

【公報種別】特許法第17条の2の規定による補正の掲載

【部門区分】第1部門第1区分

【発行日】平成25年6月27日(2013.6.27)

【公表番号】特表2012-526561(P2012-526561A)

【公表日】平成24年11月1日(2012.11.1)

【年通号数】公開・登録公報2012-045

【出願番号】特願2012-511059(P2012-511059)

【国際特許分類】

C 1 2 N 1/21 (2006.01)

C 1 2 P 7/26 (2006.01)

C 1 2 N 15/09 (2006.01)

【F I】

C 1 2 N 1/21

C 1 2 P 7/26

C 1 2 N 15/00 A

【手続補正書】

【提出日】平成25年5月13日(2013.5.13)

【手続補正1】

【補正対象書類名】特許請求の範囲

【補正対象項目名】全文

【補正方法】変更

【補正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項1】

シクロヘキサン経路を含む、非天然微生物であって、該微生物は、シクロヘキサンを産生するのに十分な量で発現するシクロヘキサン経路酵素をコードする少なくとも1つの外来性核酸を含み、該シクロヘキサン経路は、PEPカルボキシキナーゼ、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ(C-C結合に作用)、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ、並びに2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ(チオエステルに作用)、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼ、及び2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼからなる群から選択される酵素を含む、前記非天然微生物。

【請求項2】

前記微生物が、未変性ピメロイル-CoA経路を有する、請求項1に記載の非天然微生物。

【請求項3】

(a) 前記PEPカルボキシキナーゼが、PCK1、pck、及びpckAからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(b) 前記2-ケトシクロヘキサンカルボキシル-CoAヒドロラーゼ(C-C結合に作用)が、bad1、syn_01653、syn_01654、syn_02400、syn_03076、syn_01309、及びmenBからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(c) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼが、adc、cbei_3835、CLL_A2135、及びRBAM_030030からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(d) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ(チオエステルに作用)が、acot12、gctA、gctB、及びACH1からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(e) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼが、pcal、pcaJ、catI、catJ、HPAG1_0676、HPAG1_0677、ScoA、ScoB、OXCT1、OXCT2、ctfA、ctfB、ato

A、及びatoDからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、又は、

(f) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼが、AF1211、AF1983、scs、PAE3250、sucC、sucD、aliA、phl、phlB、paaF、及びbioWからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされる、

請求項1又は2に記載の非天然微生物。

【請求項4】

前記微生物がピメロイル-CoA経路をさらに含み、かつ該微生物が、ピメロイル-CoAを產生するのに十分な量で発現するピメロイル-CoA経路酵素をコードする少なくとも1つの外来性核酸を含み、前記ピメロイル-CoA経路が、アセトアセチル-CoA還元酵素、3-ヒドロキシブチリル-CoAデヒドラターゼ、グルタリル-CoA脱水素酵素、オキソピメロイル-CoA:グルタリル-CoAアシルトランスフェラーゼ、3-ヒドロキシピメロイル-CoA脱水素酵素、3-ヒドロキシピメロイル-CoAデヒドラターゼ、及びピメロイル-CoA脱水素酵素を含む、請求項1～3のいずれか一項に記載の非天然微生物。

【請求項5】

前記微生物が、ピメロイル-CoA経路酵素を各々コードする、2つ、3つ、4つ、5つ、6つ又は7つの外来性核酸を含む、請求項1～4のいずれか1項記載の非天然微生物。

【請求項6】

(a) 前記3-ヒドロキシアシル-CoA脱水素酵素アセトアセチルCoA還元酵素が、Fox2、phaB、phbB、hbd、Msed_1423、Msed_0399、Msed_0389、Msed_1993、Hbd2、Hbd1、HSD17B10、pimF、fadB、syn_01310、及びsyn_01680からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(b) 前記3-ヒドロキシブチリル-CoAデヒドラターゼが、crt、crt1、pimF、syn_01309、syn_01653、syn_01654、syn_02400、syn_03076、ech、paaA、paaB、phaA、phaB、maoC、paaF、paaG、fadA、fadB、fadI、fadJ、及びfadRからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(c) 前記グルタリル-CoA脱水素酵素が、gcdH、gcdR、PP_0157、gcvA、gcd、gcdR、syn_00480、syn_01146、gcdA、gcdC、gcdD、gcdB、FN0200、FN0201、FN204、syn_00479、syn_00481、syn_01431、及びsyn_00480からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(d) 前記オキソピメロイル-CoA:グルタリル-CoAアシルトランスフェラーゼが、bktB、pimB、syn_02642、phaA、h16_A1713、pcaF、h16_B1369、h16_A0170、h16_A0462、h16_A1528、h16_B0381、h16_B0662、h16_B0759、h16_B0668、h16_A1720、h16_A1887、phbA、Rmet_1362、Bphy_0975、atoB、thIA、thIB、ERG10、及びcatFからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(e) 前記3-ヒドロキシピメロイル-CoA脱水素酵素が、Fox2、phaB、phbB、hbd、Msed_1423、Msed_0399、Msed_0389、Msed_1993、Hbd2、Hbd1、HSD17B10、pimF、fadB、syn_01310、及びsyn_01680からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(f) 前記3-ヒドロキシピメロイル-CoAデヒドラターゼが、crt、crt1、pimF、syn_01309、syn_01653、syn_01654、syn_02400、syn_03076、ech、paaA、paaB、phaA、phaB、maoC、paaF、paaG、fadA、fadB、fadI、fadJ、及びfadRからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、又は、

(g) 前記ピメロイル-CoA脱水素酵素が、bcd、etfA、etfB、TER、TDE0597、syn_02587、syn_02586、syn_01146、syn_00480、syn_02128、syn_01699、syn_02637、syn_02636、pimC、pimD、acad1、及びacadからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされる、

請求項4又は5に記載の非天然微生物。

【請求項7】

シクロヘキサン経路を含む非天然微生物であって、該微生物が、シクロヘキサンを產生するのに十分な量で発現するシクロヘキサン経路酵素をコードする少なくとも1つの外来性核酸を含み、該シクロヘキサン経路が、PEPカルボキシキナーゼ、6-ケトシク

ロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (C-C結合に作用)、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (チオエステルに作用)、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoA還元酵素、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシラート還元酵素、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼ、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ (チオエステルに作用)、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ、及びシクロヘキサノン脱水素酵素からなる群から選択される酵素を含む、前記非天然微生物。

【請求項8】

前記微生物が、未変性3-ヒドロキシピメロイル-CoA経路を有する、請求項7に記載の非天然微生物。

【請求項9】

前記シクロヘキサノン経路が、1セットのシクロヘキサノン経路酵素を含み、該セットのシクロヘキサノン経路酵素が下記からなる群から選択される、請求項7又は8に記載の非天然微生物：

(a) PEPカルボキシキナーゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (C-C結合に作用)、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ、シクロヘキサノン脱水素酵素、並びに6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (チオエステルに作用)、及び6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼからなる群から選択される酵素；

(b) PEPカルボキシキナーゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (C-C結合に作用)、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシラート還元酵素、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ、並びに6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (チオエステルに作用)、及び6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼからなる群から選択される酵素；並びに

(c) PEPカルボキシキナーゼ、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (C-C結合に作用)、6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoA還元酵素、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼ、並びに2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼ、2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼ、及び2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (チオエステルに作用)からなる群から選択される酵素。

【請求項10】

(a) 前記PEPカルボキシキナーゼが、PCK1、pck、及びpckAからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(b) 前記6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (C-C結合に作用)が、bzdY、oah、bamA、syn_01653、syn_02400、syn_03076、及びsyn_01309からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(c) 前記6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼが、AF1211、AF1983、scs、PAE3250、sucC、sucD、aliA、phl、phlB、paaF、及びbioWからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(d) 前記6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ (チオエステルに作用)が、acot12、gctA、gctB、及びACH1からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(e) 前記6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼが、pcaI、pcaJ、catI、catJ、HPAG1_0676、HPAG1_0677、ScoA、ScoB、OXCT1、OXCT2、ctfA、ctfB、atoA、及びatoDからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(f) 前記6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシル-CoA還元酵素が、bcd、etfA、etfB、TER、TDE0597、syn_02587、syn_02586、syn_01146、syn_00480、syn_02128、syn_0169、syn_02637、syn_02636、pimC、pimD、acad1、及びacadからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(g) 前記6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼが、adc、cbei_3835、CLL_A2135、及びRBAM_030030からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(h) 前記6-ケトシクロヘキサ-1-エン-1-カルボキシラート還元酵素が、NtRed1、AtDBR1、P2、PuIR、PtPPDBR、YML131W、ispR、AT3G61220、cbr、CBR1、CHO-CR、YIR036C、enr、及びfadHからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(i) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAシンテターゼが、AF1211、AF1983、scs、PAE3250、sucC、sucD、aliA、phl、phlB、paaF、及びbioWからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(j) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAトランスフェラーゼが、pcal、pcaJ、catI、catJ、HPAG1_0676、HPAG1_0677、ScoA、ScoB、OXCT1、OXCT2、ctfA、ctfB、atoA、及びatoDからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(k) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシル-CoAヒドロラーゼ（チオエステルに作用）が、acot12、gctA、gctB、及びACH1からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(l) 前記2-ケトシクロヘキサン-1-カルボキシラートデカルボキシラーゼが、adc、cbei_3835、CLL_A2135、及びRBAM_030030からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、又は、

(m) 前記シクロヘキサン脱水素酵素が、NtRed1、AtDBR1、P2、PuIR、PtPPDBR、YML131W、ispR、AT3G61220、cbr、CBR1、CHO CR、YIR036C、enr、及びfadHからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされる、

請求項7～9のいずれか1項記載の非天然微生物。

【請求項11】

前記微生物が3-ヒドロキシピメロイル-CoA経路をさらに含み、該微生物が、3-ヒドロキシピメロイル-CoAを産生するのに十分な量で発現する3-ヒドロキシピメロイル-CoA経路酵素をコードする少なくとも1つの外来性核酸を含み、前記3-ヒドロキシピメロイル-CoA経路が、アセトアセチル-CoA還元酵素、3-ヒドロキシブチリル-CoAデヒドラターゼ、グルタリル-CoA脱水素酵素、オキソピメロイル-CoA：グルタリル-CoAアシルトランスフェラーゼ、及び3-ヒドロキシピメロイル-CoA脱水素酵素を含む、請求項7～10のいずれか1項に記載の非天然微生物。

【請求項12】

前記微生物が、3-ヒドロキシピメロイル-CoA経路酵素を各々コードする、2つ、3つ、4つ又は5つの外来性核酸を含む、請求項11に記載の非天然微生物。

【請求項13】

(a) 前記アセトアセチル-CoA還元酵素が、Fox2、phaB、phbB、hbd、Msed_1423、Msed_0399、Msed_0389、Msed_1993、Hbd2、Hbd1、HSD17B10、pimF、fadB、syn_01310、及びsyn_01680からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(b) 前記3-ヒドロキシブチリル-CoAデヒドラターゼが、crt、crt1、pimF、syn_01309、syn_01653、syn_01654、syn_02400、syn_03076、ech、paaA、paaB、phaA、phaB、maoC、paaF、paaG、fadA、fadB、fadI、fadJ、及びfadRからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(c) 前記グルタリル-CoA脱水素酵素が、gcdH、gcdR、PP_0157、gcvA、gcd、gcdR、syn_00480、syn_01146、gcdA、gcdC、gcdD、gcdB、FN0200、FN0201、FN204、syn_00479、syn_00481、syn_01431、及びsyn_00480からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(d) 前記オキソピメロイル-CoA：グルタリル-CoAアシルトランスフェラーゼが、bktB、

pimB、syn_02642、phaA、h16_A1713、pcaF、h16_B1369、h16_A0170、h16_A0462、h16_A1528、h16_B0381、h16_B0662、h16_B0759、h16_B0668、h16_A1720、h16_A1887、phbA、Rmet_1362、Bphy_0975、atoB、thIA、thIB、ERG10、及びcatFからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、又は、

(e) 前記3-ヒドロキシピメロイル-CoA脱水素酵素が、Fox2、phaB、phbB、hbd、Msed_1423、Msed_0399、Msed_0389、Msed_1993、Hbd2、Hbd1、HSD17B10、pimF、fadB、syn_01310、及びsyn_01680からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされる、
請求項11又は12に記載の非天然微生物。

【請求項14】

シクロヘキサンノン経路を含む非天然微生物であって、該微生物は、シクロヘキサンノンを產生するのに十分な量で発現するシクロヘキサンノン経路酵素をコードする少なくとも1つの外来性核酸を含み、前記シクロヘキサンノン経路は、PEPカルボキシキナーゼ、アジパートセミアルデヒドデヒドラターゼ、シクロヘキサン-1,2-ジオール脱水素酵素、及びシクロヘキサン-1,2-ジオールデヒドラターゼを含む、前記非天然微生物。

【請求項15】

(a) 前記PEPカルボキシキナーゼが、PCK1、pck、及びpckAからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(b) 前記シクロヘキサン-1,2-ジオール脱水素酵素が、chnA、Rmet_1335、PP_1946、ARA1、BDH1、GCY1、YPR1、GRE3、及びYIR036cからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、又は、

(c) 前記シクロヘキサン-1,2-ジオールデヒドラターゼが、pddC、pddB、pddA、pduC、pduD、pduE、dhaB、dhaC、dhaE、dhaB1、dhaB2、rdhtA、rdhtB、ilvD、ioLE、ddrA、ddrB、pduG、及びpduHからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされる、
請求項14に記載の非天然微生物。

【請求項16】

シクロヘキサンノン経路を含む非天然微生物であって、該微生物は、シクロヘキサンノンを產生するのに十分な量で発現するシクロヘキサンノン経路酵素をコードする少なくとも1つの外来性核酸を含み、前記シクロヘキサンノン経路は、PEPカルボキシキナーゼ、3-オキソピメラートカルボキシラーゼ、4-アセチルブチラートデヒドラターゼ、3-ヒドロキシシクロヘキサン脱水素酵素、2-シクロヘキセノンヒドラターゼ、シクロヘキサン脱水素酵素、並びに3-オキソピメロイル-CoAシンテターゼ、3-オキソピメロイル-CoAヒドロラーゼ（チオエステルに作用）、及び3-オキソピメロイル-CoAトランスフェラーゼからなる群から選択される酵素を含む、前記非天然微生物。

【請求項17】

(a) 前記PEPカルボキシキナーゼが、PCK1、pck、及びpckAからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(b) 前記3-オキソピメラートカルボキシラーゼが、adc、cbei_3835、CLL_A2135、及びRBAM_030030からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(c) 前記3-ヒドロキシシクロヘキサン脱水素酵素が、YMR226c、YDR368w、YOR120w、YGL157w、YGL039w、chnA、Rmet_1335、PP_1946、ARA1、BDH1、GCY1、YPR1、GRE3、及びYIR036cからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(d) 前記2-シクロヘキセノンヒドラターゼが、aroD、aroQ、HIDH、及びHIDMからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(e) 前記シクロヘキサン脱水素酵素が、NtRed1、AtDBR1、P2、PulR、PtPPDBR、YML131W、ispR、AT3G61220、cbr、CBR1、CHO CR、YIR036C、enr、及びfadHからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(f) 前記3-オキソピメロイル-CoAシンテターゼが、AF1211、AF1983、scs、PAE3250、sucC、sucD、aliA、phl、phlB、paaF、及びbioWからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(g) 前記3-オキソピメロイル-CoAヒドロラーゼ（チオエステルに作用）が、acot12、gc

tA、gctB、及びACH1からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、又は、

(h) 前記3-オキソピメロイル-CoAトランスフェラーゼが、pcaI、pcaJ、catI、catJ、HPAG1_0676、HPAG1_0677、ScoA、ScoB、OXCT1、OXCT2、ctfA、ctfB、atoA、及びatoDからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされる、
請求項16に記載の非天然微生物。

【請求項18】

前記微生物が3-オキソピメロイル-CoA経路をさらに含み、該微生物が、3-オキソピメロイル-CoAを產生するのに十分な量で発現する3-オキソピメロイル-CoA経路酵素をコードする少なくとも1つの外来性核酸を含み、前記3-オキソピメロイル-CoA経路が、アセトアセチル-CoA還元酵素、3-ヒドロキシブチリル-CoAデヒドラターゼ、グルタリル-CoA脱水素酵素、及びオキソピメロイル-CoA：グルタリル-CoAアシルトランスフェラーゼを含む、請求項16又は17に記載の非天然微生物。

【請求項19】

前記微生物が、3-オキソピメロイル-CoA経路酵素を各々コードする、2つ、3つ又は4つの外来性核酸を含む、請求項18に記載の非天然微生物。

【請求項20】

(a) 前記アセトアセチル-CoAが、Fox2、phaB、phbB、hbd、Msed_1423、Msed_0399、Msed_0389、Msed_1993、Hbd2、Hbd1、HSD17B10、pimF、fadB、syn_01310、及びsyn_01680からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(b) 前記3-ヒドロキシブチリル-CoAデヒドラターゼが、crt、crt1、pimF、syn_01309、syn_01653、syn_01654、syn_02400、syn_03076、ech、paaA、paaB、phaA、phaB、maoC、paaF、paaG、fadA、fadB、fadI、fadJ、及びfadRからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、

(c) 前記グルタリル-CoA脱水素酵素が、gcdH、gcdR、PP_0157、gcvA、gcd、gcdR、syn_00480、syn_01146、gcdA、gcdC、gcdD、gcdB、FN0200、FN0201、FN204、syn_00479、syn_00481、syn_01431、及びsyn_00480からなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされるか、又は、

(d) 前記オキソピメロイル-CoA：グルタリル-CoAアシルトランスフェラーゼが、bktB、pimB、syn_02642、phaA、h16_A1713、pcaF、h16_B1369、h16_A0170、h16_A0462、h16_A1528、h16_B0381、h16_B0662、h16_B0759、h16_B0668、h16_A1720、h16_A1887、phbA、Rmet_1362、Bphy_0975、atoB、thIA、thIB、ERG10、及びcatFからなる群から選択される1つ以上の遺伝子によってコードされる、
請求項18又は19に記載の非天然微生物。

【請求項21】

(a) 前記非天然微生物が、実質的に嫌気性の培地中にあるか、
(b) 前記非天然微生物が、シクロヘキサノン経路酵素を各々コードする外来性核酸を、少なくとも2つ、かつ最大で、すべてのシクロヘキサノン経路酵素をコードする外来性核酸の数まで含むか、
(c) 前記少なくとも1つの外来性核酸が、異種性核酸であるか、又は、
(d) 前記微生物が、細菌、酵母又は真菌の種である、
請求項1～20のいずれか1項記載の非天然微生物。

【請求項22】

シクロヘキサノンを產生する条件下かつそれに十分な時間、請求項1～21のいずれか1項記載の非天然微生物を培養することを含む、シクロヘキサノンを產生する方法。

【請求項23】

シクロヘキサノンを含む培地であって、該シクロヘキサノンが、請求項1～21のいずれか1項記載の非天然微生物によって產生される、前記培地。

【請求項24】

生合成されたシクロヘキサノンであって、該シクロヘキサノンが、任意に、請求項22

記載の方法にしたがって產生されている、前記生合成されたシクロヘキサン。

【請求項 25】

請求項 24 記載の生合成されたシクロヘキサンを含む、組成物。

【請求項 26】

請求項 24 記載の生合成されたシクロヘキサンを含む、又は、それから製造された、化合物、ポリマー又は他の製品。

【請求項 27】

化合物、ポリマー又は他の製品の製造における、請求項 24 記載の生合成されたシクロヘキサンの使用であつて、該製造が、任意に、該シクロヘキサンの化学的転換を含む、前記使用。

【請求項 28】

前記化合物、ポリマー又は他の製品がナイロン6又はナイロン66である、請求項 26 記載の化合物、ポリマー若しくは他の製品、又は、請求項 27 記載の使用。