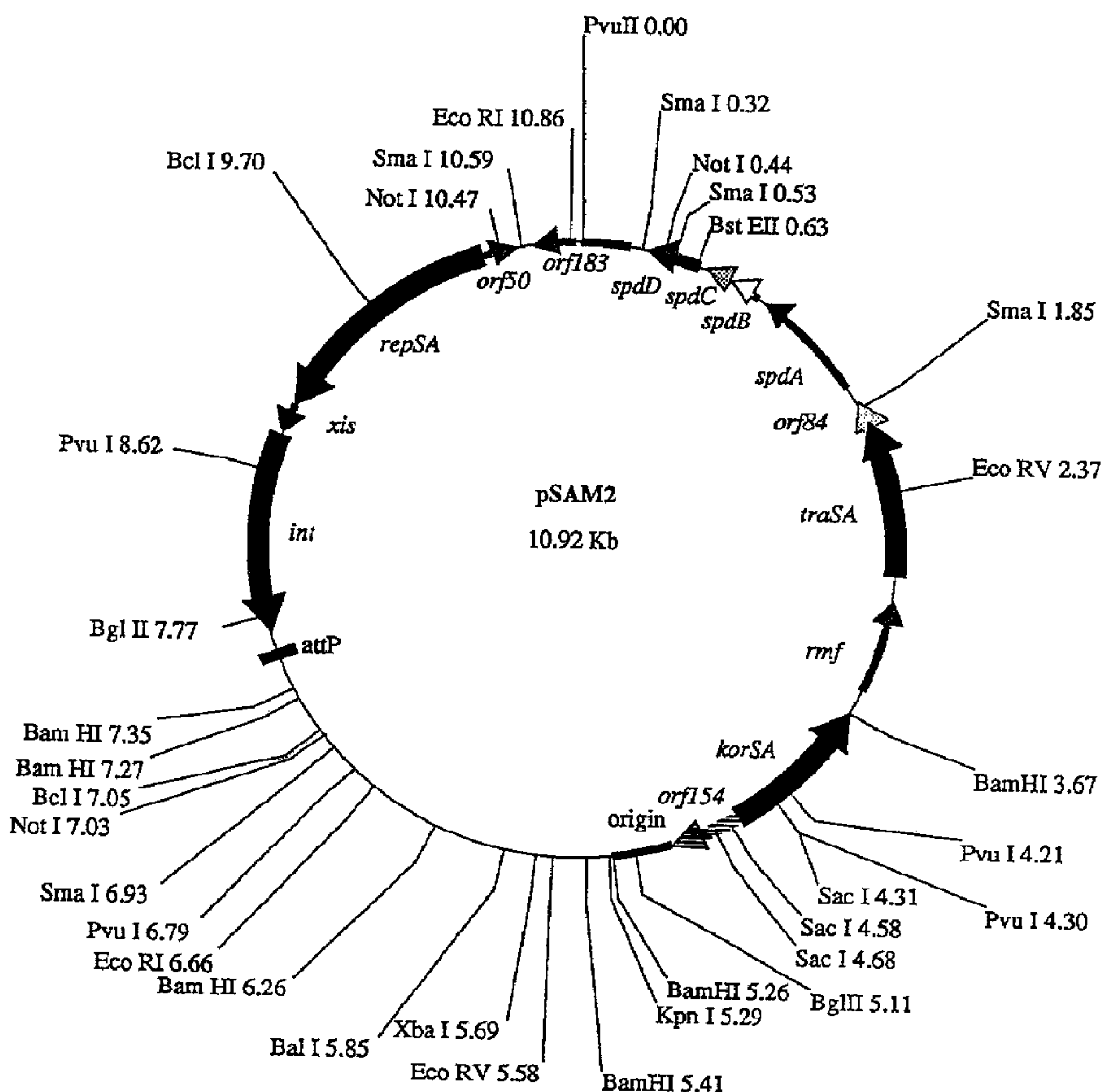




(86) Date de dépôt PCT/PCT Filing Date: 1994/12/05
 (87) Date publication PCT/PCT Publication Date: 1995/06/15
 (45) Date de délivrance/Issue Date: 2009/02/03
 (85) Entrée phase nationale/National Entry: 1996/05/28
 (86) N° demande PCT/PCT Application No.: FR 1994/001413
 (87) N° publication PCT/PCT Publication No.: 1995/016046
 (30) Priorité/Priority: 1993/12/08 (FR93/14701)

(51) Cl.Int./Int.Cl. *C12N 15/76* (2006.01),
C12N 15/31 (2006.01), *C12N 15/63* (2006.01),
C12N 15/69 (2006.01), *C12P 1/06* (2006.01)
 (72) Inventeurs/Inventors:
 FRIEDMANN, ANNICK, FR;
 GUERINEAU, MICHEL, FR;
 HAGEGE, JULIETTE, FR;
 PERNODET, JEAN-LUC, FR;
 SEZONOV, GUENNADY, FR
 (73) Propriétaire/Owner:
 AVENTIS PHARMA S.A., FR
 (74) Agent: ROBIC

(54) Titre : SEQUENCES D'ACIDES NUCLEIQUES REGULATRICES ET UTILISATIONS
 (54) Title: REGULATORY NUCLEIC ACID SEQUENCES AND USES THEREOF



(57) Abrégé/Abstract:

La présente invention concerne de nouvelles séquences nucléiques, des vecteurs pour leur expression, et leur utilisation, notamment dans des procédés de fermentation chez les Actinomycètes.



DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIEE EN VERTU DU TRAITE DE COOPERATION EN MATIERE DE BREVETS (PCT)

(51) Classification internationale des brevets ⁶ : C12N 15/76	A1	(11) Numéro de publication internationale: WO 95/16046
		(43) Date de publication internationale: 15 juin 1995 (15.06.95)

<p>(21) Numéro de la demande internationale: PCT/FR94/01413</p> <p>(22) Date de dépôt international: 5 décembre 1994 (05.12.94)</p> <p>(30) Données relatives à la priorité: 93/14701 8 décembre 1993 (08.12.93) FR</p> <p>(71) Déposant (pour tous les Etats désignés sauf US): RHONE-POULENC RORER S.A. [FR/FR]; 20, avenue Raymond-Aron, F-92160 Antony (FR).</p> <p>(72) Inventeurs; et (75) Inventeurs/Déposants (US seulement): FRIEDMANN, Annick [FR/FR]; 2, route de Gif, F-91190 Villiers-le-Bacile (FR). GUERINEAU, Michel [FR/FR]; 45, rue Saint-Placide, F-75006 Paris (FR). HAGEGE, Juliette [FR/FR]; 57, avenue Saint-Laurent, F-91400 Orsay (FR). PERNODET, Jean-Luc [FR/FR]; 21, rue des Jardins, F-94230 Cachan (FR). SEZONOV, Guennady [RU/FR]; 9, rue Varin, F-75006 Paris (FR).</p> <p>(74) Mandataire: BECKER, Philippe; Rhône-Poulenc Rorer S.A., Direction Brevets, 20, avenue Raymond-Aron, F-92165 Antony Cédex (FR).</p>	<p>(81) Etats désignés: AM, AU, BB, BG, BR, BY, CA, CN, CZ, GE, HU, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LK, LT, LV, MD, MG, MN, MW, NZ, PL, RO, RU, SD, SE, SI, SK, TJ, TT, UA, US, UZ, VN, brevet européen (AT, BE, CH, DE, DK, ES, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG), brevet ARIPO (KE, MW, SD, SZ).</p> <p style="text-align: center; font-size: 2em;">2177600</p> <p>Publiée Avec rapport de recherche internationale. Avant l'expiration du délai prévu pour la modification des revendications, sera republiée si de telles modifications sont reçues.</p>
--	---

(54) Title: REGULATORY NUCLEIC ACID SEQUENCES AND USES THEREOF

(54) Titre: SEQUENCES D'ACIDES NUCLEIQUES REGULATRICES ET UTILISATIONS

(57) Abstract

Novel nucleic acid sequences, vectors for expressing same, and uses of said sequences, in particular in Actinomycetes fermentation methods, are disclosed.

(57) Abrégé

La présente invention concerne de nouvelles séquences nucléiques, des vecteurs pour leur expression, et leur utilisation, notamment dans des procédés de fermentation chez les Actinomycetes.

	RBS PROMOTER promoteur RBS	rmf GENE gène rmf	OCCURRENCE OF FREE FORM pSAM2 Apparition de la forme libre de pSAM2
pIJ487		_____	non NO
pOS541	ermE*	<div style="display: flex; align-items: center;"> <div style="width: 100px; border-bottom: 1px solid black; margin-right: 5px;"></div> <div style="margin-right: 10px;">+1</div> <div style="width: 100px; border-bottom: 1px solid black; margin-right: 5px;"></div> <div style="margin-right: 10px;">+53</div> <div style="width: 100px; border-bottom: 1px solid black; margin-right: 5px;"></div> <div style="margin-right: 10px;">+563</div> </div>	oui YES pSAM2(B2)
pOS531		_____	non NO
pOS532	ermE*	_____	non NO
pOS544		<div style="display: flex; align-items: center;"> <div style="width: 100px; border-bottom: 1px solid black; margin-right: 5px;"></div> <div style="margin-right: 10px;">BspHI (Klenow)</div> <div style="width: 100px; border-bottom: 1px solid black; margin-right: 5px;"></div> </div>	non NO
pOS666	tipA	_____	oui YES pOS666

SEQUENCES D'ACIDES NUCLEIQUES REGULATRICES ET UTILISATIONS

La présente invention concerne une nouvelle séquence nucléique, des vecteurs pour son expression, et son utilisation dans des procédés de fermentation chez les Actinomycetes.

5 Les Actinomycetes sont des bactéries Gram (+) filamenteuses et ramifiées. Parmi les Actinomycetes, les Streptomyces représentent la famille la plus importante. Les Streptomyces sont des bactéries filamenteuses, sporulantes et vivant naturellement dans le sol dans des conditions de stricte aérobiose.

10 Les Actinomycetes, et notamment les Streptomyces, présentent un grand intérêt sur le plan industriel. En particulier, ils présentent la particularité de produire une grande variété de métabolites secondaires (Demain, Biology of Actinomycetes 88, Okami (Eds), Tokyo, Japan scientific societies press, 1988, p.19-25). Ces métabolites peuvent avoir des structures et des propriétés biologiques très différentes (herbicides, anticancéreux, antihelminthiques, anabolisants, antibiotiques, etc). Les plus connus de
15 ces métabolites sont les antibiotiques (substances chimiques produites par un organisme et ayant un effet néfaste sur d'autres organismes). Les Streptomyces sont actuellement à l'origine de 70% des antibiotiques produits industriellement. La diversité structurale des antibiotiques synthétisés ne se retrouve dans aucun autre genre bactérien. Ainsi, presque tous les types de structure sont représentés : les β
20 lactamines (ex. l'ampicilline), les antibiotiques polypeptidiques (ex. streptogramines), les antibiotiques aminoglycosidiques (ex. streptomycine, kanamycine, etc), les macrolides (ex. erythromycine, spiramycine, etc), ou encore les cyclines (ex. tétracycline), etc.

25 Pour ces raisons, il est particulièrement intéressant de pouvoir disposer d'outils (vecteurs, promoteurs, etc) permettant de manipuler génétiquement ces microorganismes. De tels outils permettraient en effet de modifier les niveaux de synthèse de ces métabolites, ou de préparer des intermédiaires de synthèse ou des dérivés de ces métabolites, etc. De tels outils permettraient également de faire fabriquer par ces microorganismes des produits recombinants, notamment des
30 protéines hétérologues, selon les techniques du génie génétique.

A cet égard, la demande de brevet n° EP 350 341 décrit des vecteurs dérivés du plasmide pSAM2 ayant des propriétés très intéressantes. Ainsi, ces vecteurs sont

capables de s'intégrer de manière site-spécifique dans le génome des Actinomycetes, possèdent un large spectre d'hôte et une stabilité élevée. Par ailleurs, ils peuvent être utilisés pour le transfert et l'expression d'acides nucléiques dans les Actinomycetes. Toutefois, ces vecteurs présentent certains inconvénients qui résident notamment dans leur faible nombre de copies par cellules, et dans l'absence de moyens de contrôle du nombre de copies. Ainsi, pSAM2 et ses dérivés s'intègrent généralement à raison d'une seule copie par chromosome.

La présente invention apporte une solution à ce problème, en fournissant des outils capables d'améliorer les conditions d'utilisation industrielle de vecteurs dérivés de pSAM2. La présente invention décrit en effet un gène dont le produit d'expression conduit à l'apparition, à partir de formes intégrées, de formes libres répliquatives du plasmide pSAM2 ou de vecteurs dérivés de celui-ci. Ceci a pour effet d'augmenter le nombre de copies de pSAM2 ou de ses dérivés car les formes libres sont présentes à un nombre élevé de copies par cellule.

La présente invention décrit aussi des cassettes d'expression de ce gène, des vecteurs le contenant, et leur utilisation pour induire l'apparition de copies libres de pSAM2 ou de vecteurs intégratifs dérivés de celui-ci.

La demanderesse a en effet isolé, séquencé et caractérisé une région du plasmide pSAM2 capable d'induire l'apparition de copies libres répliquatives de pSAM2 ou de ses dérivés. La demanderesse a également montré que cette région pouvait être utilisée en cis (sur le même vecteur) ou en trans (pas sur le même vecteur) pour agir sur pSAM2 ou ses dérivés. La séquence de cette région est présentée sur la séquence SEQ ID n° 1. Plus précisément, cette région et son rôle fonctionnel ont été mis en évidence par l'étude de variants du plasmide pSAM2 : d'une part pSAM2(B2), provenant de *S. ambofaciens* ATCC 15154 pour lequel aucune forme libre n'est observée, d'autre part pSAM2(B3) et pSAM2(B4) provenant d'autres *S. ambofaciens*, pour lesquels la forme libre est observée avec la forme intégrée. Cette étude a permis de caractériser deux mutations ponctuelles différentes (celles de pSAM2(B3) et celle de pSAM2(B4)) localisées toutes deux dans la région promotrice contrôlant l'expression d'un gène de pSAM2 (Cf SEQ ID n° 1). Ces mutations conduisent à l'apparition de la forme libre de pSAM2(B3) et de pSAM2(B4). Ce gène a ensuite été cloné et séquencé, et sa capacité à provoquer l'apparition de la forme libre de plasmides dérivés de pSAM2 à partir de la copie intégrée a été démontrée.

Un premier objet de l'invention réside donc dans une séquence d'acide nucléique comprenant tout ou partie de la séquence SEQ ID N° 1 ou d'un variant de celle-ci.

Plus précisément, la présente invention concerne une molécule d'acide nucléique caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi:

a) la séquence d'acide nucléique représentée par la SEQ ID N° 1,

b) les fragments de cette séquence codant pour un polypeptide capable de permettre l'apparition, à partir de formes intégrées, de formes libres répliquatives du plasmide pSAM2 dans les Actinomycètes,

c) les variants de cette séquence et résultant de la dégénérescence du code génétique et codant pour un polypeptide capable de permettre l'apparition, à partir de formes intégrées, de formes libres répliquatives du plasmide pSAM2 dans les Actinomycètes.

Au sens de la présente invention, le terme variant désigne toute séquence différant de la séquence SEQ ID n°1 en raison de la dégénérescence du code génétique, ainsi que toute séquence hybridant avec ces séquences ou des fragments de celles-ci et dont le produit possède l'activité indiquée. Ces variants peuvent être obtenus par toute technique connue de l'homme du métier, à partir de SEQ ID n° 1, notamment, mutation, délétion, substitution, addition, hybridation, etc. Les hybridations peuvent être réalisées dans des conditions de stringence conventionnelles (Maniatis et al., Cf techniques générales de biologie moléculaire), ou, de préférence, dans des conditions de stringence élevées. La capacité des variants d'induire l'apparition de formes libres répliquatives de pSAM2 ou de ses dérivés peut être déterminée sur une souche d'Actinomycète contenant un tel plasmide intégré (par exemple sur la souche ATCC 15154), en transfectant ledit variant dans la souche, dans des conditions permettant son expression, et en vérifiant l'apparition de formes libres (Cf exemples).

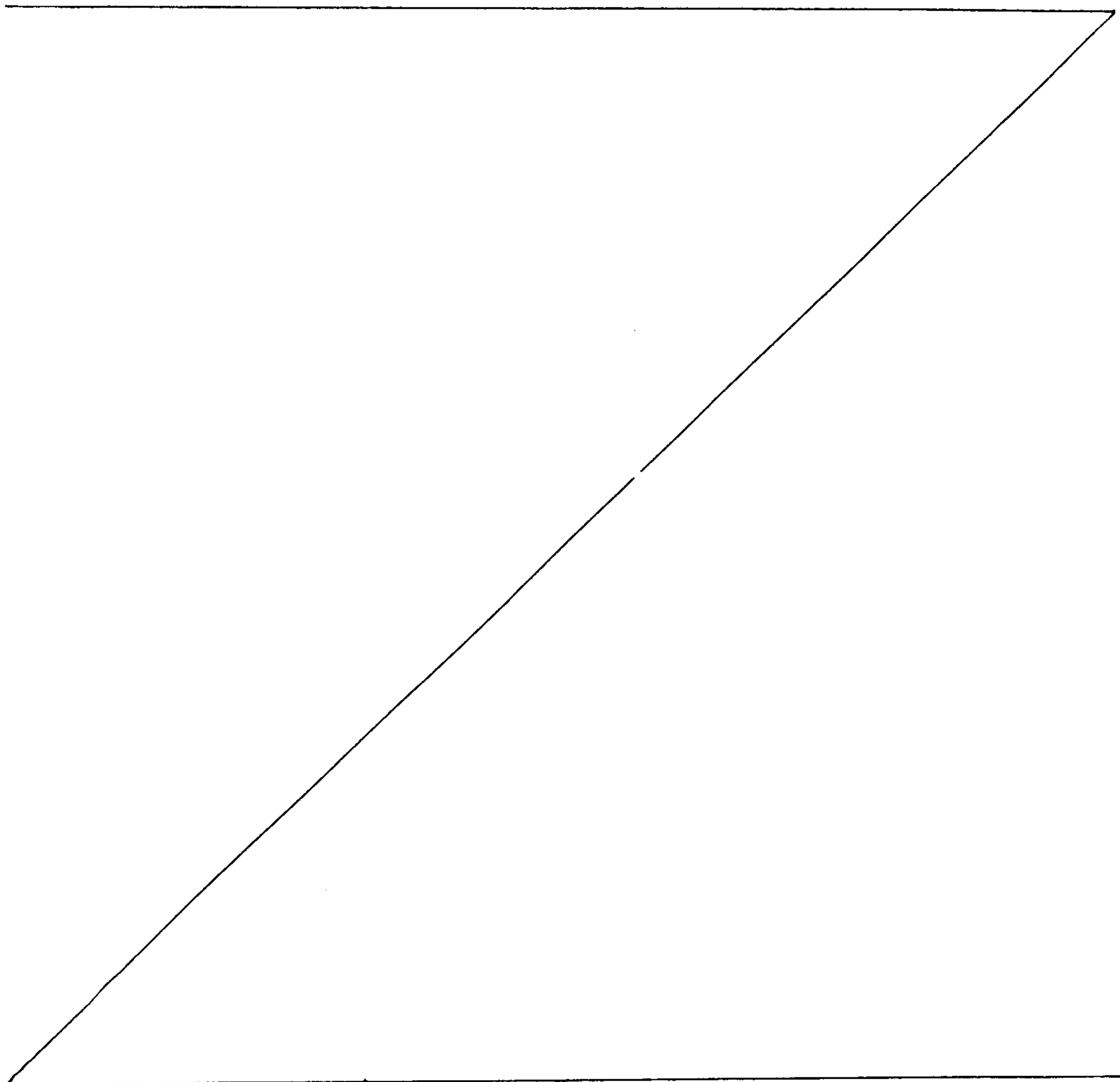
Un autre objet de l'invention concerne toute cassette d'expression de la séquence SEQ ID n° 1 ou d'un variant de celle-ci tel que défini ci-avant, comprenant ladite séquence ou variant sous contrôle d'un promoteur constitutif ou régulé.

L'utilisation d'un promoteur constitutif est particulièrement avantageuse

3a

lorsque la cassette est utilisée en trans pour induire des formes libres d'un plasmide intégré. Dans ce cas, les cellules contenant la forme intégrée du plasmide sont transfectées avec la cassette d'expression pour induire l'apparition de formes libres répliquatives, permettant par exemple d'isoler et/ou de purifier le plasmide.

L'utilisation d'un promoteur régulé est particulièrement avantageuse lorsque la cassette est utilisée en cis (sur le vecteur dérivé de pSAM2 lui-même), par exemple dans un procédé industriel de fermentation. Dans ce cas, toute la phase de prolifération et de croissance des cellules est effectuée sans expression du gène de l'invention, c'est-à-dire avec une seule copie du plasmide par chromosome, et, pour la phase de production (d'un produit recombinant, d'un gène de biosynthèse ou de régulation de la synthèse d'un métabolite, etc), le promoteur régulé est induit, entraînant l'apparition de plusieurs copies libres du plasmide et ainsi une activité de production accrue. Ce mode



de mise en oeuvre est particulièrement avantageux lorsque le vecteur dérivé de pSAM2 porte des séquences hétérologues dont la présence en plusieurs nombre de copies peut être toxique aux cellules et/ou affecter leur croissance.

5 Parmi les promoteurs constitutifs utilisables dans le cadre de la présente invention, on peut citer plus particulièrement tout promoteur constitutif fonctionnel dans les Actinomycètes, tel que par exemple le promoteur du gène ermE ou un variant de celui-ci (Bibb et al., Gene 41 (1986) E357), le promoteur p14 du phage I19 de *S.ghanaensis* (Labes et al., Sixth DFGWT/AFAST, 27-30/11/92), ou tout fragment contenant une région promotrice d'un opéron ribosomique de *S.ambofaciens* (Pernodet
10 et al., Gene 79 (1989) 33).

Parmi les promoteurs régulables utilisables dans le cadre de la présente invention, on peut citer plus particulièrement tout promoteur régulable fonctionnel dans les Actinomycètes. Il peut s'agir de promoteurs induits spécifiquement par un agent introduit dans le milieu de culture, tel que par exemple le promoteur tipA
15 inductible par le thiostrepton (Murakami et al., J. Bact. 171 (1989) 1459) ou des promoteurs thermoinductibles comme celui des gènes groEL par exemple (Mazodier et al., J. Bact. 173 (1991) 7382). Il peut également s'agir d'un promoteur d'actinomycètes spécifiquement actif dans les phases tardives du cycle de prolifération des actinomycètes, tel que par exemple certains promoteurs de gènes du métabolisme
20 secondaire (gènes de production d'antibiotiques notamment).

Un autre objet de l'invention concerne l'utilisation des séquences de l'invention telles que définies ci-avant, ou des cassettes les contenant, pour induire l'apparition de copies libres de vecteurs dérivés de pSAM2 intégrés dans un Actinomycète.

25 Comme indiqué plus haut, cette utilisation peut être effectuée en cis (le gène ou la cassette étant portés par le vecteur intégratif dérivé de pSAM2) ou en trans (le gène ou la cassette étant sur un autre vecteur ou même introduits directement tels quels).

30 Les vecteurs intégratifs dérivés de pSAM2 tels que mentionnés ci-dessus sont des vecteurs comprenant au moins les éléments de pSAM2 nécessaires à l'intégration, à l'excision et à la répllication. Plus particulièrement, ces vecteurs comprennent donc au moins les régions attP et int telles que décrites dans la demande EP 350 341, le gène

Xis, le gène repSA et l'origine de réplication (ori). Ces différentes régions, sont représentées sur la carte du plasmide pSAM2 donnée sur la figure 1, qui mentionne également certains sites de restriction permettant d'extraire ces régions.

Avantageusement, les vecteurs intégratifs dérivés de pSAM2 comprennent également une séquence d'ADN recombinante codant pour un produit recherché. Il peut s'agir d'un peptide, polypeptide ou protéine présentant un intérêt pharmaceutique ou agroalimentaire. Dans ce cas, le système de l'invention permet d'augmenter le nombre de copies de cette séquence par cellule et donc d'augmenter les niveaux de production de ce produit et ainsi d'augmenter les rendements du procédé de préparation. Le produit recherché peut également être un peptide, polypeptide ou protéine intervenant dans la biosynthèse (synthèse, dégradation, transport ou régulation) d'un métabolite par la souche d'Actinomycète concernée. Dans ce cas, le système de l'invention permet d'augmenter le nombre de copies de cette séquence par cellule et donc d'augmenter les niveaux de production de ce produit et ainsi soit d'augmenter les niveaux de production du métabolite, soit de bloquer la biosynthèse du métabolite, soit de produire des dérivés du métabolite.

Les séquences de l'invention peuvent ainsi être utilisées dans tout Actinomycète dans le génome duquel les vecteurs pSAM2 ou ses dérivés sont capables de s'intégrer. En particulier, elles peuvent être utilisées dans des procédés de fermentation impliquant des souches de Streptomyces, de mycobactéries, de bacillus, etc. A titre d'exemple, on peut citer les souches de *S. pristinaespiralis* (ATCC 25486), *S. antibioticus* (DSM 40868), *S. bikiniensis* (ATCC 11062), *S. parvulus* (ATCC 12434), *S. glaucescens* (ETH 22794), *S. actuosus* (ATCC25421), *S. coelicolor* (A3(2)), *S. ambofaciens*, *S. lividans*, *S. griseofuscus*, *S. limosus*, etc (Voir également Smokvina et al., Applications of the integrated plasmid pSAM2, GIM90, Proceedings, Vol. 1, p.403-407).

Des vecteurs dérivés de pSAM2 comportant les éléments décrits ci-dessus peuvent être construits par l'homme du métier, sur la base de ses connaissances générales et des enseignements de la présente demande (Cf également les techniques générales de biologie moléculaire).

Les séquences de l'invention sont tout particulièrement adaptées à une utilisation dans un procédé industriel de production d'antibiotiques (spiramycine,

2177600

6

streptogramines, β lactames, etc dont les gènes sont décrits dans les demandes EP 346 000 et PCT/FR93/00923 notamment).

La présente invention sera plus complètement décrite à l'aide des exemples qui suivent, qui doivent être considérés comme illustratifs et non limitatifs.

5 Légende des figures :

Figure 1 : Carte de restriction du plasmide pSAM2

Figure 2 : Carte de restriction du vecteur pOS531

Figure 3 : Carte de restriction du vecteur pOS532

Figure 4 : Carte de restriction du vecteur pOS541

10 Figure 5 : Carte de restriction du vecteur pOS544

Figure 6 : Carte de restriction du vecteur pOS666. Ce vecteur est construit à partir du plasmide pPM927 (Smokvina et al. gene 94 (1990) 53) par insertion du gène *rmf* (également désigné *pra*) et de l'origine de répllication de pSAM2 : *tsr* : gène de résistance au thiostrepton; *stm/spc* : gène de résistance à la streptomycine/spectinomycine; *oriR* : origine de répllication *E. coli*; *oriSAM2* : origine de répllication de pSAM2; *ter* : terminateur de transcription.

Figure 7 : Activité des vecteurs.

Techniques générales de biologie moléculaire

20 Les méthodes classiquement utilisées en biologie moléculaire telles que les extractions préparatives d'ADN plasmidique, la centrifugation d'ADN plasmidique en gradient de chlorure de césium, l'électrophorèse sur gels d'agarose ou d'acrylamide, la purification de fragments d'ADN par électroélution, les extraction de protéines au phénol ou au phénol-chloroforme, la précipitation d'ADN en milieu salin par de
25 l'éthanol ou de l'isopropanol, la transformation dans *Escherichia coli*, etc ... sont bien connues de l'homme de métier et sont abondamment décrites dans la littérature [Maniatis T. et al., "Molecular Cloning, a Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor, N.Y., 1982; Ausubel F.M. et al. (eds), "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons, New York, 1987].

30 Les plasmides de type pBR322, pUC et les phages de la série M13 sont d'origine commerciale (Bethesda Research Laboratories).

Pour les ligatures, les fragments d'ADN peuvent être séparés selon leur taille par électrophorèse en gels d'agarose ou d'acrylamide, extraits au phénol ou par un mélange phénol/chloroforme, précipités à l'éthanol puis incubés en présence de l'ADN ligase du phage T4 (Biolabs) selon les recommandations du fournisseur.

5 Le remplissage des extrémités 5' proéminentes peut être effectué par le fragment de Klenow de l'ADN Polymérase I d'E. coli (Biolabs) selon les spécifications du fournisseur. La destruction des extrémités 3' proéminentes est effectuée en présence de l'ADN Polymérase du phage T4 (Biolabs) utilisée selon les recommandations du fabricant. La destruction des extrémités 5' proéminentes est effectuée par un traitement ménagé par la nucléase S1.

10 La mutagénèse dirigée in vitro par oligodéoxynucléotides synthétiques peut être effectuée selon la méthode développée par Taylor et al. [Nucleic Acids Res. 13 (1985) 8749-8764] en utilisant le kit distribué par Amersham.

15 L'amplification enzymatique de fragments d'ADN par la technique dite de PCR [Polymérase-catalyzed Chain Reaction, Saiki R.K. et al., Science 230 (1985) 1350-1354; Mullis K.B. et Faloona F.A., Meth. Enzym. 155 (1987) 335-350] peut être effectuée en utilisant un "DNA thermal cycler^{*}" (Perkin Elmer Cetus) selon les spécifications du fabricant.

20 La vérification des séquences nucléotidiques peut être effectuée par la méthode développée par Sanger et al. [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74 (1977) 5463-5467] en utilisant le kit distribué par Amersham.

Exemples

Exemple 1 : Clonage et séquençage de la séquence SEQ ID n° 1

25 La forme libre de pSAM2 (B2) n'est pas observée dans *S. lividans* TK24 (Hopwood et al., J. Gen. Microbiol. 129 (1983) 2257), seule la forme intégrée est observée. Avec pSAM2 (B3) la forme libre du plasmide coexiste avec la forme intégrée. Des plasmides hybrides ont été construits à partir de pSAM2 (B3) dans lesquels différentes régions ont été remplacées par les régions équivalentes provenant de pSAM2 (B2). Ceci a permis de montrer que la mutation permettant à pSAM2 (B3) d'exister sous forme libre était localisée dans un fragment de restriction KpnI de 2 kb. La séquence de ce fragment KpnI a été déterminée pour pSAM2 (B2) et pSAM2 (B3). Un seul nucléotide diffère entre ces deux séquences : une paire G/C dans pSAM2 (B2) est remplacée par une paire A/T dans pAM2 (B3). L'analyse de la séquence a montré

* (marque de commerce)

2177600

8

que cette mutation se trouvait en amont d'une phase ouverte de lecture qui se prolongeait plus loin que le site KpnI. La séquence de cette phase ouverte de lecture a été déterminée, elle est présentée sur la séquence SEQ ID n°1. Cette phase ouverte de lecture, désignée *rmf* (ou *pra*), est située entre les gènes *korSA* et *traSA*. La mutation fait disparaître un site de reconnaissance pour l'enzyme de restriction ApaLI (site de reconnaissance : 5'GTGCAC 3'). Ce site est présent chez pSAM2 (B2) mais absent chez pSAM2 (B3).

La séquence SEQ ID n°1 comprend également 100 pb en amont de la région codante, comprenant une partie du promoteur (résidus 1 à 101) et la région 5' non codante mais transcrite (résidus 102 à 154), portant notamment le site de liaison des ribosomes (RBS).

Dans le mutant pSAM2 (B4), pour lequel la forme libre peut être observée, le site ApaLI est encore présent, indiquant que la mutation n'est pas localisée au même endroit que dans pSAM2 (B3). La séquence de pSAM2 (B4) pour la région correspondante a montré que les séquences de pSAM2 (B2) et de pSAM2 (B4) différaient par un nucléotide. Cette mutation était localisée 8 nucléotides en amont de la mutation détectée dans pSAM2 (B3). Ainsi, dans deux cas indépendants, la présence de la forme libre de pSAM2 (B3) et pSAM2 (B4), qui coexiste avec la forme intégrée, est due à une mutation ponctuelle en amont d'un gène de pSAM2. Ces deux mutations indépendantes sont toutes deux situées dans une région dont les expériences d'analyses des ARN messagers ont montré qu'elle constituait le promoteur de ce gène.

Exemple 2 : Construction de cassettes et vecteurs d'expression de la séquence SEQ ID n°1

Plusieurs constructions ont été réalisées en utilisant les promoteurs et plasmides suivants :

- Promoteur *ermE* modifié (*ermE**). Le promoteur *ermE* modifié utilisé correspond au promoteur décrit par Bibb et al précitée possédant une délétion de 3 nucléotides (bases 252-254, figure 2 de Bibb et al. précitée). Ce promoteur modifié donne une expression forte et constitutive. Il a été isolé sous forme d'un fragment KpnI-BamHI de 275 pb.

- Promoteur tipA : Ce promoteur (Murakami et al. précitée) est présent dans le plasmide pPM927 (Smokvina et al., Gene 94 (1990) 53). Il est induit spécifiquement en présence de thiostrepton.

5 - Plasmides pIJ486 et pIJ487. Ces deux plasmides ont été décrits par Ward et al. (Mol. Gen. Genet. 203 (1986) 468). Ces plasmides seuls n'ont pas d'influence sur le statut (libre ou intégré) de pSAM2.

2.1. Construction du vecteur pOS531

10 Le vecteur pOS531 a été construit par clonage de la partie codante du gène rnf (résidus 155 à 505 de la séquence SEQ ID n° 1) aux sites BamHI-HindIII du plasmide pIJ487. Ce vecteur porte donc le gène rnf nu (sans signal d'expression ni région 5' non codante). Une carte de ce vecteur est donnée sur la figure 2.

2.2. Construction du vecteur pOS532

15 Le vecteur pOS532 a été construit par clonage du fragment de 275 pb portant le promoteur ermE modifié aux sites EcoRI-BamHI du vecteur pOS531. Ce vecteur porte donc le gène rnf nu sous contrôle du promoteur ermE modifié (figure 3).

2.3. Construction du vecteur pOS541

Le vecteur pOS541 a été construit en 2 étapes :

20 - clonage d'un fragment comportant la partie codante du gène rnf et la région 5' non codante (résidus 102 à 505 de la séquence SEQ ID n° 1) aux sites BamHI-HindIII du plasmide pIJ487,

- addition du fragment de 275 pb portant le promoteur ermE modifié aux sites EcoRI-BamHI du vecteur obtenu ci-dessus.

Ce vecteur porte donc le gène rnf pourvu de sa région 5' non codante, sous contrôle du promoteur ermE modifié (figure 4).

25 2.4. Construction du vecteur pOS544

Le vecteur pOS544 porte un gène rnf délété dans sa partie 3' (les résidus 102 à 276 de la séquence SEQ ID n° 1 sont présents). Il a été construit par clonage de cette région sous forme d'un fragment BamHI-BspHI (extrémité BspHI traitée par le fragment de Klenow de l'ADN polymérase I d'E. coli) dans les sites BamHI HindIII du

2177600

10

plasmide pIJ487 (extrémité HindIII traitée par le fragment de Klenow de l'ADN polymérase I d'E. coli). Le vecteur pOS544 porte donc la partie 5' du gène *rmf* (région 5' non codante + région 5' codante), mais dépourvue de son promoteur. Une carte de ce vecteur est donnée sur la figure 5.

5 Exemple 3 : Apparition de formes libres répliquatives de vecteurs intégratifs dérivés de pSAM2 due au produit d'expression du gène *rmf*

Cet exemple montre que la surexpression du gène SEQ ID n° 1 peut provoquer l'apparition sous forme libre d'une copie intégrée de pSAM2.

10 3.1. Une preuve directe du rôle d'activateur de la réplication que joue *rmf* peut être obtenue en provoquant, par expression de *rmf*, l'apparition sous forme libre d'une copie intégrée de pSAM2 (B2). Le fait que pSAM2 (B2) possède un site ApaLI supplémentaire par rapport à pSAM2 (B3) permet de vérifier simplement par observation du profil de digestion ApaLI que le plasmide libre est bien pSAM2 (B2).

15 3.2. L'activité de la séquence SEQ ID n° 1 a également été mise en évidence par transformation de *S. lividans* portant une copie intégrée de pSAM2(B2) avec les différents vecteurs décrits ci-dessus, puis recherche de formes libres. Pour cela, *S. lividans* contenant le plasmide pSAM2(B2) a été transformé par la technique des protoplastes par les différents vecteurs décrits dans l'exemple 2. L'ADN plasmidique ou l'ADN cellulaire total sont extraits à partir d'une culture en phase stationnaire des
20 clones transformés. L'ADN plasmidique est digéré par l'enzyme ApaLI et les fragments de digestion séparés par électrophorèse en gel d'agarose. L'observation du profil de restriction permet de savoir si des copies libres de pSAM2(B2) sont présentes. Ces résultats sont ensuite confirmés par des expériences d'hybridation de l'ADN total avec une sonde pSAM2.

25 Les résultats obtenus sont présentés dans la figure 7.

Ces résultats montrent que pOS541, qui comporte le promoteur *ermE* modifié, la région non traduite en amont de *rmf* avec le site de fixation des ribosomes et la phase codant *rmf*, provoque l'apparition de formes libres répliquatives de pSAM2(B2). Comme attendu aucun effet n'est observé avec un vecteur ne comportant
30 que la partie codante *rmf* (pOS531) ou avec un vecteur comportant *ermE* modifié et la partie codante de *rmf*, mais aucune région de fixation des ribosomes (pOS532). Aucun

effet n'est observé avec un vecteur portant une délétion dans la partie 3' de rnf (pOS544).

Le même type d'effet est obtenu quand la cassette permettant l'expression inductible de rnf est localisée sur le plasmide pour lequel on souhaite provoquer
5 l'apparition de formes libres (vecteur pOS666, figure 6).

L'ensemble de ces résultats démontre bien que la séquence de l'invention est capable d'induire, en cis ou en trans, l'apparition de formes libres de vecteurs dérivés de pSAM2.

2177600

12

LISTE DE SEQUENCES

- 5 (1) INFORMATION GENERALE:
- (i) DEPOSANT:
- (A) NOM: RHONE-POULENC RORER S.A.
 - (B) RUE: 20, avenue R. ARON
 - (C) VILLE: ANTONY
 - 10 (E) PAYS: FRANCE
 - (F) CODE POSTAL: 920165
- (ii) TITRE DE L' INVENTION: Séquences d'acides nucléiques
régulatrices et utilisations.
- 15 (iii) NOMBRE DE SEQUENCES: 1
- (iv) FORME LISIBLE PAR ORDINATEUR:
- (A) TYPE DE SUPPORT: Tape
 - 20 (B) ORDINATEUR: IBM PC compatible
 - (C) SYSTEME D' EXPLOITATION: PC-DOS/MS-DOS
 - (D) LOGICIEL: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (OEB)
- 25 (2) INFORMATION POUR LA SEQ ID NO: 1:
- (i) CARACTERISTIQUES DE LA SEQUENCE:
- (A) LONGUEUR: 812 paires de bases
 - 30 (B) TYPE: acide nucléique
 - (C) NOMBRE DE BRINS: double
 - (D) CONFIGURATION: linéaire
- (ii) TYPE DE MOLECULE: ADNc
- 35 (iii) HYPOTHETIQUE: NON
- (iii) ANTI-SENS: NON
- 40 (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONELLE:
- (A) NOM/CLE: CDS
 - (B) EMPLACEMENT: 155..505
 - (D) AUTRES RENSEIGNEMENTS: /product= "gene rnf"
- 45 (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONELLE:
- (A) NOM/CLE: -35_signal
 - (B) EMPLACEMENT: 65..70
- 50 (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONELLE:
- (A) NOM/CLE: -10_signal
 - (B) EMPLACEMENT: 89..94
- 55 (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONELLE:
- (A) NOM/CLE: promoter
 - (B) EMPLACEMENT: 1..101
- 60 (ix) CARACTERISTIQUE ADDITIONELLE:
- (A) NOM/CLE: RBS
 - (B) EMPLACEMENT: 140..145
- (xi) DESCRIPTION DE LA SEQUENCE: SEQ ID NO: 1:

	CCAGCAGCCG	ACTGACGACC	GCTCAACTCC	TCACAGCCCCG	TCGCGAGTTC	TCTGTCGCGG	60										
	CGGGTTGACT	CATGTATAGG	AGTGGTGAC	TCTTCTTCAT	GTCACATCATA	TACATGAGTG	120										
5	ACGGAGTCCA	GCCTCTATAG	AGGAGTGATC	CGCT	GTG	CGT	CAG	ATC	CCC	GTC	172						
					Met	Arg	Gln	Ile	Pro	Val							
					1				5								
10	GAC	ACC	TCC	GCC	GCA	ACC	GTG	ATG	GTC	GCC	AAG	ACT	CCG	GAG	CCG	AAG	220
	Asp	Thr	Ser	Ala	Ala	Thr	Val	Met	Val	Ala	Lys	Thr	Pro	Glu	Pro	Lys	
				10					15					20			
15	GTG	AAG	GAC	CGC	CGG	ACC	GGT	GAG	CTG	GCC	GTC	GAC	GCC	GAG	ACC	GGT	268
	Val	Lys	Asp	Arg	Arg	Thr	Gly	Glu	Leu	Ala	Val	Asp	Ala	Glu	Thr	Gly	
			25					30					35				
20	GCC	AAG	CTC	ATG	ACC	GTG	AAC	GTG	ATG	TTC	GCG	GCC	AAC	GAC	GAA	GTC	316
	Ala	Lys	Leu	Met	Thr	Val	Asn	Val	Met	Phe	Ala	Ala	Asn	Asp	Glu	Val	
		40					45					50					
25	GAG	ATT	CTG	TCC	GTG	ACC	GTC	CCG	GAG	ACC	GGT	ATC	TCC	GGT	GAA	CTG	364
	Glu	Ile	Leu	Ser	Val	Thr	Val	Pro	Glu	Thr	Gly	Ile	Ser	Gly	Glu	Leu	
	55					60					65					70	
30	GCC	ATG	GGT	ACC	CCG	GTC	GCG	CTG	ACG	GGG	CTC	ATC	GCC	CGG	CCG	TGG	412
	Ala	Met	Gly	Thr	Pro	Val	Ala	Leu	Thr	Gly	Leu	Ile	Ala	Arg	Pro	Trp	
					75					80					85		
35	GAG	AAC	GAG	TTC	AAC	GGC	CAG	AAG	CGG	CAC	GGC	ATC	GCG	TTC	CGC	GCG	460
	Glu	Asn	Glu	Phe	Asn	Gly	Gln	Lys	Arg	His	Gly	Ile	Ala	Phe	Arg	Ala	
				90					95					100			
40	GTC	GCG	GTC	ACG	TCG	CTG	ACC	GCT	GCG	GGC	TCG	AAG	GCT	GCC	TGATCATGAC	512	
	Val	Ala	Val	Thr	Ser	Leu	Thr	Ala	Ala	Gly	Ser	Lys	Ala	Ala			
			105					110					115				
45	GTGGTTCATG	GTCGCTGTGG	TTGTGGTCGT	CGCTGCTGCG	GGTCTCCTGC	GGTGGCGGCG	572										
	CCCCGCCTGG	TACTGGCTCA	CCTTCGGGGC	CCTGGTCGCG	ACGGTGCGGG	TCCTGGTCCG	632										
	TACGCCTCGG	TCATGGAAGC	GTGCGGGCTG	ACGGTCCGCC	CTCACGCTGG	CGGCTGCTCT	692										
	GGCCCGGATG	GCGAATGCCG	CGCCTGAGTC	CCGGCCGCCG	CGCATCTTGC	GGTTACGTCC	752										
	CACTCGTACC	GGCCTGGTCT	GCGGCTCAAG	CTCCGGCCGG	GACAGGATGC	CTTCGACGTG	812										

REVENDEICATIONS

1. Molécule d'acide nucléique caractérisée en ce qu'elle est choisie parmi:

a) la séquence d'acide nucléique représentée par la SEQ ID N°1,

b) les fragments de cette séquence codant pour un polypeptide capable de permettre l'apparition, à partir de formes intégrées, de formes libres répliquatives du plasmide pSAM2 dans les Actinomycètes,

10 c) les variants de cette séquence et résultant de la dégénérescence du code génétique et codant pour un polypeptide capable de permettre l'apparition, à partir de formes intégrées, de formes libres répliquatives du plasmide pSAM2 dans les Actinomycètes.

2. Cassette d'expression comprenant une séquence selon la revendication 1, sous contrôle d'un promoteur constitutif ou régulé.

3. Cassette d'expression selon la revendication 2, caractérisée en ce que le promoteur constitutif est choisi parmi le promoteur du gène ermE ou un variant de celui-ci, le promoteur p14 du phage 119 de *S. ghanaensis*, et tout fragment contenant une région promotrice d'un opéron ribosomique de *S.*
20 *ambofaciens*.

4. Cassette d'expression selon la revendication 2, caractérisée en ce que le promoteur régulé est choisi parmi les promoteurs induits spécifiquement par un agent introduit dans le milieu de culture ou des promoteurs thermoinductibles.

5. Cassette d'expression selon la revendication 4, caractérisée en ce que le promoteur induit spécifiquement par un agent introduit dans le milieu de culture est le promoteur tipA inductible par le thiostrepton.

6. Cassette d'expression selon la revendication 4, caractérisée en ce que le promoteur thermoinductible est le promoteur des gènes groEL.

7. Cassette d'expression selon la revendication 2 caractérisée en ce que le promoteur régulé est choisi parmi les promoteurs d'actinomycètes spécifiquement actifs dans les phases tardives du cycle de prolifération des actinomycètes.

8. Cassette d'expression selon la revendication 7, caractérisée en ce que les promoteurs d'actinomycètes sont les promoteurs de gènes du métabolisme secondaire.

10 9. Cassette d'expression selon la revendication 8, caractérisée en ce que les gènes du métabolisme secondaire sont les gènes de production d'antibiotiques.

10. Utilisation d'une molécule d'acide nucléique ou cassette selon l'une quelconque des revendications 1 à 9, pour induire l'apparition de copies libres de vecteurs dérivés de pSAM2 intégrés dans un actinomycète.

11. Utilisation selon la revendication 10, caractérisée en ce que la molécule d'acide nucléique ou la cassette sont portées par le vecteur intégratif dérivé de pSAM2.

20 12. Utilisation selon la revendication 10, caractérisée en ce que la molécule d'acide nucléique ou la cassette sont portées par un autre vecteur ou introduites directement telles quelles.

13. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 10 à 12, caractérisée en ce que l'Actinomycète est choisi parmi les Streptomyces, les mycobactéries et bacillus.

14. Utilisation selon l'une quelconque des revendications 10 à 13, dans un procédé industriel de production d'antibiotiques.

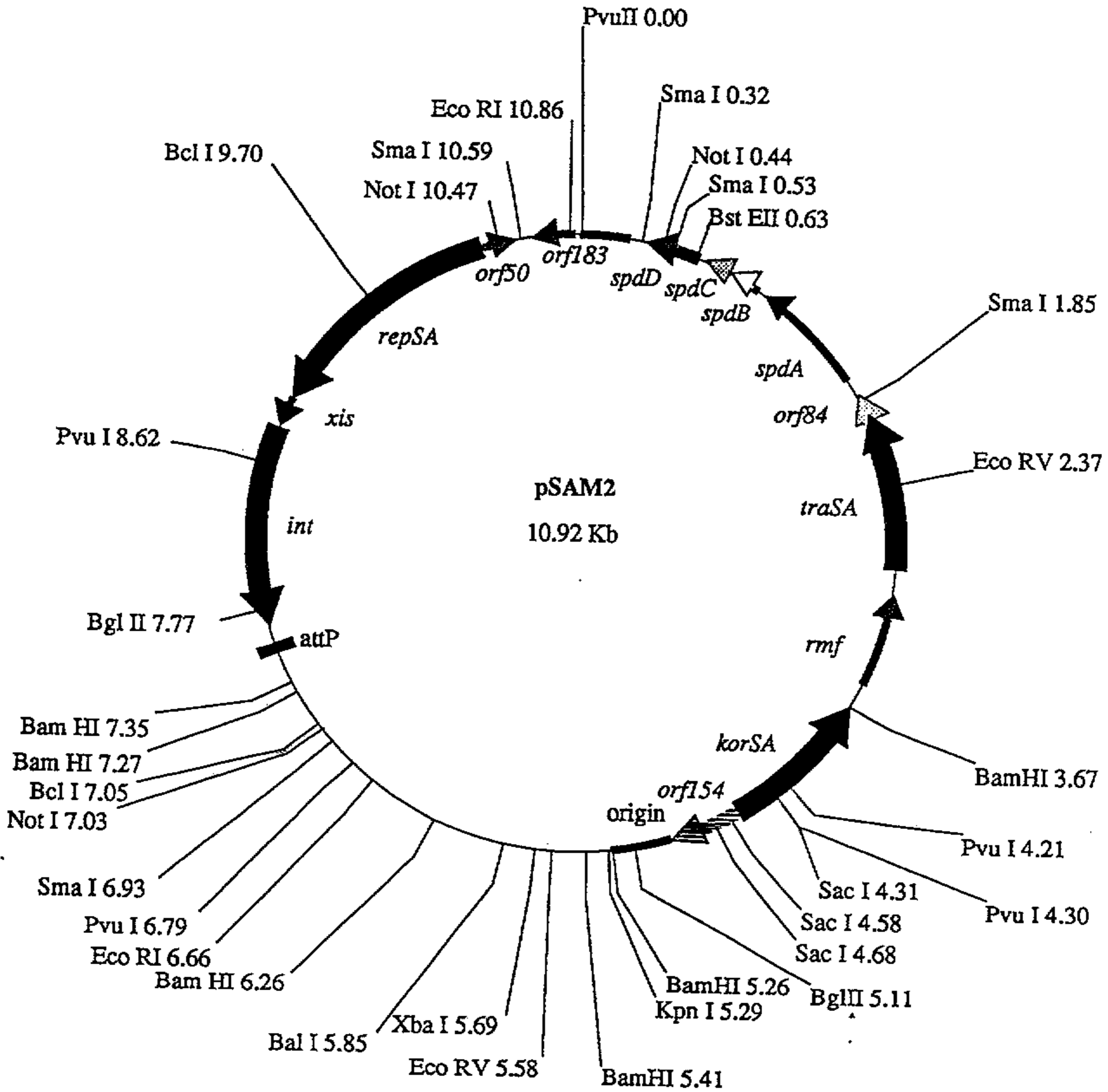


FIGURE 1

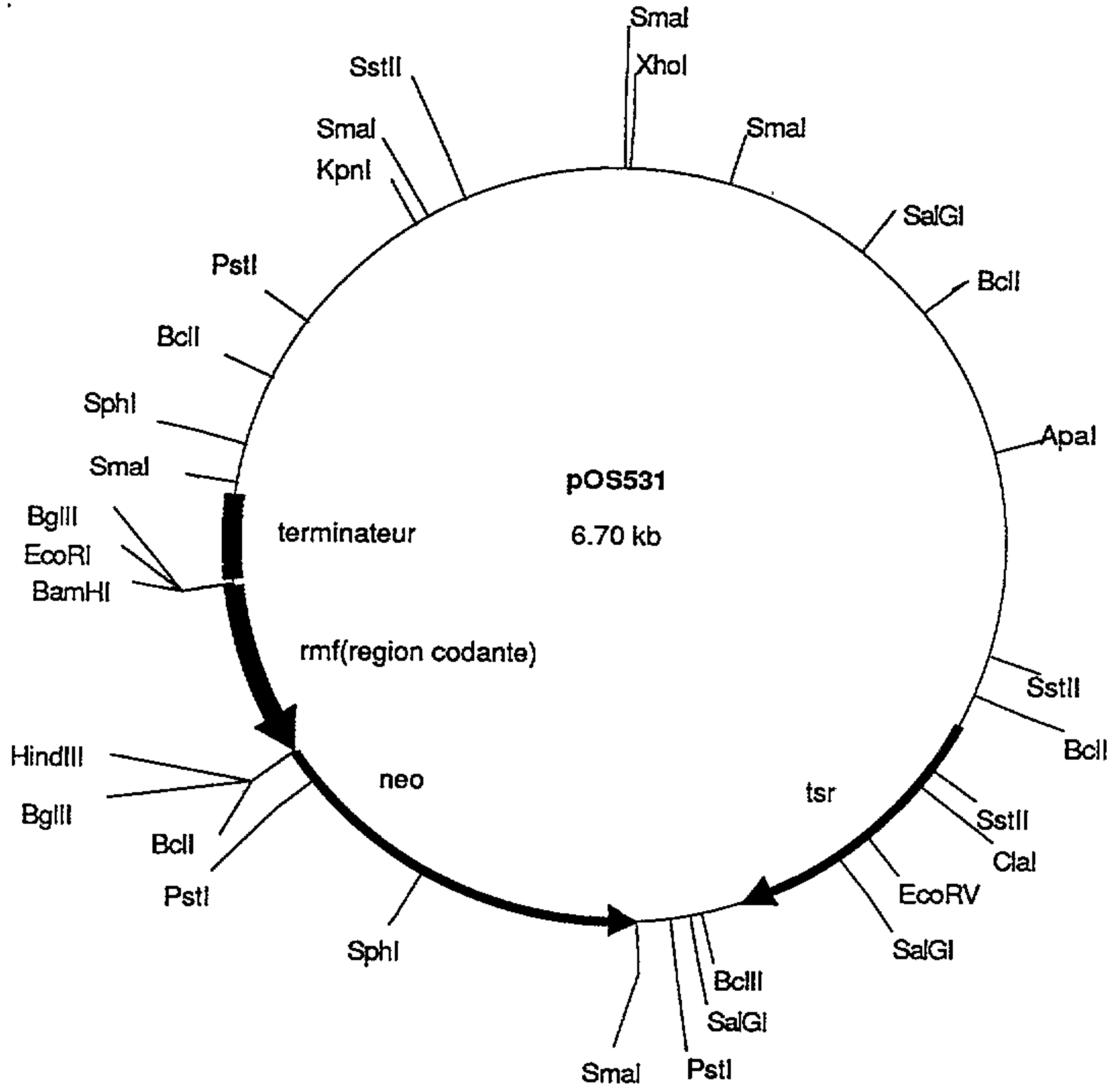


FIGURE 2

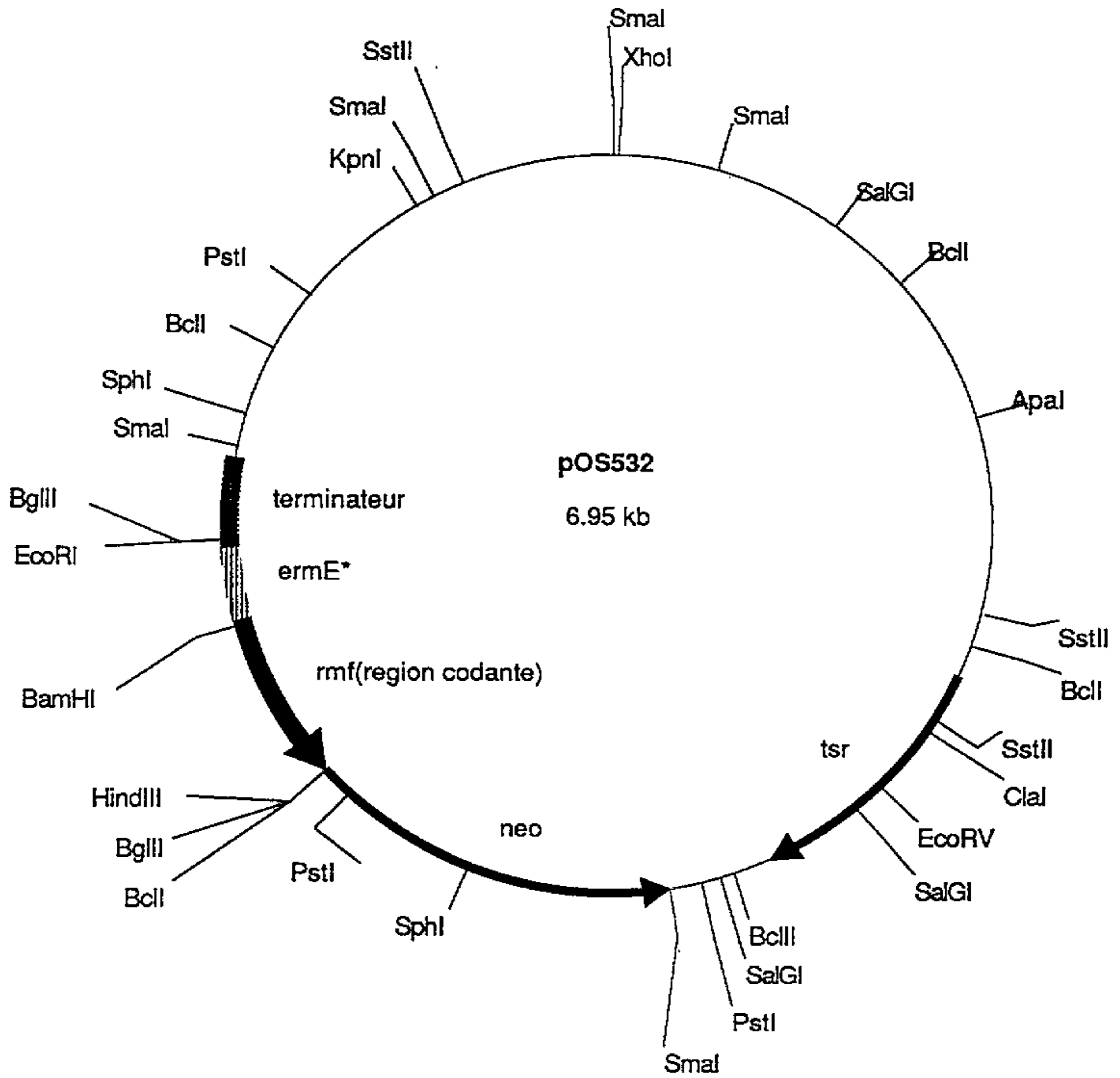


FIGURE 3

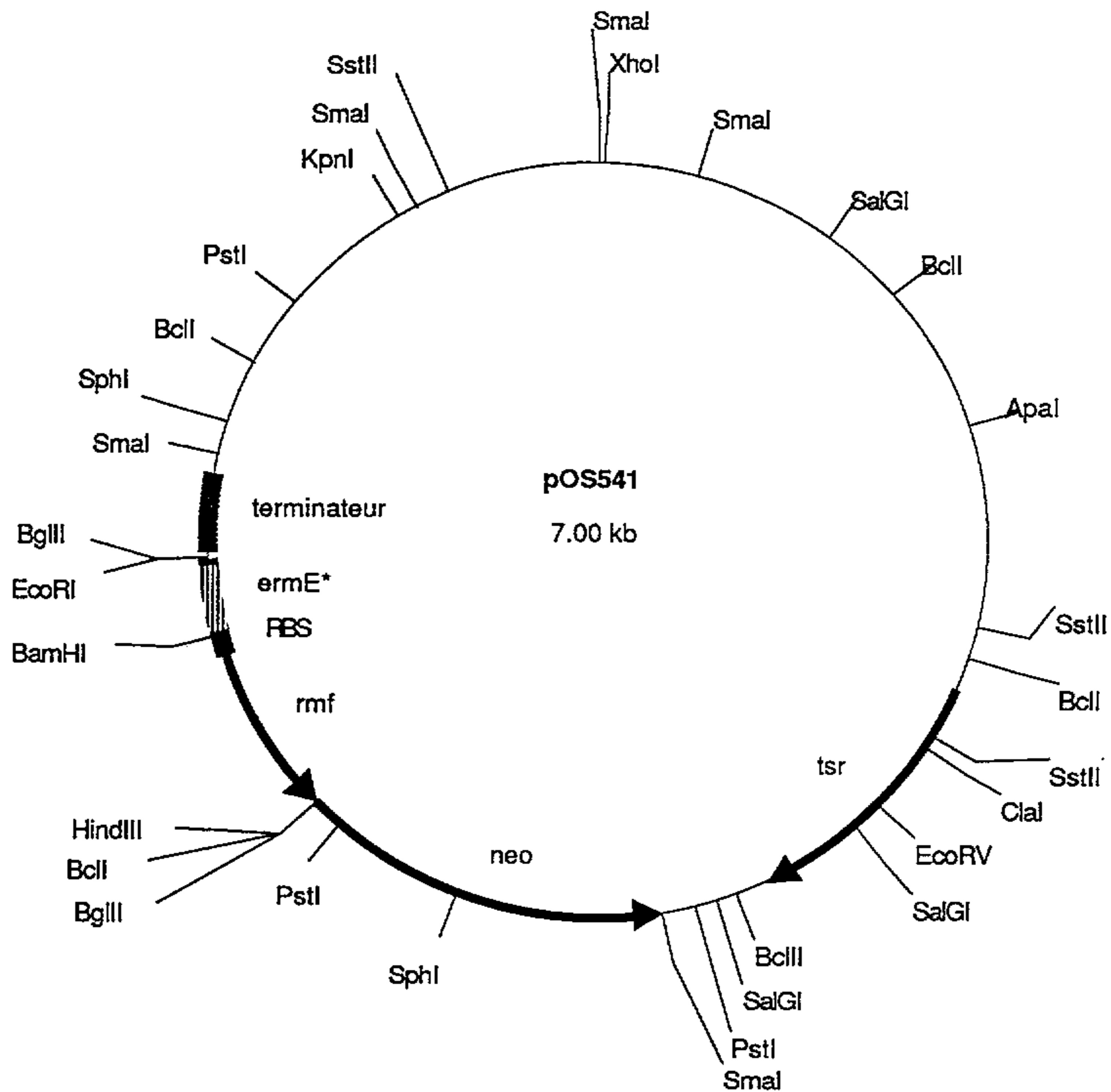


FIGURE 4

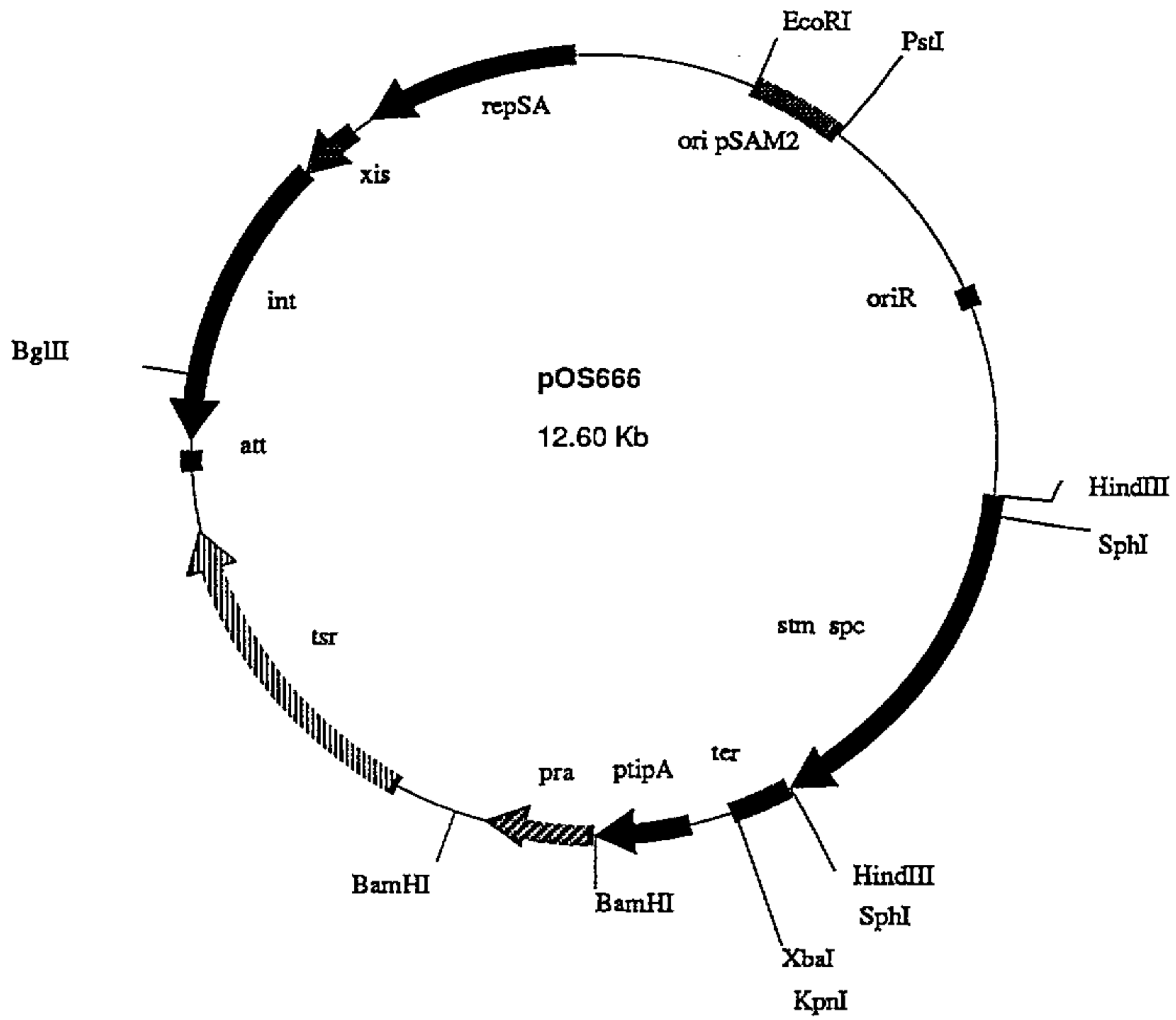


FIGURE 6

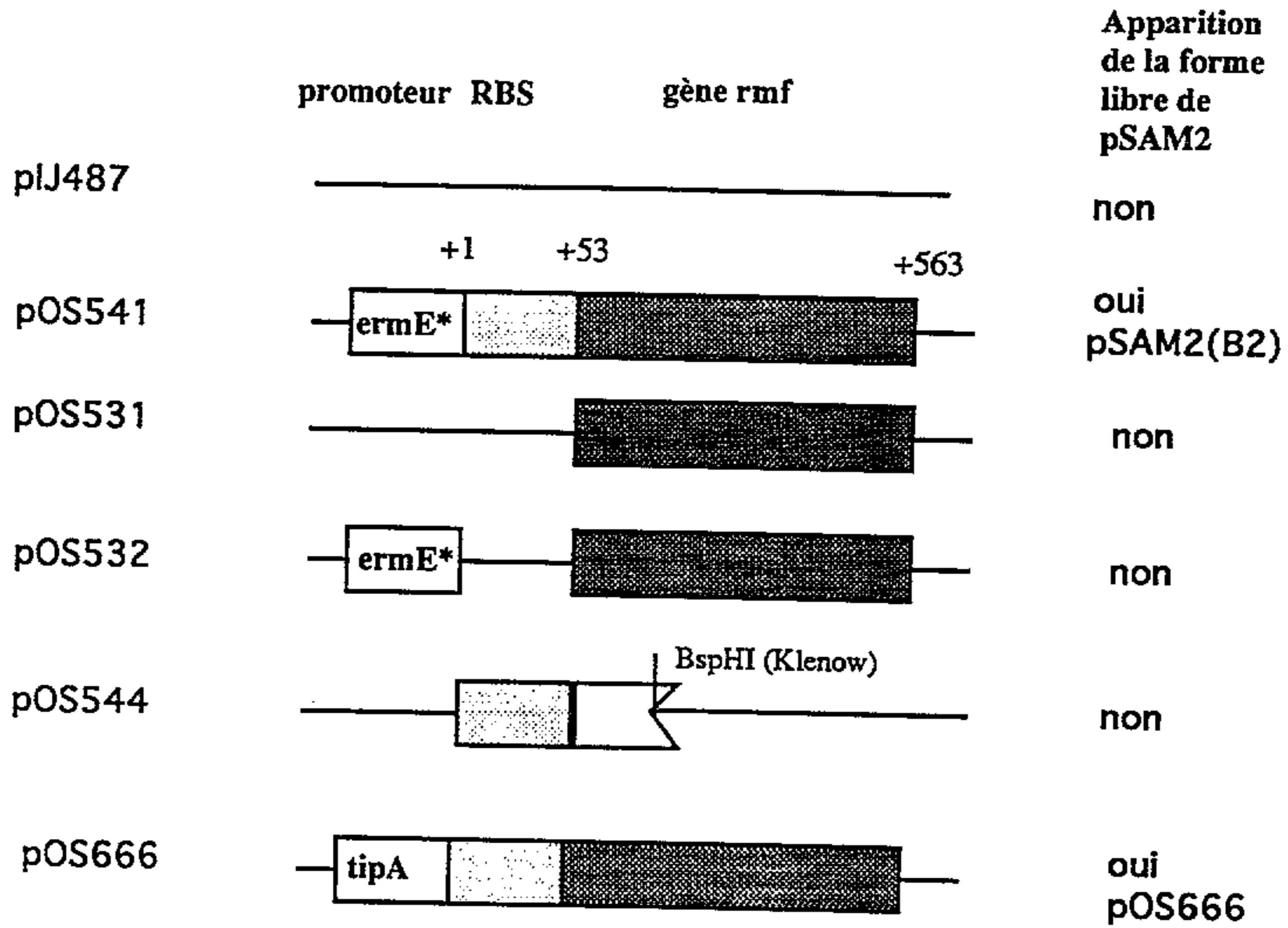


FIGURE 7

