブミンプロモーター(肝臓特異的: Pinkert等著、(1987) *Genes Dev.* 1: 268-27

10

20

30

40

50

7)、リンパ系特異的プロモーター(Calame、Eaton共著、(1988) Adv. Immunol. 43: 235-275)、特にT細胞受容体の特定のプロモーター(Winoto、Baltimore共著、(1989) EMBO J. 8: 729-733)、および免疫グロブリン(Banerji等著、(1983) Cell 33: 729-740、QueenおよびBaltimore共著、(1983) Cell 33: 741-748)、ニューロン特異的プロモーター(例えば、ニューロフィラメントプロモーター、ByrneおよびRuddle共著、(1989) PNAS 86: 5473-5477)、膵臓特異的プロモーター(Edlund 等著、(1985) Science 230: 912- 916)、および乳腺特異的プロモーター(例えば、乳漿プロモーター、米国特許第4,873,316号明細書およびヨーロッパ特許出願公開第264,166号公報)が挙げられるが、これらに限定されるものではない。発育中に調節されるプロモーターの例としては、ネズミ(マウス)のホックスプロモーター(KesselおよびGruss共著、(1990) Science 249: 374-379)および - フェトプロテインプロモーター(CampesおよびTilghman共著、(1989) Genes Dev. 3: 537-546)が挙げられる。

10

【0099】

更に本発明は、発現ベクターにアンチセンス方向にクローンされた本発明のDNA分子を含む組換え発現ベクターを提供するものである。すなわち、DNA分子は、MPmRNAに対してアンチセンスなRNA分子の(DNA分子の転写による)発現が可能のように、調節配列に協同的に結合している。アンチセンス方向にクローンされた核酸に協同的に結合する調節配列を選択して、これが種々の細胞種におけるアンチセンスRNA分子の連続的な発現を支配する。調節配列の例には、ウイルスプロモーターおよび/またはエンハンサーがある。或いは、アンチセンスRNAの構成性の組織特異的または細胞種類に特異的な発現を支配する調節配列を選択してもよい。アンチセンス発現ベクターは、アンチセンス核酸を高効率の調節領域の支配下に産生する組換えプラスミド、ファージミドまたは弱毒化ウイルスの形態であってもよい。この場合の活性はベクターが導入された細胞の種類によって決定する。アンチセンス遺伝子を使用する遺伝子発現の調節に関しては、Weintraub, H.等著、Antisense RNA as a molecular tool for genetic analysis, Reviews Trends in Genetics, Vol. 1(1) 1986を参照されたい。

20

【0100】

更に本発明は、本発明による組換え発現ベクターが導入された宿主細胞に関する。「宿主細胞」および「組換え宿主細胞」の双方の表現は、本明細書では相互変換可能に使用される。これらの表現は、特定の細胞のみならず、次世代細胞および後世代の細胞に発達する可能性のあるものに対しても用いる。変異または環境的な影響のいずれかにより後の世代に所定の修飾が起こる可能性があるため、このような後の世代は実際には親細胞とは同一ではないこともあるが、この場合も本明細書で使用される上述の表現に含まれるものとする。

30

【0101】

宿主細胞はいかなる原核細胞または真核細胞であってもよい。例えば、MPタンパク質は、C. グルタミカム等のバクテリア細胞、昆虫細胞、酵母または哺乳動物細胞(例えば、チャイニーズハムスター卵巣細胞(CHO)またはCOS細胞)で発現可能である。他の適当な宿主細胞は、当該技術者等に公知のものである。本発明による核酸およびタンパク質分子分子に従来の宿主細胞として用いられていたコリネバクテリウム - グルタミカムに関連する微生物を表3に記載する。

40

【0102】

慣用の形質転換または形質移入技術により、ベクターDNAを原核細胞または真核細胞に導入可能である。本明細書で、「形質転換(トランスフォーメーション)」および「形質移入(トランスフェクション)」、並びに「接合」および「形質導入」という用語は、外来核酸(例えば、鎖状DNAまたはRNA(例えば、直鎖化ベクターまたはベクターを有さない遺伝子構成部分のみ)またはベクター状の核酸(例えば、プラスミド、ファージ、ファスミド、ファージミド、トランスポロンまたは他のDNA))を宿主細胞に導入する従来から認識されている種々の技術を意味する意図で使用され、これには、例えば、リン酸カルシウムまたは塩化カルシウム共同沈降法、DEAE - デキストラン仲介トランスフ

50

エクシオン、リポフェクション、自然受容能 (natural competence)、化学物質仲介トランスフェクション、またはエレクトロポレーションが含まれる。宿主細胞の形質転換または形質移入についての適当な方法は、Sambrook等著、(Molecular Cloning: A Laboratory Manual、第二版、Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989)、および他の研究マニュアルに記載されている。

【0103】

哺乳類細胞の安定な形質移入では、使用する発現ベクターと形質移入技術により、細胞の小部分によってのみ外来DNAがゲノム中に統合されることもあることが公知である。これらの構成要素全体を認識し選択するため、選択可能なマーカーをコードする遺伝子（例えば、抗生物質に対する耐性）を所望の遺伝子と共に宿主細胞に導入するのが一般的である。選択可能なマーカーとしては、薬剤に対して耐性を付与するもの、例えばG418、ハイグロマイシンおよびメトトレキサートが好ましい。選択可能なマーカーをコードする核酸は、宿主細胞中に、MPタンパク質をコードするベクターと同一のベクターに導入可能であるが、他のベクターに導入することもできる。導入された核酸により安定に形質移入された細胞は、薬物の選択により認識されうる（例えば、選択可能なマーカー遺伝子が導入された細胞は生き残るが、他の細胞は死滅する）。

10

【0104】

相同な組換え微生物を得るためには、欠失、付加または置換が導入されたMP遺伝子の少なくとも一部を含むベクターを形成し、これによりMP遺伝子を、例えば機能的な混乱等により変化させる。このMP遺伝子は、コリネバクテリウム - グルタミカムMP遺伝子であることが好ましいが、関連するバクテリアまたは哺乳動物、酵母または昆虫に相同なものであってもよい。好ましい実施の形態において、ベクターは、相同な組換えの上、内因性MP遺伝子が機能的に混乱するように設計されていることが好ましい（すなわち、機能的タンパク質をコードしないように設計される。これは「ロックアウト」ベクターとも呼ばれる）。あるいは、相同な組換えの上、内因性MP遺伝子に変異またはその他の方法で変化しているが、機能性タンパク質をコードしている状態を保つ（例えば、上流の調節領域を変化させて、これにより内因性MPタンパク質の発現を変化させる）ようにベクターを設計することも可能である。相同な組換えベクターにおいて、MP遺伝子の5'および3'末端側方に、付加的な核酸が配置し、改変部分が得られる。このベクターによりもたらされた外因性MP遺伝子と微生物における内因性MPの間で相同組換えが可能とされる。この付加的に側方に位置するMP核酸は、十分な長さを有し、外因性遺伝子による十分に相同な組換えを可能としている。通常、数kb（キロベース）の側方配置DNA（5'末端および3'末端の双方において）がベクターに含まれている（Thomas, K.R.およびCapecci, M.R.共著、(1987) Cell 51: 503 for a description of homologous recombination vectorを参照されたい）。ベクターを微生物に導入し（例えば、エレクトロポレーションにより）、そして導入したMP遺伝子と内因性MP遺伝子との組み合わせを有する細胞が公知技術により選択される。

20

30

【0105】

他の実施の形態において、導入された遺伝子の調節された発現を可能とする選択された系を有する組換え微生物が製造される。MP遺伝子をベクター上に、lacオペロンの支配下に導入することにより、IPTGが存在する場合のみMP遺伝子の発現を可能にする。かかる調節システムは、従来から周知である。

40

【0106】

他の実施の形態において、宿主細胞における内因性MP遺伝子を、これから得られたタンパク質産物が発現しないように混乱させる（例えば、相同組換えまたは従来技術による他の遺伝子上の手段による）。他の実施の形態において、宿主細胞中における内因性または導入されたMP遺伝子が、1カ所以上の点変異、欠失または逆位により変化しているが、機能性MPタンパク質を依然としてコードしている。更に他の実施の形態において、微生物におけるMP遺伝子の1カ所以上の調節領域（例えば、プロモーター、リプレッサー、またはインデューサー）が、MP遺伝子の発現を調節するように変化させられている（例

50

えば、欠失、切断、逆位、点変異による)。当該技術者等によると、2種類以上の上述したMP遺伝子とタンパク質の修飾を含む宿主細胞は、本発明の方法により容易に製造され、これらも本発明に含まれるものであることが容易にわかる。

【0107】

本発明の宿主細胞、例えば培養体における原核細胞または真核細胞を用いて、MPタンパク質を製造する(すなわち発現させる)ことができる。従って、更に本発明は、本発明による宿主細胞を使用してMPタンパク質を製造する方法を提供するものである。一実施形態において、この方法は、MPタンパク質が得られるまで、本発明の宿主細胞(MPタンパク質をコードしている組換え発現ベクターが導入されているか、ゲノムが導入され、野生型または改変型MPタンパク質をコードしている細胞)に適する培地中で培養する。他の実施の形態において、本発明の方法は、培地または宿主細胞からMPタンパク質を単離する工程を含んでいる。

10

【0108】

C. 単離されたMPタンパク質

更に本発明は、単離されたMPタンパク質、およびその生物学的に活性な一部に関する。「単離された」または「精製された」タンパク質またはその生物学的に活性な部分は、組換えDNA技術で製造された場合に細胞質材料を実質的に含まず、あるいは化学的に合成された場合には化学的前駆体または他の化学物質を実質的に含まない。「細胞材料を実質的に含まない」という用語は、天然または組換え技術により製造された、細胞における細胞成分から分離したMPタンパク質の調製を意味する。一実施の形態において、「細胞材料を実質的に含まない」とは、非MPタンパク質(本明細書で「汚染タンパク質」(contaminating protein)ともいう)を約30%未満(乾燥重量で)、好ましくは約20%未満、更に好ましくは約10%未満、最も好ましくは5%未満含むMPタンパク質の調製を意味する。MPタンパク質またはこの生物学的に活性な部分が組換えにより製造される場合、培地を実質的に含まないことが好ましい。すなわち、培地が、タンパク質の調製の容量に対して20%未満、更に好ましくは約10%未満、特に好ましくは約5%未満であることが好ましい。「化学的前駆体または他の化学物質を実質的に含まない」という用語は、タンパク質がタンパク質の合成に関与する化学的前駆体または他の化学物質から分離されたMPタンパク質の調製を意味する。一実施の形態において、「化学的前駆体または他の化学物質を実質的に含まない」という表現は、約30%(乾燥重量)未満、好ましくは約20%未満、更に好ましくは約10%未満、最も好ましくは約5%未満の化学的前駆体または非MP化学物質を含むMPタンパク質の調製を意味する。好ましい実施の形態において、単離されたタンパク質またはこの生物学的に活性な部分は、このMPタンパク質が誘導された同じ生物からの汚染(源)タンパク質を含まない。一般に、かかるタンパク質を、C. グルタミカム等の微生物におけるC. グルタミカムMPタンパク質等の組換え発現により製造する。

20

30

【0109】

本発明の単離されたMPタンパク質またはその一部は、アミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路における酵素反応を触媒可能であるか、あるいは表1に記載の1種以上の活性を有する。好ましい実施形態において、タンパク質またはその一部は、本発明によるアミノ酸配列(例えば、配列表中の偶数のSEQ ID NOによる配列)に対して十分に相同なアミノ酸配列を含んで、このタンパク質またはその一部が、アミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路における酵素反応を触媒する能力を維持している。タンパクの一部が、本明細書で開示した生物学的に活性な部分であると好ましい。他の好ましい実施の形態において、本発明のMPタンパク質は、配列表中の偶数のSEQ ID NOによるアミノ酸配列を有している。他の好ましい実施の形態において、MPタンパク質は、本発明によるヌクレオチド配列(例えば、配列表中の奇数のSEQ ID NOによる配列)とハイブリダイズする、例えば緊縮条件下でハイブリダイズするヌクレオチド配列によりコードされているアミノ酸配列を有している。更に他の好ましい実施の形態にお

40

50

いて、MPタンパク質は、本発明による核酸配列のいずれかまたはその一部に対して、少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上相同なヌクレオチド配列によりコードされているアミノ酸配列を有する。上記各値の中間値により示される値の範囲（例えば、70～90%同一または80～95%同一）も本発明に含まれる。例えば、上限値および/または下限値として記載された上述の値のいずれを組み合わせる値の範囲としてもよい。本発明のMPタンパク質は、本明細書に記載された少なくとも1種類のMP活性を有することが好ましい。例えば、本発明のMPタンパク質は、本発明によるヌクレオチド配列とハイブリダイズする、例えば緊縮条件下でハイブリダイズし、そしてアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースの代謝経路における酵素反応を触媒可能であるか、あるいは表1に示された1種以上の活性を有しているヌクレオチド配列によりコードされたアミノ酸配列を含むのが好ましい。

10

【0110】

他の実施の形態において、MPタンパク質は、上述した第I欄で詳細に記載したように、本発明によるアミノ酸配列（例えば、配列表中の偶数のSEQ ID NOによる配列）と実質的に相同であり、且つ天然の変化もしくは変異生成によるアミノ酸配列が異なるものの、本発明によるアミノ酸配列のいずれかからなるタンパク質の機能的活性を保持するものである。従って、他の実施の形態において、MPタンパク質は、本発明のアミノ酸配列の全体に対して、少なくとも約50%、51%、52%、53%、54%、55%、56%、57%、58%、59%、または60%、好ましくは少なくとも約61%、62%、63%、64%、65%、66%、67%、68%、69%、または70%、更に好ましくは少なくとも約71%、72%、73%、74%、75%、76%、77%、78%、79%、または80%、81%、82%、83%、84%、85%、86%、87%、88%、89%、または90%、または91%、92%、93%、94%、および更に好ましくは少なくとも約95%、96%、97%、98%、99%、99.7%またはそれ以上相同なアミノ酸配列を含み、且つ本発明に記載したMP活性のいずれかを含むタンパク質である。上記各値の中間値により示される値の範囲（例えば、70～90%同一または80～95%同一）も本発明に含まれる。例えば、上限値および/または下限値として記載された上述の値のいずれを組み合わせる値の範囲としてもよい。別の実施の形態において、本発明は、本発明のアミノ酸配列全体に対して実質的に相同なC-グルタミカムタンパク質の全体に関する。

20

30

【0111】

MPタンパク質の生物学的に活性な部分は、MPタンパク質のアミノ酸配列から誘導されたアミノ酸配列（例えば、配列表中の偶数のSEQ ID NOによるアミノ酸配列）、またはMPタンパク質に相同なタンパク質のアミノ酸配列から誘導されたアミノ酸配列（MPタンパク質全体よりも少ないアミノ酸を含むか、あるいはMPタンパク質に相同なタンパク質全体を含む）を含み、そしてMPタンパク質の少なくとも1種類の活性を示す。一般的に、生物学的に活性な部分（ペプチド、例えば5、10、15、20、30、35、36、37、38、39、40、50、100以上のアミノ酸長のペプチド）は、MPタンパク質の少なくとも1種類の活性を有するドメインまたはモチーフを含む。更に、タンパク質の他の領域が欠失している、生物学的に活性な他のタンパク質を組換え技術により製造し、そして本明細書に記載された1種類以上の活性についての評価を行うことも可能である。MPタンパク質の生物学的に活性な部分は、生物学的活性を有する1種類以上の選択されたドメイン/モチーフまたはその一部である。

40

50

【 0 1 1 2 】

M P タンパク質は、組換え D N A 技術により製造されることが好ましい。例えば、タンパク質をコードしている核酸分子を発現ベクターにクローンし（上記参照）、この発現ベクターを宿主細胞に導入し（上記参照）、そしてこの M P タンパク質を宿主細胞中で発現させる。その後、M P タンパク質を、標準的なタンパク質精製技術を用いた適当な精製方法により細胞から単離可能である。組換え発現以外の方法では、標準的なペプチド合成法を用い、M P タンパク質、ポリペプチド、またはペプチドを化学的に合成する。更に、例えば、本発明による M P タンパク質またはそのフラグメントを用いる標準的な技術により製造可能な、抗 M P 抗体を使用し、未変性 M P タンパク質を細胞（例えば内皮細胞）から単離することができる。

10

【 0 1 1 3 】

本発明は、M P キメラタンパク質または融合タンパク質も提供する。本明細書で使用される M P 「キメラタンパク質」または「融合タンパク質」とは、非 M P ポリペプチドに協同的に結合する M P ポリペプチドを含む。「M P ポリペプチド」とは、M P に対応するアミノ酸配列を有するポリペプチドを意味し、一方、「非 M P ポリペプチド」とは、M P タンパク質に実質的な相同性を有さないタンパク質、例えば M P タンパク質と異なり且つ同一または異なっても良い生物から誘導されたタンパク質に対応するアミノ酸配列を有するポリペプチドを意味する。融合タンパク質に関して、「協同的に結合した」という用語は、M P ポリペプチドと非 M P ポリペプチドがインフレームで相互に融合していることを意味している。非 M P ポリペプチドは、M P ポリペプチドの C 末端または N 末端に融合可能である。一実施の形態において、例えば、この融合タンパク質は、M P 配列が G S T 配列の C 末端に結合（融合）した G S T - M P 融合タンパク質である。かかる融合タンパク質は、組換え M P タンパク質の精製に有効に用いられる。他の実施の形態において、融合タンパク質として、N 末端に非相同のシグナル配列を含む M P が用いられる。所定の宿主細胞（例えば、哺乳動物宿主細胞）において、M P タンパク質の発現および/または分泌は、非相同シグナル配列を使用することにより改善されうる。

20

【 0 1 1 4 】

本発明の M P キメラタンパク質または融合タンパク質は、標準的組換え D N A 技術により製造されるのが好ましい。例えば、異なるポリペプチド配列をコードしている D N A フラグメントは、慣用の技術によりインフレーム（in-frame）と共に結紮される。これは、例えば、結紮に平滑末端（ブラントエンド処理：blunt-ended）または付着末端（stagger-ended）を用いた処理、適当な末端を形成するための制限酵素による消化、適当な粘着末端を得るための充填、不適当な結合を回避するためのアルカリホスファターゼ処理、および酵素による結紮により行われることが好ましい。他の実施の形態において、融合遺伝子は、自動 D N A 合成機の使用等による慣用の技術により合成可能である。あるいは、2 本の平行する（連続的な）遺伝子フラグメント間に相補的オーバーハングを生じさせるアンカープライマーを用いて遺伝子フラグメントの P C R 増幅を行う。この場合の 2 本の遺伝子フラグメントは、後にアニーリングし、そして再増幅してキメラ遺伝子配列を生成する（例えば、Current Protocols in Molecular Biology、Ausubel 等編、John Wiley & Sons: 1992 を参照）。更に、予め融合部分をコードしている多量の発現ベクターが市販されている（例えば、G S T ポリペプチド）。M P をコードしている核酸は、上述のような発現ベクターに、融合部分が M P タンパク質に対してインフレームに結合するようにクローンされうる。

30

40

【 0 1 1 5 】

M P タンパク質の相同体は、変異生成、例えば M P タンパク質の散在点変異または切断により生成する。本明細書で使用される「相同体」という用語は、M P タンパク質活性のアゴニストまたはアンタゴニストとして作用する M P タンパク質の変異形を意味する。M P タンパク質のアゴニストは、M P タンパク質と同等の生物学的活性またはサブセットを実質的に維持することができる。M P タンパク質のアンタゴニストは、例えば M P タンパク質を含む M P カスケードの下流または上流メンバーに競争的に結合することにより、M P

50

タンパク質の天然に発生する形態での１種類以上の活性を阻害することができる。従って、本発明のＣ．グルタミカムＭＰタンパク質およびその相同体により、ＭＰタンパク質がこの微生物中で役割を果たす１種以上の代謝経路の活性を調節する場合がある。

【０１１６】

他の実施の形態において、ＭＰタンパク質の相同体は、ＭＰタンパク質アゴニストまたはアンタゴニスト活性を得るための、ＭＰタンパク質の変異体、例えば切断型変異体の組み合わせライブラリーをスクリーニングすることにより同定されうる。一実施の形態において、ＭＰ変異体の異形ライブラリーは、核酸レベルでの組み合わせ変異生成により得られ、そして異形遺伝子ライブラリーによりコードされる。ＭＰ変異体の異形ライブラリーは、例えば、合成オリゴヌクレオチドの混合物を遺伝子配列中に、ＭＰ配列を構成する可能性のある一連の変性体が個々のポリペプチドとして、或いは一連のＭＰ配列を含む大きな融合タンパク質（例えば、ファージディスプレイ）として発現可能であるように、酵素的結紮により製造されうる。変性したオリゴヌクレオチド配列からＭＰ相同体を構成する可能性のあるライブラリーを形成するためは、種々の方法が使用される。分解（変性）した遺伝子配列の化学的合成は自動ＤＮＡ合成機中で行われ、その後、合成された遺伝子は、適当な発現ベクターに結紮させられる。分解された遺伝子をセットとして使用することにより、ＭＰ配列を構成する可能性のある所望のセットをコードする全ての配列が混合物として提供される。分解されたオリゴヌクレオチドの合成方法は、当該分野において公知である（例えば、Narang, S.A. 著、(1983) Tetrahedron 39: 3、Itakura等著、(1984) Annu. Rev. Biochem. 53: 323、Itakura 等著、(1984) Science 198: 1056、Ike等著、(1983) Nucleic Acid Res. 11: 477を参照されたい）。

【０１１７】

更に、ＭＰタンパク質コードのフラグメントライブラリーを用いて、ＭＰタンパク質の相同体のスクリーニングと次の選択を行う、ＭＰフラグメントの異形個体群を製造することが可能である。一実施の形態において、コード配列フラグメントのライブラリーは、以下の方法で得られる。すなわち、ＭＰコード配列の２本鎖ＰＣＲフラグメントを、分子ごとに約１回だけニッキングが起こる条件下で、ヌクレアーゼで処理し、２本鎖ＤＮＡを変性させ、異なるニッキングを起こした産物からセンス／アンチセンス対を含むＤＮＡが２本鎖ＤＮＡを形成するようにＤＮＡを復元し、再形成された２本鎖から、Ｓ１ヌクレアーゼでの処理により１本鎖タンパク質を除去し、そしてこれにより得られたフラグメントライブラリーを発現ベクターに結紮する。この方法により、発現ライブラリーは、種々の大きさＭＰタンパク質のＮ末端、Ｃ末端および内部フラグメントをコードする発現ライブラリーを誘導可能となる。

【０１１８】

点変異または切断により得られた組み合わせライブラリーの遺伝子産物をスクリーニングし、そして所定の性質を有する遺伝子産物のｃＤＮＡライブラリーのスクリーニングを行うための複数の技術が当該分野で公知である。かかる技術は、ＭＰ相同体の組み合わせ変異生成により得られた遺伝子ライブラリーの迅速なスクリーニングに適合可能である。この最も広く用いられている技術は、大きな遺伝子ライブラリーのスクリーニングを行うための高速処理分析に基づくものである。この技術では、一般に、遺伝子ライブラリーを複製可能な発現ベクターにクローンし、適当な細胞を形質転換してベクターのライブラリーを得て、所望の活性の検出により遺伝子をコードするベクターが単離され、遺伝子からの産物が検出される条件下で、組換え遺伝子を発現させる。ライブラリーにおける帰納的変異体の発生率を向上させる新しい技術、すなわち帰納的集合変異生成(REM: recursive ensemble mutagenesis)を、ＭＰ相同体を同定するためのスクリーニング法と組み合わせて用いることができる(Arkin, Yourvan共著 (1992) PNAS 89: 7811-7815、Delgrave等著、(1993) Protein Engineering 6(3): 327-331)。

【０１１９】

他の実施の形態において、細胞を基準とする分析が行われ、公知方法を用いて異形ＭＰライブラリーを分析することができる。

【 0 1 2 0 】

D．本発明の方法および使用法

本明細書に記載されている核酸分子、タンパク質、タンパク質相同体、融合タンパク質、プライマー、ベクター、および宿主細胞は、以下の1種類以上の方法により用いられる。すなわち、C．グルタミカムおよび関連する生物の同定（認識）；C．グルタミカムに関連する生物のゲノムマップ作成；所望のC．グルタミカム配列の同定および存在位置の確認；進化の研究；機能を得るために必要なMPタンパク質領域の決定；MPタンパク質活性の調節；MP経路の活性調整；および所望の化合物、例えばファインケミカルの細胞による産生の調節において用いられる。

【 0 1 2 1 】

本発明のMP核酸分子は種々の用途を有する。まず、同分子はコリネバクテリウム - グルタミカムまたはこれに密接に関連する生物を同定するために使用される。更に、MP核酸分子は、微生物の混合個体群におけるC．グルタミカムまたはこれに密接に関連する生物の存在を認識するために使用される。更に、本発明は、微生物の単独種類の個体群または混合個体群の培養体中の抽出されたゲノムDNAを、緊縮条件下で、C．グルタミカム遺伝子特有の領域をスパニングするプローブを用いて調べることにより、この生物の存在を確認する。

【 0 1 2 2 】

コリネバクテリウム - グルタミカム自体にはヒトに対する病原性はないが、コリネバクテリウム - ジフテリア等のヒト病原性種に関連を有する。コリネバクテリウム - ジフテリアはジフテリアの原因物質であり、急速に成長し、局所的および全身性病状の双方に関連する急性かつ熱性の感染を起こす。この疾病では、局所的障害が、上部気道に発生し且つ壊死性損傷を上皮性細胞まで到達させ、桿菌（杆菌）がトキシンを分泌して、障害が体の遠位の敏感な組織まで広がる。これらの組織、例えば心臓、筋肉、末梢神経、副腎、腎臓、肝臓および脾臓におけるタンパク質合成の阻害により変形性変化が生じ、この結果、疾病の全身性病状が示されるようになる。世界の多くの地域、例えばアフリカ、アジア、東ヨーロッパおよび旧ソビエト連邦から独立した国々において、ジフテリアは高発生率を示している。最後に挙げた2つの地域で続くジフテリアの流行により、1990年以来、少なくとも5000人の死亡者が出る結果となった。

【 0 1 2 3 】

一実施の形態において、本発明によると、被検体（被検者／患者）におけるコリネバクテリウム - ジフテリアの活性の存在または活性を認識（同定）する方法が提供される。この方法では、本発明による1種以上の核酸またはアミノ酸配列（例えば、配列表の奇数または偶数のSEQ ID NOの配列）を検出して、コリネバクテリウム - ジフテリアの存在または活性を検出する。C．グルタミカムとC．ジフテリアとは関連するバクテリアであり、C．グルタミカムの核酸およびタンパク質分子の多くがC．ジフテリアの核酸およびタンパク質分子と相同であるため、これを用いて被検体C．ジフテリアの検出が可能である。

【 0 1 2 4 】

本発明の核酸およびタンパク質分子は、ゲノムの特定領域のマーカーとしての役割も果たす。これはゲノム地図作製のみならず、C．グルタミカムタンパク質の機能に関する研究にも利用される。例えば、特定のC．グルタミカムDNA - 結合タンパク質が結合するゲノムの領域を同定するために、C．グルタミカムゲノムを消化可能であるが、フラグメントはDNA - 結合タンパク質とインキュベートされる。タンパク質と結合する領域を、本発明の核酸に好ましくは検出が容易なラベルを付けたものを用いて詳細に調べることも可能であり、このような核酸の遺伝子フラグメントに対する結合により、C．グルタミカムのゲノム地図におけるフラグメントの位置特定が可能となり、更に種々の酵素により複数回試行すれば、タンパク質が結合している核酸配列が迅速に決定される。更に、本発明の核酸分子は、関連種の配列に十分な相同性を有するため、関連するバクテリア、例えばブレビバクテリウム - ラクトフェルメントムにおけるゲノムマップ構造のマーカーとして作用する場合がある。

【 0 1 2 5 】

本発明のMPタンパク質分子は進化論的およびタンパク質構造学においても有用である。本発明の分子が関連する代謝の過程は、本発明の核酸分子の配列を他の生物から得られた同様の酵素をコードする分子の配列と比較し、この生物の進化上の関連性を評価することにより種々の原核生物および生物の真角細胞で使用される。同様に、かかる比較により、配列のどの領域が変換され、どの領域が変換されないかの評価が可能となり、酵素の機能に重要なタンパク質領域の特定に利用される。このような特定方法は、タンパク質工学において重要であり、且つ機能を失わずに変異を行うタンパク質の変異生成では、何に対する耐性が得られるかの指標となる。

【 0 1 2 6 】

本発明によるMP核酸分子を操作することにより、野生型MPタンパク質と異なる機能を有するMPタンパク質の製造が可能となる。このタンパク質は、このタンパク質の効率または活性を向上可能であり、通常より多くの細胞に含ませても良く、あるいはこれの効率または活性を低減させても良い。

【 0 1 2 7 】

本発により、MPタンパク質の活性を、このタンパク質それ自体もしくは基質と相互作用させるか、またはMPタンパク質のパートナーと結合させることにより、あるいは本発明によるMP核酸分子の転写または翻訳を調節することによって調節する分子のスクリーニング方法を提供する。かかる方法では、本発明による1種以上のMPタンパク質を発現する微生物を1種以上の被験化合物と接触させ、そしてMPタンパク質の活性もしくは発現レベルについての各被験化合物の効果を評価する。

【 0 1 2 8 】

C. グルタミカムの大規模発酵培養から単離される所望のファインケミカルがアミノ酸、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、またはトレハロースである場合、本発明による1種以上のタンパク質の活性または活性効率を組み換え遺伝子機構によって調節することにより、このファインケミカルのいずれかの製造に直接影響を与える場合がある。例えば、所望のアミノ酸の生合成経路における酵素の場合、酵素の効率または活性を向上することにより（遺伝子の多重コピーの存在を含む）、所望のアミノ酸の製造または製造効率が向上する。合成が所望のアミノ酸の合成と競争状態にあるアミノ酸の生合成経路における酵素の場合、この酵素の効率または活性を低減させることにより（遺伝子の欠失を含む）、中間化合物および/またはエネルギーの競争が低減することにより起因して、所望のアミノ酸の製造または製造効率が向上する。所望のアミノ酸の分解経路における酵素の場合、酵素の効率または活性の低減により、その分解が縮小するので、所望の生成物の収率または製造効率が向上する。結論として、所望のアミノ酸の生合成に参与する酵素の突然変異により、この酵素がもはやフィードバック阻害不可能となるので、所望のアミノ酸の収率または製造効率が向上する。同様のことが、ビタミン、補助因子、機能性食品、ヌクレオチド、ヌクレオシド、およびトレハロースの代謝に参与する本発明による生合成および分解酵素にも適用される。

【 0 1 2 9 】

同様に、所望のファインケミカルが上述した化合物のいずれかでない場合、本発明によるいずれかのタンパク質の活性を調節することにより、依然としてC. グルタミカムの大規模培養から得られる化合物の収率および/または製造効率に影響を与える場合がある。生物の代謝経路は相互に密接に関連している；すなわち、いずれかの経路で用いられる中間体を、異なる経路で供給する場合も屡々ある。酵素の発現および機能は、異なる代謝処理により得られる化合物の細胞レベルの基づいて調節可能であり、そしてアミノ酸およびヌクレオチド等の、基本成長に必要な分子の細胞レベルによって、大規模培養における微生物の生存力に悪影響を与えうる。従って、アミノ酸の生合成酵素を、例えばフィードバック阻害にもはや応答しなくなるか、あるいはこれにより効率またはターンオーバーが改善されるように調節して、1種以上のアミノ酸の製造レベルを改善する。そして、アミノ酸のプールをこのように改善することにより、タンパク質合成に必要な分子ばかりでなく、

10

20

30

40

50

他の多くの生合成経路における中間体および前駆体として用いられる分子の供給を改善する。特定のアミノ酸が細胞において限定する場合、その改善された製造により、他の大多数の代謝反応を行うための細胞の能力を向上させる必要があり、この細胞により、全ての種類のタンパク質、あるいは大規模培養においてこの細胞の成長速度全体または生存力を向上させるタンパク質の製造効率の十分に向上させなければならない。生存力を向上させることにより、発酵培養において所望のファインケミカルを製造可能にする多くの細胞を改良することになるので、該化合物の収率が向上する。同様の処理は、本発明による分解酵素の活性を調節して、この酵素が、所望の化合物の生合成に重要であるか、またはこの細胞により大規模培養において効率的に成長および再生産可能となるであろう細胞化合物の分解に、もはや触媒作用を及ぼさなくなるか、または効率を抑えて触媒作用を及ぼすことによって可能となる。これは、本発明による所定の分子の分解活性を最適化するか、または生合成活性を低減させることにより、C・グルタミカム由来の所定のファインケミカルの製造に対して、有益な効果を与えることが明らかになる。例えば、1種以上の中間体に対して所望の化合物の生合成経路と競合する経路において生合成酵素の活性効率を低減することにより、更にこの中間体を、所望の生成物への転換に利用可能となる。同様の状況が、本発明による1種以上のタンパク質の分解能力または効率を改善する場合に要求されるであろう。

10

【0130】

所望の化合物の収率を結果的に向上させるMPタンパク質についての突然変異生成戦略に関する上記リストは、限定することを意味するものでない。この突然変異生成戦略に関する変更は、当該技術者等に容易に見出されるであろう。この機構により、本発明の核酸およびタンパク質分子を用いて、変異MP核酸およびタンパク質分子を発現するC・グルタミカムまたは関連するバクテリア株を生成し、所望の化合物の収率、製造、および/または製造効率を改善することが可能となる。この所望の化合物はC・グルタミカムの天然の産物であっても良く、その例には、生合成経路の最終生成物および天然に発生する代謝経路の中間体であり、あるいはC・グルタミカムの代謝で天然に発生しないが、本発明によるC・グルタミカム株によって製造される分子が含まれる。コリネバクテリウム・グルタミカム株によって製造される化合物としては、アミノ酸L・リシンおよびL・メチオニンが好ましい。

20

【0131】

一実施の形態において、シスタチオニン - リアーゼ (- シスタチオナーゼ) をコードするmetC遺伝子、すなわちメチオニン生合成経路における第3の酵素を、コリネバクテリウム・グルタミカムから単離した。この遺伝子の翻訳生成物は、他の生物から得られたmetC遺伝子の生成物と十分な相同を示さなかった。metC遺伝子含有プラスミドをC・グルタミカムに導入することにより、シスタチオナーゼ - リアーゼの活性が5倍増大した。ここではMetC (SEQ ID NO:4に対応する) と示されるタンパク質生成物は、35574ダルトンのタンパク質生成物をコードし且つ325個のアミノ酸から構成されるものであり、これが、2種類の異なるアミノ酸の存在を除く、事前に報告されているaedD遺伝子 (Rossol, I. およびPuhler, A. 共著 (1992) J. Bacteriology 174, 2968-2977) と同一である。AedDも同様に、遺伝子多重コピーで含まれる場合、metC遺伝子には、毒性のリシン類似物であるS - (- アミノエチル) システインに対する耐性が付与される。しかしながら、遺伝子による証拠と生化学的な証拠により、metC遺伝子生成物の天然活性がC・グルタミカムにおけるメチオニン生合成に影響を与えることを示している。metCの突然変異株が形成されて、そしてこの株がメチオニンの原栄養性を示した。突然変異株がその能力を完全に失って、S - (- アミノエチル) システインに対する耐性を示す。この結果は、別の生合成経路である硫黄転移の他に、直接的な硫黄転移経路が、メチオニンの平行する生合成経路として、C・グルタミカムにおいて機能的となることを示している。

30

40

【0132】

更に別の実施形態において、スルフヒドリレーション経路が更にO - アセチルホモセリンスルフヒドリラーゼによって触媒されることが示されている。この経路の存在によって、

50

対応のmetZ（またはmetY）遺伝子および酵素（それぞれ、SEQ ID NO:1およびSEQ ID NO:2に対応する）の単離が行われる。真核生物の中で、菌類および酵母菌種が硫黄転移および直接のスルフヒドリレーション経路の両方を有していることが報告されている。これまで、両方の経路を有する原核生物は見出されていなかった。リシンに関する単一の生合成経路のみ有するE.coli（大腸菌）と異なり、C.グルタミカムは、アミノ酸に関する2種類の平行した生合成経路を有している。C.グルタミカムにおけるメチオニンの生合成経路は、リシンの生合成に類似している。

【0133】

遺伝子metZを、メチオニンの生合成における第1工程を触媒する酵素をコードする遺伝子であるmetAの上流領域に存在する（Park, S.-D., et al (1998) Mol, Cells 8, 286-294）。metAの上流領域および下流領域を配列して、他のmet遺伝子を同定した。MetAおよびMetZにより、対応するポリペプチドを過剰生産する。

10

【0134】

驚くべきことに、metZのクローンは、メチオニンの栄養要求性Escherichia coli met B突然変異株を相補可能である。これは、metZのタンパク質生成物が、metBのタンパク質生成物によって触媒される工程をバイパス可能な工程を触媒することを示している。更にmetZを分解し、そしてとつぜんへいがメチオニン原栄養性を示した。コリネバクテリウム - グルタミカムのmetBおよびmetZ二重変異体を更に形成した。この二重突然変異体は、メチオニンに対して原栄養性を示す。従って、metZはO - アセチル - ホモセリンからホモシステインへの反応（メチオニン生合成のスルフヒドリレーション経路における一工程である）を触媒するタンパク質をコードする。コリネバクテリウム - グルタミカムは、メチオニン生合成の硫黄転移およびスルフヒドリレーション経路の両方を含む。

20

【0135】

metZをC.グルタミカムに導入することにより、47000ダルトンタンパク質が発現する。metZとmetAをC.グルタミカムに組み合わせて導入することにより、ゾル電気泳動によって示される、metAおよびmetZタンパク質が明らかになる。コリネバクテリウム株がリシンの過剰生産者である場合、metZおよびmetA含有プラスミドを導入することにより、リシンの滴定量が低減するが、ホモシステインとメチオニンの凝集が検出される。

【0136】

別の実施形態において、metZおよびmetAを、アスパレートセミアルデヒドからホモセリンへの転換を触媒する、コリネバクテリウム - グルタミカム株にhom遺伝子（ホモセリンデヒドロゲナーゼをコードする）と共に導入した。異種生物と異なるhom遺伝子を、この実施例用に選択した。コリネバクテリウム - グルタミカムhom遺伝子を、Escherichia coliもしくはBacillus subtilis等の他の原核生物より得られるhom遺伝子、またはSaccharomyces cerevisiae、Shizosaccharomyces probe、Ashbya gossypiiもしくは藻類、遺伝子、植物あるいは動物等の真核生物のhomと同様に使用可能である。このhom遺伝子が、アスパレート等のアスパレートファミリー、リシン、スレオニン、またはメチオニンのアミノ酸生合成経路において発生する代謝物の影響を受けるフィードバック阻害に対して反応しない場合がある。かかる代謝物は、例えば、アスパレート、リシン、メチオニン、スレオニン、アスパルチルホスフェート、アスパレートセミアルデヒド、ホモセリン、シスタチオニン、ホモシステインまたはこの生合成経路で発生する他の代謝物である。この代謝物の他に、ホモセリンデヒドロゲナーゼは、上記代謝物全てによる阻害に対して非感受性な場合があり、またはこの代謝に関与する他の化合物に対してでさえ非感受性である。これは、システイン等の他のアミノ酸、またはビタミンB12等の補助因子およびその全ての誘導体並びにS - アデノシルメチオニンおよびその代謝物と誘導体および類似物が含まれるからである。これら全て、これらの一部、またはこれらの化合物のいずれか1つに対するホモセリンデヒドロゲナーゼの非感受性は、その天然の態度であるか、あるいは化学物質もしくは放射線または突然変異を用いる古典的な突然変異および選択により得られる1種以上の突然変異体から得られた結果である。この突然変異体を、遺伝子技術、例えば部位特異的ポイント突然変異体の導入を用いるか、あるいはMPまたはDNA配列をコードするMP

30

40

50

についての上述した方法によって、hom遺伝子に導入可能であった。

【0137】

hom遺伝子をmetZおよびmetA遺伝子と組み合わせて、リシン過剰生産者であるコリネバクテリウム - グルタミカム株に導入する場合、リシンの凝集を低減し、そしてホモセリンとメチオニンの凝集を向上させる。ホモセリンとメチオニンの濃度を更に増大させることが可能となるが、これは、コリネバクテリウム - グルタミカム株を過剰生産するリシンを使用し、ddh遺伝子またはlysA遺伝子の分解を、hom遺伝子とmetZおよびmetAを組み合わせて含むDNAで転写する前に場合に達成しうる。ホモシステインおよびメチオニンの過剰生産は、異なる硫黄源を用いることによって可能となった。スルフェート、チオスルフェート、スルフィトおよび H_2S 等の還元硫黄源およびスルフィド並びに誘導体を使用可能である。更に、メチルメルカプタンなどの有機硫黄源、チオグリコレート、チオシアネート、チオ尿素、システイン等のアミノ酸含有硫黄、および他の硫黄含有化合物を使用して、ホモシステインおよびメチオニンの過剰生産を達成可能である。

10

【0138】

別の実施形態において、metC遺伝子を、上述した方法によってコリネバクテリウム - グルタミカム株に導入した。metC遺伝子を、metB、metAなどの他の遺伝子とmetAとを組み合わせて、この株に形質転換可能である。hom遺伝子を加えることも可能である。hom遺伝子、metC、metAおよびmetB遺伝子をベクターで組み合わせ、そしてコリネバクテリウム - グルタミカム株に導入する場合、ホモシステインおよびメチオニンの過剰生産が達成された。ホモシステインおよびメチオニンの過剰生産は、異なる硫黄源を用いることによって達成可能であった。スルフェート、チオスルフェート、スルフィトおよび H_2S 等の還元硫黄源およびスルフィド並びに誘導体を使用可能であった。更に、メチルメルカプタンなどの有機硫黄源、チオグリコレート、チオシアネート、チオ尿素、システイン等のアミノ酸含有硫黄、および他の硫黄含有化合物を使用して、ホモシステインおよびメチオニンの過剰生産を可能である。

20

【0139】

以下に本発明の実施例を記載するが、本発明はこれらに限定されるものではない。本明細書に記載の参考文献、特許出願、特許、特許公報、表および配列表は、参考のため本明細書に組み込まれているものである。

【0140】

30

[実施例]

実施例1：コリネバクテリウム - グルタミカム ATCC13032の全ゲノムDNAの製造
コリネバクテリウム - グルタミカム (ATCC13032)の培養は、激しく攪拌したBHI媒体 (Difco) 中で、30 にて終夜行なわれた。細胞は遠心分離により回収され、上澄みを処分し、そして細胞は、5 mlの緩衝液I (最初の培養容積の5%、すべての示された容積は、100 mlの培養容積に対して計算されたものである。) 中に再懸濁された。緩衝液Iの組成は、140.34 g/L (リットル) のショ糖、2.46 g/Lの $MgSO_4 \times 7H_2O$ 、10 ml/Lの KH_2PO_4 溶液 (100 g/L、KOHでpH 6.7に調整)、50 ml/LのM12濃縮物 (10 g/Lの $(NH_4)_2SO_4$ 、1 g/LのNaCl、2 g/Lの $MgSO_4 \times 7H_2O$ 、0.2 g/Lの $CaCl_2$ 、0.5 g/Lの酵母抽出物 (Difco)、10 ml/Lのトレース - エレメンツ - ミックス (200 mg/Lの $FeSO_4 \times H_2O$ 、10 mg/Lの $ZnSO_4 \times 7H_2O$ 、3 mg/Lの $MnCl_2 \times 4H_2O$ 、30 mg/Lの H_3BO_3 、20 mg/Lの $CoCl_2 \times 6H_2O$ 、1 mg/Lの $NiCl_2 \times 6H_2O$ 、3 mg/Lの $Na_2MoO_4 \times 2H_2O$ 、500 mg/Lの錯化剤 (EDTAまたはクエン酸)、100 ml/Lのビタミン - ミックス (0.2 mg/Lのビオチン、0.2 mg/Lの葉酸、20 mg/Lのp - アミノ安息香酸、20 mg/Lのリボフラビン、40 mg/Lのパントテン酸カルシウム、140 mg/Lのニコチン酸、40 mg/Lの塩酸ピリドキソール、200 mg/Lのミオ - イノシトール) であった。リゾチームを最終濃度が2.5 mg/mlになるまで懸濁液に加えた。約4時間、37 での培養後、細胞壁を劣化させ、これにより得られたプロトプラストを遠心分離に

40

50

よって回収した。ペレットを5 mlの緩衝液Iで一度、5 mlのTE緩衝液(10 mMのトリスHCl、1 mMのEDTA、pH 8)で一度洗浄した。ペレットを4 mlのTE緩衝液に再懸濁し、0.5 mlのSDS溶液(10%)と0.5 mlのNaCl溶液(5M)を加えた。プロテイナーゼKを最終濃度200 µg/mlになるまで加えた後、懸濁液を約18時間、37℃で培養した。DNAを標準的な操作で、フェノール、フェノール-クロロホルム-イソアミルアルコールおよびクロロホルム-イソアミルアルコールによる抽出により精製した。それから、DNAを、1/50容積の3M酢酸ナトリウムおよび2容積のエタノールを加えて析出させ、次いで30分間、-20℃でインキュベートし、SS34ローター(Sorvall)を使用した高速遠心分離機において12000 rpmで遠心分離を30分間行なった。DNAを20 µg/mlのRNアーゼAを含む1 mlのTE緩衝液に溶解し、4℃で、少なくとも3時間、1000 mlのTE緩衝液に対して透析した。この間、緩衝液を3度交換した。透析したDNA溶液の0.4 mlの部分に、0.4 mlの2 M LiClと0.8 mlのエタノールを加えた。30分間、-20℃でインキュベートした後、遠心分離(13000 rpm、Biofuge Fresco, Heraeus, Hanau, Germany)によりDNAを集めた。DNAペレットをTE緩衝液に溶解した。この操作により製造されたDNAは、すべての目的、サザンブロット法またはゲノムライブラリーの構築に使用することができた。

10

【0141】

実施例2: コリネバクテリウム - グルタミカム ATCC13032のEscherichia Coliにおけるゲノムライブラリーの構築

20

実施例1に記載したように製造されたDNAを用いて、コスミッドおよびプラスミドライブラリーが、公知で、良好に確立された方法に従って構築された(例えば、Sambrook, J等、(1989) 'Molecular Cloning: A Laboratory Manual', Cold Spring Harbor Laboratory PressまたはAusubel, F.Mら(1994) 'Current Protocols in Molecular Biology', John Wiley and Sons.を参照)。

【0142】

どのようなプラスミドまたはコスミッドでも使用可能であった。特に、プラスミドpBR322 (Sutcliffe, J.G.(1979) Proc.Natl.Acad.Sci.USA,75:3737-3741); pACYC177 (Change & Cohen(1978) J.Bacteriol 134:1141-1156), pBS系列のプラスミド(pBSSK+, pBSSK- およびその他; Stratagene LaJolla, USA)、またはSuperCos1(Stratagene, LaJolla, USA)またはLorist6(Gibson, T.J., Rosenthal A. and Waterson, R.H.(1987) Gene 53: 283-286)のコスミッドが使用された。特にC. グルタミカムにおいて使用するための遺伝子ライブラリーは、プラスミドpSL109(Lee, H.S. and A.J.Sinskey(1994) J.Microbiol.Biotechnol.4:256-263)を用いて構築することができる。

30

【0143】

metCクローンを単離するため、E. coli JE 6839細胞をライブラリーDNAで形質転換し、そしてアンピシリンおよび適当なサプリメントを含むM9最少培養地に載置した。このプレートに37℃で5日間インキュベートした。単離されたmetC遺伝子の完全なヌクレオチド配列を、当該技術者等に周知の方法で決定した。

【0144】

実施例3: DNAシーケンスとコンピューターによる機能解析

40

実施例2に記載されたゲノムライブラリーを標準的な方法、特にABI 377シーケンスマシンを用いた連鎖停止法(例えばFleischman, R.D.ら(1995) 'Whole-genome Random Sequencing and Assembly of Haemophilus Influenzae Rd.', Science, 269:496-512参照)に従ったDNAシーケンスに使用した。以下のヌクレオチド配列のシーケンスプライマーを使用した:

5'-GGAAACAGTATGACCATG-3'(SEQ ID NO.:123)もしくは5'-GTAAAACGACGGCCAGT-3'(SEQ ID NO.:124)。

【0145】

実施例4: 生体内突然変異誘発

50

コリネバクテリウム - グルタミカムの生体内 (in vivo) 突然変異誘発が、E.coliまたは他の微生物(例えば、Bacillus spp.またはSaccharomyces cerevisiaeなどの酵母)であって、その遺伝子情報の完全性を保つための能力が減じられているものを通して、プラスミド(または他のベクター)の通過により行うことができた。典型的な突然変異誘発株は、DNA修復システム(例えば、mutHLS, mutD, mutT等; Rupp, W.D. (1996) DNA repair mechanisms, Escherichia coli and Salmonella, p2277-2294, ASM: Washington、参照)の遺伝子に変異を持っていた。かかる株は当該技術者等に周知であった。かかる株の使用法は、例えば、Greener, A. and Callahan, M. (1994) Strategies 7: 32-34に記載されていた。

【0146】

実施例5: Escherichia coli および コリネバクテリウム - グルタミカムの間のDNA転換

数種類のコリネバクテリウムとブレビバクテリウム種は、自律的に複製する(例えば、Martin, J.F.ら(1987) Biotechnology, 5:137-146、参照)内因性プラスミド(例えば、pHM1519またはpBL1)を含んでいた。Escherichia coliとCorynebacterium glutamicumのシャトルベクターは、E.coliの標準ベクター(Sambrook, J. et al. (1989), 'Molecular Cloning: A Laboratory Manual', Cold Spring Harbor Laboratory PressまたはAusubel, F.M. et al. (1994) 'Current Protocols in Molecular Biology', John Wiley and Sons)を用いて、これに、開始または複製のおよび適当なコリネバクテリウム - グルタミカム由来のマーカーを加えることで容易に構築することができた。かかる複製の開始点は、好ましくはコリネバクテリウムとブレビバクテリウム種から単離された内因性プラスミドからもたらされた。これらの種の形質転換マーカーとして、カナマイシン耐性の遺伝子(例えば、Tn5またはTn903トランスポゾンから誘導されたもの)またはクロラムフェニコール耐性遺伝子(Winnacker, E.L. (1987) "From Genes to Clones-Introduction to Gene Technology, VCH, Weinheim)を特に用いた。E. coliとC. グルタミカムの双方において複製するシャトルベクターの広範囲に亘る構築についての文献例については、数多くあり、遺伝子過剰発現を含むいくつかの目的に使用できた(例えば、Yoshihama, M. et al. (1985) J. Bacteriol. 162: 591-597, Martin J.F. et al. (1987) Biotechnology, 5: 137-146 およびEikmanns, B.J. et al. (1991) Gene, 102: 93-98、参照)。

【0147】

標準的な方法を用いて、上述のように所望の遺伝子をシャトルベクターの一つへクローンすることが可能であり、またこのようなハイブリッドベクターをコリネバクテリウム - グルタミカム株に導入することが可能であった。C. グルタミカムの形質転換を、プロトプラスト形質転換(Kastsumata, R. et al. (1984) J. Bacteriol. 159:306-311)、エレクトロポレーション(Liebl, E. et al. (1989) FEMS Microbiol. Letters, 53: 399-303)、そして特定のベクターを用いた場合には、接合(例えば、Schaefer, A et al. (1990) J. Bacteriol. 172: 1663-1666に記載)によって達成可能であった。C. グルタミカム由来のプラスミドDNAの製造(当該分野で周知の標準的な方法を用いる)およびそのE. coliへの形質転換によるC. グルタミカムからE.coliへのシャトルベクターの転換も可能であった。この形質転換段階(工程)は、標準的な方法を用いて行うことができるが、Mc - 不足E.coli株、例えばNM522(Gough & Murray (1983) J. Mol. Biol. 166: 1-19)を使用することが有効であった。

【0148】

遺伝子は、pCG1(米国特許番号4617267号)またはその断片、必要によりTN903(Grindley, N.D. and Joyce, C.M. (1980) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 77(12): 7176-7180)からのカナマイシン耐性遺伝子を含むプラスミドを用いたC. グルタミカム株中に過剰発現させることができた。更に、遺伝子は、プラスミドpSL109(Lee, H.-S. and A.J. Sinskey (1994) J. Microbiol Biotechnol. 4: 256-263)を用いてC. グルタミカム株中に過剰発現することができた。

【0149】

複製プラスミドの使用法の他に、遺伝子の過剰発現は、ゲノムへの組み込みによって達成可能であった。C. グルタミカムまたは他のコリネバクテリウムまたはプレバクテリウム種における遺伝子組み込みは、周知の方法、例えばゲノム領域での相同性組換え、制限エンドヌクレアーゼ仲介の組み込み (R E M I) (例えば、ドイツ特許第19823834号)、またはトランスポゾンの使用などによって達成可能であった。調節領域 (例えば、プロモーター、レプレッサー、および/またはエンハンサー) を、配列の修飾、挿入、サイト・ダイレクテッド法 (例えば、相同性組換え) またはランダムイベントに基づく方法 (例えばトランスポゾン突然変異誘発または R E M I) による欠失により修飾することにより、所望の遺伝子の活性を調節することも可能であった。転写ターミネーターとして機能する核酸配列は、本発明による1種以上の遺伝子のコード領域へ3'挿入されることも可能であった。かかるターミネーターは、当該分野で周知であり、例えばWinnacker, E.L. (1987) From Genes to Clones-Introduction to Gene Technology. VCH: Weinheimに開示されていた。

10

【0150】

実施例6：変異タンパク質の発現の評価

形質転換された宿主細胞中の変異タンパクの活性に関する観察は、変異タンパクが野生型タンパクと類似した形態と類似した量で発現されるという事実に基づいていた。変異遺伝子 (遺伝子産物に対する転写に用いられるmRNAの量のインジケーター) の転写レベルを確認するために有用な方法は、ノーザン・プロット法 (例えば、Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York、参照) であり、注目遺 20
伝子に結合するように設計されたプライマーが、検出タグ (通常、放射性または化学ルミネセンス) により、生物の培養の総RNAを抽出し、ゲルに流し、安定マトリックスに移動させ、このプローブでインキュベートする場合、プローブの結合および結合の量がこの遺伝子のmRNAの存在と量を示すようにラベルされていた。この情報は、変異遺伝子の転写程度の証拠であった。全細胞のRNAは、当該分野で周知の数種類の方法、例えば、Bormann, E.R. et al. (1992) Mol. Microbiol. 6:317-326に記載された方法により、コリネバクテリウム - グルタミカムから製造可能であった。

【0151】

このmRNAから翻訳されたタンパクの存在と比較量を評価するために、SDS - アクリルアミドゲル電気泳動等の標準的な技術を用いた。この方法を用いて、コリネバクテリウム - グルタミカムにおいてmetCおよびmetZをmetAと組み合わせて過剰生産した。ウェスタン・ブロッド法を用いることも可能であった (例えば、Ausubel et al. (1988) Current Pro 30
tocols in Molecular Biology, Wiley: New York、参照)。この方法では、全細胞のタンパクは、抽出され、ゲル電気泳動により分離され、ニトロセルロース等のマトリックスに移され、そして抗体等の、所望のタンパク質に特異的に結合するプローブとともにインキュベートされた。このプローブは、一般に、容易に検出可能な化学ルミネセンスまたは比色ラベルでタグ付けされていた。観察されるラベルの存在と量は、細胞中の所望の変異タンパク質の存在と量を示していた。

【0152】

実施例7：遺伝子的に修飾されたコリネバクテリウム - グルタミカムの成長 - 媒体 (培地) および培養条件 40

E.coli株を、それぞれMBおよびLB培養液においてごく一般的に成長させた (Follett et al. (1993) J. Bacteriol. 175, 4096-4103)。E.coliの最少培養地はM9 および修飾されたM9GCであった (Yoshihama, M., et al. (1985) J. Bacteriol. 162, 59 1-507)。最終濃度1%まで、グルコースを添加した。抗生物質を下記の量だけ添加した (μg/ml) : アンピシリン、50 ; カナマイシン、25 ; ナリジクス酸、25。アミノ酸、ビタミン、および他のサプリメントを下記の量だけ添加した : メチオニン、9.3 mM ; ヒスチジン、9.3 mM ; チアミン、0.05 mM。E.coli細胞をそれぞれ37 50
でごく一般的に成長させた。

【0153】

50

遺伝子的に修飾されたコリネバクテリアは、合成または天然成長媒体中で培養された。Corynebacteria (コリネバクテリア) の異なった成長媒体の多くは、周知であり且つ容易に入手可能であった (Lieb et al. (1989) Appl. Microbiol. Biotechnol., 32:205-210; von der Osten et al. (1998) Biotechnology Letters, 11:11-16; Patent DE 4,120,867; Liebl (1992) "The Genus Corynebacterium, in: The Prokaryotes, Volume II, Balows, A. et al., eds. Springer-Verlag)。これらの媒体は、一種以上の炭素源、窒素源、無機塩、ビタミンおよび微量元素から構成されていた。好ましい炭素源は、モノ -、ジ - またはポリサッカライドなどの糖類であった。例えば、グルコース、フルクトース、マンノース、ガラクトース、リボース、ソルボース、リブロース、ラクトース、マルトース、スクロース、ラフィノース、デンプンまたはセルロースが極めて良好な炭素源として機能する。糖蜜または砂糖精製による他の副生成物等の複合化合物によって媒体に糖類を供給することも可能であった。異なる炭素源の混合物を供給することも有効な場合があった。他の炭素源として考えるのは、メタノール、エタノール、酢酸、乳酸などのアルコールおよび有機酸であった。窒素源は、通常、有機または無機の窒素化合物か、またはこれらの化合物を含む材料であった。窒素源として、例えば、アンモニアガス、アンモニウム塩 (例えば NH_4Cl または $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$)、 NH_4OH 、硝酸塩、尿素、アミノ酸、あるいはコーンステープリカー、大豆粉、大豆タンパク質、酵母抽出物、肉抽出物などの複合窒素源が含まれていた。

【0154】

ホモシステインおよびメチオニン等のアミノ酸を含有する硫黄は、異なる硫黄源を用いて過剰生産可能であった。スルフェート、チオスルフェート、スルフィド、更に H_2S およびスルフィド等の還元硫黄源並びに誘導体を使用可能であった。更に、メチルメルカプタン等の有機硫黄源、チオグリコレート、チオシアネート、チオ尿素、システイン等のアミノ酸含有硫黄、および化合物含有の他の硫黄を用いて、ホモシステインおよびメチオニンの過剰生産を達成可能であった。

【0155】

媒体に含まれていたも良い無機塩化合物は、クロリド -、リン酸、硫酸のカルシウム塩、マグネシウム塩、ナトリウム塩、コバルト塩、モリブデン塩、カリウム塩、マグネシウム塩、亜鉛塩、銅塩、鉄塩であった。金属イオンを溶液中に保持するために、媒体中にキレート化合物を添加可能であった。特に有用なキレート化合物は、カテコールもしくはプロトカテチュエートなどのジヒドロキシフェノール、またはクエン酸などの有機酸であった。培養体は、ビタミンなどの他の成長因子または成長促進剤、例えばビオチン、リボフラビン、チアミン、葉酸、ニコチン酸、パントテン酸塩、ピリドキシンなども含むのが一般的であった。成長因子および塩は、酵母抽出物、糖蜜、コーンステープリカーなどの複合培養体成分に由来することも屢々あった。培養体化合物の正確な組成は、直接の実験に強く依存し、各々の特定の場合に個々に決定される。培養体の最適化に関する情報は、テキストブック "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach (eds. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) pp.53-73, ISBN 019 963577 3) から入手可能であった。成長培養体を市販品、例えば標準1(Merck)またはBHI (grain heart infusion, DIFCO) などから選定することも可能であった。

【0156】

すべての培養体成分は、熱 ($1.5 \times 10^5 \text{ Pa}$ 、121 で20分間) または過殺菌法のいずれかにより殺菌された。この成分は、一緒に、または所望により別々に殺菌可能であった。すべての培養体成分は、成長の初期に存在させるか、または必要により連続的にまたは回分式に加えることが可能であった。

【0157】

培養条件を実験ごとに別個に定義した。温度は、15 ~ 45 の範囲であった。温度を一定に保つか、実験中に変えることが可能であった。培養体の pH は、5 ~ 8.5 であり、約 7.0 であるのが好ましく、培養体に緩衝液を添加することで一定に保つことが可能であった。この目的のために、緩衝液の例は、リン酸カリウム緩衝液であった。MOPS、HEPE

10

20

30

40

50

S、ACESその他の合成緩衝液を代わりに使用することも、あるいはこれらを同時に使用することも可能であった。成長の間に、NaOHまたはNH₄OHを添加することより一定の培養pHを保つことも可能であった。酵母抽出物などの複合培養体成分を使用する場合、多くの複合成分は高い緩衝能力があるという事実によって、更に別の緩衝液の必要性がなくなる場合があった。微生物の培養に発酵槽を使用する場合、pHはアンモニアガスにより制御可能であった。

【0158】

インキュベーション時間は、通常、数時間から数日の範囲であった。この時間は、ブロスの中に蓄積される生成物の量を最大にするように選択された。開示された成長実験は、種々の容器、例えばマイクロタイター板、ガラス管、ガラスフラスコ、または種々のサイズのガラスもしくは金属発酵槽等の中で行うことが可能であった。大多数のクローンをスクリーニングするために、微生物をマイクロタイター板、ガラス管、振とうフラスコ中で、パッフル付きで、またはなしで培養すべきであった。100mlの振とうフラスコを使用するのが好ましく、必要な成長培養体を10容積%満たした。このフラスコを100~300rpmの速度範囲を用い、ロータリーシェーカー（ふり幅25mm）で振とうした。蒸発ロスは、湿潤雰囲気中に保つことによって少なくすることが可能であった。あるいは、蒸発ロスの数学的補正を行った。

【0159】

遺伝子的に修飾されたクローンを試験する場合、修飾されていないコントロールクローンまたはいかなる挿入もなされていない基本プラスミドを含むコントロールクローンを更に実験した。培養体を寒天平板上、例えばCMプレート（10g/Lのグルコース、2.5g/LのNaCl、2g/Lの尿素、10g/Lのポリペプトン、5g/Lの酵母抽出物、5g/Lの肉抽出物、22g/Lの寒天、2MのNaOHによりpH6.8としたもの）を30でインキュベーションしたもので成長させた細胞を用い、0.5-1.5のOD₆₀₀まで接種した。培養体の接種は、CMプレートからのC.グルタミカム細胞のサリーン懸濁液を導入するか、またはこのバクテリアの前培養液を添加することにより達成された。

【0160】

実施例8：変異タンパクの機能のインビトロ解析

酵素の活性と速度論的パラメーターの測定は、当該分野で良好に確立されていた。所定の変化型酵素の活性を決定するための実験は、当該技術者等の能力の範囲内で、野生種酵素の比活性に対して行なわれなければならない。一般に酵素についての概要、並びに構造、速度論的、原理、方法、適用および多数の酵素活性の測定例に関する特定の詳細は、例えば以下の参照に見出される：Dixon, M., and Webb, E.C., (1979) *Enzymes*. Longmans: London; Fersht, (1985) *Enzyme Structure and Mechanism*. Freeman: New York; Walsh, (1979) *Enzymatic Reaction Mechanisms*. Freeman: San Francisco; Price, N.C., Stevens, L. (1982) *Fundamentals of Enzymology*. Oxford Univ. Press: Oxford; Boyer, P.D., ed (1983) *The Enzymes*, 3rd ed. Academic Press: New York; Bisswanger, H., (1994) *Enzymkinetic*, 2nd ed. VCH: Weinheim (ISBN 3527300325), Bergmeyer, H.U., Bergmeyer, J., Grassl, M., eds. (1983-1986) *Methods of Enzymatic Analysis*, 3rd ed., vol. I-XII, Verlag Chemie: Weinheim; and Ullmann's *Encyclopedia of Industrial Chemistry* (1987) vol. A9, 'Enzymes'. VCH: Weinheim, p. 352-363.

【0161】

コリネバクテリウム - グルタミカムからの細胞抽出物を、以前から開示されているようにして調製した (Park, S.-D., et al. (1998) *Mol. Cells* 8, 286-294)。シスタチオニン - リアーゼを、以下のように評価した。このアッセイ混合物は、100mMのトリス - HCl (pH 8.5)、0.1mMのNADH、1mMのL - シスタチオニン、5単位のL - ラクテートデヒドロゲナーゼ、および適量の粗抽出物を含んでいた。光学変化を340nmでモニターした。S - (- アミノエチル) システイン (AEC) 耐性についての評価を、Rossol, I. and Puehler, A. (1992) *J. Bacteriol.* 174, 2968-77に記載されて

10

20

30

40

50

いるように行った。異なるコリネバクテリウムグルタミカムの抽出物から得られるシスタチオニン - リアーゼアッセイの結果、並びに同一の株の A E C 耐性アッセイの結果を、以下の表 5 にまとめる。

【 0 1 6 2 】

【表 1】

表 5：シスタチオニン β -リアーゼの発現^a

菌	性質	活性 (nmol min ⁻¹ mg ⁻¹)	MMで の成長 ^b	AECに対 する耐性 ^c
C. グルタミカム ASO19E12	-	146	+	+
C. グルタミカム ASO19E12/pMT1	エンブティベクター	145	+	+
C. グルタミカム ASO19E12/pSL173	metC クローン	797	+	++
C. グルタミカム HL457	metC 変異体 ^d	19	+	-
C. グルタミカム HL459	metC 変異体 ^d	23	+	-
E. coli JE6839	metC 変異体	21	-	ND ^e

【 0 1 6 3 】

a 1 % のグルコースを含む最小培養地で定常期（静止期）へ成長によって、酵素を誘導した。細胞を採取し、分解し、そして材料および方法に開示されているように、活性に関して評価した。

b MCGC最小培養地を使用した。成長をプレートでモニターした。

c 細胞を、40 mM の S - (- アミノエチル)システイン (A E C) を含むプレートで5日間成長させた。

d 変異体をこの研究で生成した。

e 測定されなかった

【 0 1 6 4 】

シスタチオニン - リアーゼを発現するためのmetCクローンの能力を、酵素アッセイによって試験した。プラスミドpSL173を宿しているC. グルタミカムASO19E12細胞から得られた粗抽出物をアッセイした。プラスミドを宿している細胞は、エンブティベクターpMT1 (表 5) を宿している細胞と比較して、約5倍増大させたシスタチオニン - リアーゼの活性を示した。原因としては、明らかに遺伝子効果であった。粗生成物についてのSDS-PAGE解析によって、M_r 約41000である推定上のシスタチオニン - リアーゼ帯域が明らかになった。推定上シスタチオニン - リアーゼ帯域のそれぞれの強度は、相補性と酵素アッセイデータ (表 5) と一致していた。上述したように、metC領域は、以前に報告されているaecDと殆んど同一であることが明らかとなった。aecD遺伝子を、その能力の基づいて単離して、S - (- アミノエチル)システイン (A E C)、すなわち毒性のリシン類似物に対する耐性を形成するという理由から、本発明者等は、この能力の存在に関して、metCのタンパク質生成物を試験した。表 5 に示したように、シスタチオニン - リアーゼを過剰発現する細胞は、A E C に対する耐性が向上していた。metC遺伝子において突然変異する菌株 (以下を参照) は、その能力を完全に失って、A E C に対して耐性のある表現型を示した。

【 0 1 6 5 】

O - アセチルホモセリンスルフヒドリラーゼに関するアッセイ (評価) は、以下のように行った (Belfaiza, J., et al. (1998) J. Bacteriol. 180, 250-255; Ravanel, S., M. Groux, and R. Douce (1995) Arch. Biochem. Biophys. 316, 572-584; Foglino, M. (1995) Microbiology 141, 431-439)。0.1 ml のアッセイ混合物は、20 mM の M O P

S - NaOH (pH 7.5)、10 mM の O - アセチルホモセリン、2 mM の、50 mM の NaOH における Na_2S および適量の酵素を含んでいた。最後に添加された Na_2S の添加直後、反応混合物に 50 μL の鉱油をかぶせた。30 で 30 分インキュベーションした後、3 分間混合物を煮沸することによって、反応を停止させた。この反応で製造されるホモシステインを、以前から記載されているように定量した (Yamagata, S. (1987) *Method Enzymol.* 143, 478-483)。0.1 mL の反応混合物を採取し、そして 0.1 mL の H_2O 、0.6 mL の飽和 NaCl、0.1 mL の、67 mM KCN 含有 1.5 M の Na_2CO_3 、および 0.1 mL の 2% ニトロプルシドと混合した。室温で 1 分間インキュベーションした後、光密度を 520 nm で測定した。更に別の metZ 遺伝子種、例えば metZ 遺伝子含有プラスミドを宿している *コリネバクテリウム* 細胞の metZ 酵素活性は、更に別の metZ 遺伝子を含まない *コリネバクテリウム* 細胞の同一の種類と比較して、十分に高いものであった。

10

【0166】

DNA と結合するタンパクの活性は、数種の極めて良好に確立された方法、例えば DNA バンド - シフトアッセイ (ゲル遅延アッセイとも呼ばれる) により測定可能であった。他の分子の発現におけるかかるタンパクの効果は、レポーター遺伝子アッセイ (例えば、Kolar, H. et al. (1995) *EMBO J.* 14: 3895-3904 および引用文献に記載されている) を用いて測定可能であった。レポーター遺伝子試験系は周知であり、 β -ガラクトシダーゼ、緑蛍光性タンパクおよびその他数種の酵素を用いて、原核細胞および真核細胞の両方において適用が確立されていた。

20

【0167】

膜輸送タンパクの活性についての測定は、例えば、Gennis, R.B. (1989) "Pores, Channels and Transporters", in *Biomembranes, Molecular Structure and Function*, Springer; Heidelberg, p. 85-137; 199-234; and 270-322 に記載されたような技術に従って行なわれた。

【0168】

実施例 9 : 所望の生成物の製造における変異タンパクの影響についての分析

所望の化合物 (例えば、アミノ酸) の製造における C . グルタミカムの遺伝子修飾に関する効果は、適当な条件 (例えば、上述した条件) 下に変更した微生物を成長させ、培養地および/または細胞成分を、所望の生成物 (例えば、アミノ酸) の改善した製造に関して分析することによって評価可能であった。かかる分析技術は、当該技術者等に周知であり、例として、分光法、薄層クロマトグラフィー、種々の染色法、酵素学的および微生物学的方法、ならびに高速液体クロマトグラフィー等の分析的クロマトグラフィー (例えば、Ulman, *Encyclopedia of Industrial Chemistry*, vol. A2, p. 89-90 and p. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A. et al., (1987) 'Applications of HPLC in Biochemistry' in: *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology*, vol. 17; Rehm et al. (1993) *Biotechnology*, vol. 3, Chapter III: 'Product recovery and purification', page 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A. et al. (1988) *Bioseparations: downstream processing for biotechnology*, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F. and Cabral, J.M.S. (1992) *Recovery processes for biological materials*, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A. and Henry, J.D. (1988) *Biochemical separations*, in: Ulmann's *Encyclopedia of Industrial Chemistry*, vol. B3, Chapter 11, page 1-27, VCH: Weinheim; and Dechow, F.J. (1989) *Separation and purification techniques in biotechnology*, Noyes Publications を参照されたい) が挙げられる。

30

40

【0169】

発酵による最終生成物の測定の他に、所望の化合物の製造に使用される代謝経路の他の成分、例えば中間体および副生成物を分析して、化合物の全製造効率を測定することも可能であった。解析法としては、培養地中の栄養剤 (例えば砂糖 (糖類)、炭化水素、窒素源、ホスフェート、および他のイオン) レベルの測定、バイオマス組成と成長の測定、生合成経路による一般的な代謝物の製造の解析、および発酵の間に生成したガスの測定を例と

50

して挙げることができた。これらの測定に関する標準的な方法は、Applied Micro Physiology, A Practical Approach, P.M. Rhodes and P.F. Stanbury, eds., IRL Press, p. 103-129; 131-163; and 165-192 (ISBN: 0199635773) およびそこでの引用文献に概説してある。

【 0 1 7 0 】

実施例 10 : C . グルタミカム培養より得られる所望の生成物の精製

C . グルタミカム細胞からまたは上述した培養物の上澄み液から得られる所望の生成物の回収は、当該分野で周知の種々の方法により行うことができた。所望の生成物を細胞から分泌しない場合、細胞を培養物から低速遠心分離により回収することができ、この細胞を、機械的な力または超音波等の標準的な技術で溶解可能であった。細胞の破片を遠心分離で取り除き、そして可溶性タンパクを含む上澄み画分を、所望の化合物のさらなる精製用に保持した。生成物を C . グルタミカム細胞から分泌する場合、この細胞を培養物から低速遠心分離により取り除き、そして上澄み画分をさらなる精製用に保持した。

10

【 0 1 7 1 】

何れの精製法から得られる上澄み画分を、適当な樹脂でクロマトグラフィー処理するが、所望の分子がクロマトグラフィー樹脂に保持され、且つサンプル中の多くの不純物が保持されないか、あるいは不純物が樹脂により保持され、且つサンプルが保持されないように樹脂を用いたクロマトグラフィーで処理する。かかるクロマトグラフィー工程は、必要により、同一または異なるクロマトグラフィー樹脂を用いて繰り返すことが可能であった。当該技術者等は、適当なクロマトグラフィー樹脂の選択と、精製される特定の分子への最も効率的な適用に精通していたであろう。精製された生成物は、ろ過または限外ろ過により濃縮し、そして生成物の安定性を最大限にする温度で保存可能であった。

20

【 0 1 7 2 】

広範囲に亘る精製法が当該分野で周知であり、そして上述した精製法は、限定することを意味するものではなかった。かかる精製技術が、例えば、Bailey, J.E. & Ollis, D.F. Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill: New York (1986)に記載されていた。

【 0 1 7 3 】

単離した化合物の同定と純度が、当該分野における標準的な技術によって評価可能であった。これらには、高速液体クロマトグラフィー (H P L C) 、分光学的方法、染色法、薄層クロマトグラフィー、N I R S、酵素的または微生物学的アッセイが含まれる。かかる解析法は、Petek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60: 133-140; Malakhova et al. (1996) Biotechnologiya 11: 27-32; and Schmidt et al. (1988) Bioprocess Engineer. 19: 67-70. Ulmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, (1996) vol. A27, VCH: Weinheim, p. 89-90, p. 521-540, p.540-547, p. 559-566, 575-581 and p. 581-587; Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons; Fallon, A. et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol. 17に記載されていた。

30

【 0 1 7 4 】

実施例 11 : 本発明の遺伝子配列の解析

配列の比較と、2種類の配列間における相同割合の決定とは公知の技術であり、数学的アルゴリズム、例えばKarlin and Altschul (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 87: 2264-68のアルゴリズムで、Karlin and Altschul (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90: 5873-77に記載のように変形されたものなどを使用して行うことが可能であった。かかるアルゴリズムは、Altschul, et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 403-10のN B L A S TおよびX B L A S Tプログラム (バージョン 2 . 0) に組み入れられていた。B L A S Tヌクレオチド探索を、N B L A S Tプログラム、スコア = 1 0 0、語長 = 1 2 によって行い、本発明のM P 核酸分子に相同なヌクレオチド配列が得られた。B L A S Tタンパク探索を、X B L A S Tプログラム、スコア = 5 0、語長 = 3 によって行い、本発明のM P タ

40

50

ンパク分子に相同なアミノ酸配列が得られた。比較の目的で、ギャップドアライメント (gapped alignment) を得るために、ギャップド B L A S T を、Altschul et al., (1997) Nucleic Acids Res. 25(17):3389-3402 に記載のように使用可能であった。B L A S T およびギャップド B L A S T プログラムの使用する場合、当該技術者等は、解析される特定の配列に対して、プログラム (例えば、X B L A S T および N B L A S T) のパラメーターを最適化する方法について知っているであろう。

【 0 1 7 5 】

配列の比較に使用される数学的アルゴリズムの他の例は、Meyers と Miller ((1988) Comput. Appln. Biosci. 4: 11-17) のアルゴリズムであった。かかるアルゴリズムを、G C G シーケンスアライメントソフトウェアパッケージの一部である A L I G N プログラム (バージョン 2 . 0) に組み入れた。A L I G N プログラムをアミノ酸配列の比較に使用する場合、P A M 1 2 0 重量残渣表、1 2 のギャップ長さペナルティー、および 4 のギャップペナルティーを使用可能であった。配列解析に使用される更に別のアルゴリズムが当該分野で公知であり、A D V A N C E および A D A M (Torelli and Robotti (1994) Comput. Appl. Biosci. 10:3-5 に記載) および FASTA (Pearson and Lipman (1988) P.N.A.S. 85:2444-8 に記載) を含むものであった。

【 0 1 7 6 】

2 本のアミノ酸配列間における相同割合は、G C G ソフトウェアパッケージ中の G A P プログラム (<http://www.gcg.com> で入手可能) を用い、Blosum 62 マトリックスまたは P A M 2 5 0 マトリックスのいずれかと、そして 1 2、1 0、8、6 または 4 の間隙重さ、および 2、3 または 4 の長さ質量を用いて達成可能であった。2 本の核酸配列間における相同割合は、標準的なパラメーター、例えばギャップ質量 5 0 および長さ質量 3 を用いて、G C G ソフトウェアパッケージ中の G A P プログラムにより達成可能であった。

【 0 1 7 7 】

本発明の遺伝子配列と、遺伝子バンクに存在する配列の比較解析が当該分野で公知の技術を用いて行なわれた (例えば、Bexevanis and Ouellette, eds. (1998) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. John Wiley and Sons: New York、参照)。本発明の遺伝子配列を、遺伝子バンクに存在する遺伝子と、3 段階の工程で比較した。第 1 段階 (第 1 工程) で、本発明の配列の各々について、遺伝子バンクに存在するヌクレオチド配列に対して B L A S T N 解析 (例えば、ローカルアライメント解析) を行い、最初にヒットした 5 0 0 個についてさらに解析が続け、次に F A S T A 探索 (例えば、ローカルアライメントとグローバルアライメントとの組み合わせ解析で、限定された配列領域を整列させる) を、これらの 5 0 0 個について行った。次いで、本発明による各遺伝子配列を、最初にヒットした 3 個の F A S T A に G C G ソフトウェアパッケージ中の G A P プログラムを用いて (標準的なパラメーターを使用して) 包括的に整列させた。正確な結果を得るために、遺伝子バンクから抽出された配列の長さを、当該分野で周知の方法により当該配列の長さに調節した。この解析の結果を表 4 に示した。これにより得られたデータは、遺伝子バンクの参照の各々と比較した本発明の遺伝子の各々において G A P (グローバル) 解析を単独で行なったときに得られるであろう結果と一致したが、このようなデータベースを広げて行なった G A P (グローバル) 解析と比較して明らかに計算時間が短縮された。切り捨て値を上回るアライメントが得られなかった本発明の配列を、アライメントの情報なく表 4 に示した。表 4 に、“% 相同 (G A P)” の見出しで記載された G A P アライメント相同割合は、‘ ’ が小数点を表すヨーロッパの数の形式で列挙されているということは、当該技術者等によってさらに理解されたであろう。例えば、このカラム中の “4 0 , 3 4 5” の値は、4 0 . 3 4 5 % を表す。

【 0 1 7 8 】

実施例 1 2 : D N A ミクロアレイの構築と操作

本発明の配列を、D N A ミクロアレイ (デザイン、方法論、および D N A アレイの使用法は周知であり、例えば Schena, M. et al. (1995) Science 270: 467-470; Wodicka, L. et al. (1997) Nature Biotechnology 15:1359-1367; DeSaizieu, A. et al. (1998) Natu

10

20

30

40

50

re Biotechnology 16: 45-48;およびDeRisi, J.L. et al. (1997) Science 278: 680-686に記載されている)の構築と適用において更に使用可能であった。

【0179】

DNAマイクロアレイは、ニトロセルロース、ナイロン、ガラス、シリコンまたは他の材料からなる固体(硬質)または軟質支持体である。核酸分子を、整然とした方法で表面に付着させることが可能であった。適当なラベリング後、他の核酸または核酸混合物を固定された核酸分子にハイブリダイズし、そしてこのラベルを用いて、限定領域でハイブリダイズされた分子の個々の信号強度をモニターおよび測定可能であった。この方法論により、適用された核酸サンプルまたは混合物中のすべてあるいは選択された核酸の相対量または絶対量を同時に定量化可能となった。従って、DNAマイクロアレイにより、並行して多数の(6800以上)核酸の発現を解析することが可能となった(例えば、Schena, M. (1996) BioEssays 18(5): 427-431、参照)。

10

【0180】

本発明の配列を用いて、ポリメラーゼ連鎖反応等の核酸増幅反応によって、1種以上のC. グルタミカム遺伝子の限定領域を増幅することができるオリゴヌクレオチドプライマーの設計が可能となった。5'または3'オリゴヌクレオチドプライマーあるいは適当なリンカーを選択および設計すると、これにより得られたPCR産物を上述した基質培養地の表面に共有結合可能となった(例えば、Schena, M. et al. (1995) Science 270: 467-470にも記載されている)。

【0181】

核酸マイクロアレイは、Wodicka, L. et al. (1997) Nature Biotechnology 15:1359-1367に記載されたように、その場のオリゴヌクレオチド合成によっても構築可能であった。写真平板法により、マトリックスの正確に限定された領域が露光された。光不安定性保護基は、これによって活性化され、ヌクレオチド付加が進行し、一方、光からマスクされた領域はいかなる修飾も進行しなかった。これに続く保護と光活性化のサイクルにより、限定された位置における異なったオリゴヌクレオチドの合成を可能にした。本発明による遺伝子の、小さく限定された領域を、マイクロアレイ上で、固相オリゴヌクレオチド合成により合成することができる。

20

【0182】

ヌクレオチドのサンプルまたは混合物中に存在する本発明の核酸分子は、マイクロアレイとハイブリダイズ可能であった。これらの核酸分子は、標準的な方法でラベル可能であった。要するに、核酸分子(例えば、mRNA分子またはDNA分子)は、例えば逆転写またはDNA合成の間、同位元素によりまたは蛍光によりラベルされたヌクレオチドの組み込みによりラベルされた。ラベルされた核酸のマイクロアレイへのハイブリダイゼーションは、例えば Schena, M. et al. (1995) supra; Wodicka, L. et al. (1997), supra;および DeSaizieu A. et al (1998), supraに記載されている。このハイブリダイズされた分子の検出と定量化は、特定の組み込まれたラベルにより行なわれた。放射性ラベルは、例えば Schena, M. et al. (1995) supraに記載されたように検出可能であり、そして蛍光ラベルは、例えば Shalon et al. (1996) Genome Research 6: 639-645の方法により検出可能であった。

30

40

【0183】

上述したように、本発明の配列をDNAマイクロアレイ技術に適用することにより、C. グルタミカムまたは他のコリネバクテリアの異なった株の比較解析が可能となった。例えば、個々の転写の特徴に基づく内部株の変種の研究、並びに特定の株の性質および/または所望の株の性質、例えば病原性、生産性、およびストレス寛容に重要な遺伝子の同定は、核酸アレイ方法論により促進された。更に、発酵反応中における本発明の遺伝子の発現に関する特徴の比較は、核酸アレイ技術を用いることで可能となった。

【0184】

実施例13:細胞タンパク質群(ポピュレーション)の動力学的解析(プロテオミクス)
本発明の遺伝子、組成、および方法は、タンパク質群の相互作用および動力学(プロテオ

50

ミクスと称する)の研究に適用可能であった。所望のタンパク質群は、C・グルタミカム(例えば、他の生物のタンパク質群と比較して)の全タンパク質群を含む、すなわち、特定の環境または代謝条件下(例えば、高温または高圧で、あるいは高いpHまたは低いpHでの発酵中)で活性なタンパク、あるいは特定の成長および発達段階中に活性なタンパクの全タンパク質群を含むものであったが、これに限定されるものではない。

【0185】

タンパク質群は、種々の周知の技術、例えばゲル電気泳動により解析可能であった。細胞タンパクは、例えば、細胞溶解または抽出によって得られ、そして種々の電気泳動技術を用いて相互に分離可能であった。ドデシル硫酸ナトリウムのポリアクリルアミドゲル電気泳動(SDS-PAGE)により、タンパク質を、その分子量に基づいて大部分分離した。等電点のポリアクリルアミドゲル電気泳動(IEF-PAGE)により、タンパク質を、その等電点(アミノ酸配列を反映するのみならずタンパク質の後翻訳修飾も反映する)により分離した。他の、さらに好ましいタンパク解析方法は、2-D-ゲル電気泳動(例えば、Hermann et al. (1998) Electrophoresis 19: 3217-3221; Fountoulakis et al. (1998) Electrophoresis 19: 1193-1202; Langen et al. (1997) Electrophoresis 18: 1184-1192; Antelmann et al. (1997) Electrophoresis 18: 1451-1463に記載されている)として知られるIEF-PAGEとSDS-PAGEを連続して組み合わせることであった。他の分離技術、例えばキャピラリーゲル電気泳動などもタンパク質の分離に利用可能であり、かかる技術は、当該分野で周知であった。

【0186】

これらの方法論により分離されたタンパク質は、標準的な技術、例えば染色またはラベリングにより可視化可能であった。適当なステインは、当該分野で公知であり、そしてクマシーブリリアントブルー、銀染色、または蛍光染料、例えばSypro Ruby(Molecular Probes)を含む。C・グルタミカムの培養地における、放射性物質によりラベルされたアミノ酸またはその他のタンパク前駆体(例えば、 ^{35}S -メチオニン、 ^{35}S -システイン、 ^{14}C -ラベルされたアミノ酸、 ^{15}N -アミノ酸、 $^{15}\text{NO}_3$ または $^{15}\text{NH}_4^+$ または C_{13} ラベルされたアミノ酸)の含有物により、その分離前に、これらの細胞から得られるタンパクのラベリングが可能となった。同様に、蛍光ラベルを使用することが可能となった。これらのラベルされたタンパクを、抽出し、単離し、そして上述した技術により分離した。

【0187】

これらの技術により可視化されたタンパクは、さらに、使用された染料またはラベルの量を測定することにより解析可能であった。所定のタンパクの量を、例えば光学的方法を用いて定量的に測定可能であり、そして同一のゲルまたは他のゲル中における他のタンパクの量と比較可能であった。ゲル上でのタンパクの比較は、例えば光学的比較、分光学的、ゲルのイメージスキャンおよび解析、または写真フィルムおよびスクリーンの使用によって行なうことができた。かかる技術は当該分野で周知である。

【0188】

所定のタンパクを同定するために、直接シーケンスまたは他の標準的な技術を使用可能であった。例えば、N-および/またはC末端アミノ酸シーケンス(例えば、エドマン分解)を、質量分光計(特にMALDIまたはESI技術(例えば、Langen et al. (1997) Electrophoresis 18: 1184-1192、参照))として使用することができた。本明細書で提供されたタンパク配列を、これらの技術によりC・グルタミカムタンパクの同定に使用可能であった。

【0189】

これらの方法により得られた情報は、タンパクの存在、活性、種々の生物学的条件(例えば、異なった生物、発酵時点、培養地条件、または異なったピオトープ、その他)からの異なったサンプル間における修飾の様式の比較に使用することができた。かかる実験を単独で、または他の技術との組み合わせにより得られたデータを、様々な適用、例えば所定の(例えば、代謝的)状況にある種々の生物の挙動を比較する、ファインケミカルを産出

する株の生産性の向上させる、またはファインケミカルの製造効率を向上させることなどに使用可能であった。

【 0 1 9 0 】

実施例 1 4 : ポリメラーゼ連鎖反応 (P C R) を用いることによる遺伝子のクローニング
コリネバクテリウム - グルタミカムの配列に相同なヌクレオチド配列または他の菌株の配
列に相同なヌクレオチド配列を含む特定のオリゴヌクレオチド、並びに当該分野で周知の
制限酵素の認識部位を用いて遺伝子を増幅可能であった (例えば、Sambrook, J., Fritsh
, E. F., and Maniatis, T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 第2版, Cold Sp
ring Harbor Laboratory編、Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbo
r, NY, 1989、参照)。これらのオリゴヌクレオチドを使用して、上述した菌株の染色体
の一部を含む特定の D N A フラグメントを増幅可能であったが、これは、T. aquaticus
D N A - ポリメラーゼ、P. furiosus D N A - ポリメラーゼ、もしくはP. woesei D N A
- ポリメラーゼ等の D N A - ポリメラーゼと、製造業者によって記載されている適当なバ
ッファー溶液における d N T P s ヌクレオチドとを用いることによって可能となった。

10

【 0 1 9 1 】

上述した遺伝子のコード領域に含まれていない適当な上流および下流領域を含むがRXA006
57から得られたコード配列などの遺伝子フラグメントを、上述した技術によって増幅可能
となった。更に、これらのフラグメントを、取り込まれていないオリゴヌクレオチドおよ
びヌクレオチドから生成可能であった。D N A 制限酵素を使用して、protruding endsを
製造可能であった。このprotruding endsは、D N A をSinskey et al., 米国特許第4,649
, 119号に記載されているベクターに結紮するために使用可能な相補性酵素または相溶性酵
素protruding ends、およびC. グルタミカムと関連するブレバクテリウム種 (例えば
、lactofermentum) の遺伝子操作に関する技術とで消化されるベクターにD N A フラグメ
ントを結紮するために使用可能であった。上流D N A 配列の操作用プライマーとして使用
されるオリゴヌクレオチド、コード領域配列およびRXA00657の下流領域は、下記の通りで
あった：

20

TCGGGTATCCGCGCTACACTTAGA (SEQ ID NO: 121)

GGAAACCGGGGCATCGAACTTA (SEQ ID NO: 122)。

【 0 1 9 2 】

量が200 ngであるコリネバクテリウム - グルタミカムの染色体D N A を、2.5 Uの
Pfu Turbo-PolymeraseTM (StratageneTM)、および200 μ Mのd N T P s ヌクレオチド
を含む100 μ Lの反応体積のテンプレートとして使用した。以下の温度 / 時間プロトコ
ールによって、PCR-CyclerTM (Perkin Elmer 2400TM) でP C Rを行った：

30

1 サイクル：94 : 2 分；

20 サイクル：94 : 1 分；

52 : 1 分、72 : 1.5 分；

1 サイクル：72 : 5 分。

【 0 1 9 3 】

これにより得られた増幅D N A フラグメントからプライマーを除去し、そしてこれにより
得られたフラグメントを、pBS KS (StratageneTM) の鈍いEcoRV部位にクローンした。制
限酵素BamHI/XhoIで消化することによってこのフラグメントを削除し、そしてBamHI SalI
消化ベクター-pB (SEQ ID NO.:125) に結紮した。これにより得られたベクターを、pB RXA
00657と称した。

40

【 0 1 9 4 】

これにより得られた組み換えベクターは、例えば、Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Ma
niatis, T. 共著、Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 第2版., Cold Spring Ha
rbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 19
89に記載の標準的な技術によって解析可能であり、そしてこれを、上述した技術によって
、C. グルタミカムに形質転換可能であった。

【 0 1 9 5 】

50

コリネバクテリウム株 (ATCC13286) を、上述したように、形質転換するために処理した。C. グルタミカムの形質転換は、プロトプラスト形質転換 (Kastsumata, R. et al. (1984) J. Bacteriol. 159:306-311)、エレクトロポレーション (Liebl, E. et al. (1989) FEMS Microbiol. Letters, 53: 399-303) によって達成可能であり、特定のベクターを使用する場合には、接合によっても可能であった (例えば、Schaefer, A. et al. (1990) J. Bacteriol. 172: 1663-1666に記載されている)。C. グルタミカム由来のプラスミド DNA を調製し (当該分野で周知の標準的な方法を用いる)、そしてこれを E.coli に形質転換することによって、C. グルタミカムのシャトルベクターを E.coli に転写することも可能であった。この形質転換工程は標準的な方法で行っても良いが、NM522等の Mcr- 欠如 E.coli 株を使用するのが有効であった (Gough & Murray (1983) J. Mol. Biol. 166: 1-19)。

10

【0196】

コリネバクテリウム株 (ATCC13286) 等のバクテリア菌株の形質転換を、上述した RXA00657 の DNA 領域 (SEQ ID NO.:5) を含むプラスミド pB を用いて行い、その他の場合は、核酸を挿入を更に有していないベクター pB (SEQ ID NO.:) を用いて行った。

【0197】

これにより得られた菌株を培養し、そして CM-Medium (培養地) (10 g / L のグルコース、2.5 g / L の NaCl、2.0 g の尿素、10 g / L の Bacto Peptone (Difco/Becton Dickinson/Sparks USATM)、5 g / L の酵母菌抽出物 (酵母エキス) (Difco/Becton Dickinson/Sparks USATM)、2.2 g / L の Agar (Difco/Becton Dickinson/Sparks USATM)、および 15 μg / ml の硫酸カナマイシン (Serva, Germany) で、NaOH にて pH 6.8 に調節したもの) から単離した。

20

【0198】

上述した agar 培養地から単離された菌株を、バッファーは含んでいない 100 ml の振とうフラスコ中、100 g / L のスクロース、50 g / L の (NH₄)₂SO₄、2.5 g / L の NaCl、2.0 g / L の尿素、10 g / L の Bacto Peptone (Difco/Becton Dickinson/Sparks USA)、5 g / L の酵母菌抽出物 (Difco/Becton Dickinson/Sparks USA)、5 g / L の肉抽出物 (Difco/Becton Dickinson/Sparks USA)、および 2.5 g / L の CaCO₃ (Riedel de Haen, Germany) を含む液体において 10 ml で接種した。媒体を NaOH で pH 6.8 に調節した。

30

【0199】

菌株を 30 で 48 時間 インキュベート (培養) した。インキュベーションの上澄み液を、EppendorfTM ミクロ遠心分離機において 12000 rpm で 20 分間 (20') 遠心分離することによって調製した。液体の上澄み液を希釈し、そしてアミノ酸解析に付した (この測定に関する標準的な方法について、Applied Microbial Physiology, A Practical Approach, P.M. Rhodes and P.F. Stanbury, eds., IRL Press, p. 103-129; 131-163; and 165-192 (ISBN:0199635773) およびそこでの引用文献に概要が示されている)。

【0200】

結果を以下の表 6 に示す。

【0201】

40

【表 2】

結果：表6

ATCC13286 株	含まれている プラスミド	pB	pB RXA00657
製造された リシン (g/l)		13.5	14.93
選択率 (リシン(モル)/ 消費されたサッ カロース(モル))		0.235	0.25

10

【 0 2 0 2 】

[同等物]

当該技術者等は、通常の実験だけで、本明細書に開示された本滅名の特定の実施形態に対する多くの同等物（均等物）を認識するか、確認可能となるであろう。かかる同等物は、請求の範囲に含まれる。

【 0 2 0 3 】

20

表 1: 含まれる遺伝子

リシンの合成

核酸 SEQ ID NO	アミノ酸 SEQ ID NO	識別コード	Contig	NT 開始	NT 停止	機能
5	6	RXA00657				AMINOACID BIOSYNTHESIS REGULATOR
7	8	RXA02229	GR00653	2793	3617	DIAMINOPELMATE EPIMERASE (EC 5.1.1.7)
9	10	RXS02970				ACETYLORNITHINE AMINOTRANSFERASE (EC 2.6.1.11)
11	12	F RXA01009	GR00287	4714	5943	ACETYLORNITHINE AMINOTRANSFERASE (EC 2.6.1.11)
13	14	RXC02390				MEMBRANE SPANNING PROTEIN INVOLVED IN LYSINE METABOLISM
15	16	RXC01796				MEMBRANE ASSOCIATED PROTEIN INVOLVED IN LYSINE METABOLISM
17	18	RXC01207				CYTOSOLIC PROTEIN INVOLVED IN METABOLISM OF LYSINE AND THREONINE
19	20	RXC00657				TRANSCRIPTIONAL REGULATOR INVOLVED IN LYSINE METABOLISM
21	22	RXC00552				CYTOSOLIC PROTEIN INVOLVED IN LYSINE METABOLISM

リシンの合成

核酸 SEQ ID NO	アミノ酸 SEQ ID NO	識別コード	Contig	NT 開始	NT 停止	機能
23	24	RXA00534	GR00137	4758	3496	ASPARTOKINASE ALPHA AND BETA SUBUNITS (EC 2.7.2.4)
25	26	RXA00533	GR00137	3469	2438	ASPARTATE-SEMIALDEHYDE DEHYDROGENASE (EC 1.2.1.11)
27	28	RXA02843	GR00842	543	4	2,3,4,5-TETRAHYDROPYRIDINE-2-CARBOXYLATE N-SUCCINYLTANSFERASE (EC 2.3.1.117)
29	30	RXA02022	GR00613	2063	3169	SUCCINYL-DIAMINOPELMATE DESUCCINYLAASE (EC 3.5.1.18)
31	32	RXA00044	GR00007	3458	4393	DIHYDRODIPICOLINATE SYNTHASE (EC 4.2.1.52)
33	34	RXA00863	GR00236	896	1639	DIHYDRODIPICOLINATE REDUCTASE (EC 1.3.1.26)
35	36	RXA00864	GR00236	1694	2443	probable 2,3-dihydrodipicolinate N-C6-lyase (cyclizing) (EC 4.3.3.-) - Corynebacterium glutamicum
37	38	RXA02843	GR00842	543	4	2,3,4,5-TETRAHYDROPYRIDINE-2-CARBOXYLATE N-SUCCINYLTANSFERASE (EC 2.3.1.117)
39	40	RXN00355	VV0135	31980	30961	MESO-DIAMINOPELMATE D-DEHYDROGENASE
41	42	F RXA00352	GR00068	861	4	MESO-DIAMINOPELMATE D-DEHYDROGENASE (EC 1.4.1.16)
43	44	RXA00972	GR00274	3	1379	DIAMINOPELMATE DECARBOXYLAASE (EC 4.1.1.20)
45	46	RXA02653	GR00752	5237	7234	DIAMINOPELMATE DECARBOXYLAASE (EC 4.1.1.20)
47	48	RXA01393	GR00408	4249	3380	LYSINE EXPORT REGULATOR PROTEIN
49	50	RXA00241	GR00036	5443	6945	L-LYSINE TRANSPORT PROTEIN
51	52	RXA01394	GR00408	4320	5018	LYSINE EXPORTER PROTEIN
53	54	RXA00865	GR00236	2647	3549	DIHYDRODIPICOLINATE SYNTHASE (EC 4.2.1.52)

40

30

20

10

核酸	アミノ酸	識別コード	Contig.	NT 開始	NT 停止	機能
SEQ ID NO	SEQ ID NO					
55	56	RXS02021				2,3,4,5-TETRAHYDROPYRIDINE-2-CARBOXYLATE N-SUCCINYLTRANSFERASE (EC 2.3.1.117)
57	58	RXS02157				ACETYLORNITHINE AMINOTRANSFERASE (EC 2.6.1.11)
59	60	RXC00733				ABC TRANSPORTER ATP-BINDING PROTEIN INVOLVED IN LYSINE METABOLISM
61	62	RXC00861				PROTEIN INVOLVED IN LYSINE METABOLISM
63	64	RXC00866				ZN-DEPENDENT HYDROLASE INVOLVED IN LYSINE METABOLISM
65	66	RXC02095				ABC TRANSPORTER ATP-BINDING PROTEIN INVOLVED IN LYSINE METABOLISM
67	68	RXC03185				PROTEIN INVOLVED IN LYSINE METABOLISM

メチオニンとS-アデノシルメチオニンの代謝

核酸	アミノ酸	識別コード	Contig.	NT 開始	NT 停止	機能
SEQ ID NO	SEQ ID NO					
1	2	metZ or met				O-ACETYLHOMOSERINE SULFHYDRYLASE (EC 4.2.99.10)
3	4	metC				Cystathionine-γ-lyase
69	70	RXA00115	GR00017	5359	4313	HOMOSERINE O-ACETYLTRANSFERASE (EC 2.3.1.31)
71	72	RXN00403	VV0086	70041	68911	HOMOSERINE O-ACETYLTRANSFERASE
73	74	F RXA00403	GR00088	723	1832	HOMOSERINE O-ACETYLTRANSFERASE (EC 2.3.1.11)
75	76	RXS03158				CYSTATHIONINE GAMMA-SYNTHASE (EC 4.2.99.9)
77	78	F RXA00254	GR00038	2404	1811	CYSTATHIONINE GAMMA-SYNTHASE (EC 4.2.99.9)
79	80	RXA02532	GR00726	3085	2039	CYSTATHIONINE GAMMA-SYNTHASE (EC 4.2.99.9)
81	82	RXS03159				CYSTATHIONINE GAMMA-SYNTHASE (EC 4.2.99.9)
83	84	F RXA02768	GR00770	1919	2521	CYSTATHIONINE GAMMA-SYNTHASE (EC 4.2.99.9)
85	86	RXA00216	GR00032	16286	15297	5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase (methionine synthetase)
87	94	RXA02197	GR00645	4552	4025	5-METHYLTETRAHYDROFOLATE-HOMOCYSTEINE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.1.13)
89	90	RXN02198	VV0302	9228	11726	5-METHYLTETRAHYDROFOLATE-HOMOCYSTEINE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.1.13)
91	91	F RXA02198	GR00646	2483	6	5-METHYLTETRAHYDROFOLATE-HOMOCYSTEINE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.1.13)
93	94	RXN03074	VV0042	2238	1741	S-ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)

10

20

30

40

【 0 2 0 4 】

核酸 SEQ ID NO	アミノ酸 SEQ ID NO	識別コード	Contig.	NT 開始	NT 停止	機能
95	96	F RXA02906	GR10044	1142	645	S-ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
97	98	RXN00132	VV0124	3612	5045	ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
99	100	F RXA00132	GR00020	7728	7624	ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
101	102	F RXA01371	GR00398	2339	3634	ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
103	104	RXN02085				ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
105	106	F RXA02085	GR00629	3496	5295	ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
107	108	F RXA02086	GR00629	5252	5731	ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
109	110	RXN02648				ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
111	112	F RXA02648	GR00751	5254	4730	ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
113	114	F RXA02658	GR00752	14764	15447	ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
115	116	RXC02238				ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)
117	118	RXC00128				ADENOSYLMETHIONINE:2-DEMETHYLMENAQUINONE METHYLTRANSFERASE (EC 2.1.-.-)

S-2 アデノシルメチオニン(SAM)の合成

核酸 SEQ ID NO	アミノ酸 SEQ ID NO	識別コード	Contig.	NT 開始	NT 停止	機能
119	120	RXA02240	GR00654	7160	8380	S-ADENOSYLMETHIONINE SYNTHETASE (EC 2.5.1.6)

10

20

30

40

表2: 遺伝子バンクに示されている遺伝子

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
A09073	ppg	Phosphoenol pyruvate carboxylase	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		Threonine dehydratase	Moeckel, B. et al. "Production of L-isoleucine by means of recombinant micro-organisms with deregulated threonine dehydratase," Patent: WO 9519442-A 5 07/20/95
AB003132	murC; ftsQ; ftsZ		Kobayashi, M. et al. "Cloning, sequencing, and characterization of the ftsZ gene from coryneform bacteria," <i>Biochem. Biophys. Res. Commun.</i> , 236(2):383-388 (1997)
AB015023	murC; ftsQ		Wachi, M. et al. "A murC gene from Coryneform bacteria," <i>Appl. Microbiol. Biotechnol.</i> , 51(2):223-228 (1999)
AB018530	ftsR		Kimura, E. et al. "Molecular cloning of a novel gene, ftsR, 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	ftsR1; ftsR2		
AB020624	murI	D-glutamate racemase	
AB023377	tkl	transketolase	
AB024708	gltB; gltD	Glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits	
AB025424	acn	aconitase	
AB027714	rep	Replication protein	
AB027715	rep; aad	Replication protein; aminoglycoside adenylyltransferase	
AF005242	argC	N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase	
AF005635	glnA	Glutamine synthetase	
AF030405	hisF	cyclase	
AF030520	argG	Argininosuccinate synthetase	
AF031518	argF	Ornithine carbamoyltransferase	

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
AF036932	aroD	3-dehydroquinate dehydratase	
AF038548	pyc	Pyruvate carboxylase	
AF038651	dcIAE; apt; rel	Dipeptide-binding protein; adenine phosphoribosyltransferase; GTP pyrophosphokinase	Wehmeier, L. et al. "The role of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> rel gene in (p)ppGpp metabolism," <i>Microbiology</i> , 144:1853-1862 (1998)
AF041436	argR	Arginine repressor	
AF045998	impA	Inositol monophosphate phosphatase	
AF048764	argH	Argininosuccinate lyase	
AF049897	argC; argJ; argB; argD; argF; argR; argG; argH	N-acetylglutarylphosphate reductase; N-ornithine acetyltransferase; N-acetylglutamate kinase; acetylornithine transaminase; ornithine carbamoyltransferase; arginine repressor; argininosuccinate synthase; argininosuccinate lyase	
AF050109	inhA	Enoyl-acyl carrier protein reductase	
AF050166	hisG	ATP phosphoribosyltransferase	
AF051846	hisA	Phosphoribosylformimino-5-amino-1-phosphoribosyl-4-imidazolecarboxamide isomerase	
AF052652	metA	Homoserine O-acetyltransferase	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	Dehydroquinate synthetase	
AF060558	hisH	Glutamine amidotransferase	
AF086704	hisE	Phosphoribosyl-ATP-pyrophosphohydrolase	
AF114233	aroA	5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase	
AF116184	panD	L-aspartate-alpha-decarboxylase precursor	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)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
AF124518	aroD; aroE	3-dehydroquinase; shikimate dehydrogenase	
AF124600	aroC; aroK; aroB; pepQ	Chorismate synthase; shikimate kinase; 3-dehydroquinase synthase; putative cytoplasmic peptidase	
AF145897	inhA		
AF145898	inhA		
AJ001436	ectP	Transport of ectoine, glycine betaine, proline	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)
AJ004934	dapD	Tetrahydrodipicolinate succinylase (incomplete)	Wehrmann, A. et al. "Different modes of diaminopimelate synthesis and their role in cell wall integrity: A study with Corynebacterium glutamicum," <i>J. Bacteriol.</i> , 180(12):3159-3165 (1998)
AJ007732	ppc; secG; amt; ocd; soxA	Phosphoenolpyruvate-carboxylase; ?; high affinity ammonium uptake protein; putative ornithine-cyclodecarboxylase; sarcosine oxidase	
AJ010319	ftsY, glnB, glnD; srp; amtP	Involved in cell division; PII protein; uridylyltransferase (uridylyl-removing enzyme); signal recognition particle; low affinity ammonium uptake protein	Jakoby, M. et al. "Nitrogen regulation in Corynebacterium glutamicum; Isolation of genes involved in biochemical characterization of corresponding proteins," <i>FEMS Microbiol.</i> , 173(2):303-310 (1999)
AJ132968	cat	Chloramphenicol acetyl transferase	
AJ224946	mgo	L-malate: quinone oxidoreductase	Molenaar, D. et al. "Biochemical and genetic characterization of the membrane-associated malate dehydrogenase (acceptor) from Corynebacterium glutamicum," <i>Eur. J. Biochem.</i> , 254(2):395-403 (1998)
AJ238250	ndh	NADH dehydrogenase	
AJ238703	porA	Porin	Lichtinger, T. et al. "Biochemical and biophysical characterization of the cell wall porin of Corynebacterium glutamicum: The channel is formed by a low molecular mass polypeptide," <i>Biochemistry</i> , 37(43):15024-15032 (1998)
D17429		Transposable element IS31831	Vertes et al. "Isolation and characterization of IS31831, a transposable element from Corynebacterium glutamicum," <i>Mol. Microbiol.</i> , 11(4):739-746 (1994)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
D84102	odhA	2-oxoglutarate dehydrogenase	Usuda, Y. et al. "Molecular cloning of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> (Brevibacterium lactofermentum AJ12036) <i>odhA</i> gene encoding a novel type of 2-oxoglutarate dehydrogenase," <i>Microbiology</i> , 142:3347-3354 (1996)
E01358	hdh; hk	Homoserine dehydrogenase; homoserine kinase	Katsumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine," Patent: JP 1987232392-A 1 10/12/87
E01359		Upstream of the start codon of homoserine kinase gene	Katsumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine," Patent: JP 1987232392-A 2 10/12/87
E01375		Tryptophan operon	
E01376	trpL; trpE	Leader peptide; anthranilate synthase	Matsui, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan," Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87
E01377		Promoter and operator regions of tryptophan operon	Matsui, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan," Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87
E03937		Biotin-synthase	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		Diamino pelargonic acid aminotransferase	Kohama, K. et al. "Gene coding diamino pelargonic acid aminotransferase and desthiobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04041		Desthiobiotinsynthetase	Kohama, K. et al. "Gene coding diamino pelargonic acid aminotransferase and desthiobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04307		Flavum aspartase	Kurusu, Y. et al. "Gene DNA coding aspartase and utilization thereof," Patent: JP 1993030977-A 1 02/09/93
E04376		Isocitric acid lyase	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04377		Isocitric acid lyase N-terminal fragment	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04484		Prephenate dehydratase	Sotouchi, N. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation," Patent: JP 1993076352-A 2 03/30/93
E05108		Aspartokinase	Fugono, N. et al. "Gene DNA coding Aspartokinase and its use," Patent: JP 1993184366-A 1 07/27/93

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
E05112		Dihydro-dipichorinate synthetase	Hatakeyama, K. et al. "Gene DNA coding dihydrodipicolinic acid synthetase and its use," Patent: JP 1993184371-A 1 07/27/93
E05776		Diaminopimelic acid dehydrogenase	Kobayashi, M. et al. "Gene DNA coding Diaminopimelic acid dehydrogenase and its use," Patent: JP 1993284970-A 1 11/02/93
E05779		Threonine synthase	Kohama, K. et al. "Gene DNA coding threonine synthase and its use," Patent: JP 1993284972-A 1 11/02/93
E06110		Prephenate dehydratase	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06111		Mutated Prephenate dehydratase	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06146		Acetohydroxy acid synthetase	Inui, M. et al. "Gene capable of coding Acetohydroxy acid synthetase and its use," Patent: JP 1993344893-A 1 12/27/93
E06825		Aspartokinase	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E06826		Mutated aspartokinase alpha subunit	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E06827		Mutated aspartokinase alpha subunit	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E07701	secY		Honno, N. et al. "Gene DNA participating in integration of membraneous protein to membrane," Patent: JP 1994169780-A 1 06/21/94
E08177		Aspartokinase	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		Feedback inhibition-released Aspartokinase	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		Acetohydroxy-acid isomeroreductase	Inui, M. et al. "Gene DNA coding acetohydroxy acid isomeroreductase," Patent: JP 1994277067-A 1 10/04/94
E08234	secE		Asai, Y. et al. "Gene DNA coding for translocation machinery of protein," Patent: JP 1994277073-A 1 10/04/94
E08643		FT aminotransferase and desthiobiotin synthetase promoter region	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
E08646		Biotin synthetase	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08649		Aspartase	Kohama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031478-A 1 02/03/95
E08900		Dihydrodipicolinate reductase	Madori, M. et al. "DNA fragment containing gene coding Dihydrodipicolinate acid reductase and utilization thereof," Patent: JP 1995075578-A 1 03/20/95
E08901		Diaminopimelic acid decarboxylase	Madori, M. et al. "DNA fragment containing gene coding Diaminopimelic acid decarboxylase and utilization thereof," Patent: JP 1995075579-A 1 03/20/95
E12594		Serine hydroxymethyltransferase	Hatakeyama, K. et al. "Production of L-tryptophan," Patent: JP 1997028391-A 1 02/04/97
E12760, E12759, E12758		transposase	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12764		Arginyl-tRNA synthetase; diaminopimelic acid decarboxylase	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12767		Dihydrodipicolinic acid synthetase	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12770		aspartokinase	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12773		Dihydrodipicolinic acid reductase	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E13655		Glucose-6-phosphate dehydrogenase	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	Threonine dehydratase	Moeckel, B. et al. "Functional and structural analysis of the threonine dehydratase of Corynebacterium glutamicum," <i>J. Bacteriol.</i> , 174:8065-8072 (1992)
L07603	EC 4.2.1.15	3-deoxy-D-arabinoheptulosonate-7-phosphate synthase	Chen, C. et al. "The cloning and nucleotide sequence of Corynebacterium glutamicum 3-deoxy-D-arabinoheptulosonate-7-phosphate synthase gene," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 107:223-230 (1993)
L09232	ilvB; ilvN; ilvC	Acetohydroxy acid synthase large subunit; Acetohydroxy acid synthase small subunit; Acetohydroxy acid isomeroreductase	Keilhauer, C. et al. "Isoleucine synthesis in Corynebacterium glutamicum: molecular analysis of the ilvB-ilvN-ilvC operon," <i>J. Bacteriol.</i> , 175(17):5995-5603 (1993)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
L18874	PtsM	Phosphoenolpyruvate sugar phosphotransferase	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 Corynebacterium glutamicum mannose enzyme II and analyses of the deduced protein sequence," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 119(1-2):137-145 (1994)
L27123	aceB	Malate synthase	Lee, H-S. et al. "Molecular characterization of aceB, a gene encoding malate synthase in Corynebacterium glutamicum," <i>J. Microbiol. Biotechnol.</i> , 4(4):256-263 (1994)
L27126		Pyruvate kinase	Jetten, M. S. et al. "Structural and functional analysis of pyruvate kinase from Corynebacterium glutamicum," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 60(7):2501-2507 (1994)
L28760	aceA	Isocitrate lyase	
L35906	dtxR	Diphtheria toxin repressor	Oguiza, J.A. et al. "Molecular cloning, DNA sequence analysis, and characterization of the Corynebacterium diphtheriae dtxR from Brevibacterium lactofermentum," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(2):465-467 (1995)
M13774		Prephenate dehydratase	Follettie, M.T. et al. "Molecular cloning and nucleotide sequence of the Corynebacterium glutamicum pheA 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	Anthranilate synthase, 5' end	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of Brevibacterium lactofermentum, a glutamic-acid-producing bacterium," <i>Gene</i> , 52:191-200 (1987)
M16664	trpA	Tryptophan synthase, 3' end	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of Brevibacterium lactofermentum, a glutamic-acid-producing bacterium," <i>Gene</i> , 52:191-200 (1987)
M25819		Phosphoenolpyruvate carboxylase	O'Regan, M. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the Phosphoenolpyruvate carboxylase-coding gene of Corynebacterium glutamicum ATCC13032," <i>Gene</i> , 77(2):237-251 (1989)
M85106		23S rRNA gene insertion sequence	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)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
M85107, M85108		23S rRNA gene insertion sequence	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	aecD; brnQ; yhbW	Beta C-S lyase; branched-chain amino acid uptake carrier; hypothetical protein yhbW	Rosol, I. et al. "The Corynebacterium glutamicum aecD gene encodes a C-S lyase with alpha, beta-elimination activity that degrades aminoethylcysteine," <i>J. Bacteriol.</i> , 174(9):2968-2977 (1992); Tauch, A. et al. "Isoleucine uptake in Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 is directed by the brnQ gene product," <i>Arch. Microbiol.</i> , 169(4):303-312 (1998)
S59299	trp	Leader gene (promoter)	Herry, D.M. et al. "Cloning of the trp gene cluster from a tryptophan-hyperproducing strain of Corynebacterium glutamicum: identification of a mutation in the trp leader sequence," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 59(3):791-799 (1993)
U11545	trpD	Anthranyl phosphate transferase	O'Gara, J.P. and Dunican, L.K. (1994) Complete nucleotide sequence of the Corynebacterium glutamicum ATCC 21850 trpD gene." Thesis, Microbiology Department, University College Galway, Ireland.
U13922	cgIIIM; cgIIR; cglIIR	Putative type II 5-cytosine methyltransferase; putative type II restriction endonuclease; putative type I or type III restriction endonuclease	Schafer, A. et al. "Cloning and characterization of a DNA region encoding a stress-sensitive restriction system from Corynebacterium glutamicum ATCC 13032 and analysis of its role in intergeneric conjugation with Escherichia coli," <i>J. Bacteriol.</i> , 176(23):7309-7319 (1994); Schafer, A. et al. "The Corynebacterium glutamicum cglIM gene encoding a 5-cytosine in an McrBC-deficient Escherichia coli strain," <i>Gene</i> , 203(2):95-101 (1997)
U14965	recA		
U31224	ppx		Ankri, S. et al. "Mutations in the Corynebacterium glutamicum proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the proA step," <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31225	proC	L-proline: NADP+ 5-oxidoreductase	Ankri, S. et al. "Mutations in the Corynebacterium glutamicum proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the proA step," <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31230	obg; proB; unkdh	?; gamma glutamyl kinase; similar to D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenases	Ankri, S. et al. "Mutations in the Corynebacterium glutamicum proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the proA step," <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
U31281	bioB	Biotin synthase	Serebriskii, 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	thtR, accBC	Thiosulfate sulfurtransferase; acyl CoA carboxylase	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)
U43535	cmr	Multidrug resistance protein	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)
U43536	clpB	Heat shock ATP-binding protein	
U53587	aphA-3	3'-5'-aminoglycoside phosphotransferase	
U89648		<i>Corynebacterium glutamicum</i> unidentified sequence involved in histidine biosynthesis, partial sequence	
X04960	trpA; trpB; trpC; trpD; trpE; trpG; trpL	Tryptophan operon	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 decarboxylase (meso-diaminopimelate decarboxylase, 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	Phosphoenolpyruvate carboxylase	Eikmanns, 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); Lepiniec, L. et al. "Sorghum Phosphoenolpyruvate carboxylase gene family: structure, function and molecular evolution," <i>Plant. Mol. Biol.</i> , 21 (3):487-502 (1993)
X17313	fda	Fructose-bisphosphate aldolase	Von der Osten, C.H. et al. "Molecular cloning, nucleotide sequence and fine-structural analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> fda gene: structural comparison of <i>C. glutamicum</i> fructose-1, 6-bisphosphate aldolase to class I and class II aldolases," <i>Mol. Microbiol.</i> , 18(2):6421 (1990)
X53993	dapA	L-2, 3-dihydrodipicolinate synthetase (EC 4.2.1.52)	Bonnassie, S. et al. "Nucleic sequence of the dapA gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 18(21):6421 (1990)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
X54223		AttB-related site	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>lambdacorynephage</i> ," <i>FEMS. Microbiol. Lett.</i> , 66:299-302 (1990)
X54740	argS; lysA	Arginyl-tRNA synthetase; Diaminopimelate decarboxylase	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)
X55994	trpL; trpE	Putative leader peptide; anthranilate synthase component I	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	Threonine synthase	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	attB-related site	Attachment site	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>lambdacorynephage</i> ," <i>FEMS. Microbiol. Lett.</i> , 66:299-302 (1990)
X57226	lysC-alpha; lysC-beta; asd	Aspartokinase-alpha subunit; Aspartokinase-beta subunit; aspartate beta semialdehyde dehydrogenase	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	Glyceraldehyde-3-phosphate; phosphoglycerate kinase; triosephosphate isomerase	Eikmanns, 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 isomerase," <i>J. Bacteriol.</i> , 174(19):6076-6086 (1992)
X59404	gdh	Glutamate dehydrogenase	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-lysine permease	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)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
X66078	cspI	Psl protein	Joliff, G. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the cspI gene encoding PSI, one of the two major secreted proteins of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : The deduced N-terminal region of PSI is similar to the Mycobacterium antigen 85 complex," <i>Mol. Microbiol.</i> , 6(16):2349-2362 (1992)
X66112	glt	Citrate synthase	Eikmanns, 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)
X67737	dapB	Dihydrodipicolinate reductase	
X69103	csp2	Surface layer protein PS2	Peyret, J.L. et al. "Characterization of the cspB gene encoding PS2, an ordered surface-layer protein in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Mol. Microbiol.</i> , 9(1):97-109 (1993)
X69104		IS3 related insertion element	Bonamy, 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)
X70959	leuA	Isopropylmalate synthase	Patek, M. et al. "Leucine 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	Isocitrate dehydrogenase (NADP+)	Eikmanns, 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	GDHA	Glutamate dehydrogenase (NADP+)	
X75083, X70584	mtrA	5-methyltryptophan resistance	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):1255-1262 (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	Partial Isocitrate lyase; ?	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		ATPase beta-subunit	Ludwig, W. et al. "Phylogenetic relationships of bacteria based on comparative sequence analysis of elongation factor Tu and ATP-synthase beta-subunit

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	genes," <i>Antonie Van Leeuwenhoek</i> , 64:285-305 (1993) 参考文献
X77034	tuf	Elongation factor 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	Malate synthase	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 ribosomal 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	Glutamate uptake system	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	Succinyldiaminopimelate desuccinylase	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)
X82061	16S rDNA	16S ribosomal 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	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase; ?	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	Gamma-glutamyl phosphate reductase	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 ribosomal 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	Aromatic amino acid permease; ?	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)

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
X86157	argB; argC; argD; argF; argJ	Acetylglutamate kinase; N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase; acetylornithine aminotransferase; ornithine carbamoyltransferase; glutamate N-acetyltransferase	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	Phosphate acetyltransferase; acetate kinase	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	Attachment site	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		Promoter fragment F1	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)
X90357		Promoter fragment F2	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)
X90358		Promoter fragment F10	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)
X90359		Promoter fragment F13	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)
X90360		Promoter fragment 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		Promoter fragment 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		Promoter fragment 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)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
X90363		Promoter fragment 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		Promoter fragment 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		Promoter fragment 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		Promoter fragment 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		Promoter fragment 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		Promoter fragment PF109	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	Ammonium transport system	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	Glycine betaine transport system	Peter, H. et al. "Isolation, characterization, and expression of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> betP 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	Lysine exporter protein; Lysine export regulator protein	Vrljic, 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)
X96580	panB; panC; xylB	3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase; pantoate-beta-	Sahm, H. et al. "D-pantothenate synthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> and use of panBC and genes encoding L-valine synthesis for D-pantothenate

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	alanine ligase; xylulokinase 遺伝子機能	overproduction," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 65(5):1973-1979 (1999) 参照文献
X96962		Insertion sequence IS1207 and transposase	
X99289		Elongation factor P	
Y00140	thrB	Homoserine kinase	Ramos, A. et al. "Cloning, sequencing and expression of the gene encoding elongation factor P in the amino-acid producer <i>Brevibacterium lactofermentum</i> (Corynebacterium glutamicum ATCC 13869)," <i>Gene</i> , 198:217-222 (1997)
Y00151	ddh	Meso-diaminopimelate D-dehydrogenase (EC 1.4.1.16)	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)
Y00476	thrA	Homoserine dehydrogenase	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)
Y00546	hom; thrB	Homoserine dehydrogenase; homoserine kinase	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)
Y08964	murC; ftsQ/divD; ftsZ	UPD-N-acetylmuramate-alanine ligase; division initiation protein or cell division protein; cell division protein	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)
Y09163	putP	High affinity proline transport system	Honrubia, M.P. et al. "Identification, characterization, and chromosomal organization of the ftsZ gene from <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Mol. Genet.</i> , 259(1):97-104 (1998)
Y09548	pyc	Pyruvate carboxylase	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)
Y09578	leuB	3-isopropylmalate dehydrogenase	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)
Y12472		Attachment site bacteriophage Phi-16	Patek, M. et al. "Analysis of the leuB gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Appl. Microbiol. Biotechnol.</i> , 50(1):42-47 (1998)
Y12537	proP	Proline/ectoine uptake system protein	Moreau, S. et al. "Site-specific integration of corynephage Phi-16: The construction of an integration vector," <i>Microbiol.</i> , 145:539-548 (1999)
			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)

10

20

30

40

GenBank™ 認証番号	遺伝子名称	遺伝子機能	参考文献
Y13221	glnA	Glutamine synthetase I	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	Dihydrolipoamide dehydrogenase	Moreau, S. et al. "Analysis of the integration functions of φ304L: An integrase module among corynephages," <i>Virology</i> , 255(1):150-159 (1999)
Y18059		Attachment site Corynephage 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	Arginyl-tRNA synthetase; diaminoipimelate decarboxylase (partial)	Pisabarro, A. et al. "A cluster of three genes (dapA, orf2, and dapB) of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> encodes dihydrodipicolinate reductase, and a third polypeptide of unknown function," <i>J. Bacteriol.</i> , 175(9):2743-2749 (1993)
Z21502	dapA; dapB	Dihydrodipicolinate synthase; dihydrodipicolinate reductase	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	Threonine synthase	
Z46753	16S rDNA	Gene for 16S ribosomal RNA	
Z49822	sigA	SigA sigma factor	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)
Z49823	galE; dtxR	Catalytic activity UDP-galactose 4-epimerase; diphtheria toxin regulatory protein	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)
Z49824	orf1; sigB	?; SigB sigma factor	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)
Z66534		Transposase	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)

* A sequence for this gene was published in the indicated reference. However, the sequence obtained by the inventors of the present application is significantly longer than the published version. It is believed that the published version relied on an incorrect start codon, and thus represents only a fragment of the actual coding region.

表 3: 本発明で使用するコロネバクテリウム株及び
ブレバクテリウム株

属	種	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ	
Brevibacterium	ammoniagenes	21054								
Brevibacterium	ammoniagenes	19350								
Brevibacterium	ammoniagenes	19351								
Brevibacterium	ammoniagenes	19352								
Brevibacterium	ammoniagenes	19353								
Brevibacterium	ammoniagenes	19354								
Brevibacterium	ammoniagenes	19355								
Brevibacterium	ammoniagenes	19356								
Brevibacterium	ammoniagenes	21055								
Brevibacterium	ammoniagenes	21077								
Brevibacterium	ammoniagenes	21553								
Brevibacterium	ammoniagenes	21580								
Brevibacterium	ammoniagenes	39101								
Brevibacterium	butanicum	21196								
Brevibacterium	divaricatum	21792	P928							
Brevibacterium	flavum	21474								
Brevibacterium	flavum	21129								
Brevibacterium	flavum	21518								
Brevibacterium	flavum			B11474						
Brevibacterium	flavum			B11472						
Brevibacterium	flavum	21127								
Brevibacterium	flavum	21128								
Brevibacterium	flavum	21427								
Brevibacterium	flavum	21475								
Brevibacterium	flavum	21517								
Brevibacterium	flavum	21528								
Brevibacterium	flavum	21529								
Brevibacterium	flavum			B11477						
Brevibacterium	flavum			B11478						
Brevibacterium	flavum	21127								
Brevibacterium	flavum			B11474						
Brevibacterium	healii	15527								
Brevibacterium	ketoglutamicum	21004								
Brevibacterium	ketoglutamicum	21089								
Brevibacterium	ketosoreductum	21914								
Brevibacterium	lactofermentum				70					
Brevibacterium	lactofermentum				74					
Brevibacterium	lactofermentum				77					
Brevibacterium	lactofermentum	21798								
Brevibacterium	lactofermentum	21799								
Brevibacterium	lactofermentum	21800								
Brevibacterium	lactofermentum	21801								
Brevibacterium	lactofermentum			B11470						
Brevibacterium	lactofermentum			B11471						

10

20

30

属	種	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ	
Brevibacterium	lactofermentum	21086								
Brevibacterium	lactofermentum	21420								
Brevibacterium	lactofermentum	21086								
Brevibacterium	lactofermentum	31269								
Brevibacterium	linens	9174								
Brevibacterium	linens	19391								
Brevibacterium	linens	8377								
Brevibacterium	paraffinolyticum					11160				
Brevibacterium	spec.						717.73			
Brevibacterium	spec.						717.73			
Brevibacterium	spec.	14604								
Brevibacterium	spec.	21860								
Brevibacterium	spec.	21864								
Brevibacterium	spec.	21865								
Brevibacterium	spec.	21866								
Brevibacterium	spec.	19240								
Corynebacterium	acetoacidophilum	21476								
Corynebacterium	acetoacidophilum	13870								
Corynebacterium	acetoglutamicum			B11473						
Corynebacterium	acetoglutamicum			B11475						
Corynebacterium	acetoglutamicum	15806								
Corynebacterium	acetoglutamicum	21491								
Corynebacterium	acetoglutamicum	31270								
Corynebacterium	acetophilum			B3671						
Corynebacterium	ammoniagenes	6872						2399		
Corynebacterium	ammoniagenes	15511								
Corynebacterium	fujikense	21496								
Corynebacterium	glutamicum	14067								
Corynebacterium	glutamicum	39137								
Corynebacterium	glutamicum	21254								
Corynebacterium	glutamicum	21255								
Corynebacterium	glutamicum	31830								
Corynebacterium	glutamicum	13032								
Corynebacterium	glutamicum	14305								
Corynebacterium	glutamicum	15455								
Corynebacterium	glutamicum	13058								
Corynebacterium	glutamicum	13059								
Corynebacterium	glutamicum	13060								
Corynebacterium	glutamicum	21492								
Corynebacterium	glutamicum	21513								
Corynebacterium	glutamicum	21526								
Corynebacterium	glutamicum	21543								
Corynebacterium	glutamicum	13287								
Corynebacterium	glutamicum	21851								
Corynebacterium	glutamicum	21253								
Corynebacterium	glutamicum	21514								
Corynebacterium	glutamicum	21516								
Corynebacterium	glutamicum	21299								

10

20

30

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

10

20

30

属	種	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ	その他の 開始 点
Corynebacterium	glutamicum			B12418						
Corynebacterium	glutamicum			B11476						
Corynebacterium	glutamicum	21608								
Corynebacterium	lilium		P973							
Corynebacterium	nitrilophilus	21419				11594				
Corynebacterium	spec.		P4445							
Corynebacterium	spec.		P4446							
Corynebacterium	spec.	31088								
Corynebacterium	spec.	31089								
Corynebacterium	spec.	31090								
Corynebacterium	spec.	31090								
Corynebacterium	spec.	31090								
Corynebacterium	spec.	15954							20145	
Corynebacterium	spec.	21857								
Corynebacterium	spec.	21862								
Corynebacterium	spec.	21863								
Corynebacterium	Glutamicum*									ASO19
Corynebacterium	Glutamicum**									ASO19 E12
Corynebacterium	Glutamicum***									HL457
Corynebacterium	Glutamicum****									HL459

ATCC: American Type Culture Collection, Rockville, MD, USA

FERM: Fermentation Research Institute, Chiba, Japan

NRRL: ARS Culture Collection, Northern Regional Research Laboratory, Peoria, IL, USA

CECT: Coleccion Espanola de Cultivos Tipo, Valencia, Spain

NCIMB: National Collection of Industrial and Marine Bacteria Ltd., Aberdeen, UK

CBS: Centraalbureau voor Schimmelcultures, Baarn, NL

NCTC: National Collection of Type Cultures, London, UK

DSMZ: Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, Braunschweig, Germany

For reference see 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.

* Spontaneous rifampin-resistant mutant of *C. glutamicum* ATCC13059^d Yoshihama et al., 1985

** Restriction-deficient variant of ASO19 Follettie et al., 1993

*** *metC*-disrupted mutant of ASO19E12 This study

**** *metC*-disrupted mutant of ASO19E12 This study

【 0 2 0 6 】

表4:アライメント結果

ID #	長さ	Genbank	長さ	登録番号	Genbank掲載名	Genbankヒット源	%相同性	登録日
rx000657	906	GB_BA1:AF064700	3481	AF064700	Rhodococcus sp. NO1-1 CprS and CprR genes, complete cds.	Rhodococcus sp	40,265	15-Jul-98
metz	1314	GB_BA2:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,278	23-Jun-99
metc	978	GB_BA2:CORCSLYS	2821	M89931	Corynebacterium glutamicum beta C-S lyase (aacD) and branched-chain amino acid u	Corynebacterium glutamicum	98,591	04-JUN-1998
rx000023	3579	GB_EST33:A1776129	483	A1776129	EST257217 tomato resistant, Cornell Lycopersicon esculentum cDNA clone	Lycopersicon esculentum	40,956	29-Jun-99
		GB_EST33:A1776129	483	A1776129	cLER17D3, mRNA sequence.	Lycopersicon esculentum	40,956	29-Jun-99
rx000044	1059	EM_PAT:E11760	6911	E11760	Base sequence of sucrase gene.	Corynebacterium glutamicum	42,979	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
		GB_PAT:I26124	6911	I26124	Sequence 4 from patent US 5556776.	Unknown.	42,979	07-OCT-1996
		GB_BA2:ECOUW89	176195	U00006	E. coli chromosomal region from 89.2 to 92.8 minutes.	Escherichia coli	39,097	17-DEC-1993
rx000064	1401	GB_PAT:E16763	2517	E16763	gDNA encoding aspartate transferase (AAT).	Corynebacterium glutamicum	95,429	28-Jul-99
		GB_HTG2:AC007892	134257	AC007892	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02003 (D797) RPCI-98	Drosophila melanogaster	31,111	2-Aug-99
					02.0.3 map 99B-99B strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS			
					***, 113 unordered pieces.			
rx000072		GB_HTG2:AC007892	134257	AC007892	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02003 (D797) RPCI-98	Drosophila melanogaster	31,111	2-Aug-99
					02.0.3 map 99B-99B strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS***,			
					113 unordered pieces.			
rx000105	798	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,753	17-Jun-98
		GB_BA1:ECU29581	71128	U29581	Escherichia coli K-12 genome; approximately 63 to 64 minutes.	Escherichia coli	35,669	14-Jan-97
		GB_BA2:AE000366	10405	AE000366	Escherichia coli K-12 MG1655 section 256 of 400 of the complete genome.	Escherichia coli	35,669	12-Nov-98
rx000106	579	GB_EST15:AA494237	367	AA494237	ng83f04.s1 NCI CGAP Pr6 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:941407	Homo sapiens	42,896	20-Aug-97
					similar to SW:DYR_LACCA P00381 DIHYDROFOLATE REDUCTASE.;			
					mRNA sequence.			
		GB_BA2:AF161327	2021	AF161327	Corynebacterium diphtheriae histidine kinase ChvS (chvS) and response	Corynebacterium diphtheriae	40,210	9-Sep-99
					regulator ChvA (chvA) genes, complete cds.			
rx000115	1170	GB_PAT:AR041189	654	AR041189	Sequence 4 from patent US 5811286.	Unknown.	41,176	29-Sep-99
		GB_PR4:AC007110	148336	AC007110	Homo sapiens chromosome 17, clone HRPK.472_J_18, complete sequence.	Homo sapiens	36,783	30-MAR-1999
		GB_HTG3:AC008537	170030	AC008537	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_490E21, *** SEQUENCING	Homo sapiens	40,296	2-Sep-99
					IN PROGRESS *** 93 unordered pieces.			
		GB_HTG3:AC008537	170030	AC008537	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_490E21, *** SEQUENCING	Homo sapiens	40,296	2-Sep-99
					IN PROGRESS *** 93 unordered pieces.			
rx000116	1284	GB_BA2:AF062345	16458	AF062345	Caulobacter crescentus SstI (sstI), S-layer protein subunit (rsaA), ABC	Caulobacter crescentus	36,235	19-OCT-1999
					transporter (rsaD), membrane forming unit (rsaE), putative GDP-mannose-4,6-			
					dehydratase (lpsA), putative acetyltransferase (lpsB), putative perosamine			
					synthetase (lpsC), putative mannitoltransferase (lpsD), putative			
					mannosyltransferase (lpsE), outer membrane protein (rsaF), and putative			
					perosamine transferase (lpsE) genes, complete cds.			
					Sequence 6 from patent US 5500353.			
		GB_PAT:I18647	3300	I18647		Unknown.	36,821	07-OCT-1996

10

20

30

40

rx00131	732	GB_GSS13:QA446197	751	AQ446197	nbx0062D16r, genomic survey sequence.	Oryza sativa	38,124	8-Apr-99
rx00132	1557	GB_BA1:MTY20B11	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	43,571	17-Jun-98
		GB_BA1:SAH7932	15176	AJ007932	Streptomyces argillaceus mithramycin biosynthetic genes.	Streptomyces argillaceus	41,116	15-Jun-98
		GB_BA1:MTY20B11	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,726	17-Jun-98
		GB_BA1:MTY20B11	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,788	17-Jun-98
		GB_IN2:TVU40872	1882	U40872	Trichomonas vaginalis S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase gene, complete cds.	Trichomonas vaginalis	61,914	31-OCT-1996
rx00145	1059	GB_HTG6:AC010706	169265	AC010706	Drosophila melanogaster chromosome X clone BACR36D15 (DB87) RPCI-98 36.D.15 map 13C-13E strain y; on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 74 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	51,325	22-Nov-99
		GB_BA1:MTCY2B12	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	63,365	18-Jun-98
		GB_BA1:PSEPYRBX	2273	L19649	Pseudomonas aeruginosa aspartate transcarbamoylase (pyrB) and dihydroorotase-like (pyrX) genes, complete cds's.	Pseudomonas aeruginosa	56,080	26-Jul-93
		GB_BA1:LLPYRBDNA	1468	X84262	L.leichmannii pyrB gene.	Lactobacillus leichmannii	47,514	29-Apr-97
		GB_BA1:MTCY2B12	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,714	18-Jun-98
rx00146	1464	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 H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,618	03-DEC-1996
		GB_BA1:MTCY2B12	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,527	18-Jun-98
		GB_BA1:MSGB937CS	38914	L78820	Mycobacterium leprae cosmid B937 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	59,538	15-Jun-96
		GB_BA1:PAU81259	7285	U81259	Pseudomonas aeruginosa dihydrodipicolinate reductase (dapB) gene, partial cds, carbamoylphosphate synthetase small subunit (carA) and carbamoylphosphate synthetase large subunit (carB) genes, complete cds, and FisJ homolog (ftsJ) gene, partial cds.	Pseudomonas aeruginosa	55,396	23-DEC-1996
rx00156	1233	GB_BA1:SC9B10	33320	AL009204	Streptomyces coelicolor cosmid 9B10.	Streptomyces coelicolor	52,666	10-Feb-99
		GB_BA2:AF002133	15437	AF002133	Mycobacterium avium strain GIR10 transcriptional regulator (mav81) gene, partial cds, acnitate (act), invasin 1 (inv1), invasin 2 (inv2), transcriptional regulator (moxR), ketoacyl-reductase (fabG), enoyl-reductase (inhA) and ferrochelatase (mav272) genes, complete cds.	Mycobacterium avium	54,191	26-MAR-1998
		GB_BA1:D85417	7984	D85417	Propionibacterium freudenreichii hemY, hemH, hemB, hemX, hemR and hemL genes, complete cds.	Propionibacterium freudenreichii	48,667	6-Feb-99
		GB_HTG3:AC008167	174223	AC008167	Homo sapiens clone NH0172013, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,451	21-Aug-99
		GB_HTG3:AC008167	174223	AC008167	Homo sapiens clone NH0172013, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,451	21-Aug-99
rx00166	783	GB_HTG4:AC010118	80605	AC010118	Drosophila melanogaster chromosome 3L/62B1 clone RPCI98-10D15, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 51 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	38,627	16-OCT-1999
		GB_BA1:AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gtb and gtd genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	92,113	13-MAR-1999
		GB_BA1:AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gtb and gtd genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	93,702	13-MAR-1999
		GB_EST24:AI232702	528	AI232702	EST229390 Normalized rat kidney, Bonto Soares Rattus sp. cDNA clone RKICF35 3' end, mRNA sequence.	Rattus sp.	34,221	31-Jan-99
		GB_HTG2:HSDJ850E9	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; in unordered pieces.	Homo sapiens	37,965	03-DEC-1999
rx00216	1113	GB_HTG2:HSDJ850E9	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; in unordered pieces.	Homo sapiens	37,965	03-DEC-1999

10

20

30

40

rx000391	843	GB_HTG2:AC007638	178053	AC007638	Homo sapiens chromosome 17 clone hRPK.515_O_17 map 17, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 8 unordered pieces.	Homo sapiens	34,821	22-MAY-1999
		GB_EST38:AW017053	613	AW017053	EST272398 Schistosoma mansoni male, Phil Lloverde/Joë Merrick Schistosoma mansoni cDNA clone SMMA514 5' end, mRNA sequence.	Schistosoma mansoni	40,472	10-Sep-99
		GB_PAT:AF065852	32207	AF065852	Sequence 20 from patent US 5849564.	Unknown.	38,586	29-Sep-99
		GB_VI:AF148805	28559	AF148805	Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus ORF 68 gene, partial cds; and ORF 69, kaposin, v-FLIP, v-cyclin, latent nuclear antigen, ORF K14, v-GPCR, putative phosphoribosylformylglycinamide synthase, and LAMP (LAMP) genes, complete cds.	Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus	38,509	2-Aug-99
rx000393	1017	GB_BA1:MTV25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,308	17-Jun-98
		GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	39,282	03-DEC-1996
		GB_BA1:MLB1306	7782	Y13803	Mycobacterium leprae cosmid B1306 DNA.	Mycobacterium leprae	39,228	24-Jun-97
rx000402	623	GB_BA2:AF062652	2096	AF052652	Corynebacterium glutamicum homoserine O-acetyltransferase (metA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,672	19-MAR-1998
		GB_BA2:AF109162	4514	AF109162	Corynebacterium diphtheriae heme uptake locus, complete sequence.	Corynebacterium diphtheriae	40,830	8-Jun-99
		GB_BA2:AF092918	20758	AF092918	Pseudomonas alcaligenes outer membrane Xcp-secretion system gene cluster.	Pseudomonas alcaligenes	50,161	06-DEC-1998
rx000403	1254	GB_BA2:AF052652	2096	AF052652	Corynebacterium glutamicum homoserine O-acetyltransferase (metA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,920	19-MAR-1998
		GB_BA1:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	52,898	23-Jun-99
		GB_EST23:AI111288	750	AI111288	SWOvAMCAQ02A05SK Onchocerca volvulus adult male cDNA (SAW98MLW-OvAM) Onchocerca volvulus cDNA clone SWOvAMCAQ02A05 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:AC005145	143678	AC005145	Homo sapiens Xp22-166-169 GSHB-523A23 (Genome Systems Human BAC library) complete sequence.	Homo sapiens	34,179	08-DEC-1998
rx000420	1587	GB_BA1:MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,169	23-Jun-99
		GB_BA1:MTY13D12	37085	Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 156/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,031	17-Jun-98
		GB_BA1:MSGY126	37184	AD000012	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y126.	Mycobacterium tuberculosis	61,902	10-DEC-1996
		GB_BA1:MSGB971CS	37566	L78821	Mycobacterium leprae cosmid B871 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,651	15-Jun-96
rx000435	1296	GB_BA1:AFACBBTZ	2760	M68904	Alcaligenes eutrophus cosmid B871 DNA sequence.	Ralstonia eutropha	38,677	27-Jul-94
		GB_HTG4:AC009541	169583	AC009541	Alcaligenes eutrophus chromosomal transketolase (cbtTc) and phosphoglycolate phosphatase (cbtZc) genes, complete cds.	Homo sapiens	36,335	12-OCT-1999
		GB_HTG4:AC009541	169583	AC009541	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 25 unordered pieces.	Homo sapiens	36,335	12-OCT-1999
rx000437	579	GB_PR4:AC009541	155450	AC009541	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:AC009541	155450	AC009541	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 (EXP3) gene, partial cds.	Rumex acetosa	46,538	17-Aug-99
		GB_HTG3:AC009120	269445	AC009120	Homo sapiens chromosome 16 clone RPCL-11_484E3, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 34 unordered pieces.	Homo sapiens	43,276	3-Aug-99
rx000440	582	GB_BA2:SKZ86111	7860	Z86111	Streptomyces lividans rpsP, trmD, rplS, sipW, sipX, sipY, sipZ, mutT genes and 4 open reading frames.	Streptomyces lividans	43,080	27-OCT-1999

rx000441	1287	GB_BA1:SC2E1 GB_BA1:SC2E1 GB_PR2:HS179D1 GB_HTG2:HSDJ719K3 GB_HTG2:HSDJ719K3 GB_BA1:SCD78 GB_HTG4:AC009367 GB_HTG4:AC009367 GB_PR3:AC003670 GB_HTG2:AF029367 GB_HTG2:AF029367 GB_HTG2:AC007824 GB_HTG2:AC007824 GB_EST35:AIB18057 GB_BA1:MLCB1779 GB_IN1:DMC86E4 GB_GSS15:AQ640325	38962 38962 117938 267114 267114 36224 226055 226055 88945 148676 148676 133361 133361 412 43254 29352 467	AL023797 AL023797 AL031984 AL109931 AL109931 AL034355 AC009367 AC009367 AC003670 AF029367 AF029367 AC007824 AC007824 AIB18057 Z98271 AL021086 AQ640325	Streptomyces coelicolor cosmid 2E1. Streptomyces coelicolor cosmid 2E1. Human DNA sequence from clone 173D1 on chromosome 1p36.21-36.33. Contains ESTs, STSs and GSSs, complete sequence. Homo sapiens chromosome X clone RP4-719K3 map q21.1-21.31, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces. Homo sapiens chromosome X clone RP4-719K3 map q21.1-21.31, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces. Streptomyces coelicolor cosmid D78. Drosophila melanogaster chromosome 3L76A2 clone RPCI98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 44 unordered pieces. Drosophila melanogaster chromosome 3L76A2 clone RPCI98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 44 unordered pieces. Homo sapiens 12q13.1 PAC RPCI1-130F5 (Roswell Park Cancer Institute Human PAC library) complete sequence. Homo sapiens chromosome 12 clone RPCI-1 130F5 map 12q13.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 156 unordered pieces. Homo sapiens chromosome 12 clone RPCI-1 130F5 map 12q13.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 156 unordered pieces. Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02L16 (D715) RPCI-98 02.L16 map 89E-90A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 91 unordered pieces. Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02L16 (D715) RPCI-98 02.L16 map 89E-90A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 91 unordered pieces. wk14a08.x1 NCI_CGAP_Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2412278 3' similar to gb:Y00764 UBIIQINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE 11 KD PROTEIN (HUMAN);, mRNA sequence. Mycobacterium leprae cosmid B1779. Drosophila melanogaster cosmid clone 86E4. 927P1-2H3, TP 927P1 Trypanosoma brucei genomic clone 927P1-2H3, genomic survey sequence.	Streptomyces coelicolor Streptomyces coelicolor Homo sapiens Homo sapiens Homo sapiens Streptomyces coelicolor Drosophila melanogaster Drosophila melanogaster Homo sapiens Homo sapiens Homo sapiens Drosophila melanogaster Drosophila melanogaster Homo sapiens Mycobacterium leprae Drosophila melanogaster Trypanosoma brucei	42,931 36,702 38,027 34,521 34,521 56,410 34,959 34,959 35,682 31,373 31,373 40,000 40,000 35,714 39,308 37,487 38,116	4-Jun-98 4-Jun-98 23-Nov-99 09-DEC-1999 09-DEC-1999 26-Nov-98 16-OCT-1999 16-OCT-1999 9-Jun-98 18-OCT-1997 18-OCT-1997 2-Aug-99 2-Aug-99 24-Aug-99 8-Aug-97 27-Apr-99 8-Jul-99
rx000487	1692	GB_BA1:BAGUAA	3866	Y10499	B.ammoniaenes guaA gene.	Corynebacterium ammoniagenes	74,259	8-Jan-98
rx000488	1641	GB_BA2:U00015 GB_BA1:MTCY78 GB_BA1:MTCY78 GB_BA2:U00015 GB_BA1:SCAJ10601 GB_BA2:U00015 GB_HTG2:HS225E12	42325 33818 33818 42325 4692 42325 126464	U00015 Z77165 Z77165 U00015 AJ010601 U00015 AL031772	Mycobacterium leprae cosmid B1620. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 145/162. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 145/162. Mycobacterium leprae cosmid B1620. Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for whiK and whiK loci. Mycobacterium leprae cosmid B1620. Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-225E12 map q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces. Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-225E12 map q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Mycobacterium leprae Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Streptomyces coelicolor Mycobacterium leprae Homo sapiens Homo sapiens	37,248 39,725 39,451 39,178 60,835 38,041 36,756 36,756	01-MAR-1994 17-Jun-98 17-Jun-98 01-MAR-1994 17-Sep-98 01-MAR-1994 03-DEC-1999 03-DEC-1999
rx000489	1245	GB_BA2:U00015 GB_HTG2:HS225E12	42325 126464	U00015 AL031772	Mycobacterium leprae cosmid B1620. Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-225E12 map q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Mycobacterium leprae Homo sapiens	37,248 39,725 39,451 39,178 60,835 38,041 36,756 36,756	01-MAR-1994 17-Jun-98 17-Jun-98 01-MAR-1994 17-Sep-98 01-MAR-1994 03-DEC-1999 03-DEC-1999

10

20

30

40

rx00533	1155	GB_BA1:CGLYS	2803	X57226	C. glutamicum lysC-alpha, lysC-beta and asd genes for aspartokinase-alpha and -beta subunits, and aspartate beta semialdehyde dehydrogenase, respectively (EC 2.7.2.4; EC 1.2.1.11).	Corynebacterium glutamicum	99,913	17-Feb-97
		GB_BA1:CGCYSCASD	1591	X82928	C-glutamicum aspartate-semialdehyde dehydrogenase gene.	Corynebacterium glutamicum	99,221	17-Feb-97
rx00534	1386	GB_PAT:A07546 GB_BA1:CGLYS	2112 2803	A07546 X57226	Recombinant DNA fragment (PstI-XhoI). 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).	synthetic construct Corynebacterium glutamicum	99,391 99,856	30-Jul-93 17-Feb-97
		GB_BA1:CORASKD	2957	L16848	Corynebacterium flavum aspartokinase (ask), and aspartate-semialdehyde dehydrogenase (asd) genes, complete cds.	Corynebacterium flavesens	98,701	11-Jun-93
rx00536	1494	GB_PAT:E14514 GB_BA1:CGLEUA GB_BA1:MTV025 GB_BA1:MTU88526	1643 3492 121125 2412	E14514 X70959 AL022121 U88526	DNA encoding Brevibacterium aspartokinase. C-glutamicum gene leuA for isopropylmalate synthase. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 155/162. Mycobacterium tuberculosis putative alpha-isopropyl malate synthase (leuA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium tuberculosis	98,773 100,000 68,003 68,185	28-Jul-99 10-Feb-99 24-Jun-99 26-Feb-97
rx00537	2409	GB_BA2:SCD25 GB_BA1:MTCY7H7A GB_BA1:MTU34956	41622 10451 2462	AL118514 Z95618 U34956	Streptomyces coelicolor cosmid D25. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 39/162. Mycobacterium tuberculosis phosphoribosylformylglycinamide synthase (purL) gene, complete cds.	Streptomyces coelicolor A3(2) Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium tuberculosis	63,187 62,401 62,205	21-Sep-99 17-Jun-98 28-Jan-97
rx00541	792	GB_PAT:I92052 GB_BA1:MLCB5 GB_BA1:MTCY369 GB_BA1:BAPURF	2115 38109 36850 1885	I92052 Z95151 Z80226 X91252	Sequence 19 from patent US 5726299. Mycobacterium leprae cosmid B5. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 36/162. B.ammonia genes purF gene.	Unknown. Mycobacterium leprae Mycobacterium tuberculosis Corynebacterium	98,359 62,468 60,814 66,095	01-DEC-1998 24-Jun-97 17-Jun-98 5-Jun-97
rx00558	1470	GB_BA1:MLU15182 GB_BA1:MTCY7H7A GB_PAT:AR016483 EM_PAT:E11273	40123 10451 2104 2104	U15182 Z95618 AR016483 E11273	Mycobacterium leprae cosmid B2266. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 39/162. Sequence 1 from patent US 5776740. DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	ammonia genes Mycobacterium leprae Mycobacterium tuberculosis Unknown. Corynebacterium glutamicum	64,315 64,863 98,810 98,810	09-MAR-1995 17-Jun-98 05-DEC-1998 08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
rx00580	1425	GB_PAT:E12594 GB_PAT:E12594 GB_PAT:AR016483 EM_PAT:E11273	2104 2104 2104 2104	E12594 E12594 AR016483 E11273	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum. DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum. Sequence 1 from patent US 5776740. DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Unknown. Corynebacterium glutamicum	98,810 99,368 99,368 99,368	24-Jun-98 24-Jun-98 05-DEC-1998 08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
rx00581	1092	GB_PAT:E12594 EM_PAT:E11273	2104 2104	E12594 E11273	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum. DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum	37,071 37,071	24-Jun-98 08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
rx00584	1248	GB_PAT:AR016483 GB_BA1:CORAHPS GB_BA1:AOPCZA361 GB_BA1:D90714	2104 2570 37941 14358	AR016483 L07603 AJ223998 D90714	Sequence 1 from patent US 5776740. Corynebacterium glutamicum 3-deoxy-D-arabinoheptulosonate-7-phosphate synthase gene, complete cds. Amycolatopsis orientalis cosmid PCZA361. Escherichia coli genomic DNA. (16.8 - 17.1 min).	Unknown. Corynebacterium glutamicum Amycolatopsis orientalis Escherichia coli	37,071 98,236 54,553 53,312	05-DEC-1998 26-Apr-93 29-MAR-1999 7-Feb-99

rx00618	1230	GB_EST19:AA802737	280	AA802737	GM06236.5prime GM Drosophila melanogaster ovary BlueScript Drosophila melanogaster cDNA clone GM06236 5prime, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	39,928	25-Nov-98
		GB_EST28:AI534381	581	AI534381	SD07186.5prime SD Drosophila melanogaster Schneider L2 cell culture pOT2 Drosophila melanogaster cDNA clone SD07186 5prime similar to X89858: Anl FBgn0011558 PID:g927407 SPTREMBL:Q24240, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	41,136	18-MAR-1999
rx00619	1551	GB_IN1:DMANILLIN	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:AG0305	1845	A60305	Sequence 5 from Patent WO9708323.	unidentified	61,785	06-MAR-1998
rx00620	1014	GB_PL2:AF063247	1450	AF063247	Pneumocystis carinii f. sp. ratti enclose mRNA, complete cds.	Pneumocystis carinii f. sp. ratti	41,060	5-Jan-99
		GB_BA1:STMAPP	2069	M91546	Streptomyces lividans aminopeptidase P (PepP) gene, complete cds.	Streptomyces lividans	37,126	12-Jun-93
		GB_HTG3:AC008763	214575	AC008763	Homo sapiens chromosome 19 clone CITB-E1_3214H19, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 21 unordered places.	Homo sapiens	40,020	3-Aug-99
rx00624	810	GB_IN1:CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	36,986	2-Sep-99
		GB_EST13:AA362167	372	AA362167	EST71561 Macrophage I Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.	Homo sapiens	38,378	21-Apr-97
		GB_IN1:CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	37,694	2-Sep-99
rx00626	1385	GB_BA1:MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,971	17-Jun-98
		GB_BA1:MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	58,806	24-Jun-97
		GB_BA1:MLU15187	36138	U15187	Mycobacterium leprae cosmid L296.	Mycobacterium leprae	38,007	09-MAR-1995
rx00632	795	GB_BA1:BRLBLOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7,8-diaminopelargonic acid aminotransferase and dehydrobiotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,358	3-Feb-99
		GB_PAT:ED0401	675	E04041	DNA sequence coding for dehydrobiotin synthetase.	Corynebacterium glutamicum	98,074	29-Sep-97
		GB_PAT:ED0404	1272	E04040	DNA sequence coding for diamino pelargonic acid aminotransferase.	Corynebacterium glutamicum	93,814	29-Sep-97
rx00633	1392	GB_BA1:BRLBLOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7,8-diaminopelargonic acid aminotransferase and dehydrobiotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	95,690	3-Feb-99
		GB_PAT:ED0404	1272	E04040	DNA sequence coding for diamino pelargonic acid aminotransferase.	Corynebacterium glutamicum	95,755	29-Sep-97
		GB_BA2:EHU38519	1290	U38519	Erwinia herbicola adenosylmethionine-8-amino-7-oxononanoate transaminase (bioA) gene, complete cds.	Erwinia herbicola	55,564	4-Nov-96
rx00688	666	GB_BA1:MTV041	28826	AL021958	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 35/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,030	17-Jun-98
		GB_BA1:BRLSECY	1516	D14162	Brevibacterium flavum gene for SecY protein (complete cds) and gene or adenylyate kinase (partial cds).	Corynebacterium glutamicum	99,563	3-Feb-99
		GB_BA2:MBU77912	7163	U77912	Mycobacterium bovis MBE50a gene, partial cds; and MBE50b, MBE50c, methionine aminopeptidase (map), RNA polymerase ECF sigma factor (sigE50), MBE50d, and MBE50e genes, complete cds.	Mycobacterium bovis	60,030	27-Jan-99
rx00708	930	GB_BA2:AF157493	25454	AF157493	Zymomonas mobilis ZM4 fosmid clone 42D7, complete sequence.	Zymomonas mobilis	39,116	5-Jul-99
		GB_PAT:100836	1853	I00836	Sequence 1 from Patent US 4758514.	Unknown.	47,419	21-MAY-1993
		GB_PAT:E00311	1853	E00311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	47,419	29-Sep-97
rx00717	1083	GB_PAT:178753	1187	I78753	Sequence 9 from patent US 5693781.	Unknown.	37,814	3-Apr-98
		GB_PAT:192042	1187	I92042	Sequence 9 from patent US 5726299.	Unknown.	37,814	01-DEC-1998
		GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	50,647	17-Jun-98
rx00718	831	GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,228	17-Jun-98
		GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,300	17-Jun-98
		GB_GSS12:AQ420755	671	AQ420755	RPCH-11-168G18.TJ RPCH-11 Homo sapiens genomic clone RPCH-11-168G18, genomic survey sequence.	Homo sapiens	35,750	23-MAR-1999

rx00727	1035	GB_HTG3:AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPCI-98 48.D.10 map 34A-34A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99
		GB_HTG3:AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPCI-98 48.D.10 map 34A-34A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99
		GB_HTG3:AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPCI-98 48.D.10 map 34A-34A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	33,888	6-Aug-99
rx00766	966	GB_HTG2:AC006789	83823	AC006789	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPCI-98 48.D.10 map 34A-34A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 78 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	36,737	25-Feb-99
		GB_HTG2:AC006789	83823	AC006789	Caenorhabditis elegans clone Y49F6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 2 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	36,737	25-Feb-99
		GB_HTG2:AC006789	83823	AC006789	Caenorhabditis elegans clone Y49F6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 2 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	36,737	25-Feb-99
rx00770	1293	GB_BA1:D90810	20476	D90810	E.coli genomic DNA, Kohara clone #319(37.4-37.8 min.).	Escherichia coli	36,526	29-MAY-1997
		GB_BA1:MTV043	68948	AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 40/162.	Mycobacterium tuberculosis	66,193	24-Jun-99
		GB_BA1:MLU15182	40123	U15182	Mycobacterium leprae cosmid B2266.	Mycobacterium leprae	61,443	09-MAR-1995
		GB_BA2:SCD25	41622	AL118514	Streptomyces coelicolor cosmid D25.	Streptomyces coelicolor A3(2)	59,938	21-Sep-99
rx00779	1056	GB_HTG1:CER08A5	51920	Z82281	Caenorhabditis elegans chromosome V clone R08A5, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	64,896	14-OCT-1998
		GB_HTG1:CER08A5	51920	Z82281	Caenorhabditis elegans chromosome V clone R08A5, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	64,896	14-OCT-1998
		GB_PL2:AF078693	1492	AF078693	Chlamydomonas reinhardtii putative O-acetylserine(thiol)lyase precursor (Crys-1A) mRNA, nuclear gene encoding organellar protein, complete cds.	Chlamydomonas reinhardtii	57,970	3-Nov-99
rx00780	669	GB_BA1:MTCY98	31225	Z83860	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 103/162.	Mycobacterium tuberculosis	54,410	17-Jun-98
		GB_BA1:AVINIFREG	7099	M60090	Azotobacter chroococcum nifU, nifS, nifP, nifW, nifZ and nifM genes, complete cds.	Azotobacter chroococcum	51,729	26-Apr-93
		GB_BA2:AF001780	6701	AF001780	Cyanospora PCC 8801 NIFP (nifP), nitrogenase (nifB), FdxN (fdxN), NifS (nifS) and NifU (nifU) genes, complete cds, and NifH (nifH) gene, partial cds.	Cyanospora PCC8801	36,309	08-MAR-1999
rx00838	1023	GB_EST1:Z30506	329	Z30506	ATTS2430 AC16H Arabidopsis thaliana cDNA clone TA306 3', mRNA sequence.	Arabidopsis thaliana	44,308	11-MAR-1994
		GB_PL2:AC006258	110469	AC006258	Arabidopsis thaliana BAC F18G18 from chromosome V near 60.5 cM, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	35,571	28-DEC-1998
		GB_EST37:AI998439	455	AI998439	701545695 A. thaliana, Columbia Col-0, rosette-2 Arabidopsis thaliana cDNA clone 701545695, mRNA sequence.	Arabidopsis thaliana	36,044	8-Sep-99
rx00863	867	GB_BA1:BLDAPAB	3572	Z21502	B.lactofermentum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	99,539	16-Aug-93
		GB_PAT:E16749	2001	E16749	gDNA encoding dihydrodipicolinate synthase (DDPS).	Corynebacterium glutamicum	99,539	28-Jul-99
		GB_PAT:E14520	2001	E14520	DNA encoding Brevibacterium dihydrodipicolinate acid synthase.	Corynebacterium glutamicum	99,539	28-Jul-99
rx00864	873	GB_BA1:BLDAPAB	3572	Z21502	B.lactofermentum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	99,885	16-Aug-93
		GB_BA1:CGDAPB	1902	X67737	C.glutamicum dapB gene for dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	1-Apr-93
		GB_PAT:E14520	2001	E14520	DNA encoding Brevibacterium dihydrodipicolinate acid synthase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	28-Jul-99
rx00865	1026	GB_BA1:BLDAPAB	3572	Z21502	B.lactofermentum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	16-Aug-93
		GB_PAT:E16752	1411	E16752	gDNA encoding dihydrodipicolinate reductase (DDPR).	Corynebacterium glutamicum	99,805	28-Jul-99
		GB_PAT:AR038113	1411	AR038113	Sequence 18 from patent US 5804414.	Unknown.	99,805	29-Sep-99
rx00867	650	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,179	17-Jun-98

GB_PL2:AC007887	159434	AC007887	Genomic sequence for Arabidopsis thaliana BAC F1504 from chromosome 1, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	37,600	04-OCT-1999
GB_GSS1:CNS00FNW	542	AL087338	Arabidopsis thaliana genome survey sequence T7 end of BAC F14D7 of IGF library from strain Columbia of Arabidopsis thaliana, genomic survey sequence.	Arabidopsis thaliana	41,264	28-Jun-99
GB_BA1:MTV008	63033	AL021246	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 108/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,773	17-Jun-98
GB_BA1:SCVALSFP	3619	Y13070	S.coelicolor valS, fpgs, ndk genes.	Streptomyces coelicolor	58,119	03-MAR-1998
GB_BA1:MTV008	63033	AL021246	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 108/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,167	17-Jun-98
GB_BA2:CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline:NADP+ 5-oxidoeductase (proC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	40,841	2-Aug-96
GB_HTG1:CEY39C12	282838	AL009026	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y39C12, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	36,416	26-OCT-1999
GB_IN1:CEB0001	39416	Z69634	Caenorhabditis elegans cosmid B0001, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	36,416	2-Sep-99
GB_HTG2:AC005052	144734	AC005052	Homo sapiens clone RG038K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 3 unordered pieces.	Homo sapiens	39,172	12-Jun-98
GB_HTG2:AC005052	144734	AC005052	Homo sapiens clone RG038K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 3 unordered pieces.	Homo sapiens	39,172	12-Jun-98
GB_GSS8: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.	Homo sapiens	34,661	17-OCT-1998
GB_BA1:SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid 1C2.	Streptomyces coelicolor	68,275	15-Jan-99
GB_BA1:ATLEUCD	2982	X84647	A.teichomyceticus leuC and leuD genes.	Actinoplanes teichomyceticus	65,935	04-OCT-1995
GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 132/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,454	23-Jun-99
GB_BA1:MLCB637	44882	Z99263	Mycobacterium leprae cosmid B637.	Mycobacterium leprae	38,636	17-Sep-97
GB_BA1:MTCY349	43523	Z83018	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 131/162.	Mycobacterium tuberculosis	51,989	17-Jun-98
GB_BA1:SPUNG MUTX	1172	Z21702	S.pneumoniae ung gene and mutX genes encoding uracil-DNA glycosylase and 8-oxodGTP nucleoside triphosphatase.	Streptococcus pneumoniae	38,088	15-Jun-94
GB_BA1:BACOUTB	1004	M15811	Bacillus subtilis outB gene encoding a sporulation protein, complete cds.	Bacillus subtilis	53,723	26-Apr-93
GB_PR4:AC007938	167237	AC007938	Homo sapiens clone UWGC:djs201 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	34,322	1-Jul-99
GB_PL2:ATAC006282	92577	AC006282	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F13K3 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,181	13-MAR-1999
GB_BA2:AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,820	5-Aug-99
GB_BA1:CANRDFGEN	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	Corynebacterium ammoniagenes	75,966	18-Apr-98
GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 132/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,296	23-Jun-99
GB_BA2:AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	5-Aug-99
GB_BA1:CANRDFGEN	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	Corynebacterium ammoniagenes	65,511	18-Apr-98
GB_BA1:STNRD	4894	X73226	S.typhimurium nrdEF operon.	Salmonella typhimurium	52,477	03-MAR-1997
GB_IN2:AF063412	1093	AF063412	Limnadia lenticularis elongation factor 1-alpha mRNA, partial cds.	Limnadia lenticularis	43,750	29-MAR-1999
GB_PR3:HS24M15	134539	Z94055	Human DNA sequence from PAC 24M15 on chromosome 1. Contains tenascin-R (restrictin), EST.	Homo sapiens	37,475	23-Nov-99
GB_IN2:ARU85702	1240	U85702	Anathix ralla elongation factor-1 alpha (EF-1a) gene, partial cds.	Anathix ralla	37,319	16-Jul-97
GB_BA1:MTCY01B2	35938	Z95554	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 72/162.	Mycobacterium tuberculosis	43,243	17-Jun-98

GB_HTG5:AC011632	175917	AC011632	Homo sapiens clone RP11-3N13, WORKING DRAFT SEQUENCE, 9 unordered pieces.	Homo sapiens	36,471	19-Nov-99
GB_HTG5:AC011632	175917	AC011632	Homo sapiens clone RP11-3N13, WORKING DRAFT SEQUENCE, 9 unordered pieces.	Homo sapiens	36,836	19-Nov-99
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
GB_BA2:AF030405	774	AF030405	Corynebacterium glutamicum cyclase (hisF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,933	13-Nov-97
GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	40,972	10-DEC-1996
GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	61,366	27-Aug-99
GB_BA2:AF051846	738	AF051846	Corynebacterium glutamicum phosphoribosylformimino-5-amino-1-phosphoribosyl-4-imidazolecarboxamide isomerase (hisA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,154	12-MAR-1998
GB_BA2:AF060558	636	AF060558	Corynebacterium glutamicum glutamine amidotransferase (hisH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	95,455	29-Apr-98
GB_HTG1:HSDJ140A9	221755	AL109917	Homo sapiens chromosome 1 clone RP1-140A9, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	30,523	23-Nov-99
GB_BA2:AF060558	636	AF060558	Corynebacterium glutamicum glutamine amidotransferase (hisH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	94,462	29-Apr-98
GB_BA1:SC4G6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	38,378	23-Jul-99
GB_BA1:STMHISOPA	3981	M31628	S.coelicolor histidine biosynthesis operon encoding hisD, partial cds., and hisC, hisB, hisH, and hisA genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	60,053	26-Apr-93
GB_BA1:STMHISOPA	3981	M31628	S.coelicolor histidine biosynthesis operon encoding hisD, partial cds., and hisC, hisB, hisH, and hisA genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	58,333	26-Apr-93
GB_BA1:SC4G6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	39,045	23-Jul-99
GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,364	24-Jun-99
GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,931	24-Jun-99
GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	36,851	10-DEC-1996
GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	60,902	27-Aug-99
GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	37,233	10-DEC-1996
GB_BA1:MSHISCD	2298	X65542	M.smegmatis genes hisD and hisC for histidinol dehydrogenase and histidinol-phosphate aminotransferase, respectively.	Mycobacterium smegmatis	60,111	30-Jun-93
GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	58,420	24-Jun-99
GB_BA1:CORAUA	4705	L09232	Corynebacterium glutamicum acetoaldehyde synthase (ilvB) and (ilvN) genes, and acetoaldehyde acid isomerase (ilvC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	23-Feb-95
GB_BA1:BRLLILVCA	1364	D14551	Brevibacterium flavum ilvC gene for acetoaldehyde acid isomerase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,560	3-Feb-99
GB_PAT:E08232	1017	E08232	DNA encoding acetoaldehyde-acid isomerase.	Corynebacterium glutamicum	99,803	29-Sep-97
GB_PAT:A60299	2869	A60299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	Aspergillus niger	38,675	06-MAR-1998
GB_PR3:HS24E5	35506	Z82185	Human DNA sequence from Fosmid 24E5 on chromosome 22q11.2-qter contains parvalbumin, ESTs, STS.	Homo sapiens	36,204	23-Nov-99
GB_PR3:AC005265	43900	AC005265	Homo sapiens chromosome 19, cosmid F19750, complete sequence.	Homo sapiens	38,363	6-Jul-98
GB_HTG2:AC004965	323792	AC004965	Homo sapiens clone DJ1106H14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 42 unordered pieces.	Homo sapiens	36,058	12-Jun-98
GB_HTG2:AC004965	323792	AC004965	Homo sapiens clone DJ1106H14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 42 unordered pieces.	Homo sapiens	36,058	12-Jun-98
GB_PL2:TAU55859	2397	U55859	Triticum aestivum heat shock protein 80 mRNA, complete cds.	Triticum aestivum	37,269	1-Feb-99

10

20

30

40

rx01209	1528	GB_HTG3:AC011469	113436	AC011469	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_475D23, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 31 unordered pieces.	Homo sapiens	40,000	07-OCT-1999
		GB_HTG3:AC011469	113436	AC011469	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_475D23, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 31 unordered pieces.	Homo sapiens	40,000	07-OCT-1999
		GB_PL1:AB010077	77380	AB010077	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone: MYH19, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,803	20-Nov-99
rx01215	1098	GB_BA1:MTCY10G2	38970	Z92539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 47/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,047	17-Jun-98
		GB_IN1:LEIPRPP	1887	M76553	Leishmania donovani phosphoribosylpyrophosphate synthetase gene, complete cds.	Leishmania donovani	50,738	7-Jun-93
		GB_HTG2:HSJ799D16	130149	AL050344	Homo sapiens chromosome 1 clone RP4-799D16 map p34.3-36.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	38,135	29-Nov-99
rx01239	2556	GB_BA1:MTCY48	35377	Z74020	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 69/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,139	17-Jun-98
		GB_PR2:AB029032	6377	AB029032	Homo sapiens mRNA for KIAA1109 protein, partial cds.	Homo sapiens	39,394	4-Aug-99
		GB_GSS9:AO107201	355	AO107201	HS_3098_A1_C03_T7 CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3098 Col=5 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	41,408	28-Aug-98
rx01253	873	GB_PL2:F5O8	99923	AC005990	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F5O8 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,118	23-DEC-1998
		GB_PL2:F5O8	99923	AC005990	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F5O8 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	35,574	23-DEC-1998
rx01321	1044	GB_IN1:OELC06G1	31205	U41014	Caenorhabditis elegans cosmid C06G1.	Caenorhabditis elegans	38,560	30-Nov-95
		GB_GSS14:AQ518843	441	AQ518843	HS_5106_A1_D10_SP6E RPC1-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=682 Col=19 Row=G, genomic survey sequence.	Homo sapiens	41,121	05-MAY-1999
		GB_HTG2:AC007473	194859	AC007473	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR38D12 (D590) RPC1-98 38.D.12 map 48A-48B strain y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 60 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,634	2-Aug-99
		GB_HTG4:AC011696	115847	AC011696	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR35F01 (D1156) RPC1-98 35.F.1 map 48A-48C strain y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 108 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	38,290	26-OCT-1999
rx01352	706	GB_PL2:ATAC005167	83260	AC005167	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F12A24 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,311	15-OCT-1998
		GB_PL2:ATAC005825	97380	AC005825	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T24I21 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,311	12-Apr-99
rx01360	259	GB_HTG3:AC011150	127222	AC011150	Homo sapiens clone 4_K_17, LOW-PASS SEQUENCE SAMPLING.	Homo sapiens	37,722	01-OCT-1999
		GB_EST32:A1725583	728	A1725583	BNLGH12371 Six-day Cotton fiber Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (U86081) root hair defective 3 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence.	Gossypium hirsutum	38,492	11-Jun-99
		GB_PR2: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_EST22:A050532	293	A050532	uc83d10.y1 Sugano mouse kidney mRNA Mus musculus cDNA clone IMAGE:1432243 5' similar to TR:035120 O35120 MGP1P, mRNA sequence.	Mus musculus	44,097	9-Jul-98
rx01381	944	GB_RO:AB008895	3062	AB008895	Mus musculus mRNA for mGp1 p, complete cds.	Mus musculus	41,316	23-Nov-97
		GB_PL1:AB005237	87835	AB005237	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone: MJJ3, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,806	20-Nov-99

10

20

30

40

rxa01393	993	GB_BA1:MTV043 GB_BA1:CGLYSEG GB_BA1:SC5A7 GB_PR3:AC004054	491	AQ766840	HS_2025_A2_C09_T7C CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=2026 Col=18 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,916	28-Jul-99
rxa01394	822	GB_BA1:MTV043 GB_BA1:CGLYSEG GB_GSS5:AQ769223	68848 2374 40337 112184	AL022004 X96471 AL031107 AC004054	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 40/162. C.glutamicum lysE and lysG genes. Streptomyces coelicolor cosmid 5A7. Homo sapiens chromosome 4 clone B220G8 map 4q21, complete sequence.	Mycobacterium tuberculosis Corynebacterium glutamicum Streptomyces coelicolor Homo sapiens	37,419 34,831 35,138 37,277	24-Jun-99 24-Feb-97 27-Jul-98 9-Jul-98
rxa01416	630	GB_BA1:CGLYSEG GB_BA1:SC3C3 GB_BA1:MLCB22	2374 31382 40281	X96471 AL031231 Z98741	C.glutamicum lysE and lysG genes. Streptomyces coelicolor cosmid 3C3. Mycobacterium leprae cosmid B22.	Corynebacterium glutamicum Streptomyces coelicolor Mycobacterium leprae	33,665 62,726 39,159	24-Feb-97 10-Aug-98 22-Aug-97
rxa01442	1347	GB_BA1:MTV002 GB_BA1:D90827 GB_BA1:D90828 GB_BA2:AE000279	56414 18886 14590 10855	AL008967 D90827 D90828 AE000279	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162. E.coli genomic DNA, Kohara clone #336(41.2-41.6 min.). E.coli genomic DNA, Kohara clone #336gap(41.6-41.9 min.). Escherichia coli K-12 MG1655 section 169 of 400 of the complete genome.	Mycobacterium tuberculosis Escherichia coli Escherichia coli Streptomyces coelicolor	37,340 58,517 56,151 56,021	17-Jun-98 21-MAR-1997 21-MAR-1997 12-Nov-98
rxa01446	1413	GB_BA1:SC110 GB_BA1:MTY13E10 GB_BA1:MLCB4 GB_BA1:MTCY98 GB_BA1:MSGB1229GS	39524 35019 36310 31225 30670	AL049754 Z95324 AL023514 Z83860 L78812	Streptomyces coelicolor cosmid H10. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 18/162. Mycobacterium leprae cosmid B4. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 103/162. Mycobacterium leprae cosmid B1229 DNA sequence.	Streptomyces coelicolor Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae	39,037 40,130 37,752 39,057 54,382	04-MAY-1999 17-Jun-98 27-Aug-99 17-Jun-98 15-Jun-96
rxa01486	757	GB_BA2:AF027507 GB_BA1:MTV002 GB_BA1:MLCB22 GB_BA1:SC3C3 GB_BA1:CORFADS	5168 56414 40281 31382 1547	AF027507 AL008967 Z98741 AL031231 D37967	Mycobacterium smegmatis dGTPase (dgt), and primase (dnaG) genes, complete cds; rRNA-Asn gene, complete sequence. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162. Mycobacterium leprae cosmid B22. Streptomyces coelicolor cosmid 3C3. Corynebacterium ammoniagenes gene for FAD synthetase, complete cds.	Mycobacterium smegmatis Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Streptomyces coelicolor Corynebacterium ammoniagenes	52,941 40,941 38,451 61,194 58,021	16-Jan-98 17-Jun-98 22-Aug-97 10-Aug-98 8-Feb-99
rxa01489	1146	GB_BA1:MLCB22 GB_BA1:SC10A7 GB_BA1:MTV002 GB_EST13:AA356956 GB_OV:OMDNAPROI GB_IN1:CEF28C12 GB_IN1:CEF28C12	40281 39739 56414 255 7327 14653 14653	Z98741 AL078618 AL008967 AA356956 X92380 Z93380 Z93380	Mycobacterium leprae cosmid B22. Streptomyces coelicolor cosmid 10A7. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 122/162. EST5614 Jurkat T-cells III Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence. O.mossambicus prolactin I gene. Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence. Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence.	Mycobacterium leprae Streptomyces coelicolor Mycobacterium tuberculosis Homo sapiens Tilapia mossambica Caenorhabditis elegans Caenorhabditis elegans	38,414 36,930 37,062 37,647 38,289 37,984 38,469	22-Aug-97 9-Jun-99 17-Jun-98 21-Apr-97 19-OCT-1995 23-Nov-98 23-Nov-98
rxa01512	723	GB_BA1:SC59 GB_BA1:MAU88875	37730 840	AL049841 U88875	Streptomyces coelicolor cosmid E9. Mycobacterium avium hypoxanthine-guanine phosphoribosyl transferase gene, complete cds.	Streptomyces coelicolor Mycobacterium avium	39,021 57,521	19-MAY-1999 05-MAR-1997
rxa01514	711	GB_BA1:MTY15C10 GB_BA1:MTY7H7B GB_BA1:MLCB2548 GB_PL1:EGGTPCHI	33060 24244 38916 242	Z95436 Z95557 AL023093 Z49757	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 154/162. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 153/162. Mycobacterium leprae cosmid B2548. E.gracilis mRNA for GTP cyclohydrolase I (core region).	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Euglena gracilis	40,086 43,343 38,177 64,876	17-Jun-98 18-Jun-98 27-Aug-99 20-OCT-1995

rx01515	975	GB_BA1:ECOUW93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes.	Escherichia coli	38,943	17-Apr-96
		GB_BA1:ECOUW93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes.	Escherichia coli	37,500	17-Apr-96
rx01516	513	GB_BA1:MTCY49	39430	Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 93/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,010	24-Jun-99
		GB_IN1:DME238847	5419	AJ238847	Drosophila melanogaster mRNA for drosophila dodeca-satellite protein 1 (DDP-1).	Drosophila melanogaster	36,346	13-Aug-99
		GB_HTG3:AC009210	103814	AC009210	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR01106 (D1054) RPCI-98 01.1.6 map 55D-55D strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***.	Drosophila melanogaster	37,897	20-Aug-99
					86 unordered pieces.			
rx01517	600	GB_IN2:AF132179	4842	AF132179	Drosophila melanogaster clone LD21677 unknown mRNA.	Drosophila melanogaster	36,149	3-Jun-99
		GB_PL2:F6H8	82596	AF178045	Arabidopsis thaliana BAC F6H8.	Arabidopsis thaliana	35,846	19-Aug-99
		GB_PL2:AF038831	647	AF038831	Sorosporium saponariae internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene; and internal transcribed spacer 2, complete sequence.	Sorosporium saponariae	40,566	13-Apr-99
		GB_PL2:ATAC005957	108355	AC005957	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T15J14 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	38,095	7-Jan-99
rx01521	921	GB_BA1:ANANIFBH	5936	J05111	Anabaena sp. (clone AnH20.1) nitrogen fixation operon nifB, fdxN, nifS, nifU, and nifH genes, complete cds.	Anabaena sp.	38,206	26-Apr-93
		GB_PR2:AC002461	197273	AC002461	Human BAC clone RG204116 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	36,623	20-Aug-97
rx01528	651	GB_PR2:AC002461	197273	AC002461	Human BAC clone RG204116 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	34,719	20-Aug-97
		GB_RO:MM437P9	185901	AL049866	Mus musculus chromosome X, clone 437P9.	Mus musculus	37,500	29-Jun-99
		GB_PR3:AC005740	186780	AC005740	Homo sapiens chromosome 5p, BAC clone 50g21 (LBNL H154), complete sequence.	Homo sapiens	37,031	01-OCT-1998
		GB_PR3:AC005740	186780	AC005740	Homo sapiens chromosome 5p, BAC clone 50g21 (LBNL H154), complete sequence.	Homo sapiens	38,035	01-OCT-1998
rx01551	1998	GB_BA1:MTCY22G10	35420	ZB4724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 21/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,371	17-Jun-98
		GB_BA2:ECOUW89	176195	U00006	E. coli chromosomal region from 89.2 to 92.8 minutes.	Escherichia coli	38,064	17-DEC-1993
rx01561	1053	GB_BA1:SCQ11	15441	AL096823	Streptomyces coelicolor cosmid Q11.	Streptomyces coelicolor	60,775	8-Jul-99
		GB_IN1:CEY62H9A	47396	AL032630	Caenorhabditis elegans cosmid Y62H9A, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	38,514	2-Sep-99
		GB_PR4:HSU51003	3202	U51003	Homo sapiens DLX-2 (DLX-2) gene, complete cds.	Homo sapiens	37,730	07-DEC-1999
rx01599	1785	GB_OM:PIGDAO1	395	M18444	Pig D-amino acid oxidase (DAO) gene, exon 1.	Sus scrofa	39,340	27-Apr-93
		GB_BA1:MTCH125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	63,300	17-Jun-98
		GB_BA1:U00021	38183	U00021	Mycobacterium leprae cosmid L247.	Mycobacterium leprae	36,756	29-Sep-94
		GB_BA1:MLCB1351	38936	Z95117	Mycobacterium leprae cosmid B1351.	Mycobacterium leprae	36,756	24-Jun-97
rx01617	795	GB_PR2:HSMTM0	217657	AL034384	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197, 12G8, A09100; complete sequence bases 1..217657.	Homo sapiens	40,811	5-Jul-99
		GB_PR2:HS13D10	153147	AL021407	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197, 12G8, A09100; complete sequence bases 1..217657.	Homo sapiens	38,768	23-Nov-99
					Contains CpG island.			
		GB_PR2:HSMTM0	217657	AL034384	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197, 12G8, A09100; complete sequence bases 1..217657.	Homo sapiens	39,018	5-Jul-99
rx01657	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	HUM213D08B Human aorta polyA+ (TFujwara) Homo sapiens cDNA clone GEN-213D06 5', mRNA sequence.	Homo sapiens	44,262	9-Feb-96
rx01660	675	GB_BA2:AF129925	10243	AF129925	Thiobacillus ferrooxidans carboxysome operon, complete cds.	Thiobacillus ferrooxidans	40,709	17-MAY-1999
		GB_BA1:MTV013	11364	AL021309	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 134/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,986	17-Jun-98
		GB_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
rx01678	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

10

20

30

40

rx01679	1359	GB_VI:TVU95302 GB_EST5:H91843	600 362	U95302 H91843	Tula virus O24 nucleocapsid protein gene, partial cds. ys81e01.s1 Soares retina N204HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:221208 3' similar to gb:X63749_rna1 GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN G(T), ALPHA-1 (HUMAN); mRNA sequence.	Tula virus Homo sapiens	39,576 39,157	28-OCT-1997 29-Nov-95
rx01690	1224	GB_STS:G26925 GB_PL2:AF139451 GB_BA1:SC1C2 GB_EST22:AI064232	362 1202 42210 493	G26925 AF139451 AI031124 AI064232	human STS SHGC-30023, sequence tagged site. Gossypium robinsonii CelA2 pseudogene, partial sequence. Streptomyces coelicolor cosmid 1C2. GH04563.5prime GH Drosophila melanogaster head pOT2 Drosophila melanogaster cDNA clone GH04563.5prime, mRNA sequence.	Homo sapiens Gossypium robinsonii Streptomyces coelicolor Drosophila melanogaster	39,157 38,910 60,644 38,037	14-Jun-96 1-Jun-99 15-Jan-99 24-Nov-98
rx01692	873	GB_IN2:AF117896 GB_BA2:AF067123	1020 1034	AF117896 AF067123	Drosophila melanogaster neuroprotein F (npf) gene, complete cds. Lactobacillus reuteri cobalamin biosynthesis protein J (cblJ) gene, partial cds; and uroporphyrin-III C-methyltransferase (sumT) gene, complete cds.	Drosophila melanogaster Lactobacillus reuteri	36,122 48,079	2-Jul-99 3-Jun-98
rx01698	1353	GB_RO:RATNFHPEP GB_RO:RSNFH GB_BA2:AF124600	3085 3085 4115	M37227 X13804 AF124600	Rat heavy neurofilament (NF-H) polypeptide, partial cds. Rat mRNA for heavy neurofilament polypeptide NF-H C-terminus. Corynebacterium glutamicum chorismate synthase (aroC), shikimate kinase (aroK), and 3-dehydroquinase synthase (aroB) genes, complete cds; and putative cytoplasmic peptidase (pepC) gene, partial cds.	Rattus norvegicus Rattus sp. Corynebacterium glutamicum	37,093 37,093 100,000	27-Apr-93 14-Jul-95 04-MAY-1999
rx01699	693	GB_BA1:MTCY159 GB_BA1:MSGB037CS GB_BA2:AF124600	33818 38914 4115	Z83863 L78820 AF124600	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 111/162. Mycobacterium leprae cosmid B937 DNA sequence. Corynebacterium glutamicum chorismate synthase (aroC), shikimate kinase (aroK), and 3-dehydroquinase synthase (aroB) genes, complete cds; and putative cytoplasmic peptidase (pepC) gene, partial cds.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Corynebacterium glutamicum	36,323 62,780 100,000	17-Jun-98 15-Jun-96 04-MAY-1999
rx01712	805	GB_EST9:C19712 GB_EST21:AA952466 GB_EST21:AA952466	41097 278 278	AF016685 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 panicle at ripening stage Oryza sativa cDNA clone E10821_1A, mRNA sequence. TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi cDNA clone 1404 5', mRNA sequence. TENS1404 T. cruzi epimastigote normalized cDNA Library Trypanosoma cruzi cDNA clone 1404 5', mRNA sequence.	Streptomyces caelestis Oryza sativa Trypanosoma cruzi Trypanosoma cruzi	40,260 45,425 40,876 41,367	07-DEC-1997 24-OCT-1996 29-OCT-1998 29-OCT-1998
rx01719	684	GB_HTG1:HSDJ534K7 GB_HTG1:HSDJ534K7 GB_EST27:AI447108 GB_PR4:AC006322	154416 154416 431 179640	AL109925 AL109925 AI447108 AC006322	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. mq91e08.x1 Stratagene mouse heart (#937316) Mus musculus cDNA clone IMAGE:586118 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
rx01746	876	GB_PL2:TM018A10 GB_PR4:AC006322 GB_EST3:R46227 GB_EST3:R46227	106184 179640 443 443	AF013294 AC006322 R46227 R46227	Arabidopsis thaliana BAC TM018A10. Homo sapiens PAC clone DJ1060B11 from 7q11.23-q21.1, complete sequence. yg52a03.s1 Soares infant brain 1N1B Homo sapiens cDNA clone IMAGE:36000 3', mRNA sequence. yg52a03.s1 Soares infant brain 1N1B Homo sapiens cDNA clone IMAGE:36000 3', mRNA sequence.	Arabidopsis thaliana Homo sapiens Homo sapiens Homo sapiens	35,698 37,243 42,812 42,655	12-Jul-97 18-MAR-1999 22-MAY-1995 22-MAY-1995

rx01747	1167	GB_BA1:MTCY190 GB_BA1:MLCB22 GB_BA1:SC5F7 GB_EST21:AA918454	34150 40281 40024 416	Z70283 Z38741 AL096872 AA918454	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 98/162. Mycobacterium leprae cosmid B22. Streptomyces coelicolor cosmid 5F7. om38c02.s1 Soares_NFL_T_GBC_S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1543298 3' similar to WP:F28F8.3 CE09757 SMALL NUCLEAR RIBONUCLEOPROTEIN E., mRNA sequence.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Streptomyces coelicolor A3(2) Homo sapiens	59,294 57,584 61,810 39,655	17-Jun-98 22-Aug-97 22-Jul-99 23-Jun-98
rx01757	924	GB_EST4:H34042 GB_EST20:AA899038	345 450	H34042 AA899038	EST110563 Rat PC-12 cells, NGF-treated (9 days) Rattus sp. cDNA clone RPNB181 5' end, mRNA sequence. NCP6G8T7 Peritrichia Neurospora crassa cDNA clone NCP6G8 3' end, mRNA sequence.	Rattus sp. Neurospora crassa	35,942 40,000	2-Apr-98 12-Apr-98
rx01807	915	GB_BA1:AF000063 GB_HTG4:AC010694	185300 115857	AF000063 AC010694	Aeropyrum permix genomic DNA, section 617. Drosophila melanogaster clone RPC198-6H2, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 75 unordered pieces.	Aeropyrum permix Drosophila melanogaster	40,057 35,450	22-Jun-99 16-OCT-1999
rx01821	401	GB_HTG4:AC010694 GB_BA1:CGL007732	115857 4460	AC010694 AJ007732	Drosophila melanogaster clone RPC198-6H2, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 75 unordered pieces. Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox A gene.	Drosophila melanogaster Corynebacterium glutamicum	35,450 100,000	16-OCT-1999 7-Jan-99
rx01835	654	GB_RO:RATLGL GB_OV:APIGY2 GB_EST30:AI629479 GB_STS:G48245 GB_GSS3:B49052	7601 1381 353 515 515	M24108 X78272 AI629479 G48245 B49052	Rattus norvegicus (clone A2U42) alpha2u globulin gene, exons 1-7. Anas platyrhynchos (Super M) IgY epsilon heavy chain gene, exon 2. 486101D10.x1 486 - leaf primordia cDNA library from Hake lab Zea mays cDNA, mRNA sequence. SHGC-62915 Human Homo sapiens STS genomic, sequence tagged site. RPC111-4112.TV RPC1-11 Homo sapiens genomic clone RPC1-11-4112, genomic survey sequence.	Rattus norvegicus Anas platyrhynchos Zea mays Homo sapiens Homo sapiens	38,892 36,962 38,109 37,021 37,021	15-DEC-1994 15-Feb-99 26-Apr-99 26-MAR-1999 8-Apr-99
rx01850	1470	GB_BA2:ECOUW67_0 GB_BA2:AE000392 GB_BA2:U32715 GB_HTG1:CEY64F11	110000 10345 13136 177748	U18997 AE000392 U32715 Z99776	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 67.4 to 76.0 minutes. Escherichia coli K-12 MG1655 section 282 of 400 of the complete genome. Haemophilus influenzae Rd section 30 of 163 of the complete genome. Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** In unordered pieces.	Escherichia coli Escherichia coli Haemophilus influenzae Rd Caenorhabditis elegans	37,196 38,021 39,860 37,564	U18997 12-Nov-98 29-MAY-1998 14-OCT-1998
rx01878	1002	GB_HTG1:CEY64F11 GB_HTG1:CEY64F11	177748 177748	Z99776 Z99776	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** In unordered pieces. Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** In unordered pieces.	Caenorhabditis elegans Caenorhabditis elegans	37,564 37,576	14-OCT-1998 14-OCT-1998
rx01892	852	GB_BA1:MTCY274 GB_BA1:MLCB250 GB_BA1:MSGB1529CS	39991 40603 36985	Z74024 Z97369 L78824	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 126/162. Mycobacterium leprae cosmid B250. Mycobacterium leprae cosmid B1529 DNA sequence.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae Mycobacterium leprae	35,910 64,260 64,260	19-Jun-98 27-Aug-99 15-Jun-96
rx01894	978	GB_BA1:MTCY274 GB_IN1:CELF46H5 GB_HTG3:AC009204	39991 38886 115633	Z74024 U41543 AC009204	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 126/162. Caenorhabditis elegans cosmid F46H5. Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR03E19 (D1033) RPCI-98 03.E.19 map 36E-37C strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 94 unordered pieces.	Mycobacterium tuberculosis Caenorhabditis elegans Drosophila melanogaster	37,229 38,525 31,579	19-Jun-98 29-Nov-96 18-Aug-99
rx01920	1125	GB_BA2:AF112536 GB_BA1:CANRDFGEN	1798 6054	AF112536 Y09572	Corynebacterium glutamicum ribonucleotide reductase beta-chain (nrdF) gene, complete cds. Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium ammoniagenes	99,733 70,321	5-Aug-99 18-Apr-98

10

20

30

40

GB_BA2:AF050168	1228	AF050168	Corynebacterium ammoniagenes ribonucleoside diphosphate reductase small subunit (nrdF) gene, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	72,082	23-Apr-98
GB_BA1:CGPAN	2164	X96580	C-glutamincum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	11-MAY-1999
GB_PL1:AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain:Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	35,917	15-Sep-99
GB_PL1:AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain:Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	33,925	15-Sep-99
GB_BA1:CGPAN	2164	X96580	C-glutamincum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	11-MAY-1999
GB_BA1:XCU33548	8429	U33548	Xanthomonas campestris hrpB pathogenicity locus proteins HrpB1, HrpB2, HrpB3, HrpB4, HrpB5, HrpB6, HrpB7, HrpB8, HrpA1, and ORF62 genes, complete cds.	Xanthomonas campestris pv. vesicatoria	38,749	19-Sep-96
GB_BA1:XANHRP66A	1329	M99174	Xanthomonas campestris hrpB6 gene, complete cds.	Xanthomonas campestris	39,305	14-Sep-93
GB_IN2:CFU43371	1060	U43371	Crithidia fasciculata inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase (IUNH) gene, complete cds.	Crithidia fasciculata	61,417	18-Jun-96
GB_BA2:AE001467	11601	AE001467	Helicobacter pylori, strain J99 section 28 of 132 of the complete genome.	Helicobacter pylori J99	38,560	20-Jan-99
GB_RO:AF175967	3492	AF175967	Homo sapiens Leman coiled-coil protein (LCCP) mRNA, complete cds.	Mus musculus	40,275	26-Sep-99
GB_BA1:CGDAPE	1966	X81379	C-glutamincum dapE gene and orf2.	Corynebacterium glutamicum	100,000	8-Aug-95
GB_BA1:CGDNAAROP	2512	X85965	C-glutamincum ORF3 and aroP gene.	Corynebacterium glutamicum	38,889	30-Nov-97
GB_BA1:APU47055	6469	U47055	Anabaena PCC7120 nitrogen fixation proteins (nifE, nifN, nifX, nifW) genes, complete cds, and nitrogenase (nifK) and hesA genes, partial cds.	Anabaena PCC7120	36,647	17-Feb-96
GB_BA1:MTQ364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 52/162.	Mycobacterium tuberculosis	59,415	17-Jun-98
GB_BA1:MSGB1912CS	38503	L01536	M. leprae genomic dna sequence, cosmid b1912.	Mycobacterium leprae	57,093	14-Jun-96
GB_BA1:MLU15180	38675	U15180	Mycobacterium leprae cosmid B1756.	Mycobacterium leprae	57,210	09-MAR-1995
GB_BA1:CGGDHA	2037	X72855	C-glutamincum GDHA gene.	Corynebacterium glutamicum	99,317	24-MAY-1993
GB_BA1:CGGDH	2037	X59404	Corynebacterium glutamicum, gdh gen for glutamate dehydrogenase.	Corynebacterium glutamicum	94,387	30-Jul-99
GB_BA1:PAE18494	1628	Y18494	Pseudomonas aeruginosa gdhA gene, strain PAC1.	Pseudomonas aeruginosa	62,247	6-Feb-99
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
GB_EST14:AA448146	452	AA448146	zw82h01.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:782737 5', mRNA sequence.	Homo sapiens	34,163	4-Jun-97
GB_EST17:AA641937	444	AA641937	ns18b010.r1 NCI_CGAP_GCB1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1183963 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
GB_BA1:SC1A6	37620	AL023496	Streptomyces coelicolor cosmid 1A6.	Streptomyces coelicolor	35,818	13-Jan-99
GB_PR4:AC005553	179651	AC005553	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.112_J_9, complete sequence.	Homo sapiens	34,274	31-DEC-1998
GB_EST3:R49746	397	R49746	yq71g10.r1 Soares infant brain 1NIB Homo sapiens cDNA clone IMAGE:38768 5' similar to gb:V00567 BETA-2-MICROGLOBULIN PRECURSOR (HUMAN);, mRNA sequence.	Homo sapiens	41,162	18-MAY-1995

10

20

30

40

rx02111	1407	GB_BA1:SC6G10	36734	AL049497	Streptomyces coelicolor cosmid 6G10.	Streptomyces coelicolor	50,791	24-MAR-1999
		GB_BA1:U00010	41171	U00010	Mycobacterium leprae cosmid B1170.	Mycobacterium leprae	37,563	01-MAR-1994
rx02112	960	GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,504	24-Jun-99
		GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR09D08 (D1101) RPCI-98	Drosophila melanogaster	37,909	24-Sep-99
					09.D.8 map 96F-96F strain y; cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 121 unordered pieces.			
		GB_GSS3:B09839	1191	B09839	T12A12-Sp6 TAMU Arabidopsis thaliana genomic clone T12A12; genomic survey sequence.	Arabidopsis thaliana	37,843	14-MAY-1997
		GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR09D08 (D1101) RPCI-98	Drosophila melanogaster	37,909	24-Sep-99
					09.D.8 map 96F-96F strain y; cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 121 unordered pieces.			
rx02134	1044	GB_BA1:SCSECYDNA	6154	X83011	S.coelicolor secY locus DNA.	Streptomyces coelicolor	36,533	02-MAR-1998
		GB_EST32:AT731596	568	AT731596	BNLGH10185 Six-day Cotton fiber Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (AC004005) putative ribosomal protein L7 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence.	Gossypium hirsutum	33,451	11-Jun-99
		GB_BA1:SCSECYDNA	6154	X83011	S.coelicolor secY locus DNA.	Streptomyces coelicolor	36,756	02-MAR-1998
rx02135	1197	GB_PR3:HS525L6	168111	AL023807	Human DNA sequence from clone RP3-325L6 on chromosome 6p22.3-23	Homo sapiens	34,365	23-Nov-99
		GB_PL2:ATF21P8	85785	AL022347	Contains CA repeat, STSs, GSSs and a CpG island, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,325	9-Jun-99
rx02136	645	GB_PL2:U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana BAC T7123, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	33,874	26-Jun-98
		GB_PL2:ATAC005819	57752	AC005819	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T3A4 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,123	3-Nov-98
		GB_PL2:F15K9	71097	AC005278	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F15K9 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	31,260	7-Nov-98
rx02139	1962	GB_PL2:U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana BAC T7123, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,281	26-Jun-98
		GB_BA1:MTCY190	34150	Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 98/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,904	17-Jun-98
		GB_BA1:MSG1554CS	36548	L78814	Mycobacterium leprae cosmid B1554 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
		GB_BA1:MSG1551CS	36548	L78813	Mycobacterium leprae cosmid B1551 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
rx02153	903	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate kinase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,104	1-Jul-98
		GB_BA1:AF005242	1044	AF005242	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase (argC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,224	2-Jul-97
rx02154	414	GB_BA1:CGARGCJBD	4355	X86157	C-glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
		GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate kinase (argB), 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

10

20

30

40

40

rx02235	727	GB_BA1:MSU91572	960	U91572	Mycobacterium smegmatis carbamoyl phosphate synthetase (pyrAB) gene, partial cds and orotidine 5'-monophosphate decarboxylase (pyrF) gene, complete cds.	Mycobacterium smegmatis	60,870	22-MAR-1997
		GB_HTG3:AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99
		GB_HTG3:AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99
rx02237	693	GB_BA1:MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,844	23-Jun-98
		GB_BA2:AF077324	5228	AF077324	Rhodococcus equi strain 103 plasmid RE-VP1 fragment f.	Rhodococcus equi	41,185	5-Nov-98
		GB_EST22:AU017763	586	AU017763	AU017763 Mouse two-cell stage embryo cDNA Mus musculus cDNA clone J0744A04 3' mRNA sequence.	Mus musculus	38,616	19-OCT-1998
rx02239	1389	GB_BA1:MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	56,282	23-Jun-98
		GB_HTG3:AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99
rx02240	1344	GB_HTG3:AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99
		EM_PAT:E09855	1239	E09855	gDNA encoding S-adenosylmethionine synthetase.	Corynebacterium glutamicum	99,515	07-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
		GB_PAT:A37831	5392	A37831	Sequence 1 from Patent WO9408014.	Streptomyces pristinaespiralis	63,568	05-MAR-1997
		GB_BA2:AF117274	2303	AF117274	Streptomyces spectabilis flavoprotein homolog Dfp (dfp) gene, partial cds; and S-adenosylmethionine synthetase (metK) gene, complete cds.	Streptomyces spectabilis	65,000	31-MAR-1999
rx02246	1107	EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
		GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	29-Sep-97
rx02247	756	GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	52,909	6-Feb-97
		GB_PAT:I32743	2689	I32743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	57,937	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	57,937	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
rx02248	1389	GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	57,937	6-Feb-97
		GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	61,843	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	61,843	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
rx02249	500	GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	61,843	29-Sep-97
		GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	64,346	29-Sep-97
		GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97
		GB_PAT:I32743	2689	I32743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97
rx02250	643	GB_PAT:E07957	5589	E07957	gDNA encoding at least guanosine triphosphate cyclohydrolase and riboflavin synthase.	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	29-Sep-97
		GB_PAT:I32742	5589	I32742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	56,318	6-Feb-97

10

20

30

40

rx02262	1269	EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for rib operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created) 7-Jan-99
		GB_BA1:CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' soxA gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	
		GB_BA1:CGAMTGENE 2028		X93513	C.glutamicum amt gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	29-MAY-1996
rx02263	488	GB_VI:HEHCMVCG	228354	X17403	Human cytomegalovirus strain AD169 complete genome.	human herpesvirus 5	38,651	10-Feb-99
		GB_BA1:CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' soxA gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	7-Jan-99
		GB_BA1:CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' soxA gene.	Corynebacterium glutamicum	37,526	7-Jan-99
rx02272	1368	EM_PAT:E09373	1591	E09373	Creatinine deiminase gene.	Bacillus sp.	96,928	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created) 7-Aug-98
		GB_BA1:D38505	1591	D38505	Bacillus sp. gene for creatinine deaminase, complete cds.	Bacillus sp.	96,781	7-Aug-98
rx02281	1545	GB_HTG2:AC006595	146070	AC006595	Homo sapiens, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 4 unordered pieces.	Homo sapiens	36,264	20-Feb-99
		GB_GSS12:AQ411010	551	AQ411010	HS_2257_B1_H02_MR CIT Approved Human Genomic Sperm Library D	Homo sapiens	36,197	17-MAR-1999
					Homo sapiens genomic clone Plate=2257 Col=3 Row=P, genomic survey sequence.			
		GB_EST23:A1128623	363	A1128623	qa62c01.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 F7D8 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	33,988	16-MAR-1999
rx02299	531	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	37,278	16-OCT-1998
					Homo sapiens genomic clone Plate=2171 Col=2 Row=L, genomic survey sequence.			
rx02311	813	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) RPCI-98	Drosophila melanogaster	36,454	27-OCT-1999
					48.G.5 map 91F1-91F13 strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 4 unordered pieces.			
		GB_HTG4:AC006091	176878	AC006091	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48G05 (D475) RPCI-98	Drosophila melanogaster	36,454	27-OCT-1999
					48.G.5 map 91F1-91F13 strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 4 unordered pieces.			
		GB_BA2:RRU65510	16259	U65510	Rhodospirillum rubrum CO-induced hydrogenase operon (cooM, cooK, cooL, cooX, cooU, cooH) genes, iron sulfur protein (cooF) gene, carbon monoxide dehydrogenase (cooS) gene, carbon monoxide dehydrogenase accessory proteins (cooC, cooT, cooD) genes, putative transcriptional activator (coaA) 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
rx02315	1752	GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	49,418	03-DEC-1996
		GB_BA1:MTY25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	49,360	17-Jun-98

10

20

30

40

rx02318	402	GB_BA1:MSGY224 GB_HTG3:AC011348	40051 111083	AD000004 AC011348	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224. Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 3 ordered pieces.	Mycobacterium tuberculosis Homo sapiens	38,150 35,821	03-DEC-1996 06-OCT-1999
		GB_HTG3:AC011348	111083	AC011348	PROGRESS ***, 3 ordered pieces.			
		GB_HTG3:AC011348	111083	AC011348	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 3 ordered pieces.		35,821	06-OCT-1999
		GB_HTG3:AC011412	89234	AC011412	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT979SKB_81K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 3 ordered pieces.		36,181	06-OCT-1999
rx02319	1080	GB_BA1:MSGY224 GB_BA1:MTY25D10 GB_EST23:AI117213	40051 40838 476	AD000004 Z95558 AI117213	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 28/162. ub83h02.r1 Soares 2NbMT Mus musculus cDNA clone IMAGE:1395123 5' mRNA sequence.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium tuberculosis Mus musculus	37,792 37,792 35,084	03-DEC-1996 17-Jun-98 2-Sep-98
rx02345	1320	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B.ammoniaenes purK and purE genes.	Corynebacterium ammoniagenes	61,731	14-Jan-97
		GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 141/162.		39,624	10-Feb-99
		GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 141/162.		39,847	10-Feb-99
rx02350	618	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B.ammoniaenes purK and purE 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
rx02373	1038	GB_PAT:00311	1853	E00311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	56,123	29-Sep-97
		GB_PAT:106030	1853	I06030	Sequence 4 from Patent EP 0305608.	Unknown.	56,220	02-DEC-1994
		GB_PAT:100836	1853	I00836	Sequence 1 from Patent US 4758514.	Unknown.	56,220	21-MAY-1993
rx02375	1350	GB_BA2:CGU31230	3005	U31230	Corynebacterium glutamicum Olg protein homolog gene, partial cds, gamma glutamyl kinase (proB) gene, complete cds, and (unkn) 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
rx02380	777	GB_BA1:MTCY253 GB_HTG4:AC010658	41230 120754	Z81368 AC010658	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 106/162. Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPC198-3B20, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 78 unordered pieces.	Mycobacterium tuberculosis Drosophila melanogaster	38,088 35,817	17-Jun-98 16-OCT-1999
		GB_HTG4:AC010658	120754	AC010658	Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPC198-3B20, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,817	16-OCT-1999
rx02382	1419	GB_BA1:CGPROAGEN	1783	X32929	C.glutamicum proA gene.	Corynebacterium glutamicum	98,802	23-Jan-97
		GB_BA1:MTCY428	25914	Z81451	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 107/162.		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 (unkn) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,529	2-Aug-96
rx02400	693	GB_BA1:CGACEA GB_PAT:186191	2427 2135	X75504 I86191	C.glutamicum aceA gene and thix genes (partial). Sequence 3 from patent US 5700661.	Corynebacterium glutamicum Unknown.	100,000 100,000	9-Sep-94 10-Jun-98
		GB_PAT:113693	2135	I13693	Sequence 3 from patent US 5439822.	Unknown.	100,000	26-Sep-95
rx02432	1098	GB_GSS15:AQ606842	574	AQ606842	HS_5404_B2_E07_T7A 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
		GB_EST1:T05804	406	T05804	EST03683 Fetal brain, Striatogene (cat#936206) Homo sapiens cDNA clone HFBDG63 similar to EST containing Alu repeat, mRNA sequence.	Homo sapiens	37,915	30-Jun-93

10

20

30

40

rx02458	1413	GB_PL1:AB006699	77363	AB006699	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone: MDJ22, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	35,526	20-Nov-99
		GB_BA2:AF114233	1852	AF114233	Corynebacterium glutamicum 5-enolpyruvylshikimate 3-phosphate synthase (aroA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	7-Feb-99
		GB_EST37:AW013061	578	AW013061	ODT-0033 Winter flounder ovary Pleuronectes americanus cDNA clone ODT-0033 5' similar to FRUCTOSE-BISPHOSPHATE ALDOLASE B (LIVER), mRNA sequence.	Pleuronectes americanus	39,175	10-Sep-99
rx02469	1554	GB_GSS15:AQ650027	728	AQ650027	Sheared DNA-5L2.TF Sheared DNA Trypanosoma brucei genomic clone	Trypanosoma brucei	39,281	22-Jun-99
		GB_BA1:MTCY359	36021	Z83859	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 84/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,634	17-Jun-98
		GB_BA1:MLC1788	39228	AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788.	Mycobacterium leprae	59,343	27-Aug-99
		GB_BA1:SCAJ10601	4692	AJ010601	Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for whiD and whiK loci.	Streptomyces coelicolor	48,899	17-Sep-98
rx02497	1050	GB_BA2:CGU31224	422	U31224	Corynebacterium glutamicum (ppx) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	96,445	2-Aug-96
		GB_BA1:MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	59,429	17-Jun-98
		GB_BA1:SCE7	16911	AL049819	Streptomyces coelicolor cosmid E7.	Streptomyces coelicolor	39,510	10-MAY-1999
rx02499	933	GB_BA2:CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline:NADP+ 5-oxidoeductase (proC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,749	2-Aug-96
		GB_BA1:NG17PILA	1920	X13965	Neisseria gonorrhoeae pilA gene.	Neisseria gonorrhoeae	43,249	30-Sep-93
		GB_HTG2:AC007984	129715	AC007984	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR05C10 (D781) RPCL-98 05.C.10 map 97D-97E strain y; cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 87 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	33,406	2-Aug-99
rx02501	1188	GB_BA1:MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,357	17-Jun-98
		GB_BA1:U00018	42991	U00018	Mycobacterium leprae cosmid B2168.	Mycobacterium leprae	51,768	01-MAR-1994
		GB_VI:HE1CG	152261	X14112	Herpes simplex virus (HSV) type 1 complete genome.	human herpesvirus 1	39,378	17-Apr-97
rx02503	522	GB_PR3:AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26660, complete sequence.	Homo sapiens	39,922	28-Jul-98
		GB_PR3:AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26634, complete sequence.	Homo sapiens	39,922	3-Sep-98
		GB_PR3:AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26660, complete sequence.	Homo sapiens	34,911	28-Jul-98
rx02504	681	GB_BA1:MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	54,940	17-Jun-98
		GB_PR3:AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26660, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	28-Jul-98
		GB_PR3:AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26634, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	3-Sep-98
rx02516	1386	GB_BA1:MLCL536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium leprae	37,723	04-DEC-1998
		GB_BA1:U00013	35881	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1496.	Mycobacterium leprae	37,723	01-MAR-1994
		GB_BA1:MTV007	32806	AL021184	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 64/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,335	17-Jun-98
rx02517	570	GB_BA1:MLCL536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium leprae	37,018	04-DEC-1998
		GB_BA1:U00013	35881	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1496.	Mycobacterium leprae	37,018	01-MAR-1994
		GB_BA1:SOC22	22115	AL096839	Streptomyces coelicolor cosmid C22.	Streptomyces coelicolor	37,071	12-Jul-99
rx02532	1170	GB_OV:AF137219	831	AF137219	Amia calva mixed lineage leukemia-like protein (MLI) gene, partial cds.	Amia calva	36,853	7-Sep-99
		GB_EST30:AI645057	301	AI645057	IMAGE:1149882 5', mRNA sequence.	Mus musculus	41,860	29-Apr-99
		GB_EST20:AA822595	429	AA822595	IMAGE:1149882 5', mRNA sequence.	Mus musculus	42,353	17-Feb-98
rx02536	879	GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	Homo sapiens chromosome 8 clone PAC 172N13 map 8q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999
		GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	Homo sapiens chromosome 8 clone PAC 172N13 map 8q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999
		GB_PL1:ATT12J5	84499	AL035522	Arabidopsis thaliana DNA chromosome 4, BAC clone T12J5 (ESSALI project).	Arabidopsis thaliana	35,063	24-Feb-99

rx02550	1434	GB_BA1:MTY279 GB_BA1:MSG1970CS	9150 39399	Z97991 L78815	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 17/162. Mycobacterium leprae cosmid B1970 DNA sequence.	Mycobacterium tuberculosis Mycobacterium leprae	37,773 39,024	17-Jun-98 15-Jun-96
rx02559	1026	GB_BA2:SC2H4 GB_BA1:MTV004 GB_PAT:128684 GB_BA1:MTU27357	25970 69350 5100 5100	AL031514 AL009198 128684 U27357	Streptomyces coelicolor cosmid 2H4. Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 144/162. Sequence 1 from patent US 5573915. Mycobacterium tuberculosis cyclopropane mycolic acid synthase (cma1) gene, complete cds.	Streptomyces coelicolor A3(2) Mycobacterium tuberculosis Unknown. Mycobacterium tuberculosis	37,906 47,358 39,138 39,138	19-OCT-1999 18-Jun-98 6-Feb-97 26-Sep-95
rx02622	1683	GB_BA2:AE001780 GB_OV:AF064564 GB_OV:AF064564	11997 49254 49254	AE001780 AF064564 AF064564	Thermotoga maritima section 92 of 136 of the complete genome. Fugu rubripes neurofibromatosis type 1 (NF1), A-kinase anchor protein (AKAP84), BAW protein (BAW), and WSB1 protein (WSB1) genes, complete cds. Fugu rubripes neurofibromatosis type 1 (NF1), A-kinase anchor protein (AKAP84), BAW protein (BAW), and WSB1 protein (WSB1) genes, complete cds.	Thermotoga maritima Fugu rubripes Fugu rubripes	44,914 39,732 36,703	2-Jun-99 17-Aug-99 17-Aug-99
rx02623	714	GB_GSS5:AQ818728 GB_HTG5:AC011083 GB_GSS6:AQ826948 GB_VI:BRSMGP GB_VI:BRSMGP	444 198586 544 462 462	AQ818728 AC011083 AQ826948 M85652 M85652	HS_5268_A1_G09_SP6E RPC1-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=844 Col=17 Row=M, genomic survey sequence. Homo sapiens chromosome 9 clone RP11-111M7 map 9, WORKING DRAFT SEQUENCE, 51 unordered pieces. HS_5014_A2_C12_T7A RPC1-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=590 Col=24 Row=E, genomic survey sequence. Bovine respiratory syncytial virus membrane glycoprotein mRNA, complete cds. Bovine respiratory syncytial virus membrane glycoprotein mRNA, complete cds.	Homo sapiens Homo sapiens Homo sapiens Bovine respiratory syncytial virus Bovine respiratory syncytial virus	38,801 35,714 39,146 37,013 37,013	26-Aug-99 19-Nov-99 27-Aug-99 28-Apr-93 28-Apr-93
rx02645	1953	GB_PAT:A45577 GB_PAT:A45581 GB_BA1:CORILVA GB_BA1:CORILVA	1925 1925 1925 1925	A45577 A45581 L01508 L01508	Sequence 1 from Patent WO9519442. Sequence 5 from Patent WO9519442. Corynebacterium glutamicum threonine dehydratase (ilvA) gene, complete cds. Corynebacterium glutamicum threonine dehydratase (ilvA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum	39,130 39,130 39,130 99,138	07-MAR-1997 07-MAR-1997 26-Apr-93 26-Apr-93
rx02648	1326	GB_PAT:A45585 GB_PAT:A45583 GB_OV:ICTCNC GB_EST11:AA265464 GB_GSS8:AQ006950	1925 1925 2049 345 480	A45585 A45583 M83111 AA265464 AQ006950	Sequence 9 from Patent WO9519442. Sequence 7 from Patent WO9519442. Ictalurus punctatus cyclic nucleotide-gated channel RNA sequence. m91c06.r1 Soares mouse NML Mus musculus cDNA clone IMAGE:693706 5', mRNA sequence. CIT-HSP-2294E14, TR CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2294E14, genomic survey sequence.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Ictalurus punctatus Mus musculus Homo sapiens	99,066 99,066 38,402 38,655 36,074	07-MAR-1997 07-MAR-1997 24-MAY-1993 20-MAR-1997 27-Jun-98
rx02687	1068	GB_BA1:CORPHEA GB_PAT:E04483 GB_PAT:E06110 GB_PL1:HVC4H	1088 948 948 59748	M13774 E04483 E06110 Y14573	C. glutamicum pheA gene encoding prephenate dehydratase, complete cds. DNA encoding prephenate dehydratase. DNA encoding prephenate dehydratase. Hordeum vulgare DNA for chromosome 4H.	Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Corynebacterium glutamicum Hordeum vulgare	99,715 98,523 98,523 36,593	26-Apr-93 29-Sep-97 29-Sep-97 25-MAR-1999

10

20

30

40

GB_PR2:HS310H5	29718	Z69705	Human DNA sequence from cosmid 310H5 from a contig from the tip of the short arm of chromosome 16, spanning 2Mb of 16p13.3. Contains EST and CpG island.	Homo sapiens	36,089	22-Nov-99
GB_PR3:AC004754	39188	AC004754	Homo sapiens chromosome 16, cosmid clone RT286 (LANL), complete sequence.	Homo sapiens	36,089	28-MAY-1998
GB_HTG2:AC008223	130212	AC008223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR16118 (DB15) RPCI-98 16.L1.18 map 95A-95A strain y; cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 101 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	32,757	2-Aug-99
GB_HTG2:AC008223	130212	AC008223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR16118 (DB15) RPCI-98 16.L1.18 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
GB_HTG5:AC011678	171967	AC011678	Homo sapiens clone 14_B_7, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 20 unordered pieces.	Homo sapiens	35,331	5-Nov-99
GB_HTG5:AC011678	171967	AC011678	Homo sapiens clone 14_B_7, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 20 unordered pieces.	Homo sapiens	33,807	5-Nov-99
GB_BA2:AF064070	23183	AF064070	Burkholderia pseudomallei putative dihydroorotase (pyrC) gene, partial cds; putative 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (plsC), putative diadenosine tetraphosphate (apaH), complete cds; type II O-antigen biosynthesis gene cluster, complete sequence; putative undecaprenyl phosphate N-acetylglucosaminyltransferase, and putative UDP-glucose 4-epimerase genes, complete cds; and putative galactosyl transferase gene, partial cds.	Burkholderia pseudomallei	36,929	20-Jan-99
GB_BA2:AF038651	4077	AF038651	Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dcIAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apt) 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 T19B4.	Caenorhabditis elegans	43,836	04-DEC-1996
GB_EST36:AV193572	360	AV193572	AV193572 Yuji Kohara unpublished cDNA:Strain N2 hermaphrodite embryo	Caenorhabditis elegans	48,588	22-Jul-99
GB_BA2:AF038651	4077	AF038651	Caenorhabditis elegans cDNA clone yk618h8 5', mRNA sequence.	Corynebacterium glutamicum	99,914	14-Sep-98
GB_BA1:MTCY227	35946	Z77724	Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dcIAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apt) and GTP pyrophosphokinase (rel) genes, complete cds; and unknown gene.	Mycobacterium tuberculosis	38,339	17-Jun-98
GB_BA1:U00011	40429	U00011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 114/162.	Mycobacterium leprae	38,996	01-MAR-1994
GB_BA1:MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,640	17-Jun-98
GB_PR4:AC006581	172931	AC006581	Homo sapiens 12p21 BAC RPCI11-259O18 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	37,906	3-Jun-99
GB_PR4:AC006581	172931	AC006581	Homo sapiens 12p21 BAC RPCI11-259O18 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	36,280	3-Jun-99
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.	Gallus gallus	39,937	28-Apr-93
GB_BA1:MSASDASK	5037	Z17372	M.smegmatis asd, ask-alpha, and ask-beta genes.	Mycobacterium smegmatis	38,495	9-Aug-94
GB_EST24:A1223401	169	A1223401	qq48g01.x1 Soares_testis_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_EST24:A1223401	169	A1223401	qq48g01.x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1838448 3' similar to WP:C25D7.8 CE08394.1, mRNA sequence.	Homo sapiens	40,828	27-OCT-1998

10

20

30

40

【配列表】

rx02814	494	GB_BA1:MTCY7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 138/162.	Mycobacterium tuberculosis	58,418	17-Jun-98
		GB_BA1:MTCY7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 138/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,496	17-Jun-98
rx02843	608	GB_PR1:HSJA2962	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:MTCI364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 52/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,710	17-Jun-98
		GB_BA1:MLU15180	38675	U15180	Mycobacterium leprae cosmid B1756.	Mycobacterium leprae	39,626	09-MAR-1995
rx03205	963	GB_BA1:BLSIGBGN	2906	Z49824	B.lactofermentum orf1 gene and sigB gene.	Corynebacterium glutamicum	98,854	25-Apr-96
		GB_EST21:AA980237	377	AA980237	IMAGE:1348414 5' similar to TR:Q61025 Q61025 HYPOTHETICAL 15.2 KD PROTEIN. ; mRNA sequence.	Mus musculus	41,489	27-MAY-1998
		GB_EST23:AI158316	371	AI158316	ud27c05.r1 Soares_thymus_2NbMT Mus musculus cDNA clone	Mus musculus	38,005	30-Sep-98
rx03223	1237	GB_IN1:LMFL2743	38368	AL031910	IMAGE:1447112 5'; mRNA sequence.	Leishmania major	39,869	15-DEC-1999
		GB_PR3:HSDJ61B2	119666	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 Contains isoforms 1 and 3 of BPAG1 (bullous pemphigoid antigen 1 (230/240kD), an exon of a gene similar to murine MACF cytoskeletal protein, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	34,930	17-DEC-1999
		GB_PR3:HSDJ61B2	119666	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 Contains isoforms 1 and 3 of BPAG1 (bullous pemphigoid antigen 1 (230/240kD), an exon of a gene similar to murine MACF cytoskeletal protein, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	34,634	17-DEC-1999

10

20

30

40

SEQUENCE LISTING

<110> BASF Aktiengesellschaft

<120> CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM GENES ENCODING
METABOLIC PATHWAY PROTEINS

<130> BGI-121CP2PC

<140>

<141>

<150> 09/606740

<151> 2000-06-23

<150> 60/187970

<151> 2000-03-09

<160> 125

<170> PatentIn Vers. 2.0

<210> 1

<211> 1840

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (363)..(1676)

<400> 1

cagaaactgt gtgcagaaat gcattgcagaa aaaggaaagt tcgggccaaag atgggtgttt 60
 ctgtatgccg atgatcggat ctttgacagc tgggtatgcg acaaatcacc gagagttgtt 120
 aattcttaac aatggaaaag taacattgag agatgattta taccatcctg caccatttag 180
 agtggggcta gtcatacccc cataacccta gctgtaegca atcgatttca aatcagttgg 240
 aaaaagtcaa gaaaattacc cgagaattaa tttataccac acagtcctatt gcaatagacc 300
 aagctgttca gtaggggtgca tgggagaaga atttcctaata aaaaactctt aaggacctcc 360

aa atg cca aag tac gac aat tcc aat gct gac cag tgg ggc ttt gaa 407
 Met Pro Lys Tyr Asp Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu
 1 5 10 15

acc cgc tcc att cac gca ggc cag tca gta gac gca cag acc agc gca 455
 Thr Arg Ser Ile His Ala Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala
 20 25 30

cga aac ctt ccg atc tac caa tcc acc gct ttc gtg ttc gac tcc gct 503
 Arg Asn Leu Pro Ile Tyr Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala
 35 40 45

gag cac gcc aag cag cgt ttc gca ctt gag gat cta ggc cct gtt tac 551
 Glu His Ala Lys Gln Arg Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr
 50 55 60

tcc cgc ctc acc aac cca acc gtt gag gat ttg gaa aac cgc atc ggt 599

10

20

30

Ser	Arg	Leu	Thr	Asn	Pro	Thr	Val	Glu	Ala	Leu	Glu	Asn	Arg	Ile	Ala		
65						70					75						
tcc	ctc	gaa	ggt	ggc	gtc	cac	gct	gta	gog	ttc	tcc	tcc	gga	cag	gcc	647	
Ser	Leu	Glu	Gly	Gly	Val	His	Ala	Val	Ala	Phe	Ser	Ser	Gly	Gln	Ala		
80					85					90					95		
gca	acc	acc	aac	gcc	att	ttg	aac	ctg	gca	gga	gog	ggc	gac	cac	atc	695	
Ala	Thr	Thr	Asn	Ala	Ile	Leu	Asn	Leu	Ala	Gly	Ala	Gly	Asp	His	Ile		
			100						105					110			
gtc	acc	tcc	cca	cgc	ctc	tac	ggt	ggc	acc	gag	act	cta	ttc	ctt	atc	743	
Val	Thr	Ser	Pro	Arg	Leu	Tyr	Gly	Gly	Thr	Glu	Thr	Leu	Phe	Leu	Ile		
			115					120					125				
act	ctt	aac	cgc	ctg	ggt	atc	gat	gtt	tcc	ttc	gtg	gaa	aac	ccc	gac	791	
Thr	Leu	Asn	Arg	Leu	Gly	Ile	Asp	Val	Ser	Phe	Val	Glu	Asn	Pro	Asp		
		130					135					140					
gac	cct	gag	tcc	tgg	cag	gca	gcc	gtt	cag	cca	aac	acc	aaa	gca	ttc	839	
Asp	Pro	Glu	Ser	Trp	Gln	Ala	Ala	Val	Gln	Pro	Asn	Thr	Lys	Ala	Phe		
		145				150					155						
ttc	ggc	gag	act	ttc	gcc	aac	cca	cag	gca	gac	gtc	ctg	gat	att	cct	887	
Phe	Gly	Glu	Thr	Phe	Ala	Asn	Pro	Gln	Ala	Asp	Val	Leu	Asp	Ile	Pro		
160					165					170				175			
gcg	gtg	gct	gaa	gtt	ggc	cac	cgc	aac	agc	gtt	cca	ctg	atc	atc	gac	935	
Ala	Val	Ala	Glu	Val	Ala	His	Arg	Asn	Ser	Val	Pro	Leu	Ile	Ile	Asp		
			180					185						190			
aac	acc	atc	gct	acc	gca	ggc	ctc	gtg	cgc	ccg	ctc	gag	ctc	ggc	gca	983	
Asn	Thr	Ile	Ala	Thr	Ala	Ala	Leu	Val	Arg	Pro	Leu	Glu	Leu	Gly	Ala		
		195						200						205			
gac	gtt	gtc	gtc	gct	tcc	ctc	acc	aag	ttc	tac	acc	ggc	aac	ggc	tcc	1031	
Asp	Val	Val	Val	Ala	Ser	Leu	Thr	Lys	Phe	Tyr	Thr	Gly	Asn	Gly	Ser		
		210					215					220					
gga	ctg	ggc	ggc	gtg	ctt	atc	gac	ggc	gga	aag	ttc	gat	tgg	act	gtc	1079	
Gly	Leu	Gly	Gly	Val	Leu	Ile	Asp	Gly	Gly	Lys	Phe	Asp	Trp	Thr	Val		
		225				230					235						
gaa	aag	gat	gga	aag	cca	gta	ttc	ccc	tac	ttc	gtc	act	cca	gat	gct	1127	
Glu	Lys	Asp	Gly	Lys	Pro	Val	Phe	Pro	Tyr	Phe	Val	Thr	Pro	Asp	Ala		
240					245					250				255			
gct	tac	cac	gga	ttg	aag	tac	gca	gac	ctt	ggt	gca	cca	gcc	ttc	ggc	1175	
Ala	Tyr	His	Gly	Leu	Lys	Tyr	Ala	Asp	Leu	Gly	Ala	Pro	Ala	Phe	Gly		
			260					265						270			
ctc	aag	gtt	cgc	gtt	ggc	ctt	cta	cgc	gac	acc	ggc	tcc	acc	ctc	tcc	1223	
Leu	Lys	Val	Arg	Val	Gly	Leu	Leu	Arg	Asp	Thr	Gly	Ser	Thr	Leu	Ser		
		275						280						285			
gca	ttc	aac	gca	tgg	gct	gca	gtc	cag	ggc	atc	gac	acc	ctt	tcc	ctg	1271	
Ala	Phe	Asn	Ala	Trp	Ala	Ala	Val	Gln	Gly	Ile	Asp	Thr	Leu	Ser	Leu		
		290					295					300					
cgc	ctg	gag	cgc	cac	aac	gaa	aac	gcc	atc	aag	gtt	gca	gaa	ttc	ctc	1319	
Arg	Leu	Glu	Arg	His	Asn	Glu	Asn	Ala	Ile	Lys	Val	Ala	Glu	Phe	Leu		

10

20

30

305	310	315		
aac aac cac gag aag gtg gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg aag gat			1367	
Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp				
320	325	330	335	
tcc cot tgg tac gca acc aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac acc ggc			1415	
Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly				
	340	345	350	
tcc gtt ctc acc ttc gag atc aag ggc ggc aag gat gag gct tgg gca			1463	
Ser Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala				
	355	360	365	
ttt atc gac gcc ctg aag cta cac tcc aac ctt gca aac atc ggc gat			1511	
Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp				10
	370	375	380	
gtt cgc tcc ctc gtt gtt cac cca gca acc acc acc cat tca cag tcc			1559	
Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser				
	385	390	395	
gac gaa gct ggc ctg gca cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc gtc cgc			1607	
Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg				
400	405	410	415	
ctg tcc gtt ggc atc gag acc att gat gat atc atc gct gac ctc gaa			1655	
Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu				
	420	425	430	
ggc ggc ttt gct gca atc tag ctttaaataag actcaccoca gtgcttaaag			1706	
Gly Gly Phe Ala Ala Ile				20
	435			
cgctgggttt ttcttttttca gactcgtgag aatgcaaaact agactagaca gagctgtcca			1766	
tatacactgg acgaagtttt agtcttgtcc acccagaaca ggcggttatt ttcattgcca			1826	
ccctcgcgcc ttca			1840	
<210> 2				
<211> 437				
<212> PRT				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<400> 2				
Met Pro Lys Tyr Asp Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu Thr				30
1	5	10	15	
Arg Ser Ile His Ala Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg				
	20	25	30	
Asn Leu Pro Ile Tyr Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu				
	35	40	45	
His Ala Lys Gln Arg Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser				
	50	55	60	
Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser				
	65	70	75	80

Leu Glu Gly Gly Val His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala
 85 90 95
 Thr Thr Asn Ala Ile Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val
 100 105 110
 Thr Ser Pro Arg Leu Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Leu Ile Thr
 115 120 125
 Leu Asn Arg Leu Gly Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp
 130 135 140
 Pro Glu Ser Trp Gln Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe
 145 150 155 160
 Gly Glu Thr Phe Ala Asn Pro Gln Ala Asp Val Leu Asp Ile Pro Ala
 165 170 175
 Val Ala Glu Val Ala His Arg Asn Ser Val Pro Leu Ile Ile Asp Asn
 180 185 190
 Thr Ile Ala Thr Ala Ala Leu Val Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala Asp
 195 200 205
 Val Val Val Ala Ser Leu Thr Lys Phe Tyr Thr Gly Asn Gly Ser Gly
 210 215 220
 Leu Gly Gly Val Leu Ile Asp Gly Gly Lys Phe Asp Trp Thr Val Glu
 225 230 235 240
 Lys Asp Gly Lys Pro Val Phe Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala
 245 250 255
 Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu
 260 265 270
 Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser Ala
 275 280 285
 Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg
 290 295 300
 Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn
 305 310 315 320
 Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp Ser
 325 330 335
 Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly Ser
 340 345 350
 Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala Phe
 355 360 365
 Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp Val
 370 375 380
 Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp
 385 390 395 400

10

20

30

Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu
 405 410 415
 Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly
 420 425 430
 Gly Phe Ala Ala Ile
 435

<210> 3
 <211> 1495
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (287)..(1264)

<400> 3
 ccatggtttc ctcagcggaa acggcttggc tctcagcact ttcacccgaa cagcctgcaa 60
 gaagtgcgac ggctaacagg gctgggattg tcctcaactt cacttcgggc tccttcttag 120
 taataggttc gtagaaaagt ttactagcct agagagtatg cgatttcttg aactcgaaga 180
 attgaagaat cgcgcggaact tgaatggac ccggtttcca gaagacgtgc ttctttgtg 240
 ggttgcggaa agtgattttg gcacctgcc gcagttgaag gaagct atg gca gat 295
 Met Ala Asp
 1
 gcc gtt gag cgc gag gtc ttc gga tac cca cca gat gct act ggg ttg 343
 Ala Val Glu Arg Glu Val Phe Gly Tyr Pro Pro Asp Ala Thr Gly Leu
 5 10 15
 aat gat gcg ttg act gga ttc tac gag cgt cgc tat ggg ttt ggc cca 391
 Asn Asp Ala Leu Thr Gly Phe Tyr Glu Arg Arg Tyr Gly Phe Gly Pro
 20 25 30 35
 aat ccg gaa agt gtt ttc gcc att ccg gat gtg gtt cgt ggc ctg aag 439
 Asn Pro Glu Ser Val Phe Ala Ile Pro Asp Val Val Arg Gly Leu Lys
 40 45 50
 ctt gcc att gag cat ttc act aag cct ggt tcg gcg atc att gtg ccg 487
 Leu Ala Ile Glu His Phe Thr Lys Pro Gly Ser Ala Ile Ile Val Pro
 55 60 65
 ttg cct gca tac cct cct ttc att gag ttg cct aag gtg act ggt cgt 535
 Leu Pro Ala Tyr Pro Pro Phe Ile Glu Leu Pro Lys Val Thr Gly Arg
 70 75 80
 cag gcg atc tac att gat gcg cat gag tac gat ttg aag gaa att gag 583
 Gln Ala Ile Tyr Ile Asp Ala His Glu Tyr Asp Leu Lys Glu Ile Glu
 85 90 95
 aag gcc ttc gct gac ggt gcg gga tca ctg ttg ttc tgc aat cca cac 631
 Lys Ala Phe Ala Asp Gly Ala Gly Ser Leu Leu Phe Cys Asn Pro His
 100 105 110 115
 aac cca ctg ggc acg gtc ttt tct gaa gag tac atc cgc gag ctg acc 679

10

20

30

30

gcggtaagat c

1495

<210> 4

<211> 325

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 4

Met Ala Asp Ala Val Glu Arg Glu Val Phe Gly Tyr Pro Pro Asp Ala
 1 5 10 15

Thr Gly Leu Asn Asp Ala Leu Thr Gly Phe Tyr Glu Arg Arg Tyr Gly
 20 25 30

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

Gly Leu Lys Leu Ala Ile Glu His Phe Thr Lys Pro Gly Ser Ala Ile
 50 55 60

Ile Val Pro Leu Pro Ala Tyr Pro Pro Phe Ile Glu Leu Pro Lys Val
 65 70 75 80

Thr Gly Arg Gln Ala Ile Tyr Ile Asp Ala His Glu Tyr Asp Leu Lys
 85 90 95

Glu Ile Glu Lys Ala Phe Ala Asp Gly Ala Gly Ser Leu Leu Phe Cys
 100 105 110

Asn Pro His Asn Pro Leu Gly Thr Val Phe Ser Glu Glu Tyr Ile Arg
 115 120 125

Glu Leu Thr Asp Ile Ala Ala Lys Tyr Asp Ala Arg Ile Ile Val Asp
 130 135 140

Glu Ile His Ala Pro Leu Val Tyr Glu Gly Thr His Val Val Ala Ala
 145 150 155 160

Gly Val Ser Glu Asn Ala Ala Asn Thr Cys Ile Thr Ile Thr Ala Thr
 165 170 175

Ser Lys Ala Trp Asn Thr Ala Gly Leu Lys Cys Ala Gln Ile Phe Phe
 180 185 190

Ser Asn Glu Ala Asp Val Lys Ala Trp Lys Asn Leu Ser Asp Ile Thr
 195 200 205

Arg Asp Gly Val Ser Ile Leu Gly Leu Ile Ala Ala Glu Thr Val Tyr
 210 215 220

Asn Glu Gly Glu Glu Phe Leu Asp Glu Ser Ile Gln Ile Leu Lys Asp
 225 230 235 240

Asn Arg Asp Phe Ala Ala Ala Glu Leu Glu Lys Leu Gly Val Lys Val
 245 250 255

Tyr Ala Pro Asp Ser Thr Tyr Leu Met Trp Leu Asp Phe Ala Gly Thr
 260 265 270

Lys Ile Glu Glu Ala Pro Ser Lys Ile Leu Arg Glu Glu Gly Lys Val

10

20

30

```

      275              280              285
Met Leu Asn Asp Gly Ala Ala Phe Gly Gly Phe Thr Thr Cys Ala Arg
 290              295              300

Leu Asn Phe Ala Cys Ser Arg Glu Thr Leu Glu Glu Gly Leu Arg Arg
 305              310              315              320

Ile Ala Ser Val Leu
      325

<210> 5
<211> 1033
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1006)

<400> 5
gtgcggatcg ggtatccgcg ctacacttag aggtgttaga gatcatgagt ttccacgaac 60

tgtaacgcag gattcaccaa tcaatgaaag gtgcaccgac atg agc act gaa gac 115
              Met Ser Thr Glu Asp
              1              5

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 tot ccc gat gcc aca atg atc gtc atg ggt tcc cgc gga ctc gcc 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

```

10

20

30

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 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 cgc tgc cca atg atg gtg gtt 979
 Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys Pro Met Met Val Val
 280 285 290
 cgc cca cct gag aag att aag aag tag ttttttttaa gtttcgatgc cccgggtt 1033
 Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
 295 300

10

20

<210> 6
 <211> 301
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

30

<400> 6
 Met Ser Thr Glu Asp Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala
 1 5 10 15
 Ser Lys Gln Ala Val Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly
 20 25 30
 Ile Pro Leu Arg Leu Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr
 35 40 45
 Ala Glu Gly Met Val Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala
 50 55 60

Glu Ala Leu Glu Lys Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val
 65 70 75 80
 Ala Pro Glu Ile Lys Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile
 85 90 95
 Asp Met Leu Leu Glu Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly
 100 105 110
 Ser Arg Gly Leu Gly Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser
 115 120 125
 Gly Ala Val Val Ser His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu
 130 135 140
 Asp Ser Ala Val Asn Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly
 145 150 155 160
 Val Asp Gly Ser Glu Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala
 165 170 175
 Glu Ala Glu Ala Arg Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met
 180 185 190
 Asp Met Gln Val Gln Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln
 195 200 205
 Gln Trp Asp Glu Val Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg
 210 215 220
 Leu Ala Pro Leu Val Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile
 225 230 235 240
 Ile Thr Arg Asp Arg Pro Val Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ser Glu Asn
 245 250 255
 Ala Gln Leu Leu Val Val Gly Ser His Gly Arg Gly Gly Phe Lys Gly
 260 265 270
 Met Leu Leu Gly Ser Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys
 275 280 285
 Pro Met Met Val Val Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
 290 295 300

10

20

<210> 7
 <211> 948
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

30

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(925)
 <223> RKA02229

<400> 7
 gctggttcaa cagagaccac cgcgtgtcct gggtcgacgc ctctggcgat cccaccgcac 60
 aagccttgga gattttgggt ctacaatagc gaggtgaat 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 tcg gct ctt gcc gat atg gaa ctg cgc gca cct acg	643					
Gly Leu Ser Ala Ser Ala Leu Ala Asp Met Glu Leu Arg Ala Pro Thr						
	170		175		180	
ttt gat cag gaa ttc ttc ccc cac ggt gtg aac gta gaa atc gtc aca	691					
Phe Asp Gln Glu Phe Phe Pro His Gly Val Asn Val Glu Ile Val Thr						
	185		190		195	
gaa tta gaa gat gac gca gta tcg atg cgc gtg tgg gaa cgc gga gtg	739					
Glu Leu Glu Asp Asp Ala Val Ser Met Arg Val Trp Glu Arg Gly Val						
	200		205		210	
ggc gaa acc cgc tcc tgt ggc acg gga acc gtt gct gca gcg tgt gct	787					
Gly Glu Thr Arg Ser Cys Gly Thr Gly Thr Val Ala Ala Ala Cys Ala						
	215		220		225	
gct tta gct gat gct gga ttg gga gaa ggc aca gct aaa gtg tgc gtt	835					
Ala Leu Ala Asp Ala Gly Leu Gly Glu Gly Thr Ala Lys Val Cys Val						

10

20

30

10

20

30

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

<210> 9
 <211> 1491
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

10

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1468)
 <223> RXS02970

<400> 9
 aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgagggtgag 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

20

30

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 goa 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 ctg 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 ctg 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

ctg 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 ctg 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 ctg 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

10

20

30

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 Ile Ser 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

10

<210> 10
 <211> 456
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 10
 Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
 1 5 10 15
 Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu 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

20

30

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

10

20

30

<210> 11
 <211> 1330
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1330)

<223> FRXA01009

<400> 11

aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttattttaaag 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 tcc 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

cgc 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

tcc 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

10

20

30

```

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 gcc 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 gcc 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 gcc 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 gcc 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 gcc
Phe Lys Glu Arg Gly
      410

```

<210> 12
 <211> 410
 <212> PRT

10

20

30

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 12

Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
 1 5 10 15
 Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
 20 25 30
 Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
 35 40 45
 Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
 50 55 60
 Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
 65 70 75 80
 His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
 85 90 95
 Leu Thr Asn Ile Asn Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val
 100 105 110
 Ala Ala Lys Ile Val Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe
 115 120 125
 Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
 130 135 140
 Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
 145 150 155 160
 His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
 165 170 175
 Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
 180 185 190
 Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
 195 200 205
 Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
 210 215 220
 Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly
 225 230 235 240
 Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
 245 250 255
 Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
 260 265 270
 Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
 275 280 285
 Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
 290 295 300
 Pro Leu Gly Gly Ile Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly

10

20

30

10

20

30

ggg tac aag ttg ctg cgc tgc gcg tgc 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 gcc ctg acc ggt tta ctc ggg taaaggcata aaaaatggct 789
 Leu Tyr Glu Gly Leu Thr Gly Leu Leu Gly
 215 220
 tcc 792

<210> 14
 <211> 223
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 14
 Val Glu Trp Thr Ala Phe Gly Thr Leu Ile Leu Leu Asn Leu Val Gly
 1 5 10 15
 Ser Leu Ser Pro Gly Pro Asp Thr Phe Phe Leu Leu Arg Leu Ala Thr
 20 25 30
 Arg Ser Arg Ala His Ala Ile Ala Gly Val Ala Gly Ile Val Thr Gly
 35 40 45
 Leu Thr Val Trp Val Thr Leu Thr Val Val Gly Ala Ala Ala Leu Leu
 50 55 60
 Thr Thr Tyr Pro Ser Ile Leu Gly Ile Ile Gln Leu Val Gly Gly Thr
 65 70 75 80
 Tyr Leu Ser Phe Ile Gly Tyr Lys Leu Leu Arg Ser Ala Ser Arg Glu
 85 90 95
 Leu Ile Asp Ala Arg Gln Phe Arg Phe Asn Ala Asp Ala Arg Pro Ile

10

20

30

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		

10

<210> 15
 <211> 897
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(874)
 <223> RXC01796

20

<400> 15
 atgtaactcg atcaggtgga aatgcccgca aaagtggcgg cggtggccga gggatggcgg 60
 ttgggtgggc atcgggtggcc 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

30

acc ggc tgc ggt ttc get tct ggc 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 tcc 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 ggc ttc ctc gcc ggc tac aac acc ggc cag atg agc 835
 Gln Arg Lys Asp Ala Phe Leu Ala Gly Tyr Asn Thr Gly Gln Met Ser
 230 235 240 245

gcc tgc gac ttc ctc ggc cgg ggc gtc tac aac gac gct taaagcattg 884
 Ala Cys Asp Phe Leu Gly Arg Gly Val Tyr Asn Asp Ala
 250 255

cttttcgaag tct 897

10

20

<210> 16
 <211> 258
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

30

<400> 16
 Leu Leu Leu Gly Gly Asn Pro Ala Glu Ile Asp Gln Val Leu Gly Gly
 1 5 10 15

Asp Gln Thr Gln Ile Glu Ser Gly Glu Ser Thr Gly Ala Gly Asp Phe
 20 25 30

Asp His Cys Gln Thr Gly Ala Asp Ala Asn Ala Ser Asp Asp Cys Arg
 35 40 45

Leu Tyr Tyr Thr Ser Phe Ser Val Asn Glu Met Trp Gln Thr Leu Leu
 50 55 60
 Pro Ala Gln Ala Gly Ile Glu Tyr Thr Glu Pro Thr Leu Thr Leu Phe
 65 70 75 80
 Lys Asn Ser Thr Gln Thr Gly Cys Gly Phe Ala Ser Ala Ser Thr Gly
 85 90 95
 Pro Phe Tyr Cys Pro Ser Asp Gln Asp Ala Tyr Phe Asp Leu Thr Phe
 100 105 110
 Phe Asp Gln Met Arg Gln Phe Gly Ala Glu Asn Ala Pro Leu Ala Gln
 115 120 125
 Met Tyr Ile Val Ala His Glu Tyr Gly His His Val Gln Asn Leu Glu
 130 135 140
 Gly Thr Leu Gly Leu Ser Asn Tyr Asn Asp Pro Gly Ala Asp Ser Asn
 145 150 155 160
 Ala Val Lys Ile Glu Leu Gln Ala Asp Cys Tyr Ala Gly Ile Trp Ala
 165 170 175
 Asn His Ser Ser Glu Gly Pro Asp Pro Leu Leu Gln Pro Ile Thr Glu
 180 185 190
 Ser Glu Leu Asp Ser Ala Leu Leu Ala Ala Ser Ala Val Gly Asp Asp
 195 200 205
 Asn Ile Gln Gln Arg Ser Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Ser Trp Thr
 210 215 220
 His Gly Ser Ser Gln Gln Arg Lys Asp Ala Phe Leu Ala Gly Tyr Asn
 225 230 235 240
 Thr Gly Gln Met Ser Ala Cys Asp Phe Leu Gly Arg Gly Val Tyr Asn
 245 250 255
 Asp Ala

10

20

<210> 17
 <211> 771
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

30

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(748)
 <223> RXC01207

<400> 17
 cttcatgata tcaacggcag agcgcgtttt gttacagcgc gtaaactgtg actttgaaa 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 oct 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 gcc 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

10

20

30

<2f0> 18

<2i1> 216

<2i2> PRT

<2i3> Corynebacterium glutamicum

<400> 18

Val Ser Arg Ile Tyr Asp Cys Ala Asp Gln Asp Ser Arg Ala Ala Gly
 1 5 10 15
 Leu Lys Ala Ala Val Asp Ala Val Lys Ala Gly Gln Leu Val Val Leu
 20 25 30
 Pro Thr Asp Thr Leu Tyr Gly Leu Gly Cys Asp Ala Phe Asn Asn Glu
 35 40 45
 Ala Val Ala Asn Leu Leu Ala Thr Lys His Arg Gly Pro Asp Met Pro
 50 55 60
 Val Pro Val Leu Val Gly Ser Trp Asp Thr Ile Gln Gly Leu Val His
 65 70 75 80
 Ser Tyr Ser Ala Gln Ala Lys Ala Leu Val Glu Ala Phe Trp Pro Gly
 85 90 95
 Gly Leu Ser Ile Ile Val Pro Gln Ala Pro Ser Leu Pro Trp Asn Leu
 100 105 110
 Gly Asp Thr Arg Gly Thr Val Met Leu Arg Met Pro Leu His Pro Val
 115 120 125
 Ala Ile Glu Leu Leu Arg Gln Thr Gly Pro Met Ala Val Ser Ser Ala
 130 135 140
 Asn Ile Ser Gly His Thr Pro Pro Thr Thr Val Leu Glu Ala Arg Gln
 145 150 155 160
 Gln Leu Asn Gln Asn Val Ala Val Tyr Leu Asp Gly Gly Glu Cys Ala
 165 170 175
 Leu Ala Thr Pro Ser Thr Ile Val Asp Ile Ser Gly Pro Ala Pro Lys
 180 185 190
 Ile Leu Arg Glu Gly Ala Ile Ser Ala Glu Arg Val Gly Glu Val Leu
 195 200 205
 Gly Val Ser Ala Glu Ser Leu Arg
 210 215

10

20

<210> 19

<211> 1026

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

30

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1003)

<223> RXC00657

<400> 19

gtgcggatcg ggtatccgcg ctacacttag aggtgttaga gatcatgagt ttccacgaac 60
 tgtaacgcag gattcaccaa tcaatgaaag gtgcaccgac atg agc act gaa gac 115
 Met Ser Thr Glu Asp
 1 5

att gtc gtc gta gca gta gat ggc tcg gac gcc tca aaa caa gct gtt 163
 Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala Ser Lys Gln Ala Val
 10 15 20

cgg tgg gct gca aat acc gcc aac aaa cgt ggc att cca ctt cgc ttg 211
 Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly Ile Pro Leu Arg Leu
 25 30 35

gct tcc agc tac acc atg cct cag ttc ctc tac gca gag gga atg gtt 259
 Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr Ala Glu Gly Met Val
 40 45 50

cca cca caa gag ctt ttc gat gac ctc cag gcc gaa gcc ctg gaa aag 307
 Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala Glu Ala Leu Glu Lys
 55 60 65

att aac gaa gcc cgt gac atc gcc cat gag gta gcg cca gaa atc aag 355
 Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val Ala Pro Glu Ile Lys
 70 75 80 85

atc ggg cac acc atc gct gaa ggc agt ccc atc gac atg ctg ttg gaa 403
 Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile Asp Met Leu Leu Glu
 90 95 100

atg tct ccc gat gcc aca atg atc gtc atg ggt tcc cgc gga ctc ggc 451
 Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly Ser Arg Gly Leu Gly
 105 110 115

gga ctc tcc gga atg gtc atg ggc tcc gtc tcc ggt gca gtg gtc agc 499
 Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser Gly Ala Val Val Ser
 120 125 130

cac gca aag tgt cca gtc gtt gtt gtc cgt gaa gac agc gca gtc aac 547
 His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu Asp Ser Ala Val Asn
 135 140 145

gaa gac agc aag tac ggc cca gtc gtc gtc ggt gtg gat ggc tcc gaa 595
 Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly Val Asp Gly Ser Glu
 150 155 160 165

gtc tcc caa cag gca acc gaa tac gca ttt gcg gaa gct gaa gct cgt 643
 Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala Glu Ala Glu Ala Arg
 170 175 180

ggc gcc gaa ctc gtt gca gtt cac acc tgg atg gac atg cag gta cag 691
 Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met Asp Met Gln Val Gln
 185 190 195

gca tca ctt gca ggt ctt gca gct gct caa cag cag tgg gat gaa gtg 739
 Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Gln Trp Asp Glu Val
 200 205 210

gaa cgt cag caa acc gac atg ctg atc gaa cgc ctc gca cca ctg gtg 787
 Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg Leu Ala Pro Leu Val
 215 220 225

gaa aag tac cca agt gta acc gtc aag aag atc atc acc cgt gac cgc 835
 Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile Ile Thr Arg Asp Arg
 230 235 240 245

10

20

30

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 tagttttcttt taagtttcga tgc 1026
 Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
 295 300

10

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

<400> 20
 Met Ser Thr Glu Asp Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala
 1 5 10 15

Ser Lys Gln Ala Val Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly
 20 25 30

Ile Pro Leu Arg Leu Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr
 35 40 45

Ala Glu Gly Met Val Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala
 50 55 60

Glu Ala Leu Glu Lys Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val
 65 70 75 80

Ala Pro Glu Ile Lys Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile
 85 90 95

Asp Met Leu Leu Glu Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly
 100 105 110

Ser Arg Gly Leu Gly Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser
 115 120 125

Gly Ala Val Val Ser His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu
 130 135 140

Asp Ser Ala Val Asn Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly
 145 150 155 160

Val Asp Gly Ser Glu Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala
 165 170 175

Glu Ala Glu Ala Arg Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met
 180 185 190

Asp Met Gln Val Gln Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln
 195 200 205

20

30

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

10

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

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1036)
 <223> RXC00552

<400> 21
 ccgccaaacaa ggcagcaaag ctgcgatccaa ttgacgcctt gcgttatgag taaaagcctc 60

20

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

30

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

oct gat tgc ttc gcc aat gtt gag acc cgt cat tgc aag cgc gaa cgc 979
Pro Asp Cys Phe Ala Asn Val Glu Thr Arg His Cys Lys Arg Glu Arg
      280              285              290

tgt gca gca att gct gcg gat ttc gct gag caa gga att gat ccg ctc 1027
Cys Ala Ala Ile Ala Ala Asp Phe Ala Glu Gln Gly Ile Asp Pro Leu
      295              300              305

gtt act tct taaaaagggt atggtggctg ggt 1059
Val Thr Ser
      310

```

```

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

```

10

20

30

<400> 22

Val Ala Thr Ser Lys Ile Leu Leu Tyr Tyr Ala Phe Thr Pro Leu Ser
 1 5 10 15
 Asp Pro Lys Ala Val Gln Leu Trp Gln Arg Glu Leu Cys Glu Ser Leu
 20 25 30
 Asn Leu Arg Gly Arg Ile Leu Ile Ser Thr His Gly Ile Asn Gly Thr
 35 40 45
 Val Gly Gly Asp Ile Asp Asp Cys Lys Ala Tyr Ile Lys Lys Thr Arg
 50 55 60
 Glu Tyr Pro Gly Phe Asn Arg Met Gln Phe Lys Trp Ser Glu Gly Gly
 65 70 75 80
 Ala Glu Asp Phe Pro Lys Leu Ser Val Lys Val Arg Asp Glu Ile Val
 85 90 95
 Ala Phe Gly Ala Pro Asp Glu Leu Lys Val Asp Glu Asn Gly Val Val
 100 105 110
 Gly Gly Gly Val His Leu Lys Pro Gln Gln Val Asn Glu Leu Val Glu
 115 120 125
 Ala Arg Gly Asp Glu Val Val Phe Phe Asp Gly Arg Asn Ala Met Glu
 130 135 140
 Ala Gln Ile Gly Lys Phe Lys Asp Ala Val Val Pro Asp Val Glu Thr
 145 150 155 160
 Thr His Asp Phe Ile Ala Glu Ile Glu Ser Gly Lys Tyr Asp Asp Leu
 165 170 175
 Lys Asp Lys Pro Val Val Thr Tyr Cys Thr Gly Gly Ile Arg Cys Glu
 180 185 190
 Ile Leu Ser Ser Leu Met Ile Asn Arg Gly Phe Lys Glu Val Tyr Gln
 195 200 205
 Ile Asp Gly Gly Ile Val Arg Tyr Gly Glu Gln Phe Gly Asn Lys Gly
 210 215 220
 Leu Trp Glu Gly Ser Leu Tyr Val Phe Asp Lys Arg Met His Met Glu
 225 230 235 240
 Phe Gly Glu Asp Tyr Lys Glu Val Gly His Cys Ile His Cys Asp Thr
 245 250 255
 Pro Thr Asn Lys Phe Glu His Cys Leu Asn Glu Asp Asp Cys Arg Glu
 260 265 270
 Leu Val Leu Met Cys Pro Asp Cys Phe Ala Asn Val Glu Thr Arg His
 275 280 285
 Cys Lys Arg Glu Arg Cys Ala Ala Ile Ala Ala Asp Phe Ala Glu Gln
 290 295 300
 Gly Ile Asp Pro Leu Val Thr Ser
 305 310

10

20

30

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

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1363)
 <223> RKA00534

<400> 23
 ctgtgcagaa agaaaacaact cctctggcta ggtagacaca gtttataaag gtagagtiga 60

gcgggtaact gtcagcacgt agatcgaaag gtgcacaaag gtg gcc ctg gtc gta 115
 Val Ala Leu Val Val
 1 5

10

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 cgg 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

20

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 Val Ala Met Ala Ile
 70 75 80 85

gag tcc ctt ggc gca gaa gcc caa tct ttc acg ggc tot 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

30

gct ggt ttc cag ggt gtt aat aaa gaa acc cgc gat gtc acc acg ttg 547
 Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg Asp Val Thr Thr Leu
 135 140 145

ggt cgt ggt ggt tct gac acc act gca gtt gcg ttg gca gct gct ttg 595
 Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala Leu Ala Ala 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 Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys Leu Glu Lys Leu Ser 185 190 195			691	
ttc gaa gaa atg ctg gaa ctt gct gct gtt ggc tcc aag att ttg gtg Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly Ser Lys Ile Leu Val 200 205 210			739	
ctg cgc agt gtt gaa tac gct cgt gca ttc aat gtg cca ctt cgc gta Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn Val Pro Leu Arg Val 215 220 225			787	
cgc tcc tct tat agt aat gat ccc ggc act ttg att gcc ggc tct atg Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu Ile Ala Gly Ser Met 230 235 240 245			835	10
gag gat att cct gtg gaa gaa gca gtc ctt acc ggt gtc gca acc gac Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp 250 255 260			883	
aag tcc gaa gcc aaa gta acc gtt ctg ggt att tcc gat aag cca ggc Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser Asp Lys Pro Gly 265 270 275			931	
gag gct gcg aag gtt ttc cgt gcg ttg gct gat gca gaa atc aac att Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Glu Ile Asn Ile 280 285 290			979	
gac atg gtt ctg cag aac gtc tct tct gta gaa gac ggc acc acc gac Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gly Thr Thr Asp 295 300 305			1027	20
atc acc ttc acc tgc cct cgt tcc gac ggc cgc cgc gcg atg gag atc Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg Arg Ala Met Glu Ile 310 315 320 325			1075	
ttg aag aag ctt cag gtt cag ggc aac tgg acc aat gtg ctt tac gac Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Val Leu Tyr Asp 330 335 340			1123	
gac cag gtc ggc aaa gtc tcc ctc gtg ggt gct ggc atg aag tct cac Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Met Lys Ser His 345 350 355			1171	
cca ggt gtt acc gca gag ttc atg gaa gct ctg cgc gat gtc aac gtg Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg Asp Val Asn Val 360 365 370			1219	30
aac atc gaa ttg att tcc acc tct gag att cgt att tcc gtg ctg atc Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Ser Val Leu Ile 375 380 385			1267	
cgt gaa gat gat ctg gat gct gct gca cgt gca ttg cat gag cag ttc Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu His Glu Gln Phe 390 395 400 405			1315	
cag ctg ggc ggc gaa gac gaa gcc gtc gtt tat gca ggc acc gga cgc Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala Gly Thr Gly Arg 410 415 420			1363	

taaagtttta aaggagtagt ttt

1386

<210> 24

<211> 421

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 24

Val Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala
 1 5 10 15

Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala
 20 25 30

Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp
 35 40 45

10

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

20

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

30

Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn
 210 215 220

Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu
 225 230 235 240

Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr
 245 250 255

Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile
 260 265 270

Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp
 275 280 285

Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu
 290 295 300

Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg
 305 310 315 320

Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr
 325 330 335

Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala
 340 345 350

Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu
 355 360 365

Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg
 370 375 380

Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala
 385 390 395 400

Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr
 405 410 415

Ala Gly Thr Gly Arg
 420

10

<210> 25
 <211> 1155
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1132)
 <223> RXA00533

<400> 25
 ctgcacgtgc attgcatgag cagttccagc tgggcggcga agacgaagcc gtcgtttatg 60

caggcaccgg acgctaaagt tttaaaggag tagttttaca atg acc acc atc gca 115
 Met Thr Thr Ile Ala
 1 5

gtt gtt ggt gca acc ggc cag gtc ggc cag gtt atg cgc acc ctt ttg 163
 Val Val Gly Ala Thr Gly Gln Val Gly Gln Val Met Arg Thr Leu Leu
 10 15 20

gaa gag cgc aat ttc cca get 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

30

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 ggc 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	

10

20

30

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 taaaaaccgc ccattaaaaa ctc 1155
 Leu Val Lys

<210> 26
 <211> 344
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 26
 Met Thr Thr Ile Ala Val Val Gly Ala Thr Gly Gln Val Gly Gln Val
 1 5 10 15

Met Arg Thr Leu Leu Glu Glu Arg Asn Phe Pro Ala Asp Thr Val Arg
 20 25 30

Phe Phe Ala Ser Pro Arg Ser Ala Gly Arg Lys Ile Glu Phe Arg Gly
 35 40 45

Thr Glu Ile Glu Val Glu Asp Ile Thr Gln Ala Thr Glu Glu Ser Leu
 50 55 60

Lys Asp Ile Asp Val Ala Leu Phe Ser Ala Gly Gly Thr Ala Ser Lys
 65 70 75 80

Gln Tyr Ala Pro Leu Phe Ala Ala Ala Gly Ala Thr Val Val Asp Asn
 85 90 95

Ser Ser Ala Trp Arg Lys Asp Asp Glu Val Pro Leu Ile Val Ser Glu
 100 105 110

Val Asn Pro Ser Asp Lys Asp Ser Leu Val Lys Gly Ile Ile Ala Asn
 115 120 125

Pro Asn Cys Thr Thr Met Ala Ala Met Pro Val Leu Lys Pro Leu His
 130 135 140

Asp Ala Ala Gly Leu Val Lys Leu His Val Ser Ser Tyr Gln Ala Val
 145 150 155 160

Ser Gly Ser Gly Leu Ala Gly Val Glu Thr Leu Ala Lys Gln Val Ala
 165 170 175

Ala Val Gly Asp His Asn Val Glu Phe Val His Asp Gly Gln Ala Ala
 180 185 190

Asp Ala Gly Asp Val Gly Pro Tyr Val Ser Pro Ile Ala Tyr Asn Val
 195 200 205

Leu Pro Phe Ala Gly Asn Leu Val Asp Asp Gly Thr Phe Glu Thr Asp

10

20

30

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

10

<210> 27
 <211> 608
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>
 <221> CDS
 <222> (69)..(608)
 <223> RXA02843

<400> 27
 cccattgagc ggaggctgca ccccttccga ctggaactga 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

30


```

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
Leu Gly Ala Ser Met Val
175                      180

```

10

```

<210> 28
<211> 180
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

```

20

```

<400> 28
Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Thr Gly
 1                      5                      10                      15
Asp Val Leu Asp Val Trp Tyr Pro Glu Ile Gly Ser Thr Asp Gln Ser
                20                      25                      30
Ala Leu Thr Pro Leu Glu Gly Val Asp Glu Asp Arg Asn Val Thr Arg
 35                      40                      45
Lys Ile Val Thr Thr Thr 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

```

30

Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp Gly Thr
 145 150 155 160
 Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr Leu Gly
 165 170 175
 Ala Ser Met Val
 180

<210> 29
 <211> 1230
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1207)
 <223> RXA02022

<400> 29
 tatttgcgat tccaactgct tgggtccgc gaatgttttc actcattttt taatcgaccg 60
 cttccatcat gttttaacta aggtttgtag gottaaacct 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 ala ccg agt ccg tcc 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
 tcc 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 tcc 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

10

20

30

135	140	145		
gat gag cat ccg gag tgg ttg gcg gct gat ttg gcg ttg ttg ggt gag Asp Glu His Pro Glu Trp Leu Ala Ala Asp Leu Ala Leu Leu Gly Glu 150 155 160 165			595	
cct act ggc ggc tgg att gag gcg ggc tgc cag ggc aat ctg cgc atc Pro Thr Gly Gly Trp Ile Glu Ala Gly Cys Gln Gly Asn Leu Arg Ile 170 175 180			643	
aag gtg acg gcg cat ggt gtg cgt gcc cat tgc gcg aga agc tgg ttg Lys Val Thr Ala His Gly Val Arg Ala His Ser Ala Arg Ser Trp Leu 185 190 195			691	
ggt gat aat gcg atg cat aag ttg tgc ccg atc att tgc aag gtt gct Gly Asp Asn Ala Met His Lys Leu Ser Pro Ile Ile Ser Lys Val Ala 200 205 210			739	10
gcg tat aag gcc gca gaa gtc aac att gat ggc ttg acc tac cgt gaa Ala Tyr Lys Ala Ala Glu Val Asn Ile Asp Gly Leu Thr Tyr Arg Glu 215 220 225			787	
ggc ctc aac atc gtt ttc tgc gaa tgc ggc gtg gca aac aac gtc att Gly Leu Asn Ile Val Phe Cys Glu Ser Gly Val Ala Asn Asn Val Ile 230 235 240 245			835	
cca gac ctc gcg tgg atg aac ctc aac ttc cgt ttc gcg ccg aat cgc Pro Asp Leu Ala Trp Met Asn Leu Asn Phe Arg Phe Ala Pro Asn Arg 250 255 260			883	
gat ctc aac gag gcg atc gag cat gtc gtc gaa acg ctt gag ctt gac Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu His Val Val Glu Thr Leu Glu Leu Asp 265 270 275			931	20
ggt caa gac ggc atc gaa tgg gcc gta gaa gac ggc gca ggc ggt gcc Gly Gln Asp Gly Ile Glu Trp Ala Val Glu Asp Gly Ala Gly Gly Ala 280 285 290			979	
ctt cca ggc ttg ggg cag cag gtg aca agc ggg ctt atc gac gcc gtc Leu Pro Gly Leu Gly Gln Gln Val Thr Ser Gly Leu Ile Asp Ala Val 295 300 305			1027	
ggc cgc gaa aaa atc cgc gca aaa ttc ggc tgg acc gat gtc toa cgt Gly Arg Glu Lys Ile Arg Ala Lys Phe Gly Trp Thr Asp Val Ser Arg 310 315 320 325			1075	
ttt tca gcc atg gga att cca gcc cta aac ttt ggc gct ggt gat cca Phe Ser Ala Met Gly Ile Pro Ala Leu Asn Phe Gly Ala Gly Asp Pro 330 335 340			1123	30
agt ttc gcg cat aaa cgc gac gag cag tgc cca gtg gag caa atc acg Ser Phe Ala His Lys Arg Asp Glu Gln Cys Pro Val Glu Gln Ile Thr 345 350 355			1171	
gat gtg gca gca att ttg aag cag tac ctg agc gag taaccgcatt Asp Val Ala Ala Ile Leu Lys Gln Tyr Leu Ser Glu 360 365			1217	
cggggttatc gtg			1230	

<210> 30
 <211> 369
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 30
 Val Asn Ser Glu Leu Lys Pro Gly Leu Asp Leu Leu Gly Asp Pro Ile
 1 5 10 15
 Val Leu Thr Gln Arg Leu Val Asp Ile Pro Ser Pro Ser Gly Gln Glu
 20 25 30
 Lys Gln Ile Ala Asp Glu Ile Glu Asp Ala Leu Arg Asn Leu Asn Leu
 35 40 45
 Pro Gly Val Glu Val Phe Arg Phe Asn Asn Asn Val Leu Ala Arg Thr
 50 55 60
 Asn Arg Gly Leu Ala Ser Arg Val Met Leu Ala Gly His Ile Asp Thr
 65 70 75 80
 Val Pro Ile Ala Asp Asn Leu Pro Ser Arg Val Glu Asp Gly Ile Met
 85 90 95
 Tyr Gly Cys Gly Thr Val Asp Met Lys Ser Gly Leu Ala Val Tyr Leu
 100 105 110
 His Thr Phe Ala Thr Leu Ala Thr Ser Thr Glu Leu Lys His Asp Leu
 115 120 125
 Thr Leu Ile Ala Tyr Glu Cys Glu Glu Val Ala Asp His Leu Asn Gly
 130 135 140
 Leu Gly His Ile Arg Asp Glu His Pro Glu Trp Leu Ala Ala Asp Leu
 145 150 155 160
 Ala Leu Leu Gly Glu Pro Thr Gly Gly Trp Ile Glu Ala Gly Cys Gln
 165 170 175
 Gly Asn Leu Arg Ile Lys Val Thr Ala His Gly Val Arg Ala His Ser
 180 185 190
 Ala Arg Ser Trp Leu Gly Asp Asn Ala Met His Lys Leu Ser Pro Ile
 195 200 205
 Ile Ser Lys Val Ala Ala Tyr Lys Ala Ala Glu Val Asn Ile Asp Gly
 210 215 220
 Leu Thr Tyr Arg Glu Gly Leu Asn Ile Val Phe Cys Glu Ser Gly Val
 225 230 235 240
 Ala Asn Asn Val Ile Pro Asp Leu Ala Trp Met Asn Leu Asn Phe Arg
 245 250 255
 Phe Ala Pro Asn Arg Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu His Val Val Glu
 260 265 270
 Thr Leu Glu Leu Asp Gly Gln Asp Gly Ile Glu Trp Ala Val Glu Asp
 275 280 285
 Gly Ala Gly Gly Ala Leu Pro Gly Leu Gly Gln Gln Val Thr Ser Gly

10

20

30

10

20

30

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 Glu Ile Glu Glu His Phe Arg Lys Ile His Ala Ala Ala Pro Glu Leu 120 125 130			499
cca ctg ttt gcc tac aac atc cca gtg tcg gtg cac tcc aac ctc aac Pro Leu Phe Ala Tyr Asn Ile Pro Val Ser Val His Ser Asn Leu Asn 135 140 145			547
cca gtc atg ctt ttg acg ctg gcc aag gat gcc gtt ctt gca gcc acc Pro Val Met Leu Leu Thr Leu Ala Lys Asp Gly Val Leu Ala Gly Thr 150 155 160 165			595
aag gat tcc agt gcc aat gat gcc gca atc cgc tca ctg atc gaa gct Lys Asp Ser Ser Gly Asn Asp Gly Ala Ile Arg Ser Leu Ile Glu Ala 170 175 180			643
cgt gat gat gct gga ctc act gag cag ttc aag atc ctc acc gcc agc Arg Asp Asp Ala Gly Leu Thr Glu Gln Phe Lys Ile Leu Thr Gly Ser 185 190 195			691
gaa acc acc gtt gat ttc gcc tac ctt gcg ggt gcc gat gga gtt gtc Glu Thr Thr Val Asp Phe Ala Tyr Leu Ala Gly Ala Asp Gly Val Val 200 205 210			739
cca gcc ctg gcc aat gtt gat cct gca gca tac gca gct tta gca aaa Pro Gly Leu Gly Asn Val Asp Pro Ala Ala Tyr Ala Ala Leu Ala Lys 215 220 225			787
ctc tgc ctc gat gga aag tgg gca gaa gct gct gct ttg cag aag cgc Leu Cys Leu Asp Gly Lys Trp Ala Glu Ala Ala Ala Leu Gln Lys Arg 230 235 240 245			835
atc aac cac ctc ttc cac atc gtc ttc gtg gga gac acc tcc cat atg Ile Asn His Leu Phe His Ile Val Phe Val Gly Asp Thr Ser His Met 250 255 260			883
tcc gga tcc agc gct ggt ttg gcc ggt ttc aag aca gca ctc gca cac Ser Gly Ser Ser Ala Gly Leu Gly Gly Phe Lys Thr Ala Leu Ala His 265 270 275			931
ctt gcc att att gaa tcc aat gcg atg gca gtt cct cac cag agc ctc Leu Gly Ile Ile Glu Ser Asn Ala Met Ala Val Pro His Gln Ser Leu 280 285 290			979
agc gac gaa gaa act gct cgc att cac gcc att gtt gat gaa ttc ctg Ser Asp Glu Glu Thr Ala Arg Ile His Ala Ile Val Asp Glu Phe Leu 295 300 305			1027
tac acc gct taaggccac acctcatgac tga Tyr Thr Ala 310			1059

10

20

30

<210> 32
 <211> 312
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 32

Met Ala Ser Ala Thr Phe Thr Gly Val Ile Pro Pro Val Met Thr Pro
 1 5 10 15
 Leu His Ala Asp Gly Ser Val Asp Val Glu Ser Leu Arg Lys Leu Val
 20 25 30
 Asp His Leu Ile Asn Gly Gly Val Asp Gly Leu Phe Ala Leu Gly Ser
 35 40 45
 Ser Gly Glu Ala Ala Phe Leu Thr Arg Ala Gln Arg Lys Leu Ala Leu
 50 55 60
 Thr Thr Ile Ile Glu His Thr Ala Gly Arg Val Pro Val Thr Ala Gly
 65 70 75 80
 Val Ile Glu Thr Thr Thr Ala Arg Val Ile Glu Leu Val Glu Asp Ala
 85 90 95
 Leu Glu Ala Gly Ala Glu Gly Leu Val Ala Thr Ala Pro Phe Tyr Thr
 100 105 110
 Arg Thr His Asp Val Glu Ile Glu Glu His Phe Arg Lys Ile His Ala
 115 120 125
 Ala Ala Pro Glu Leu Pro Leu Phe Ala Tyr Asn Ile Pro Val Ser Val
 130 135 140
 His Ser Asn Leu Asn Pro Val Met Leu Leu Thr Leu Ala Lys Asp Gly
 145 150 155 160
 Val Leu Ala Gly Thr Lys Asp Ser Ser Gly Asn Asp Gly Ala Ile Arg
 165 170 175
 Ser Leu Ile Glu Ala Arg Asp Asp Ala Gly Leu Thr Glu Gln Phe Lys
 180 185 190
 Ile Leu Thr Gly Ser Glu Thr Thr Val Asp Phe Ala Tyr Leu Ala Gly
 195 200 205
 Ala Asp Gly Val Val Pro Gly Leu Gly Asn Val Asp Pro Ala Ala Tyr
 210 215 220
 Ala Ala Leu Ala Lys Leu Cys Leu Asp Gly Lys Trp Ala Glu Ala Ala
 225 230 235 240
 Ala Leu Gln Lys Arg Ile Asn His Leu Phe His Ile Val Phe Val Gly
 245 250 255
 Asp Thr Ser His Met Ser Gly Ser Ser Ala Gly Leu Gly Gly Phe Lys
 260 265 270
 Thr Ala Leu Ala His Leu Gly Ile Ile Glu Ser Asn Ala Met Ala Val
 275 280 285
 Pro His Gln Ser Leu Ser Asp Glu Glu Thr Ala Arg Ile His Ala Ile
 290 295 300
 Val Asp Glu Phe Leu Tyr Thr Ala
 305 310

10

20

30

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

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(844)
 <223> RXA00863

<400> 33
 aacgggtcagt taggtatgga tatcagcacc ttctgaacgg gtaoigtctag actgggtgggc 60

gtttgaaaaa ctcttcgccc caccgaaatg aaggagcata atg gga atc aag gtt 115
 Met Gly Ile Lys Val
 1 5

10

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

20

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

30

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 cag 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 taaaggatca tttcagcagc ggg 867
 Leu Gly Leu

10

<210> 34
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 34
 Met Gly Ile Lys Val Gly Val Leu Gly Ala Lys Gly Arg Val Gly Gln
 1 5 10 15

Thr Ile Val Ala Ala Val Asn Glu Ser Asp Asp Leu Glu Leu Val Ala
 20 25 30

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

Glu Val Val Val Asp Phe Thr Thr Pro Asn Ala Val Met Gly Asn Leu
 50 55 60

Glu Phe Cys Ile Asn Asn Gly Ile Ser Ala Val Val Gly Thr Thr Gly
 65 70 75 80

Phe Asp Asp Ala Arg Leu Glu Gln Val Arg Asp Trp Leu Glu Gly Lys
 85 90 95

Asp Asn Val Gly Val Leu Ile Ala Pro Asn Phe Ala Ile Ser Ala Val
 100 105 110

Leu Thr Met Val Phe Ser Lys Gln Ala Ala Arg Phe Phe Glu Ser Ala
 115 120 125

Glu Val Ile Glu Leu His His Pro Asn Lys Leu Asp Ala Pro Ser Gly
 130 135 140

Thr Ala Ile His Thr Ala Gln Gly Ile Ala Ala Ala Arg Lys Glu Ala
 145 150 155 160

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

Arg Gly Ala Ser Val Asp Gly Ile Pro Val His Ala Val Arg Met Ser

20

30

180	185	190
Gly Met Val Ala His Glu Gln Val Ile Phe Gly Thr Gln Gly Gln Thr		
195	200	205
Leu Thr Ile Lys Gln Asp Ser Tyr Asp Arg Asn Ser Phe Ala Pro Gly		
210	215	220
Val Leu Val Gly Val Arg Asn Ile Ala Gln His Pro Gly Leu Val Val		
225	230	235
240		
Gly Leu Glu His Tyr Leu Gly Leu		
245		

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

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(850)
 <223> RXA00864

<400> 35
 acagcaccca ggctagtcg taggacttga gcattaccta ggccctgtaaa 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 cgg 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

10

20

30

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 taacgcaaaag ctacacacca cga 873
 Tyr Val Met Asp Phe
 250

10

20

<210> 36
 <211> 250
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 36
 Val Ala Glu Gln Val Lys Leu Ser Val Glu Leu Ile Ala Cys Ser Ser
 1 5 10 15

Phe Thr Pro Pro Ala Asp Val Glu Trp Ser Thr Asp Val Glu Gly Ala
 20 25 30

Glu Ala Leu Val Glu Phe Ala Gly Arg Ala Cys Tyr Glu Thr Phe Asp
 35 40 45

Lys Pro Asn Pro Arg Thr Ala Ser Asn Ala Ala Tyr Leu Arg His Ile
 50 55 60

Met Glu Val Gly His Thr Ala Leu Leu Glu His Ala Asn Ala Thr Met
 65 70 75 80

Tyr Ile Arg Gly Ile Ser Arg Ser Ala Thr His Glu Leu Val Arg His
 85 90 95

Arg His Phe Ser Phe Ser Gln Leu Ser Gln Arg Phe Val His Ser Gly

30

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											

10

<210> 37
 <211> 608
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>
 <221> CDS
 <222> (69)..(608)
 <223> RXA02843

<400> 37
 cccattgcgc ggaggctcgca ccccttcgca ctggaactga taggcgcgata gaaattattc 60

tggacgctc 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

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 cgg tgc gca gtt gac ggt ttc gca			398
Asn Val Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala			
95	100	105	110
ctc acc cgc gcg cgc ctg tca cgc cga ggc caa gtt acg gtt tat agc			446
Leu Thr Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser			
115	120	125	
gtc gac aag ttc cca cgc atg gtc gac tat gtg gtt ccc tcg ggc gtg			494
Val Asp Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val			
130	135	140	
cgc atc ggt gac gcc gac cgc gtc cga ctt ggc gcg tac ctg gca gat			542
Arg Ile Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp			
145	150	155	
ggc acc acc gtg atg cat gag ggc ttc gtg aac ttc aac gct ggc acg			590
Gly Thr Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr			
160	165	170	
ctc ggc gct tcc atg gtt			608
Leu Gly Ala Ser Met Val			
175	180		

<210> 38
 <211> 180
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 38	
Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Thr Gly	
1	15
Asp Val Leu Asp Val Trp Tyr Pro Glu Ile Gly Ser Thr Asp Gln Ser	
20	30
Ala Leu Thr Pro Leu Glu Gly Val Asp Glu Asp Arg Asn Val Thr Arg	
35	45
Lys Ile Val Thr Thr Thr Ile Asp Thr Asp Ala Ala Pro Thr Asp Thr	
50	60
Tyr Asp Ala Trp Leu Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Val Phe Arg	
65	80
Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn Asn Val	
85	95
Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala Leu Thr	
100	110
Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser Val Asp	
115	125

10

20

30

Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val Arg Ile
 130 135 140

Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp Gly Thr
 145 150 155 160

Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr Leu Gly
 165 170 175

Ala Ser Met Val
 180

<210> 39
 <211> 1143
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

10

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1120)
 <223> RXN00355

<400> 39
 aatagatcag cgcattccgtg gtggaaccaa aaggctcaac aatacgaac gttegccttc 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

20

acc aac atc cgc gta gct atc gtg gcc 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 oca 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

30

atg gcc 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 gcc aac gtt gca 499
 His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala Ala Gly Asn Val Ala
 120 125 130

ctg gtc tct acc ggc tgg gat cca gga atg ttc tcc atc aac cgc gtc 547
 Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe Ser Ile Asn Arg Val
 135 140 145

tac gca gcg gca gtc tta gcc gag cac cag cag cac acc ttc tgg ggc 595
 Tyr Ala Ala Ala Val Leu Ala Glu His Gln Gln His Thr Phe Trp Gly
 150 155 160 165

cca ggt ttg tca cag ggc cac tcc gat gct ttg cga cgc atc cct ggc 643
 Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu Arg Arg Ile Pro Gly
 170 175 180

gtt caa aag gca gtc cag tac acc ctc cca tcc gaa gac gcc ctg gaa 691
 Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser Glu Asp Ala Leu Glu
 185 190 195

aag gcc cgc cgc ggc gaa gcc ggc gac ctt acc gga aag caa acc cac 739
 Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr Gly Lys Gln Thr His
 200 205 210

aag cgc caa tgc ttc gtg gtt gcc gac gcg gcc gat cac gag cgc atc 787
 Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala Asp His Glu Arg Ile
 215 220 225

gaa aac gac atc cgc acc atg cct gat tac ttc gtt ggc tac gaa gtc 835
 Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe Val Gly Tyr Glu Val
 230 235 240 245

gaa gtc aac ttc atc gac gaa gca acc ttc gac tcc gag cac acc ggc 883
 Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp Ser Glu His Thr Gly
 250 255 260

atg cca cac ggt ggc cac gtg att acc acc ggc gac acc ggt ggc ttc 931
 Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly Asp Thr Gly Gly Phe
 265 270 275

aac cac acc gtg gaa tac atc ctc aag ctg gac cga aac cca gat ttc 979
 Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys Leu Asp Arg Asn Pro Asp Phe
 280 285 290

acc gct tcc tca cag atc gct ttc ggt cgc gca gct cac cgc atg aag 1027
 Thr Ala Ser Ser Gln Ile Ala Phe Gly Arg Ala Ala His Arg Met Lys
 295 300 305

cag cag ggc caa agc gga gct ttc acc gtc ctc gaa gtt gct cca tac 1075
 Gln Gln Gly Gln Ser Gly Ala Phe Thr Val Leu Glu Val Ala Pro Tyr
 310 315 320 325

ctg ctc tcc cca gag aac ttg gac gat ctg atc gca cgc gac gtc 1120
 Leu Leu Ser Pro Glu Asn Leu Asp Asp Leu Ile Ala Arg Asp Val
 330 335 340

taatttagct cgaggggcaa gga 1143

<210> 40

<211> 340

<212> FRT

<213> Corynebacterium glutamicum

10

20

30

<400> 40
Met His Leu Gly Lys Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu
1 5 10 15
Asp Tyr Lys Asn Met Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly
20 25 30
Asn Leu Gly Arg Ser Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met
35 40 45
Asp Leu Val Gly Ile Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr
50 55 60
Pro Val Phe Asp Val Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp
65 70 75 80
Val Leu Phe Leu Cys Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala
85 90 95
Pro Lys Phe Ala Gln Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His
100 105 110
Arg Asp Ile Pro Arg His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala
115 120 125
Ala Gly Asn Val Ala Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe
130 135 140
Ser Ile Asn Arg Val Tyr Ala Ala 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

10

20

30

Glu Val Ala Pro Tyr Leu Leu Ser Pro Glu Asn Leu Asp Asp Leu Ile
 325 330 335

Ala Arg Asp Val
 340

<210> 41
 <211> 958
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> {101}..(958)
 <223> FRXA00352

10

<400> 41
 aatagatcag cgcacccgtg gtggaaccaa aaggctcaac aatacgaac gttcgtttc 60

ggtcctgatg aaagagatgt cactgaatca 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 gcc 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

20

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 egg 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 gcc 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

30

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 gcc 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 gcc 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 gcc 595

Tyr Ala Ala Ala Val Leu Ala Glu His Gln Gln His Thr Phe Trp Gly
 150 155 160 165
 cca ggt ttg tca cag ggc cac tcc gat gct ttg cga cgc atc cct ggc 643
 Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu Arg Arg Ile Pro Gly
 170 175 180
 gtt caa aag gca gtc cag tac acc ctc cca tcc gaa gac gcc ctg gaa 691
 Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser Glu Asp Ala Leu Glu
 185 190 195
 aag gcc cgc cgc ggc gaa gcc ggc gac ctt acc gga aag caa acc cac 739
 Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr Gly Lys Gln Thr His
 200 205 210
 aag cgc caa tgc ttc gtg gtt gcc gac gcg gcc gat cac gag cgc atc 787
 Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala Asp His Glu Arg Ile
 215 220 225
 gaa aac gac atc cgc acc atg cct gat tac ttc gtt ggc tac gaa gtc 835
 Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe Val Gly Tyr Glu Val
 230 235 240 245
 gaa gtc aac ttc atc gac gaa gca acc ttc gac tcc gag cac acc ggc 883
 Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp Ser Glu His Thr Gly
 250 255 260
 atg cca cac ggt ggc cac gtg att acc acc ggc gac acc ggt ggc ttc 931
 Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly Asp Thr Gly Gly Phe
 265 270 275
 aac cac acc gtg gaa tac atc ctc aag 958
 Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys
 280 285

10

20

<210> 42
 <211> 286
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 42
 Met His Leu Gly Lys Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu
 1 5 10 15
 Asp Tyr Lys Asn Met Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly
 20 25 30
 Asn Leu Gly Arg Ser Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met
 35 40 45
 Asp Leu Val Gly Ile Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr
 50 55 60
 Pro Val Phe Asp Val Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp
 65 70 75 80
 Val Leu Phe Leu Cys Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala
 85 90 95
 Pro Lys Phe Ala Gln Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His

30

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

10

20

<210> 43
 <211> 1400
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1377)
 <223> RXA00972

<400> 43
 cct gca cct ggt tgg cgt ttc cgc acc gga gaa gat gta aca atg gct 48
 Pro Ala Pro Gly Trp Arg Phe Arg Thr Gly Glu Asp Val Thr Met Ala
 1 5 10 15
 aca gtt gaa aat ttc aat gaa ctt ccc gca cac gta tgg cca cgc aat 96
 Thr Val Glu Asn Phe Asn Glu Leu Pro Ala His Val Trp Pro Arg Asn
 20 25 30
 gcc gtg cgc caa gaa gac ggc gtt gtc acc gtc gct ggt gtg cct ctg 144
 Ala Val Arg Gln Glu Asp Gly Val Val Thr Val Ala Gly Val Pro Leu
 35 40 45
 cct gac ctg 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

30

50	55	60	
gac gat ttc cgt tcc cgc tgt cgc gac atg gct acc gca ttc ggt gga Asp Asp Phe Arg Ser Arg Cys Arg Asp Met Ala Thr Ala Phe Gly Gly 65 70 75 80	240		
cca ggc aat gtg cac tac gca tct aaa gcg ttc ctg acc aag acc att Pro Gly Asn Val His Tyr Ala Ser Lys Ala Phe Leu Thr Lys Thr Ile 85 90 95	288		
gca cgt tgg gtt gat gaa gag ggg ctg gca ctg gac att gca tcc atc Ala Arg Trp Val Asp Glu Glu Gly Leu Ala Leu Asp Ile Ala Ser Ile 100 105 110	336		
aac gaa ctg ggc att gcc ctg gcc gct ggt ttc ccc gcc agc cgt atc Asn Glu Leu Gly Ile Ala Leu Ala Ala Gly Phe Pro Ala Ser Arg Ile 115 120 125	384		
acc gcg cac ggc aac aac aaa gcc gta gag ttc ctg cgc gcg ttg gtt Thr Ala His Gly Asn Asn Lys Gly Val Glu Phe Leu Arg Ala Leu Val 130 135 140	432		
caa aac ggt gtg gga cac gtg gtg ctg gac tcc gca cag gaa cta gaa Gln Asn Gly Val Gly His Val Val Leu Asp Ser Ala Gln Glu Leu Glu 145 150 155 160	480		
ctg ttg gat tac gtt gcc gct ggt gaa ggc aag att cag gac gtg ttg Leu Leu Asp Tyr Val Ala Ala Gly Glu Gly Lys Ile Gln Asp Val Leu 165 170 175	528		
atc cgc gta aag cca gcc atc gaa gca cac acc cac gag ttc atc gcc Ile Arg Val Lys Pro Gly Ile Glu Ala His Thr His Glu Phe Ile Ala 180 185 190	576		
act agc cac gaa gac cag aag ttc gga ttc tcc ctg gca tcc ggt tcc Thr Ser His Glu Asp Gln Lys Phe Gly Phe Ser Leu Ala Ser Gly Ser 195 200 205	624		
gca ttc gaa gca gca aaa gcc gcc aac aac gca gaa aac ctg aac ctg Ala Phe Glu Ala Ala Lys Ala Ala Asn Asn Ala Glu Asn Leu Asn Leu 210 215 220	672		
gtt ggc ctg cac tgc cac gtt ggt tcc cag gtg ttc gac gcc gaa ggc Val Gly Leu His Cys His Val Gly Ser Gln Val Phe Asp Ala Glu Gly 225 230 235 240	720		
ttc aag ctg gca gca gaa cgc gtg ttg ggc ctg tac tca cag atc cac Phe Lys Leu Ala Ala Glu Arg Val Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile His 245 250 255	768		
agc gaa ctg ggc gtt gcc ctt cct gaa ctg gat ctc ggt ggc gga tac Ser Glu Leu Gly Val Ala Leu Pro Glu Leu Asp Leu Gly Gly Gly Tyr 260 265 270	816		
ggc att gcc tat acc gca gct gaa gaa cca ctc aac gtc gca gaa gtt Gly Ile Ala Tyr Thr Ala Ala Glu Glu Pro Leu Asn Val Ala Glu Val 275 280 285	864		
gcc tcc gac ctg ctc acc gca gtc gga aaa atg gca gcg gaa cta ggc Ala Ser Asp Leu Leu Thr Ala Val Gly Lys Met Ala Ala Glu Leu Gly 290 295 300	912		

10

20

30

atc gac gca cca acc gtg ctt gtt gag ccc ggc cgc gct atc gca ggc 960
 Ile Asp Ala Pro Thr Val Leu Val Glu Pro Gly Arg Ala Ile Ala Gly
 305 310 315 320
 ccc tcc acc gtg acc atc tac gaa gtc ggc acc acc aaa gac gtc cac 1008
 Pro Ser Thr Val Thr Ile Tyr Glu Val Gly Thr Thr Lys Asp Val His
 325 330 335
 gta gac gac gac aaa acc cgc cgt tac atc gcc gtg gac gga ggc atg 1056
 Val Asp Asp Asp Lys Thr Arg Arg Tyr Ile Ala Val Asp Gly Gly Met
 340 345 350
 tcc gac aac atc cgc cca gca ctc tac ggg tcc gaa tac gac gcc cgc 1104
 Ser Asp Asn Ile Arg Pro Ala Leu Tyr Gly Ser Glu Tyr Asp Ala Arg
 355 360 365
 gta gta tcc cgc ttc gcc gaa gga gac cca gta agc acc cgc atc gtg 1152
 Val Val Ser Arg Phe Ala Glu Gly Asp Pro Val Ser Thr Arg Ile Val
 370 375 380
 ggc tcc cac tgc gaa tcc ggc gat atc ctg atc aac gat gaa atc tac 1200
 Gly Ser His Cys Glu Ser Gly Asp Ile Leu Ile Asn Asp Glu Ile Tyr
 385 390 395 400
 cca tct gac atc acc agc ggc gac ttc ctt gca ctc gca gcc acc ggc 1248
 Pro Ser Asp Ile Thr Ser Gly Asp Phe Leu Ala Leu Ala Ala Thr Gly
 405 410 415
 gca tac tgc tac gcc atg agc tcc cgc tac aac gcc ttc aca cgg ccc 1296
 Ala Tyr Cys Tyr Ala Met Ser Ser Arg Tyr Asn Ala Phe Thr Arg Pro
 420 425 430
 gcc gtc gtg tcc gtc cgc gct ggc agc tcc cgc ctc atg ctg cgc cgc 1344
 Ala Val Val Ser Val Arg Ala Gly Ser Ser Arg Leu Met Leu Arg Arg
 435 440 445
 gaa acg ctc gac gac atc ctc tca cta gag gca taacgctttt cgacgcctga 1397
 Glu Thr Leu Asp Asp Ile Leu Ser Leu Glu Ala
 450 455
 ccc 1400

<210> 44
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 44
 Pro Ala Pro Gly Trp Arg Phe Arg Thr Gly Glu Asp Val Thr Met Ala
 1 5 10 15
 Thr Val Glu Asn Phe Asn Glu Leu Pro Ala His Val Trp Pro Arg Asn
 20 25 30
 Ala Val Arg Gln Glu Asp Gly Val Val Thr Val Ala Gly Val Pro Leu
 35 40 45
 Pro Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Thr Pro Leu Phe Val Val Asp Glu
 50 55 60

10

20

30

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

10

20

30

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

10

<210> 45
 <211> 2121
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2098)
 <223> RKA02653

<400> 45
 agacagagtg ttagtgcggtg gggcagctct cactttcacc gacatcactc gagtatgctc 60

accggccgta ttcattccaa taaccgcgac agggaaacta atg ata ccg aag ccc 115
 Met Ile Pro Lys Pro
 1 5

20

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

30

cgc gct tcc tac gaa ggg cgt gac agc cta atc gga ttt gat cac tta 355
 Arg Ala Ser Tyr Glu Gly Arg Asp Ser Leu Ile Gly Phe Asp His Leu
 70 75 80 85

gcc cgg gaa atg gaa aga tta gcc ttc ggc cca cca tcc gaa agt ttt 403
 Ala Arg Glu Met Glu Arg Leu Ala Phe Gly Pro Pro Ser Glu Ser Phe
 90 95 100

gaa tac ctc caa gaa ctc gta aaa tcc gga gtg gta gac atc act cac 451
 Glu Tyr Leu Gln Glu Leu Val Lys Ser Gly Val Val Asp Ile Thr His
 105 110 115

ctg cat cgt ggc cgg gaa cca ctg aca gat tta gtt cgt gaa ctt gaa 499
 Leu His Arg Gly Arg Glu Pro Leu Thr Asp Leu Val Arg Glu Leu Glu
 120 125 130

ata act gtg gtg ata gac gct gtt ctt ccc cgg 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 aas gag gga tat gcc aga atg cgt 595
 Gly Thr Leu Val His Asn Leu Val Lys Glu Gly Tyr Ala Arg Met Arg
 150 155 160 165

cct ggg act cgg ggg tta gat gta gcg gct gac ggc acc gtt caa ggg 643
 Pro Gly Thr Arg Gly Leu Asp Val Ala Ala Asp Gly Thr Val Gln Gly
 170 175 180

caa cga cat ttg gct gca gtc gga cgg atg acg gaa gat gtg gtt ttg 691
 Gln Arg His Leu Ala Ala Val Gly Arg Met Thr Glu Asp Val Val Leu
 185 190 195

ggt aat gac aca ttg tcg cga tca tta cat gac ata atc ccg aag tgg 739
 Gly Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Leu His Asp Ile Ile Pro Lys Trp
 200 205 210

gct cgt cga gtt atc cgc gac gcg agc acg tat ccc gat agg gta cat 787
 Ala Arg Arg Val Ile Arg Asp Ala Ser Thr Tyr Pro Asp Arg Val His
 215 220 225

ggt act cca ccg ctt ccg gca cgg ttg gaa ccc tgg gcg gaa aag ctc 835
 Gly Thr Pro Pro Leu Pro Ala Arg Leu Glu Pro Trp Ala Glu Lys Leu
 230 235 240 245

act tca gat ccg gcc aca tgc cgc cac ctg att gaa gaa ttc ggg agt 883
 Thr Ser Asp Pro Ala Thr Cys Arg His Leu Ile Glu Glu Phe Gly Ser
 250 255 260

cct gtg aat gta ctc cat tca ggt tct atg cct cgt aat ata aat gag 931
 Pro Val Asn Val Leu His Ser Gly Ser Met Pro Arg Asn Ile Asn Glu
 265 270 275

ttg gtt gac gcc ggc att cag atg ggg gtg gat act cga ata ttt ttt 979
 Leu Val Asp Ala Gly Ile Gln Met Gly Val Asp Thr Arg Ile Phe Phe
 280 285 290

gcc cgc aaa gcg aat aag ggt ctt acc ttc gtt gat gcc gtt aaa gac 1027
 Ala Arg Lys Ala Asn Lys Gly Leu Thr Phe Val Asp Ala Val Lys Asp
 295 300 305

acc ggt cat ggt gta gat gta gcc agt gaa cga gag tta tct cag gtg 1075
 Thr Gly His Gly Val Asp Val Ala Ser Glu Arg Glu Leu Ser Gln Val
 310 315 320 325

ctt aat cgt gga gtc cca gga gag cgg atc att cta tcc gca gct atc 1123
 Leu Asn Arg Gly Val Pro Gly Glu Arg Ile Ile Leu Ser Ala Ala Ile
 330 335 340

aaa ccg gac aga cta ttg gca tta gcg atc gaa aat ggc gtg atc atc 1171
 Lys Pro Asp Arg Leu Leu Ala Leu Ala Ile Glu Asn Gly Val Ile Ile
 345 350 355

tct gtg gat tcg cgt gat gaa tta gat cgc att tcg gct ttg gtt ggt 1219

10

20

30

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
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
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					

10

20

30

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			

10

<210> 46
 <211> 666
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 46															
Met	Ile	Pro	Lys	Pro	Asp	Val	Thr	Asp	Leu	Tyr	Leu	Glu	Asp	Leu	Leu
1				5					10					15	
Asn	Glu	Gly	Ser	Glu	Lys	Ile	Arg	Ser	Ala	Lys	Asp	Leu	Ser	Glu	Leu
	20						25					30			
Arg	Thr	Val	Leu	Lys	Glu	Val	Ser	Ser	Gln	Ile	Gln	Glu	Arg	Ala	Gly
	35						40					45			
Lys	Lys	Asp	Glu	Glu	Trp	Gly	Met	Gly	Ala	Thr	Trp	Arg	Glu	Leu	Tyr
	50					55					60				
Pro	Ser	Ile	Val	Glu	Arg	Ala	Ser	Tyr	Glu	Gly	Arg	Asp	Ser	Leu	Ile
65				70					75					80	
Gly	Phe	Asp	His	Leu	Ala	Arg	Glu	Met	Glu	Arg	Leu	Ala	Phe	Gly	Pro
			85				90						95		
Pro	Ser	Glu	Ser	Phe	Glu	Tyr	Leu	Gln	Glu	Leu	Val	Lys	Ser	Gly	Val
	100						105						110		
Val	Asp	Ile	Thr	His	Leu	His	Arg	Gly	Arg	Glu	Pro	Leu	Thr	Asp	Leu
	115						120					125			
Val	Arg	Glu	Leu	Glu	Ile	Thr	Val	Val	Ile	Asp	Ala	Val	Leu	Pro	Pro
	130					135				140					
Pro	Gly	Val	Val	Pro	Gly	Thr	Leu	Val	His	Asn	Leu	Val	Lys	Glu	Gly
145				150					155					160	
Tyr	Ala	Arg	Met	Arg	Pro	Gly	Thr	Arg	Gly	Leu	Asp	Val	Ala	Ala	Asp
			165					170					175		
Gly	Thr	Val	Gln	Gly	Gln	Arg	His	Leu	Ala	Ala	Val	Gly	Arg	Met	Thr
			180				185						190		

20

30

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

10

20

30

10

20

30

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				10
	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				20
	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				30
	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	
tgaaaagggtt cag			993	

<210> 48
 <211> 290
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 48
 Met Asn Pro Ile Gln Leu Asp Thr Leu Leu Ser Ile Ile Asp Glu Gly
 1 5 10 15
 Ser Phe Glu Gly Ala Ser Leu Ala Leu Ser Ile Ser Pro Ser Ala Val
 20 25 30
 Ser Gln Arg Val Lys Ala Leu Glu His His Val Gly Arg Val Leu Val
 35 40 45
 Ser Arg Thr Gln Pro Ala Lys Ala Thr Glu Ala Gly Glu Val Leu Val
 50 55 60
 Gln Ala Ala Arg Lys Met Val Leu Leu Gln Ala Glu Thr Lys Ala Gln
 65 70 75 80
 Leu Ser Gly Arg Leu Ala Glu Ile Pro Leu Thr Ile Ala Ile Asn Ala
 85 90 95
 Asp Ser Leu Ser Thr Trp Phe Pro Pro Val Phe Asn Glu Val Ala Ser
 100 105 110
 Trp Gly Gly Ala Thr Leu Thr Leu Arg Leu Glu Asp Glu Ala His Thr
 115 120 125
 Leu Ser Leu Leu Arg Arg Gly Asp Val Leu Gly Ala Val Thr Arg Glu
 130 135 140
 Ala Asn Pro Val Ala Gly Cys Glu Val Val Glu Leu Gly Thr Met Arg
 145 150 155 160
 His Leu Ala Ile Ala Thr Pro Ser Leu Arg Asp Ala Tyr Met Val Asp
 165 170 175
 Gly Lys Leu Asp Trp Ala Ala Met Pro Val Leu Arg Phe Gly Pro Lys
 180 185 190
 Asp Val Leu Gln Asp Arg Asp Leu Asp Gly Arg Val Asp Gly Pro Val
 195 200 205
 Gly Arg Arg Arg Val Ser Ile Val Pro Ser Ala Glu Gly Phe Gly Glu
 210 215 220
 Ala Ile Arg Arg Gly Leu Gly Trp Gly Leu Leu Pro Glu Thr Gln Ala
 225 230 235 240
 Ala Pro Met Leu Lys Ala Gly Glu Val Ile Leu Leu Asp Glu Ile Pro
 245 250 255
 Ile Asp Thr Pro Met Tyr Trp Gln Arg Trp Arg Leu Glu Ser Arg Ser
 260 265 270
 Leu Ala Arg Leu Thr Asp Ala Val Val Asp Ala Ala Ile Glu Gly Leu
 275 280 285
 Arg Pro

10

20

30

290

<210> 49
 <211> 1626
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> {101}..{1603}
 <223> RXA00241

<400> 49
 ggtotcagc atttctaac aattcatctg cacttgatta attggcccca agattacgcg 60

10

aagtttagcg acttcgccgt acgtcaacta cgttaaatga gtg aat act caa tca 115
 Val Asn Thr Gln Ser
 1 5

gat tct gcg ggg tct caa ggt gca gcg gcc aca agt cgt act gta tct 163
 Asp Ser Ala Gly Ser Gln Gly Ala Ala Ala Thr Ser Arg Thr Val Ser
 10 15 20

att aga acc ctg atc gcg ctg atc atc gga tgc acc gtc gcc 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 gcc tca gtc gca ggt ccc gcc gcg 259
 Ile Phe Ser Ile Pro Gln Asn Ile Gly Ser Val Ala Gly Pro Gly Ala
 40 45 50

20

atg ctg atc gcc tgg ctg atc gcc ggt gtg gcc 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 ctg gat tct gcc 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 gcc 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 gcc tac 451
 Ser Ala Trp Gly Tyr Trp Leu Gly Ser Val Ile Ala Gln Val Gly Tyr
 105 110 115

30

gca acg tta ttt ttc tcc acg ttg gcc 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 tot	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 tog 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 tog 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	

10

20

30


```

      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 cgg cag ttt gtc ctc ttc gga gcc atg gcg atg 1459
Phe Tyr Ala Ala Glu Pro Gln Phe Val Leu Phe Gly Ala Met Ala Met
      440              445              450

ctt ccc ggc tta atc ccc tat gtg tgg aca agg att tat cgt ggc gaa 1507
Leu Pro Gly Leu Ile Pro Tyr Val Trp Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Glu
      455              460              465

cag gtg ttt aac cgc ttt gaa atc ggc gtg gtt gtt gtc ctg gtc gtt 1555
Gln Val Phe Asn Arg Phe Glu Ile Gly Val Val Val Val Leu Val Val
      470              475              480              485

gct gcc agc gcg ggc gtt att ggt ttg gtc aac gga tca cta tcg ctt 1603
Ala Ala Ser Ala Gly Val Ile Gly Leu Val Asn Gly Ser Leu Ser Leu
      490              495              500

taaacaccga aaccttcctg cta 1626

```

```

<210> 50
<211> 501
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

```

```

<400> 50
Val Asn Thr Gln Ser Asp Ser Ala Gly Ser Gln Gly Ala Ala Ala Thr
  1              5              10              15

Ser Arg Thr Val Ser Ile Arg Thr Leu Ile Ala Leu Ile Ile Gly Ser
  20              25              30

Thr Val Gly Ala Gly Ile Phe Ser Ile Pro Gln Asn Ile Gly Ser Val
  35              40              45

Ala Gly Pro Gly Ala Met Leu Ile Gly Trp Leu Ile Ala Gly Val Gly
  50              55              60

Met Leu Ser Val Ala Phe Val Phe His Val Leu Ala Arg Arg Lys Pro
  65              70              75              80

His Leu Asp Ser Gly Val Tyr Ala Tyr Ala Arg Val Gly Leu Gly Asp
  85              90              95

Tyr Val Gly Phe Ser Ser Ala Trp Gly Tyr Trp Leu Gly Ser Val Ile
  100             105             110

Ala Gln Val Gly Tyr Ala Thr Leu Phe Phe Ser Thr Leu Gly His Tyr
  115             120             125

Val Pro Leu Phe Ser Gln Asp His Pro Phe Val Ser Ala Leu Ala Val
  130             135             140

Ser Ala Leu Thr Trp Leu Val Phe Gly Val Val Ser Arg Gly Ile Ser
  145             150             155             160

```

10

20

30

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

10

20

30

485 490 495

Gly Ser Leu Ser Leu
500

<210> 51
<211> 822
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(799)
<223> RKA01394

<400> 51
gagcaaagtg tccagttgaa tgggggttcat gaagctatat taaaccatgt taagaaccaa 60
tcatttttact taagtacttc cataggtcac gatggtgac 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 gcc 259
Val Leu Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Val Phe Leu Phe Ile Ala Gly
40 45 50
acc ttg gcc 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 gcc 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 gcc ggt tcg 451
Glu Glu Thr Glu Pro Thr Val Pro Asp Asp Thr Pro Leu Gly Gly Ser
105 110 115
gcg gtg gcc act gac acg cgc aac cgg gtg cgg gtg gag gtg agc gtc 499
Ala Val Ala Thr Asp Thr Arg Asn Arg Val Arg Val Glu Val Ser Val
120 125 130
gat aag cag cgg gtt tgg gta aag ccc atg ttg atg gca atc gtg ctg 547
Asp Lys Gln Arg Val Trp Val Lys Pro Met Leu Met Ala Ile Val Leu
135 140 145
acc tgg ttg aac ccg aat gcg tat ttg gac gcg ttt gtg ttt atc gcc 595
Thr Trp Leu Asn Pro Asn Ala Tyr Leu Asp Ala Phe Val Phe Ile Gly

10

20

30

10

20

30

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

<210> 53
 <211> 1026
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

10

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1003)
 <223> RXA00865

<400> 53
 ttatcggaat gtggccttggg cgattgttat gcaaaagttg ttaggttttt tgcggggttg 60

tttaaccccc aaatgaggga agaaggtaac ctgaactct atg agc aca ggt tta 115
 Met Ser Thr Gly Leu
 1 5

aca gct aag acc gga gta gag cac ttc ggc acc gtt gga gta gca atg 163
 Thr Ala Lys Thr Gly Val Glu His Phe Gly Thr Val Gly Val Ala Met
 10 15 20

20

gtt act cca ttc acg gaa tcc gga gac atc gat atc gct gct ggc cgc 211
 Val Thr Pro Phe Thr Glu Ser Gly Asp Ile Asp Ile Ala Ala Gly Arg
 25 30 35

gaa gtc gcg gct tat ttg gtt gat aag ggc ttg gat tct ttg gtt ctc 259
 Glu Val Ala Ala Tyr Leu Val Asp Lys Gly Leu Asp Ser Leu Val Leu
 40 45 50

gcg ggc acc act ggt gaa tcc cca acg aca acc gcc gct gaa aaa cta 307
 Ala Gly Thr Thr Gly Glu Ser Pro Thr Thr Thr Ala Ala Glu Lys Leu
 55 60 65

gaa ctg ctc aag gcc gtt cgt gag gaa gtt ggg gat cgg gcg aag ctc 355
 Glu Leu Leu Lys Ala Val Arg Glu Glu Val Gly Asp Arg Ala Lys Leu
 70 75 80 85

30

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 Ile Ala Ala Ala Thr Glu Val Pro Ile Cys Leu Tyr Asp Ile Pro Gly 135 140 145			547
cgg tca ggt att cca att gag tct gat acc atg aga cgc ctg agt gaa Arg Ser Gly Ile Pro Ile Glu Ser Asp Thr Met Arg Arg Leu Ser Glu 150 155 160 165			595
tta cct acg att ttg gcg gtc aag gac gcc aag ggt gac ctc gtt gca Leu Pro Thr Ile Leu Ala Val Lys Asp Ala Lys Gly Asp Leu Val Ala 170 175 180			643
gcc acg tca ttg atc aaa gaa acg gga ctt gcc tgg tat tca ggc gat Ala Thr Ser Leu Ile Lys Glu Thr Gly Leu Ala Trp Tyr Ser Gly Asp 185 190 195			691
gac cca cta aac ctt gtt tgg ctt gct ttg ggc gga tca ggt ttc att Asp Pro Leu Asn Leu Val Trp Leu Ala Leu Gly Gly Ser Gly Phe Ile 200 205 210			739
toc gta att gga cat gca gcc ccc aca gca tta cgt gag ttg tac aca Ser Val Ile Gly His Ala Ala Pro Thr Ala Leu Arg Glu Leu Tyr Thr 215 220 225			787
agc ttc gag gaa ggc gac ctc gtc cgt gcg cgg gaa atc aac gcc aaa Ser Phe Glu Glu Gly Asp Leu Val Arg Ala Arg Glu Ile Asn Ala Lys 230 235 240 245			835
cta tca ccg ctg gta gct gcc caa ggt cgc ttg ggt gga gtc agc ttg Leu Ser Pro Leu Val Ala Ala Gln Gly Arg Leu Gly Gly Val Ser Leu 250 255 260			883
gca aaa gct gct ctg cgt ctg cag gcc atc aac gta gga gat cct cga Ala Lys Ala Ala Leu Arg Leu Gln Gly Ile Asn Val Gly Asp Pro Arg 265 270 275			931
ctt cca att atg gct cca aat gag cag gaa ctt gag gct ctc cga gaa Leu Pro Ile Met Ala Pro Asn Glu Gln Glu Leu Glu Ala Leu Arg Glu 280 285 290			979
gac atg aaa aaa gct gga gtt cta taaatatgaa tgattccoga aat Asp Met Lys Lys Ala Gly Val Leu 295 300			1026

10

20

<210> 54
 <211> 301
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

30

<400> 54
 Met Ser Thr Gly Leu Thr Ala Lys Thr Gly Val Glu His Phe Gly Thr
 1 5 10 15
 Val Gly Val Ala Met Val Thr Pro Phe Thr Glu Ser Gly Asp Ile Asp
 20 25 30
 Ile Ala Ala Gly Arg Glu Val Ala Ala Tyr Leu Val Asp Lys Gly Leu
 35 40 45

Asp Ser Leu Val Leu Ala Gly Thr Thr Gly Glu Ser Pro Thr Thr Thr
 50 55 60
 Ala Ala Glu Lys Leu Glu Leu Leu Lys Ala Val Arg Glu Glu Val Gly
 65 70 75 80
 Asp Arg Ala Lys Leu Ile Ala Gly Val Gly Thr Asn Asn Thr Arg Thr
 85 90 95
 Ser Val Glu Leu Ala Glu Ala Ala Ala Ser Ala Gly Ala Asp Gly Leu
 100 105 110
 Leu Val Val Thr Pro Tyr Tyr Ser Lys Pro Ser Gln Glu Gly Leu Leu
 115 120 125
 Ala His Phe Gly Ala Ile Ala Ala Ala Thr Glu Val Pro Ile Cys Leu
 130 135 140
 Tyr Asp Ile Pro Gly Arg Ser Gly Ile Pro Ile Glu Ser Asp Thr Met
 145 150 155 160
 Arg Arg Leu Ser Glu Leu Pro Thr Ile Leu Ala Val Lys Asp Ala Lys
 165 170 175
 Gly Asp Leu Val Ala Ala Thr Ser Leu Ile Lys Glu Thr Gly Leu Ala
 180 185 190
 Trp Tyr Ser Gly Asp Asp Pro Leu Asn Leu Val Trp Leu Ala Leu Gly
 195 200 205
 Gly Ser Gly Phe Ile Ser Val Ile Gly His Ala Ala Pro Thr Ala Leu
 210 215 220
 Arg Glu Leu Tyr Thr Ser Phe Glu Glu Gly Asp Leu Val Arg Ala Arg
 225 230 235 240
 Glu Ile Asn Ala Lys Leu Ser Pro Leu Val Ala Ala Gln Gly Arg Leu
 245 250 255
 Gly Gly Val Ser Leu Ala Lys Ala Ala Leu Arg Leu Gln Gly Ile Asn
 260 265 270
 Val Gly Asp Pro Arg Leu Pro Ile Met Ala Pro Asn Glu Gln Glu Leu
 275 280 285
 Glu Ala Leu Arg Glu Asp Met Lys Lys Ala Gly Val Leu
 290 295 300

10

20

30

<210> 55
 <211> 1071
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> {101}..{1048}
 <223> RXS02021
 <400> 55

ttgggtcgcc gaggagatct aatcctgggt 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 aac 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 cgg 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

10

20

30

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 cct gag 1027
 Glu Gly Gln Ala Asn Trp Ser Ile Lys Arg Glu Ser Gly Phe His Glu
 295 300 305
 cca gtt gcc cgc ctc aaa gct tgacccattt tcataaccag tgc 1071
 Pro Val Ala Arg Leu Lys Ala
 310 315

<210> 56
 <211> 316
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 56
 Met Ser Glu Asn Ile Arg Gly Ala Gln Ala Val Gly Ile Ala Asn Ile
 1 5 10 15
 Ala Met Asp Gly Thr Ile Leu Asp Thr Trp Tyr Pro Glu Pro Gln Ile
 20 25 30
 Phe Asn Pro Asp Gln Trp Ala Glu Arg Tyr Pro Leu Glu Val Gly Thr
 35 40 45
 Thr Arg Leu Gly Ala Asn Glu Leu Thr Pro Arg Met Leu Gln Leu Val
 50 55 60
 Lys Leu Asp Gln Asp Arg Leu Val Glu Gln Val Ala Val Arg Thr Val
 65 70 75 80
 Ile Pro Asp Leu Ser Gln Pro Pro Val Asp Ala His Asp Val Tyr Leu
 85 90 95
 Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Leu Val Arg Pro His Glu Met His
 100 105 110
 Met Gln Asn Thr Leu Glu Leu Leu Ser Asp Val Val Trp Thr Asn Lys
 115 120 125
 Gly Pro Cys Leu Pro Glu Asn Phe Glu Trp Val Arg Gly Ala Leu Arg
 130 135 140
 Ser Arg Gly Leu Ile His Val Tyr Cys Val Asp Arg Leu Pro Arg Met
 145 150 155 160

10

20

30

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

10

<210> 57
 <211> 1296
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1273)
 <223> RKS02157

<400> 57
 ggggtggaatt ggcacgatgg tgctgccgga tgtttttgat cgggagaatt atcctgaagg 60

caccgttttt agaaaagacg acaaggatgg ggaactgtaa atg agc acg ctg gaa 115
 Met Ser Thr Leu Glu
 1 5

30

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

10

20

30

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 gcc gtg gtg ctg gag cgc 1123
 Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly Val Val Leu Glu Arg
 330 335 340
 gac gtc gca aag caa gct gtt ctt gat ggt ttt aag cac ggc gtt att 1171
 Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe Lys His Gly Val Ile
 345 350 355
 ttg aat gca ccg gcg gac aac att atc cgt ttg acc ccg ccg ctg gtg 1219
 Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu Thr Pro Pro Leu Val
 360 365 370
 atc acc gac gaa gaa atc gca gac gca gtc aag gct att gcc gag aca 1267
 Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys Ala Ile Ala Glu Thr
 375 380 385
 atc gca taaaggactc aaacttatga ctt 1296
 Ile Ala
 390

<210> 58
 <211> 391
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 58
 Met Ser Thr Leu Glu Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly
 1 5 10 15
 Thr Pro Pro Val Glu Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp
 20 25 30
 Asp Gln Gly Asn Val Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn
 35 40 45
 Ala Leu Gly His Ala His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln
 50 55 60
 Ile Gly Gln Leu Gly His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val
 65 70 75 80
 Val Glu Val Ala Glu Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala
 85 90 95
 Thr Leu Ala Ala Gln Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu
 100 105 110
 Ala Asn Glu Ala Ala Phe Lys Ile Ala Arg Leu Thr Gly Arg Ser Arg
 115 120 125
 Ile Leu Ala Ala Val His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu
 130 135 140

10

20

30

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

10

20

30

<210> 59
 <211> 1008
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(985)
 <223> RXC00733

<400> 59
 acggcgaggt tgctcggtatt ggaacgcaca cgaatttgct gaacacgtgc ggtacctacc 60

```

gtgaaattgt tgaatcccaa gagactgcgc aggcgcaatc atg agt aat act gca 115
Met Ser Asn Thr Ala
1 5

ggc ccc cgc ggg cgt tcc cat cag gca gac gcc gcg ccg aat caa aag 163
Gly Pro Arg Gly Arg Ser His Gln Ala Asp Ala Ala Pro Asn Gln Lys
10 15 20

gca cag aat ttc gga cca tct gcc aaa agg ctt ttc gga att cta ggc 211
Ala Gln Asn Phe Gly Pro Ser Ala Lys Arg Leu Phe Gly Ile Leu Gly
25 30 35

cat gac cgt aac acc tta att ttt gtt atc ttc cta gcc gtc ctg agc 259
His Asp Arg Asn Thr Leu Ile Phe Val Ile Phe Leu Ala Val Leu Ser
40 45 50

gtt gga ctt acc gtc ttg ggc cca tgg ttg ctg ggt aaa gcc acc aac 307
Val Gly Leu Thr Val Leu Gly Pro Trp Leu Leu Gly Lys Ala Thr Asn
55 60 65

gtg gtg ttt gaa gga ttc cta tct aag cgc atg ccg gct ggt gcg tca 355
Val Val Phe Glu Gly Phe Leu Ser Lys Arg Met Pro Ala Gly Ala Ser
70 75 80 85

aag gaa gat atc atc gcg cag ttg cag gct gca ggt aaa cat aat cag 403
Lys Glu Asp Ile Ile Ala Gln Leu Gln Ala Ala Gly Lys His Asn Gln
90 95 100

gct tcc atg atg gaa gac atg aac ctt gtt cca ggc tca ggc att gat 451
Ala Ser Met Met Glu Asp Met Asn Leu Val Pro Gly Ser Gly Ile Asp
105 110 115

ttt gaa aaa tta gcc atg atc ctc gga ctg gtg atc ggt gct tat ctc 499
Phe Glu Lys Leu Ala Met Ile Leu Gly Leu Val Ile Gly Ala Tyr Leu
120 125 130

atc ggt agc ctg ttg tct ttg ttc cag gcg ccg 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

```

10

20

30

gta tcc att ccg gtc acc atc gtg gtc act gtg gtg gtt gog 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 tot 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 ttggtgccc agt 1008
 Cys Val
 295

10

<210> 60
 <211> 295
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 60
 Met Ser Asn Thr Ala Gly Pro Arg Gly Arg Ser His Gln Ala Asp Ala
 1 5 10 15

Ala Pro Asn Gln Lys Ala Gln Asn Phe Gly Pro Ser Ala Lys Arg Leu
 20 25 30

Phe Gly Ile Leu Gly His Asp Arg Asn Thr Leu Ile Phe Val Ile Phe
 35 40 45

Leu Ala Val Leu Ser Val Gly Leu Thr Val Leu Gly Pro Trp Leu Leu
 50 55 60

Gly Lys Ala Thr Asn Val Val Phe Glu Gly Phe Leu Ser Lys Arg Met
 65 70 75 80

Pro Ala Gly Ala Ser Lys Glu Asp Ile Ile Ala Gln Leu Gln Ala Ala
 85 90 95

Gly Lys His Asn Gln Ala Ser Met Met Glu Asp Met Asn Leu Val Pro
 100 105 110

Gly Ser Gly Ile Asp Phe Glu Lys Leu Ala Met Ile Leu Gly Leu Val
 115 120 125

Ile Gly Ala Tyr Leu Ile Gly Ser Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ala Arg
 130 135 140

Met Leu Asn Arg Ile Val Gln Ser Ala Met His Arg Leu Arg Met Glu
 145 150 155 160

Val Glu Glu Lys Ile His Arg Leu Pro Leu Ser Tyr Phe Asp Ser Ile
 165 170 175

Lys Arg Gly Asp Leu Leu Ser Arg Val Thr Asn Asp Val Asp Asn Ile

20

30

10

20

30

<400>	61																	
atg	gct	cct	cac	aag	gtc	atg	ctg	att	acc	act	ggt	act	cag	ggt	gag	48		
Met	Ala	Pro	His	Lys	Val	Met	Leu	Ile	Thr	Thr	Gly	Thr	Gln	Gly	Glu			
1				5					10					15				
cct	atg	gct	gcg	ctg	tct	cgc	atg	gcg	cgt	cgt	gag	cac	cga	cag	atc	96		
Pro	Met	Ala	Ala	Leu	Ser	Arg	Met	Ala	Arg	Arg	Glu	His	Arg	Gln	Ile			
			20					25					30					
act	gtc	cgt	gat	gga	gac	ttg	att	atc	ctt	tct	tcc	tcc	ctg	gtt	cca	144		
Thr	Val	Arg	Asp	Gly	Asp	Leu	Ile	Ile	Leu	Ser	Ser	Ser	Leu	Val	Pro			
		35				40						45						
ggt	aac	gaa	gaa	gca	gtg	ttc	ggt	gtc	atc	aac	atg	ctg	gct	cag	atc	192		
Gly	Asn	Glu	Glu	Ala	Val	Phe	Gly	Val	Ile	Asn	Met	Leu	Ala	Gln	Ile			
	50					55					60							
ggt	gca	act	gtt	gtt	acc	ggt	cgc	gac	gcc	aag	gtg	cac	acc	tcg	ggc	240		
Gly	Ala	Thr	Val	Val	Thr	Gly	Arg	Asp	Ala	Lys	Val	His	Thr	Ser	Gly			
65					70					75					80			
cac	ggc	tac	tcc	gga	gag	ctg	ttg	ttc	ttg	tac	aac	gcc	gct	cgt	ccg	288		
His	Gly	Tyr	Ser	Gly	Glu	Leu	Leu	Phe	Leu	Tyr	Asn	Ala	Ala	Arg	Pro			
				85					90					95				
aag	aac	gct	atg	cct	gtc	cac	ggc	gag	tgg	cgc	cac	ctg	cgc	gcc	aac	336		
Lys	Asn	Ala	Met	Pro	Val	His	Gly	Glu	Trp	Arg	His	Leu	Arg	Ala	Asn			


```

      100              105              110
aag gaa ctg gct atc tcc act ggt gtt aac cgc gac aac gtt gtg ctt 384
Lys Glu Leu Ala Ile Ser Thr Gly Val Asn Arg Asp Asn Val Val Leu
      115              120              125

gca caa aac ggt gtt gtg gtt gat atg gtc aac ggt cgc gca 426
Ala Gln Asn Gly Val Val Val Asp Met Val Asn Gly Arg Ala
      130              135              140

```

```

<210> 62
<211> 142
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

```

10

```

<400> 62
Met Ala Pro His Lys Val Met Leu Ile Thr Thr Gly Thr Gln Gly Glu
  1              5              10              15

Pro Met Ala Ala Leu Ser Arg Met Ala Arg Arg Glu His Arg Gln Ile
      20              25              30

Thr Val Arg Asp Gly Asp Leu Ile Ile Leu Ser Ser Ser Leu Val Pro
      35              40              45

Gly Asn Glu Glu Ala Val Phe Gly Val Ile Asn Met Leu Ala Gln Ile
      50              55              60

Gly Ala Thr Val Val Thr Gly Arg Asp Ala Lys Val His Thr Ser Gly
      65              70              75              80

His Gly Tyr Ser Gly Glu Leu Leu Phe Leu Tyr Asn Ala Ala Arg Pro
      85              90              95

Lys Asn Ala Met Pro Val His Gly Glu Trp Arg His Leu Arg Ala Asn
      100             105             110

Lys Glu Leu Ala Ile Ser Thr Gly Val Asn Arg Asp Asn Val Val Leu
      115             120             125

Ala Gln Asn Gly Val Val Val Asp Met Val Asn Gly Arg Ala
      130             135             140

```

20

```

<210> 63
<211> 1066
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

```

30

```

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1066)
<223> RXC00866

```

```

<400> 63
gcacaaacgt aggagatcct cgacttccaa ttatggctcc aaatgagcag gaacttgagg 60

ctctccgaga agacatgaaa aaagctggag ttctataaat atg aat gat tcc cga 115
                Met Asn Asp Ser Arg
                1              5

```

aat cgc ggc cgg aag gtt acc cgc aag gcg ggc cca cca gaa gct ggt	163
Asn Arg Gly Arg Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly Pro Pro Glu Ala Gly	
10 15 20	
cag gaa aac cat ctg gat acc cot 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	

10

20

30

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

10

<210> 64
 <211> 322
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 64
 Met Asn Asp Ser Arg Asn Arg Gly Arg Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly
 1 5 10 15
 Pro Pro Glu Ala Gly Gln Glu Asn His Leu Asp Thr Pro Val Phe Gln
 20 25 30
 Ala Pro Asp Ala Ser Ser Asn Gln Ser Ala Val Lys Ala Glu Thr Ala
 35 40 45
 Gly Asn Asp Asn Arg Asp Ala Ala Gln Gly Ala Gln Gly Ser Gln Asp
 50 55 60
 Ser Gln Gly Ser Gln Asn Ala Gln Gly Ser Gln Asn Arg Glu Ser Gly
 65 70 75 80
 Asn Asn Asn Arg Asn Arg Ser Asn Asn Asn Arg Arg Gly Gly Arg Gly
 85 90 95
 Arg Arg Gly Ser Gly Asn Ala Asn Glu Gly Ala Asn Asn Asn Ser Gly
 100 105 110
 Asn Gln Asn Arg Gln Gly Gly Asn Arg Gly Asn Arg Gly Gly Gly Arg
 115 120 125
 Arg Asn Val Val Lys Ser Met Gln Gly Ala Asp Leu Thr Gln Arg Leu
 130 135 140
 Pro Glu Pro Pro Lys Ala Pro Ala Asn Gly Leu Arg Ile Tyr Ala Leu
 145 150 155 160
 Gly Gly Ile Ser Glu Ile Gly Arg Asn Met Thr Val Phe Glu Tyr Asn
 165 170 175
 Asn Arg Leu Leu Ile Val Asp Cys Gly Val Leu Phe Pro Ser Ser Gly

20

30

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																

10

<210> 65
 <211> 1527
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1504)
 <223> RXC02095

<400> 65
 ctctcttgggt cctctcccca cccattttta agtactcaag acccttccaa cagaaaggat 60
 tactccccca acagggtcaa aaatactgaa aggctcacgc atg aaa act gag caa 115
 Met Lys Thr Glu Gln
 1 5
 tcc caa aaa gca caa tta gcc cct aag aas 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 ada 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

30

55	60	65	
gga gat act tta acc act gac ctg ctg gac cgg ttc act ccg agt gga Gly Asp Thr Leu Thr Thr Asp Leu Leu Asp Arg Phe Thr Pro Ser Gly 70 75 80 85			355
tta agc gtg ttg acc agc gtc att gcc ctt atc gtg ctt ctc gcg ttg Leu Ser Val Leu Thr Ser Val Ile Ala Leu Ile Val Leu Leu Ala Leu 90 95 100			403
ctt cgc tat gcc agt caa ttt gga cgg cga tac acc gca ggc aag ctc Leu Arg Tyr Ala Ser Gln Phe Gly Arg Arg Tyr Thr Ala Gly Lys Leu 105 110 115			451
agc atg ggg gta cag cat gat gtc cgg ctt aaa acg atg cgc toa ttg Ser Met Gly Val Gln His Asp Val Arg Leu Lys Thr Met Arg Ser Leu 120 125 130			499
cag aac ctc gat ggg cca ggt cag gac tct att cgc aca ggc caa gta Gln Asn Leu Asp Gly Pro Gly Gln Asp Ser Ile Arg Thr Gly Gln Val 135 140 145			547
gtc agt cgg tcc att tcg gat atc aac atg gtg caa agc ctt gtg gcg Val Ser Arg Ser Ile Ser Asp Ile Asn Met Val Gln Ser Leu Val Ala 150 155 160 165			595
atg ttg ccg atg ttg atc gga aat gtg gtc aag ctt gtg ctc act ttg Met Leu Pro Met Leu Ile Gly Asn Val Val Lys Leu Val Leu Thr Leu 170 175 180			643
gtg atc atg ctg gct att tcc ccg ccg ctg acc atc atc gct gca gtg Val Ile Met Leu Ala Ile Ser Pro Pro Leu Thr Ile Ile Ala Ala Val 185 190 195			691
ttg gtg cct ttg ctg ttg tgg gcc gtg gcc tat tcg cga aaa gcg ctt Leu Val Pro Leu Leu Leu Trp Ala Val Ala Tyr Ser Arg Lys Ala Leu 200 205 210			739
ttt gcg tcc acg tgg tcg gcc cag caa aag gct gcg gat ctg acc act Phe Ala Ser Thr Trp Ser Ala Gln Gln Lys Ala Ala Asp Leu Thr Thr 215 220 225			787
cat gtg gaa gaa act gtc acg ggt atc cgc gtg gtc aag gca ttt gcg His Val Glu Glu Thr Val Thr Gly Ile Arg Val Val Lys Ala Phe Ala 230 235 240 245			835
cag gaa gac cgc gag acc gac aaa ttg gat ctc acc gca cgt gag tta Gln Glu Asp Arg Glu Thr Asp Lys Leu Asp Leu Thr Ala Arg Glu Leu 250 255 260			883
ttt gcc cag cgc atg cgc act gca cgt ctg acg gca aag ttc atc ccc Phe Ala Gln Arg Met Arg Thr Ala Arg Leu Thr Ala Lys Phe Ile Pro 265 270 275			931
atg gtt gag cag ctt ccg cag ctt gct ttg gtg gtc aac att gtt ggc Met Val Glu Gln Leu Pro Gln Leu Ala Leu Val Val Asn Ile Val Gly 280 285 290			979
ggt ggc tat ttg gcc atg act ggt cac atc acg gtg ggc acg ttt gtg Gly Gly Tyr Leu Ala Met Thr Gly His Ile Thr Val Gly Thr Phe Val 295 300 305			1027

10

20

30

gcg ttt tct tcc tat ctc act agc ttg tgg 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

tgg ggc atg ctc atg cgc gtg cag ttg ggc 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 tgg 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 Glu Asn Phe Tyr Gln Pro Asp Ser Gly His Ile Ala
 410 415 420

ttt gat agc aac ggc cat cgc act cgc ttc gac gac ctc acc cac agc 1411
 Phe Asp Ser Asn Gly His Arg Thr Arg Phe Asp Asp Leu Thr His Ser
 425 430 435

gat atc cgc agg aat ctc atc gcg gtt ttt gat gag ccg ttc ttg tac 1459
 Asp Ile Arg Arg Asn Leu Ile Ala Val Phe Asp Glu Pro Phe Leu Tyr
 440 445 450

tcc tcc tcc ata ccg cga gaa cat ctc gat ggg ttt gga tgt cag 1504
 Ser Ser Ser Ile Pro Arg Glu His Leu Asp Gly Phe Gly Cys Gln
 455 460 465

tgatgagcag atcgaacacg cag 1527

<210> 66
 <211> 468
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 66
 Met Lys Thr Glu Gln Ser Gln Lys Ala Gln Leu Ala Pro Lys Lys Ala
 1 5 10 15
 Pro Glu Lys Pro Gln Arg Ile Arg Gln Leu Ile Ser Val Ala Trp Gln
 20 25 30
 Arg Pro Trp Leu Thr Ser Phe Thr Val Ile Ser Ala Leu Ala Ala Thr
 35 40 45
 Leu Phe Glu Leu Thr Leu Pro Leu Leu Thr Gly Gly Ala Ile Asp Ile
 50 55 60

10

20

30

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

10

20

30

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 Asp 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

10

<210> 67
 <211> 295
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 67
 agcgcccaac cgttcagacc agcggtttct ctgaggatgc aaagtccatg atgggtnagg 60

20

tcactgagct gtccgaaacc acc atg aat gat ctt gca gct gaa ggt gaa aac 113
 Met Asn Asp Leu Ala Ala Glu Gly Glu Asn
 1 5 10

gat cct tac cgc atg gtt cag cag ctg cgc cgc aag ctc tct cgc ttc 161
 Asp Pro Tyr Arg Met Val Gln Gln Leu Arg Arg Lys Leu Ser Arg Phe
 15 20 25

gtc gag cag aag tgg aag cgc cag ccg gtc atc atg cca acc gtc att 209
 Val Glu Gln Lys Trp Lys Arg Gln Pro Val Ile Met Pro Thr Val Ile
 30 35 40

ccg atg act gcg gaa acc acg cac atc ggt gac gat gag gtt cgc gct 257
 Pro Met Thr Ala Glu Thr Thr His Ile Gly Asp Asp Glu Val Arg Ala
 45 50 55

30

tca cgc gag tcc ctg taaaagcatt tcgcttttcg acg 295
 Ser Arg Glu Ser Leu
 60

<210> 68
 <211> 63
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 68
 Met Asn Asp Leu Ala Ala Glu Gly Glu Asn Asp Pro Tyr Arg Met Val
 1 5 10 15

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

<210> 69
 <211> 1170
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1147)
 <223> RXA00115

10

<400> 69
 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 gcc cca tac gaa acc gct tcc att gcc 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

20

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 gcc act gat cat gcg ctg gat cca toa aag tat ttc atc atc tcc 355
 Ile Gly Thr Asp His Ala Leu Asp Pro Ser Lys Tyr Phe Ile Ile Ser
 70 75 80 85

atc aac caa atc ggt aat ggt ttg tcg gtc tcc cct gcc aac acg gct 403
 Ile Asn Gln Ile Gly Asn Gly Leu Ser Val Ser Pro Ala Asn Thr Ala
 90 95 100

30

gat gac agc atc tcg atg tcc aag ttc ccg aat gtt cgc att ggt gat 451
 Asp Asp Ser Ile Ser Met Ser Lys Phe Pro Asn Val Arg Ile Gly Asp
 105 110 115

gat gtc gtt gcc cag gac cgg ctc ttg cgc caa gag ttt ggt att acc 499
 Asp Val Val Ala Gln Asp Arg Leu Leu Arg Gln Glu Phe Gly Ile Thr
 120 125 130

gag ctc ttt gcc gtc gtt ggt ggt tcg atg ggt gcg cag caa acc tat 547

Glu	Leu	Phe	Ala	Val	Val	Gly	Gly	Ser	Met	Gly	Ala	Gln	Gln	Thr	Tyr		
135						140					145						
gag tgg att gtt cgc ttc cct gac caa gtt cat cga gca gct ccg atc 595																	
Glu	Trp	Ile	Val	Arg	Phe	Pro	Asp	Gln	Val	His	Arg	Ala	Ala	Pro	Ile		
150					155					160					165		
gcg ggc act gcg aag aac act cct cat gat ttc atc ttc acc cag act 643																	
Ala	Gly	Thr	Ala	Lys	Asn	Thr	Pro	His	Asp	Phe	Ile	Phe	Thr	Gln	Thr		
				170					175					180			
ctt aat gag acc gtt gag gcc gat cca ggg ttc aat ggc ggc gaa tac 691																	
Leu	Asn	Glu	Thr	Val	Glu	Ala	Asp	Pro	Gly	Phe	Asn	Gly	Gly	Glu	Tyr		
			185					190					195				
tcc tcc cat gaa gag gta gct gat gga ctt cgc cgt caa tcg cat ctt 739																	
Ser	Ser	His	Glu	Glu	Val	Ala	Asp	Gly	Leu	Arg	Arg	Gln	Ser	His	Leu		
		200					205					210					
tgg gct gcc atg gga ttt tcc aca gag ttc tgg aag cag gag gca tgg 787																	
Trp	Ala	Ala	Met	Gly	Phe	Ser	Thr	Glu	Phe	Trp	Lys	Gln	Glu	Ala	Trp		
	215						220				225						
cgt cgc ctg gga ctt gaa agt aag gag tca gtg ctc gcg gac ttc ctg 835																	
Arg	Arg	Leu	Gly	Leu	Glu	Ser	Lys	Glu	Ser	Val	Leu	Ala	Asp	Phe	Leu		
	230				235					240					245		
gat ccg ctg ttc atg tcc atg gat cct aat acc ttg ctc aac aac gct 883																	
Asp	Pro	Leu	Phe	Met	Ser	Met	Asp	Pro	Asn	Thr	Leu	Leu	Asn	Asn	Ala		
				250					255					260			
tgg aag tgg cag cat ggc gat gtc tct cgc cac acc ggc ggc gac ttg 931																	
Trp	Lys	Trp	Gln	His	Gly	Asp	Val	Ser	Arg	His	Thr	Gly	Gly	Asp	Leu		
			265					270					275				
gca gcg gct ctt ggc cga gtg aag gct aag acc ttc gtt atg ccc atc 979																	
Ala	Ala	Ala	Leu	Gly	Arg	Val	Lys	Ala	Lys	Thr	Phe	Val	Met	Pro	Ile		
		280					285					290					
agc gag gac atg ttc ttt cct gtt cgt gac tgt gcc gca gaa caa gca 1027																	
Ser	Glu	Asp	Met	Phe	Phe	Pro	Val	Arg	Asp	Cys	Ala	Ala	Glu	Gln	Ala		
	295						300				305						
ctc atc cca ggc agc gag ctt cga gtg atc gaa gac atc gcc ggt cac 1075																	
Leu	Ile	Pro	Gly	Ser	Glu	Leu	Arg	Val	Ile	Glu	Asp	Ile	Ala	Gly	His		
	310					315				320					325		
ctt ggg ctt ttt aac gtc tct gag aat tac atc cca cag atc gac aaa 1123																	
Leu	Gly	Leu	Phe	Asn	Val	Ser	Glu	Asn	Tyr	Ile	Pro	Gln	Ile	Asp	Lys		
				330					335					340			
aat ctg aaa gag ctg ttc gag agc taaacactga tgtcaaagag cct 1170																	
Asn	Leu	Lys	Glu	Leu	Phe	Glu	Ser										
				345													

<210> 79

<211> 349

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

10

20

30

<400> 70

Met Leu Asp Asn Ser Phe Tyr Thr Ala Glu Val Gln Gly Pro Tyr Glu
 1 5 10 15
 Thr Ala Ser Ile Gly Arg Leu Glu Leu Glu 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

10

20

30

Asp Ile Ala Gly His Leu Gly Leu Phe Asn Val Ser Glu Asn Tyr Ile
 325 330 335

Pro Gln Ile Asp Lys Asn Leu Lys Glu Leu Phe Glu Ser
 340 345

<210> 71
 <211> 1254
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1231)
 <223> RXN00403

10

<400> 71
 tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60

aagttttagt cttgtccacc cagaacaggc ggttattttc atg ccc acc ctc gcg 115
 Met Pro Thr Leu Ala
 1 5

cct tca ggt caa ctt gaa atc caa gcg atc ggt gat gtc tcc acc gaa 163
 Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly Asp Val Ser Thr Glu
 10 15 20

gcc gga gca atc att aca aac gct gaa atc gcc tat cac cgc tgg ggt 211
 Ala Gly Ala Ile Ile Thr Asn Ala Glu Ile Ala Tyr His Arg Trp Gly
 25 30 35

20

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

30

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 oca 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 gcc 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 ott 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 tgg 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

10

20

30

<210> 72

<211> 377

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 72

```

Met Pro Thr Leu Ala Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly
  1           5           10           15

Asp Val Ser Thr Glu Ala Gly Ala Ile Ile Thr Asn Ala Glu Ile Ala
      20           25           30

Tyr His Arg Trp Gly Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn
      35           40           45

Val Val Leu Ile Glu His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp
      50           55           60

Trp Trp Ala Asp Leu Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile
      65           70           75           80

Tyr Cys Val Ile Cys Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr
      85           90           95

Gly Pro Gly Ser Met His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe
      100          105          110

Pro Ala Thr Ser Ile Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu
      115          120          125

Asp Ala Leu Gly Ile Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met
      130          135          140

Gly Gly Ala Arg Thr Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val
      145          150          155          160

Gly Ala Ala Ala Val Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln
      165          170          175

Ile Gly Ile Gln Ser Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His
      180          185          190

Trp His Glu Gly Asn Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly
      195          200          205

Leu Gly Ala Ala Arg Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu
      210          215          220

Glu Ile Asp Glu Arg Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro
      225          230          235          240

Leu Gly Pro Tyr Arg Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr
      245          250          255

Leu Asp Tyr Gln Ala Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser
      260          265          270

Tyr Val Leu Leu Thr Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp
      275          280          285

Arg Gly Gly Leu Asn Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu
      290          295          300

```

10

20

30

Val Ala Gly Val Asp Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu
 305 310 315 320

His Leu Ser Arg Asn Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val
 325 330 335

Ser Pro Val Gly His Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp
 340 345 350

Arg Ile Val Arg Asn Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn
 355 360 365

Pro Ser Thr Tyr Ile Glu Phe Tyr Ile
 370 375

<210> 73
 <211> 1210
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1210)
 <223> FRXA00403

<400> 73
 tttttcagac tcgtgagaat 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

10

20

30

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

10

20

30

ttc ttc agc etc atc tcc cca gac gaa gac aac cct tcg 1210
 Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn Pro Ser
 360 365 370

<210> 74
 <211> 370
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 74
 Met Pro Thr Leu Ala Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly
 1 5 10 15
 Asp Val Ser Thr Glu Ala Gly Ala Ile Ile Thr Asn Ala Glu Ile Ala
 20 25 30
 Tyr His Arg Trp Gly Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn
 35 40 45
 Val Val Leu Ile Glu His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp
 50 55 60
 Trp Trp Ala Asp Leu Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile
 65 70 75 80
 Tyr Cys Val Ile Cys Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr
 85 90 95
 Gly Pro Gly Ser Met His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe
 100 105 110
 Pro Ala Thr Ser Ile Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu
 115 120 125
 Asp Ala Leu Gly Ile Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met
 130 135 140
 Gly Gly Ala Arg Thr Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val
 145 150 155 160
 Gly Ala Ala Ala Val Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln
 165 170 175
 Ile Gly Ile Gln Ser Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His
 180 185 190
 Trp His Glu Gly Asn Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly
 195 200 205
 Leu Gly Ala Ala Arg Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu
 210 215 220
 Glu Ile Asp Glu Arg Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro
 225 230 235 240
 Leu Gly Pro Tyr Arg Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr
 245 250 255
 Leu Asp Tyr Gln Ala Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser
 260 265 270

10

20

30

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

10

<210> 75
 <211> 687
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> {101}..(664)
 <223> RXS03158

20

<400> 75
 caaagctcac cgaaggcacc aacgccaagt tggttgtiga caacacottg gcaccccat 60
 acctgcagca gccactaaaa ctgggcgcac 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

30

Pro Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met
 30 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 att tagaaactat ttggcggcaa gca 687
 Glu Gln Ala Leu Asn Asn Leu
 185

10

<210> 76
 <211> 188
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

20

<400> 76
 Leu His Ser Thr Thr Lys Tyr Ile Glu Gly His Ser Asp Val Val Gly
 1 5 10 15

Gly Leu Val Gly Thr Asn Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe
 20 25 30

Met Gln Gly Gly Ile Gly Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu
 35 40 45

Thr Ala Arg Gly Leu Lys Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys
 50 55 60

Asp Asn Ala Glu Lys Ile Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val
 65 70 75 80

Ser Thr Val Leu Tyr Pro Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val
 85 90 95

Ala Ala Lys Gln Met Lys Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe
 100 105 110

Ala Gly Gly Glu Glu Ala Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu
 115 120 125

Ile Cys Leu Ala Glu Ser Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His
 130 135 140

30

Pro Ala Thr Met Thr His Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val
 145 150 155 160
 Pro Arg Asp Leu Val Arg Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp
 165 170 175
 Leu Leu Ala Asp Val Glu Gln Ala Leu Asn Asn Leu
 180 185

<210> 77
 <211> 617
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(594)
 <223> FRXA00254

10

<400> 77
 cag cca cta aaa ctc ggc gca cac gca gtc ttg cac tcc acc acc aag 48
 Gln Pro Leu Lys Leu Gly Ala His Ala Val Leu His Ser Thr Thr Lys
 1 5 10 15
 tac atc gga gga cac tcc gac gtt gtt ggc ggc ctt gtg gtt acc aac 96
 Tyr Ile Gly Gly His Ser Asp Val Val Gly Gly Leu Val Val Thr Asn
 20 25 30
 gac cag gaa atg gac gaa gaa ctg ctg ttc atg cag ggc ggc atc gga 144
 Asp Gln Pro Met Asp Glu Glu Leu Phe Met Gln Gly Gly Ile Gly
 35 40 45
 ccg atc cca tca gtt ttc gat gca tac ctg acc gcc cgt ggc ctc aag 192
 Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Arg Gly Leu Lys
 50 55 60
 acc ctt gca gtg cgc atg gat cgc cac tgc gac aac gca gaa aag atc 240
 Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys Ile
 65 70 75 80
 gcg gaa ttc ctg gac tcc cgc cca gag gtc tcc acc gtg ctc tac cca 288
 Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr Pro
 85 90 95
 ggt ctg aag aac cac cca ggc cac gaa gtc gca gcg aag cag atg aag 336
 Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met Lys
 100 105 110
 cgc ttc ggc ggc atg atc tcc gtc cgt ttc gca ggc ggc gaa gaa gca 384
 Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe Ala Gly Gly Glu Glu Ala
 115 120 125
 gct aag aag ttc tgt acc tcc acc aaa ctg atc tgt ctg gcc gag tcc 432
 Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu Ile Cys Leu Ala Glu Ser
 130 135 140
 ctc ggt ggc gtg gaa tcc ctc ctg gag cac cca gca acc atg acc cac 480
 Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His Pro Ala Thr Met Thr His
 145 150 155 160

20

30

cag tca gct gcc ggc tct cag ctc gag gtt ccc cgc gac ctc gtg cgc 528
 Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val Pro Arg Asp Leu Val Arg
 165 170 175

atc tcc att ggt att gaa gac att gaa gac ctg ctc gca gat gtc gag 576
 Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp Leu Leu Ala Asp Val Glu
 180 185 190

cag gcc ctc aat aac ctt tagaaactat ttggcggcaa gca 617
 Gln Ala Leu Asn Asn Leu
 195

<210> 78
 <211> 198
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

10

<400> 78
 Gln Pro Leu Lys Leu Gly Ala His Ala Val Leu His Ser Thr Thr Lys
 1 5 10 15

Tyr Ile Gly Gly His Ser Asp Val Val Gly Gly Leu Val Val Thr Asn
 20 25 30

Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe Met Gln Gly Gly Ile Gly
 35 40 45

Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Arg Gly Leu Lys
 50 55 60

Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys Ile
 65 70 75 80

Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr Pro
 85 90 95

Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met Lys
 100 105 110

Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe Ala Gly Gly Glu Glu Ala
 115 120 125

Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu Ile Cys Leu Ala Glu Ser
 130 135 140

Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His Pro Ala Thr Met Thr His
 145 150 155 160

Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val Pro Arg Asp Leu Val Arg
 165 170 175

Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp Leu Leu Ala Asp Val Glu
 180 185 190

Gln Ala Leu Asn Asn Leu
 195

20

30

<210> 79
 <211> 1170

30

```

      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 aac gcc gtg cga 883
Asn Tyr Pro Gly Leu Pro Asp Asp Pro Gln His Glu Lys Ala Val Arg
      250              255              260

gtc cta ccc tct gga tgt gga aac atg ttg tca ttt gag ctt gat gca 931
Val Leu Pro Ser Gly Cys Gly Asn Met Leu Ser Phe Glu Leu Asp Ala
      265              270              275

aca cct gaa cga act gat gag att ctc gaa agc ctg tca ctt tta acc 979
Thr Pro Glu Arg Thr Asp Glu Ile Leu Glu Ser Leu Ser Leu Leu Thr
      280              285              290

cac gcg acc agt tgg gga ggt gtg gaa aca gcc att gaa cgt cgc acc 1027
His Ala Thr Ser Trp Gly Gly Val Glu Thr Ala Ile Glu Arg Arg Thr
      295              300              305

agg cgg gat gct gaa gtg gtg gca gaa gta ccg atg act ctt tgc cgc 1075
Arg Arg Asp Ala Glu Val Val Ala Glu Val Pro Met Thr Leu Cys Arg
      310              315              320              325

gtt tcc gta gga att gaa gac gtt gaa gat cta tgg gaa gac ctc aac 1123
Val Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Glu Asp Leu Trp Glu Asp Leu Asn
      330              335              340

gcc tca atc gac aaa gtt ctg ggt tagaactcgt agccagtaac cag 1170
Ala Ser Ile Asp Lys Val Leu Gly
      345

```

```

<210> 80
<211> 349
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

```

```

<400> 80
Met Asn Pro Pro Ile Thr Leu Ser Ser Thr Tyr Val His Asp Ser Glu
  1              5              10              15

Lys Ala Tyr Gly Arg Asp Gly Asn Asp Gly Trp Gly Ala Phe Glu Ala
      20              25              30

Ala Met Gly Thr Leu Asp Gly Gly Phe Ala Val Ser Tyr Ser Ser Gly
      35              40              45

Leu Ala Ala Ala Thr Ser Ile Ala Asp Leu Val Pro Thr Gly Gly Thr
      50              55              60

```

10

20

30

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

10

20

30

<210> 81
 <211> 861
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>

<221> CDS
 <222> {101}..(838)
 <223> RXS03159

<400> 81

aggggctagt ttacacaaa agtggacagc ttggtctatc attgccagaa gacgggtcct 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 cgc 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 cgc acg ttg 739
 Ser Pro Cys Thr Pro Pro Pro Ser Thr Ser Lys Asp Thr Pro Thr Leu

10

20

30

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 tgg gac cga tcc cat cag ttt tgg atg cat			835
Cys Ser Cys Arg Ala Ala Ser Asp Arg Ser His Gln Phe Ser Met His			
230	235	240	245
acc tgaccgcccg tggcctcaag acc			861
Thr			

<210> 82
 <211> 246
 <212> PRI
 <213> Corynebacterium glutamicum

10

<400> 82	
Leu Ser Phe Asp Pro Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His	
1 5 10 15	
Ala Gly Tyr Glu Pro Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile	
20 25 30	
Tyr Ala Ser Thr Thr Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys	
35 40 45	
Gly Tyr Glu Tyr Thr Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu	
50 55 60	
Gln Thr Val Ala Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser	
65 70 75 80	
Ser Gly Met Ala Ala Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro	
85 90 95	
Gly Asp His Ile Val Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg	
100 105 110	
Leu Ile Asp Thr Val Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val	
115 120 125	
Asp Thr Ser Val Val Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr	
130 135 140	
Lys Leu Ile Trp Val Glu Thr Pro Thr Asn Pro Ala Leu Gly Ile Thr	
145 150 155 160	
Asp Ile Glu Ala Val Ala Lys Leu Thr Glu Gly Thr Asn Ala Lys Leu	
165 170 175	
Val Val Asp Asn Thr Leu Ala Ser Pro Tyr Leu Gln Gln Pro Leu Lys	
180 185 190	
Leu Gly Ala His Ala Ser Pro Cys Thr Pro Pro Pro Ser Thr Ser Lys	
195 200 205	
Asp Thr Pro Thr Leu Leu Ala Ala Leu Trp Val Pro Thr Thr Arg Lys	

20

30

30

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

10

<210> 84
 <211> 201
 <212> FRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <223> All occurrences of Xaa = any amino acid

20

<400> 84
 Leu Ser Phe Asp Pro Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His
 1 5 10 15

Ala Gly Tyr Glu Pro Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile
 20 25 30

Tyr Ala Ser Thr Thr Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys
 35 40 45

Gly Tyr Glu Tyr Thr Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu
 50 55 60

Gln Thr Val Ala Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser
 65 70 75 80

Ser Gly Met Ala Ala Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro
 85 90 95

Gly Asp His Ile Val Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg
 100 105 110

Leu Ile Asp Thr Val Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val
 115 120 125

Asp Thr Ser Val Val Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr
 130 135 140

Lys Ala Asp Leu Gly Gly Asn Pro Asn Gln Pro Ser Thr Leu Ala Leu

30

30

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 cgc 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 cgc 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

10

20

30

<210> 86
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 86
 Leu Gly Ala Tyr Gly Leu Gly Glu Leu Pro Gly Lys Ser Ala Ala Glu
 1 5 10 15

30

<210> 87
 <211> 551
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(529)
 <223> RXA02197

<400> 87
 gcc gaa cgc atg cgc ttt agc ttc cca cgc cag cag cgc ggc agg ttc 48
 Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe
 1 5 10 15
 ttg tgc atc gcg gat ttc att cgc cca cgc gag caa gct gtc aag gac 96
 Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp
 20 25 30
 ggc caa gtg gac gtc atg cca ttc cag ctg gtc acc atg ggt aat cct 144
 Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro
 35 40 45
 att gct gat ttc gcc aac gag ttg ttc gca gcc aat gaa tac cgc gag 192
 Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu
 50 55 60
 tac ttg gaa gtt cac ggc atc ggc gtg cag ctc acc gaa gca ttg gcc 240
 Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala
 65 70 75 80
 gag tac tgg cac tcc oga gtg cgc agc gaa ctc aag ctg aac gac ggt 288
 Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly
 85 90 95
 gga tct gtc gct gat ttt gat cca gaa gac aag acc aag ttc ttc gac 336
 Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp
 100 105 110
 ctg gat tac cgc ggc gcc cgc ttc tcc ttt ggt tac ggt tct tgc cct 384
 Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro
 115 120 125
 gat ctg gaa gac cgc gca aag ctg gtg gaa ttg ctc gag cca ggc cgt 432
 Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg
 130 135 140
 atc ggc gtg gag ttg tcc gag gaa ctc cag ctg cac cca gag cag tcc 480
 Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser
 145 150 155 160
 aca gac gcg ttt gtg ctc tac cac cca gag gca aag tac ttt aac gtc 528
 Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val
 165 170 175
 taacaccttt gagaggaaa act 551

<210> 88
 <211> 176

10

20

30

<212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 88
 Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe
 1 5 10 15
 Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp
 20 25 30
 Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro
 35 40 45
 Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu
 50 55 60
 Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala
 65 70 75 80
 Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly
 85 90 95
 Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp
 100 105 110
 Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro
 115 120 125
 Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg
 130 135 140
 Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser
 145 150 155 160
 Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val
 165 170 175

10

20

<210> 89
 <211> 2599
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2599)
 <223> RXN02198

30

<400> 89
 agactagtgg cgcttttgcc gtgttgctta ggcggcggtg aaaatgaact acgaatgaaa 60
 agttcgggaa ttgtctaata 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 ctg 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 Met 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 tcc 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																											
ggg 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																												
tgc 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																												

10

20

30

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	

10

20

30

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 ggc att ggc 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 ggc 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 ggc 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

10

20

30

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 tcc 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

10

<210> 90
 <211> 833
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

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

20

30

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

10

20

30

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

10

20

30

ggg ggt ggc gat gcc ttt ttg att gag act gct cag gac ttg ctt cag 643

30

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		

10

20

30

410	415	420	
gcc gat atg gcg acc ttg gca gca ctt ctt gct acc agc tcc act ttg Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ser Ser Thr Leu 425 430 435			1411
cca atc atg att gac tcc acc gag cca gag gtt att cgc aca ggc ctt Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val Ile Arg Thr Gly Leu 440 445 450			1459
gag cac ttg ggt gga cga agc atc gtt aac tcc gtc aac ttt gaa gac Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser Val Asn Phe Glu Asp 455 460 465			1507
ggc gat ggc cct gag tcc cgc tac cag cgc atc atg aaa ctg gta aag Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile Met Lys Leu Val Lys 470 475 480 485			1555
cag cac ggt gcg gcc gtg gtt gcg ctg acc att gat gag gaa ggc cag Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile Asp Glu Glu Gly Gln 490 495 500			1603
gca cgt acc gct gag cac aag gtg cgc att gct aaa cga ctg att gac Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala Lys Arg Leu Ile Asp 505 510 515			1651
gat atc acc ggc agc tac ggc ctg gat atc aaa gac atc gtt gtg gac Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys Asp Ile Val Val Asp 520 525 530			1699
tgc ctg acc ttc ccg atc tct act ggc cag gaa gaa acc agg cga gat Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu Glu Thr Arg Arg Asp 535 540 545			1747
ggc att gaa acc atc gaa gcc atc cgc gag ctg aag aag ctc tac cca Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu Lys Lys Leu Tyr Pro 550 555 560 565			1795
gaa atc cac acc acc ctg ggt ctg tcc aat att tcc ttc ggc ctg aac Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile Ser Phe Gly Leu Asn 570 575 580			1843
cct gct gca cgc cag gtt ctt aac tct gtg ttc ctc aat gag tgc att Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe Leu Asn Glu Cys Ile 585 590 595			1891
gag gct ggt ctg gac tct gcg att gcg cac agc tcc aag att ttg ccg Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser Ser Lys Ile Leu Pro 600 605 610			1939
atg aac cgc att gat gat cgc cag cgc gaa gtg gcg ttg gat atg gtc Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val Ala Leu Asp Met Val 615 620 625			1987
tat gat cgc cgc acc gag gat tac gat ccg ctg cag gaa ttc atg cag Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu Gln Glu Phe Met Gln 630 635 640 645			2035
ctg ttt gag ggc gtt tct gct gcc gat gcc aag gat gct cgc gct gaa Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys Asp Ala Arg Ala Glu 650 655 660			2083

10

20

30

cag ctg gcc gct atg cot 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
 gag 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 cot 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

10

20

<210> 92
 <211> 826
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

30

<400> 92
 Met Ser Thr Ser Val Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser
 1 5 10 15
 Glu Phe Leu Asp Ala Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala
 20 25 30
 Met Gly Thr Gln Leu Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe
 35 40 45

Leu Asp Leu Glu Gly Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp
 50 55 60
 Val Leu Arg Gln Ile His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu
 65 70 75 80
 Val Glu Thr Asn Thr Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr
 85 90 95
 Asp Ile Ala Asp Arg Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val
 100 105 110
 Ala Arg Glu Val Ala Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg
 115 120 125
 Arg Phe Val Val Gly Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu
 130 135 140
 Gly His Ala Pro Tyr Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala
 145 150 155 160
 Leu Gly Ile Ile Asp Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala
 165 170 175
 Gln Asp Leu Leu Gln Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala
 180 185 190
 Met Ala Glu Leu Asp Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val
 195 200 205
 Glu Thr Thr Gly Thr Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu
 210 215 220
 Thr Ala Leu Gln Pro Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala
 225 230 235 240
 Thr Gly Pro Asp Glu Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His
 245 250 255
 Ala Asp Ile Pro Val Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu
 260 265 270
 Gly Lys Asn Gly Ala Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln
 275 280 285
 Ala Leu Ala Gly Phe Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly
 290 295 300
 Cys Cys Gly Thr Thr Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val
 305 310 315 320
 Val Gly Val Pro Glu Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala
 325 330 335
 Gly Pro Val Glu Gln Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val
 340 345 350
 Ala Ser Leu Tyr Thr Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser
 355 360 365
 Met Ile Gly Glu Arg Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu

10

20

30

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		

10

20

30

Leu Leu Asn Gly Met Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln
 705 710 715 720
 Met Gln Leu Pro Phe Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala
 725 730 735
 Val Ala Tyr Leu Glu Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly
 740 745 750
 Ser Ala Gln Ala Glu Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys
 755 760 765
 Gly Asp Val His Asp Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser
 770 775 780
 Asn Asn Gly Tyr Asp Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser
 785 790 795 800
 Ala Met Leu Glu Ala Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met
 805 810 815
 Ser Gly Leu Leu Val Lys Ser Thr Val Val
 820 825

10

<210> 93
 <211> 621
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(598)
 <223> RXN03074

20

<400> 93
 ttgtgtgggca atctgtgtttt ttctgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60
 tagcaggaca agcataactgt tttagtttcta tgotgtgggc 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

30

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 cag 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 tgg 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

10

<210> 94
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

20

<400> 94
 Met Thr Gln Ser Ala Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp
 1 5 10 15

Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu
 20 25 30

Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
 35 40 45

Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
 50 55 60

Gly Val Leu Val Ile Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val
 65 70 75 80

Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val
 85 90 95

Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
 100 105 110

Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
 115 120 125

Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
 130 135 140

Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr

30

145 150 155 160

Glu Ala Pro Ile Lys Gln
165

<210> 95
<211> 621
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(598)
<223> FRXA02906

<400> 95
tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60

tagcaggaca agcatactgt tttagttcta tgcgtgggc 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 toa 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

10

20

30

150 155 160 165
 cag taatttgttt tgacgacgca gta 621
 Gln

<210> 96
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 96
 Met Thr Gln Ser Ala Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp
 1 5 10 15
 Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu
 20 25 30
 Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
 35 40 45
 Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
 50 55 60
 Gly Val Leu Val Ile Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val
 65 70 75 80
 Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val
 85 90 95
 Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
 100 105 110
 Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
 115 120 125
 Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
 130 135 140
 Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr
 145 150 155 160
 Glu Ala Pro Ile Lys Gln
 165

10

20

<210> 97
 <211> 1557
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

30

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1534)
 <223> RXN00132

<400> 97
 aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtggtgcgcg ttaaaaaagt 60
 ttctctaatt ttcatcttct 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
gat gag gct gca gcg gct atc gtt gtc ggc tcc ggc acc gtc gaa gag	403					
Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser Gly Thr Val Glu Glu						
	90				95	100
cca gct ggt gtt cca gta ttc gcg tgg aag ggt gag tca ctg gag gag	451					
Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly Glu Ser Leu Glu Glu						
	105				110	115
tac tgg tgg tgc atc aac cag atc ttc agc tgg ggc gat gag ctg cca	499					
Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp Gly Asp Glu Leu Pro						
	120				125	130
aac atg atc ctc gac gac ggc ggt gac gcc acc atg gct gtt att cgc	547					
Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr Met Ala Val Ile Arg						
	135				140	145
ggt cgc gaa tac gag cag gct ggt ctg gtt cca cca gca gag gcc aac	595					
Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro Pro Ala Glu Ala Asn						
	150				155	160
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						

10

20

30

230	235	240	245	
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	883			
250	255	260		
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	931			
265	270	275		
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	979			
280	285	290		
gct ctt cag gct ctg atg gat ggc tac tct gtg gtc acc gtt gat gag Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val Val Thr Val Asp Glu	1027			10
295	300	305		
gcc atc gag gac gcc gac atc gtg atc acc gcg acc ggc aac aag gac Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala Thr Gly Asn Lys Asp	1075			
310	315	320	325	
atc att tcc ttc gag cag atg ctc aag atg aag gat cac gct ctg ctg Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys Asp His Ala Leu Leu	1123			
330	335	340		
ggc aac atc ggt cac ttt gat aat gag atc gat atg cat tcc ctg ttg Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp Met His Ser Leu Leu	1171			
345	350	355		
cac cgc gac gac gtc acc cgc acc acg atc aag cca cag gtc gac gag His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys Pro Gln Val Asp Glu	1219			20
360	365	370		
ttc acc ttc tcc acc ggt cgc tcc atc atc gtc ctg tcc gaa ggt cgc Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val Leu Ser Glu Gly Arg	1267			
375	380	385		
ctg ttg aac ctt ggc aac gcc acc gga cac cca tca ttt gtc atg tcc Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro Ser Phe Val Met Ser	1315			
390	395	400	405	
aac tot ttc gcc gat cag acc att gcg cag atc gaa ctg ttc caa aac Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile Glu Leu Phe Gln Asn	1363			
410	415	420		
gaa gga cag tac gag aac gag gtc tac cgt ctg cct aag gtt ctc gac Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu Pro Lys Val Leu Asp	1411			30
425	430	435		
gaa aag gtg gca cgc atc cac gtt gag gct ctc ggc ggt cag ctc acc Glu Lys Val Ala Arg Ile His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr	1459			
440	445	450		
gaa ctg acc aag gag cag gct gag tac atc ggc gtt gac gtt gca ggc Glu Leu Thr Lys Glu Gln Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly	1507			
455	460	465		
cca ttc aag ccg gag cac tac cgc tac taatgattgt cagcattgag gga Pro Phe Lys Pro Glu His Tyr Arg Tyr	1557			
470	475			

<210> 98
 <211> 478
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 98
 Met Ala Gln Val Met Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu
 1 5 10 15
 Ala Gly Arg His Gln Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu
 20 25 30
 Met Gln Leu Arg Lys Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala
 35 40 45
 Arg Ile Ala Gly Ser Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile
 50 55 60
 Glu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn
 65 70 75 80
 Ile Phe Ser Thr Gln Asp Glu Ala Ala Ala 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

10

20

30

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

10

20

<210> 99
 <211> 128
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(105)
 <223> FRXA00132

<400> 99
 cac gtt gag gct ctc ggc ggt cag ctc acc gaa ctg acc aag gag cag 48
 His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln
 1 5 10 15

gct gag tac atc ggc gtt gac gtt gca ggc cca ttc aag ccg gag cac 96
 Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His
 20 25 30

tac cgc tac taatgattgt cagcattgag gga 128
 Tyr Arg Tyr
 35

30

<210> 100
 <211> 35
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 100
 His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln
 1 5 10 15
 Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His
 20 25 30
 Tyr Arg Tyr
 35

10

<210> 101
 <211> 1396
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> {101}..{1396}
 <223> FRXA01371

<400> 101
 aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtgggtgcgcg ttaaaaaagt 60

tttcctaatt ttcattttct taaaaggagc tcgccaggac atg gca cag gtt atg 115
 Met Ala Gln Val Met
 1 5

20

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

30

ttg ggc gct gag gtt cgt tgg gct tcc tgc aac att ttc tcc acc cag 355
 Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn Ile Phe Ser Thr Gln
 70 75 80 85

gat gag gct gca gcg gct atc gtt gtc ggc tcc ggc acc gtc gaa gag 403
 Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser Gly Thr Val Glu Glu
 90 95 100

cca gct ggt gtt cca gta ttc gcg tgg aag ggt gag tca ctg gag gag 451
 Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly Glu Ser Leu Glu Glu
 105 110 115

tac tgg tgg tgc atc aac cag atc ttc agc tgg ggc gat gag ctg cca	499
Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp Gly Asp Glu Leu Pro	
120 125 130	
aac atg atc ctc gac gac ggc ggt gac gcc acc atg gct gtt att cgc	547
Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr Met Ala Val Ile Arg	
135 140 145	
ggt cgc gaa tac gag cag gct ggt ctg gtt cca cca gca gag gcc aac	595
Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro Pro Ala Glu Ala Asn	
150 155 160 165	
gat tcc gat gag tac atc gca ttc ttg ggc atg ctg cgt gag gtt ctt	643
Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met Leu Arg Glu Val Leu	
170 175 180	
gct gca gag cct ggc aag tgg ggc aag atc gct gag gcc gtt aag ggt	691
Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala Glu Ala Val Lys Gly	
185 190 195	
gtc acc gag gaa acc acc acc ggt gtg cac cgc ctg tac cac ttc gct	739
Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg Leu Tyr His Phe Ala	
200 205 210	
gaa gaa ggc gtg ctg cct ttc cca gcg atg aac gtc aac gac gct gtc	787
Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn Val Asn Asp Ala Val	
215 220 225	
acc aag tcc aag ttt gat aac aag tac ggc acc cgc cac tcc ctg atc	835
Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr Arg His Ser Leu Ile	
230 235 240 245	
gac ggc atc aac cgc gcc act gac atg ctc atg ggc ggc aag aac gtg	883
Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met Gly Gly Lys Asn Val	
250 255 260	
ctt gtc tgc ggt tac ggc gat gtc ggc aag ggc tgc gct gag gct ttc	931
Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly Cys Ala Glu Ala Phe	
265 270 275	
gac ggc cag ggc gct cgc gtc aag gtc acc gaa gct gac cca atc aac	979
Asp Gly Gln Gly Ala Arg Val Lys Val Thr Glu Ala Asp Pro Ile Asn	
280 285 290	
gct ctt cag gct ctg atg gat ggc tac tct gtg gtc acc gtt gat gag	1027
Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val Val Thr Val Asp Glu	
295 300 305	
gcc atc gag gac gcc gac atc gtg atc acc gcg acc ggc aac aag gac	1075
Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala Thr Gly Asn Lys Asp	
310 315 320 325	
atc att tcc ttc gag cag atg ctc aag atg aag gat cac gct ctg ctg	1123
Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys Asp His Ala Leu Leu	
330 335 340	
ggc aac atc ggt cac ttt gat aat gag atc gat atg cat tcc ctg ttg	1171
Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp Met His Ser Leu Leu	
345 350 355	

10

20

30

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

10

<210> 102
 <211> 432
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 102
 Met Ala Gln Val Met Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu
 1 5 10 15
 Ala Gly Arg His Gln Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu
 20 25 30
 Met Gln Leu Arg Lys Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala
 35 40 45
 Arg Ile Ala Gly Ser Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile
 50 55 60
 Glu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn
 65 70 75 80
 Ile Phe Ser Thr Gln Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser
 85 90 95
 Gly Thr Val Glu Glu Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly
 100 105 110
 Glu Ser Leu Glu Glu Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp
 115 120 125
 Gly Asp Glu Leu Pro Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr
 130 135 140
 Met Ala Val Ile Arg Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro
 145 150 155 160
 Pro Ala Glu Ala Asn Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met
 165 170 175
 Leu Arg Glu Val Leu Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala

20

30

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						

10

20

30

<210> 103
 <211> 2358
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2335)
 <223> RXN02065

<400> 103
 caccocgggtga tttagcgaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgog tcctagccgg 60

```

gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttaaactcac 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 gcc tct gcc 835

```

10

20

30

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		

10

20

30

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 tgc 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

10

20

30

tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct aag cag gct cgt gag aaa atc 2323
 Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile
 730 735 740

gga gca act atc taaattgggt taccgctagg aac 2358
 Gly Ala Thr Ile
 745

<210> 104
 <211> 745
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 104
 Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly 10
 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

10

20

30

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

10

20

30

20

30

```

<400> 105
caccCGgtga tttcgcgaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgog tccatagcgg 60
gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttaaactcac 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 ctg 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 cgc 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 cgc 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 cgc 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

10

20

30

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	tgc	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		

10

20

30

520	525	530	
cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc			1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser			
535	540	545	
ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca			1795
Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala			
550	555	560	565
ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag			1843
Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys			
	570	575	580
atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccc gct acg			1891
Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Ala Thr			
	585	590	595
aga cgt cga taagcctgcc tacctgcagt ggt			1923
Arg Arg Arg			
600			

<210> 106
 <211> 600
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 106	
Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly	
1 5 10 15	
Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser	
20 25 30	
Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr	
35 40 45	
Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg	
50 55 60	
Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu	
65 70 75 80	
Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro	
85 90 95	
Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu	
100 105 110	
Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu	
115 120 125	
Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala	
130 135 140	
Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg	
145 150 155 160	
Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr	
165 170 175	

10

20

30

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

10

20

30

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

10

<210> 107
 <211> 603
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(580)
 <223> FRXA02086

20

<400> 107
 gatgatcagc cgtggctac caotgctgac caggttgac tggcactgcy cgatgaaatt 60

aacgatctca tcgaggctgg cgcgaagatc atccaggtgg atg agc ctg cga ttc 115
 Met Ser Leu Arg Phe
 1 5

gtg aac tgt tgc ccg cta cga gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag 163
 Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln
 10 15 20

tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac 211
 Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp
 25 30 35

gtc caa atc cac acc cac atg tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc 259
 Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile
 40 45 50

tcc tcg gtc atc gcg ttg gat gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca 307
 Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala
 55 60 65

cgt tcc gac atg cag gtc ctc gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag 355
 Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu
 70 75 80 85

ctc ggc gtc gga cct ggt gtg tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct 403
 Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro

30

```

          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 gto 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

sac 603

```

10

```

<210> 108
<211> 160
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

```

```

<400> 108
Met Ser Leu Arg Phe Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys
  1          5          10          15

Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala
          20          25          30

Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu
          35          40          45

Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr
          50          55          60

Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys
          65          70          75          80

Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His
          85          90          95

Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala
          100          105          110

Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys
          115          120          125

Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val
          130          135          140

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

```

20

30

```

<210> 109
<211> 1326
<212> DNA

```

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> {101}..{1303}

<223> RXN02648

<400> 109

atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttcttttcg 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

10

20

30

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 ctg gac gca ccg 787
 Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala Pro
 215 220 225
 gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca agc gtg aag 835
 Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro Ser Val Lys
 230 235 240 245
 gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc aac agt gca 883
 Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile Asn Ser Ala
 250 255 260
 gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc tgc tgg ggc 931
 Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile Cys Trp Gly
 265 270 275
 tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt gac atc att 979
 Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly Asp Ile Ile
 280 285 290
 ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc gaa ggc gca 1027
 Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe Glu Gly Ala
 295 300 305
 tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa aac aag ctt 1075
 Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu Asn Lys Leu
 310 315 320 325
 cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac tcc atc aac 1123
 Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His Ser Ile Asn
 330 335 340
 gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt cag ttc gcc 1171
 Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val Gln Phe Ala
 345 350 355
 aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac tgt ggt ctg 1219
 Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp Cys Gly Leu
 360 365 370
 ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg gag tcc cta 1267
 Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu Glu Ser Leu
 375 380 385
 gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc taagctagac 1313
 Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
 390 395 400
 aacgagggtt gct 1326

<210> 110

<211> 401

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

10

20

30

<400> 110

Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
 1 5 10 15
 Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
 20 25 30
 Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
 35 40 45
 Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
 50 55 60
 Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
 65 70 75 80
 Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
 85 90 95
 Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
 100 105 110
 Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
 115 120 125
 Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
 130 135 140
 Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
 145 150 155 160
 Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
 165 170 175
 Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
 180 185 190
 Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
 195 200 205
 Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
 210 215 220
 Gln Leu Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro
 225 230 235 240
 Glu Pro Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp
 245 250 255
 Ala Ile Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu
 260 265 270
 His Ile Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro
 275 280 285
 Phe Gly Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe
 290 295 300
 Ser Phe Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp
 305 310 315 320

10

20

30

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

10

<210> 111
 <211> 548
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(525)
 <223> FRXA02648

<400> 111
 gac gca ccg gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca 48
 Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro
 1 5 10 15

agc gtg aag gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc 96
 Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile
 20 25 30

aac agt gca gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc 144
 Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile
 35 40 45

tgc tgg ggc tct ttg 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 298
 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

20

30

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 aacgaggggtt gct 548

<210> 112
 <211> 175
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

10

<400> 112
 Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro
 1 5 10 15
 Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile
 20 25 30
 Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile
 35 40 45
 Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly
 50 55 60
 Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe
 65 70 75 80
 Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu
 85 90 95
 Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His
 100 105 110
 Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val
 115 120 125
 Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp
 130 135 140
 Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu
 145 150 155 160
 Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
 165 170 175

20

30

<210> 113
 <211> 784
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(784)

<223> FRXA02658

<400> 113

atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgoggtag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttctttcg accttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc 115
 Met Ser Gln Asn Arg
 1 5

atcagg 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 got gat gcg ctt tcc cag gaa 739

10

20

30

Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu
 200 205 210

tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca 784
 Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala
 215 220 225

<210> 114
 <211> 228
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 114
 Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
 1 5 10 15

10

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

20

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

30

Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
 195 200 205

Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
 210 215 220

Gln Leu Asp Ala
 225

<210> 115

[illegible]

20

```

<400> 116
Val Thr Asn Val Ser Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp
 1              5              10              15
Pro Pro Val Gly Ile Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys
      20              25              30
Val Thr Ser Lys Tyr Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg
      35              40              45
Gln Ile Asn Ser Phe Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe
 50              55              60

```

30

Ile Gly Pro Leu Val Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile
 65 70 75 80
 Ala Leu Arg Glu Ile Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly
 85 90 95

<210> 117
 <211> 1827
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1804)
 <223> RXC00128

10

<400> 117
 ccattttccg tttggttttg cctaaagaac cgcattggaaa ttatcgtgaa gcaccgatcc 60
 cgttgatcgc tccagagaca ccgtgggaag gggagcagca gtg agt aaa att tgc 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 gcg 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 tgc 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 tgc 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 ccg 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

20

30

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

10

20

30

390 395 400 405

tgc 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 ccg 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 tgc 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 tgc gcg att tgc tgc 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 tgc cat ggc 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

10

20

<210> 118
 <211> 568
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

30

<400> 118
 Val Ser Lys Ile Ser Thr Lys Leu Lys Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser
 1 5 10 15
 Val Thr Thr Leu Val Ala Gly Cys Ser Thr Leu Pro Gln Asn Thr Asp
 20 25 30
 Pro Gln Val Leu Arg Ser Phe Ser Gly Ser Gln Ser Thr Gln Glu Ile
 35 40 45

Ala Gly Pro Thr Pro Asn Gln Asp Pro Asp Leu Leu Ile Arg Gly Phe
 50 55 60
 Phe Ser Ala Gly Ala Tyr Pro Thr Gln Gln Tyr Glu Ala Ala Lys Ala
 65 70 75 80
 Tyr Leu Thr Glu Gly Thr Arg Ser Thr Trp Asn Pro Ala Ala Ser Thr
 85 90 95
 Arg Ile Leu Asp Arg Ile Asp Leu Asn Thr Leu Pro Gly Ser Thr Asn
 100 105 110
 Ala Glu Arg Thr Ile Ala Ile Arg Gly Thr Gln Val Gly Thr Leu Leu
 115 120 125
 Ser Gly Gly Val Tyr Gln Pro Glu Asn Ala Glu Phe Glu Ala Glu Ile
 130 135 140
 Thr Met Arg Arg Glu Asp Gly Glu Trp Arg Ile Asp Ala Leu Pro Asp
 145 150 155 160
 Gly Ile Leu Leu Glu Arg Asn Asp Leu Arg Asn His Tyr Thr Pro His
 165 170 175
 Asp Val Tyr Phe Phe Asp Pro Ser Gly Gln Val Leu Val Gly Asp Arg
 180 185 190
 Arg Trp Leu Phe Asn Glu Ser Gln Ser Met Ser Thr Val Leu Met Ala
 195 200 205
 Leu Leu Val Asn Gly Pro Ser Pro Ala Ile Ser Pro Gly Val Val Asn
 210 215 220
 Gln Leu Ser Thr Asp Ala Ser Phe Val Gly Phe Asn Asp Gly Glu Tyr
 225 230 235 240
 Gln Phe Thr Gly Leu Gly Asn Leu Asp Asp Asp Ala Arg Leu Arg Phe
 245 250 255
 Ala Ala Gln Ala Val Trp Thr Leu Ala His Ala Asp Val Ala Gly Pro
 260 265 270
 Tyr Thr Leu Val Ala Asp Gly Ala Pro Leu Leu Ser Glu Phe Pro Thr
 275 280 285
 Leu Thr Thr Asp Asp Leu Ala Glu Tyr Asn Pro Glu Ala Tyr Thr Asn
 290 295 300
 Thr Val Ser Thr Leu Phe Ala Leu Gln Asp Gly Ser Leu Ser Arg Val
 305 310 315 320
 Ser Ser Gly Asn Val Ser Pro Leu Gln Gly Ile Trp Ser Gly Gly Asp
 325 330 335
 Ile Asp Ser Ala Ala Ile Ser Ser Ser Ala Asn Val Val Ala Ala Val
 340 345 350
 Arg His Glu Asn Asn Glu Ala Val Leu Thr Val Gly Ser Met Glu Gly
 355 360 365

10

20

30

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

10

20

<210> 119
 <211> 1344
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1321)
 <223> RXA02240

30

<400> 119
 cagctagacc actgacattg cagttttaga cagcttggtc tatattggtt ttttgtattt 60
 aagactattt attctcaact tcttcgaaag aagggtattt gtg gct cag cca acc 115
 Val Ala Gln Pro Thr
 1 5
 gcc gtc cgt ttg ttc acc agt gaa tct gta act gag gga cat cca gac 163
 Ala Val Arg Leu Phe Thr Ser Glu Ser Val Thr Glu Gly His Pro Asp
 10 15 20

aaa ata tgt gat gct att tcc gat acc att ttg gac gcg ctg ctc gaa	211
Lys Ile Cys Asp Ala Ile Ser Asp Thr Ile Leu Asp Ala Leu Leu Glu	
25 30 35	
aaa gat ccg cag tcc 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

10

20

30

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

10

20

<210> 120
 <211> 407
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 120
 Val Ala Gln Pro Thr Ala Val Arg Leu Phe Thr Ser Glu Ser Val Thr
 1 5 10 15

Glu Gly His Pro Asp Lys Ile Cys Asp Ala Ile Ser Asp Thr Ile Leu
 20 25 30

Asp Ala Leu Leu Glu Lys Asp Pro Gln Ser Arg Val Ala Val Glu Thr
 35 40 45

Val Val Thr Thr Gly Ile Val His Val Val Gly Glu Val Arg Thr Ser
 50 55 60

Ala Tyr Val Glu Ile Pro Gln Leu Val Arg Asn Lys Leu Ile Glu Ile
 65 70 75 80

30

30

405

<210> 121
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 121
 tcgggtatcc gcgctacactt aga 23

<210> 122
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 122
 GGAAACCGGG GCAICGAAAC TTA 23

<210> 123
 <211> 18
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 123
 ggaaacagta tgaccatg 18

<210> 124
 <211> 17
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 124
 gtaaaacgac ggccagt 18

<210> 125
 <211> 4334
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 125
 aaatcgcttg accattgcag gttggtttat gactgttgag ggagagactg gctcgtggcc 60
 gacaatcaat gaagctatgt ctgaatttag cgtgtcacgt cagaccgtga atagagcact 120

10

20

30

taagtctgog ggcattgaac ttccaogagg acgccgtaaa gcttcccagt aaatgtgcca 180
 tctogtaggc agaaaacggt tccccccgta ggggtctctc tcttggccctc ctttctaggt 240
 cgggctgatt gctcttgaag ctctctaggg gggctcacac cataggcaga taacggttcc 300
 ccacoggtctc acctcgtaag cgcacaagga ctgctcccaa agatcttcaa agccactgoc 360
 gcgactcogc ttogogaago cttgcccgcg ggaaatttcc tccaccgagt togtgcacac 420
 ccctatgcca agcttcttcc accctaaatt cgagagattg gatttctacc gtggaattc 480
 ttcgcaaaaa tggctccctg atogcccttg cgacgttget cggggcggtg ccgctggttg 540
 cgcttggctt gacogacttg atcagcttgc atgcctgcag gtogacggat cccggggtgg 600
 gaaagccacg ttgtgtctca aaatctctga tgttacattg cacaagataa aaatatatca 660
 tcatgaacaa taaaactgtc tgcctacata aacagtaata caaggggtgt tatgagccat 720
 attcaacggg aaaogctctg ctogaggccg cgattaaatt ccaacatgga tgcgtattta 780
 tatgggtata aatgggctcg cgataatgtc gggcaatcag gtgcgacaat ctatcgattg 840
 tatgggaagc cogatgcgoc agagttgttt ctgaaacatg gcaaaggtag cgttgccaat 900
 gatgttacag atgagatggt cagactaaac tggctgacgg aattttatgcc tcttccgacc 960
 atcaagcatt ttatccgtac tctgatgat gcatggttac tcaccaotgc gatccccggg 1020
 aaaacagcat tccaggtatt agaagaatat cctgattoag gtgaaaatat tgttgatgoc 1080
 ctggcagtgt tccgtgcgoc gtgcatctcg aticctgttt gtaattgtcc ttttaacagc 1140
 gatcgctat ttctctcgc tcaggcgcaa tcacgaatga ataacggttt ggttgatgoc 1200
 agtgattttg atgaogagcg taatggctgg cctgttgaa aagtctggaa agaaatgcat 1260
 aagcttttgc cattctcac ggattcagtc gtcactcatg gtgatttctc acttgataac 1320
 cttatttttg acgaggggaa attaataggt tgtattgatg ttggacgagt cggaatogca 1380
 gaccgatacc aggatcttgc catcctatgg aactgcctcg gtgagtttcc tccctcatta 1440
 cagaaaacgc tttttcaaaa atatggtatt gataatcctg atatgaataa attgcagttt 1500
 catttgatgc tcatgatgtt tttctaatca gaattggtta attggttgta acactggcag 1560
 agcattacgc tgacttgacg ggacggcggc ttgtttgaat aaatcgaaact tttgctgagt 1620
 tgaaggatca gatcagcat ctccccgaca acgcagaccg ttccgtggca aagcaaaagt 1680
 tcaaaatcac caactggtec acotacaaca aagctctcat caacogtggc tccctcactt 1740
 tctggctgga tgatggggcg attcaggcct ggtatgagtc agcaacacct tcttcacgag 1800
 gcagacctca gcgccccga attgatcagt actgcggcgt cgctgatcgc cctcgcgacg 1860
 ttgtgcgggt ggcttgtccc tgaggcgct gcgacagata gctaaaaatc tgcgtcagga 1920
 tcgccgtaga gcgcgcgctc cgctgattgg aggcttcccc ttgtgttgac ggtcttcaat 1980

10

20

30

cgctctacgg cgatcctgac gcttttttgt tgcgtaccgt cgatcgtttt atttctgtcg 2040
 atcccgaaaa agtttttgcc ttttgtaaaa aacttctcgg tcgcccogca aattttogat 2100
 tccagatttt ttaaaaaacca agccagaaat acgacacacc gtttgacgat aatctgtctt 2160
 tcggaaaaat caagtgcgat acaaaatttt tagcaccocct gagctgcgca aagtcccgct 2220
 tcgtgaaaaat ttlogtgccg cgtgattttc cgccaaaaac tttaacgaac gttcgttata 2280
 atggtgtcat gacottcacg acgaagtaac aaaattggcc cgaatcatca gctatggatc 2340
 tctctgatgt cgcgctggag tccgacgcgc tcgatgctgc cgtcgattta aaaacgggta 2400
 tcggattttt ccgagctctc gatacgacgg acgcgccagc atcacgagac tgggccaagt 2460
 ccgcgagcga cctagaaact ctogtgccgg atcttgagga gctggctgac gagctgcgtg 2520
 ctoggcagcg ccaggaggac gcacagtagt ggaggatcga atcagttgcg cctactgcgg 2580
 tggcctgatt cctccccggc ctgaccgcgc aggcgcgcgc gcaaaatatt gctcagatgc 2640
 gtgtcgtgcc gcagccagcc gcgagcgcgc caacaaacgc cagcccgagg agctggaggc 2700
 ggctaggctg caaatggcgc tggaagtgcg tccccgagc gaaattttgg ccatggctgt 2760
 cacagagctg gaagcggcag cgagaattat ccgcgatcgt ggcccggtgc ccgcagggat 2820
 gacaaacatc gtaaatgccg cgtttcgtgt ggccgtggcc gcccaggacg tgtcagcgcc 2880
 gccaccacct gcaccgaatc ggcagcagcg tcgcgcgtcg aaaaagcgca caggcggcaa 2940
 gaagcgataa gctgcacgaa tacctgaaaa atgttgaaac ccccgtagc ggtaactcac 3000
 agggcgctcg ctaaccccca gtccaaacca gggagaaagc gctcaaaaat gactctagcg 3060
 gattcacgag acattgacac accggcctgg aaattttccg ctgatctgtt cgacacccat 3120
 cccgagctcg cgtctgcgac acgtggctgg acgagcgaag accgccgcga attcctcgct 3180
 cacctgggca gagaaaattt ccagggcagc aagaccgcgc acttcgccag cgcttggtac 3240
 aaagaccggc acacgggaga aacacagccg aagttatacc gagttgggtc aaaatcgctt 3300
 gcccggtgcc agtatgttc tctgacgcac gcgcagcacg cagccgtgct tgtcctggac 3360
 attgatgtgc cgagccacca ggccggcggg aaaatcgagc acgtaaaccc cgaggctcac 3420
 gcgatttttg agcgtcgggc acgcctggaa aaagcgccag ctgggatogg cgtgaatcca 3480
 ctgagcggga aatgccagct catctgctc attgatccgg tgtatgcgc agcaggcatg 3540
 agcagcccca atatgcgctt gctggctgca acgaccagg aaatgaccgc cgttttcggc 3600
 gctgaccagg ctttttcaca taggctgagc cgggtggcac tgcaogtctc cgacgatccc 3660
 accgcgtacc gctggcatgc ccagcacaat cgcgtggatc gcctagctga tcttatggag 3720
 gttgctcgca tgatctcagg cacagaaaaa cctaaaaaac gctatgagca ggagttttct 3780
 agcggacggg cacgtatcga agcggcaaga aaagccactg cggagcaaaa agaaccttgc 3840
 aogcttgaag caagcctgcc gagcgcgcgt gaagcgtctg gagagctgat cgacggcgct 3900
 cgtgtcctct ggactgctcc agggcggtgc gcccgtagt agacggcttt tcgccacgct 3960
 ttgactgtgg gataccagtt aaaagcggct ggtgagcgcc taaaagacac caagatcac 4020
 gaogcctacg agcgtgccta caccgtcgtt caggcggtcg gagcagacgg ccgtgagcct 4080
 gatctgcccg cgatgcgtga ccgccagacg atggcgcgac gtgtgcgcgg ctacgtogct 4140
 aaaggccagc cagtcgtccc tgcctgtcag acagagacgc agagcagccg agggcgaaaa 4200
 gctctggcca ctatgggaag acgtggcggg aaaaaggccg cagaacgctg gaaagacca 4260
 aacagtgagt acgcccagc acagcgagaa aaactagcta agtccagtca acgacagct 4320
 aggaaagcta aagg

4334

10

20

30

40

フロントページの続き

(51)Int.Cl.

F I

C 1 2 N	1/19	(2006.01)	C 1 2 N	1/19	
C 1 2 N	1/21	(2006.01)	C 1 2 N	1/21	
C 1 2 N	5/10	(2006.01)	C 1 2 N	5/00	1 0 1
C 1 2 R	1/15	(2006.01)	C 0 7 K	14/34	Z N A
			C 1 2 R	1:15	
			C 1 2 N	1/15	
			C 1 2 R	1:15	
			C 1 2 N	1/19	
			C 1 2 R	1:15	
			C 1 2 N	1/21	
			C 1 2 R	1:15	
			C 1 2 N	5/00	1 0 1
			C 1 2 R	1:15	
			C 1 2 N	15/00	A
			C 1 2 R	1:15	
			C 1 2 P	13/08	A
			C 1 2 R	1:15	
			C 1 2 P	13/12	A
			C 1 2 R	1:15	

(72)発明者 クレガー, ブルクハルト

ドイツ、6 7 1 1 7、リムブルガーホーフ、イム、ヴァルトホーフ、1

(72)発明者 シュレダー, ハルトヴィッヒ

ドイツ、6 9 2 2 6、ヌスロツホ、ゲーテシュトラッセ、5

(72)発明者 ツェルダー, オスカル

ドイツ、6 7 3 4 6、シュバイア、ロスマルクトシュトラッセ、2 7

(72)発明者 ハーバーハウエル, グレーゴル

ドイツ、6 7 1 1 7、リムブルガーホーフ、モーゼルシュトラッセ、4 2

(72)発明者 キム, ジュン - ウォン

大韓民国、ソウル、1 3 6 - 7 0 1、ソンブック区、アナム - ドン、コレア大学、大学院バイオテクノロジー科

(72)発明者 リー, ヘウン - シック

大韓民国、ソウル、1 6 3 - 7 0 1、ソンブック区、アナム - ドン、コレア大学、大学院バイオテクノロジー科

(72)発明者 ファン, ピュン - ジョーン

大韓民国、ソウル、1 6 3 - 7 0 1、ソンブック区、アナム - ドン、コレア大学、大学院バイオテクノロジー科

審査官 神谷 昌男

(56)参考文献 特開平 1 0 - 1 6 5 1 8 0 (J P , A)

特開 2 0 0 2 - 1 9 1 3 7 0 (J P , A)

J. Bacteriol. , 1 9 9 2 年 , 174(9) , 2968-77

Arch. Microbiol. , 1 9 9 8 年 , 169 , 303-12

Appl. Environ. Microbiol. , 1 9 9 1 年 , 57(6) , 1746-52

Microbiology , 1 9 9 7 年 , 143 , 1095-103

Mol. Cells , 1 9 9 8 年 , 8(3) , 286-94

Biotechnol. Bioeng. , 1993年, 41, 633-46
Ann. N Y Acad. Sci. , 1996年, 782, 25-39

(58)調査した分野(Int.Cl. , D B 名)

C12N15/00-15/90

C12P 1/00-41/00

JSTPlus/JMEDPlus/JST7580(JDreamII)

BIOSIS/MEDLINE/WPIDS(STN)

GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq

UniProt/GeneSeq

PubMed