



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2009년01월14일
(11) 등록번호 10-0878334
(24) 등록일자 2009년01월06일

(51) Int. Cl.
C12N 15/31 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2006-7022699(분할)
(22) 출원일자 2006년10월30일
심사청구일자 2006년10월30일
번역문제출일자 2006년10월30일
(65) 공개번호 10-2006-0118627
(43) 공개일자 2006년11월23일
(62) 원출원 특허 10-2001-7016591
원출원일자 2001년12월24일
심사청구일자 2005년06월22일
(86) 국제출원번호 PCT/IB2000/000923
국제출원일자 2000년06월23일
(87) 국제공개번호 WO 2001/00843
국제공개일자 2001년01월04일
(30) 우선권주장
199 30 476.9 1999년07월01일 독일(DE)
(뒷면에 계속)
(56) 선행기술조사문헌
EP-A-0752472 (1997.01.08.)
Annals of The New York Academy of Sciences,
Vol.782 : 191-201, 1996.
Journal of Biological chemistry, Vol.271(10):
5398-5403 (1996)
EP-A-0252558 (1988.01.13)
전체 청구항 수 : 총 4 항

(73) 특허권자
백광산업 주식회사
전라북도 군산시 소룡동 31
(72) 발명자
폼페우스, 마르쿠스
독일 데-67251 프라인샤임 벤엔스트라쎄 21
크뢰거, 부르크하르트
독일 데-67117 림부르거호프 임 발드호프 1
(뒷면에 계속)
(74) 대리인
황이남

심사관 : 정의준

(54) 대사 경로 단백질을 코딩하는 코리네박테리움 글루타미쿰유전자

(57) 요약

본 발명은 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*)으로부터의 신규 MP 단백질을 코딩하는, MP 핵산 분자로 명명된 단리된 핵산 분자를 기재한다. 또한, 본 발명은 안티센스 핵산 분자, MP 핵산 분자를 함유하는 재조합 발현 벡터, 및 상기 발현 벡터가 도입된 숙주 세포를 제공한다. 또한, 본 발명은 단리된 MP 단백질, 돌연변이된 MP 단백질, 융합 단백질, 항원성 펩티드, 및 코리네박테리움 글루타미쿰에서 MP 유전자의 유전공학적 조작을 기초로 하여 상기 생물로부터 원하는 화합물의 생성을 개선시키는 방법을 제공한다.

(72) 발명자

슈뢰더, 하르트비크

독일 데-69226 누슬로호 괴테스트라쎄 5

첼더, 오스카르

독일 데-67346 슈페이어 로쓰마르크트스트라쎄 27

하베르하우어, 그레고르

독일 데-67117 림부르거호프 모델스트라쎄 42

(81) 지정국

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

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

EA 유라시아특허 : 아르메니아, 아제르바이잔, 벨라루스, 키르기즈스탄, 카자흐스탄, 몰도바, 러시아, 타지키스탄, 투르크멘

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

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

(30) 우선권주장

199 31 415.2	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 418.7	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 419.5	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 420.9	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 424.1	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 428.4	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 434.9	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 435.7	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 443.8	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 453.5	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 457.8	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 465.9	1999년07월18일	독일(DE)
199 31 478.0	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 510.8	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 541.8	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 573.6	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 592.2	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 632.5	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 634.1	1999년07월08일	독일(DE)
199 31 636.8	1999년07월08일	독일(DE)
199 32 125.6	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 126.4	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 130.2	1999년07월09일	독일(DE)

199 32 186.8	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 206.6	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 227.9	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 228.7	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 229.5	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 230.9	1999년07월09일	독일(DE)
199 32 922.2	1999년07월14일	독일(DE)
199 32 926.5	1999년07월14일	독일(DE)
199 32 928.1	1999년07월14일	독일(DE)
199 33 004.2	1999년07월14일	독일(DE)
199 33 005.0	1999년07월14일	독일(DE)
199 33 006.9	1999년07월14일	독일(DE)
199 40 764.9	1999년08월27일	독일(DE)
199 40 765.7	1999년08월27일	독일(DE)
199 40 766.5	1999년08월27일	독일(DE)
199 40 832.7	1999년08월27일	독일(DE)
199 41 378.9	1999년08월31일	독일(DE)
199 41 379.7	1999년08월31일	독일(DE)
199 41 380.0	1999년08월31일	독일(DE)
199 41 394.0	1999년08월31일	독일(DE)
199 41 396.7	1999년08월31일	독일(DE)
199 42 076.9	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 077.7	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 079.3	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 086.6	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 087.4	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 088.2	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 095.5	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 124.2	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 129.3	1999년09월03일	독일(DE)
60/141,031	1999년06월25일	미국(US)
60/142,101	1999년07월02일	미국(US)
60/148,613	1999년08월12일	미국(US)
60/187,970	2000년03월09일	미국(US)

특허청구의 범위

청구항 1

삭제

청구항 2

삭제

청구항 3

삭제

청구항 4

삭제

청구항 5

삭제

청구항 6

삭제

청구항 7

삭제

청구항 8

삭제

청구항 9

삭제

청구항 10

삭제

청구항 11

삭제

청구항 12

삭제

청구항 13

삭제

청구항 14

삭제

청구항 15

삭제

청구항 16

삭제

청구항 17

삭제

청구항 18

삭제

청구항 19

삭제

청구항 20

삭제

청구항 21

삭제

청구항 22

삭제

청구항 23

서열 번호 4에 기재된 아미노산 서열로 이루어진 폴리펩티드를 코딩하는 단리된 핵산 분자를 포함하는 발현 벡터로 형질전환된 숙주 세포를 배양하여 리신을 생산하는 것을 포함하는 리신의 제조 방법.

청구항 24

제23항에 있어서, 상기 배양으로부터 리신을 회수하는 단계를 추가로 포함하는 방법.

청구항 25

제23항에 있어서, 상기 세포가 코리네박테리움 속 또는 브레비박테리움 속에 포함되는 방법.

청구항 26

제23항에 있어서, 상기 세포가 코리네박테리움 글루타미쿰, 코리네박테리움 헤르쿨리스 (*Corynebacterium herculis*), 코리네박테리움 릴리움 (*Corynebacterium lilium*), 코리네박테리움 아세트아시도필룸 (*Corynebacterium acetoacidophilum*), 코리네박테리움 아세트글루타미쿰 (*Corynebacterium acetoglutamicum*), 코리네박테리움 아세트필룸 (*Corynebacterium acetophilum*), 코리네박테리움 암모니아게네스 (*Corynebacterium ammoniagenes*), 코리네박테리움 후지오켄세 (*Corynebacterium fujiokense*), 코리네박테리움 니트릴로필루스 (*Corynebacterium nitrilophilus*), 브레비박테리움 암모니아게네스 (*Brevibacterium ammoniagenes*), 브레비박테리움 부타니쿰 (*Brevibacterium butanicum*), 브레비박테리움 디바리카툼 (*Brevibacterium divaricatum*), 브레비박테리움 플라븀 (*Brevibacterium flavum*), 브레비박테리움 헤알리이 (*Brevibacterium heali*), 브레비박테리움 케토글루타미쿰 (*Brevibacterium ketoglutamicum*), 브레비박테리움 케토소레덕툼 (*Brevibacterium ketosoreductum*), 브레비박테리움 락토프레멘툼 (*Brevibacterium lactofermentum*), 브레비박테리움 리넨스 (*Brevibacterium linens*), 및 브레비박테리움 파라피놀리티쿰 (*Brevibacterium paraffinolyticum*)으로 구성된 군에서 선택되는 방법.

청구항 27

삭제

청구항 28

삭제

청구항 29

삭제

청구항 30

삭제

청구항 31

삭제

청구항 32

삭제

청구항 33

삭제

청구항 34

삭제

청구항 35

삭제

청구항 36

삭제

명세서

발명의 상세한 설명

발명의 목적

발명이 속하는 기술 및 그 분야의 종래기술

<1> 관련 출원

<2> 본 출원은 미국 임시 특허 출원 제60/141031호 (1999년 6월 25일 출원), 미국 임시 특허 출원 제60/142101호 (1999년 7월 2일 출원), 미국 임시 특허 출원 제60/148613호 (1999년 8월 12일 출원), 및 또한 미국 임시 특허 출원 제60/187970호 (2000년 3월 9일 출원)에 대한 우선권을 청구한다. 또한, 본 출원은 독일 특허 출원 제 19930476.9호 (1999년 7월 1일 출원), 독일 특허 출원 제19931415.2호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931418.7호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931419.5호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931420.9호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931424.1호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931428.4호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931434.9호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931435.7호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931443.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931453.5호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931457.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931465.9호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931478.0호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931510.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931541.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931573.6호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931592.2호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931632.5호 (1999년 7월 8일 출원), 1999년 독일 특허 출원 제19931634.1호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931636.8호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19932125.6호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932126.4호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제 19932130.2호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932186.8호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932206.6호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932227.9호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출

원 제19932228.7호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932229.5호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932230.9호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932922.2호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19932926.5호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19932928.1호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19933004.2호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19933005.0호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19933006.9호 (1999년 7월 14일 출원), 독일 특허 출원 제19940764.9호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940765.7호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940766.5호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940832.7호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19941378.9호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941379.7호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941380.0호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941394.0호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19941396.7호 (1999년 8월 31일 출원), 독일 특허 출원 제19942076.9호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942077.7호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942079.3호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942086.6호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942087.4호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942088.2호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942095.5호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942124.2호 (1999년 9월 3일 출원), 및 독일 특허 출원 제19942129.3호 (1999년 9월 3일 출원)에 대한 우선권을 청구한다. 상기 언급한 모든 출원의 전체 내용은 본 명세서에 명백히 포함되는 것으로 한다.

- <3> 세포에서의 자연 발생적 대사 과정의 특정 생성물 및 부산물은 식품, 사료, 화장품 및 제약 산업을 비롯한 다양한 산업 분야에 사용된다. 총체적으로 "정밀 화학물질"로 언급되는 이들 분자로는 유기산, 단백질생성 및 비단백질생성 아미노산, 뉴클레오타이드 및 뉴클레오시드, 지질 및 지방산, 디올, 탄수화물, 방향족 화합물, 비타민 및 보조인자, 및 효소 등이 있다. 이들의 생성은 원하는 특정 분자를 대량으로 생산하고 분비하도록 개발된 박테리아의 대규모 배양을 통해 가장 편리하게 수행된다. 이러한 목적에 특히 유용한 생물은 그람 양성 박테리아인 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium Glutamicum*)이다. 균주 선별을 통해, 일련의 바람직한 화합물을 생산하는 다수의 돌연변이 균주가 개발되어 있다. 그러나, 특정 분자의 생산을 위해 개선된 균주의 선별은 시간 소모적이고 어려운 과정이다.

발명이 이루고자 하는 기술적 과제

- <4> 본 발명은 다양한 용도를 갖는 신규 박테리아 핵산 분자를 제공한다. 상기 용도로는 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈을 맵핑하기 위한 기준점 및 형질전환용 마커로서 정밀 화학물질의 생산에 사용될 수 있는 미생물의 확인, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아에서의 정밀 화학물질의 생산 조절, 및 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아의 타이핑 또는 확인 등이 있다. 이들 신규 핵산 분자는 본원에서 대사 경로 (MP) 단백질로 언급되는 단백질을 코딩한다.

발명의 구성 및 작용

- <5> 코리네박테리움 글루타미쿰은 다양한 정밀 화학물질의 대량 생산, 탄화수소의 분해 (예를 들어, 광유 스피클) 및 테르페노이드의 산화를 위해 공업적으로 통상 사용되는 그람 양성 호기성 박테리아이다. 따라서, 본 발명의 MP 핵산 분자는 발효 공정 등에 의한 정밀 화학물질 생산에 이용할 수 있는 미생물 확인에 사용할 수 있다. 본 발명의 MP 핵산의 발현 조절 또는 본 발명의 MP 핵산 분자의 서열 변형을 이용하여 미생물로부터의 정밀 화학물질 하나 이상의 생산을 조절할 수 있다 (예를 들어, 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 종으로부터의 정밀 화학물질 하나 이상의 수율 또는 생산성을 개선하기 위해).
- <6> 또한, 본 발명의 MP 핵산은 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 것일 수 있는 생물을 확인하거나, 혼합된 미생물 집단에서 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 미생물의 존재 여부를 확인하는 데 사용할 수도 있다. 본 발명은 단일 또는 혼합된 미생물 집단의 배양물 중의 추출 게놈 DNA를 엄격 조건하에 코리네박테리움 글루타미쿰에 고유한 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자 영역에 걸쳐 있는 프로브를 사용하여 탐침함으로써 이 생물의 존재 여부를 확인할 수 있는 다수의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 핵산 서열을 제공한다. 코리네박테리움 글루타미쿰 그 자체는 인간에게 병원성이 아니지만, 코리네박테리움 디프테리아 (*Corynebacterium diphtheriae*) (디프테리아의 병원체)와 같, 인간에게 병원성인 종과 관련되어 있고, 이러한 생물의 검출은 임상적으로 상당히 중요하다.
- <7> 본 발명의 MP 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈 또는 관련 생물의 게놈을 맵핑하기 위한 기준점으로도 기능할 수 있다. 유사하게, 이들 분자, 그의 변이체 또는 일부는 유전공학적으로 조작된 코리네박테리움

또는 브레비박테리움 종을 위한 마커로 기능할 수 있다.

<8> 본 발명의 신규 핵산 분자에 의해 코딩되는 MP 단백질은 예를 들어, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제 (nutraceutical), 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스 등의 특정 정밀 화학물질의 대사에 관여하는 효소 단계를 수행할 수 있다. 미국 특허 제4,649,119호 [Sinskey et al.]에 개시된 클로닝 벡터와 같은 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 클로닝 벡터, 및 코리네박테리움 글루타미쿰 및 관련된 브레비박테리움 종 (예를 들어, 락토펙페르멘툼)의 유전 조작 기술 (문헌 [Yoshihama et al, J. Bacteriol. 162: 591-597 (1985)], 문헌 [Katsumata et al., J. Bacteriol. 159: 306-311 (1984)], 및 문헌 [Santamaria et al., J. Gen. Microbiol. 130: 22372246 (1984)])을 이용하여, 본 발명의 핵산 분자로 이 생물을 유전공학적으로 조작하여, 이 생물이 1종 이상의 정밀 화학물질의 보다 효율적 생산자가 되도록 할 수 있다.

<9> 정밀 화학물질의 생산 효율 또는 생산성 개선은 본 발명의 유전자 조작의 직접적인 효과에 기인하거나, 이러한 조작의 간접적인 효과에 기인할 수 있다. 구체적으로, 코리네박테리움 글루타미쿰에서의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드 및 트레할로스 대사 경로 변경은 이 생물에서 1종 이상의 상기 원하는 화합물의 전반적인 생산성에 직접적인 영향을 미칠 수 있다. 예를 들어, 리신 생합성 경로 단백질의 활성을 최적화시키거나 리신 분해 경로 단백질의 활성을 감소시키면, 이 유전공학적으로 조작된 생물로부터의 리신 생산 효율 또는 수율을 증가시킬 수 있다. 이러한 대사 경로에 관여하는 단백질들의 변경은 원하는 정밀 화학물질의 생산 효율 또는 수율에 간접적인 효과를 미칠 수도 있다. 예를 들어, 원하는 분자의 생산에 필요한 중간체에 대한 경쟁 반응을 없애거나, 원하는 화합물의 특정 중간체 생산에 필요한 경로를 최적화할 수 있다. 또한, 예를 들어, 아미노산, 비타민, 또는 뉴클레오티드의 생합성 또는 분해를 조절하여, 미생물이 빠르게 성장하고 빠르게 분열할 수 있도록 이 미생물의 전반적인 능력을 증가시켜 배양물 중의 미생물 개수 및(또는) 생산력이 증가되도록 한다면, 원하는 정밀 화학물질의 가능한 수율을 증가시킬 수 있다.

<10> 본 발명의 핵산 또는 단백질 분자를 이용하여 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 1종 이상의 원하는 정밀 화학물질의 생산 효율 또는 생산성을 직접 개선시킬 수 있다. 당업계에 공지된 재조합 유전 기술을 이용하여, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스에 관한 본 발명의 생합성 또는 분해 효소 1종 이상을 조작하여, 그 기능을 조절할 수 있다. 예를 들면, 생합성 효소의 효율을 개선시키거나, 이 효소의 알로스테릭 제어 영역을 파괴하여 화합물 생산의 피드백 억제가 저해되도록 할 수 있다. 유사하게, 지환, 결실, 또는 부가에 의해 분해 효소를 결실시키거나 변형시켜, 세포의 생존력을 손상시키지 않고 원하는 화합물에 대한 이의 분해 활성이 감소되게 할 수 있다. 각 경우에서, 원하는 정밀 화학물질 생산에 관한 전반적인 수율 또는 생산 속도가 증가될 수 있다.

<11> 또한, 본 발명의 단백질 및 핵산 분자에서의 이러한 변경은 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스 뿐 아니라, 간접 메커니즘을 통해 다른 정밀 화학물질의 생산도 개선시킬 수 있다. 임의의 화합물 대사는 세포내 다른 생합성 및 분해 경로와 반드시 얽혀있고, 한 경로에 필요한 보조인자, 중간체 또는 기질은 이러한 다른 경로에 의해 공급되거나 제한되는 것으로 보인다. 그러므로, 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성을 조절하여, 다른 정밀 화학적 생합성 또는 분해 경로의 활성 효율 또는 생산성에 영향을 줄 수 있다. 예를 들어, 아미노산은 모든 단백질의 구조 단위로 기능하지만, 세포내에서는 단백질 합성을 제한하는 수준으로 존재한다; 그러므로, 세포내에서 아미노산 1종 이상의 수율 또는 생산 효율을 증가시켜, 생합성 단백질 또는 분해 단백질 등의 단백질이 더욱 쉽게 합성되도록 할 수 있다. 유사하게, 대사 경로 효소의 변경으로 특정 부반응이 더욱 또는 덜 일어나게 되어, 원하는 정밀 화학물질의 생산에 중간체 또는 기질로 이용되는 화합물 1종 이상의 과잉생산 또는 생산부족을 초래할 수 있다.

<12> 본 발명은 아미노산, 비타민, 보조인자, 뉴클레오티드 및 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 등 세포의 정상적인 기능에 중요한 분자들의 대사에 관여하는 효소 단계 등을 수행할 수 있으며, 본원에서 대사 경로 (MP) 단백질로 언급되는 단백질을 코딩하는 신규 핵산 분자를 제공한다. MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자는 본원에서 MP 핵산 분자로 언급된다. 바람직한 실시양태에서, MP 단백질은 다음 중 1종 이상의 대사와 관련된 효소 단계를 수행한다: 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스. 이러한 단백질의 예로는 표 1에 기재된 유전자에 의해 코딩되는 단백질을 들 수 있다.

<13> 따라서, 본 발명의 한 측면은 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단리된 핵산 분자 (예를 들어, cDNA, DNA 또는 RNA) 뿐만 아니라 MP 코딩 핵산 (예를 들어, DNA 또는 mRNA)의 검출 또는 증폭을 위한 프라이머 또는 혼성화 프로브로서 적합한 핵산 단편에 관한 것이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 서열목록에서 홀수 서열 번호로 기재된 뉴클레오티드 서열 (예를 들어,

서열 1, 서열 3, 서열 5, 서열 7...) 중 하나, 또는 이들 뉴클레오티드 서열 중 하나의 코딩 영역 또는 그의 상보체를 포함한다. 특히 바람직한 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열목록에서 홀수 서열 번호 (예를 들어, 서열 1, 서열 3, 서열 5, 서열 7...)로 기재된 뉴클레오티드 서열 또는 그의 일부와 혼성화하거나, 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 훨씬 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 서열목록에서 짝수 서열 번호 (예를 들어, 서열 2, 서열 4, 서열 6, 서열 8...)로 기재된 아미노산 서열 중 하나를 코딩한다. 본 발명의 바람직한 MP 단백질은 본원에 기재된 MP 활성 중 적어도 하나를 갖는 것도 바람직하다.

<14> 다른 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 단백질 또는 그의 일부를 코딩하는데, 여기서 상기 단백질 또는 그의 일부는 본 발명의 아미노산 서열과 충분한 상동성이 있는 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호를 갖는 서열), 예를 들어, 상기 단백질 또는 그의 일부가 MP 활성을 유지할 수 있을 만큼 본 발명의 아미노산 서열과 충분한 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함한다. 바람직하게는, 상기 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 효소 반응의 수행력을 유지한다. 한 실시양태에서, 상기 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호를 갖는 서열로부터 선택된 전체 아미노산 서열) 과 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 가장 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상, 또는 그 이상의 상동성이 있다. 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (서열목록 중의 상응하는 홀수 서열 번호 (예를 들어, 서열 1, 서열 3, 서열 5, 서열 7...)로 나타낸 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성이 있는 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질이다.

<15> 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 유래하고, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 중 하나의 서열)와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있으며 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 반응을 촉매할 수 있거나 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 갖는 생물학적 활성 도메인을 포함하며, 이중 폴리펩티드 또는 조절 영역을 코딩하는 이중 핵산 서열도 포함하는 단백질 (예를 들어, MP 융합 단백질)을 코딩한다.

<16> 다른 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 그 길이가 뉴클레오티드 15개 이상이고 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호)을 포함하는 핵산 분자와 엄격 조건하에 혼성화한다. 바람직하게는, 단리된 핵산 분자는 자연 발생 핵산 분자에 상응한다. 더욱 바람직하게는, 단리된 핵산은 코리네박테리움 글루타미쿰의 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩한다.

<17> 본 발명의 다른 측면은 본 발명의 핵산 분자를 포함하는 벡터, 예를 들어, 재조합 벡터, 및 이러한 벡터가 도입된 숙주 세포에 관한 것이다. 한 실시양태에서, 상기 숙주 세포는 이 숙주 세포를 적당한 배지에서 배양하여 MP 단백질을 생산하는데 사용된다. 이어서, MP 단백질을 배지 또는 숙주 세포로부터 단리할 수 있다.

<18> 본 발명의 다른 측면은 MP 유전자가 도입되거나 변경되어 유전적으로 변경된 미생물에 관한 것이다. 한 실시양태에서, 미생물의 게놈은 야생형 또는 돌연변이된 MP 서열을 코딩하는 본 발명의 핵산 분자를 트랜스진으로서 도입함으로써 변경된다. 다른 실시양태에서, 미생물 게놈 내의 내인성 MP 유전자는 변경된 MP 유전자와의 상동성 재조합에 의해 변경되는데, 예를 들면 기능적으로 파괴된다. 다른 실시양태에서, 미생물 내의 내인성 MP 유전자 또는 도입된 MP 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변경되었지만, 여전히 기능성 MP 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 미생물에 있는 MP 유전자의 하나 이상의 조절 영역 (예를 들어, 프로모터, 리프레서 (repressor) 또는 인두서 (inducer))를 (예를 들어, 결실, 트런케이션 (truncation), 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 변경시켜 MP 유전자의 발현을 조절한다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속에 포함되는데, 코리네박테리움 글루타미쿰인 것이 특히 바람직하다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 아미노산, 특히 바람직하게는 리신과 같은 원하는 화합물의 생산에도 사용된다.

<19> 다른 측면에서, 본 발명은 한 대상체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 확인하는 방법을 제공한다. 이 방법은 한 대상체에서 본 발명의 핵산 또는 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 서열 1 내지 1156으로 기재된 서열)을 하나 이상 검출하는 것을 포함하므로, 상기 대상체에서의 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 검출할 수 있다.

- <20> 본 발명의 다른 측면은 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부, 예를 들어, 그의 생물학적 활성 부위에 관한 것이다. 바람직한 실시양태에서, 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스의 대사 경로 중 하나 이상에 관여하는 효소 반응을 촉매할 수 있다. 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스의 대사 경로 중 하나 이상에 관여하는 효소 반응을 촉매할 수 있는 능력을 유지할 수 있을 만큼 본 발명의 아미노산 서열 (서열목록에서 짝수 서열 번호)과 충분한 상동성이 있다.
- <21> 본 발명은 MP 단백질의 단리된 제제를 제공한다. 바람직한 실시양태에서, MP 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호)을 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 본 발명은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (서열목록에서 짝수 서열 번호)과 실질적으로 상동성이 있는 단리된 전장 단백질 (서열목록에서 상응하는 홀수 서열 번호에 기재된 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)에 관한 것이다. 다른 실시양태에서, 상기 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호)과 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 가장 바람직하게는 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98% 또는 약 99% 이상, 또는 그 이상의 상동성이 있다. 다른 실시양태에서, 단리된 MP 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호) 중 하나와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함하고, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 하나 이상의 활성을 갖는다.
- <22> 별법으로, 단리된 MP 단백질은 서열목록에 기재된 짝수 서열 번호 중 하나의 뉴클레오타이드 서열과 혼성화하거나, 예를 들어, 엄격 조건하에서 혼성화하거나, 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 가장 바람직하게는 약 95%, 약 96%, 약 97%, 약 98% 또는 약 99% 이상, 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 포함할 수 있다. 또한, MP 단백질의 바람직한 형태가 본원에 기재된 MP 생물활성 하나 이상을 갖는 것이 바람직하다.
- <23> MP 폴리펩티드 또는 그의 생물학적 활성 부위를 MP 폴리펩티드가 아닌 폴리펩티드와 작동가능하게 결합하여 융합 단백질을 형성할 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질의 활성은 MP 단백질만의 활성과 다르다. 다른 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질이 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제 대사 경로에 도입되는 경우, 이 융합 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰로부터 원하는 정밀 화학물질의 생산 효율 및(또는) 수율을 증가시킨다. 특히 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질을 숙주 세포의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로에 도입시켜 숙주 세포로부터 원하는 화합물이 생산되는 것을 조절한다.
- <24> 다른 측면에서, 본 발명은 MP 단백질 그 자체, 또는 이 MP 단백질의 기질이나 결합 파트너와 상호작용하거나 본 발명의 MP 핵산 분자의 전사 또는 번역을 조절함으로써 MP 단백질의 활성을 조절하는 분자의 스크리닝 방법을 제공한다.
- <25> 본 발명의 다른 측면은 정밀 화학물질의 제조 방법에 관한 것이다. 이 방법은 본 발명의 MP 핵산 분자의 발현을 지시하는 벡터를 함유하는 세포를 배양하여 정밀 화학물질을 생산하는 것을 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 이 방법은 MP 핵산의 발현을 지시하는 벡터로 세포를 형질감염시켜 상기 벡터를 함유하는 세포를 수득하는 단계를 추가로 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 이 방법은 배양물로부터 정밀 화학물질을 회수하는 단계를 추가로 포함한다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 세포는 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속에 속하는 것이거나, 표 3에 기재된 균주로부터 선택된다.
- <26> 본 발명의 다른 측면은 미생물로부터 분자가 생산되는 것을 조절하는 방법에 관한 것이다. 이러한 방법은 MP 단백질 활성 또는 MP 핵산 발현을 조절하는 작용제와 세포를 접촉시켰을 때의 세포 관련 활성이 상기 작용제의 부재 하에서의 상기 활성에 대해 변경되도록 하는 것을 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상을 조절하여, 이 미생물에 의한 원하는 정밀 화학물질의 생산 속도 또는 수율을 개선시킨다. MP 단백질 활성을 조절하는 작용제는 MP 단백질 활성 또는 MP 핵산 발현을 자극하는 작용제일 수 있다. MP 단백질 활성 또는 MP 핵산 발현을 자극하는 작용제의 예로는 소분자, 활성 MP 단백질, 및 세포에 도입된 MP 단백질을 코딩하는 핵산이 있다. MP 활성 또는 발현을 억제하는 물질의 예로는 소분자 및 안티센스 MP 핵산 분자 등이 있다.
- <27> 본 발명의 다른 측면은 야생형 또는 돌연변이 MP 유전자가 세포내에서 별개의 플라스미드 상에 유지되거나 숙주 세포의 게놈 내로 통합되도록 이 유전자를 세포에 도입하는 것을 포함하는, 세포로부터의 원하는 화합물의 수율을 조절하는 방법에 관한 것이다. 게놈 내로 통합될 때, 이러한 통합은 무작위적일 수도 있고 도입된 카피가

천연 유전자를 대체하도록하는 상동성 재조합에 의해 일어날 수도 있는데, 이러한 통합에 의해 세포로부터의 원하는 화합물의 생산이 조절된다. 바람직한 실시양태에서, 상기 수율은 증가한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 화합물질은 정밀 화합물질이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 정밀 화합물질은 아미노산이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 아미노산은 L-리신이다.

<28> 본 발명은 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스 대사 경로에 관여하는 MP 핵산 및 단백질 분자를 제공한다. 본 발명의 분자를 이용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 등의 미생물로부터의 정밀 화합물질 생산을 직접 조절 (예를 들어, 리신 생합성 단백질의 활성 조절은 이 생물로부터의 리신 생산 효율 및 생산성에 직접적인 영향을 준다)할 수 있거나, 역시 원하는 화합물의 생산 효율 또는 수율의 증가를 초래하는 간접적인 효과 (예를 들어, 뉴클레오티드 생합성 단백질의 활성 조절은 이 박테리아로부터의 유기산 또는 지방산 생산에 영향을 미치는 데, 이는 필요한 보조인자, 에너지 화합물 또는 전구체 분자의 공급 증가 또는 성장 개선에 기인한 것일 수 있다)를 발휘할 수 있다. 본 발명의 측면은 아래에 더욱 자세히 기재되어 있다.

<29> I. 정밀 화합물질

<30> 용어 "정밀 화합물질"은 당업계에 잘 인지되어 있고, 제약, 농업 및 화장품 산업과 같은, 그러나 이에 제한되지 않는 다양한 산업에 이용되는 생물에 의해 생산되는 분자를 포함한다. 이러한 화합물로는 타르타르산, 이타콘산 및 디아미노피멜산과 같은 유기산, 단백질생성 및 비-단백질생성 아미노산, 퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오시드, 및 뉴클레오티드 (예를 들어, 문헌 [Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and related compounds, p.561-612, in Biotechnology vol. 6, Rehm et al., eds. VCH: Weinheim]에 기재되어 있고 이들의 내용은 본 명세서에 포함되는 것으로 함), 지질, 포화 및 불포화 지방산 (예를 들어, 아라키돈산), 디올 (예를 들어, 프로판디올 및 부탄디올), 탄수화물 (예를 들어, 히알루론산 및 트레할로스), 방향족 화합물 (예를 들어, 방향족 아민, 바닐린 및 인디고), 비타민 및 보조인자 (문헌 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A27, "Vitamins", p.443-613 (1996) VCH: Weinheim 및 그 안의 참고문헌], 및 문헌 [Ong, A.S., Niki, E. & Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health, and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia, and the Society for Free Radical Research Asia, held Sept. 1-3, 1994 at Penang, Malaysia, AOCs Press, (1995)]에 기재되어 있음), 효소, 폴리펩티드 [Cane et al. (1998) Science 282: 63-68], 및 문헌 [Gutcho (1983) Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086] 및 그 내의 참고문헌에 기재된 다른 모든 화합물질이 있다. 이들 정밀 화합물질 중 일부의 대사 및 용도는 아래에 더욱 자세히 기재될 것이다.

<31> A. 아미노산 대사 및 용도

<32> 아미노산은 모든 단백질의 기본 구조 단위를 구성하므로 모든 생물에서 정상적인 세포 기능에 필수적이다. 용어 "아미노산"은 당업계에 인지되어 있다. 아미노산 중 단백질생성 아미노산은 20종이며 펩티드 결합으로 연결되어 있는 단백질의 구조 단위로 작용하는 반면, 비-단백질생성 아미노산 (수백 종이 공지되어 있음)은 정상적으로는 단백질에서 발견되지 않는다 (문헌 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A2, p.57-97 VCH: Weinheim (1985)] 참조). L-아미노산이 통상적으로 자연 발생 단백질에서 발견되는 유일한 형태이지만, 아미노산은 D-광학 또는 L-광학 구조일 수 있다. 20종의 단백질생성 아미노산 각각의 생합성 및 분해 경로의 특징은 원핵세포 및 진핵세포 둘다에서 잘 규명되어 있다 (예를 들어, 문헌 [Stryer, L. Biochemistry, 3rd edition, pages 578-590 (1988)] 참조). 생합성의 복잡성으로 인한 일반적인 영양 요구물이기 때문에 "필수" 아미노산이라고 지칭되는 아미노산 (히스티딘, 이소루이신, 루이신, 리신, 메티오닌, 페닐알라닌, 트레오닌, 트립토판 및 발린)은 단순한 생합성 경로에 의해 나머지 11종의 "비필수" 아미노산 (알라닌, 아르기닌, 아스파라진, 아스파르테이트, 시스테인, 글루타메이트, 글루타민, 글리신, 프롤린, 세린 및 티로신)으로 쉽게 전환된다. 고등동물은 필수 아미노산 중 일부를 합성하는 능력을 보유하지만, 상기 필수 아미노산은 식사로부터 공급되어야 정상적인 단백질 합성이 일어난다.

<33> 아미노산의 단백질 생합성에서의 기능 이외에도, 이들 아미노산은 그 자체가 흥미로운 화합물질이고, 다수의 아미노산이 식품, 사료, 화합물질, 화장품, 농업 및 제약 산업에 다양하게 사용될 수 있는 것으로 밝혀져 있다. 리신은 인간 뿐만 아니라 가금 및 돼지와 같은 단위 (monogastric) 동물의 영양에 있어서도 중요한 아미노산이다. 글루타메이트는 향미제 첨가물 (모노-소듐 글루타메이트, MSG)로서 가장 흔히 사용되고, 아스파르테이트, 페닐알라닌, 글리신 및 시트테인도 식품 산업 전반에 걸쳐 광범위하게 사용된다. 글리신, L-메티오닌 및 트립토판은 모두 제약 산업에 사용된다. 글루타민, 발린, 루이신, 이소루이신, 히스티딘, 아르기닌, 프롤린, 세린

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

<34> 박테리아 등과 같이 이들 천연 아미노산을 생산할 수 있는 생물에서의 이들 천연 아미노산의 생합성 특징은 잘 규명되어 있다 (박테리아 아미노산 생합성 및 그의 조절에 대한 자세한 것은 문헌 [Umbarger, H.E. (1978) Ann. Rev. Biochem. 47: 533-606] 참조). 글루타메이트는 시트르산 사이클의 중간체인 α -케토글루타레이트의 환원성 아미노화에 의해 합성된다. 글루타민, 프롤린 및 아르기닌은 각각 글루타메이트로부터 생성된다. 세린의 생합성은 3-포스포글리세레이트 (해당작용의 중간체)로 출발하여, 산화, 트랜스아미노화 및 가수분해의 3 단계 과정 후에 세린이 생성된다. 시스테인 및 글리신은 둘다 세린으로부터 생성되는데, 시스테인은 호모시스테인과 세린의 축합에 의해 생성되며, 글리신은 세린 트랜스히드록시메틸라제에 의해 축매되는 반응에서 측쇄 β -탄소 원자가 테트라히드포లే이트로 전달되어 생성된다. 페닐알라닌 및 티로신은 프레페네이트의 합성 후 최종 두 단계에서만 다른 9 단계 생합성 경로에서 해당작용 및 펜토스 포스페이트 경로 전구체인 에리쓰로스 4-포스페이트 및 포스포에놀피루베이트로부터 합성된다. 트립토판도 이들 두 초기 분자로부터 합성되지만, 그의 합성은 11 단계 경로이다. 티로신은 페닐알라닌 히드록실라제에 의해 축매되는 반응에서 페닐알라닌으로부터 합성될 수도 있다. 알라닌, 발린 및 루이신은 해당작용의 최종 생성물인 피루베이트의 모든 생합성 생성물이다. 아스파르테이트는 시트르산 사이클의 중간체인 옥살로아세테이트로부터 형성된다. 아스파라진, 메티오닌, 트레오닌 및 리신 각각은 아스파르테이트의 전환에 의해 생성된다. 이소루이신은 트레오닌으로부터 형성된다. 복잡한 9 단계 경로에서 활성화된 당인 5-포스포리보실-1-피로포스페이트로부터 히스티딘이 생성된다.

<35> 세포의 단백질 합성 필요량을 초과하는 아미노산은 저장될 수 없고, 그 대신에 분해되어 세포의 주요 대사 경로에 대한 중간체로 제공된다 (자세한 것은 문헌 [Stryer, L. Biochemistry 3rd ed. Ch. 21 "Amino Acid Degradation and the Urea Cycle" p.495-516 (1988)] 참조). 세포가 불필요한 아미노산을 유용한 대사 중간체로 전환시킬 수 있다 하더라도, 아미노산 생성은 에너지, 전구체 분자, 및 이들 아미노산을 합성하는 데 필요한 효소를 고려할 때 손실이 큰 합성이다. 따라서, 특정한 아미노산의 존재가 그 자신의 생성을 서서히 또는 완전히 중지시키는 피드백 억제에 의해 아미노산의 생합성이 조절된다는 것은 놀라운 일이 아니다 (아미노산 생합성 경로의 피드백 메카니즘에 대한 전체적인 내용은 문헌 [Stryer, L. Biochemistry 3rd ed. Ch. 24 "Biosynthesis of Amino Acids and Heme" p. 575-600 (1988)] 참조). 따라서, 임의의 특정 아미노산의 생산량은 세포에 존재하는 아미노산의 양에 의해 제한된다.

<36> B. 비타민, 보조인자 및 영양제의 대사 및 용도

<37> 비타민, 보조인자 및 영양제는 박테리아와 같은 다른 생물에 의해 쉽게 합성된다 하더라도 고등동물이 합성 능력을 상실하여 섭취해야 하는 분자의 다른 군을 구성한다. 이들 분자는 그 자체가 생활성 물질이거나, 다양한 대사 경로에서 전자 전달자 또는 중간체로 작용할 수 있는 생물학적 활성 물질의 전구체이다. 이들 화합물은 그 영양적 가치 뿐 아니라, 색소, 항산화제 및 축매로서, 또는 다른 과정의 보조제로서도 상당한 산업적 가치를 갖는다 (이들 화합물의 구조, 활성 및 산업적인 용도에 대한 것은 예를 들어, 문헌 [Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins" vol. A27, p.443-613, VCH: Weinheim, 1996] 참조). 용어 "비타민"은 당 업계에 인지되어 있고, 생물의 정상적인 기능을 위해서는 필요하지만 생물이 스스로 합성할 수 없는 영양분을 포함한다. 비타민 군은 보조인자 및 영양제 화합물도 포함할 수 있다. 용어 "보조인자"는 정상적인 효소 활성이 일어나는 데 필요한 비-단백질생성 화합물을 포함한다. 이러한 화합물은 유기성 또는 무기성일 수 있고, 본 발명의 보조인자 분자는 유기성인 것이 바람직하다. 용어 "영양제 (nutraceutical)"는 식물 및 동물, 특히 인간에게 건강상 유익한 식이성 보충물을 포함한다. 이러한 분자의 예로는 비타민, 항산화제 및 일부 지질 (예를 들어, 다불포화 지방산)이 있다.

<38> 이들을 생산할 수 있는 생물, 예를 들어, 박테리아에서 일어나는 이들 분자의 생합성의 특징은 잘 규명되어 있다 (문헌 [Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins" vol. A27, p.443-613, VCH: Weinheim, 1996], 문헌 [Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley & Sons], 문헌 [Ong, A.S., Niki, E. & Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health, and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia, and the Society for Free Radical Research-Asia, held Sept. 1-3, 1994 at

Penang, Malaysia, AOCs Press: Champaign, IL X, 374 S]).

- <39> 티아민 (비타민 B₁)은 피리미딘과 티아졸 잔기의 화학적 커플링에 의해 생성된다. 리보플라빈 (비타민 B₂)는 구아노신-5'-트리포스페이트 (GTP) 및 리보스-5'-포스페이트로부터 합성된다. 그 다음, 상기 리보플라빈은 플라빈 모노뉴클레오티드 (FMN) 및 플라빈 아데닌 디뉴클레오티드 (FAD)의 합성에 사용된다. 총칭하여 "비타민 B₆"로 지칭되는 화합물 족 (예를 들어, 피리독신, 피리독사민, 피리독사-5'-포스페이트 및 시판되는 피리독신 히드로클로라이드)은 모두 통상적인 구조 단위인 5-히드록시-6-메틸피리딘의 유도체이다. 판토테네이트 (판토텐산, (R)-(+)-N-(2,4-디히드록시-3,3-디메틸-1-옥소부틸)-β-알라닌)은 화학적인 합성 또는 발효에 의해 생성될 수 있다. 판토테네이트의 생합성의 최종 단계는 β-알라닌과 판토텐산의 ATP-유도 축합으로 구성된다. 판토텐산으로 전환하는 생합성 단계, β-알라닌으로 전환하는 생합성 단계 및 판토텐산으로의 축합에 관여하는 효소는 공지되어 있다. 판토테네이트의 대사 활성 형태는 보조효소 A인데, 이 보조효소 A를 위한 생합성은 5 단계 효소 반응으로 진행된다. 판토테네이트, 피리독살-5'-포스페이트, 시스테인 및 ATP는 보조효소 A의 전구체이다. 이들 효소는 판토테네이트의 형성을 촉매할 뿐만 아니라 (R)-판토텐산, (R)-판토텐락톤, (R)-판토텐올 (프로비타민 B₅), 판토텐에인 (및 그의 유도체) 및 보조효소 A의 생성도 촉매한다.
- <40> 미생물에서 전구체 분자인 피페로일-CoA로부터의 비오틴 생합성 과정은 자세히 연구되어 있고 이에 관련된 여러 가지 유전자가 확인되어 있다. 상응하는 다수의 단백질이 Fe-클러스터 합성에도 관여하는 것으로 밝혀져 있고 이들 단백질은 nifS 클래스 단백질의 구성원이다. 리포산은 옥타노산으로부터 유도되고, 에너지 대사에서 보조효소로 작용하는데, 상기 리포산은 에너지 대사에서 피루베이트 디히드로게나제 (dehydrogenase) 결합체 및 α-케토글루타레이트 디히드로게나제 결합체의 일부가 된다. 폴레이트는 모두 엽산의 유도체 물질의 군이고, 엽산은 L-글루탐산, p-아미노-벤조산 및 6-메틸프테린으로부터 유도된다. 대사 중간체인 구아노신-5'-트리포스페이트 (GTP), L-글루탐산 및 p-아미노-벤조산으로부터 출발하는, 엽산 및 그의 유도체의 생합성은 일부 미생물에서 상세히 연구되어 있다.
- <41> 코리노이드 (예를 들어, 코발라민 및 특히 비타민 B₁₂) 및 포피린은 테트라피롤 고리계에 의해 특징지워지는 화합물질의 군에 속한다. 비타민 B₁₂의 생합성은 그 특징이 완전히 규명되어 있지는 않지만 다수의 효소 및 기질이 현재 공지되어 있다는 점에서 충분히 복잡하다. 니코틴산 (니코티네이트) 및 니코틴아미드는 "니아신"으로도 지칭되는 피리딘 유도체이다. 니아신은 중요한 보조효소인 NAD (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드), NADP (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오티드 포스페이트) 및 그들의 환원형의 전구체이다.
- <42> 이들 화합물의 대량 생산은 비록 이들 화합물질 중 일부, 예를 들어, 리보플라빈, 비타민 B₆, 판토테네이트 및 비오틴이 미생물의 대량 배양에 의해서도 생산된다 하더라도 세포-유리 화학 합성에 주로 의존한다. 비타민 B₁₂만이 발효에 의해 전적으로 생성되는데, 이는 비타민 B₁₂의 합성의 복잡성 때문이다. 시험관내 방법론은 재료 및 시간, 종종 많은 비용의 상당한 투입을 요구한다.
- <43> C. 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 및 뉴클레오티드의 대사 및 용도
- <44> 퓨린 및 피리미딘 대사 유전자 및 이들의 상응하는 단백질은 종양 질환 및 바이러스 감염의 치료에 중요한 표적이다. 용어 "퓨린" 또는 "피리미딘"은 핵산, 보조효소 및 뉴클레오티드의 구성 성분인 질소 함유 염기를 포함한다. 용어 "뉴클레오티드"는 질소 함유 염기, 오탄당 (RNA의 경우, 상기 당은 리보스이고, DNA의 경우, 상기 당은 D-데옥시리보스임) 및 인산으로 구성된, 핵산 분자의 기본 구조 단위를 포함한다. 용어 "뉴클레오시드"는 뉴클레오티드의 전구체로 작용하지만 뉴클레오티드가 갖는 인산 잔기가 없는 분자를 포함한다. 이들 분자의 생합성을 억제하거나 핵산 분자를 형성하기 위한 이들 분자의 동원(動員)을 억제함으로써, RNA 및 DNA 합성 억제가 가능하고, 암세포에 표적화시키는 방식으로 상기 활성을 억제하여 종양 세포의 분열 및 복제 능력을 억제할 수 있다. 또한, 핵산 분자를 형성하기 보다는 에너지 저장물 (즉, AMP) 또는 보조효소 (즉, FAD 및 NAD)로 작용하는 뉴클레오티드도 있다.
- <45> 이들 화합물질이 퓨린 및(또는) 피리미딘 대사에 영향을 줌으로써 상기 의학적 증상에 사용될 수 있다는 것은 여러 가지 문헌에 기재되어 있다 (예를 들어, 문헌 [Christopherson, R.I. and Lyons, S.D. (1990) "Potent inhibitors of de novo pyrimidine and purine biosynthesis as chemotherapeutic agents." Med. Res. Reviews 10: 505-548]). 퓨린 및 피리미딘 대사에 관여하는 효소의 연구는 예를 들어, 면역억제제 또는 항증식제로 사용할 수 있는 신약의 개발에 초점을 두고 있다 (문헌 [Smith, J.L., (1995) "Enzymes in nucleotide synthesis." Curr. Opin. Struct. Biol. 5: 752-757, (1995) Biochem Soc. Transact. 23: 877-902]).

그러나, 퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오시드 및 뉴클레오티드는 여러 가지 정밀 화학물질 (예를 들어, 티아민, S-아데노실-메티오닌, 플레이트 또는 리보플라빈)의 생합성에 있어서 중간체로서의 용도, 세포를 위한 에너지 전달자 (예를 들어, ATP 또는 GTP)로서의 용도, 및 통상적으로 항 상승제 (예를 들어, IMP 또는 GMP)로 사용되는 화학물질 자체를 위한 용도 또는 여러 가지 의학 용도를 갖는다 (예를 들어, 문헌 [Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and Related Compounds in Biotechnology vol. 6, Rehm et al., eds. VCH: Weinheim, p.561612] 참조). 또한, 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 또는 뉴클레오티드 대사에 관여하는 효소를 표적으로 사용하여 살진균제, 제초제 및 살충제를 비롯한, 농작물 보호용 화학물질을 개발하는 연구가 증가하고 있다.

<46> 박테리아에서 이들 화합물 대사의 특징은 규명되어 있다 (자세한 내용은 예를 들어, 문헌 [Zalkin, H. and Dixon, J. E. (1992) "de novo purine nucleotide biosynthesis", in: Progress in Nucleic Acid Research and Molecular Biology, vol. 42, Academic Press:, p.259-287], 및 문헌 [Michal, G. (1999) "Nucleotides and Nucleosides", Chapter 8 in: Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley: New York] 참조). 퓨린의 대사는 집중적인 연구의 대상이고, 세포의 정상적인 기능에 필수적이다. 고등 동물의 손상된 퓨린 대사는 통풍과 같은 심각한 질환을 초래할 수 있다. 퓨린 뉴클레오티드는 구아노신-5'-모노포스페이트 (GMP) 또는 아데노신-5'-모노포스페이트 (AMP)를 생성시키는 중간체 화합물인 이노신-5'-포스페이트 (IMP)를 통해 일련의 단계에서 리보스-5-포스페이트로부터 합성되고, 이들 GMP 또는 AMP로부터 뉴클레오티드로 사용되는 트리포스페이트가 용이하게 형성된다. 이들 화합물은 에너지 저장물로도 사용되므로, 이들의 분해는 세포에서 다수의 다양한 생합성 과정을 위한 에너지를 공급한다. 피리미딘 생합성은 리보스-5-포스페이트로부터의 유리딘-5'-모노포스페이트 (UMP)의 형성에 의해 진행된다. 그 다음, UMP가 시티딘-5'-트리포스페이트 (CTP)로 전환된다. 이들 모든 뉴클레오티드의 디옥시 형태는 뉴클레오티드의 디포스페이트 리보스 형태가 뉴클레오티드의 디포스페이트 데옥시리보스 형태로 전환되는 1 단계 환원 반응에서 생성된다. 인산화시, 이들 분자는 DNA 합성에 참여할 수 있다.

<47> D. 트레할로스의 대사 및 용도

<48> 트레할로스는 α, α -1,1 결합에 의해 결합된 두 가지 당 분자로 구성된다. 트레할로스는 감미료, 건조 또는 동결 식품용 첨가제로서 식품 산업, 및 음료 산업에 통상적으로 사용된다. 그러나, 제약, 화장품 및 생물공학 산업에도 사용된다 (예를 들어, 문헌 [Nishimoto et al., (1998) 미국 특허 제5,759,610호], 문헌 [Singer, M.A. and Lindquist, S. (1998) Trends Biotech. 16: 460467], 문헌 [Paiva, C.L.A. and Panek, A.D. (1996) Biotech. Ann. Rev. 2: 293-314], 문헌 [Shiosaka, M. (1997) J. Japan 172: 97-10] 참조). 트레할로스는 다수의 미생물로부터 효소에 의해 생성되고 주변 배지내로 자연적으로 방출되는데, 트레할로스는 당업계에 공지된 방법을 이용하여 상기 배지로부터 수득할 수 있다.

<49> II. 본 발명의 요소 및 방법

<50> 본 발명은, 적어도 부분적으로는, 하나 이상의 세포내 대사 경로에서 기능하거나 역할을 발휘하는, 본원에서 MP 핵산 및 MP 단백질 분자로 언급되는 새로운 분자의 발견을 기초로 한다. 한 실시양태에서, MP 분자는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상에 관여하는 효소 반응을 촉매한다. 바람직한 실시양태에서, 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상에서 본 발명의 MP 분자의 활성은 이 생물에 의한 원하는 정밀 화학물질의 생산에 영향을 준다. 특히 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 MP 단백질이 관여하는 코리네박테리움 글루타미쿰 대사 경로가 생산성 또는 효율 면에서 조절되도록 본 발명의 MP 분자의 활성을 조절하여, 코리네박테리움 글루타미쿰에 의한 원하는 정밀 화학물질의 생산 효율 또는 생산성을 직접적 또는 간접적으로 조절한다.

<51> 용어 "MP 단백질" 또는 "MP 폴리펩티드"에는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상에서의 효소 반응을 촉매하는 등의 역할을 하는 단백질이 포함된다. MP 단백질의 예에는 표 1에 기재된 MP 유전자 및 홀수 서열 번호의 서열에 의해 코딩되는 것들이 포함된다. 용어 "MP 유전자" 또는 "MP 핵산 서열"에는 코딩 영역 및 이에 상응하는 비번역 5' 및 3' 서열 영역으로 구성된, MP 단백질을 코딩하는 핵산 서열이 포함된다. MP 유전자의 예로는 표 1에 기재된 것들이 포함된다. 용어 "생산" 또는 "생산성"은 당업계에서 인식되는 용어이며, 소정의 시간 및 소정의 발효 용적내에서 형성되는 발효 생성물의 농도 (예를 들어, 1시간에 1리터 당 kg 생성물)가 포함된다. 용어 "생산 효율"에는 특정 생성물 농도를 달성하는데 요구되는 시간 (예를 들어, 세포가 특정 비율의 정밀 화학물질 생성물을 얻는데 걸리는 시간)이 포함된다. 용어 "수율" 또는 "생성물/탄소 수율"은 당업계에서 인식되는 용어이며, 탄소 공급원의 생

성물(즉, 정밀 화학물질)로의 전환 효율이 포함된다. 이 용어는 일반적으로, 예를 들어, 탄소 공급원 kg 당 생성물 kg으로 표기된다. 화합물의 수율 또는 생산율을 증대시킴으로써, 소정의 시간 동안 얻어지는 수득량의 배양물 중 이 화합물의 회수된 분자의 양 또는 유용한 분자의 양은 증가하게 된다. 용어 "생합성" 또는 "생합성 경로"는 당업계에서 인식되는 용어이고, 세포에 의한 중간체 화합물로부터의 화합물, 바람직하게는 유기 화합물의 합성을 포함하며, 다단계의 고도로 조절되는 과정일 수 있다. 용어 "분해" 또는 "분해 경로"는 당업계에서 인식되는 용어이고, 세포에 의한 화합물, 바람직하게는 유기 화합물의 분해 생성물 (일반적으로 말해서, 더 작거나 덜 복잡한 구조의 분자)로의 분해를 포함하며, 다단계의 고도로 조절되는 과정일 수 있다. 이어서, 특정 화합물의 대사 (예를 들어, 글리신 등의 아미노산의 대사)에는 이러한 화합물과 관련되는 세포의 전체 생합성, 변형, 및 분해 경로가 포함된다.

<52> 다른 실시양태에서, 본 발명의 MP 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물에서 정밀 화학물질 등의 원하는 분자의 생산을 조절할 수 있다. 재조합 유전 기술을 이용하여, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스에 관한 본 발명의 생합성 또는 분해 효소 1종 이상을 조작하여, 그 기능을 조절할 수 있다. 예를 들면, 생합성 효소의 효율을 개선시키거나, 이 효소의 알로스테릭 제어 영역을 파괴하여 화합물 생산의 피드백 억제가 저해되도록 할 수 있다. 유사하게, 치환, 결실, 또는 부가에 의해 분해 효소를 결실시키거나 변형시켜, 세포의 생존력을 손상시키지 않고 원하는 화합물에 대한 이의 분해 활성이 감소되게 할 수 있다. 각 경우에서, 원하는 정밀 화학물질 생산에 관한 전반적인 생산 속도 또는 수율이 증가될 수 있다.

<53> 또한, 본 발명의 단백질 및 핵산 분자에서의 이러한 변경은 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 뿐 아니라, 다른 정밀 화학물질의 생산도 개선시킬 수 있다. 임의의 화합물 대사는 세포내 다른 생합성 및 분해 경로와 반드시 얽혀있고, 한 경로에 필요한 보조인자, 중간체 또는 기질은 이러한 다른 경로에 의해 공급되거나 제한되는 것으로 보인다. 그러므로, 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성을 조절하여, 다른 정밀 화학적 생합성 또는 분해 경로의 활성 효율 또는 생산성에 영향을 줄 수 있다. 예를 들어, 아미노산은 모든 단백질의 구조 단위로 기능하지만, 세포내에서는 단백질 합성을 제한하는 수준으로 존재한다; 그러므로, 세포내에서 아미노산 1종 이상의 생산 효율 또는 수율을 증가시켜, 생합성 단백질 또는 분해 단백질 등의 단백질이 더욱 쉽게 합성되도록 할 수 있다. 유사하게, 대사 경로 효소의 변경으로 특정 부반응이 더욱 또는 덜 일어나게 되어, 원하는 정밀 화학물질의 생성에 중간체 또는 기질로 이용되는 화합물 1종 이상의 과잉생산 또는 생산부족을 초래할 수 있다.

<54> 본 발명의 단리된 핵산 서열은 명칭이 ATCC13032로 부여된, 아메리칸 타입 컬처 콜렉션에서 분양받을 수 있는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주의 게놈내에 포함되어 있다. 단리된 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA의 뉴클레오타이드 서열 및 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질의 예상 아미노산 서열은 각각 서열목록에서 홀수 서열 번호 및 짝수 서열 번호로 나타내었다. 이러한 뉴클레오타이드 서열을, 대사 경로 단백질을 코딩하는 서열로서 분류 및(또는) 확인하는 컴퓨터 분석을 수행하였다.

<55> 본 발명은 또한 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질에 관한 것이다. 본원에 사용된 바와 같이, 선택되는 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은 선택되는 아미노산, 예를 들어, 선택되는 전체 아미노산 서열에 대해 약 50% 이상의 상동성이 있다. 선택되는 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은 선택되는 아미노산 서열에 대해 약 50 내지 60% 이상, 바람직하게는 약 60 내지 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70 내지 80%, 80 내지 90%, 또는 90 내지 95% 이상, 가장 바람직하게는 약 96% 이상, 97% 이상, 98% 이상, 99% 이상의 상동성이 있다.

<56> 본 발명의 MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부 또는 단편은 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상의 효소 반응을 촉매하거나, 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 가질 수 있다.

<57> 본 발명의 다양한 측면은 하기 서브섹션에 보다 상세히 기재되어 있다.

<58> A. 단리된 핵산 분자

<59> 본 발명의 한 측면은 MP 폴리펩티드 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부를 코딩하는 단리된 핵산 분자뿐 아니라 MP-코딩 핵산 (예를 들어, MP DNA) 확인 또는 증폭을 위한 혼성화 프로브 또는 프라이머로 사용하기에 충분한 핵산 단편에 관한 것이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "핵산 분자"는 DNA 분자 (예를 들어, cDNA 또는

게놈 DNA), RNA 분자 (예를 들어, mRNA), 및 뉴클레오타이드 유사체를 사용하여 생성되는 DNA 또는 RNA 유사체를 포함하는 의미이다. 이 용어에는 또한 유전자의 코딩 영역의 3' 및 5' 말단의 둘 다에 위치하는 비번역 서열, 코딩 영역의 5' 말단으로부터 상류의 약 100개 이상의 뉴클레오타이드 서열, 및 이 유전자의 코딩 영역의 3' 말단으로부터 하류의 약 20개 이상의 뉴클레오타이드 서열이 포함된다. 핵산 분자는 단일 가닥 또는 이중 가닥일 수 있으며, 바람직하게는 이중 가닥 DNA이다. "단리된" 핵산 분자는 핵산의 천연 공급원에 존재하는 다른 핵산 분자로부터 분리되는 것이다. 바람직하게는, "단리된" 핵산은 이 핵산이 유도되는 생물의 게놈 DNA에서 본래 핵산의 양측면에 있는 서열 (즉, 핵산의 5' 및 3' 말단에 위치하는 서열)을 가지고 있지 않다. 예를 들어, 다양한 실시양태에서, 단리된 MP 핵산 분자는 이 핵산이 유도되는 세포 (예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰 세포)의 게놈 DNA에서 본래 핵산 분자의 양측면에 있는 약 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0.5 kb 또는 0.1 kb 보다 작은 크기의 뉴클레오타이드 서열을 포함할 수 있다. 또한, "단리된" 핵산 분자, 예를 들어, DNA 분자는, 재조합 기술에 의해 생산되는 경우 다른 세포 물질 또는 배양 배지, 또는 화학적으로 합성되는 경우 화학물질 전구체 또는 다른 화학물질을 실질적으로 함유하지 않는다.

<60> 표준 분자 생물학 기술 및 본원에 제공되는 서열 정보를 이용하여, 본 발명의 핵산 분자, 예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 뉴클레오타이드 서열을 갖는 핵산 분자 또는 그의 일부를 단리할 수 있다. 예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 하나의 전부 또는 일부를 혼성화 프로브로 사용하고 표준 혼성화 기술 (예를 들어, 문헌 [Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Maniatis T. Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989]에 기재된 바와 같은 혼성화 기술)을 사용하여 코리네박테리움 글루타미쿰 라이브러리로부터 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA를 단리할 수 있다. 더우기, 본 발명의 핵산 서열 (예를 들어, 이와 동일한 서열을 기초로 하여 고안된 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하는 중합효소 연쇄반응에 의해 본 발명의 핵산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 전부 또는 일부를 포함하는 핵산 분자를 단리할 수 있음)을 기초로 하여 고안된 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하는 중합효소 연쇄반응에 의해 본 발명의 핵산 서열 (예를 들어, 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 전부 또는 일부를 포함하는 핵산 분자를 단리할 수 있다. 예를 들어, mRNA는 정상 내피세포로부터 (예를 들어, 문헌 [Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299]의 구아니디늄-티오시아네이트 추출 방법에 의해) 단리할 수 있고, DNA는 역전사효소 (예를 들어, 미국 메릴랜드주 베테스다 소재의 Gibco/BRL로부터 입수가 가능한 몰로네이 (Moloney) MLV 역전사효소, 또는 미국 플로리다주 페터스부르크 스트리트에 소재한 세이카가꾸 아메리카, 인크. (Seikagaku America, Inc.)로부터 입수가 가능한 AMV 역전사효소)를 사용하여 제조할 수 있다. 서열목록에 기재된 뉴클레오타이드 서열 중 하나를 기초로 하여 중합효소 연쇄반응 증폭을 위한 합성 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 고안할 수 있다. 본 발명의 핵산은 cDNA 또는, 별법으로, 게놈 DNA를 주형으로 사용하고 표준 PCR 증폭 기술에 따라 적절한 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하여 증폭시킬 수 있다. 이와 같이 증폭된 핵산을 적절한 벡터내에 클로닝하고 DNA 서열 분석에 의해 특성화할 수 있다. 또한, MP 뉴클레오타이드 서열에 상응하는 올리고뉴클레오타이드는 표준 합성 기술, 예를 들어, 자동 DNA 합성기를 사용하여 제조할 수 있다.

<61> 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열목록에 기재된 뉴클레오타이드 서열 중 하나를 포함한다. 서열목록에 기재된 바와 같은 본 발명의 핵산 서열은 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MP DNA에 상응한다. 이 DNA는 MP 단백질질을 코딩하는 서열 (즉, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열에 나타난 "코딩 영역") 뿐만 아니라 서열목록에서 각 홀수 서열 번호의 서열에 나타난 5' 비번역 서열 및 3' 비번역 서열도 포함한다. 또는, 핵산 분자는 서열목록의 핵산 서열 중 하나의 코딩 영역만을 포함할 수 있다.

<62> 본 출원의 목적을 위해, 서열목록에 기재된 핵산 및 아미노산 서열 각각을 "RXA", "RXN", "RXS" 또는 "RXC" 뒤에 5개의 숫자가 있는, 확인용 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 수 (즉, RXA00007, RXN00023, RXS00116 또는 RXC00128)로 표시한 것을 알 것이다. 핵산 서열 각각은 세 부분, 즉 5' 상류 영역, 코딩 영역 및 하류 영역으로 구성되어 있다. 이들 세 영역 각각에는 동일한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시로 확인시켜 혼란을 방지했다. 이외에, "서열목록에서 홀수 서열 번호 중 하나"란, 서열목록의 핵산 서열 중 임의의 것을 말하며, 이들은 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시가 달라 구별될 수도 있다. 이 서열 각각의 코딩 영역은 또한 서열목록에서 짝수 서열 번호로 기재되어 있는 상응 아미노산 (상응 핵산 서열 바로 다음에 기재되어 있음)으로 번역된다. 예를 들어, RXA02229에 대한 코딩 영역은 서열 1에 기재되어 있으며, 그가 코딩하는 아미노산 서열은 서열 2에 기재되어 있다. 본 발명의 핵산 분자의 서열은, 이들이 쉽게 상호관련될 수 있도록, 이들이 코딩하는 아미노산 분자로서 동일한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시에 의해 확인된다. 예를 들어, RXA02229, RX00351, RXS02970 및 RXC02390으로 표시된 아미노산 서열은 각각 핵산 분자 RXA02229, RX00351, RXS02970 및 RXC02390의 뉴클레오타이드 서열의 코딩 영역의 번역물이다. 본 발명의 RXA, RXN, RXS 및 RXC 뉴클레오타이드 및 아미노산 서열과 이들의 배정된

서열 번호 사이의 상응 관계는 표 1에 기재되어 있다.

- <63> 본 발명의 유전자들 중 몇몇은 "F-표시 유전자"이다. F-표시 유전자는 표 1에 기재된 유전자들을 포함하며, 이들은 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 표시 앞에 'F'를 갖는다. 예를 들어, 표 1에 나타난 바와 같이, "F RXA01009"로 표시된 서열 5는 F-표시 유전자이며, 서열 73, 75 및 77 (표 1에서 각각 "F RXA00007", "F RXA00364" 및 "F RXA00367"로 표시됨)도 마찬가지이다.
- <64> 한 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 표 2에 기재된 것들을 포함하지 않는다. dapD 유전자의 경우, 이 유전자에 대한 서열은 문헌 [Wehrmann, A., et al, (1998) J. Bacteriol. 180(12):3159-3165]에 공개되어 있다. 그러나, 본 발명자들이 얻은 서열은 공개된 서열 형태 보다 상당히 더 길다. 공개된 서열 형태는 정확하지 않은 개시 코돈에 의존한 것이며, 따라서 실제 코딩 영역의 단편만을 나타낸 것이라고 생각된다.
- <65> 바람직한 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 상보체인 핵산 분자 또는 그의 일부를 포함한다. 본 발명에 나타난 뉴클레오티드 서열 중 하나에 대해 상보적인 핵산 분자는 서열목록에 나타난 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나에 대해 충분히 상보적인 것이어서, 그는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 중 하나와 혼성화함으로써 안정한 이중 나선을 형성한다.
- <66> 바람직한 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 한 서열)과 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 또는 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 또는 90%, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열 또는 그의 일부를 포함한다. 상기 언급된 범위에 대해 중간값인 동일성 값 및 범위 (예를 들어, 70 내지 90% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 최대값 및(또는) 최소값의 조합으로 사용한 동일성 값의 범위는 본 발명에 포함된다. 추가의 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는, 예를 들어 엄격 조건하에, 본 발명의 뉴클레오티드 서열 중 하나 또는 그의 일부와 혼성화하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다.
- <67> 또한, 본 발명의 핵산 분자는 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 한 서열의 코딩 영역의 일부만을 포함할 수도 있는데, 예를 들면 프로브 또는 프라이머로 사용될 수 있는 단편 또는 MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 단편을 포함할 수 있다. 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 MP 유전자의 클로닝으로부터 결정되는 뉴클레오티드 서열을 이용하여 다른 유형의 세포 및 생물에서의 MP 상동체 뿐 아니라 다른 코리네박테리아 또는 관련 종으로부터의 MP 상동체 확인 및(또는) 클로닝에 사용하기 위한 프로브 및 프라이머를 고안할 수 있다. 통상적으로, 프로브/프라이머는 실질적으로 정제된 올리고뉴클레오티드를 포함한다. 올리고뉴클레오티드는 통상적으로 엄격 조건하에 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 하나) 중 하나의 센스 가닥, 이들 서열들 중 하나의 안티센스 서열, 또는 자연 발생적인 그의 돌연변이체의 약 12개, 바람직하게는 약 25개, 더욱 바람직하게는 약 40, 50 또는 75개 이상의 연속된 뉴클레오티드와 혼성화하는 뉴클레오티드 서열 영역을 포함한다. 본 발명의 뉴클레오티드 서열을 기초로 한 프라이머는 MP 상동체를 클로닝하기 위한 PCR 반응에서 사용될 수 있다. MP 뉴클레오티드 서열을 기초로 한 프로브를 사용하여 동일하거나 상동성인 단백질을 코딩하는 전사체 또는 게놈 서열을 찾을 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 프로브는 그에 부착되는 표지 기 (label group)를 추가로 포함하며, 예를 들어, 표지 기는 방사성동위원소, 형광성 화합물, 효소 또는 효소 보조인자일 수 있다. 이러한 프로브는, 예를 들어 대상체로부터의 세포 샘플 중 MP-코딩 핵산 수준을 측정함으로써, 예를 들어 MP mRNA 수준을 검출하거나, 게놈 MP 유전자가 변이되었는지 또는 결실되었는지를 결정함으로써, MP 단백질을 잘못 발현시키는 세포를 확인하기 위한 진단용 시험 키트의 일부로 사용될 수 있다.
- <68> 한 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 충분히 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 또는 그의 일부를 코딩하며, 이 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매하는 능력을 유지한다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "충분히 상동성인"이란, 본 발명의 아미노산 서열에 대해 동일 또는 동등한 최소 수의 아미노산 잔기 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호 중 하나의 서열에 있는 어떤 한 아미노산 잔기와 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기)를 포함하는 아미노산 서열을

갖는 단백질 또는 그의 일부를 의미하며, 이 단백질 또는 그의 일부는 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있다. 이러한 대사 경로의 단백질 구성원은, 본원에 기재된 바와 같이, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 중 하나 이상의 생합성 또는 분해를 촉매하는 기능을 한다. 이러한 활성의 예는 또한 본원에 기재되어 있다. 따라서, "MP 단백질의 기능"은 1종 이상의 상기 대사 경로의 전반적인 기능 발현에 기여하고, 1종 이상의 정밀 화학물질의 생산 수율, 생산성 및(또는) 생산 효율에 직접 또는 간접적으로 기여한다. MP 단백질 활성의 예는 표 1에 기재되어 있다.

<69> 다른 실시양태에서, 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 약 50% 내지 60% 이상, 바람직하게는 약 60% 내지 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 70% 내지 80%, 80% 내지 90%, 90% 내지 95% 이상, 가장 바람직하게는 약 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상의 상동성이 있다.

<70> 본 발명의 MP 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질의 일부는 바람직하게는 MP 단백질 중 하나의 생물학적으로 활성인 일부이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부"는 코리네박테리움 글루타미쿰의 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로 하나 이상의 효소 반응을 촉매하거나, 표 1에 기재된 바와 같은 활성을 갖는 MP 단백질의 일부, 예를 들어, 그의 도메인/모티프를 포함한다. MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부가 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매하는지를 결정하기 위해, 효소 활성 분석법을 수행할 수 있다. 실시예 8에 기재된 바와 같이, 이러한 분석 방법은 당업자에게 공지되어 있다.

<71> MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 다른 핵산 단편은 MP 단백질 또는 펩티드의 코딩 부분을 발현시키는 (예를 들어, 시험관내 재조합 발현시킴으로써) 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열) 중 하나의 일부를 단리하고, MP 단백질 또는 펩티드의 코딩되는 부분의 활성을 평가함으로써 제조할 수 있다.

<72> 본 발명은, 본 발명에 나타난 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나와 상이하지만 유전자 코드의 축퇴성으로 인해 본 발명의 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 것과 동일한 MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자 (및 그의 일부)를 포함한다. 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열 목록에 나타난 아미노산 서열 (예를 들어, 짝수 서열 번호의 서열)을 갖는 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 갖는다. 다른 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 본 발명의 아미노산 서열 (서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열)에 나타난 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성인 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질을 코딩한다.

<73> 당업자라면, 한 실시양태에서 본 발명의 서열이 본 발명의 이전에 이용가능했던, 표 2 또는 4에 기재된 젠뱅크 (Genbank) 서열과 같은 선행 기술의 서열을 포함하는 것이 아님을 알 것이다. 한 실시양태에서, 본 발명은 선행 기술의 서열 (예를 들어, 표 2 또는 4에 기재된 젠뱅크 서열 (또는 이러한 서열에 의해 코딩되는 단백질))보다 더 큰 본 발명의 뉴클레오티드 또는 아미노산 서열과 동일성(%)을 갖는 뉴클레오티드 서열 및 아미노산 서열을 포함한다. 예를 들어, 본 발명은 RXA00115 (서열 185)로 표시되는 뉴클레오티드 서열보다 더 크고(거나) 그와 40% 이상의 동일성을 갖는 뉴클레오티드 서열, RXA00131 (서열 991)로 표시되는 뉴클레오티드 서열보다 더 크고(거나) 그와 어느 정도 이상의 동일성이 있는 뉴클레오티드 서열 및 RXA00219 (서열 345)로 표시되는 뉴클레오티드 서열보다 더 크고(거나) 그와 39% 이상의 동일성이 있는 뉴클레오티드 서열이 포함된다. 당업자라면, 주어진 서열에 대한 3개의 최고 히트 각각에 대해 표 4에 나타난 GAP-계산된 동일성(%) 점수를 조사하고, GAP-계산된 가장 높은 동일성(%)를 100에서 차감하여 본 발명의 임의 주어진 서열에 대한 동일성(%)의 하한 역치를 계산할 수 있을 것이다. 당업자라면 또한 이렇게 계산된 하한 역치보다 더 큰 동일성(%) (예를 들어, 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 또는 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 또는 90%, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 이상의 동일성)을 갖는 핵산 서열 및 아미노산 서열이 본 발명에 포함됨을 알 것이다.

<74> 당업자라면, 서열목록에서 홀수 서열 번호로 기재된 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 뉴클레오티드 서열 이외에도, MP 단백질의 아미노산 서열에서의 변화를 초래하는 DNA 서열의 다형성이 집단 (예를 들어, 코리네박

테리움 글루타미쿰 집단)내에 존재할 수 있음을 알 것이다. MP 유전자에 있어서의 이러한 유전적 다형성은 이로 인해 집단내의 개체들 사이에 존재할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "유전자" 및 "제조합 유전자"는 MP 단백질, 바람직하게는 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질을 코딩하는 오픈 리딩 프레임에 포함하는 핵산 분자를 지칭한다. 이러한 천연 변이는 통상적으로는 MP 유전자의 뉴클레오티드 서열을 1 내지 5% 변화시킨다. 천연 변이의 결과이며 MP 단백질의 기능적 활성을 변경시키지 않는, 임의 및 모든 이러한 뉴클레오티드 변화 및 그에 따라 나타난 MP에서의 아미노산 다형성은 본 발명의 범위 내에 있는 것으로 한다.

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

<76> 또한, 당업자라면 집단내에 존재할 수 있는 MP 서열의 자연 발생적인 변이체 뿐 아니라, 본 발명의 뉴클레오티드 서열 내에 돌연변이에 의한 변화를 도입함으로써, MP 단백질의 기능에의 변경 없이 코딩된 MP 단백질의 아미노산 서열을 변화시킬 수 있음을 알 것이다. 예를 들어, "비필수" 아미노산 잔기에서 아미노산 치환을 일으키는 뉴클레오티드 치환이 본 발명의 뉴클레오티드 서열에서 일어날 수 있다. "비필수 아미노산" 잔기가 상기 MP 단백질의 활성을 변경시키지 않으면서 MP 단백질 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열) 중 하나의 야생형 서열로부터 변경될 수 있는 잔기인 반면, "필수" 아미노산 잔기는 MP 단백질 활성에 필요하다. 그러나, 다른 아미노산 잔기 (예를 들어, MP 활성을 갖는 도메인에서 보존되지 않거나, 반보존된 잔기)는 활성에 필수적이지 않을 수도 있어서, MP 활성에의 변경없이 변경될 수 있다.

<77> 따라서, 본 발명의 다른 측면은 MP 활성에 필수적이지 않은 아미노산 잔기에서의 변화를 포함하는 MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자에 관한 것이다. 이러한 MP 단백질은 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열로부터의 아미노산 서열이 다르며, 본원에 기재된 MP 활성 중 적어도 하나를 보유한다. 한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는, 본 발명의 아미노산 서열과 약 50% 이상 상동성인 아미노산 서열을 포함하며, 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 바와 같은 활성을 1가지 이상 갖는 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 바람직하게는, 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질은 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열 중 하나의 아미노산 서열에 대해 약 50 내지 60% 이상, 더욱 바람직하게는 이러한 서열 중 하나에 대해 약 60 내지 70% 이상, 더욱 바람직하게는 이러한 서열 중 하나에 대해 약 70 내지 80%, 80 내지 90%, 90 내지 95% 이상, 가장 바람직하게는 본 발명의 아미노산 서열 중 하나에 대해 약 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상 상동성이 있다.

<78> 2개의 아미노산 서열 (예를 들어, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나 및 그의 돌연변이체 형태) 또는 2개의 핵산 서열의 상동성(%)을 결정하기 위해, 최적의 비교 목적에 맞게 서열들을 정렬시킨다 (예를 들어, 다른 단백질 또는 핵산과의 최적의 정렬을 위해 하나의 단백질 또는 핵산의 서열내에 갭을 도입시킬 수 있다). 이어서, 아미노산 위치 또는 뉴클레오티드 위치에 상응하는 아미노산 잔기 또는 뉴클레오티드를 비교한다. 한 서열 (예를 들어, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나)내의 위치가 다른 서열 (예를 들어, 아미노산 서열의 돌연변이체 형태)내의 상응하는 위치와 동일한 아미노산 잔기 또는 뉴클레오티드에 의해 점유되는 경우, 분자는 그 위치에서 상동성이 있는 것이다 (즉, 본원에 사용된 바와 같이, 아미노산 또는 핵산의 "상동성"은 아미노산 또는 핵산의 "동일성"과 동등한 의미이다). 2개 서열 사이의 상동성(%)은 서열들에 의해 공유되는 동일한 위치의 개수의

함수이다 (즉, 상동성(%) = 동일한 위치의 개수/위치의 총 개수 $\times$ 100).

<79> 코딩되는 단백질내에 하나 이상의 아미노산의 치환, 부가 또는 결실이 도입되도록 본 발명의 뉴클레오티드 서열 내에 하나 이상의 뉴클레오티드의 치환, 부가 또는 결실을 도입시킴으로써, 본 발명의 단백질 서열 (예를 들어, 서열목록에서 짝수 서열 번호의 서열)과 상동성인 MP 단백질을 코딩하는 단리된 핵산 분자를 생성시킬 수 있다. 위치 지정 돌연변이유발법 및 PCR-매개 돌연변이유발법과 같은 표준 기술에 의해 본 발명의 뉴클레오티드 서열들 중 하나에 돌연변이를 도입할 수 있다. 바람직하게는, 예상되는 하나 이상의 비필수 아미노산 잔기에서 보존된 아미노산 치환을 수행할 수 있다. "보존된 아미노산 치환"이란 아미노산 잔기가 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기로 대체되는 것을 말한다. 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기의 군은 당업계에 정의되어 있다. 이러한 군에는 염기성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 리신, 아르기닌, 히스티딘), 산성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 아스파라긴산, 글루탐산), 비하전된 극성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 글리신, 아스파라긴, 글루타민, 세린, 트레오닌, 티로신, 시스테인), 비극성 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 알라닌, 발린, 루이신, 이소루이신, 프롤린, 페닐알라닌, 메티오닌, 트립토판), β -분지 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 트레오닌, 발린, 이소루이신) 및 방향족 측쇄를 갖는 아미노산 (예를 들어, 티로신, 페닐알라닌, 트립토판, 히스티딘)이 포함된다. 따라서, MP 단백질에서 예상되는 비필수 아미노산 잔기는 바람직하게는 동일한 측쇄 군으로부터의 다른 아미노산 잔기로 치환된다. 별법으로, 다른 실시양태에서 포화 돌연변이유발법 등에 의해 MP 코딩 서열의 전부 또는 일부를 따라 무작위적으로 돌연변이를 도입할 수 있으며, MP 활성을 보유하는 돌연변이체를 확인하기 위해, 생성된 돌연변이체를 본원에 기재된 MP 활성에 대하여 스크리닝 할 수 있다. 서열목록에서 홀수 서열 번호의 서열들 중 한 뉴클레오티드 서열을 돌연변이유발시킨 다음, 코딩된 단백질을 재조합적으로 발현시킬 수 있고, 예를 들어 본원에 기재된 분석법을 이용하여 단백질의 활성을 결정할 수 있다 (실시예 8을 참조).

<80> 상기 기재된 MP 단백질을 코딩하는 핵산 분자 이외에도, 본 발명의 다른 측면은 그와 안티센스인 단리된 핵산 분자에 관한 것이다. "안티센스" 핵산은 단백질을 코딩하는 "센스" 핵산에 상보적인 뉴클레오티드 서열을 포함하며, 예를 들어 이중 가닥 DNA 분자의 코딩 가닥에 대해 상보적이거나 mRNA 서열에 대해 상보적인 뉴클레오티드 서열 등이 있다. 따라서, 안티센스 핵산은 센스 핵산과 수소 결합할 수 있다. 안티센스 핵산은 전체 MP 코딩 가닥과 또는 그의 일부에만 상보적일 수 있다. 한 실시양태에서, 안티센스 핵산 분자는 MP 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열의 코딩 가닥의 "코딩 영역"에 대해 안티센스이다. 용어 "코딩 영역"은 아미노산 잔기로 번역되는 코돈을 포함하는 뉴클레오티드 서열의 영역 (예를 들어, 서열 1 (RXA02229)의 전체 코딩 영역은 뉴클레오티드 1에서 825를 포함함)을 의미한다. 다른 실시양태에서, 안티센스 핵산 분자는 MP를 코딩하는 뉴클레오티드 서열의 코딩 가닥의 "비코딩 영역"에 대해 안티센스이다. 용어 "비코딩 영역"은 아미노산으로 번역되지 않는, 코딩 영역의 양측에 있는 5' 및 3' 서열 (즉, 5' 및 3' 비번역 영역이라고도 함)을 의미한다.

<81> 본원에 개시된 MP를 코딩하는 코딩 가닥 서열 (예를 들어, 이 서열은 서열목록에서 홀수 서열 번호로 기재되어 있음)을 기초로 하여, 왓슨 (Watson)과 크릭 (Crick)의 염기쌍 규칙에 따라 본 발명의 안티센스 핵산을 고안할 수 있다. 이 안티센스 핵산 분자는 MP mRNA의 전체 코딩 영역에 대해 상보적일 수 있지만, 더욱 바람직하게는 MP mRNA의 코딩 또는 비코딩 영역의 일부에만 안티센스인 올리고뉴클레오티드이다. 예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오티드는 MP mRNA의 번역 개시 부위 주변의 영역에 대해 상보적일 수 있다. 안티센스 올리고뉴클레오티드의 길이는 예를 들어, 뉴클레오티드 약 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 또는 50개이다. 본 발명의 안티센스 핵산은 당업계에 공지된 방법을 이용하는 화학적 합성법 및 효소적 라이게이션 반응법을 이용하여 제작할 수 있다. 예를 들어, 자연 발생적인 뉴클레오티드, 또는 분자의 생물학적 안정성을 증가시키거나, 안티센스와 센스 핵산 사이에 형성된 이중 가닥의 물리적인 안정성을 증가시키기 위해 고안된 다양하게 변형된 뉴클레오티드를 사용하여 (예를 들어, 포스포로티오에이트 유도체 및 아크리딘 치환된 뉴클레오티드가 사용될 수 있음), 안티센스 핵산 (예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오티드)을 화학적으로 합성할 수 있다. 안티센스 핵산을 생성하는데 사용될 수 있는 변형된 뉴클레오티드의 예로는 5-플루오로우라실, 5-브로모우라실, 5-클로로우라실, 5-요오도우라실, 히포크산틴, 크산틴, 4-아세틸시토신, 5-(카르복시히드록실메틸)우라실, 5-카르복시메틸아미노메틸-2-티오우리딘, 5-카르복시메틸아미노메틸우라실, 디히드로우라실, β -D-갈락토실케오신, 이노신, N6-이소펜테닐아데닌, 1-메틸구아닌, 1-메틸이노신, 2,2-디메틸구아닌, 2-메틸아데닌, 2-메틸구아닌, 3-메틸시토신, 5-메틸시토신, N6-아데닌, 7-메틸구아닌, 5-메틸아미노메틸우라실, 5-메톡시아미노메틸-2-티오우라실, β -D-만노실케오신, 5'-메톡시카르복시메틸우라실, 5-메톡시우라실, 2-메틸티오-N6-이소펜테닐아데닌, 우라실-5-옥시아세트산(v), 비부톡소신, 슈도 (pseudo)우라실, 퀘오신, 2-티오시토신, 5-메틸-2-티오우라실, 2-티오우라실, 4-티오우라실, 5-메틸우라실, 우라실-5-옥시아세트산, 메틸에스테르, 우라실-5-옥시아세트산(v), 5-메틸-2-티오우라실, 3-(3-아미노-3-N-2-카르복시프로필)우라실, (acp3)w 및 2,6-디아미노퓨린이 포함된다. 또는, 핵산이 안티

센스 방향으로 서브클로닝된 발현 벡터 (즉, 삽입된 핵산으로부터 전사되는 RNA는 원하는 표적 핵산에 대해 안티센스 방향임. 하기 서브섹션에 추가로 설명되어 있음)를 사용하여 안티센스 핵산을 생물학적으로 생성시킬 수 있다.

<82> 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 통상적으로 세포에 투여되거나 이들이 MP 단백질을 코딩하는 세포내 mRNA 및 (또는) 게놈 DNA와 혼성화하거나 결합하도록 계내 생성되어, 전사 및(또는) 번역 억제 등과 같이 단백질의 발현을 억제한다. 혼성화는 안정한 이중 나선을 형성하는 통상의 뉴클레오티드 상보성에 의한 것이거나, 예를 들어, 이중 나선의 메이저 그루브에서 특이적 상호작용을 통해 DNA 이중 나선과 결합하는 안티센스 핵산 분자의 경우에 의한 것일 수 있다. 안티센스 분자는, 예를 들어 안티센스 핵산 분자를 세포 표면의 수용체 또는 항원과 결합하는 펩티드 또는 항체에 연결시킴으로써, 그가 선택된 세포 표면에서 발현되는 수용체 또는 항원과 특이적으로 결합하도록 변형시킬 수 있다. 또한, 본원에 기재된 벡터를 사용하여 안티센스 핵산 분자를 세포에 전달시킬 수도 있다. 안티센스 분자의 충분한 세포내 농도를 달성하기 위해서는, 안티센스 핵산 분자가 강력한 원핵세포, 바이러스 또는 진핵세포 프로모터의 조절을 받는 벡터 구조물인 것이 바람직하다.

<83> 다른 실시양태에서, 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 α -아노머 핵산 분자이다. α -아노머 핵산 분자는 상보적 RNA와 특이적 이중 가닥 하이브리드를 형성하며, 이 때 통상의 β -유닛과는 대조적으로, 가닥들은 서로에 대해 평행한 상태로 있다 (문헌 [Gaultier et al. (1987) Nucleic Acids. Res. 15:6625-6641]). 안티센스 핵산 분자는 2'-*o*-메틸리보뉴클레오티드 (문헌 [Inoue et al. (1987) Nucleic Acids Res. 15:6131-6148]) 또는 키메라 RNA-DNA 유사체 (문헌 [Inoue et al. (1987) FEBS Lett. 215:327-330])를 포함할 수도 있다.

<84> 다른 실시양태에서, 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 리보자임이다. 리보자임은 리보뉴클레아제 활성을 갖는 촉매성 RNA 분자이며, 그와 상보적 영역을 갖는 mRNA 등의 단일 가닥 핵산을 절단할 수 있다. 따라서, 리보자임 (예를 들어, 햄머헤드 (hammerhead) 리보자임 (문헌 [Haselhoff and Gerlach (1988) Nature 334:585-591]에 기재되어 있음))을 사용하여 MP mRNA 전사체를 촉매적으로 절단함으로써 MP mRNA의 번역을 억제할 수 있다. 본원에 개시된 MP DNA의 뉴클레오티드 서열 (즉, 서열 1 (RXA02229))을 기초로 하여 MP-코딩 핵산에 대해 특이성을 갖는 리보자임을 고안할 수 있다. 예를 들어, 테트라히메나 (Tetrahymena) L-19 IVS RNA의 유도체를 제작할 수 있으며, 여기서 활성 부위의 뉴클레오티드 서열은 MP-코딩 mRNA에서 절단되는 뉴클레오티드 서열에 대해 상보적이다 (예를 들어, 세치 (Cech) 등의 미국 특허 제4,987,071호 및 세치 (Cech) 등의 미국 특허 제5,116,742호 참조). 또는, MP mRNA를 사용하여 RNA 분자의 풀로부터 특정 리보뉴클레아제 활성을 갖는 촉매성 RNA를 선별해낼 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Bartel, D. and Szostak, J.W. (1993) Science 261:1411-1418] 참조).

<85> 별법으로, MP 뉴클레오티드 서열의 조절 영역 (예를 들어, MP 프로모터 및(또는) 인핸서)에 대해 상보적인 뉴클레오티드 서열을 표적화하여 표적 세포에서 MP 유전자의 전사를 방지하는 삼중 나선 구조를 형성시킴으로써 MP 유전자의 발현을 억제시킬 수 있다 (통상적으로, 문헌 [Helene, C. (1991) Anticancer Drug Des. 6(6):569-84], 문헌 [Helene, C. et al. (1992) Ann.N.Y. Acad.Sci.660:27-36] 및 문헌 [Maher, L.J. (1992) Bioassays 14(12):807-15] 참조).

<86> B. 재조합 발현 벡터 및 숙주 세포

<87> 본 발명의 다른 측면은 벡터, 바람직하게는 MP 단백질 (또는 그의 일부)을 코딩하는 핵산을 함유하는 발현 벡터에 관한 것이다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "벡터"란 그에 연결된 다른 핵산을 수송할 수 있는 핵산을 지칭한다. 벡터의 한 유형으로 "플라스미드"란 추가의 DNA 절편이 라이게이션될 수 있는 환형 이중 가닥 DNA 고리를 의미한다. 벡터의 다른 유형인 바이러스 벡터는 추가의 DNA 절편을 바이러스 게놈 내로 라이게이션시킬 수 있다. 특정 벡터는 도입된 숙주 세포 내에서 자율적으로 복제될 수 있다 (예를 들면, 박테리아 복제 기점을 가진 박테리아 벡터 및 포유류의 에피솜 벡터). 다른 벡터 (예를 들면, 포유류의 비-에피솜 벡터)는 숙주 세포 내로 도입된 후 숙주 게놈 내로 통합되어 숙주 게놈을 따라 함께 복제된다. 또한, 특정 벡터는 작동가능하게 연결된 유전자의 발현을 지시할 수 있다. 본 명세서에서는 그러한 벡터를 "발현 벡터"로 언급한다. 일반적으로, 재조합 DNA 기술에서 사용하는 발현 벡터는 대개 플라스미드의 형태를 갖는다. 플라스미드는 가장 일반적으로 사용되는 벡터 형태이기 때문에, 본 명세서에서는 "플라스미드"와 "벡터"를 혼용할 수 있다. 그러나, 본 발명에는 동등한 기능을 제공하는 바이러스 벡터 (예를 들면, 복제 결손 레트로바이러스, 아데노 바이러스 및 아데노-관련 바이러스)와 같은 다른 형태의 발현 벡터도 포함된다.

<88> 본 발명의 재조합 발현 벡터는 본 발명의 핵산을 숙주 세포 내에서 핵산의 발현에 적합한 형태로 포함하며, 적합한 형태란 상기 재조합 발현 벡터가 발현용 숙주 세포를 기준으로 선택된 하나 이상의 조절 서열 (발현되는 핵산 서열에 작동가능하게 연결됨)을 함유하고 있음을 의미한다. 재조합 발현 벡터 내에서, "작동가능하게 연

결된"이란, 원하는 뉴클레오타이드 서열 (예를 들면, 시험관내 전사/번역 시스템 내 또는 벡터가 숙주 세포 내로 도입되는 경우 숙주 세포 내에서)이 발현가능하도록 조절 서열(들)에 연결된 것을 의미한다. 용어 "조절 서열"이란, 프로모터, 리프레서 결합 부위, 활성화 결합 부위, 인핸서 및 기타 발현 조절 요소 (예를 들면, 종결자, 폴리아데닐화 신호, 또는 mRNA 2차 구조와 관련된 다른 요소)를 포함하는 것으로 한다. 그러한 조절 서열은, 예를 들어 문헌 [Goeddel; *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, CA (1990)]에 기술되어 있다. 조절 서열에는 다수의 숙주 세포 유형 내에서 뉴클레오타이드 서열이 구성적으로 발현되도록 하는 것과 특정 숙주 세포 내에서만 뉴클레오타이드 서열이 발현되도록 하는 것이 포함된다. 바람직한 조절 서열에는, 예를 들어 박테리아에서 바람직하게 사용되는 *cos*-, *tac*-, *trp*-, *tet*-, *trp-tet*-, *lpp*-, *lac*-, *lpp-lac*-, *lacI^q*-, T7-, T5-, T3-, *gal*-, *trc*-, *ara*-, SP6-, *arny*, SP02, λ -P_R- 또는 λ P_L와 같은 프로모터가 있다. 추가의 조절 서열에는, 예를 들어 ADC1, MF α , AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH와 같은 효모 및 진균으로부터의 프로모터, CaMV/35S, SSU, OCS, *lib4*, *usp*, STLS1, B33, *nos*나 우비퀴틴- 또는 파세올린-프로모터와 같은 식물로부터의 프로모터가 있다. 또한 인공 프로모터도 사용할 수 있다. 당업자는 발현 벡터가 형질전환되는 숙주 세포의 선택, 목적 단백질의 발현 정도 등과 같은 인자들에 따라 다르게 고안될 수 있음을 이해할 것이다. 본 발명의 발현 벡터는 숙주세포에 도입됨으로써 본 명세서에 기술된 핵산에 의해 코딩되는 융합 단백질 또는 펩티드 (예를 들면, MP 단백질, MP 단백질의 돌연변이 형태, 융합 단백질 등)를 비롯한 단백질 또는 펩티드를 생산할 수 있다.

<89> 본 발명의 재조합 발현 벡터는 원핵 또는 진핵 세포에서의 MP 단백질 발현용으로 고안될 수 있다. 예를 들어, MP 유전자는 코리넨박테리움 글루타미쿰과 같은 박테리아 세포, 곤충 세포 (바콜로바이러스 발현 벡터 사용), 효모 및 다른 진균류 세포 (문헌 [Romanos, M.A. *et al.* (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", *Yeast* 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J. *et al.* (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi" in: More Gene Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, eds., p.396-428: Academic Press: San Diego; and van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F. *et al.*, eds., p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge] 참조), 조류 및 다세포 식물 세포 (문헌 [Schmidt, R. and Willmitzer, L. (1988) High efficiency *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* leaf and cotyledon explants" *Plant Cell Rep.*:583-586] 참조) 또는 포유류 세포 내에서 발현될 수 있다. 적합한 숙주 세포는 문헌 [Goeddel, *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, CA (1990)]에 더 기술되어 있다. 별법으로, 예를 들어 T7 프로모터 조절 서열 및 T7 중합효소를 사용하여 재조합 발현 벡터를 시험관 내에서 전사 및 번역시킬 수 있다.

<90> 원핵 세포 내에서의 단백질 발현은 대체로 융합 또는 비-융합 단백질의 발현을 지시하는 구성적 또는 유도가능한 프로모터 함유 벡터로 수행한다. 융합 벡터는 그의 코딩되는 단백질에, 일반적으로는 재조합 단백질의 아미노 말단 뿐 아니라 C-말단에 다수의 아미노산을 부가하거나, 그 단백질의 적절한 영역 내에서 다수의 아미노산을 융합시킨다. 그러한 융합 벡터는 전형적으로 다음의 세 가지 목적, 1) 재조합 단백질의 발현 증가, 2) 재조합 단백질의 가용성 증가, 및 3) 친화성 정제에서 리간드로서 작용함에 의한 재조합 단백질 정제 상의 용이함을 위한 것이다. 대개 융합 발현 벡터 내에서는 융합 부분과 재조합 단백질의 접합부에 단백질 절단 부위가 도입되어 있어서 융합 단백질을 정제한 후 융합 부분으로부터 재조합 단백질을 분리할 수 있다. 그러한 효소 및 그의 동족 인식 서열에는 응고인자 Xa, 트롬빈 및 엔테로키나제 등이 있다.

<91> 전형적인 융합 발현 벡터에는 pGEX (Pharmacia Biotech Inc; 문헌 [Smith, D.B. and Johnson, K.S. (1988) *Gene* 67:31-40] 참조), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) 및 pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ) 등이 있으며, 이들은 각각 글루타티온-S-트랜스퍼라제 (GST), 말토스 E 결합 단백질 또는 프로틴 A (protein A)를 표적 재조합 단백질에 융합시킨다. 한 실시양태에서는 MP 단백질의 코딩 서열을 pGEX 발현 벡터 내로 클로닝하여 N-말단 내지 C-말단에 GST-트롬빈 절단 부위-X 단백질을 함유하는 융합 단백질 코딩 벡터를 생성하였다. 상기 융합 단백질은 글루타티온-아가로스 수지를 사용하는 친화성 크로마토그래피에 의해 정제할 수 있다. GST에 융합되지 않은 재조합 MP 단백질은 융합 단백질을 트롬빈으로 절단함으로써 얻을 수 있다.

<92> 적합한 유도가능한 비-융합 대장균 발현 벡터의 예로는 pTrc (문헌 [Amann *et al.*, (1988) *Gene* 69:301-315] 참조), pLG338, pACYC184, pBR322, pUC18, pUC19, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN1113-B1, λ gt11, pBdCl 및 pET 11d (문헌 [Studier *et al.*, *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 60-89] 및 문헌 [Pouwels *et*

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

<93> 재조합 단백질의 발현을 극대화하는 한가지 전략은 재조합 단백질에 대한 단백질 분해성 절단력이 손상된 숙주 박테리아 내에서 상기 단백질을 발현시키는 것이다 (문헌 [Gottesman, S., *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128] 참조). 다른 전략으로는 발현 벡터 내로 삽입되는 핵산의 핵산 서열을 변형하여 각각의 아미노산에 대한 개별적인 코돈이 발현을 위해 선택된 박테리아 (예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰)가 선호하는 코돈이 되도록 하는 것이 있다 (문헌 [Wada *et al.* (1992) *Nucleic Acids Res.* 20:2111-2118] 참조). 이처럼 본 발명의 핵산 서열을 변형하는 것은 표준 DNA 합성 기술에 의해 수행될 수 있다.

<94> 다른 실시양태에서, MP 단백질 발현 벡터는 효모 발현 벡터이다. 효모 사카로마이세스 세레비지에 (*Saccharomyces cerevisiae*)의 발현 벡터의 예로는 pYepSec1 (문헌 [Baldari, *et al.*, (1987) *Embo J.* 6:229-234), 2 μ , pAG-1, Yep6, Yep13, pEMBLye23, pMFa (문헌 [Kurjan and Herskowitz, (1982) *Cell* 30:933-943] 참조), pJRY88 (문헌 [Shultz *et al.*, (1987) *Gene* 54:113-123] 참조) 및 pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA) 등이 있다. 사상 진균류와 같은 다른 진균류용으로 적절한 벡터 및 벡터의 제조 방법으로는 문헌 [van den Hondel, C.A.M.J.J. & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: *Applied Molecular Genetics of Fungi*, J.F. Peberdy, *et al.*, eds., p. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge] 및 문헌 [Pouwels *et al.*, eds. (1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York (ISBN 0 444 904018)]에 상술된 것들이 포함된다.

<95> 별법으로, 바쿨로바이러스 발현 벡터를 사용하여 본 발명의 MP 단백질을 곤충 세포 내에서 발현시킬 수 있다. 배양된 곤충 세포 (예를 들면, Sf 9 세포)에서의 단백질 발현용 바쿨로바이러스 벡터에는 pAc계 (문헌 [Smith *et al.* (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165] 참조) 및 pVL계 (문헌 [Lucklow and Summers (1989) *Virology* 170:31-39] 참조) 등이 있다.

<96> 다른 실시양태에서는 단세포 식물 세포 (예를 들어, 조류) 또는 고등 식물 (예를 들면, 작물 식물과 같은 종자 식물)로부터의 식물 세포 내에서 본 발명의 MP 단백질을 발현시킬 수 있다. 식물 발현 벡터의 예로는 문헌 [Becker, D., Kemper, E., Schell, J. and Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20: 1195-1197], 문헌 [Bevan, M.W. (1984) "Binary *Agrobacterium* vectors for plant transformation", *Nucl. Acid. Res.* 12: 8711-8721]에 상술된 것들이 포함되며 pLGV23, pGHIac+, pBIN19, pAK2004 및 pDH51 (문헌 [Pouwels *et al.*, eds. (1985) Cloning Vectors. Elsevier: New York ISBN 0 444 904018] 참조)가 포함된다.

<97> 또 다른 실시양태에서는 포유류 발현 벡터를 사용하여 포유류 세포 내에서 본 발명의 핵산을 발현시킨다. 포유류 발현 벡터의 예로는 pCDM8 (문헌 [Seed, B. (1987) *Nature* 329:840] 참조) 및 pMT2PC (문헌 [Kaufman *et al.* (1987) *EMBO J.* 6:187-195] 참조) 등이 있다. 포유류 세포를 사용하는 경우, 발현 벡터의 조절 기능은 대개 바이러스 조절 요소에 의한 것이다. 예를 들어, 일반적으로 사용되는 프로모터는 폴리오마, 아데노바이러스 2, 사이토메갈로바이러스 및 시미안 바이러스 40으로부터 유래된 것이다. 원핵 세포 및 진핵 세포 둘 다에 적합한 다른 발현계에 대해서는 문헌 [Chapters 16 and 17 of Sambrook, J., Fritsh, E.F., and Maniatis, T. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2nd. ed. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989]을 참조한다.

<98> 다른 실시양태에서, 재조합 포유류 발현 벡터는 특정 세포 유형에서의 차별적인 핵산 발현이 가능하도록 한다 (예를 들면, 조직-특이적 조절 요소가 핵산을 발현시키는데 사용된다). 조직-특이적 조절 요소는 당업계에 공지되어 있다. 적합한 조직-특이적 프로모터의 예로는 알부민 프로모터 (간-특이적; 문헌 [Pinkert *et al.*

(1987) *Genes Dev.* 1:268-277] 참조), 림프양-특이적 프로모터 (문헌 [Calame and Eaton (1988) *Adv. Immunol.* 43:235-275] 참조), 특히 T 세포 수용체의 프로모터 (문헌 [Winoto and Baltimore (1989) *EMBO J.* 8:729-733] 참조)와 면역글로불린의 프로모터 (문헌 [Banerji *et al.* (1983) *Cell* 33:729-740], 문헌 [Queen and Baltimore (1983) *Cell* 33:741-748] 참조), 뉴런-특이적 프로모터 (예를 들면, 뉴로필라멘트 프로모터; 문헌 [Byrne and Ruddell (1989) *PNAS* 86:5473-5477] 참조), 췌장-특이적 프로모터 (문헌 [Edlund *et al.* (1985) *Science* 230:912-916] 참조) 및 유선(乳腺)-특이적 프로모터 (예를 들면, 유장(乳漿) 프로모터; 미국 특허 제 4,873,316호 및 유럽 출원 번호 제264,166호 참조) 등이 있으나, 이에 제한되지 않는다. 또한, 발생-조절 프로모터, 예를 들어 쥐의 *hox* 프로모터 (문헌 [Kessel and Gruss (1990) *Science* 249:374-379] 참조) 및 α -페토프로틴 프로모터 (문헌 [Campes and Tilghman (1989) *Genes Dev.* 3:537-546] 참조)도 포함된다.

<99> 본 발명은 안티센스 방향으로 발현 벡터 내에서 클로닝된 본 발명의 DNA 분자를 함유하는 재조합 발현 벡터를 추가로 제공한다. 즉, 상기 DNA 분자는 MP mRNA에 대해 안티센스인 RNA 분자의 (상기 DNA 분자의 전사에 의한) 발현이 가능하도록 조절 서열에 작동가능하게 연결된다. 안티센스 방향으로 클로닝된 핵산에 작동가능하게 연결된 조절 서열은 예를 들어, 바이러스 프로모터 및(또는) 인헨서처럼 다양한 세포 유형에서 안티센스 RNA 분자가 지속적으로 발현되도록 하는 것으로 선택할 수 있으며, 또는 안티센스 RNA가 구성적, 조직-특이적 또는 세포형 특이적으로 발현되도록 하는 조절 서열을 선택할 수도 있다. 안티센스 발현 벡터는 고효율의 조절 영역의 조절 하에서 안티센스 핵산을 생산하는 재조합 플라스미드, 파지미드 또는 약독화 바이러스의 형태일 수 있으며, 그 활성은 상기 벡터가 도입된 세포 유형에 의해 결정될 수 있다. 안티센스 유전자를 사용하여 유전자 발현을 조절하는 것에 대해서는 문헌 [Weintraub, H. *et al.*, Antisense RNA as a molecular tool for genetic analysis, *Reviews - Trends in Genetics*, Vol. 1(1) 1986]을 참조한다.

<100> 본 발명의 다른 측면은 본 발명의 재조합 발현 벡터가 도입된 숙주 세포에 관한 것이다. 용어 "숙주 세포" 및 "재조합 숙주 세포"는 본 명세서에서 혼용되고 있다. 그러한 용어는 특정 대상 세포를 지칭할 뿐만 아니라 그러한 세포의 자손 또는 잠재적인 자손도 의미하는 것으로 이해한다. 세대를 지나면서 돌연변이나 환경의 영향으로 인해 임의의 변형이 나타날 수 있기 때문에, 사실 그러한 자손은 부모 세포와 동일하지 않지만, 여전히 본 명세서에서 사용하는 용어의 범위에 포함된다.

<101> 숙주 세포는 임의의 원핵 세포 또는 진핵 세포일 수 있다. 예를 들어, MP 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 박테리아 세포, 곤충 세포, 효모 또는 포유류 세포 (예를 들어, 차이니스 햄스터 난소 세포 (CHO) 또는 COS 세포) 내에서 발현될 수 있다. 다른 적합한 숙주 세포는 당업자에게 공지되어 있다. 본 발명의 핵산 및 단백질 분자를 위한 숙주세포로서 용이하게 사용할 수 있는 코리네박테리움 글루타미쿰 관련 미생물이 표 3에 기재되어 있다.

<102> 벡터 DNA는 통상적인 형질전환 또는 형질감염 기술을 통해 원핵 또는 진핵 세포 내로 도입될 수 있다. 본원에서 사용된 용어 "형질전환" 및 "형질감염", "접합" 및 "형질도입"이란, 이중 핵산 (예를 들면, 선형 DNA 또는 RNA (예를 들면, 선형화 벡터이거나, 또는 벡터 없는 단독 유전자 구조물)) 또는 벡터 형태의 핵산 (예를 들면, 플라스미드, 파지, 파스피드, 파지미드, 트랜스포손 또는 다른 DNA)을 숙주 세포 내에 도입하는 다양한 공지 기술을 의미하는 것이며, 여기에는 인산 칼슘 또는 염화 칼슘 동시 침전법, DEAE-덱스트란-매개 형질감염법, 리포펙션법 (lipofection), 천연 감응법 (natural competence), 화학물질 매개 전달법, 또는 전기천공법 등이 포함된다. 숙주 세포를 형질전환 또는 형질감염시키는데 적합한 방법은 문헌 [Sambrook *et al.* (*Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2nd, ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989)] 및 다른 실험 매뉴얼에서 찾을 수 있다.

<103> 포유류 세포의 안정적 형질감염에 대해서는, 발현 벡터와 이용된 형질감염 기술에 따라, 단지 일부 소수 세포만이 그의 게놈 내로 외래 DNA를 통합한다는 것이 알려져 있다. 이들 통합체를 확인하고 선별하기 위해, 일반적으로 선택가능한 표지 (예를 들면, 항생제 내성)를 코딩하는 유전자를 목적 유전자와 함께 숙주 세포 내로 도입시킨다. 바람직한 선택가능한 표지에는 G418, 하이그로마이신 및 메토타렉세이트와 같은 약물 내성을 부여하는 것들이 포함된다. 선택가능한 표지를 코딩하는 핵산은 MP 단백질을 코딩하는 그 벡터 상에서 숙주 세포 내로 도입될 수 있으며, 또는 별도의 벡터 상에서 도입될 수도 있다. 도입된 핵산이 안정적으로 형질감염된 세포는 약물 선택법을 통해 확인할 수 있다 (예를 들면, 선택가능한 표지 유전자가 혼입된 세포는 생존할 것이나, 그렇지 않은 다른 세포는 사멸한다).

<104> 상동성 재조합 미생물을 제조하기 위해서, 결실, 부가 또는 치환을 도입시켜 MP 유전자를 변형 (예를 들면, 기능을 파괴)시킨 MP 유전자의 적어도 일부를 함유하는 벡터를 제조한다. 바람직하게는 이 MP 유전자는 코리네박

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

<105> 다른 실시양태에서, 도입된 유전자의 발현을 조절할 수 있는 것으로 선택된 시스템을 함유하는 재조합 미생물을 제조할 수 있다. 예를 들어, 벡터 상에 lac 오페론의 조절을 받는 MP 유전자가 포함된 경우에는 오직 IPTG의 존재 하에서만 MP 유전자가 발현될 수 있다. 그러한 조절 시스템은 당업계에 공지되어 있다.

<106> 다른 실시양태에서, 숙주 세포 내의 내인성 MP 유전자를 (예를 들면, 상동성 재조합 또는 당업계에 공지된 다른 유전적 수단에 의해) 파괴하여 그의 단백질 산물이 발현되지 않게 한다. 다른 실시양태에서, 숙주 세포 내의 도입된 MP 유전자 또는 내인성 MP 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변경되지만, 여전히 기능적 MP 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 미생물 내에 있는 하나 이상의 조절 영역 (예를 들면, 프로모터, 리프레서 또는 인듀서)이 (예를 들면, 결실, 절단, 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 변경되어 MP 단백질의 발현이 변한다. 당업자라면, 상기 기술한 MP 유전자 및 단백질 변형을 하나 이상 함유한 숙주 세포가 본 발명의 방법을 이용하여 용이하게 생성될 수 있으며 이들이 본 발명에 포함되는 것임을 이해할 것이다.

<107> 배양물 중의 원핵 또는 진핵 숙주 세포와 같은 본 발명의 숙주 세포는 MP 단백질의 생산 (즉, 발현)에 이용된다. 따라서, 본 발명은 본 발명의 숙주 세포를 이용한 MP 단백질의 생산 방법을 추가로 제공한다. 한 실시양태에서, 상기 방법은 본 발명의 (MP 단백질을 코딩하는 재조합 발현 벡터가 도입되거나, 야생형 또는 변형된 MP 단백질을 코딩하는 유전자가 게놈 내로 도입된) 숙주 세포를 MP 단백질이 생산될 때까지 적합한 배지에서 배양하는 것을 포함한다. 다른 실시양태에서, 상기 방법은 상기 배지 또는 숙주 세포로부터 MP 단백질을 분리하는 것을 추가로 포함한다.

<108> C. 단리된 MP 단백질

<109> 본 발명의 다른 측면은 단리된 MP 단백질 및 생물학적으로 활성인 그의 일부에 관한 것이다. "단리된" 또는 "정제된" 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부는 재조합 DNA 기술에 의해 생산된 경우 실질적으로 세포내 물질이 없으며, 또는 화학적으로 합성된 경우에는 실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없다. 용어 "실질적으로 세포내 물질이 없는 것"이란, 천연적으로 또는 재조합에 의해 MP 단백질을 생산하는 세포의 세포 구성 물질로부터 상기 단백질을 분리한 MP 단백질 제제를 포함한다. 한 실시양태에서, 용어 "실질적으로 세포내 물질이 없는 것"은 비-MP 단백질 (본 명세서에서 "오염 단백질"로도 언급됨) 함량이 약 30% 미만 (건 중량), 바람직하게는 약 20% 미만, 더욱 바람직하게는 약 10% 미만, 가장 바람직하게는 약 5%인 MP 단백질 제제를 포함한다. 또한, MP 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부가 재조합에 의해 생산되는 경우, 실질적으로 배양 배지가 없는 것이 바람직하다. 즉, 배양 배지 함량이 약 20 부피% 미만, 더욱 바람직하게는 약 10 부피% 미만, 가장 바람직하게는 5 부피% 미만으로 나타나는 단백질 제제가 바람직하다. 용어 "실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없는 것"이란, MP 단백질의 합성에 관여한 화학적 전구체 또는 다른 화학 물질로부터 상기 단백질을 분리한 MP 단백질 제제를 포함한다. 한 실시양태에서, 용어 "실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없는 것"은 화학적 전구체 또는 비-MP 화학 물질의 함량이 약 30% 미만 (건 중량), 바람직하게는 약 20% 미만, 더욱 바람직하게는 약 10% 미만, 가장 바람직하게는 약 5%인 MP 단백질 제제를 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 단리된 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부에는 그 MP 단백질이 유래된 생물로부터의 오염 단백질이 없다. 전형적으로, 그러한 단백질은 예를 들어 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물 내에서 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질의 재조합 발현에 의해 생산된다.

<110> 본 발명의 단리된 MP 단백질 또는 그의 일부는 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오타이드, 뉴클레오시드 또는 트레할로스 대사 경로의 효소 반응을 촉매할 수 있거나, 표 1에 기재된 활성 중 하나 이상을 갖는다.

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

<111> 다른 실시양태에서, MP 단백질은 실질적으로 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들면, 서열 목록에서 짝수 서열 번호로 기재된 서열)과 상동성이며, 상기 서브섹션 I에서 상술한 것처럼 천연 변이나 돌연변이유발로 인하여 아미노산 서열이 다름에도 본 발명의 아미노산 서열 중 하나의 단백질의 기능적 활성을 보유한다. 따라서, 다른 실시양태에서, MP 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열과의 상동성이 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69% 또는 70% 이상, 더욱 바람직하게는 약 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79% 또는 80% 이상, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% 또는 90% 이상, 또는 91%, 92%, 93%, 94% 이상이고, 더욱 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 또는 그 이상인 아미노산 서열을 포함하며, 본 명세서에 기술된 MP 활성 중 하나 이상을 가지고 있다. 또한, 상기 언급한 값에 중간값인 동일성 값 및 범위 (예를 들어, 70 내지 90% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것으로 한다. 예를 들어, 상기 언급한 임의의 값을 최대값 및(또는) 최소값의 조합으로 사용한 동일성 값의 범위는 본 발명에 포함된다. 다른 실시양태에서, 본 발명은 본 발명의 전체 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질에 관한 것이다.

<112> MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부는 MP 단백질의 아미노산 서열 (예를 들면, 서열 목록에서 짝수 서열 번호로 기재된 서열)로부터 유래된 아미노산 서열을 포함하거나 MP 단백질과 상동성인 단백질의 아미노산 서열을 포함하며 전장 MP 단백질 또는 MP 단백질과 상동성이며 하나 이상의 MP 단백질 활성을 보이는 전장 단백질보다 적은 수의 아미노산을 함유한다. 전형적으로, 생물학적으로 활성인 일부 (펩티드, 예를 들어 5, 10, 15, 20, 30, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 50, 100 또는 그 이상의 아미노산 길이를 갖는 펩티드)은 MP 단백질의 하나 이상의 활성을 갖는 도메인 또는 모티프를 포함한다. 또한, 상기 단백질의 다른 영역이 결실되어 생물학적으로 다른 활성을 갖는 일부를 재조합 기술에 의해 제조할 수 있으며 본원에서 기술한 하나 이상의 활성을 측정할 수 있다. 바람직하게는, MP 단백질의 생물학적으로 활성인 일부는 생물학적 활성이 있는 하나 이상의 선택된 도메인/모티프 또는 그의 일부를 포함한다.

<113> MP 단백질은 바람직하게는 재조합 DNA 기술에 의해 생산된다. 예를 들어, 상기 단백질을 코딩하는 핵산 분자는 발현 벡터 (상기 기술된 바와 같음) 내로 클로닝되고, 상기 발현 벡터는 숙주 세포 (상기 기술된 바와 같음) 내로 도입되고, MP 단백질은 상기 숙주 세포 내에서 발현된다. 그 후 상기 MP 단백질은 표준 단백질 정제 기술을 이용하여 적절한 정제 단계를 통해 세포로부터 분리될 수 있다. 재조합 발현과는 별법으로, MP 단백질, 폴리펩티드 또는 펩티드는 표준 펩티드 합성 기술을 이용하여 화학적으로 합성할 수 있다. 또한, 천연 MP 단백질은, 예를 들어 본 발명의 MP 단백질 또는 그의 일부를 사용한 표준 방법에 의해 생산될 수 있는 항-MP 항체를 사용하여 세포 (예를 들면, 내피 세포)로부터 분리할 수 있다.

- <114> 또한 본 발명은 MP 키메라 또는 융합 단백질을 제공한다. 본 명세서에서 사용된 MP "키메라 단백질" 또는 "융합 단백질"은 비-MP 폴리펩티드에 작동가능하게 연결된 MP 폴리펩티드를 포함한다. "MP 폴리펩티드"란 MP에 상응하는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 지칭하며, "비-MP 폴리펩티드"란 실질적으로 MP 단백질과 상동성이 없는 단백질, 예를 들어 MP 단백질과 다르며 동일한 또는 상이한 생물로부터 유래된 단백질에 상응하는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 의미한다. 융합 단백질에서, 용어 "작동가능하게 연결된"이란, MP 폴리펩티드 및 비-MP 폴리펩티드가 프레임 내에서 서로 융합된 것을 의미한다. 상기 비-MP 폴리펩티드는 MP 폴리펩티드의 N-말단 또는 C-말단에 융합될 수 있다. 예를 들어 한 실시양태에서, 융합 단백질은 MP 서열이 GST 서열의 C-말단에 융합된 GST-MP 융합 단백질이다. 그러한 융합 단백질은 재조합 MP 단백질의 정제를 용이하게 할 수 있다. 다른 실시양태에서, 융합 단백질은 그의 N-말단에 이중 신호 서열을 함유하는 MP 단백질이다. 특정한 숙주 세포 (예를 들면, 포유류 숙주 세포) 내에서, MP 단백질의 발현 및(또는) 분비는 이중 신호 서열을 이용함으로써 증가될 수 있다.
- <115> 바람직하게는, 본 발명의 MP 키메라 또는 융합 단백질은 표준 재조합 DNA 기술에 의해 생산된다. 예를 들어, 별개의 폴리펩티드 서열을 코딩하는 DNA 단편을 통상적인 기술에 따라, 예를 들어 라이게이션을 위해 블런트-말단 또는 엇갈린 (stagger-ended) 말단을 이용하는데, 적절한 말단을 만들기 위해 제한 효소로 절단하고, 경우에 따라 접착 말단을 채워 넣고, 바람직하지 않은 연결을 피하기 위해 알칼라인 포스파타제를 처리하고, 효소로 라이게이션시킴으로써 동일 프레임 내에 함께 라이게이션시킨다. 다른 실시양태에서, 융합 유전자는 자동 DNA 합성기 등을 사용하는 통상적인 기술로 합성될 수 있다. 별법으로, 2개의 연속된 유전자 단편 사이에 상보적인 오버행을 생성케하는 앵커 프라이머를 사용하여 유전자 단편을 PCR 증폭할 수 있으며, 이는 추후 어닐링되고 재증폭되어 키메라 유전자 서열을 생성한다 (예를 들어, 문헌 [Current Protocols in Molecular Biology, eds. Ausubel *et al.* John Wiley & Sons: 1992] 참조). 또한, 융합 부분 (예를 들면, GST 폴리펩티드)을 이미 코딩하고 있는 발현 벡터들이 많이 시판되고 있다. MP 코딩 핵산을 그러한 발현 벡터 내로 클로닝시켜 융합 부분을 MP 단백질로 동일 프레임 내에서 연결시킬 수 있다.
- <116> MP 단백질의 상동체는 돌연변이유발법, 예를 들어 분별 점 돌연변이 또는 MP 단백질의 트런케이션에 의해 생성될 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "상동체"란, MP 단백질의 활성화에 대한 아고니스트 또는 길항제로 작용하는 MP 단백질의 변이체 형태를 지칭하는 것이다. MP 단백질 아고니스트의 생물학적 활성화는 MP 단백질의 것과 실질적으로 동일하거나, 그에 버금갈 수 있다. MP 단백질의 길항체는 예를 들어 MP 단백질을 포함하는 MP 캐스캐이드의 하류 또는 상류 구성원에 경쟁적으로 결합함으로써 MP 단백질 자연 발생 형태의 활성화 하나 이상을 억제할 수 있다. 따라서, 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MP 단백질 및 그의 상동체는 MP 단백질이 미생물 내에서 역할을 하는 대사 경로 하나 이상의 활성을 조절할 수 있다.
- <117> 다른 실시양태에서, 상기 MP 단백질의 상동체는 MP 단백질 돌연변이체 (예를 들면, 트런케이션 돌연변이체)의 조합 라이브러리를 MP 단백질 아고니스트 또는 길항제 활성화에 대해 스크리닝함으로써 확인할 수 있다. 한 실시양태에서, MP 변이체의 혼재된 (variegated) 라이브러리는 핵산 수준에서의 조합 돌연변이유발법으로 생성되며, 혼재된 유전자 라이브러리에 의해 코딩된다. MP 변이체의 혼재된 라이브러리는 예를 들어 합성 올리고뉴클레오타이드 혼합물을 유전자 서열에 효소적으로 라이게이션시켜 잠재적 MP 서열의 축퇴 (degenerate) 세트가 개별적인 폴리펩티드로서 발현가능하게 하거나, 별법으로 그 안에 MP 서열의 세트를 함유한 거대 융합 단백질 (예를 들면, 파지 디스플레이)로서 발현가능하게 할 수 있다. 다양한 방법들을 사용하여 축퇴 올리고뉴클레오타이드 서열로부터 잠재적 MP 상동체의 라이브러리를 생산할 수 있다. 자동 DNA 합성기를 사용하여 축퇴 유전자 서열을 화학적으로 합성할 수 있고, 그 다음, 상기 합성 유전자를 적절한 발현 벡터 내로 라이게이션시킬 수 있다. 유전자 축퇴 세트를 이용하면 원하는 세트의 가능한 MP 서열을 코딩하는 모든 서열을 하나의 혼합물 내에 제공할 수 있다. 축퇴 올리고뉴클레오타이드를 합성하는 방법은 당업계에 공지되어 있다 (예를 들면, 문헌 [Narang, S.A. (1983) Tetrahedron 39:3], 문헌 [Itakura *et al.* (1984) Annu. Rev. Biochem. 53:323], 문헌 [Itakura *et al.* (1983) Science 198:1056], 문헌 [Ike *et al.* (1983) Nucleic Acid Res. 11:477] 참조).
- <118> 또한, MP 단백질 코딩 유전자의 단편 라이브러리를 이용하여 MP 단백질 상동체에 대한 스크리닝 및 그 후의 선별을 위한 MP 단편의 혼재된 집단을 생성할 수 있다. 한 실시양태에서, 새김눈 (nick)이 분자 당 약 한 번만 일어나는 조건 하에서 뉴클레아제를 MP 코딩 서열의 이중 가닥 PCR 단편에 처리하고, 상기 이중 가닥 DNA를 변성시키고, 상기 DNA를 탈변성 (renaturation)시켜 다른 새김눈 생성물로부터의 센스/안티센스 쌍을 포함할 수 있는 이중 가닥 DNA를 형성케하고, S1 뉴클레아제를 처리하여 재형성된 이중 가닥으로부터 단일 가닥 부분을 제거하고, 생성된 단편 라이브러리를 발현 벡터 내로 라이게이션시킴으로써 코딩 서열 단편의 라이브러리를 제조할 수 있다. 이 방법에 의해, 다양한 크기를 갖는 MP 단백질의 N-말단, C-말단 및 내부 단편을 코딩하는 발현

라이브러리를 유도할 수 있다.

<119> 점 돌연변이 또는 트랜케이션에 의해 만들어진 조합 라이브러리의 유전자 산물 스크리닝 및 선택된 특성을 갖는 유전자 산물에 대한 cDNA 라이브러리 스크리닝을 위한 몇몇 기술이 당업계에 공지되어 있다. 그러한 기술은 MP 상동체의 조합 돌연변이유발에 의해 생성된 유전자 라이브러리를 신속하게 스크리닝하는 데 사용할 수 있다. 가장 널리 사용되는 기술로서, 거대 유전자 라이브러리를 스크리닝하기 위한 고처리능 분석에서 사용가능한 기술로는 대표적으로 유전자 라이브러리를 복제가능한 발현 벡터 내로 클로닝하고, 생성된 벡터 라이브러리로 적절한 세포를 형질전환시키고, 원하는 활성의 검출이 검출되는 유전자 산물을 코딩하는 벡터의 단리를 용이하게 하는 조건 하에서 조합 유전자를 발현시키는 것을 포함한다. 라이브러리 내 기능성 돌연변이의 빈도를 증가시키는 새로운 기술인 재귀적 앙상블 돌연변이유발법 (Recursive ensemble mutagenesis) (REM)을 스크리닝 분석 시험과 함께 사용하여 MP 상동체를 확인할 수 있다 (문헌 [Arkin and Yourvan (1992) *PNAS* 89:7811-7815], 문헌 [Delgrave *et al.* (1993) *Protein Engineering* 6(3):327-331] 참조).

<120> 다른 실시양태에서, 당업계에 공지된 방법을 사용하는 세포 기재 분석법으로 혼재된 MP 라이브러리를 분석할 수 있다.

<121> D. 본 발명의 용도 및 방법

<122> 본원에 기재한 핵산 분자, 단백질, 단백질 상동체, 융합 단백질, 프라이머, 벡터 및 숙주세포는 코리네박테리움 글루타미쿰 및 관련 생물의 확인, 코리네박테리움 글루타미쿰과 관련된 생물의 계통 맵핑, 코리네박테리움 글루타미쿰의 목적 서열의 확인 및 위치 규명, 진화 연구, 기능에 필요한 MP 단백질 부위의 결정, MP 단백질 활성의 조절, MP 경로의 활성 조절, 및 정밀 화학물질과 같은 원하는 화합물의 세포내 생성 조절 등의 방법 중 하나 이상에 사용할 수 있다.

<123> 본 발명의 MP 핵산 분자는 다양한 용도를 갖는다. 첫째, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 것일 수 있는 생물의 존재 여부 확인에 사용할 수 있다. 또한, 혼합된 미생물 집단에서 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 밀접하게 관련된 것일 수 있는 미생물의 존재 여부를 확인하는 데 사용할 수 있다. 본 발명은 단일 또는 혼합된 미생물 집단의 배양물에서 추출한 게놈 DNA를 엄격 조건하에서 코리네박테리움 글루타미쿰에 고유한 유전자 영역에 걸친 프로브를 사용하여 탐침함으로써 상기 생물의 존재 여부를 확인할 수 있는 다수의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 핵산 서열을 제공한다. 코리네박테리움 글루타미쿰 그 자체는 인간에게 병원성이 아니지만, 코리네박테리움 디프테리아와 같은 인간 병원체인 종과 관련이 있다. 코리네박테리움 디프테리아는 국부 및 전신성 병변을 수반하여 급속도로 진행되는 급성 발열 감염인 디프테리아의 원인균이다. 이러한 질병에서는, 호흡관 상부에 국소 병변이 발생하고 상피 세포에 괴사성 손상을 수반하고, 바실러스가 독소를 분비하여 상기 병변을 통해 신체 말단에 감염되기 쉬운 조직으로 퍼지게 된다. 심장, 근육 말초 신경, 부신, 신장, 간 및 비장을 비롯한 상기 조직에서 단백질 합성의 억제에 의해 발생하는 퇴행성 변화는 질병의 전신성 병리 현상을 일으킨다. 디프테리아는 아프리카, 아시아, 동유럽 및 구 소련 연합의 독립 국가를 비롯한 세계의 여러 지역에서 높은 발병율을 유지하고 있다. 동유럽 및 구 소련의 독립 국가에서 계속되는 유행성 디프테리아로 1990년 이래 5,000명 이상이 사망했다.

<124> 한 실시양태에서, 본 발명은 개체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 확인하는 방법을 제공한다. 본 발명은 개체에서 본 발명의 1종 이상의 핵산 또는 아미노산 서열 (서열목록에서 홀수 또는 짝수 서열 번호로 각각 나타냄)을 검출함으로써 개체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 여부 또는 활성을 검출하는 것을 포함한다. 코리네박테리움 글루타미쿰과 코리네박테리움 디프테리아는 관련있는 박테리아이며, 코리네박테리움 글루타미쿰의 많은 핵산 및 단백질 분자는 코리네박테리움 디프테리아의 핵산 및 단백질 분자와 상동성이 있으므로 개체에서 코리네박테리움 디프테리아를 검출하는데 사용할 수 있다.

<125> 또한, 본 발명의 핵산 및 단백질 분자는 게놈의 특정 영역의 마커로 기능을 한다. 이러한 기능은 게놈 맵핑뿐 아니라 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질의 기능 연구에서도 유용성이 있다. 예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰 게놈을 절단하여 단편을 DNA 결합 단백질과 인큐베이션시켜, 코리네박테리움 글루타미쿰의 특정 DNA 결합 단백질이 결합하는 게놈 영역을 확인할 수 있다. 단백질에 결합하는 영역은 또한 본 발명의 핵산 분자, 바람직하게는 용이하게 검출할 수 있는 표지로 탐침할 수 있다. 이와 같은 게놈 단편에 대한 핵산 분자의 결합으로 코리네박테리움 글루타미쿰의 게놈 맵에 단편의 위치를 정할 수 있으며, 상이한 효소로 여러번 수행하는 경우 단백질이 결합하는 핵산 서열을 신속하고 용이하게 결정한다. 또한, 본 발명의 핵산 분자는 관련 종의 서열과 충분한 상동성을 가질 수 있어서 브레비박테리움 락토포페멘툼 (*Brevibacterium lactofermentum*)과 같은 관련 박테리아의 게놈 맵을 작성하기 위한 마커로 사용할 수 있다.

- <126> 또한, 본 발명의 MP 핵산 분자는 진화 및 단백질 구조 연구에 유용하다. 본 발명의 분자가 관여하는 대사 과정은 매우 다양한 원핵 및 진핵 박테리아에 의해 이용된다. 다른 생물과 유사한 효소를 코딩하는 핵산 분자 서열과 본 발명의 핵산 분자의 서열을 비교함으로써 생물의 진화 관련성을 평가할 수 있다. 유사하게, 이러한 비교로 서열 영역의 보존 여부를 평가할 수 있으며, 이러한 보존 영역은 효소 기능에 필수적인 단백질 영역을 결정하는데 도움이 될 수 있다. 이러한 결정 방법은 단백질 공학에 유용하며, 단백질 기능의 손실없이 유발된 돌연변이에 내성을 가질 수 있는 지를 나타낼 수 있다.
- <127> 본 발명의 MP 핵산 분자의 조작으로 야생형 MP 단백질과는 상이한 기능을 갖는 MP 단백질을 제조할 수 있다. 이러한 단백질은 효율 또는 활성이 개선될 수 있으며, 정상 세포보다 과량으로 존재할 수 있거나 효율 또는 활성이 감소될 수 있다.
- <128> 본 발명은 단백질 자체 또는 기질 또는 MP 단백질의 결합 파트너와 상호작용시키거나 본 발명의 MP 핵산 분자의 전사 또는 번역을 조절함으로써 MP 단백질의 활성을 조절하는 분자를 스크리닝하는 방법을 제공한다. 상기 방법에서, 본 발명의 1종 이상의 MP 단백질을 발현하는 생물을 1종 이상의 시험 화합물과 접촉시켜 MP 단백질의 활성 또는 발현수준에 대한 각각의 시험 화합물의 효과를 평가한다.
- <129> 코리네박테리움 글루타미쿰의 대규모 발효 배양물로부터 단리한, 원하는 정밀 화학물질이 아미노산, 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 또는 트레할로스인 경우, 재조합 유전 메카니즘으로 본 발명의 단백질 1종 이상의 활성 또는 활성 효율을 조절하여 상기 정밀 화학물질 중 하나의 생성에 직접 영향을 미칠 수 있다. 예를 들어, 원하는 아미노산에 관한 생합성 경로 효소의 경우, 효소 (다수의 유전자 카피의 존재 포함)의 활성 또는 효율을 개선시켜, 그 원하는 아미노산의 생산 효율 또는 생산성을 증가시켜야 한다. 아미노산에 관한 생합성 경로의 효소 합성이 원하는 아미노산의 합성과 경쟁 관계에 있는 경우, 이 효소의 효율 또는 활성을 임의로 감소 (유전자 결실 포함)시켜, 중간체 화합물 및(또는) 에너지에 관한 경쟁 감소에 기인한 그 원하는 아미노산의 생산 효율 또는 생산성 증가를 유발해야 한다. 원하는 아미노산에 관한 분해 경로 효소의 경우, 그 효소의 활성 또는 효율을 임의로 감소시켜, 이로 인한 원하는 생성물의 분해 감소에 기인하여 그 원하는 생성물의 생성 효율 또는 수율이 향상되도록 해야 한다. 마지막으로, 원하는 아미노산의 생합성에 관여하는 효소가 더이상 피드백 억제할 수 없도록 이 효소를 돌연변이유발시켜 원하는 아미노산의 생산 효율 또는 수율을 증가시켜야 한다. 비타민, 보조인자, 영양제, 뉴클레오티드, 뉴클레오시드, 및 트레할로스 대사에 관여하는 본 발명의 생합성 및 분해 효소에도 마찬가지로 적용되어야 한다.
- <130> 유사하게, 원하는 정밀 화학물질이 상기 언급한 화합물 중 하나가 아닐 경우, 본 발명의 단백질 중 하나의 활성 조절은 코리네박테리움 글루타미쿰의 대규모 배양물로부터의 화합물 생산 효율 및(또는) 수율에 영향을 미칠 수 있다. 임의의 생물의 대사 경로는 밀접하게 상호연관되어 있어서, 한 경로에서 사용되는 중간체가 종종 다른 경로에 의해 공급된다. 상이한 대사 과정으로부터의 화합물의 세포내 수준을 기준으로 효소 발현 및 기능을 조절할 수 있고, 아미노산 및 뉴클레오티드 등 기본적인 성장에 필요한 분자들의 세포내 수준은 대규모 배양시 미생물 생존력에 크게 영향을 줄 수 있다. 그러므로, 예를 들면, 더이상 피드백 억제를 하지 않거나, 효율 또는 교체율 (turnover)이 개선되도록 아미노산 생합성 효소를 조절하여 아미노산 1종 이상의 세포내 수준을 증가시킬 수 있다. 그 다음, 이렇게 증가된 아미노산 풀 (pool)은 단백질 합성에 필요한 분자들의 공급 뿐 아니라, 수많은 다른 생합성 경로에서 중간체 및 전구체로 이용되는 분자들의 공급 또한 증가시킨다. 특정 아미노산이 세포내에서 제한되는 경우, 이 아미노산의 생성 증가는 세포의 수많은 다른 대사 반응의 수행력을 증가시킬 수 있을 뿐 아니라, 그 세포가 모든 종류의 단백질을 더욱 효과적으로 생성케하고, 가능하다면, 대규모 배양시 그 세포의 전반적인 성장 속도 또는 생존 능력을 증가시킬 수도 있다. 생존력 증가는 발효 배양시 원하는 정밀 화학물질을 생성할 수 있는 수많은 세포들을 개선시켜, 이 화합물의 수율을 증가시킨다. 유사하게, 본 발명의 분해 효소가 원하는 화합물의 생합성에 중요한 세포내 화합물의 분해를 더 이상 촉매하지 못하거나, 덜 효율적으로 촉매하도록, 또는 대규모 배양시 이 세포가 더욱 효과적으로 성장하고 번식할 수 있도록 이 효소의 활성을 조절할 수 있다. 또한, 본 발명의 특정 분자의 분해 활성을 최적화시키거나 생합성 활성을 감소시켜 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 특정 정밀 화학물질 생성에 유익한 영향을 줄 수 있음은 강조되어야 한다. 예를 들어, 원하는 화합물의 생합성 경로에서 1종 이상의 중간체에 관해 경쟁적 경로에 있는 생합성 효소의 활성 효율을 감소시키면, 더 많은 상기 중간체들이 원하는 생성물로의 전환에 이용될 수 있을 것이다.
- <131> 원하는 화학물질의 수율을 증가시키기 위한 MP 단백질의 돌연변이유발방법에 관한 상기 목록은 한정적인 것이 아니며, 이러한 방법의 변형은 당업자에게 자명할 것이다. 이러한 메카니즘에 의해, 본 발명의 핵산 및 단백질 분자를 돌연변이된 MP 핵산 및 단백질 분자를 발현하는 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 균주의 제조에 이용하여 원하는 화합물의 수율, 생산성 및(또는) 생산 효율을 개선시킨다. 상기 원하는 화합물은 생합성 경로의

최종 생성물 및 자연 발생 대사 경로의 중간체 뿐 아니라 코리네박테리움 글루타미쿰 대사에서는 본래 일어나지 않으나 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 의해서는 생산되는 분자를 포함하는, 코리네박테리움 글루타미쿰에 의해 생산되는 모든 천연 생성물일 수 있다.

또한, 본 발명은 하기 실시예에 의해 예시되나, 이에 한정되는 것으로 해석해서는 안된다. 본원 전반에 걸쳐 인용된 모든 참고 문헌, 특허 출원, 특허, 공개된 특허 출원의 모든 내용, 표 및 서열목록은 본원에서 참고로 도입된다.

표 1a

리신 생합성				관련 유전자			
핵산 서열	아미노산 서열	화인 코드	리신 생합성	리신 생합성	리신 생합성	리신 생합성	리신 생합성
25	26	RXA00534	GR00137	NT개시	NT정지	기능	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
27	28	RXA00533	GR00137	3469	2438	56 KD 서브유닛 (EC 2.4.1.15)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
29	30	RXA02843	GR00842	543	4	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
31	32	RXA02022	GR00613	2063	3169	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
33	34	RXA00044	GR00007	3458	4393	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
35	36	RXA00863	GR00236	896	1639	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
37	38	RXA00864	GR00236	1694	2443	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
39	40	RXA02843	GR00842	543	4	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
41	42	RXA00355	VV0135	31980	30961	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
43	44	F RXA00352	GR00068	861	4	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
트레할로스				관련 유전자			
17	18	RXN00351	VV0135	37078	38532	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
19	20	F RXA00351	GR00066	1486	2931	αα-트레할로스-포스페이트 신타제 (UDP-형성)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
21	22	RXA00873	GR00241	3	758	56 KD 서브유닛 (EC 2.4.1.15)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
23	24	RXA00891	GR00243	1005	4	트레할로스 신타제 (EC 2.4.1.-)	아스파르트산 키나제 α 및 β 서브유닛 (EC 2.7.2.4)
리신 생합성				관련 유전자			
1	2	RXA02229	GR00653	2793	3617	다이하이드록시메틸 에피메라제 (EC 5.1.1.7)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)
3	4	RXS02970	GR00287	4714	5943	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)
5	6	F RXA01009				아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)
7	8	RXC02390				아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)
9	10	RXC01796				아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)
11	12	RXC01207				아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)
13	14	RXC00657				아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)
15	16	RXC00552				아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)	아세틸콜린 아세틸transferase (EC 2.6.1.11)

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

글루타메이트 및 글루타민 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	코팅그	NT 개시	NT 정지	기능
71	72	RXN00367	VV0196	9744	14273	글루타메이트 신타제 (NADH) 전구체 (EC 1.4.1.14)
73	74	F RXA00007	GR00001	7107	8912	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
75	76	F RXA00364	GR00074	1296	4	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
77	78	F RXA00367	GR00075	1806	964	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
79	80	RXN00076	VV0154	2752	4122	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
81	82	F RXA00075	GR00012	2757	3419	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
83	84	RXN00198	VV0181	7916	7368	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
85	86	F RXA00198	GR00031	2	283	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
87	88	RXN00365	VV0196	14607	15233	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
89	90	F RXA00365	GR00075	630	4	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
91	92	RXA00366	GR00075	961	605	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
93	94	RXA02072	GR00628	1259	2599	글루타메이트 신타제 (NADPH) 전구체 (EC 1.4.1.13)
95	96	RXA00323	GR00057	3855	5192	NADP-독이성 글루타메이트 디하이드로게나제 (EC 1.4.1.4)
97	98	RXA00335	GR00057	19180	17760	글루타메이트 신타제 (EC 6.3.1.2)
99	100	RXA00324	GR00057	5282	8398	글루타메이트 신타제 (EC 6.3.1.2)
101	102	RXA00376	VV0332	2	882	글루타메이트 신타제 (EC 3.5.1.2)
103	104	F RXA02879	GR10017	2	882	글루타미나제 (EC 3.5.1.2)
105	106	RXA00278	GR00043	2612	1581	글루타미나제 (EC 3.5.1.2)
107	108	RXA00727	GR00193	614	1525	글루타메이트 결함 세포질 주변 단백질 전구체

알라닌 및 아스파르트레이트 및 아스파라긴 대사

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

β-알라닌 대사

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

글리신 및 세린 대사

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

트레오넨 대사

해상 시열	아비도산 시열	확인 코드	콜리그	NT 개시	NT 종지	기능
169	170	FXN00669	VW0149	12053	13387	호모세린 다하드로게나제 (EC 1.1.1.3)
171	172	FXN00974	GR00274	2823	3015	호모세린 다하드로게나제 (EC 1.1.1.3)
173	174	FXA00870	GR00273	161	1087	호모세린 키나제 (EC 2.7.1.39)
175	176	FXA00330	GR00367	12968	14410	호모세린 산티라제 (EC 4.2.99.2)
177	178	FXN00403	VW0086	70041	68911	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제
179	180	FXA00403	GR00088	173	1832	호모세린 트레오닌에 관여하는
181	182	FXC01207				리신 및 트레오닌에 관여하는
33	184	FXC00152				세로질 단백질

메티오닌 및 S-아데노실 메티오닌 대사

해산 시월	아비노산 시월	화인 코드	군티그	NT 개시	NT 종지	기능
185	186	RXA00115	GR00017	5359	4313	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.31)
187	188	RXA00043	VV00086	70041	68911	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제
189	190	F RXA00043	GR00088	723	1832	호모세린 O-아세틸트랜스퍼라제 (EC 2.3.1.11)
191	192	RS03158				시스타티오닌 Y-신라제 (EC 4.2.99.9)
193	194	F RXA00264	GR00038	2404	1811	시스타티오닌 Y-신라제 (EC 4.2.99.9)
195	196	RA020352	GR00720	3085	2039	시스타티오닌 Y-신라제 (EC 4.2.99.9)
197	198	RS03159				시스타티오닌 Y-신라제 (EC 4.2.99.9)
199	200	F RXA02768	GR00770	1919	2521	시스타티오닌 Y-신라제 (EC 4.2.99.9)
201	202	RXA00216	GR00032	16286	15297	5-메틸테트라히드로플라이트 -호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (메티오닌 산데라제)
203	204	RXN000402	VV00086	70787	70188	O-아세틸메세린 술포드릴라제 (EC 4.2.99.10/)
205	206	F RXA00402	GR00088	1	576	O-아세틸메세린 술포드릴라제 (EC 4.2.99.8)
207	208	RXA000405	GR00089	3289	3801	O-아세틸메세린 술포드릴라제 (EC 4.2.99.10/)
209	210	RXA02197	GR00645	4552	4025	O-아세틸호모세린 술포드릴라제 (EC 4.2.99.8)
211	212	RXN02198	VV0302	9228	11726	O-아세틸호모세린 술포드릴라제 (EC 4.2.99.10/)
213	214	F RXA02198	GR00646	2483	6	5-메틸테트라히드로플라이트 -호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
215	216	RXN03074	VV0042	2238	1741	5-메틸테트라히드로플라이트 -호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.13)
217	218	F RXA02906	GR10044	1142	645	S-아데노실메티오닌-2-테메틸메타카논 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.3)
219	220	RXN00132	VV0124	3612	5045	S-아데노실메티오닌-2-테메틸메타카논 메틸트랜스퍼라제 (EC 2.1.1.3)
221	222	F RXA00132	GR00020	7728	7624	아데노릴호모시스테인아제 (EC 3.3.1.1)

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

S-아데노실 메티오닌 (SAM) 생합성

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

시스테인 대사

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

발린, 루이신 및 이소루이신

핵산 서열	아미노산 서열	확인 코드	분타그	NT 개시	NT 종지	기능
257	258	RXA02646	GR00751	3856	2568	트레오닌 디하이드라티제 생합성 (EC 4.2.1.16)
259	260	RXA00766	GR00204	5091	4249	분지쇄 아미노산 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.42)
261	262	RXN01690	VV0246	1296	196	분지쇄 아미노산 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.42)
263	264	F RXA01690	GR00473	1248	196	분지쇄 아미노산 아미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.42)
265	266	RXN01026	VV0143	9171	7513	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 대형 서브유닛 (EC 4.2.1.33)
267	268	F RXA01026	GR00294	1	1602	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 대형 서브유닛 (EC 4.2.1.33)
269	270	RXN01127	VV0157	4401	3472	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 1.1.1.85)
271	272	F RXA01132	GR00315	1349	1651	2-이소프로판릴라이트 시타제 (EC 4.1.3.12)
273	274	RXN00536	VV0219	6128	7486	2-이소프로판릴라이트 시타제 (EC 4.1.3.12)
275	276	F RXA00536	GR00137	6128	7360	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 소형 서브유닛 (EC 4.2.1.33)
277	278	RXN02965	VV0143	7711	7121	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 2.1.2.11)/ 데카트록살라제 (EC 4.1.1.44)
279	280	RXN01929	VV0127	47590	46402	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 2.1.2.11)/ 데카트록살라제 (EC 4.1.1.44)
281	282	F RXA01929	GR00555	2766	1960	3-이소프로판릴라이트 디하이드라티제 (EC 2.1.2.11)/ 데카트록살라제 (EC 4.1.1.44)
283	284	RXN01420	VV0122	15584	14643	4-이소프토실 이소발레일-CoA 트랜스퍼라제 (EC 2.-.-.)
285	286	RXS01145				케룰산 리덕토이소머라제 (EC 1.1.1.86)
287	288	F RXA01145	GR00321	1075	1530	케룰산 리덕토이소머라제 (EC 1.1.1.86)

아르기닌 및 포롤린 대사

포롤린 생합성 효소:

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

포폴린 분해 효소:

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

3-히드록시-포폴린 합성

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

오르니틴, 아르키닌 및 스페르미딘 데사 효소:

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

표 1g

해산 시열	아미노산시열	핵인 코드	폴리그	NT 개시	NT 종지	기능
361	362	RX500907				N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
364	365	RX502001				N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
365	366	RX502101				N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
367	368	RX502234				카르바모일-포스페이트 신티아제 합성 (EC 6.3.5.5)
369	370	F R0A02234				카르바모일-포스페이트 신티아제 합성 (EC 6.3.5.5)
371	372	RX502565	GR00654	1	3198	N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)
373	374	RX502937				N-아실-L-아미노산 아미도하이드롤라제 (EC 3.5.1.14)

히스테리 단 대서-

해산 시열	아미노산 시열	핵인 코드	폴리그	NT 개시	NT 종지	기능
375		RNA02194	GR000645	2897	2055	ATP 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.17)
377		GR000645	3186	2817	2055	ATP 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.17)
379		GR000645	4726	4373	2055	ATP 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.17)
381		RNA01100	GR000306	7726	6335	포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.17)
383	384	RNA01101	GR000306	7726	7094	리보미오신 아실트랜스퍼라제 (EC 5.3.1.16)
385	386	RNA01657	RV00010	39950	39351	아미도 트랜스퍼라제 HSH (EC 2.4.2.-)
387	388	RNA01657	GR000460	2444	2944	아미도 트랜스퍼라제 HSH (EC 2.4.2.-)
389	390	RNA01098	GR000306	5489	4726	아미도 트랜스퍼라제 HSH (EC 2.4.2.-)
391	392	RNA01104	RV00059	7037	6432	HSP 단백질
393	394	F RNA01104	GR000306	10927	10322	아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.17)
395	396	RNA00446	RV00112	24181	23318	아미도 트랜스퍼라제 (EC 3.1.3.15)
397	398	RNA00446	GR000108	4	525	아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.19)
399	400	RNA01105	GR000306	12044	10947	아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.19)
402	403	RNA01106	GR000306	13378	12053	아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.19)
404	405	GR000930				아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.19)
406	407	RNA01086				아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.19)
408	409	RNA01656				아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.19)
410		RNA01158				아미도 트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.19)

빙향죽 아미노산 대사

해산 시열	아이노산 시열	확인 코드	군비크	NT 개시	NT 종지	기능
411	412	RXA02458	GR00717	3056	4345	3-포스포스하키테이트 1-카르복시글루탐산수퍼라제 (EC 2.5.1.19)
413	414	RXA02790	GR00772	5806	6948	4-아미노-4-테트라하이드로시메트릴라이세 (EC 4.-.-.-)
415	416	RXN00954	VM0247	3197	2577	안티라일라제 II 포스포보스판수퍼라제 (EC 2.4.2.18)
417	418	F RXA00954	GR00263	3	590	안티라일라제 I 포스포보스판수퍼라제 (EC 2.4.2.18)
419	420	RXN00957	VM0208	1211	2764	안티라일라제 II 산화제, 활성 1 (EC 4.1.3.27)
421	421	F RXA00957	GR00264	3	1130	안티라일라제 II 산화제, 활성 1 (EC 4.1.3.27)

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

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

아미노부티레이트 대사

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

비타민, 비타민-유사 물질(보조인자), 영양제

티아민 대사

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

리보플라빈 대사

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

비타민 B6 대사

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

니코티네이트(니코틴산), 니코틴아미드, NAD 및 NADP

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

NAD 생합성

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

판토텐네이트 및 보조효소 A (CoA) 생합성

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

비오틴 대사

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

해산 시열	이미노산 시열	확인 코드	코팅그	NT 개시	NT 정지	기능
635	636	F RXA02903	GR10040	11532	12014	비오틴 합성 단백질 BIOC
637	638	RXA00166	GR00023	3650	4309	비오틴 합성 단백질 BIOC
639	640	RXA00633	GR00166	3556	2286	이레노셀메타오닌-8-아미노-7-옥소노노노에이트 이미노트랜스퍼라제 (EC 2.6.1.62)
641	642	RXA00632	GR00166	2281	1610	메타오비오틴 신태타제 (EC 6.3.3.3)
643	644	RXA00295	GR00047	3407	4408	비오틴 신태타제 (EC 2.8.1.6)
645	646	RXA00223	GR00032	23967	22879	NIFS 단백질
647	648	RXN00262	VV0123	16681	15608	NIFS 단백질
649	650	F RXA00262	GR00040	79	897	NIFS 단백질
651	652	RXN00435	VV0112	10037	11209	NIFS 단백질
653	654	F RXA00435	GR00100	3563	2949	NIFS 단백질
655	656	F RXA02801	GR00782	438	4	NIFS 단백질
657	658	RXA02516	GR00723	1724	2986	NIFS 단백질
659	660	RXA02517	GR00723	2989	3435	NIFS 단백질

리포산

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

폴리에이트 대사

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

핵산 시열	아미노산 시열	확인 코드	콘티그	NT 개시	NT 종지	기능
691	692	RXA01515	GR00424	21513	22364	디하이드로포도메이트 산터제 (BC 2.5.1.15)
693	694	RXA02024	GR00613	4026	4784	디하이드로포도메이트 산터제 (BC 2.5.1.15)
695	696	RXA00106	GR00014	17469	17924	디하이드로포도메이트 리덕타제 (BC 1.5.1.3)
697	698	RXA00989	GR00280	2903	1371	폴리폴리글루타메이트 산터제 (BC 6.3.2.17)
699	700	RXA01517	GR00424	22752	23228	2-아미노-4-히드록시-6-히드록시메틸디하이드로포터리딘 피로포스포키나제 (BC 2.7.6.3)
701	702	RXA00579	GR00156	5946	4087	파라-아미노벤조에이트 산터제 성분 I (BC 4.1.3.-)
703	704	RXA00958	GR00264	1130	1753	파라-아미노벤조에이트 산터제 글루타민 아미도트랜스퍼라제 성분 II (BC 4.1.3.-)/인트라닐레이드 산터제 성분 II (BC 4.1.3.27)
705	706	RXA02790	GR00777	5806	6948	4-아미노-4-데옥시코리스메이트 리아제 (BC 4.-.-.-)
707	708	RXA00106	GR00014	17469	17924	디하이드로포도메이트 리덕타제 (BC 1.5.1.3)
709	710	RXN02198	VV0302	9228	11726	5-메틸테트라하이드로폴레이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.3)
711	712	F RXA02198	GR00646	2483	6	5-메틸테트라하이드로폴레이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.3)
713	714	RXN02085	VV0126	8483	10717	5-메틸테트라하이드로포도알돌트라이글루타메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제
715	716	F RXA02085	GR00629	3496	5295	5-메틸테트라하이드로포도알돌트라이글루타메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
717	718	F RXA02086	GR00629	5252	5731	5-메틸테트라하이드로포도알돌트라이글루타메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
719	720	RXN02648				5-메틸테트라하이드로포도알돌트라이글루타메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
721	722	F RXA02648	GR00751	5254	4730	5-메틸테트라하이드로포도알돌트라이글루타메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
723	724	F RXA02658	GR00752	14764	15447	5-메틸테트라하이드로포도알돌트라이글루타메이트-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.14)
725	726	RXS02197				5-메틸테트라하이드로폴레이드-호모시스테인 메틸트랜스퍼라제 (BC 2.1.1.13)
727	728	RXC00968				폴레이드 대사에 관여하는 단백질
729	730	RXC01518				폴레이드 대사에 관여하는 막 수배열 단백질
731	732	RXC01942				폴레이드 대사에 관여하는 ATP 결합 단백질

폴리브도포테린 대사

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

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

비타민 B12, 포르피린 및 헴 대사

해산 시열	아미노산 시열	확인 코드	클로닝	NT 개시	NT 종지	기능
793	794	RXA00382	GR00082	2752	1451	글루타민산-1-세미알데하이드 2,1-아미노무르제 (EC 5.4.3.8)
795	796	RXA00156	GR00023	10509	9400	페로록시라제 (EC 4.9.1.1)
797	798	RXA00624	GR00163	7910	8596	페로록시라제 (EC 4.9.1.1)
799	800	RXA00306	GR00051	2206	1274	HBMK 단백질
801	802	RXA00884	GR00242	10137	11276	신소 단백질 코프로포르피노겐 III 합성효소 (EC 1.-.-.-)
803	804	RXA02503	VV00077	22556	22854	코프로포르피노겐 타이아나제 (EC 4.3.1.8)
805	806	F RXA02503	GR00720	16906	17340	코프로포르피노겐 타이아나제 (EC 4.3.1.8)
807	808	RXA00317	GR00081	1427	306	코프로포르피노겐 타이아나제 (EC 4.3.1.8)
809	810	RXA02904	VV00077	22805	23562	코프로포르피노겐 타이아나제 (EC 4.3.1.8)
811	812	F RXA02504	GR00720	17319	17816	코프로포르피노겐 타이아나제 (EC 4.3.1.8)

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

우비퀴논 생합성

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

퓨린 및 피리미딘 및 기타 뉴클레오타이드

퓨린 및 피리미딘 생합성 경로의 조절

퓨린 대사
퓨린 생합성

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

표 1r

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

GMP/AMP 분해 활성

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

피리미딘 대사

피리미딘 데 노보(de novo) 생합성:

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

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

퓨린:

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

피리미딘 및 퓨린 대사:

핵산 서열	아데노산 서열	확인 코드	클라그	NT 개시	NT 정지	기능
1057	1058	RXN01940	VV0120	10268	9333	이노신-우리딘 산화 뉴클레오타이드 하드롤라제 (EC 3.2.2.1)
1059	1060	F RXA01940	GR00557	3	581	이노신-우리딘 산화 뉴클레오타이드 하드롤라제 (EC 3.2.2.1)
1061	1062	RXA02559	GR00731	5418	6320	이노신-우리딘 산화 뉴클레오타이드 하드롤라제 (EC 3.2.2.1)
1063	1064	RXA02497	GR00170	10059	10985	엑소플로포스퍼라제 (EC 3.6.1.11)
1065	1066	RXN01079	VV0084	38084	35982	리보뉴클레오타이드-디옥스페이트 리덕타제 α 채 (EC 1.17.4.1)
1067	1068	F RXA01079	GR00301	693	4	리보뉴클레오타이드-디옥스페이트 리덕타제 α 채 (EC 1.17.4.1)
1069	1070	F RXA01084	GR00302	3402	2062	리보뉴클레오타이드-디옥스페이트 리덕타제 α 채 (EC 1.17.4.1)
1071	1072	RXN01920	VV0084	32643	31642	리보뉴클레오타이드-디옥스페이트 리덕타제 α 채 (EC 1.17.4.1)
1073	1074	F RXA01920	GR00550	1321	908	리보뉴클레오타이드 리덕타제 α 채 (EC 1.17.4.1)
1075	1076	RXA01080	GR00301	1240	797	NRD1 단백질
1077	1078	RXA00867	GR00237	1	627	폴리리보뉴클레오타이드 뉴클레오타이드 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.8)
1079	1080	RXA01416	GR00413	2	631	폴리리보뉴클레오타이드 뉴클레오타이드 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.8)
1081	1082	RXA01486	GR00423	660	4	폴리리보뉴클레오타이드 뉴클레오타이드 트랜스퍼라제 (EC 2.7.7.8)

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

프리미딘:

예산 사업	아비노산 사업	확인 코드	문타그	NT 개시	NT 정지	기능
1105	1106	RXN03171	VV0328	568	1080	우라실 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.9)
1107	1108	F RXA02857	GR10003	570	1082	우라실 포스포리보실트랜스퍼라제 (EC 2.4.2.9)
1109	1110	RXN00450	VV0112	34491	34814	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1111	1112	F RXA00450	GR00110	322	5	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1113	1114	RXA00465	GR00117	337	828	시토신 데아미나제 (EC 3.5.4.1)
1115	1116	RXA00717	GR00188	3617	4576	리보솜 단백질 서브유닛 의사(yesno)우리딘 신타제 B (EC 4.2.1.70)
1117	1118	RXA01894	GR00542	1622	2476	리보솜 단백질 서브유닛 의사(yesno)우리딘 신타제 B (EC 4.2.1.70)
1119	1120	RXA02536	GR00728	8681	7626	β-구테이노프록시노네 (EC 3.5.1.6)
1121	1122	RXN01209	VV0270	1019	2446	포스포에틸페리미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1123	1124	F RXA01209	GR00348	1019	2446	포스포에틸페리미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1125	1126	RXN01617	VV0050	22187	22858	포스포에틸페리미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1127	1128	F RXA01617				포스포에틸페리미딘 키나제 (EC 2.7.4.7)
1129	1130	RXC01600				피리미딘 대사에 관여하는 세포질 단백질
1131	1132	RXC01622				피리미딘 대사에 관여하는 세포질 단백질
1133	1134	RXC00128				피리미딘 및 아데노실호모시타인 대사에 관여하는 배출된 단백질
1135	1136	RXC01709				피리미딘 대사에 관여하는 세포질 단백질
1137	1138	RXC02207				피리미딘 대사에 관여하는 배출된 단백질

표 1a

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

표 2a

제외 유전자			
셀렉트 승인번호	유전자명	유전자 기능	참고문헌
A09073	ppg	포스포에놀 피루베이트 카복실라제	Bachmann, B. et al. "DNA fragment coding for phosphoenolpyruvat carboxylase, recombinant DNA carrying said fragment, strains carrying the recombinant DNA and method for producing L-aminino acids using said strains," Patent: EP 0358940-A 3 03/21/90
A45579, A45581, A45583, A45585 A45587		트리오닌 디하이드라타제	Moeckel, B. et al. "Production of L-isoleucine by means of recombinant micro-organisms with deregulated threonine dehydratase," Patent: WO 9519442-A 5 07/20/95
AB001132	murC; 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	dsr		Kimura, E. et al. "Molecular cloning of a novel gene, dsr, which rescues the detergent sensitivity of a mutant derived from <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Biosci. Biotechnol. Biochem.</i> , 60(10):1565-1570 (1996)
AB018531	dsr1; dsr2		
AB020624	murI	D-글루탐에이트 라세미제	
AB023377	tki	트랜스케틀라제	
AB024708	gluB; gluD	글루타민 2-옥소글루탐에이트 아미노 트랜스퍼라제 큰 서브유닛 및 작은 서브유닛	
AB024724	acn	아코니타제	
AB027714	rep	복제 단백질	
AB027715	rep; aad	복제 단백질; 아미노글리코사이드 아테닐트랜스퍼라제	
AF005242	argC	N-이세틸글루탐에이트-5-세미알데히드 디하이드로게나제	
AF005635	glnA	글루타민 산탈라제	
AF030405	hisF	시클라제	
AF030520	argG	아르기노숙시네이트 산탈라제	
AF031518	argF	오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제	
AF036932	arcD	3-디하이드로퀴네이트 디하이드라타제	
AF038548	pyc	피루베이트 카복실라제	

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

표 2b

표 2c

AJ001436	ecp	엑토티, 글리신 배터인, 포폴린의 운반	Peter, H. et al. "Corynebacterium glutamicum is equipped with four secondary carriers for compatible solutes: Identification, sequencing, and characterization of the proline/ectoine uptake system, ProP, and the ectoine/proline/glycine betaine carrier, EcpP." <i>J. Bacteriol.</i> , 180(22):6005-6012 (1998)
AJ004934	dapD	테트라히드로디폴리나이트 숙시닐라제 (불완전)	Wehrmann, A. et al. "Different modes of diaminopimelate synthesis and their role in cell wall integrity: A study with <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 180(12):3159-3165 (1998)
AJ007732	ppc, secG, amt, ocd, soxA	포스포에놀피루베이트 키르복실라제; ?; 고전화성 암모늄 수용 단백질; 오르니틴-시클로데카리보실라제로 주정; 시코신 옥시다제	
AJ010319	ftsY, glnB, glnD, srp, amtP	세포 분열 관련: P11 단백질; 유리탈릴트레아세라제 (유리탈릴-계기 효소); 진호 안지 입자; 거친화성 암모늄 불수 단백질	Jakoby, M. et al. "Nitrogen regulation in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ; Isolation of genes involved in biochemical characterization of corresponding proteins," <i>FEMS Microbiol.</i> , 173(2):303-310 (1999)
AJ132968	cat	클로르암페니콜 아세틸 트랜스퍼라제	
AJ24946	mgo	L-말레이트: 퀴논 옥시도리덕타제	Molenaar, D. et al. "Biochemical and genetic characterization of the membrane-associated malate dehydrogenase (acceptor) from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Eur. J. Biochem.</i> , 254(2):395-403 (1998)
AJ238230	ndh	NADH 디히드로게나제	Lichtinger, T. et al. "Biochemical and biophysical characterization of the cell wall porin of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : The channel is formed by a low molecular mass polypeptide," <i>Biochemistry</i> , 37(43):15024-15032 (1998)
AJ238703	porA	포린	Vertes et al. "Isolation and characterization of IS31831, a transposable element from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Mol. Microbiol.</i> , 11(4):739-746 (1994)
DJ7429	odhA	전위 효소 IS31831	Usuda, Y. et al. "Molecular cloning of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> (Brevibacterium lactofermentum AJ12036) odhA gene encoding a novel type of 2-oxoglutarate dehydrogenase," <i>Microbiology</i> , 142:3347-3354 (1996)
D84102	odhA	2-옥소글루타레이트 디히드로게나제	Kasumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine," Patent: JP 1987232392-A 1 10/12/87
E01358	hdb, hk	호모세린 디히드로게나제	Kasumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine," Patent: JP 1987232392-A 2 10/12/87
E01359		호모세린 키나제	
E01375		호모세린 키나제 유전자의 계서 코돈 상동	
E01376	trpL, trpE	트립토판 오페론	Maisui, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan," Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87

E01377		트립토판 오페론의 프로모터 및 오퍼레이터 영역	Matsu, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan," Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87
E03937		비오틴-신터제	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		다이아미노 페라로닌 아미노트랜스페라제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and deshydrobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04041		테스타오비오틴신터제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and deshydrobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04307		플러움 아스파르타제	Kurusu, Y. et al. "Gene DNA coding aspartase and utilization thereof," Patent: JP 1993030977-A 1 02/09/93
E04376		아소시트르산 라이아제	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04377		아소시트르산 라이아제 N-말단 단원	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04484		프레페네이트 디하이드라타제	Sotouchi, N. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation," Patent: JP 1993076352-A 2 03/30/93
E05108		아스파르토키나제	Fugono, N. et al. "Gene DNA coding Aspartokinase and its use," Patent: JP 1993184366-A 1 07/27/93
E05112		디하드로-디피코라테이트 신터타제	Hatakeyama, K. et al. "Gene DNA coding dihydrodipicolinic acid synthetase and its use," Patent: JP 1993184371-A 1 07/27/93
E05776		다이아미노페팔산 디하드로케나제	Kobayashi, M. et al. "Gene DNA coding Diaminopimelic acid dehydrogenase and its use," Patent: JP 1993284970-A 1 11/02/93
E05779		트레오닌 신터제	Kohama, K. et al. "Gene DNA coding threonine synthase and its use," Patent: JP 1993284972-A 1 11/02/93
E06110		프레페네이트 디하이드라타제	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06111		프레페네이트 디하이드라타제 돌연변이	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06146		아세토하이드록시산 신터타제	Inui, M. et al. "Gene capable of coding Acetylhydroxy acid synthetase and its use," Patent: JP 1993344893-A 1 12/27/93
E06825		아스파르토키나제	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E06826		아스파르토키나제 양파 시브뮤넷 돌연변이	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94

표 2d

E06827		아스파르트키나제 알파 시브유닛 돌연변이	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E07701	sec Y		Hono, N. et al. "Gene DNA participating in integration of membraneous protein to membrane," Patent: JP 1994169780-A 1 06/21/94
E08177		아스파르트키나제	Sato, Y. et al. "Genetic DNA capable of coding Aspartokinase released from feedback inhibition and its utilization," Patent: JP 1994261766-A 1 09/20/94
E08178, E08179, E08180, E08181, E08182		피드백 억제에 의해 분비되는 아스파르트키나제	Sato, Y. et al. "Genetic DNA capable of coding Aspartokinase released from feedback inhibition and its utilization," Patent: JP 1994261766-A 1 09/20/94
E08232		아세틸드록시산 아소마로라터라제	Inui, M. et al. "Gene DNA coding acetylhydroxy acid isomerase," Patent: JP 1994277067-A 1 10/04/94
E08234	secE		Asai, Y. et al. "Gene DNA coding for translocation machinery of protein," Patent: JP 1994277073-A 1 10/04/94
E08643		PT 아미노트랜스페라제 및 네스터오비오린 신테라제 프로모터 영역	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08646		비오린 신테라제	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08649		아스페르타제	Kohama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031478-A 1 02/03/95
E08900		다이드로다피콜라이트 리덕타제	Madori, M. et al. "DNA fragment containing gene coding Dihydrodipicolinate acid reductase and utilization thereof," Patent: JP 1995075578-A 1 03/20/95
E08901		다이비노피엘린 데카르복실라제	Madori, M. et al. "DNA fragment containing gene coding Diaminopimelic acid decarboxylase and utilization thereof," Patent: JP 1995075579-A 1 03/20/95
E12594		세린 히드록시메틸트랜스페라제	Hatakeyama, K. et al. "Production of L-tryptophan," Patent: JP 1997028391-A 1 02/04/97
E12760, E12759, E12758		트랜스포사제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12764		아르기닌 tRNA 신테라제: 다이비노피엘린 데카르복실라제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12767		다이드로다피콜린 신테라제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12770		아스페르토키나제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12773		다이드로다피콜린산 리덕타제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97

표 2f

E13655		글루코스-6-포스페이트 디히드로게나제	Haakeyama, K. et al. "Glucose-6-phosphate dehydrogenase and DNA capable of coding the same," Patent: JP 1997224661-A 1 09/02/97
L01508	ilvA	트레오닌 디하이드라타제	Moockel, B. et al. "Functional and structural analysis of the threonine dehydratase of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 174:8065-8072 (1992)
L07603	EC 4.2.1.15	3-데옥시-D-아라비노헥스로스네이트-6-포스페이트 신타제	Chen, C. et al. "The cloning and nucleotide sequence of <i>Corynebacterium glutamicum</i> 3-deoxy-D-arabinotriphosphonate-7-phosphate synthase gene," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 107:223-230 (1993)
L09232	ilvB; ilvN; ilvC	이세토히드록시산 신타제 클 서브유닛; 이세토히드록시산 신타제 격은 서브유닛; 이세토히드록시산 이소머모리타제	Keilhauer, C. et al. "Isoleucine synthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> : molecular analysis of the ilvB-ilvN-ilvC operon," <i>J. Bacteriol.</i> , 175(17):5595-5603 (1993)
L18874	PrsM	포스페놀피루베이트 슈가 포스포트랜퍼라제	Fouet, A. et al. "Bacillus subtilis sucrose-specific enzyme II of the phosphotransferase system: expression in <i>Escherichia coli</i> and homology to enzymes II from enteric bacteria," <i>PNAS USA</i> , 84(24):8773-8777 (1987); Lee, J.K. et al. "Nucleotide sequence of the gene encoding the <i>Corynebacterium glutamicum</i> mannose enzyme II and analyses of the deduced protein sequence," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 119(1-2):137-145 (1994)
L27123	aceB	말레이트 신타제	Lee, H.S. et al. "Molecular characterization of aceB, a gene encoding malate synthase in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Microbiol. Biotechnol.</i> , 4(4):256-263 (1994)
L27126		피루베이트 키나제	Jetten, M. S. et al. "Structural and functional analysis of pyruvate kinase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 60(7):2501-2507 (1994)
L28760	aceA	이소시트레이트 라이아제	
L35906	dxr	디프테라아 독소 아세자	Ogura, J.A. et al. "Molecular cloning, DNA sequence analysis, and characterization of the <i>Corynebacterium diptheriae</i> dxr from <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(2):465-467 (1995)
M13774		프레세네이트 디하이드라타제	Follett, M.T. et al. "Molecular cloning and nucleotide sequence of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> pldA gene," <i>J. Bacteriol.</i> , 167:695-702 (1986)
M16175	5S rRNA		Park, Y.-H. et al. "Phylogenetic analysis of the coryneform bacteria by 5S rRNA sequences," <i>J. Bacteriol.</i> , 169:1801-1806 (1987)
M16663	trpE	인트라말레이트 신타제, 5' 말단	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> , a glutamic-acid-producing bacterium," <i>Gene</i> , 52:191-200 (1987)
M16664	trpA	트립토판 신타제, 3' 말단	Sano, K. et al. "Structure and function of the trp operon control regions of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> , a glutamic-acid-producing bacterium," <i>Gene</i> , 52:191-200 (1987)

M25819		포스포에놀피루베이트 키르복실라제	O'Regan, M. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the Phosphoenolpyruvate carboxylase-coding gene of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC13032." <i>Gene</i> , 77(2):237-251 (1989)
M85106		23S rRNA 유전자 삽입 서열	Roller, C. et al. "Gram-positive bacteria with a high DNA G+C content are characterized by a common insertion within their 23S rRNA genes." <i>J. Gen. Microbiol.</i> , 138:1167-1175 (1992)
M85107, M85108		23S rRNA 유전자 삽입 서열	Roller, C. et al. "Gram-positive bacteria with a high DNA G+C content are characterized by a common insertion within their 23S rRNA genes." <i>J. Gen. Microbiol.</i> , 138:1167-1175 (1992)
M89931	<i>acdD; bmq; ybhW</i>	베타 C-S 라이아제: 분지쇄 아미노산 수용 운반체: 단백질 <i>ybhW</i> 로 추정	Rossl, I. et al. "The <i>Corynebacterium glutamicum</i> <i>acdD</i> gene encodes a C-S lyase with alpha, beta-elimination activity that degrades aminomethylcysteine." <i>J. Bacteriol.</i> , 174(9):2968-2977 (1992); Tauch, A. et al. "Isolucine uptake in <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 is directed by the <i>bmq</i> gene product." <i>Arch. Microbiol.</i> , 169(4):303-312 (1998)
S59299	<i>trp</i>	리더 유전자 (프로모터)	Herry, D.M. et al. "Cloning of the <i>trp</i> gene cluster from a tryptophan-hyperproducing strain of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : identification of a mutation in the <i>trp</i> leader sequence." <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 59(3):791-799 (1993)
U11545	<i>trpD</i>	안트라닐레이트 포스포리보실트랜스퍼라제	O'Garra, J.P. and Dunican, L.K. (1994) Complete nucleotide sequence of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 21850 <i>trpD</i> gene." Thesis, Microbiology Department, University College Galway, Ireland.
U13922	<i>cgIIIM; cglIR; cIIgIR</i>	11형 5-시도신 메틸트랜스퍼라제로 추정: 11형 제한 엔도뉴클레아제로 엔도뉴클레아제로 추정	Schafer, A. et al. "Cloning and characterization of a DNA region encoding a stress-sensitive restriction system from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 and analysis of its role in intergeneric conjugation with <i>Escherichia coli</i> ." <i>J. Bacteriol.</i> , 176(23):7309-7319 (1994); Schafer, A. et al. "The <i>Corynebacterium glutamicum</i> <i>cglIM</i> gene encoding a 5-cytosine in an McrBC-deficient <i>Escherichia coli</i> strain." <i>Gene</i> , 203(2):95-101 (1997)
U14965	<i>recA</i>		Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31224	<i>ppx</i>		Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31225	<i>proC</i>	L-프로린: NADP+ 5-옥시도리타제	Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31230	<i>obg; proB; unkdh</i>	?: 감마 글루타미 킬리나제: D-이소머 특이적 2-히드록시산 디히드로케나제의 유사	Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)

표 2g

U31281	bioB	비오틴 산티제	Serebriiskii, I.G., "Two new members of the bio B superfamily: Cloning, sequencing, and expression of bio B genes of <i>Methylobacillus flagellatum</i> and <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Gene</i> , 175:15-22 (1996)
U35023	thrR, accBC	티오설파이트 산티제트랜스퍼라제 : 아실 CoA 카르복실라제	Jager, W. et al. "A <i>Corynebacterium glutamicum</i> gene encoding a two-domain protein similar to biotin carboxylases and biotin-carboxyl-carrier proteins," <i>Arch. Microbiol.</i> , 166(2):76-82 (1996)
U43335	cmr	멜티드러그 내성 단백질	Jager, W. et al. "A <i>Corynebacterium glutamicum</i> gene conferring multidrug resistance in the heterologous host <i>Escherichia coli</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 179(7):2449-2451 (1997)
U43336	cjPB	열 쇼크 ATP 결합 단백질	
U53387	aphA-3	3'-5'-아미노글리코사이드 포스포트랜스퍼라제	
U89648		히스티딘 생합성과 관련된 코리네박테리움 글루탐미쿰의 미확인 서열. 부분서열	
X04960	trpA, trpB, trpC, trpD, trpE, trpG, trpL	트립토판 오페론	Matsui, K. et al. "Complete nucleotide and deduced amino acid sequences of the <i>Brevibacterium lactofermentum</i> tryptophan operon," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 14(24):10113-10114 (1986)
X07563	lys A	DAP 데카르복실라제 (메소-디아미노피멜레이트 데카르복실라제. EC 4.1.1.20)	Yeh, P. et al. "Nucleic sequence of the lysA gene of <i>Corynebacterium glutamicum</i> and possible mechanisms for modulation of its expression," <i>Mol. Gen. Genet.</i> , 212(1):112-119 (1988)
X14234	EC 4.1.1.31	포스포에놀루베이트 카르복실라제	Elkmanns, B.J. et al. "The Phosphoenolpyruvate carboxylase gene of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : Molecular cloning, nucleotide sequence, and expression," <i>Mol. Gen. Genet.</i> , 218(2):330-339 (1989); Lepoint, L. et al. "Sorghum Phosphoenolpyruvate carboxylase gene family: structure, function and molecular evolution," <i>Plant. Mol. Biol.</i> , 21 (3):487-502 (1993)
X17313	flda	프럭토스-비스포스페이트 알돌라제	Von der Osten, C.H. et al. "Molecular cloning, nucleotide sequence and fine-structural analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> flda gene: structural comparison of C. glutamicum fructose-1, 6-bisphosphate aldolase to class I and class II aldolases," <i>Mol. Microbiol.</i>
X53993	dapA	L-2,3-디히드로디피콜리네이트 신테타제 (EC 4.1.1.52)	Bonassie, S. et al. "Nucleic sequence of the dapA gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 18(2):6421 (1990)
X54223	AttB-관련 부위		Cianciotto, N. et al. "DNA sequence homology between att B-related sites of <i>Corynebacterium diphtheriae</i> , <i>Corynebacterium ulcerans</i> , <i>Corynebacterium glutamicum</i> , and the attP site of <i>lambda</i> corynephage," <i>FEBS. Microbiol. Lett.</i> , 66:299-302 (1990)
X54740	argS, lysA	아르기닌-tRNA 산티타제: 디아미노피멜레이트 데카르복실라제	Marcel, T. et al. "Nucleotide sequence and organization of the upstream region of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> lysA gene," <i>Mol. Microbiol.</i> , 4(11):1819-1830 (1990)

표 24

표 2i

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

표 2j

X70959	leuA	이소포로필라이트 신터제	Patel, M. et al. "I ⁺ enzyme synthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> : enzyme activities, structure of leuA, and effect of leuA inactivation on lysine synthesis," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 60(1):133-140 (1994)
X71489	icd	이소시트레이트 디하이드로게나제 (NADP ⁺)	Elkann, B.J. et al. "Cloning sequence analysis, expression, and inactivation of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> icd gene encoding isocitrate dehydrogenase and biochemical characterization of the enzyme," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(3):774-782 (1995)
X72855	GDH A	글루탐ате이트 디하이드로게나제 (NADP ⁺)	
X75083, X70584	mttA	5-메틸트립토폰 내성	Heery, D.M. et al. "A sequence from a tryptophan-hyperproducing strain of <i>Corynebacterium glutamicum</i> encoding resistance to 5-methyltryptophan," <i>Biochem. Biophys. Res. Commun.</i> , 201(3):125-1262 (1994)
X75085	recA		Fitzpatrick, R. et al. "Construction and characterization of recA mutant strains of <i>Corynebacterium glutamicum</i> and <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Appl. Microbiol. Biotechnol.</i> , 42(4):575-580 (1994)
X75504	aceA, thiX	부분적으로 이소시트레이트 라이아제: ?	Reinscheid, D.J. et al. "Characterization of the isocitrate lyase gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> and biochemical analysis of the enzyme," <i>J. Bacteriol.</i> , 176(12):3474-3483 (1994)
X76875		ATP이제 베타-서브유닛	Ludwig, W. et al. "Phylogenetic relationships of bacteria based on comparative sequence analysis of elongation factor Tu and ATP-synthase beta-subunit genes," <i>Antonie Van Leeuwenhoek</i> , 64:285-305 (1993)
X77034	tuf	신장 인자 Tu	Ludwig, W. et al. "Phylogenetic relationships of bacteria based on comparative sequence analysis of elongation factor Tu and ATP-synthase beta-subunit genes," <i>Antonie Van Leeuwenhoek</i> , 64:285-305 (1993)
X77384	recA		Billman-Jacobe, H. "Nucleotide sequence of a recA gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>DNM Seq.</i> , 4(6):403-404 (1994)
X78491	aceB	말레이트 신터제	Reinscheid, D.J. et al. "Malate synthase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> pta-ack operon encoding phosphotransacetylase: sequence analysis," <i>Microbiology</i> , 140:3099-3108 (1994)
X80629	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Rainey, F.A. et al. "Phylogenetic analysis of the genera <i>Rhodococcus</i> and <i>Norcardia</i> and evidence for the evolutionary origin of the genus <i>Norcardia</i> from within the radiation of <i>Rhodococcus</i> species," <i>Microbiol.</i> , 141:523-528 (1995)
X81191	gluA, gluB, gluC, gluD	글루탐ате이트 수용체	Kroneneyer, W. et al. "Structure of the gluABCD cluster encoding the glutamate uptake system of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(5):1152-1158 (1995)
X81379	dapE	숙시닐타이비노피릴레이트 대숙시닐라제	Wehrmann, A. et al. "Analysis of different DNA fragments of <i>Corynebacterium glutamicum</i> complementing dapE of <i>Escherichia coli</i> ," <i>Microbiology</i> , 40:3349-56 (1994)

표 24

X82061	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Ruimy, R. et al. "Phylogeny of the genus <i>Corynebacterium</i> deduced from analyses of small-subunit ribosomal DNA sequences," <i>Int. J. Syst. Bacteriol.</i> , 45(4):740-746 (1995)
X82928	asd, lysC	아스페르테이트-세미알데하이드 하이드로게나제:?	Serebrijski, I. et al. "Multicopy suppression by asd gene and osmotic stress-dependent complementation by heterologous proA in proA mutants," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(24):7255-7260 (1995)
X82929	proA	감마-글루탐릴 포스페이트 리덕타제	Serebrijski, I. et al. "Multicopy suppression by asd gene and osmotic stress-dependent complementation by heterologous proA in proA mutants," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(24):7255-7260 (1995)
X84257	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Pascual, C. et al. "Phylogenetic analysis of the genus <i>Corynebacterium</i> based on 16S rRNA gene sequences," <i>Int. J. Syst. Bacteriol.</i> , 45(4):724-728 (1995)
X85965	aroP, dapE	방향족 아미노산 페미아제:?	Wehrmann et al. "Functional analysis of sequences adjacent to dapE of <i>C. glutamicum</i> proline reveals the presence of aroP, which encodes the aromatic amino acid transporter," <i>J. Bacteriol.</i> , 177(20):5991-5993 (1995)
X86157	argB, argC, argD, argF, argJ	아세틸글루타메이트 키나제: N-아세틸-감마-글루탐릴-포스페이트 리덕타제: 아세틸글루타미드 아미노트랜스퍼라제: 오피드린 카르바모일트랜스퍼라제: 글루타메이트 N-아세일트랜스퍼라제	Sakanyan, V. et al. "Genes and enzymes of the acetyl cycle of arginine biosynthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> : enzyme evolution in the early steps of the arginine pathway," <i>Microbiology</i> , 142:99-108 (1996)
X89084	pta, ackA	포스페이트 아세일트랜스퍼라제: 아세타이트 키나제	Reinscheid, D. J. et al. "Cloning, sequence analysis, expression and inactivation of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> pta-ack operon encoding phosphotransacetylase and acetate kinase," <i>Microbiology</i> , 145:503-513 (1999)
X89850	attB	부착 부위	Le Marrec, C. et al. "Genetic characterization of site-specific integration functions of phi AAU2 infecting 'Arthrobacter aureus C70,'" <i>J. Bacteriol.</i> , 178(7):1996-2004 (1996)
X90356		프로모터 단편 P1	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90357		프로모터 단편 P2	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90358		프로모터 단편 P10	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90359		프로모터 단편 P13	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)

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

X96580	panB, panC, xyIB	3-페닐-2-옥소부타노에이트-하이드록시메틸트랜스피라제: 리도에이트-페타-알라닌 라이가제: 가일롤로키나제	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 overproduction," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 65(5):1973-1979 (1999)
X96962		신장 사염 1S1207 및 트랜스포사제	
X99289		신장 인자 P	Ramos, A. et al. "Cloning, sequencing and expression of the gene encoding elongation factor P in the amino-acid producer <i>Brevibacterium lactofermentum</i> (<i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13869)," <i>Gene</i> , 198:217-222 (1997)
Y00140	thrB	호모세린 키나제	Mateos, L.M. et al. "Nucleotide sequence of the homoserine kinase (thrB) gene of the <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 15(9):3922 (1987)
Y00151	ddh	메소-디아미노피멜레이트-D-디하이드로케나제 (EC 1.4.1.16)	Ishino, S. et al. "Nucleotide sequence of the meso-diaminopimelate D-dehydrogenase gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 15(9):3917 (1987)
Y00476	thrA	호모세린 디하이드로케나제	Mateos, L.M. et al. "Nucleotide sequence of the homoserine dehydrogenase (thrA) gene of the <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Nucleic Acids Res.</i> , 15(24):10598 (1987)
Y00546	hom, thrB	호모세린 디하이드로케나제: 호모세린 키나제	Peoples, O.P. et al. "Nucleotide sequence and fine structural analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> hom-thrB operon," <i>Mol. Microbiol.</i> , 2(1):63-72 (1988)
Y08964	murC, ftsQ/diVD, ftsZ	UDP-N-아세틸무라메이트-알라닌 라이가제: 분열 개시 단백질 또는 세포 분열 단백질: 세포 분열 단백질	Honrath, M.P. et al. "Identification, characterization, and chromosomal organization of the ftsZ gene from <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Mol. Gen. Genet.</i> , 259(1):97-104 (1998)
Y09163	putP	고진화성 프롤린 전달체	Peter, H. et al. "Isolation of the putP gene of <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline and characterization of a low-affinity uptake system for compatible solutes," <i>Arch. Microbiol.</i> , 168(2):143-151 (1997)
Y09548	pyc	피루베이트 카르복실라제	Peters-Wendisch, P.G. et al. "Pyruvate carboxylase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : characterization, expression and inactivation of the pyc gene," <i>Microbiology</i> , 144:915-927 (1998)
Y09578	leuB	3-이소프로판릴메이트 디하이드로케나제	Patek, M. et al. "Analysis of the leuB gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Appl. Microbiol. Biotechnol.</i> , 50(1):42-47 (1998)
Y12472		부착 부위 벡테리오파지-16	Moreau, S. et al. "Site-specific integration of coryneophage Phi-16: The construction of an integration vector," <i>Microbiol.</i> , 145:539-548 (1999)
Y12537	proP	프롤린/에도인 수용체 단백질	Peter, H. et al. "Corynebacterium glutamicum is equipped with four secondary carriers for compatible solutes. Identification, sequencing, and characterization of the proline/ectoine uptake system, ProP, and the ectoine/proline/glycine betaine carrier, EctP," <i>J. Bacteriol.</i> , 180(22):6005-6012 (1998)

Y13221	glnA	글루타민 신타아제 1	Jakoby, M. et al. "Isolation of <i>Corynebacterium glutamicum</i> glnA gene encoding glutamine synthetase I," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 154(1):81-88 (1997)
Y16642	lpd	다히드롤리포미드 다히드로게나제	
Y18059		부착 부위 코리너피지 (<i>Corynephage</i>) 304L	Moreau, S. et al. "Analysis of the integration functions of φhi304L: An integrase module among corynephages," <i>Virology</i> , 255(1):150-159 (1999)
Z21501	argS, lysA	아르기닌 tRNA 신타아제: 디아미노피멜레이트 레기온복살라제 (일부)	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)
Z21502	dapA, dapB	다히드로디피콜리네이트 신타아제: 다히드로디피콜리네이트 리덕타아제	Pisabarro, A. et al. "A cluster of three genes (dapA, orf2, and dapB) of <i>Brevibacterium lactofermentum</i> encodes dihydronicotinate reductase, and a third polypeptide of unknown function," <i>J. Bacteriol.</i> , 175(9):2743-2749 (1993)
Z29563	thnC	트레오닌 신타아제	Malumbres, M. et al. "Analysis and expression of the thnC gene of the encoded threonine synthase," <i>Appl. Environ. Microbiol.</i> , 60(7):2209-2219 (1994)
Z46753	16S rDNA	16S 리보솜 RNA 유전자	
Z49822	sigA	SigA 시그마 인자	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, dxsR	축배 활성 UDP-갈락토스 4-에피머라아제: 디프테리아 독소 조절 단백질	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 시그마 인자	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		트랜스포사제	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)

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

표 3a

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

속 (Genus)	종 (species)	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ
브레비박테리움	암모니아게네스 (ammoniagenes)	21054							
브레비박테리움	암모니아게네스	19350							
브레비박테리움	암모니아게네스	19351							
브레비박테리움	암모니아게네스	19352							
브레비박테리움	암모니아게네스	19353							
브레비박테리움	암모니아게네스	19354							
브레비박테리움	암모니아게네스	19355							
브레비박테리움	암모니아게네스	19356							
브레비박테리움	암모니아게네스	21055							
브레비박테리움	암모니아게네스	21077							
브레비박테리움	암모니아게네스	21553							
브레비박테리움	암모니아게네스	21580							
브레비박테리움	암모니아게네스	39101							
브레비박테리움	부타니쿰 (butanicum)	21196							
브레비박테리움	디바리카툼 (divaricatum)	21792	P928						
브레비박테리움	플라봄 (flavum)	21474							
브레비박테리움	플라봄	21129							
브레비박테리움	플라봄	21518							
브레비박테리움	플라봄			B11474					
브레비박테리움	플라봄			B11472					
브레비박테리움	플라봄	21127							
브레비박테리움	플라봄	21128							
브레비박테리움	플라봄	21427							
브레비박테리움	플라봄	21475							
브레비박테리움	플라봄	21517							
브레비박테리움	플라봄	21528							
브레비박테리움	플라봄	21529							
브레비박테리움	플라봄			B11477					
브레비박테리움	플라봄			B11478					
브레비박테리움	플라봄	21127							
브레비박테리움	플라봄			B11474					
브레비박테리움	헤알리이 (healii)	15527							
브레비박테리움	케토글루타미쿰 (ketoglutamicum)	21004							
브레비박테리움	케토글루타미쿰	21089							
브레비박테리움	케토소레덕툼 (ketosoreductum)	21914							
브레비박테리움	락토펴트멘툼 (latofermentum)				70				
브레비박테리움	락토펴트멘툼				74				
브레비박테리움	락토펴트멘툼				77				
브레비박테리움	락토펴트멘툼	21798							
브레비박테리움	락토펴트멘툼	21799							
브레비박테리움	락토펴트멘툼	21800							
브레비박테리움	락토펴트멘툼	21801							
브레비박테리움	락토펴트멘툼			B11470					
브레비박테리움	락토펴트멘툼			B11471					

표 3b

속 (Genus)	종 (species)	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ
브레비박테리움	락토펙트렌툼	21086							
브레비박테리움	락토펙트렌툼	21420							
브레비박테리움	락토펙트렌툼	21086							
브레비박테리움	락토펙트렌툼	31269							
브레비박테리움	리넨스(linens)	9174							
브레비박테리움	리넨스	19391							
브레비박테리움	리넨스	8377							
브레비박테리움	파라피놀리티쿰 (paraffinolyticum)					11160			
브레비박테리움	종 (spec.)						717.73		
브레비박테리움	종						717.73		
브레비박테리움	종	14604							
브레비박테리움	종	21860							
브레비박테리움	종	21864							
브레비박테리움	종	21865							
브레비박테리움	종	21866							
브레비박테리움	종	19240							
코리네박테리움	아세트아시도필룸 (acetoacidophilum)	21476							
코리네박테리움	아세트아시도필룸	13870							
코리네박테리움	아세트글루탐아미쿰 (acetoglutamicum)			B11473					
코리네박테리움	아세트글루탐아미쿰			B11475					
코리네박테리움	아세트글루탐아미쿰	15806							
코리네박테리움	아세트글루탐아미쿰	21491							
코리네박테리움	아세트글루탐아미쿰	31270							
코리네박테리움	아세트필룸 (acetophilum)			B3671					
코리네박테리움	암모니아게네스	6872						2399	
코리네박테리움	암모니아게네스	15511							
코리네박테리움	후지오킨세 (fujiokense)	21496							
코리네박테리움	글루탐아미쿰 (glutamicum)	14067							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	39137							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21254							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21255							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	31830							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	13032							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	14305							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	15455							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	13058							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	13059							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	13060							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21492							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21513							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21526							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21543							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	13287							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21851							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21253							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21514							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21516							
코리네박테리움	글루탐아미쿰	21299							

<170>

표 3c

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

<171>

표 3d

속 (Genus)	종 (species)	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ
코리네박테리움	글루타미쿰			B12418					
코리네박테리움	글루타미쿰			B11476					
코리네박테리움	글루타미쿰	21608							
코리네박테리움	릴리움(lilium)		P973						
코리네박테리움	니트릴로필루스(nitrilophilus)	21419				11594			
코리네박테리움	종		P4445						
코리네박테리움	종		P4446						
코리네박테리움	종	31088							
코리네박테리움	종	31089							
코리네박테리움	종	31090							
코리네박테리움	종	31090							
코리네박테리움	종	31090							
코리네박테리움	종	15954							20145
코리네박테리움	종	21857							
코리네박테리움	종	21862							
코리네박테리움	종	21863							

ATCC: 아메리칸 타입 컬처 콜렉션 (American Type Culture Collection, 미국 메릴랜드주 록빌 소재)
 FERM: 퍼멘테이션 리서치 인스티튜트 (Fermentation Research Institute, 일본 시바 소재)
 NRRL: 에이알에스 컬처 콜렉션, 노던 리저널 리서치 레보라토리 (ARS Culture Collection, Northern Regional Research Laboratory, 미국 일리노이주 페오리아소재)
 CECT: 콜렉션 에스파놀라 드 컬티보스 티보 (Coleccion Espanola de Cultivos Tipo, 스페인 발렌시아 소재)
 NCIMB: 내셔널 콜렉션 오브 인더스트리얼 앤드 마린 박테리아 리미티드 (National Collection of Industrial and Marine Bacteria Ltd., 영국 애버딘 소재)
 CBS: 센트라알비로 부르 쉬멜컬처스 (Centraalbureau voor Schimmelcultures, 네덜란드 바안 소재)
 NCTC: 내셔널 콜렉션 오브 타입 컬처스 (National Collection of Type Cultures, 영국 런던 소재)
 DSMZ: 도이치 잠룽 폰 미크로오르가니즘 언트 젤쿨투렌 (Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, 독일 브라운슈바이크 소재)
 문헌 [Sugawara, H. et al. (1993) World directory of collections of cultures of microorganisms: Bacteria, fungi and yeasts (4th edn), World federation for culture collections world data center on microorganisms, Saimata, Japan] 참조.

정렬 결과

번호	길이	제배크 히트	길이	승인 번호	제배크 히트의 명칭	제배크 히트의 출처	상동성(%)	기타인
	(NT)						(GAP)	
ra00023	3579	GB_EST33.A176129	483	A1776129	EST257217 tomato resistant, Cornell Lycopersicon esculentum cDNA clone	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
		GB_EST33.A176129	483	A1776129	clER17D3, mRNA sequence	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
		GB_EST33.A176129	483	A1776129	EST257217 tomato resistant, Cornell Lycopersicon esculentum cDNA clone	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
		GB_EST33.A176129	483	A1776129	clER17D3, mRNA sequence	Lycopersicon esculentum	40.956	29-Jun-99
ra00044	1059	EM_PAT.E11760	6911	E117760	Base sequence of sucrose gene.	Corynebacterium glutamicum	42.979	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created 07-OCT-1996)
		GB_PAT.126124	6911	126124	Sequence 4 from patent US 5556776.	Unknown.	42.979	07-OCT-1996
		GB_BA2.ECOW89	176195	U00006	E. coli chromosomal region from 89.2 to 92.8 minutes.	Escherichia coli	39.097	17-DEC-1993
ra00064	1401	GB_PAT.E16763	2517	E16763	gDNA encoding aspartate transferase (AAT)	Corynebacterium glutamicum	95.429	28-Jul-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02003 (D797) RPQ1-98	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	02.O.3 map 99B-99B strain Y; on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	02.O.3 map 99B-99B strain Y; on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07892	134257	ACO07892	02.O.3 map 99B-99B strain Y; on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Drosophila melanogaster	31.111	2-Aug-99
ra00072								
		GB_BA1.MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37.753	17-Jun-98
ra00105	798	GB_BA1.ECUP981	71128	UP981	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
ra00106	579	GB_EST15.AA494237	367	AA494237	ng8304 s1 NCL CGAP P16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 941407 similar to SWDYR_LACCA P00381 DIHYDROFOLATE REDUCTASE ;.	Homo sapiens	42.896	20-Aug-97
		GB_BA2.AF161327	2021	AF161327	mRNA sequence	Corynebacterium diptheriae	40.210	9-Sep-99
		GB_PAT.AR041189	654	AR041189	Corynebacterium diptheriae histidine kinase Chs (chs) and response regulator ChvA (chvA) genes, complete cds.	Unknown.	41.176	29-Sep-99
ra00115	1170	GB_PAT.ACO07110	148336	ACO07110	Sequence 4 from patent US 5811286.	Homo sapiens	36.783	30-MAR-1999
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK_472_J_18, complete sequence.	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_490E21. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_490E21. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99
		GB_HTG3.ACO08537	170030	ACO08537	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_490E21. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	40.296	2-Sep-99

표 4a

표 4b

ra00116	1284	GB_BA2 AF062345	16458	AF062345	Caulobacter crescentus SstI (sstI), S-layer protein subunit (rsaA), ABC transporter (rsaD), membrane forming unit (rsaE), putative GDP-mannose-4,6-dehydratase (lpsA), putative acetyltransferase (lpsB), putative perosamine synthetase (lpsC), putative mannosyltransferase (lpsD), putative mannosyltransferase (lpsE), outer membrane protein (saf), and putative perosamine transferase (lpsF) genes, complete cds.	Caulobacter crescentus	36,235	19-OCT-1999
		GB_PAT118647	3300	118647	Sequence 6 from patent US 5500353.	Unknown	36,821	07-OCT-1996
		GB_GSSI3 AQ44619	751	AQ446197	nbxb0062D16f CUGI Rice BAC Library Oryza sativa genomic clone	Oryza sativa	38,124	8-Apr-99
ra00131	732	GB_BA1 MTY20811	36330	Z95121	nbxb0062D16f, genomic survey sequence.	Mycobacterium tuberculosis	43,571	17-Jun-98
		GB_BA1 SAR7932	15176	AJ007932	Streptomyces argillaceus miltamycin biosynthetic genes	Streptomyces argillaceus	41,116	15-Jun-99
		GB_BA1 MTY20811	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,726	17-Jun-98
ra00132	1557	GB_BA1 MTY20811	36330	Z95121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 139/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,788	17-Jun-98
		GB_IN2 TVU40872	1882	U40872	Trichomonas vaginalis S-adenosyl-L-homocysteine hydrolase gene, complete cds.	Trichomonas vaginalis	61,914	31-OCT-1996
		GB_HTG6 AC010706	169265	AC010706	Drosophila melanogaster chromosome X clone BACR36D15 (DB87) RPCI-98 36 D.15 map 13C-13E strain y; cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 74 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	51,325	22-Nov-99
ra00145	1059	GB_BA1 MTCY2812	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	63,365	18-Jun-98
		GB_BA1 PSEPYRBX	2273	L19649	Pseudomonas aeruginosa aspartate transcarbamoylase (pyrB) and dihydroorotase-like (pyrX) genes, complete cds.	Pseudomonas aeruginosa	56,080	26-Jul-93
		GB_BA1 LLPYRBDNA	1468	X84262	Leichmannii pyrB gene.	Lactobacillus leichmannii	47,514	29-Apr-97
ra00146	1464	GB_BA1 MTCY2812	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,714	18-Jun-98
		GB_BA1 MTCY154	13935	Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 121/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,229	17-Jun-98
		GB_BA1 MSGY154	40221	AD000002	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y154.	Mycobacterium tuberculosis	36,618	03-DEC-1996
ra00147	1302	GB_BA1 MTCY2812	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,527	18-Jun-98
		GB_BA1 MSGB937C	38914	L78820	Mycobacterium leprae cosmid B837 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	59,538	15-Jun-96
		GB_BA1 PAU81259	7285	U81259	Pseudomonas aeruginosa dihydriodipicolinate reductase (dapB) gene, partial cds, carbamoylphosphate synthetase small subunit (carA) and carbamoylphosphate synthetase large subunit (carB) genes, complete cds, and FtsL homolog (ftsL) gene, partial cds	Pseudomonas aeruginosa	55,396	23-DEC-1996
ra00156	1233	GB_BA1 SC9B10	33320	AL009204	Streptomyces coelicolor cosmid 9B10	Streptomyces coelicolor	52,666	10-Feb-99

		GB_BA2 AF002133	15437	AF002133	Mycobacterium avium strain GR10 transcriptional regulator (mavB1) gene, partial cds, acinifase (acn), invasin 1 (inv1), invasin 2 (inv2), transcriptional regulator (moxR), ketosyl-reductase (fabG), enoyl-reductase (inhA) and ferredoxin (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	46,667	6-Feb-99
ra00166	783	GB_HTG33 AC008167	174223	AC008167	Homo sapiens clone NH0172013, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 7 unordered pieces	Homo sapiens	37,451	21-Aug-99
		GB_HTG33 AC008167	174223	AC008167	Homo sapiens clone NH0172013, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 7 unordered pieces	Homo sapiens	37,451	21-Aug-99
		GB_HTG4 AC010118	80605	AC010118	Drosophila melanogaster chromosome 3L/62B1 clone RPO98-10D15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 51 unordered pieces	Drosophila melanogaster	38,627	16-OCT-1999
ra00198	672	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gltB and gltD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds	Corynebacterium glutamicum	92,113	13-MAR-1999
		GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum gltB and gltD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds	Corynebacterium glutamicum	93,702	13-MAR-1999
		GB_EST24 AI232702	528	AI232702	EST1729380 Normalized rat kidney, Bontio Stores Rattus sp. cDNA clone RKICF35.3 end, mRNA sequence	Rattus sp	34,221	31-Jan-99
ra00216	1113	GB_HTG2 HSDJ850E	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces	Homo sapiens	37,965	03-DEC-1999
		GB_HTG2 HSDJ850E	117353	AL121758	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-850E9, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces	Homo sapiens	37,965	03-DEC-1999
		GB_PR2 CNS01DSA	159400	AL121756	Human chromosome 14 DNA sequence *** IN PROGRESS *** BAC R-412H8 of RPC1.11 library from chromosome 14 of Homo sapiens (Human), complete sequence	Homo sapiens	38,796	11-Nov-99
ra00219	1065	GB_HTG2 AC005079	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG525P22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces	Homo sapiens	38,227	22-Nov-98
		GB_HTG2 AC005079	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG525P22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces	Homo sapiens	38,227	22-Nov-98
		GB_HTG2 AC005079	110000	AC005079	Homo sapiens clone RG525P22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces	Homo sapiens	38,227	22-Nov-98
ra00223	1212	GB_BA1 PPEA3NIF	19771	X99694	Plasmodium falciparum mtrA gene cluster, partial sequence	Plasmodium falciparum	48,826	2-Aug-96
		GB_BA2 AF128444	2477	AF128444	Rhodospirillum rubrum mtrA gene cluster, partial sequence	Rhodospirillum rubrum	40,135	22-MAR-1999
		GB_HTG4 AC010111	138938	AC010111	Drosophila melanogaster chromosome 3L/70C1 clone RPO98-9B18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 64 unordered pieces	Drosophila melanogaster	39,527	16-OCT-1999
ra00229	803	GB_BA2 AF124518	1758	AF124518	Corynebacterium glutamicum 3-dehydroquinate (ard) and shikimate dehydrogenase (ardE) genes, complete cds	Corynebacterium glutamicum	98,237	18-MAY-1999
		GB_PR3 AC004593	150221	AC004593	Homo sapiens PAC clone DJ0964C11 from 7p14-p15, complete sequence	Homo sapiens	36,616	18-Apr-98
		GB_HTG2 AC006907	188972	AC006907	Caenorhabditis elegans clone Y76B12, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 25 unordered pieces	Caenorhabditis elegans	37,095	26-Feb-99
ra00241	1626	GB_BA1 CGLYSI	4232	X60312	C. glutamicum hyl gene for L-lysine permease	Corynebacterium glutamicum	100,000	30-Jan-92

4c

rx00262	1197	GB_HTG1 PFMAL13P 192581	AL049180	Plasmodium falciparum chromosome 13 strain 3D7 ... SEQUENCING IN PROGRESS ... in unordered pieces.	Plasmodium falciparum	34,947	11-Aug-99
		1 GB_HTG1 PFMAL13P 192581	AL049180	Plasmodium falciparum chromosome 13 strain 3D7 ... SEQUENCING IN PROGRESS ... in unordered pieces.	Plasmodium falciparum	34,947	11-Aug-99
		1 GB_IN2 EHU89655	U89655	Entamoeba histolytica uncontracted myosin IB mRNA, complete cds.	Entamoeba histolytica	36,496	23-MAY-1997
rx00262	1197	GB_IN2 EHU89655	U89655	Entamoeba histolytica uncontracted myosin IB mRNA, complete cds.	Entamoeba histolytica	37,544	23-MAY-1997
rx00266	531	GB_RO AF016190	AF016190	Mus musculus comexin-36 (Cx36) gene, complete cds.	Mus musculus	41,856	9-Feb-99
		EM_PAT E09719	E09719	DNA encoding precursor protein of alkaline cellulase.	Bacillus sp.	34,741	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
rx00278	1155	GB_PAT E02133	E02133	gdNA encoding alkaline cellulase.	Bacillus sp.	34,741	29-Sep-97
		GB_IN1 CELK05F6	36912	Caenorhabditis elegans cosmid K05F6.	Caenorhabditis elegans	36,943	6-Jan-98
		GB_BA1 CGU43535	2531	Corynebacterium glutamicum multidrug resistance protein (cmr) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	36,658	9-Apr-97
rx00295	1125	GB_RO RNU30789	3510	Rattus norvegicus clone N27 mRNA.	Rattus norvegicus	38,190	20-Aug-96
		GB_BA2 CGU31281	1614	Corynebacterium glutamicum biotin synthase (bioB) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,111	21-Nov-96
		GB_BA1 BRLBIOBA	1647	Brevibacterium flavum gene for biotin synthetase, complete cds.	glutamicum	98,489	3-Feb-99
		GB_PAT E03937	1005	DNA sequence encoding Brevibacterium flavum biotin-synthase	Corynebacterium glutamicum	98,207	29-Sep-97
rx00323	1461	GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	35,615	24-Jun-99
		GB_BA1 MSGB32CS	36404	L78818	Mycobacterium leprae cosmid B32 DNA sequence.	60,917	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	44,606	24-Jun-99
rx00324	3258	GB_BA1 MSGB32CS	36404	L78818	Mycobacterium leprae cosmid B32 DNA sequence.	52,516	15-Jun-96
		GB_BA1 MTCY427	38110	Z70692	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 99/162.	38,079	24-Jun-99
rx00330	1566	GB_OM BOVELA	3242	J02717	Bovine elastin a mRNA, complete cds.	39,351	27-Apr-93
		GB_BA1 CGTHRC	3120	X56037	Corynebacterium glutamicum tirC gene for threonine synthase (EC 4.2.99.2).	99,808	17-Jun-97
		GB_PAT 109078	3146	109078	Sequence 4 from Patent WO 8809819.	99,617	02-DEC-1994
rx00335	1554	GB_BA1 BLTHRESY	1892	Z29563	Brevibacterium lactofermentum, ATCC 13669, DNA (genomic).	99,170	20-Sep-95
		GB_BA1 CGQLNA	3686	Y13221	Corynebacterium glutamicum glnA gene.	100,000	28-Aug-97

4d

rx000347	891	GB_BA2 AF005635	1690	AF005635	Corynebacterium glutamicum glutamine synthetase (glnA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,906	14-Jun-99
		GB_BA1 MSG827CS	38793	L78817	Mycobacterium leprae cosmid B27 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	66,345	15-Jun-96
		GB_EST17 AA55217	624	AA55217	LD21828 3prime LD Drosophila melanogaster embryo POT2 Drosophila melanogaster cDNA clone LD21828 3prime, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	34,510	09-MAR-1999
		GB_BA2 SSU30252	2891	U30252	Synechococcus PCC7942 nucleoside diphosphate kinase and ORF2 protein genes, complete cds, ORF1 protein gene, partial cds, and neutral site 1 for vector use.	Synechococcus PCC7942	37,084	29-OCT-1999
		GB_EST21 AA911262	581	AA911262	oe7502 s1 NCI CGAP, L145 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 1417418 3' similar to gb A18757 URKINASE PLASMINOGEN ACTIVATOR SURFACE RECEPTOR, GPI-ANCHORED (HUMAN); mRNA sequence.	Homo sapiens	37,500	21-Apr-98
rx000351	1578	GB_BA1 MLU15187	36138	U15187	Mycobacterium leprae cosmid L296.	Mycobacterium leprae	52,972	09-MAR-1995
		GB_IN2 AC004373	72722	AC004373	Drosophila melanogaster DNA sequence (P1 DS05273 (DS0)), complete sequence.	Drosophila melanogaster	46,341	17-Jul-98
		GB_IN2 AF145653	3197	AF145653	Drosophila melanogaster clone GH08860 BcDNA GH08860 (BcDNA GH08860) mRNA, complete cds.	Drosophila melanogaster	49,471	14-Jun-99
rx000365	727	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum glnB and glnD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	96,556	13-MAR-1999
		GB_BA1 MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,496	17-Jun-98
		GB_BA1 SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,946	16-Aug-99
rx000366	480	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum glnB and glnD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,374	13-MAR-1999
		GB_BA1 MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	41,333	17-Jun-98
		GB_BA1 SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,554	16-Aug-99
rx000367	4653	GB_BA1 AB024708	8734	AB024708	Corynebacterium glutamicum glnB and glnD genes for glutamine 2-oxoglutarate aminotransferase large and small subunits, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,312	13-MAR-1999
		GB_BA1 MTCY1A6	37751	Z83864	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 159/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,971	17-Jun-98
		GB_BA1 SC3A3	15901	AL109849	Streptomyces coelicolor cosmid 3A3.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,905	16-Aug-99
rx000371	1917	GB_VI SBVORFS	7568	M69923	Sugarcanne bacilliform virus ORF 1, 2, and 3 DNA, complete cds.	Sugarcanne bacilliform virus	35,843	12-Jun-93
		GB_EST137 AI967505	380	AI967505	Ljnpes03.215-c10 Ljnp Lambda HybZap two-hybrid library Lotus japonicus cDNA clone LP215-03-c10 5' similar to 60S ribosomal protein L39, mRNA sequence.	Lotus japonicus	42,593	24-Aug-99
		GB_IN1 CEIK09H9	37861	AF043700	Caenorhabditis elegans cosmid K09H9	Caenorhabditis elegans	34,295	22-Jan-98

rx000377	1245	GB_BA1CCU13664	1678	U13664	Caulobacter crescentus uracilphosphoribosyl transferase homology (hemE) gene, partial cds.	Caulobacter crescentus	36,832	24-MAR-1995
		GB_PL1ANSDGENE	1299	Y08866	A nidulans SD gene.	Emeticella nidulans	39,603	17-OCT-1996
		GB_GSS4AQ730303	483	AQ730303	HS_5505_B1_C04_TTA RPO1.1 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=1081 Col=7 Row=F, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,728	15-Jul-99
rx000382	1425	GB_BA1PAHEML	4444	X82072	P aeruginosa hemL gene.	Pseudomonas aeruginosa	54,175	18-DEC-1995
		GB_BA1MTY25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	61,143	17-Jun-98
		GB_BA1MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	61,143	03-DEC-1996
rx000383	1467	GB_BA1MLCB1222	34714	AL049491	Mycobacterium leprae cosmid B1222.	Mycobacterium leprae	43,981	27-Aug-99
		GB_HTG2AC006269	167171	AC006269	Homo sapiens chromosome 17 clone hRPK 515_E_23 map 17, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 2 ordered pieces.	Mycobacterium leprae	35,444	10-Jun-99
		GB_HTG2AC007638	178053	AC007638	Homo sapiens chromosome 17 clone hRPK 515_O_17 map 17, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 8 unordered pieces.	Homo sapiens	34,821	22-MAY-1999
rx000391	843	GB_EST38AW01705	613	AW017053	Schistosoma mansoni cDNA clone SMMA514 5' end, mRNA sequence.	Schistosoma mansoni	40,472	10-Sep-99
		GB_PAT1AR055852	32207	AF055852	Sequence 20 from patent US 5849564.	Unknown.	38,586	29-Sep-99
		GB_V1AF148805	28559	AF148805	Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus ORF 68 gene, partial cds, and ORF 69, Kaposin, v-FLIP, v-Cyclin, latent nuclear antigen, ORF K14, v-GPCR, putative phosphotyrosyl/tyrosylglycylamide synthase, and LAMP (LAMP) genes, complete cds.	Kaposi's sarcoma-associated herpesvirus	38,509	2-Aug-99
rx000393	1017	GB_BA1MTY25D10	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,308	17-Jun-98
		GB_BA1MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	39,282	03-DEC-1996
rx000402	623	GB_BA1MLB1306	7762	Y13803	Mycobacterium leprae cosmid B1306 DNA.	Mycobacterium leprae	39,228	24-Jun-97
		GB_BA2AF052652	2096	AF052652	complete cds.	Mycobacterium leprae	99,672	19-MAR-1998
		GB_BA2AF109162	4514	AF109162	Corynebacterium diptheriae heme uptake locus, complete sequence.	Corynebacterium diptheriae	40,830	8-Jun-99
		GB_BA2AF092918	20758	AF092918	Pseudomonas alcaligenes outer membrane Xcp secretion system gene cluster.	Pseudomonas alcaligenes	50,161	06-DEC-1998
rx000403	1254	GB_BA2AF052652	2096	AF052652	Corynebacterium glutamicum homoserine O-acetyltransferase (melA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,920	19-MAR-1998
		GB_BA1MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	52,898	23-Jun-99
		GB_EST23A1111288	750	A1111288	SWOV/MCAQ02A05SK Onchocerca volvulus adult male cDNA (SAW99MLW-Onchocerca volvulus OYAM) Onchocerca volvulus cDNA clone SWOV/MCAQ02A05 5' mRNA sequence.	Onchocerca volvulus	37,565	31-Aug-98

rx000405	613	GB_BA1.MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,259	23-Jun-99
		GB_PR4.ACO05145	143678	ACO05145	Homo sapiens Xp22-166-169 GSHB-523A23 (Genome Systems Human BAC library) complete sequence	Homo sapiens	34,179	08-DEC-1998
		GB_BA1.MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,169	23-Jun-99
rx000420	1587	GB_BA1.MTV13D12	37085	Z80343	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 156/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,031	17-Jun-98
		GB_BA1.MSGY126	37164	ADD00012	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y126.	Mycobacterium tuberculosis	61,902	10-DEC-1996
rx000435	1296	GB_BA1.AFACB81Z	2760	M68904	Mycobacterium leprae cosmid B97.1 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,651	15-Jun-96
		GB_BA1.MSGB971C	37566	L78821	Alcaligenes eutrophus chromosomal transketolase (cbtC) and phosphoglycerate phosphatase (cbpZ) genes, complete cds.	Ralstonia eutropha	38,677	27-Jul-94
		GB_HTG4.ACO09541	169583	ACO09541	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 25 unordered pieces.	Homo sapiens	36,335	12-OCT-1999
rx000437	579	GB_HTG4.ACO09541	169583	ACO09541	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 25 unordered pieces.	Homo sapiens	36,335	12-OCT-1999
		GB_PR4.ACO05951	155450	ACO05951	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.372_K_20, complete sequence.	Homo sapiens	31,738	18-Nov-98
		GB_BA1.SC2A11	22789	AL031184	Streptomyces coelicolor cosmid 2A11.	Streptomyces coelicolor	43,262	5-Aug-98
		GB_PR4.ACO05951	155450	ACO05951	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.372_K_20, complete sequence.	Homo sapiens	37,647	18-Nov-98
rx000439	591	GB_BA1.MTV016	53662	AL021841	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 143/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,088	23-Jun-99
		GB_PL2.AF167358	1022	AF167358	Rumex acetosa expansin (EXY3) gene, partial cds.	Rumex acetosa	46,538	17-Aug-99
		GB_HTG3.ACO09120	269445	ACO09120	Homo sapiens chromosome 16 clone RP01-11_484E3, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 34 unordered pieces.	Homo sapiens	43,276	3-Aug-99
rx000440	582	GB_BA2.SKZ86111	7860	Z86111	Streptomyces lividans rpf, tmd, pfs, sipW, sipX, sipY, sipZ, mutT genes and 4 open reading frames	Streptomyces lividans	43,080	27-OCT-1999
		GB_BA1.SCZ21	38962	AL023797	Streptomyces coelicolor cosmid 2E1.	Streptomyces coelicolor	42,931	4-Jun-98
rx000441	1287	GB_BA1.SCZ21	38962	AL023797	Streptomyces coelicolor cosmid 2E1.	Streptomyces coelicolor	36,702	4-Jun-98
		GB_PR2.HS173D1	117338	AL031984	Human DNA sequence from clone 173D1 on chromosome 1p36-21-36.33 contains ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	38,027	23-Nov-99
		GB_HTG2.HSDJ719K	267114	AL109931	Homo sapiens chromosome X clone RP4.719K3 map q21.1-21.31, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Homo sapiens	34,521	03-DEC-1999
		GB_HTG2.HSDJ719K	267114	AL109931	Homo sapiens chromosome X clone RP4.719K3 map q21.1-21.31, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in unordered pieces.	Homo sapiens	34,521	03-DEC-1999
rx000446	987	GB_BA1.SCD78	36224	AL034355	Streptomyces coelicolor cosmid D78.	Streptomyces coelicolor	56,410	03-DEC-1999
		GB_HTG4.ACO09367	226055	ACO09367	Drosophila melanogaster chromosome 3L/76A2 clone RPiC98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 44 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	34,959	26-Nov-98
		GB_HTG4.ACO09367	226055	ACO09367	Drosophila melanogaster chromosome 3L/76A2 clone RPiC98-48B15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 44 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	34,959	16-OCT-1999

4g

44

ra00448	1143	GB_PR3.ACO03670	88945	ACO03670	Homo sapiens 12q13.1 PAC RPCL-130F5 (Roswell Park Cancer Institute Human PAC library) complete sequence.	Homo sapiens	35,682	9-Jun-98
		GB_HTG2.AFO29367	148676	AF029367	Homo sapiens chromosome 12 clone RPCL-130F5 map 12q13.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 156 unordered pieces.	Homo sapiens	31,373	18-OCT-1997
		GB_HTG2.AFO29367	148676	AF029367	Homo sapiens chromosome 12 clone RPCL-130F5 map 12q13.1, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 156 unordered pieces.	Homo sapiens	31,373	18-OCT-1997
ra00450	424	GB_HTG2.ACO07824	133361	ACO07824	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02L16 (D715) RPCL-98 02.L.16 map 89E-90A strain y; cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 91 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,000	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07824	133361	ACO07824	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR02L16 (D715) RPCL-98 02.L.16 map 89E-90A strain y; cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 91 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,000	2-Aug-99
		GB_EST35.AB18057	412	AB18057	3: similar to gb Y00764.UBQUINOL-CYTOCHROME C REDUCTASE 11 KD WK14A08.X1 NCI CGAP Lym12 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 2412278 *** 91 unordered pieces.	Homo sapiens	35,714	24-Aug-99
ra00461	975	GB_BA1.MLCB1779	43254	Z98271	PROTEIN (HUMAN), mRNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,308	8-Aug-97
		GB_JN1.DMC8E4	29352	AL021086	Mycobacterium leprae cosmid B1779.	Drosophila melanogaster	37,487	27-Apr-99
		GB_GSS15.A064032	467	A0640325	927P1-2H3 TP 927P1 Trypanosoma brucei genomic clone 927P1-2H3, genomic survey sequence.	Trypanosoma brucei	38,116	8-Jul-99
ra00465								
ra00487	1692	GB_BA1.BAGUA	3866	Y10499	B.ammoniaegenes guaA gene.	Corynebacterium ammoniaegenes	74,259	8-Jan-98
		GB_BA2.U00015	42325	U00015	Mycobacterium leprae cosmid B1620	Mycobacterium leprae	37,248	01-MAR-1994
		GB_BA1.MTCY78	33818	Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 145/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,725	17-Jun-98
ra00488	1641	GB_BA1.MTCY78	33818	Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 145/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,451	17-Jun-98
		GB_BA2.U00015	42325	U00015	Mycobacterium leprae cosmid B1620	Mycobacterium leprae	39,178	01-MAR-1994
		GB_BA1.SCAJ10601	4692	AJ010601	Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for whiD and whiK loci.	Streptomyces coelicolor	60,835	17-Sep-98
ra00489	1245	GB_BA2.U00015	42325	U00015	Mycobacterium leprae cosmid B1620	Mycobacterium leprae	38,041	01-MAR-1994
		GB_HTG2.HS225E12	126464	AL031772	Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-225E12 map q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Homo sapiens	36,756	03-DEC-1999
		GB_HTG2.HS225E12	126464	AL031772	Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-225E12 map q24, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Homo sapiens	36,756	03-DEC-1999
ra00533	1155	GB_BA1.CGLYS	2803	X57226	C. glutamicum lysC-alpha, lysC-beta and asd genes for aspartokinase-alpha and beta subunits, and aspartate beta semialdehyde dehydrogenase, respectively (EC 2.7.2.4, EC 1.2.1.11).	Corynebacterium glutamicum	99,913	17-Feb-97

		GB_BA1 CGCYSOAS	1591	X82928	C. glutamicum aspartate-semialdehyde dehydrogenase gene	Corynebacterium glutamicum	99,221	17-Feb-97
		D						
		GB_PAT A07546	2112	A07546	Recombinant DNA fragment (PstI-XhoI).	synthetic construct	99,391	30-Jul-93
rx000534	1386	GB_BA1 CGLYS	2803	X57226	C. glutamicum lysC-alpha, lysC-beta and asd genes for aspartokinase-alpha and -beta subunits, and aspartate beta semialdehyde dehydrogenase, respectively (EC 2.7.2.4, EC 1.2.1.11).	Corynebacterium glutamicum	99,856	17-Feb-97
		GB_BA1 CORASKD	2957	L16848	Corynebacterium flavum aspartokinase (ask), and aspartate-semialdehyde dehydrogenase (asd) genes, complete cds.	Corynebacterium flavescens	98,701	11-Jun-93
		GB_PAT E14514	1643	E14514	DNA encoding Brevibacterium aspartokinase	Corynebacterium glutamicum	98,773	28-Jul-99
rx000536	1494	GB_BA1 CGLEUA	3492	X70959	C. glutamicum gene leuA for isopropyl/maiale synthase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	10-Feb-99
		GB_BA1 MTU025	121125	AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 155/162.	Mycobacterium tuberculosis	68,003	24-Jun-99
		GB_BA1 MTU88526	2412	U88526	Mycobacterium tuberculosis putative alpha-isopropyl/maiale synthase (leuA) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	68,185	26-Feb-97
rx000537	2409	GB_BA2 SCD25	41622	AL118514	Streptomyces coelicolor cosmid D25.	Streptomyces coelicolor A3(2)	63,187	21-Sep-99
		GB_BA1 MTCY7HTA	10451	Z95618	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 39/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,401	17-Jun-98
rx000541	792	GB_PAT192052	2115	192052	Mycobacterium tuberculosis phosphoribosylformylglycinamide synthase (purL) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	62,205	28-Jan-97
		GB_BA1 MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	62,468	1998
		GB_BA1 MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,814	17-Jun-98
		GB_BA1 BAPURF	1865	X91252	B. ammoniagenes purF gene.	Corynebacterium ammoniagenes	66,095	5-Jun-97
rx000558	1470	GB_BA1 MLU15182	40123	U15182	Mycobacterium leprae cosmid B2266.	Mycobacterium leprae	64,315	09-MAR-1995
		GB_BA1 MTCY7HTA	10451	Z95618	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 39/162.	Mycobacterium tuberculosis	64,863	17-Jun-98
rx000579	1983	GB_PAT ARO16483	2104	ARO16483	Sequence 1 from patent US 5776740.	Unknown	98,810	05-DEC-1998
		EM_PAT E11273	2104	E11273	DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum	98,810	08-OCT-1997 (Rel 52, Created)
		GB_PAT E12594	2104	E12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	98,810	24-Jun-98
rx000580	1425	GB_PAT E12594	2104	E12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	99,368	24-Jun-98

4j

ra00581	1092	GB_PAT AR016483	2104	AR016483	Sequence 1 from patent US 5776740.	Unknown.	99,368	05-DEC-1998
		EM_PAT E11273	2104	E11273	DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum	99,368	08-OCT-1997 (Rel 52, Created 24-Jun-98)
		GB_PAT E12594	2104	E12594	DNA encoding serine hydroxymethyltransferase from Brevibacterium flavum.	Corynebacterium glutamicum	37,071	08-OCT-1997 (Rel 52, Created 24-Jun-98)
		EM_PAT E11273	2104	E11273	DNA encoding serine hydroxymethyl transferase.	Corynebacterium glutamicum	37,071	08-OCT-1997 (Rel 52, Created 05-DEC-1998)
		GB_PAT AR016483	2104	AR016483	Sequence 1 from patent US 5776740	Unknown.	37,071	05-DEC-1998
ra00584	1248	GB_BA1 CORAHP5	2570	L07603	Corynebacterium glutamicum 3-deoxy-D-arabinosephosphonate-7-phosphate synthase gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,236	26-Apr-93
		GB_BA1 AOPCZA361	37941	AJ223998	Amycolatopsis orientalis cosmid PCZA361.	Amycolatopsis orientalis	54,553	29-MAR-1999
ra00618	1230	GB_BA1 D90714	14358	D90714	Escherichia coli genomic DNA. (16.8 - 17.1 min)	Escherichia coli	53,312	7-Feb-98
		GB_EST19 AA802737	280	AA802737	GM06236 Sprieme GM Drosophila melanogaster ovary Bluescript Drosophila melanogaster cDNA clone GM06236 Sprieme, mRNA sequence	Drosophila melanogaster	39,928	25-Nov-98
		GB_EST28 A1534381	581	A1534381	SD07186 Sprieme SD Drosophila melanogaster Schneider L2 cell culture POT2 Drosophila melanogaster cDNA clone SD07186 Sprieme similar to X89858. Anl FBgn001558 P1D 927407 SPTREMBL Q24240, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	41,136	18-MAR-1999
ra00619	1551	GB_JN1 DMANLIN	4029	X89858	D melanogaster mRNA for anillin protein.	Drosophila melanogaster	34,398	8-Nov-95
		GB_BA1 MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 36/162	Mycobacterium tuberculosis	62,776	17-Jun-98
		GB_BA1 MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	61,831	24-Jun-97
		GB_PAT A60305	1845	A60305	Sequence 5 from Patent WO9708323.	unidentified	61,785	06-MAR-1998
ra00620	1014	GB_PL2 AF063247	1450	AF063247	Pneumocystis carinii f. sp. ratii enolase mRNA, complete cds.	Pneumocystis carinii f. sp. ratii	41,060	5-Jan-99
		GB_BA1 STMAMP	2069	M91546	Streptomyces lividans aminopeptidase P (Pepp) gene, complete cds.	Streptomyces lividans	37,126	12-Jun-93
		GB_HTG3 AC008763	214575	AC008763	Homo sapiens chromosome 19 clone C11B-E1_3214119, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 21 unordered pieces.	Homo sapiens	40,020	3-Aug-99
ra00624	810	GB_JN1 CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	36,986	2-Sep-99
		GB_EST13 AA362167	372	AA362167	EST171561 Macrophage I Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence	Homo sapiens	38,378	21-Apr-97
ra00626	1386	GB_JN1 CEY41E3	150641	Z95559	Caenorhabditis elegans cosmid Y41E3, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	37,694	2-Sep-99
		GB_BA1 MTCY369	36850	Z80226	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 36/162.	Mycobacterium tuberculosis	57,571	17-Jun-98
		GB_BA1 MLCB5	38109	Z95151	Mycobacterium leprae cosmid B5.	Mycobacterium leprae	58,806	24-Jun-97
		GB_BA1 MLU15187	36138	U15187	Mycobacterium leprae cosmid L296.	Mycobacterium leprae	38,007	09-MAR-1995

ra00632	795	GB_BA1 BRLBIOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7- β -diaminopelargonic acid aminotransferase and dehydrobiotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,358	3-Feb-99
		GB_PAT E04041	675	E04041	DNA sequence coding for deshydrobiotinsynthetase.	Corynebacterium glutamicum	98,074	29-Sep-97
		GB_PAT E04040	1272	E04040	DNA sequence coding for diamino pelargonic acid aminotransferase	Corynebacterium glutamicum	93,814	29-Sep-97
ra00633	1392	GB_BA1 BRLBIOAD	2272	D14083	Brevibacterium flavum genes for 7- β -diaminopelargonic acid aminotransferase and dehydrobiotin synthetase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	95,690	3-Feb-99
		GB_PAT E04040	1272	E04040	DNA sequence coding for diamino pelargonic acid aminotransferase	Corynebacterium glutamicum	95,755	29-Sep-97
		GB_BA2 EHU38519	1290	U38519	Erwinia herbicola adenosymethionine-8-amino-7-oxononanoate transaminase (bioA) gene, complete cds.	Erwinia herbicola	55,564	4-Nov-96
ra00688	666	GB_BA1 MTVD41	28826	AL021958	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 35/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,030	17-Jun-98
		GB_BA1 BRLSECY	1516	D14162	Brevibacterium flavum gene for SecY protein (complete cds) and gene or adenylate kinase (partial cds).	Corynebacterium glutamicum	99,563	3-Feb-99
		GB_BA2 MBU77912	7163	U77912	Mycobacterium bovis MBE50a gene, partial cds, and MBE50b, MBE50c, peptidase SecY subunit (secY), adenylate kinase (adk), methionine aminopeptidase (map), RNA polymerase ECF sigma factor (sigE50), MBE50d, and MBE50e genes, complete cds.	Mycobacterium bovis	60,030	27-Jan-99
ra00708	930	GB_BA2 AF157493	25454	AF157493	Zymomonas mobilis ZM4 fosmid clone 4207, complete sequence	Zymomonas mobilis	39,116	5-Jul-99
		GB_PAT J00836	1853	J00836	Sequence 1 from Patent US 4758514.	Unknown	47,419	21-MAY-1993
ra00717	1083	GB_PAT E00311	1853	E00311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	47,419	29-Sep-97
		GB_PAT I78753	1187	I78753	Sequence 9 from patent US 5693781.	Unknown	37,814	3-Apr-98
		GB_PAT I92042	1187	I92042	Sequence 9 from patent US 5726299.	Unknown	37,814	01-DEC-1998
		GB_BA1 MITC125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	50,647	17-Jun-98
ra00718	831	GB_BA1 MITC125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,228	17-Jun-98
		GB_BA1 MITC125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,300	17-Jun-98
		GB_GSS12 AQ42075	671	AQ420755	RPC1-11-168G18 T1 RPC1-11 Homo sapiens genomic clone RPC1-11-168G18, genomic survey sequence.	Homo sapiens	35,750	23-MAR-1999
ra00727	1035	GB_HTG3 AC008332	118545	AC008332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR48D10 (D867) RPC1-98	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99
		GB_HTG3 AC008332	118545	AC008332	48 D 10 map 34A-34A strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,634	6-Aug-99

44

		GB_HTG3.ACO06332	118545	ACO06332	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACRA48D10 (D867) RPC1-98	Drosophila melanogaster	33,888	6-Aug-99
		48.D.10 map, 34A, 34A strain Y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 78 unordered pieces						
rx00766	966	GB_HTG2.ACO06789	83823	ACO06789	Caenorhabditis elegans clone Y49F6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	36,737	25-Feb-99
		2 unordered pieces						
		GB_HTG2.ACO06789	83823	ACO06789	Caenorhabditis elegans clone Y49F6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	36,737	25-Feb-99
		2 unordered pieces						
		GB_BA1.D90810	20476	D90810	E.coli genomic DNA, Kohara clone #319(37 A, 37 B min.)	Escherichia coli	36,526	29-MAY-1997
rx00770	1293	GB_BA1.MTV043	68848	AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 40/162.	Mycobacterium tuberculosis	66,193	24-Jun-99
		GB_BA1.MTV043	68848	AL022004	Mycobacterium leprae cosmid BZ266.	Mycobacterium leprae	61,443	09-MAR-1995
		GB_BA1.MLU15182	40123	U15182	Streptomyces coelicolor cosmid DZ5.	Streptomyces coelicolor	59,938	21-Sep-99
rx00779	1056	GB_BA2.SCD25	41622	AL118514	Caenorhabditis elegans chromosome V clone R08A5, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	64,896	14-OCT-1998
		GB_HTG1.CER08A5	51920	Z82281	Caenorhabditis elegans chromosome V clone R08A5, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	64,896	14-OCT-1998
		GB_HTG1.CER08A5	51920	Z82281	Caenorhabditis elegans chromosome V clone R08A5, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	64,896	14-OCT-1998
		2 unordered pieces						
		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, nifV, nifP, nifW, nifZ and nifM genes, complete cds	Azotobacter chroococcum	51,729	26-Apr-93
		GB_BA2.AF001780	6701	AF001780	Cyanotheca PCC 8801 nifP, nitrogenase (nifB), FdxN (fdxN), NifS (nifS) Cyanotheca PCC8801 and nifU (nifU) genes, complete cds, and nifH (nifH) gene, partial cds	Cyanotheca PCC8801	36,309	08-MAR-1999
rx00838	1023	GB_EST1.Z30506	329	Z30506	ATT52430 AC16H Arabidopsis thaliana cDNA clone TA1306 3', mRNA sequence	Arabidopsis thaliana	44,308	11-MAR-1994
		GB_PL2.ACO06258	110469	ACO06258	Arabidopsis thaliana BAC F18G18 from chromosome V near 60.5 cM, complete sequence	Arabidopsis thaliana	35,571	28-DEC-1998
		GB_EST137.A1998439	455	A1998439	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	ZZ1502	B.lactotementum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium	99,539	16-Aug-93
		GB_PAT.E16749	2001	E16749	gDNA encoding dihydrodipicolinate synthase (DPS)	Corynebacterium	99,539	28-Jul-99
		GB_PAT.E14520	2001	E14520	DNA encoding Brevibacterium dihydrodipicolinate acid synthase	Corynebacterium	99,539	28-Jul-99
rx00864	873	GB_BA1.BLDAPAB	3572	ZZ1502	B.lactotementum dapA and dapB genes for dihydrodipicolinate synthase and dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium	99,885	16-Aug-93
		GB_BA1.CGDAFB	1902	X67737	C.glutamicum dapB gene for dihydrodipicolinate reductase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	1-Apr-93

	GB_PAT E14520	2001	E14520	DNA encoding Brevibacterium dithydropicolinic acid synthase.	Corynebacterium glutamicum	100,000	28-Jul-99
rx300865	1026	GB_BA1BLDAPAB	3572	Z21502	Blactoferrumun dapA and dapB genes for dithydropicolinate synthase and dithydropicolinate reductase	Corynebacterium glutamicum	100,000
	GB_PAT E16752	1411	E16752	gDNA encoding dithydropicolinate reductase (DDPR).	Corynebacterium glutamicum	99,805	28-Jul-99
rx300867	650	GB_PAT AR038113	1411	AR038113	Sequence 18 from patent US 5804414.	Corynebacterium glutamicum	99,805
	GB_BA1MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Unknown	99,805	29-Sep-99
	GB_BA1MLC822	40281	Z98741	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	39,482	22-Aug-97
	GB_BA1SAU19858	2838	U19858	Streptomyces antibioticus guanosine pentaphosphate synthetase (gps1) gene.	Streptomyces antibioticus	69,706	25-Oct-1996
rx300873	779	GB_BA1SC0001206	9184	AJ001206	Streptomyces coelicolor A3(2), glycogen metabolism cluster II	Streptomyces coelicolor	63,415
	GB_BA1SC0001205	9589	AJ001205	Streptomyces coelicolor A3(2) glycogen metabolism cluster I.	Streptomyces coelicolor	61,617	29-MAR-1999
rx300884	1263	GB_BA1D78198	2304	D78198	Pimelobacter sp. DNA for trehalose synthase, complete cds.	Pimelobacter sp.	60,594
	GB_BA1MTCY253	41230	Z81368	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 106/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,785	5-Feb-99
	GB_BA1MSGY222	41156	AD000010	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y222.	Mycobacterium tuberculosis	38,006	17-Jun-98
	GB_GSS15.A065460	468	A0654600	Sheared DNA-1014. TF Sheared DNA Trypanosoma brucei genomic clone	Trypanosoma brucei	33,974	03-DEC-1996
rx300891	1102	GB_BA1MTC418B	11700	Z96071	Sheared DNA-1014, genomic survey sequence.	Trypanosoma brucei	22-Jun-99
	GB_BA1SC0001206	9184	AJ001206	Streptomyces coelicolor A3(2), glycogen metabolism cluster II.	Mycobacterium tuberculosis	63,297	18-Jun-98
	GB_BA1SC0001205	9589	AJ001205	Streptomyces coelicolor A3(2) glycogen metabolism cluster I.	Streptomyces coelicolor	61,965	29-MAR-1999
rx300952	963	EM_PAT E10963	3118	E10963	gDNA encoding tryptophan synthase.	Streptomyces coelicolor	61,727
	GB_BA1BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	99,688	08-OCT-1997 (Rel)
rx300954	644	GB_PAT E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prebacterium latopneumtamm	Corynebacterium glutamicum	98,847
	GB_PAT E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Unknown	98,428	52, Created 10-Feb-99
	GB_PAT E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prebacterium latopneumtamm	Corynebacterium glutamicum	98,758	29-Sep-97
	GB_BA1BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Unknown	98,758	29-Sep-97
rx300955	1545	GB_PAT E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,758
							10-Feb-99
							29-Sep-97

표 4m

4n

	GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,372	10-Feb-99
	GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepbacterium latophehmentam.	glutamicum	98,242	29-Sep-97
rx000956	EM_PAT:E10963	3118	E10963	gDNA encoding tryptophan synthase	unidentified Corynebacterium glutamicum	98,949	08-OCT-1997 (Rel. 52, Created)
	GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	99,107	10-Feb-99
	GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon.	Corynebacterium glutamicum	98,945	29-Sep-97
rx000957	GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	glutamicum	99,165	10-Feb-99
	GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon	glutamicum	98,927	29-Sep-97
	GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepbacterium latophehmentam.	glutamicum	98,867	29-Sep-97
rx000958	GB_BA1:BLTRP	7725	X04960	Brevibacterium lactofermentum tryptophan operon.	unidentified Corynebacterium glutamicum	98,792	10-Feb-99
	GB_PAT:E01375	7726	E01375	DNA sequence of tryptophan operon	glutamicum	98,792	29-Sep-97
	GB_PAT:E01688	7725	E01688	Genomic DNA of trp operon of prepbacterium latophehmentam.	glutamicum	98,658	29-Sep-97
rx000970	GB_BA1:CGHOMTTHR	3685	Y00546	Corynebacterium glutamicum hom-thrB genes for homoserine dehydrogenase and homoserine kinase.	Corynebacterium glutamicum	99,905	12-Sep-93
	GB_PAT:109077	3685	109077	Sequence 1 from Patent WO 8809819	glutamicum	99,810	02-DEC-1994
	GB_PAT:E01358	2615	E01358	DNA encoding for homoserine dehydogenase(HDH)and homoserine kinase(HK)	Corynebacterium glutamicum	97,524	29-Sep-97
rx000972	GB_PAT:E16755	3579	E16755	gDNA encoding diaminoipemate decarboxylase (DDC) and arginyl-tRNA synthase.	Corynebacterium glutamicum	99,931	28-Jul-99
	GB_PAT:AR038110	3579	AR038110	Sequence 15 from patent US 5804414	glutamicum	99,931	29-Sep-99
	GB_PAT:E14508	3579	E14508	DNA encoding Brevibacterium diaminoipemic acid decarboxylase and arginyl- tRNA synthase.	unknown. Corynebacterium glutamicum	99,931	28-Jul-99
rx000981	GB_OV:GGA245664	512	ALJ245664	Gallus gallus partial mRNA for ATP-citrate lyase (ACL gene).	Gallus gallus	37,538	28-Sep-99
	GB_PL2:AC007887	159434	AC007887	Genomic sequence for Arabidopsis thaliana BAC F1504 from chromosome 1.	Arabidopsis thaliana	37,600	04-OCT-1999
	GB_GSS1:CN50DRN	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
rx000989	GB_BA1:MTV008	63033	AL021246	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 108/162.	Corynebacterium tuberculosis	40,773	17-Jun-98
	GB_BA1:SCVALSFP	3619	Y13070	S coelicolor valS, fpgs, nck 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

rx00987	705	GB_BA2.CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline NADP+ 5-oxoreductase (proc) gene. Corynebacterium complete cds.	40,841	2-Aug-96
		GB_HTG1:CEY39C12	282838	AL009026	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y39C12. *** SEQUENCING IN Caenorhabditis elegans PROGRESS *** in unordered pieces.	36,416	26-OCT-1999
		GB_JN1:CEB0001	39416	Z69634	Caenorhabditis elegans cosmid B0001, complete sequence.	36,416	2-Sep-99
rx001019	1110	GB_HTG2.ACO05052	144734	ACO05052	Homo sapiens clone RG038K21. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces.	39,172	12-Jun-98
		GB_HTG2.ACO05052	144734	ACO05052	Homo sapiens clone RG038K21. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 3 unordered pieces.	39,172	12-Jun-98
		GB_GSS9.AQ171808	512	AQ171808	HS_3179_A1_G03_T7 CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3179 Col=5 Row=M, genomic survey sequence.	34,661	17-OCT-1998
rx001026	1782	GB_BA1:SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid 1C2.	68,275	15-Jan-99
		GB_BA1:ATLEUCD	2982	X84647	Alethomyces coelicolor cosmid 1C2.	65,935	04-OCT-1995
		GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 132/162.	40,454	23-Jun-99
rx001027	1131	GB_BA1:MLCB637	44882	Z99263	Mycobacterium leprae cosmid B637.	38,636	17-Sep-97
		GB_BA1:MTCV349	43523	Z83018	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 131/162.	51,989	17-Jun-98
		GB_BA1:SPUNGMIUT	1172	Z21702	S.pneumoniae ung gene and mnx genes encoding uracil-DNA glycosylase and 8-oxodGTP nucleoside triphosphatase.	38,088	15-Jun-94
rx001073	954	GB_BA1:BACOUTB	1004	M15811	Bacillus subtilis outB gene encoding a sporulation protein, complete cds.	53,723	26-Apr-93
		GB_PR4.ACO07938	167237	ACO07938	Homo sapiens clone UMG.C-dis201 from 7q31, complete sequence.	34,322	1-Jul-99
		GB_PL2.ATA006282	92577	AC006282	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F13K3 genomic sequence, complete sequence.	36,181	13-MAR-1999
rx001079	2226	GB_BA2.AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	99,820	5-Aug-99
		GB_BA1:CANRDFGE	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	75,966	18-Apr-98
		GB_BA1:MTV012	70287	AL021287	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 132/162.	38,296	23-Jun-99
rx001080	567	GB_BA2.AF112535	4363	AF112535	Corynebacterium glutamicum putative glutaredoxin NrdH (nrdH), NrdI (nrdI), and ribonucleotide reductase alpha-chain (nrdE) genes, complete cds.	100,000	5-Aug-99
		GB_BA1:CANRDFGE	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdH, nrdI, nrdE, nrdF genes.	65,511	18-Apr-98
		GB_BA1:STNRD	4894	X73226	S.typhimurium nrdE operon.	52,477	03-MAR-1997
rx001087	999	GB_IN2.AF063412	1093	AF063412	Limnadia lenticularis elongation factor 1-alpha mRNA, partial cds.	43,750	29-MAR-1999
		GB_PR3.HS2MM15	134539	Z94055	Human DNA sequence from PAC Z4M15 on chromosome 1. Contains tetrasac-R (restitucin), EST.	37,475	23-Nov-99
		GB_IN2.ARU85702	1240	U85702	Anatix ralia elongation factor-1 alpha (EF-1a) gene, partial cds.	37,319	16-Jun-97

rx01095	857	GB_BA1:MTCY01B2	35938	Z95554	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 72/162.	Mycobacterium tuberculosis	43,243	17-Jun-98
		GB_HTG5:AC011632	175917	AC011632	Homo sapiens clone RP11-3M13, WORKING DRAFT SEQUENCE, 9 unordered pieces.	Homo sapiens	36,471	19-Nov-99
		GB_HTG5:AC011632	175917	AC011632	Homo sapiens clone RP11-3M13, WORKING DRAFT SEQUENCE, 9 unordered pieces.	Homo sapiens	36,836	19-Nov-99
rx01097	477	GB_BA2:AF030405	774	AF030405	Corynebacterium glutamicum cyclase (hisF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	13-Nov-97
		GB_BA2:AF030405	774	AF030405	Corynebacterium glutamicum cyclase (hisF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	41,206	13-Nov-97
rx01098	897	GB_BA2:AF030405	774	AF030405	Corynebacterium glutamicum cyclase (hisF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,933	13-Nov-97
		GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	40,972	10-DEC-1996
rx01100	861	GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	61,366	27-Aug-99
		GB_BA2:AF051846	738	AF051846	Corynebacterium glutamicum phosphoribosylformimino-5-amino-1-phosphoribosyl-4- imidazolecarboxamide isomerase (hisA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	97,154	12-MAR-1998
		GB_BA2:AF060558	636	AF060558	Corynebacterium glutamicum glutamine amidotransferase (hisH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	95,455	29-Apr-98
		GB_HTG1:HSDJ140A	221755	AL109917	Homo sapiens chromosome 1 clone RP1-140A, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	30,523	23-Nov-99
rx01101	756	GB_BA2:AF060558	636	AF060558	Corynebacterium glutamicum glutamine amidotransferase (hisH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	94,462	29-Apr-98
		GB_BA1:SCAG6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	38,378	23-Jul-99
		GB_BA1:STMHSOPA	3981	M31628	S. coelicolor histidine biosynthesis operon encoding hisD, partial cds., and hisC, hisB, hisH, and hisA genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	60,053	26-Apr-93
rx01104	729	GB_BA1:STMHSOPA	3981	M31628	S. coelicolor histidine biosynthesis operon encoding hisD, partial cds., and hisC, hisB, hisH, and hisA genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	58,333	26-Apr-93
		GB_BA1:SCAG6	36917	AL096884	Streptomyces coelicolor cosmid 4G6.	Streptomyces coelicolor A3(2)	39,045	23-Jul-99
rx01105	1221	GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,364	24-Jun-99
		GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,931	24-Jun-99
		GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	36,851	10-DEC-1996
rx01106	1449	GB_BA1:MLCB1610	40055	AL049913	Mycobacterium leprae cosmid B1610.	Mycobacterium leprae	60,902	27-Aug-99
		GB_BA1:MSGY223	42061	AD000019	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y223.	Mycobacterium tuberculosis	37,233	10-DEC-1996

4q

rs01253	873	GB_PL2:FS08	99923	AC005990	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC FS08 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,118	23-DEC-1998
		GB_PL2:FS08	99923	AC005990	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC FS08 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	35,574	23-DEC-1998
		GB_JIN1:CELC06G1	31205	U41014	Caenorhabditis elegans cosmid C06G1	Caenorhabditis elegans	38,560	30-Nov-95
rs01239	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 Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3098 Col=6 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	41,408	28-Aug-98
rs01215	1098	GB_BA1:MTCY10G2	38970	Z92539	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 47/162	Mycobacterium tuberculosis	37,047	17-Jun-98
		GB_JIN1:LEIPRPP	1887	M76553	Leishmania donovani phosphoribosylpyrophosphate synthetase gene, complete cds.	Leishmania donovani	50,738	7-Jun-93
		GB_HTG2:HSJ799D1	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
rs01209	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_PL1:AB010077	77380	AB010077	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone: MYH19, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,803	20-Nov-99
		GB_PL2:TAU55859	2397	U55859	Triticum aestivum heat shock protein 80 mRNA, complete cds.	Triticum aestivum	37,269	1-Feb-99
		GB_HTG3:AC011469	113436	AC011469	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_475D23, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 31 unordered pieces.	Homo sapiens	40,000	07-OCT-1999
rs01208	846	GB_HTG2:AC004965	323792	AC004965	Homo sapiens clone DJ1106H14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***, 42 unordered pieces.	Homo sapiens	36,058	12-Jun-98
		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
rs01162	1449	GB_PAT:AB0299	2869	AB0299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	Aspergillus niger	38,675	06-MAR-1998
		GB_PAT:E08232	1017	E08232	DNA encoding acetylhydroxy-acid isomerase.	Corynebacterium glutamicum	99,803	29-Sep-97
		GB_BA1:CORALA	4705	L09232	Corynebacterium glutamicum acetylhydroxy acid synthase (ilvB) and (ilvN) genes, and acetylhydroxy acid isomerase (ilvC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	23-Feb-95
rs01145	1137	GB_BA1:BRLLVCA	1364	D14551	Brevibacterium flavum ilvC gene for acetylhydroxy acid isomerase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,560	3-Feb-99
		GB_PAT:AB0299	2869	AB0299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	Aspergillus niger	38,675	06-MAR-1998
		GB_PAT:AB0299	2869	AB0299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	Aspergillus niger	38,675	06-MAR-1998
		GB_PAT:AB0299	2869	AB0299	Sequence 18 from Patent WO9706261.	Aspergillus niger	38,675	06-MAR-1998

ra01321	1044	GB_GSS14.AQ51894	441	AQ518943	HS_5106_A1_D10_SP6E RPCI:11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=682 Col=19 Row=G, genomic survey sequence.	Homo sapiens	41,121	05-MAY-1999
		GB_HTG2.AC007473	194559	AC007473	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR38D12 (D590) RPCI:98 38 D 12 map 48A-48B strain Y, on bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 60 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	40,534	2-Aug-99
		GB_HTG4.AC011696	115847	AC011696	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR35F01 (D1156) RPCI:98 35 F 1 map 48A-48C strain Y, on bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 108 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	38,290	26-OCT-1999
ra01352	705	GB_PL2.ATAC005167	83260	AC005167	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F12A24 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,311	15-OCT-1998
		GB_PL2.ATAC005825	97380	AC005825	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T24121 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,311	12-Apr-99
		GB_HTG3.AC011150	127222	AC011150	Homo sapiens clone 4_K_17, LOW-PASS SEQUENCE SAMPLING	Homo sapiens	37,722	01-OCT-1999
ra01360	259	GB_EST32.AIT25563	728	AIT25563	BNLGH112371 Six-day Cotton fiber Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (U86081) root hair defective 3 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence.	Gossypium hirsutum	38,492	11-Jun-99
		GB_PRR2.HS227P17	82951	Z81007	Human DNA sequence from PAC 227P17, between markers DXS6791 and DXS8038 on chromosome X contains CpG island, EST.	Homo sapiens	39,738	23-Nov-99
		GB_EST34.AV171099	173	AV171099	AV171099 Mus musculus head C57BL/6J 14, 17 day embryo Mus musculus cDNA clone 3200002M11, mRNA sequence.	Mus musculus	46,237	6-Jul-99
ra01361	629	GB_RO.AB008915S1	530	AB008915	Mus musculus mGp1 gene, exon 1.	Mus musculus	45,574	28-Sep-99
		GB_EST72.AI050532	293	AI050532	uc83d10.Y1 Sigano mouse kidney nkha Mus musculus cDNA clone IMAGE:1432243 5' similar to TR.O35120 O35120 MGP1P1, mRNA sequence.	Mus musculus	44,097	9-Jul-98
ra01381	944	GB_RO.AB008895	3062	AB008895	Mus musculus mRNA for mGp1p, complete cds.	Mus musculus	41,316	23-Nov-97
		GB_PL1.AB005237	87835	AB005237	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, P1 clone, MJL3, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,606	20-Nov-99
		GB_GSS5.AQ766840	491	AQ766840	HS_2026_A2_C09_TTC CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=2026 Col=18 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,916	28-Jul-99
		GB_BA1.MTV043	68848	AL022004	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 40/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,419	24-Jun-99
ra01393	993	GB_BA1.CGLYSEG	2374	X96471	C.glytanicum lySE and lysG genes.	Corynebacterium glytanicum	34,831	24-Feb-97
		GB_BA1.SCSA7	40337	AL031107	Streptomyces coelicolor cosmid SA7.	Streptomyces coelicolor	35,138	27-Jul-98
		GB_PRR3.AC004054	112184	AC004054	Homo sapiens chromosome 4 clone B220G8 map 4q21, complete sequence.	Homo sapiens	37,277	9-Jul-98
ra01394	822	GB_BA1.CGLYSEG	2374	X96471	C.glytanicum lySE and lysG genes.	Corynebacterium glytanicum	100,000	24-Feb-97
		GB_GSS5.AQ769223	500	AQ769223	HS_3155_B2_G10_TTC CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3155 Col=20 Row=N, genomic survey sequence.	Homo sapiens	38,400	28-Jul-99

rx001416	630	GB_BA1:SC3C3	31382	AL031231	C. glutamicum lysE and lysG genes.	Corynebacterium glutamicum	33,665	24-Feb-97
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Streptomyces coelicolor cosmid 3C3.	Streptomyces coelicolor	62,726	10-Aug-98
		GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	39,159	22-Aug-97
rx001442	1347	GB_BA1:D90827	18886	D90827	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,340	17-Jun-98
		GB_BA1:D90828	14590	D90828	E. coli genomic DNA, Kohara clone #336(41'2.41'6 min.)	Escherichia coli	58,517	21-MAR-1997
		GB_BA2:AE000279	10855	AE000279	E. coli genomic DNA, Kohara clone #336gap(41'6-41'9 min.).	Escherichia coli	56,151	21-MAR-1997
rx001446	1413	GB_BA1:SC310	39524	AL049754	Escherichia coli K-12 MG1655 section 169 of 400 of the complete genome	Escherichia coli	56,021	12-Nov-98
		GB_BA1:MTY13E10	35019	Z95324	Streptomyces coelicolor cosmid H10.	Streptomyces coelicolor	39,037	04-MAY-1999
rx001483	1395	GB_BA1:MLCB4	36310	AL023514	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 18/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,130	17-Jun-98
		GB_BA1:MTCY98	31225	Z83860	Mycobacterium leprae cosmid B4.	Mycobacterium leprae	37,752	27-Aug-99
		GB_BA1:MSG81229C	30670	L78812	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 103/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,057	17-Jun-98
		GB_BA2:AF027507	5168	AF027507	Mycobacterium leprae cosmid B1229 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	54,382	15-Jun-96
rx001486	757	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Mycobacterium smegmatis dGTPase (dgt), and primase (dnaG) genes, complete cds, rRNA-Asn gene, complete sequence.	Mycobacterium smegmatis	52,941	16-Jan-98
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,941	17-Jun-98
		GB_BA1:SC3C3	31382	AL031231	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	38,451	22-Aug-97
rx001489	1146	GB_BA1:CORFADS	1547	D37967	Streptomyces coelicolor cosmid 3C3.	Streptomyces coelicolor	61,194	10-Aug-98
		GB_BA1:MLCB22	40281	Z98741	Corynebacterium ammoniagenes gene for FAD synthetase, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	58,021	8-Feb-99
		GB_BA1:SC10A7	39739	AL078618	Mycobacterium leprae cosmid B22.	Mycobacterium leprae	38,414	22-Aug-97
rx001491	774	GB_BA1:MTV002	56414	AL008967	Streptomyces coelicolor cosmid 10A7.	Streptomyces coelicolor	36,930	9-Jun-99
		GB_EST13:AA356956	255	AA356956	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 122/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,062	17-Jun-98
		GB_OV:OMDNAPRO1	7327	X92380	EST16614, Jurkat T-cells III Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.	Homo sapiens	37,647	21-Apr-97
rx001508	1662	GB_IN1:CEF28C12	14653	Z93380	O. mossaebicus poliacin I gene.	Tiapia mossaebica	38,289	19-OCT-1995
		GB_IN1:CEF28C12	14653	Z93380	Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	37,994	23-Nov-98
		GB_BA1:SC3E9	37730	AL049841	Caenorhabditis elegans cosmid F28C12, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	38,469	23-Nov-98
rx001512	723	GB_BA1:MUU8875	840	U88875	Streptomyces coelicolor cosmid E9	Streptomyces coelicolor	39,021	19-MAY-1999
					Mycobacterium avium hypoxanthine-guanine phosphoribosyl transferase gene, complete cds.	Mycobacterium avium	57,521	05-MAR-1997

	GB_BA1.MTY15C10	33050	Z95436	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 154/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,086	17-Jun-98	
ra01514	711	GB_BA1.MTCY7H7B	24244	Z95557	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 153/162.	Mycobacterium tuberculosis	43,343	18-Jun-98
	GB_BA1.MLCB2548	38916	ALU02093	Mycobacterium leprae cosmid B2548	Mycobacterium leprae	38,177	27-Aug-99	
	GB_PL1.EGGTPCHI	242	Z49757	E. gracilis mRNA for GTP cyclohydrolase I (core region)	Euglena gracilis	64,876	20-OCT-1995	
ra01515	975	GB_BA1.ECOWM93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes	Escherichia coli	38,943	17-Apr-96
	GB_BA1.ECOWM93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes	Escherichia coli	37,500	17-Apr-96	
	GB_BA1.MTCY49	39430	Z73966	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 93/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,010	24-Jun-99	
ra01516	513	GB_JN1.DME238847	5419	ALJ238847	Drosophila melanogaster mRNA for drosophila dodeca-satellite protein 1 (DDP-1)	Drosophila melanogaster	36,346	13-Aug-99
	GB_HTG3.ACO09210	103814	ACO09210	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR0106 (D1054) RPC1-98 01.16 map 55D-55D strain y: cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 86 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	37,897	20-Aug-99	
ra01517	600	GB_JN2.AF132179	4842	AF132179	Drosophila melanogaster clone LD216777 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.AFO38831	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 TT5J14 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	38,095	7-Jan-99	
ra01521	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_PRR2.ACO02461	197273	AC002461	Human BAC clone RG204116 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	36,623	20-Aug-97	
	GB_PRR2.ACO02461	197273	AC002461	Human BAC clone RG204116 from 7q31, complete sequence.	Homo sapiens	34,719	20-Aug-97	
ra01528	651	GB_ROJ.MMA437P9	163901	AL049866	Mus musculus chromosome X, clone A37P9.	Mus musculus	37,500	29-Jun-99
	GB_PRR3.ACO05740	186780	AC005740	Homo sapiens chromosome 5p, BAC clone 50g21 (LBNL.H154), complete sequence.	Homo sapiens	37,031	01-OCT-1998	
	GB_PRR3.ACO05740	186780	AC005740	Homo sapiens chromosome 5p, BAC clone 50g21 (LBNL.H154), complete sequence.	Homo sapiens	38,035	01-OCT-1998	
ra01551	1998	GB_BA1.MTCY22G10	35420	Z84724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 21/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,371	17-Jun-98
	GB_BA2.ECOWM89	176195	U00006	E. coli chromosomal region from 89.2 to 92.8 minutes.	Escherichia coli	38,064	17-DEC-1993	
ra01561	1053	GB_BA1.SCO11	15441	AL096823	Streptomyces coelicolor cosmid O11	Streptomyces coelicolor	60,775	8-Jul-99
	GB_JN1.CEY62H9A	47396	AL032630	Caenorhabditis elegans cosmid Y6219A, complete sequence	Caenorhabditis elegans	38,514	2-Sep-99	
	GB_PRR4.HSUS1003	3202	U51003	Homo sapiens DLX-2 (DLX-2) gene, complete cds.	Homo sapiens	37,730	07-DEC-1999	
ra01599	1785	GB_OM.PIGDAO1	395	M18444	Pig D-amino acid oxidase (DAO) gene, exon 1.	Sus scrofa	39,340	27-Apr-93
	GB_BA1.MTC125	37432	Z98268	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 76/162.	Mycobacterium tuberculosis	63,300	17-Jun-98	
	GB_BA1.U00021	39193	U00021	Mycobacterium leprae cosmid L247	Mycobacterium leprae	36,756	29-Sep-94	

4t

40

ra01617	795	GB_BA1.ML.CB1351	38936	Z95117	Mycobacterium leprae cosmid B1351	Mycobacterium leprae	36,756	24-Jun-97
		GB_PR2.HS.MT.M0	217657	AL034384	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197, 1J268, A09100, complete sequence bases 1, 217657.	Homo sapiens	40,811	5-Jul-99
		GB_PR2.HS13D10	153147	AL021407	Homo sapiens DNA sequence from PAC 13D10 on chromosome 6p22.3-23. Contains CPG island	Homo sapiens	38,768	23-Nov-99
		GB_PR2.HS.MT.M0	217657	AL034384	Human chromosome Xq28, cosmid clones 7H3, 14D7, C1230, 11E7, F1096, A12197, 1J268, A09100, complete sequence bases 1, 217657.	Homo sapiens	39,018	5-Jul-99
ra01657	723	GB_BA1.MTCY1A10	25949	Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 11/17162	Mycobacterium tuberculosis	40,656	17-Jun-98
		GB_EST6.D79278	392	D79278	HUM213D06B Human aorta polyA+ (TFujiiwara) Homo sapiens cDNA, clone GEN-213D06.5, mRNA sequence.	Homo sapiens	44,262	9-Feb-96
		GB_BA2.AF129925	10243	AF129925	Thiobacillus ferrooxidans carboxysome operon, complete cds.	Thiobacillus ferrooxidans	40,709	17-MAY-1999
ra01660	675	GB_BA1.MTV013	11364	AL021309	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 134/162	Mycobacterium tuberculosis	40,986	17-Jun-98
		GB_RO.MMFV1	6480	X97719	M. musculus retrovirus restriction gene Fv1.	Mus musculus	35,364	29-Aug-96
		GB_PAT.A67508	6480	A67508	Sequence 1 from Patent WO9743410.	Mus musculus	35,364	05-MAY-1999
ra01678	651	GB_VI.TVU95309	600	U95309	Tula virus O64 nucleocapsid protein gene, partial cds.	Tula virus	41,894	28-OCT-1997
		GB_VI.TVU95303	600	U95303	Tula virus O52 nucleocapsid protein gene, partial cds.	Tula virus	41,712	28-OCT-1997
		GB_VI.TVU95302	600	U95302	Tula virus O24 nucleocapsid protein gene, partial cds.	Tula virus	39,576	28-OCT-1997
ra01679	1359	GB_EST5.H91843	362	H91843	ys81601, s1 Soares retina NZB4HR Homo sapiens cDNA clone IMAGE:221208.3' similar to gb.X63749.1ra1 GUANINE NUCLEOTIDE-BINDING PROTEIN (GIT). ALPHA-1 (HUMAN); mRNA sequence.	Homo sapiens	39,157	29-Nov-95
		GB_STS.G26925	362	G26925	human STS SHGC-30023, sequence tagged site.	Homo sapiens	39,157	14-Jun-96
		GB_PL2.AF139451	1202	AF139451	Gossypium robinsonii Cel2A pseudogene, partial sequence.	Gossypium robinsonii	38,910	1-Jun-99
ra01690	1224	GB_BA1.SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid IC2.	Streptomyces coelicolor	60,644	15-Jan-99
		GB_EST22.A064232	493	A064232	GH04563 Spnme GH Drosophila melanogaster head P0172 Drosophila melanogaster cDNA clone GH04563 Spnme, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	38,037	24-Nov-98
		GB_IN2.AF117896	1020	AF117896	Drosophila melanogaster neuropeptide F (nfp) gene, complete cds.	Drosophila melanogaster	36,122	2-Jul-99
ra01692	873	GB_BA2.AF067123	1034	AF067123	Lactobacillus reuteri cobalamin biosynthesis protein J (cbiJ) gene, partial cds; and uroporphyrin-III C-methyltransferase (sumT) gene, complete cds.	Lactobacillus reuteri	48,079	3-Jun-98
		GB_RO.RAT.NHPEP	3085	M37227	Rat heavy neurofilament (NF-H) polypeptide, partial cds.	Rattus norvegicus	37,093	27-Apr-93
ra01698	1353	GB_RO.RS.NFH	3085	X13804	Rat mRNA for heavy neurofilament polypeptide NF-H C-terminus.	Rattus sp	37,093	14-Jul-95
		GB_BA2.AF124600	4115	AF124600	Corynebacterium glutamicum chorismate synthase (aroC), shikimate kinase (aroK), and 3-dehydroquinate synthase (aroB) genes, complete cds; and putative cytoplasmic peptidase (pepD) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	04-MAY-1999
		GB_BA1.MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,323	17-Jun-98

Accession number	Gene description	Length (bp)	Accession date
FPNBI81.5'	end, mRNA sequence.		
NCPI6G817	Peritrichal Neurospora crassa cDNA clone NP68 3' end, mRNA sequence	40,000	12-Apr-96
GB-E1370	AA899038		
AA899038	Neurospora crassa		

ra01807	915	GB_BA1.AP000063	185300	AP000063	Aeropyrum pernix genomic DNA, section 6/7.	Aeropyrum pernix	40,067	22-Jun-99
		GB_HTG4.ACO10694	115857	ACO10694	Drosophila melanogaster clone RPC198-6H2. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 75 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,450	16-OCT-1999
		GB_HTG4.ACO10694	115857	ACO10694	Drosophila melanogaster clone RPC198-6H2. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 75 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,450	16-OCT-1999
ra01821	401	GB_BA1.CGL007732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, aml gene, cod gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	7-Jan-99
		GB_RO.RAT1ALGL	7601	M24108	Rattus norvegicus (clone A2U42) alpha2u globulin gene, exons 1-7.	Rattus norvegicus	38,692	15-DEC-1994
ra01835	654	GB_OV.APIGY2	1381	X73272	Anas platyrhynchos (Super M) IgY upstion heavy chain gene, exon 2.	Anas platyrhynchos	36,962	15-Feb-99
		GB_EST30.AI629479	353	AI629479	486101010 x1 486 - leaf primordia cDNA library from Hake lab Zea mays cDNA, mRNA sequence.	Zea mays	38,109	26-Apr-99
		GB_STS.G48245	515	G48245	SHGC-62915 Human Homo sapiens STS genomic, sequence tagged site.	Homo sapiens	37,021	26-MAR-1999
		GB_GSS3.B49052	515	B49052	RPC11-1412 TV RPC1-11 Homo sapiens genomic clone RPC1-11-412, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,021	8-Apr-99
ra01850	1470	GB_BA2.ECOW67_0	110000	U18997	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 67.4 to 76.0 minutes.	Escherichia coli	37,196	U18997
		GB_BA2.AE000392	10345	AE000392	Escherichia coli K-12 MG1655 section 282 of 400 of the complete genome.	Escherichia coli	38,021	12-Nov-98
		GB_BA2.U32715	13136	U32715	Haemophilus influenzae Rd section 30 of 163 of the complete genome.	Haemophilus influenzae Rd	39,860	29-MAY-1998
ra01878	1002	GB_HTG1.CEY64F11	177748	Z99776	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,564	14-OCT-1998
		GB_HTG1.CEY64F11	177748	Z99776	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,564	14-OCT-1998
		GB_HTG1.CEY64F11	177748	Z99776	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y64F11. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,576	14-OCT-1998
ra01892	852	GB_BA1.MTCY274	39991	Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 126/162.	Mycobacterium tuberculosis	35,910	19-Jun-98
		GB_BA1.MLCB250	40603	Z97369	Mycobacterium leprae cosmid B250.	Mycobacterium leprae	64,260	27-Aug-99
		GB_BA1.MSGB1529C	36985	L78824	Mycobacterium leprae cosmid B1529 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	64,260	15-Jun-96
ra01894	978	GB_BA1.MTCY274	39991	Z74024	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 126/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,229	19-Jun-98
		GB_IN1.CELF46H5	38886	U41543	Caenorhabditis elegans cosmid F46H5.	Caenorhabditis elegans	38,525	29-Nov-96
		GB_HTG3.ACO09204	115633	ACO09204	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR03E19 (D1033) RPC1-98 03.E.19 map 36E.37C strain Y. cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 94 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	31,579	18-Aug-99
ra01920	1125	GB_BA2.AF112536	1739	AF112536	Corynebacterium glutamicum ribonucleotide reductase beta-chain (nrdf) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,733	5-Aug-99
		GB_BA1.CANRDFGE	6054	Y09572	Corynebacterium ammoniagenes nrdf, ndrI, ndrE, ndrF genes.	Corynebacterium ammoniagenes	70,321	18-Apr-98

4w

4x

ra01928	960	GB_BA2AF050168	1228	AF050168	Corynebacterium ammoniagenes ribonucleoside diphosphate reductase small subunit (nrdF) gene, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	72,082	23-Apr-98
		GB_BA1CGPAN	2164	X96580	C.gilvaticum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium	100,000	11-MAY-1999
		GB_PL1AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	35,917	15-Sep-99
		GB_PL1AP000423	154478	AP000423	Arabidopsis thaliana chloroplast genomic DNA, complete sequence, strain Columbia.	Chloroplast Arabidopsis thaliana	33,925	15-Sep-99
ra01929	936	GB_BA1CGPAN	2164	X96580	C.gilvaticum panB, panC & xylB genes.	Corynebacterium	100,000	11-MAY-1999
		GB_BA1XC033548	8429	U033548	Xanthomonas campestris hrpB pathogenicity locus proteins HrpB1, HrpB2, HrpB3, HrpB4, HrpB5, HrpB6, HrpB7, HrpB8, HrpA1, and ORF62 genes, complete cds.	Xanthomonas campestris pv. vesicatoria	38,749	19-Sep-96
ra01940	1059	GB_BA1XANHRRPB6	1329	M99174	Xanthomonas campestris hrpB6 gene, complete cds	Xanthomonas campestris	39,305	14-Sep-93
		GB_JN2CFU43371	1060	UA3371	Citridia fasciculata inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase (UNH) gene, complete cds	Citridia fasciculata	61,417	18-Jun-96
		GB_BA2AE001467	11601	AE001467	Helicobacter pylori, strain J99 section 28 of 132 of the complete genome.	Helicobacter pylori J99	38,560	20-Jan-99
		GB_ROAF175967	3492	AF175967	Homo sapiens Leman coiled-coil protein (LCCP) mRNA, complete cds.	Mus musculus	40,275	26-Sep-99
ra02022	1230	GB_BA1CGDAPE	1966	X81379	C.gilvaticum dape gene and ori2	Corynebacterium	100,000	8-Aug-95
		GB_BA1CGDNMARO	2612	X85965	C.gilvaticum ORF3 and arpP gene	Corynebacterium	38,889	30-Nov-97
		GB_BA1APU47055	6469	UA7055	Anabaena PCC7120 nitrogen fixation proteins (nifE, nifN, nifX, nifW) genes, complete cds, and nitrogenase (nifK) and hnsA genes, partial cds.	Anabaena PCC7120	36,547	17-Feb-96
ra02024	859	GB_BA1MTC364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 52/162	Mycobacterium tuberculosis	59,415	17-Jun-98
		GB_BA1MSG81912C	38503	LO1536	M. leprae genomic dna sequence, cosmid b1912	Mycobacterium leprae	57,093	14-Jun-96
		GB_BA1MLU15180	38675	U15180	Mycobacterium leprae cosmid B1756	Mycobacterium leprae	57,210	09-MAR-1995
ra02027								
ra02031								
ra02072	1464	GB_BA1CGGDHA	2037	X72855	C.gilvaticum GDHA gene.	Corynebacterium	99,317	24-MAY-1993
		GB_BA1CGGDH	2037	X59404	Corynebacterium gilvaticum, gdh gen for glutamate dehydrogenase.	Corynebacterium	94,387	30-Jul-99
		GB_BA1PAE18494	1628	Y18494	Pseudomonas aeruginosa gdhA gene, strain PAC1.	Pseudomonas aeruginosa	62,247	6-Feb-99

ra02085	2358	GB_BA1:MTCY22G8	22550	Z95585	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 49/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,442	17-Jun-98
		GB_BA1:MLCB33	42224	Z94723	Mycobacterium leprae cosmid B33.	Mycobacterium leprae	56,486	24-Jun-97
		GB_BA1:ECOUW85	91414	M87049	E. coli genomic sequence of the region from 84.5 to 86.5 minutes.	Escherichia coli	52,127	29-MAY-1995
ra02093	927	GB_EST14:AAA448146	452	AA448146	zw82h01.r1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:782737	Homo sapiens	34,163	4-Jun-97
		GB_EST17:AA641937	444	AA641937	5', mRNA sequence.	Homo sapiens	35,586	27-OCT-1997
		GB_PRR3:AC003074	143029	AC003074	Human PAC clone DJ0596009 from 7p15, complete sequence.	Homo sapiens	31,917	6-Nov-97
ra02106	1179	GB_BA1:SC1A6	37620	AL023496	Streptomyces coelicolor cosmid 1A6.	Streptomyces coelicolor	35,818	13-Jan-99
		GB_PRR4:AC005553	179651	AC005553	Homo sapiens chromosome 17, clone hRPK.112, J_9, complete sequence.	Homo sapiens	34,274	31-DEC-1998
		GB_EST3:RA9746	397	RA9746	y071g10.r1 Soares infant brain T1NB 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
ra02111	1407	GB_BA1:SC6G10	36734	AL049497	Streptomyces coelicolor cosmid 6G10.	Streptomyces coelicolor	50,791	24-MAR-1999
		GB_BA1:U00010	41171	U00010	Mycobacterium leprae cosmid B1170.	Mycobacterium leprae	37,563	01-MAR-1994
		GB_BA1:MTCY336	32437	Z95586	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 70/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,504	24-Jun-99
ra02112	960	GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	Diosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR09D08 (D1101) RPC1:98 Diosophila melanogaster	Diosophila melanogaster	37,909	24-Sep-99
		GB_GSS3:B09839	1191	B09839	09 D 8 map 96F:96F strain y, on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS	Arabidopsis thaliana	37,843	14-MAY-1997
		GB_HTG3:AC010579	157658	AC010579	***, 121 unordered pieces.	Streptomyces coelicolor	37,909	24-Sep-99
		GB_BA1:SCSECYDN	6154	X83011	T12A12-Sp6 TAMU Arabidopsis thaliana genomic clone T12A12, genomic survey sequence.	Gossypium hirsutum	33,451	11-Jun-99
ra02134	1044	GB_EST132:AT731596	568	AT731596	Diosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR09D08 (D1101) RPC1:98 Diosophila melanogaster	Streptomyces coelicolor	36,533	02-MAR-1998
		GB_BA1:SCSECYDN	6154	X83011	09 D 8 map 96F:96F strain y, on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS	Gossypium hirsutum	33,451	11-Jun-99
		GB_BA1:SCSECYDN	6154	X83011	***, 121 unordered pieces.	Streptomyces coelicolor	36,756	02-MAR-1998
		GB_PRR3:HS525L6	168111	AL023807	BNLGH10185 Six-day Cotton fiber Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (AC004005) putative ribosomal protein L7 [Arabidopsis thaliana], mRNA sequence.	Homo sapiens	34,365	23-Nov-99
ra02135	1197	GB_PL2:ATF2IP8	85765	AL022347	Arabidopsis thaliana DNA sequence from clone RP3-525L6 on chromosome 6p22.3-23 Contains CA repeat, STSs, GSSS and a CpG Island, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,325	9-Jun-99
		GB_PL2:U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana DNA chromosome 4, BAC clone FZ1P8 (ESSA project).	Arabidopsis thaliana	33,874	26-Jun-98

ra02136	645	GB_PL2.ATAC005819 57752	AC005819	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC T3A4 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,123	3-Nov-98	
		GB_PL2.F15K9	71097	AC005278	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F15K9 sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	31,260	7-Nov-98
		GB_PL2.U89959	106973	U89959	Arabidopsis thaliana BAC T7123, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	34,281	26-Jun-98
ra02139	1962	GB_BA1.MTC190	34150	Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 98/162.	Mycobacterium tuberculosis	62,904	17-Jun-98
		GB_BA1.MSGB1554C 36548	L78814		Mycobacterium leprae cosmid B1554 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
		S						
		GB_BA1.MSGB1551C 36548	L78813		Mycobacterium leprae cosmid B1551 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	36,648	15-Jun-96
ra02153	903	S						
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,104	1-Jul-98
		GB_BA1.AFO05242	1044	AFO05242	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase (argC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,224	2-Jul-97
		GB_BA1.CGARGCJB	4355	X86157	C glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
ra02154	414	D						
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,551	1-Jul-98
		GB_BA1.AFO05242	1044	AFO05242	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutamate-5-semialdehyde dehydrogenase (argC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,477	2-Jul-97
		GB_BA1.CGARGCJB	4355	X86157	C glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	25-Jul-96
ra02155	1287	D						
		GB_BA1.CGARGCJB	4355	X86157	C glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99,767	25-Jul-96
		D						
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,378	1-Jul-98
		S						
		GB_BA1.MSGB1133C 42106	L78811		Mycobacterium leprae cosmid B1133 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	55,504	15-Jun-96
ra02156	1074	S						
		GB_BA2.AFO49897	9196	AFO49897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	1-Jul-98

ra02157	1236	GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	100.000	25-Jul-96
		D GB_BA2:AE001816	10007	AE001816	Thermotoga maritima section 128 of 136 of the complete genome.	Thermotoga maritima	50.238	2-Jun-99
ra02158	1080	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99.612	1-Jul-98
		D GB_BA1:MTCY06H11	38000	Z85982	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 73/162.	Corynebacterium glutamicum Mycobacterium tuberculosis	57.278	17-Jun-98
ra02159	636	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100.000	1-Jul-98
		D GB_BA1:CGARGCJB	4355	X86157	C. glutamicum argC, argJ, argB, argD, and argF genes.	Corynebacterium glutamicum	99.898	5-Jan-99
ra02160	1326	GB_BA2:AF031518	2045	AF031518	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100.000	25-Jul-96
		D GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99.843	1-Jul-98
ra02162	1554	GB_BA2:AF031518	2045	AF031518	Corynebacterium glutamicum arginine repressor (argR) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	88.679	5-Jan-99
		D GB_BA2:AF041436	516	AF041436	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100.000	5-Jan-99
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99.774	1-Jul-98
		D GB_BA1:SCARGGH	1909	Z89111	S. clavuligerus argG gene and argJ gene (partial).	Corynebacterium glutamicum	99.834	19-Nov-97
ra02162	1554	GB_BA2:AF049897	9196	AF049897	Corynebacterium glutamicum N-acetylglutarylphosphate reductase (argC), ornithine acetyltransferase (argJ), N-acetylglutamate kinase (argB), acetylornithine transaminase (argD), ornithine carbamoyltransferase (argF), arginine repressor (argR), argininosuccinate synthase (argG), and argininosuccinate lyase (argH) genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	88.524	22-Apr-96
		D GB_BA1:SCARGGH	1909	Z89111	S. clavuligerus argG gene and argJ gene (partial).	Corynebacterium glutamicum	99.834	19-Nov-97

		GB_BA2 AF046764	1437	AF048764	Corynebacterium glutamicum argininosuccinate lyase (argH) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	87,561	1-Jul-98
		GB_BA1 MTCY08H11	38000	Z85982	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 73/162.	Mycobacterium tuberculosis	64,732	17-Jun-98
ra02176	1251	GB_BA1 MTCY31	37630	Z73101	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 41/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,998	17-Jun-98
		GB_BA1 CGGLTG	3013	X66112	C.glytamicum glt gene for citrate synthase and ORF	Corynebacterium glutamicum	39,910	17-Feb-95
		GB_PL2 PGU65399	2700	U65399	Basidiomycete CECT 20197 phenoloxidase (pox1) gene, complete cds.	basidiomycete CECT 20197	38,474	19-Jul-97
ra02189	861	GB_PR3 AC002468	115888	AC002468	Human Chromosome 15q26.1 PAC clone PDJ417d7, complete sequence.	Homo sapiens	35,941	16-Sep-98
		GB_BA1 M5GB1970C	39399	L78815	Mycobacterium leprae cosmid B1970 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	40,286	15-Jun-96
		GB_PR3 AC002468	115888	AC002468	Human Chromosome 15q26.1 PAC clone PDJ417d7, complete sequence.	Homo sapiens	33,689	16-Sep-98
ra02193	1701	GB_BA1 BRLASPA	1987	D25316	Brevibacterium flavum aspa gene for aspartase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,353	6-Feb-99
		GB_PAT E04307	1581	E04307	DNA encoding Brevibacterium flavum aspartase.	Corynebacterium glutamicum	99,367	29-Sep-97
		GB_BA1 ECOW93	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes.	Escherichia coli	37,651	17-Apr-96
ra02194	966	GB_BA2 AF050166	840	AF050166	Corynebacterium glutamicum ATP-phosphotransferase (hisG) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,214	5-Jan-99
		GB_BA1 BRLASPA	1987	D25316	Brevibacterium flavum aspa gene for aspartase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	93,805	6-Feb-99
		GB_PAT E08649	188	E08649	DNA encoding part of aspartase from coryneform bacteria.	Corynebacterium glutamicum	100,000	29-Sep-97
ra02195	393	GB_BA2 AF086704	264	AF086704	Corynebacterium glutamicum phosphotransferase (hisE) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100,000	8-Feb-99
		GB_BA1 EAY17145	6019	Y17145	Eubacterium acidaminophilum gtrR, gtrI, gtrJ genes and partial ldc, gtrT genes.	Eubacterium acidaminophilum	39,075	5-Aug-98
		GB_STS G01195	332	G01195	fruit fly STS Dm1930 clone DS06959 17.	Drosophila melanogaster	35,542	28-Feb-95
ra02197	551	GB_BA1 MTCY261	27322	Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 95/162.	Mycobacterium tuberculosis	33,938	17-Jun-98
		GB_BA1 MLCB2533	40245	AL035310	Mycobacterium leprae cosmid B2533.	Mycobacterium leprae	65,517	27-Aug-99
		GB_BA1 U00017	42157	U00017	Mycobacterium leprae cosmid B2126.	Mycobacterium leprae	36,770	01-MAR-1994
ra02198	2599	GB_BA1 U00017	42157	U00017	Mycobacterium leprae cosmid B2126.	Mycobacterium leprae	38,674	01-MAR-1994
		GB_BA1 MLCB2533	40245	AL035310	Mycobacterium leprae cosmid B2533.	Mycobacterium leprae	65,465	27-Aug-99
		GB_BA1 MTCY261	27322	Z97559	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 95/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,577	17-Jun-98
ra02208	1025	GB_BA1 U00017	42157	U00017	Mycobacterium leprae cosmid B2126.	Mycobacterium leprae	59,823	01-MAR-1994
		GB_BA1 AP000063	185300	AP000063	Aeropyrum pernix genomic DNA, section 67.	Aeropyrum pernix	39,442	22-Jun-99

4bb

		GB_PR4AC006236	127593	AC006236	Homo sapiens chromosome 17, clone hC17_162_E_12, complete sequence.	Homo sapiens	37,191	29-DEC-1998
ra02229	948	GB_BA1MSGY154	40221	AD000002	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y154.	Mycobacterium tuberculosis	53,541	03-DEC-1996
		GB_BA1MTCY154	13935	Z98209	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 121/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,407	17-Jun-98
		GB_BA1U00019	36033	U00019	Mycobacterium leprae cosmid B2235.	Mycobacterium leprae	40,541	01-MAR-1994
ra02234	3462	GB_BA1MSGB937C	38914	L78820	Mycobacterium leprae cosmid B937 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	66,027	15-Jun-96
		GB_BA1MTCY2812	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	71,723	18-Jun-98
		GB_BA2U01072	4393	U01072	Mycobacterium bovis BCG ovidine-5'-monophosphate decarboxylase (uraA) gene.	Mycobacterium bovis	67,101	22-DEC-1993
ra02235	727	GB_BA1MSU91572	960	U91572	Mycobacterium smegmatis carbamoyl phosphate synthetase (pyrAB) gene, partial cds and ovidine 5'-monophosphate decarboxylase (pyrF) gene, complete cds.	Mycobacterium smegmatis	60,870	22-MAR-1997
		GB_HTG3AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99
		GB_HTG3AC009364	192791	AC009364	Homo sapiens chromosome 7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 57 unordered pieces.	Homo sapiens	37,994	1-Sep-99
ra02237	693	GB_BA1MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	55,844	23-Jun-98
		GB_BA2AF077324	5228	AF077324	Rhodococcus equi strain 103 plasmid RE-VP1 fragment f.	Rhodococcus equi	41,185	5-Nov-98
		GB_EST722AU017763	596	AU017763	AU017763 Mouse two-cell stage embryo cDNA Mus musculus cDNA, clone J074A04.3, mRNA sequence.	Mus musculus	38,616	19-OCT-1998
ra02239	1389	GB_BA1MTCY21B4	39150	Z80108	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 62/162.	Mycobacterium tuberculosis	56,282	23-Jun-98
		GB_HTG3AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99
		GB_HTG3AC010745	193862	AC010745	Homo sapiens clone NH0549D18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 30 unordered pieces.	Homo sapiens	36,772	21-Sep-99
ra02240	1344	EM_PAT.E09855	1239	E09855	gDNA encoding S-adenosylmethionine synthetase.	Corynebacterium glutamicum	99,515	07-OCT-1997 (Rel. 52, Created 05-MAR-1997)
		GB_PAT.A37831	5392	A37831	Sequence 1 from Patent WO9408014.	Streptomyces pristinaespiralis	63,568	1997
		GB_BA2AF117274	2303	AF117274	Streptomyces spectabilis flavoprotein homolog Dfp (dfp) gene, partial cds, and Streptomyces spectabilis S-adenosylmethionine synthetase (metK) gene, complete cds.	Streptomyces spectabilis	65,000	31-MAR-1999
ra02246	1107	EM_BA1AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for tb operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	03-OCT-1997 (Rel. 52, Created)

4cc

4dd

ra02247	756	GB_PAT:EO7957	5589	EO7957	gDNA encoding at least guanosine triphosphatase cyclodiphosphate and riboflavin synthase	Corynebacterium ammoniagenes	52,909	29-Sep-97
		GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	52,909	6-Feb-97
		GB_PAT:132743	2689	132743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	57,937	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for the operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	57,937	03-OCT-1997 (Rel)
						Unknown.	57,937	52, Created
ra02248	1389	GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	61,843	6-Feb-97
		GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	61,843	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for the operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	61,843	03-OCT-1997 (Rel)
						Unknown.	61,843	52, Created
						Unknown.	61,843	29-Sep-97
ra02249	600	GB_PAT:EO7957	5589	EO7957	gDNA encoding at least guanosine triphosphatase and riboflavin synthase	Corynebacterium ammoniagenes	64,346	29-Sep-97
		GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97
		GB_PAT:132743	2689	132743	Sequence 2 from patent US 5589355.	Unknown.	64,346	6-Feb-97
		GB_PAT:EO7957	5589	EO7957	gDNA encoding at least guanosine triphosphatase and riboflavin synthase	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	29-Sep-97
ra02250	643	GB_PAT:132742	5589	132742	Sequence 1 from patent US 5589355.	Unknown.	56,318	6-Feb-97
		EM_BA1:AB003693	5589	AB003693	Corynebacterium ammoniagenes DNA for the operon, complete cds.	Corynebacterium ammoniagenes	56,318	03-OCT-1997 (Rel)
						Unknown.	56,318	52, Created
						Unknown.	56,318	7-Jan-99
ra02262	1269	GB_BA1:CGLO07732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	29-MAY-1996
		GB_BA1:CGAMTGEN	2028	X93513	C. glutamicum amt gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	10-Feb-99
						human herpesvirus 5	38,651	7-Jan-99
ra02263	488	GB_VIHHECMWCG	229354	X17403	Human cytomegalovirus strain AD169 complete genome	human herpesvirus 5	100,000	7-Jan-99
		GB_BA1:CGLO07732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	37,526	7-Jan-99
		GB_BA1:CGLO07732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox4 gene.	Corynebacterium glutamicum	37,526	7-Jan-99
ra02272	1368	EM_PAT:EO9373	1591	EO9373	Creatinine deaminase gene.	Bacillus sp	96,928	08-OCT-1997 (Rel)
						Bacillus sp	96,781	52, Created
						Homo sapiens	36,264	7-Aug-98
						Homo sapiens	36,197	17-MAR-1999
ra02281	1545	GB_BA1:038505	1591	D38505	Bacillus sp. gene for creatinine deaminase, complete cds.	Bacillus sp	96,781	7-Aug-98
		GB_HTCZAC006595	146070	AC006595	Homo sapiens *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 4 unordered pieces.	Homo sapiens	36,264	17-MAR-1999
		GB_GSS12:AC041101	551	AC041101	HS_2257_B1_102_MR_CIT Approved Human Genome Sperm Library D	Homo sapiens	36,197	17-MAR-1999
					Homo sapiens genomic clone Plate=2257 Col=3 Row=P, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,197	17-MAR-1999

		GB_EST23.A1128623	363	A1128623	q62c01.s1 Soares_fetal_heart_NBHH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1691328.3. mRNA sequence.	Homo sapiens	37,017	05-OCT-1998
		GB_PL2.ATAC007019	102335	AC007019	Arabidopsis thaliana chromosome II BAC F708 genomic sequence, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	33,988	16-MAR-1999
ra02299	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 genomic clone Plate=2171 Col=2 Row=1 genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,278	16-OCT-1998
		GB_VI.MH68TKH	4557	X93468	Murine herpesvirus type 68 thymidine kinase and glycoprotein H genes.	murine herpesvirus 68	40,288	3-Sep-96
ra02311	813	GB_HTG4.AC006091	176878	AC006091	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48G05 (D475) RPC1-98 48 G 5 map 91F1-91F13 strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 4 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	36,454	27-OCT-1999
		GB_HTG4.AC006091	176878	AC006091	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48G05 (D475) RPC1-98 48 G 5 map 91F1-91F13 strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 4 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	36,454	27-OCT-1999
		GB_BA2.RFU65510	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, cooJ) genes, putative transcriptional activator (cooA) gene, nicotinate-nucleotide pyrophosphorylase (nadc) gene, complete cds, L-aspartate oxidase (nadB) gene, and alkyl hydroperoxide reductase (ahpC) gene, partial cds.	Rhodospirillum rubrum	37,828	9-Apr-97
ra02315	1752	GB_BA1.MSGY224	40051	AD0000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	49,418	03-DEC-1996
		GB_BA1.MTY25010	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 28/162	Mycobacterium tuberculosis	49,360	17-Jun-98
		GB_BA1.MSGY224	40051	AD0000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	38,150	03-DEC-1996
ra02318	402	GB_HTG3.ACO11348	111083	ACO11348	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	35,821	06-OCT-1999
		GB_HTG3.ACO11348	111083	ACO11348	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_303E13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	35,821	06-OCT-1999
		GB_HTG3.ACO11412	89234	ACO11412	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT9785KB_81K21, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 3 ordered pieces.	Homo sapiens	36,181	06-OCT-1999
ra02319	1080	GB_BA1.MSGY224	40051	AD0000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	37,792	03-DEC-1996
		GB_BA1.MTY25010	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,792	17-Jun-98
		GB_EST23.A117213	476	A117213	ub83ho2.r1 Soares 2NbMT Mus musculus cDNA clone IMAGE:1395123 5' mRNA sequence.	Mus musculus	35,084	2-Sep-98

4ee

ra02345	1320	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B ammoniagenes purk. and purf. genes.	Corynebacterium ammoniagenes	61,731	14-Jan-97
		GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 141/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,624	10-Feb-99
		GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 141/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,847	10-Feb-99
ra02350	618	GB_BA1:BAPURKE	2582	X91189	B ammoniagenes purk. and purf. genes.	Corynebacterium ammoniagenes	64,286	14-Jan-97
		GB_PL1:SC130KBXV	129528	X94335	S.cerevisiae 130kb DNA fragment from chromosome XV.	Saccharomyces cerevisiae	36,617	15-Jul-97
		GB_PL1:SCXVORFS	50984	X90518	S.cerevisiae DNA of 51 Kb from chromosome XV, right arm	Saccharomyces cerevisiae	36,617	1-Nov-95
ra02373	1038	GB_PAT:EO0311	1853	EO0311	DNA coding of 2,5-diketogluconic acid reductase.	unidentified	56,123	29-Sep-97
		GB_PAT:106030	1853	106030	Sequence 4 from Patent EP 0305608.	Unknown.	56,220	02-DEC-1994
		GB_PAT:100836	1853	100836	Sequence 1 from Patent US 4758514.	Unknown.	56,220	21-MAY-1993
ra02375	1350	GB_BA2:CGU31230	3005	U31230	Corynebacterium glutamicum Olg protein homolog gene, partial cds, gamma glutamyl kinase (proB) gene, complete cds, and (unkd) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,332	2-Aug-96
		GB_HTG3:AC009946	169072	AC009946	Homo sapiens clone NH0012C17, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 1 unordered pieces.	Homo sapiens	36,115	8-Sep-99
		GB_HTG3:AC009946	169072	AC009946	Homo sapiens clone NH0012C17, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 1 unordered pieces.	Homo sapiens	36,115	8-Sep-99
ra02380	777	GB_BA1:MTCY253	41230	Z81368	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 106/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,088	17-Jun-98
		GB_HTG4:AC010658	120754	AC010658	Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPC98-3820, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,817	16-OCT-1999
		GB_HTG4:AC010658	120754	AC010658	Drosophila melanogaster chromosome 3L/75C1 clone RPC98-3820, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 78 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,817	16-OCT-1999
ra02382	1419	GB_BA1:CGPROAGE	1783	X62929	C.gutamicum proA gene.	Corynebacterium glutamicum	98,802	23-Jan-97
		GB_BA1:MTCY428	26914	Z61451	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 107/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,054	17-Jun-98
		GB_BA2:CGU31230	3005	U31230	Corynebacterium glutamicum Olg protein homolog gene, partial cds, gamma glutamyl kinase (proB) gene, complete cds, and (unkd) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	98,529	2-Aug-96
ra02400	693	GB_BA1:CGACEA	2427	X75504	C.gutamicum acdA gene and thx genes (partial)	Corynebacterium glutamicum	100,000	9-Sep-94
		GB_PAT:186191	2135	186191	Sequence 3 from patent US 5700661.	Unknown.	100,000	10-Jun-98
		GB_PAT:113693	2135	113693	Sequence 3 from patent US 5439822.	Unknown.	100,000	26-Sep-95
ra02432	1098	GB_GSS15:AC060684	574	AC0606842	HS_5404_B2_E07_77A RPC4-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=980 Col=14 Row=J, genomic survey sequence.	Homo sapiens	39,716	10-Jun-99

ff 4ff

4gg

		GB_EST1:T05804	406	T05804	EST03693 Fetal brain, Striagene (ca#936206) Homo sapiens cDNA clone	Homo sapiens	37,915	30-Jun-93
		GB_PL1AB006699	77363	AB006699	HFB063 similar to EST containing Alu repeat, mRNA sequence	Arabidopsis thaliana	35,526	20-Nov-99
ra02458	1413	GB_BA2AF114233	1852	AF114233	complete sequence	Corynebacterium	100,000	7-Feb-99
		GB_EST37AM01306	578	AW013061	Corynebacterium glutamicum 5-adenylylhistidinilate 3-phosphate synthase (apoA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,175	10-Sep-99
		1			0033 5' similar to FRUCTOSE-BISPHOSPHATE ALDOLASE B (LIVER), mRNA sequence	Pleurococcus americanus		
		GB_GS515AC065002	728	AC0650027	Sheared DNA-SL2 TF Sheared DNA Trypanosoma brucei genomic clone	Trypanosoma brucei	39,281	22-Jun-99
ra02469	1554	GB_BA1MTCY359	36021	Z83859	Sheared DNA-SL2 genomic survey sequence.	Mycobacterium tuberculosis	39,634	17-Jun-98
		7			Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 84/162.	Mycobacterium tuberculosis		
		GB_BA1MLCB1788	39228	AL008609	Mycobacterium leprae cosmid B1788	Mycobacterium leprae	59,343	27-Aug-99
		GB_BA1SCA10601	4692	AJ010601	Streptomyces coelicolor A3(2) DNA for mHID and mHIC loci.	Streptomyces coelicolor	48,899	17-Sep-98
ra02497	1050	GB_BA2CGU31224	422	U31224	Corynebacterium glutamicum (ppx) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	96,445	2-Aug-96
		GB_BA1MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	59,429	17-Jun-98
		GB_BA1SCE7	16911	AL049819	Streptomyces coelicolor cosmid E7.	Streptomyces coelicolor	39,510	10-MAY-1999
ra02499	933	GB_BA2CGU31225	1817	U31225	Corynebacterium glutamicum L-proline NADP+ 5-oxoreductase (proC) gene.	Corynebacterium glutamicum	97,749	2-Aug-96
		GB_BA1NG17PILA	1920	X13965	complete cds.	Neisseria gonorrhoeae	43,249	30-Sep-93
		GB_HTG2AC007984	129715	AC007984	Neisseria gonorrhoeae piliA gene.	Neisseria gonorrhoeae	33,406	2-Aug-99
		05_C_10 map 97D-97E strain Y. cn lw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 87 unordered pieces.			Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR05C10 (D/81) RPO1-98	Drosophila melanogaster		
ra02501	1188	GB_BA1MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,357	17-Jun-98
		GB_BA1UD0018	42991	U00018	Mycobacterium leprae cosmid B2168.	Mycobacterium leprae	51,768	01-MAR-1994
		GB_VIHE1CG	152261	X14112	Herpes simplex virus (HSV) type 1 complete genome.	human herpesvirus 1	39,378	17-Apr-97
ra02503	522	GB_PRR3AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26650, complete sequence.	Homo sapiens	39,922	28-Jul-98
		GB_PRR3AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26634, complete sequence.	Homo sapiens	39,922	3-Sep-98
		GB_PRR3AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26660, complete sequence.	Homo sapiens	34,911	28-Jul-98
ra02504	681	GB_BA1MTCY20G9	37218	Z77162	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 25/162.	Mycobacterium tuberculosis	54,940	17-Jun-98
		GB_PRR3AC005328	35414	AC005328	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26660, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	28-Jul-98
		GB_PRR3AC005545	43514	AC005545	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R26634, complete sequence.	Homo sapiens	41,265	3-Sep-98
ra02516	1386	GB_BA1MLC1536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium leprae	37,723	04-DEC-1998
		GB_BA1UD00013	35881	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1496.	Mycobacterium leprae	37,723	01-MAR-1994

rx02517	570	GB_BA1:MLC1536	36224	Z99125	Mycobacterium leprae cosmid L536.	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 64/162.	61,335	17-Jun-98
		GB_BA1:U00013	35681	U00013	Mycobacterium leprae cosmid B1456.	Mycobacterium tuberculosis	37,018	04-DEC-1998
rx02532	1170	GB_BA1:SCC22	22115	AL096839	Streptomyces coelicolor cosmid C22.	Mycobacterium leprae	37,018	01-MAR-1994
		GB_OV:AF137219	831	AF137219	Amia calva mixed lineage leukemia-like protein (Mll) gene, partial cds.	Streptomyces coelicolor	37,071	12-Jul-99
		GB_EST30:AF645057	301	AF645057	vs52a10.1 Striatagene mouse T cell 937311 Mus musculus cDNA clone	Amia calva	36,853	7-Sep-99
		GB_EST20:AA822595	429	AA822595	IMAGE:1148982.5, mRNA sequence.	Mus musculus	41,860	29-Apr-99
rx02536	879	GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	IMAGE:1149882.5, mRNA sequence.	Mus musculus	42,353	17-Feb-98
		GB_HTG2:AF130866	118874	AF130866	Homo sapiens chromosome 8 clone PAC 172N13 map Bq24, ***	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999
		GB_PL1:ATT1215	84499	AL035522	SEQUENCING IN PROGRESS ***, in unordered pieces.	Homo sapiens	40,754	21-MAR-1999
rx02550	1434	GB_BA1:MTCV279	9150	Z97991	Arabidopsis thaliana DNA chromosome 4, BAC clone 112J5 (ESSAII project)	Arabidopsis thaliana	35,063	24-Feb-99
		GB_BA1:MSG81970C	39399	L78815	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 17/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,773	17-Jun-98
		GB_BA2:SC2H4	25970	AL031514	Mycobacterium leprae cosmid B1970 DNA sequence.	Mycobacterium leprae	39,024	15-Jun-96
rx02559	1026	GB_PAT1:28684	5100	I28684	Sequence 1 from patent US 5573915.	Streptomyces coelicolor A3(2)	37,906	19-OCT-1999
		GB_BA1:MTU27357	5100	I27357	Mycobacterium tuberculosis cyclopropane mycolic acid synthase (cma1) gene, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	47,358	18-Jun-98
rx02622	1683	GB_BA2:AE001780	11997	AE001780	Thermotoga maritima section 92 of 136 of the complete genome.	Mycobacterium tuberculosis	39,138	6-Feb-97
		GB_OV:AF064564	49254	AF064564	Fugu rubripes neurofibromatosis type 1 (NF1), A-kinase anchor protein (AKAP84), BAW protein (BAW), and WSB1 protein (WSB1) genes, complete cds.	Thermotoga maritima	39,138	26-Sep-95
		GB_OV:AF064564	49254	AF064564	Fugu rubripes neurofibromatosis type 1 (NF1), A-kinase anchor protein (AKAP84), BAW protein (BAW), and WSB1 protein (WSB1) genes, complete cds.	Fugu rubripes	44,914	2-Jun-99
rx02623	714	GB_GSS5:AQ818728	444	AQ818728	HS_5288_A1_G09_SP6E RPCH:11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=844 Col=17 Row=M, genomic survey sequence.	Fugu rubripes	39,732	17-Aug-99
		GB_HTG5:AC011083	198586	AC011083	HS_5288_A1_G09_SP6E RPCH:11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=844 Col=17 Row=M, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,703	17-Aug-99
		GB_GSS6:AQ826948	544	AQ826948	Homo sapiens chromosome 9 clone RP11-111M7 map 9, WORKING DRAFT SEQUENCE, 51 unordered pieces	Homo sapiens	38,801	26-Aug-99
					HS_5014_A2_C12_17A RPCH:11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=590 Col=24 Row=E, genomic survey sequence.	Homo sapiens	35,714	19-Nov-99
						Homo sapiens	39,146	27-Aug-99

4hh

4ii

rx002629	708	GB_VI.BRSMGP	462	M86552	Bovine respiratory syncytial virus membrane glycoprotein mRNA, complete cds.	Bovine respiratory syncytial virus	37,013	28-Apr-93
		GB_VI.BRSMGP	462	M86552	Bovine respiratory syncytial virus membrane glycoprotein mRNA, complete cds.	Bovine respiratory syncytial virus	37,013	28-Apr-93
rx002645	1933	GB_PAT.A45577	1925	A45577	Sequence 1 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	39,130	07-MAR-1997
		GB_PAT.A45581	1925	A45581	Sequence 5 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	39,130	07-MAR-1997
rx002646	1392	GB_BA1.CORILYA	1925	L01508	Corynebacterium glutamicum theonine dehydratase (tlyA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,130	26-Apr-93
		GB_BA1.CORILYA	1925	L01508	Corynebacterium glutamicum theonine dehydratase (tlyA) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,138	26-Apr-93
		GB_PAT.A45585	1925	A45585	Sequence 9 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	99,066	07-MAR-1997
		GB_PAT.A45583	1925	A45583	Sequence 7 from Patent WO9519442.	Corynebacterium glutamicum	99,066	07-MAR-1997
rx002648	1326	GB_OV.ICTCNC	2049	M83111	Ictalurus punctatus cyclic nucleotide-gated channel RNA sequence	Ictalurus punctatus	38,402	24-MAY-1993
		GB_EST11:AA265464	345	AA265464	mx91c06.r1 Soares mouse NML Mus musculus cDNA clone IMAGE 693706 5', mRNA sequence.	Mus musculus	38,655	20-MAR-1997
		GB_GSS8.AQ006950	480	AC006950	CIT-HSP-2294E14 TR CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2294E14, genomic survey sequence	Homo sapiens	36,074	27-Jun-98
rx002653								
rx002687	1068	GB_BA1.CORPHEA	1088	M13774	C. glutamicum pheA gene encoding prephenate dehydratase, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,715	26-Apr-93
		GB_PAT.E04483	948	E04483	DNA encoding prephenate dehydratase.	Corynebacterium glutamicum	98,523	29-Sep-97
		GB_PAT.E06110	948	E06110	DNA encoding prephenate dehydratase.	Corynebacterium glutamicum	98,523	29-Sep-97
rx002717	1005	GB_PL1.HVCH4H	59748	Y14573	Hordeum vulgare DNA for chromosome 4H.	Hordeum vulgare	36,593	25-MAR-1999
		GB_PRR2.HS310H5	29718	Z69705	Human DNA sequence from cosmid 310H5 from a contig from the tip of the short arm of chromosome 16, spanning 2Mb of 16p13.3. Contains EST and CpG island	Homo sapiens	36,089	22-Nov-99
		GB_PRR3.AC004754	39188	AC004754	Homo sapiens chromosome 16, cosmid clone RT286 (LANL), complete sequence.	Homo sapiens	36,089	28-MAY-1998
rx002734	1461	GB_HTG2.AC008223	130212	AC008223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR16118 (DB15) RPC1-98 161,18 map 95A-95A strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 101 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	32,757	2-Aug-99

		GB_HTG2.ACO08223	130212	ACO08223	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR1618 (D815) RPC1-98 16.118 map 95A-95A strain y, cn bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 101 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	32,757	2-Aug-99
		GB_BA1.MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 141/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,838	10-Feb-99
ra02758	1422	GB_HTG5.ACO11678	171967	ACO11678	Homo sapiens clone 14_B_7.*** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 20 unordered pieces.	Homo sapiens	35,331	5-Nov-99
		GB_HTG5.ACO11678	171967	ACO11678	Homo sapiens clone 14_B_7.*** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 20 unordered pieces.	Homo sapiens	33,807	5-Nov-99
		GB_BA2.AFO64070	23183	AFO64070	Burkholderia pseudomallei putative dihydroorotase (pyrC) gene, partial cds; putative 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase (lplC), putative diadenosine tetraphosphatase (lplH), complete cds; type II O-antigen biosynthesis gene cluster, complete sequence, putative undecaprenyl phosphate N-acylglycosaminyltransferase, and putative UDP-glucose 4-epimerase genes, complete cds, and putative galactosyl transferase gene, partial cds.	Burkholderia pseudomallei	36,929	20-Jan-99
ra02771	678	GB_BA2.AFO38651	4077	AFO38651	Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dclAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apb) and GTP pyrophosphokinase (rel) genes, complete cds, and unknown gene.	Corynebacterium glutamicum	99,852	14-Sep-98
		GB_IN1.CELL19B4	37121	U80438	Caenorhabditis elegans cosmid T119B4.	Caenorhabditis elegans	43,836	04-DEC-1996
ra02772	1158	GB_EST36.AV193572	360	AV193572	AV193572 Yuiji Konara unpublished cDNA. Strain N2 hermaphrodite embryo Caenorhabditis elegans cDNA clone yk618h8 5'. mRNA sequence.	Caenorhabditis elegans	48,588	22-Jul-99
		GB_BA2.AFO38651	4077	AFO38651	Corynebacterium glutamicum dipeptide-binding protein (dclAE) gene, partial cds; adenine phosphoribosyltransferase (apb) and GTP pyrophosphokinase (rel) genes, complete cds, and unknown gene.	Corynebacterium glutamicum	99,914	14-Sep-98
		GB_BA1.MTCY227	35946	Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 114/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,339	17-Jun-98
		GB_BA1.U00011	40429	U00011	Mycobacterium leprae cosmid B1177.	Mycobacterium leprae	38,996	01-MAR-1994
ra02790	1266	GB_BA1.MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,640	17-Jun-98
		GB_PR4.ACO06581	172931	ACO06581	Homo sapiens 12p21 BAC RPC11-259018 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC library) complete sequence.	Homo sapiens	37,906	3-Jun-99
		GB_PR4.ACO06581	172931	ACO06581	Homo sapiens 12p21 BAC RPC11-259018 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC library) complete sequence.	Homo sapiens	35,280	3-Jun-99
ra02791	951	GB_BA1.MTCY159	33818	Z83863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,765	17-Jun-98
		GB_OV.CHKCEK2	3694	M35195	Chicken tyrosine kinase (ck2), mRNA, complete cds.	Mycobacterium tuberculosis	38,937	28-Apr-93
		GB_BA1.MSASDASK	5037	Z17372	M smegmatis asd, ask-alpha, and ask-beta genes.	Gallus gallus	38,495	9-Aug-94
ra02802	1194	GB_EST24.A123401	169	A123401	q948g01 x1 Soares_testis_NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1838448 3' similar to WP_C25D7.8 CE08394... mRNA sequence.	Homo sapiens	40,828	27-OCT-1998

4jj

표 4kk

rs03223	1237	GB_EST24AI223401	169	AI223401	9948901 x1 Soares, Jettis, NHT Homo sapiens cDNA, clone IMAGE:1838448 3' similar to VP C25D7.8 CE08394.1; mRNA sequence.	Homo sapiens	40,828	27-OCT-1998
		GB_BA1.MTCV7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 138/162	Mycobacterium tuberculosis	58,418	17-Jun-98
		GB_BA1.MTCV7D11	22070	Z95120	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 138/162	Mycobacterium tuberculosis	40,496	17-Jun-98
rs02843	608	GB_PR1.HSAJ2962	778	AJ002962	Homo sapiens mRNA for hB-FABP	Homo sapiens	39,826	8-Jan-98
		GB_BA1.CGAJ4934	1160	AJ004934	Corynebacterium glutamicum dapD gene, complete CDS	Corynebacterium glutamicum	100,000	17-Jun-98
		GB_BA1.MTC364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 52/162	Mycobacterium tuberculosis	37,710	17-Jun-98
		GB_BA1.MLU15180	38675	U15180	Mycobacterium leprae cosmid B1756	Mycobacterium leprae	39,626	09-MAR-1995
rs03205	963	GB_BA1.BLSGBGN	2906	Z49824	B lactoferrin ori gene and sigB gene	Corynebacterium glutamicum	854	25-Apr-96
		GB_EST21.AA980237	377	AA980237	IMAGE:1348414 5' similar to TR:Q61025 Q61025 HYPOTHETICAL 15.2 KD PROTEIN.1; mRNA sequence.	Mus musculus	41,489	27-MAY-1998
		GB_EST23.A158316	371	A158316	IMAGE:1447112 5' mRNA sequence.	Mus musculus	38,005	30-Sep-98
		GB_JN1.LMF12743	38368	AL031910	Leishmania major Friedlin chromosome 4 cosmid L2743.	Leishmania major	39,859	15-DEC-1999
		GB_PR3.HSDJ61B2	119566	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 (230240KD), an exon of a gene similar to murine MACF cytoskeletal protein, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	34,930	17-DEC-1999
		GB_PR3.HSDJ61B2	119566	AL096710	Human DNA sequence from clone RP1-61B2 on chromosome 6p11.2-12.3 (230240KD), an exon of a gene similar to murine MACF cytoskeletal protein, STSs and GSSs, complete sequence.	Homo sapiens	34,634	17-DEC-1999

실시예

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

BHI 배지 (Difco 제품) 중의 코리네박테리움 글루타미쿰 (ATCC 13032) 배양물을 30℃에서 격렬히 진탕시키면서 밤새 성장시켰다. 원심분리하여 세포를 회수하여 상층액은 버리고, 세포를 5 ml 완충액-I (배양물 처음 부피의 5%에 해당함-나타낸 모든 부피는 배양 부피 100 ml에 대해 계산한 값임) 중에 재현탁했다. 완충액-I의 조성은 다음과 같았다: 140.34 g/L 수크로스, 2.46 g/L MgSO₄ × 7 H₂O, 10 ml/L KH₂PO₄ 용액 (100 g/L, KOH를 사용하여 pH 6.7로 조절), 50 ml/L M12 농축물 (10 g/L (NH₄)₂SO₄, 1 g/L NaCl, 2 g/L MgSO₄ × 7 H₂O, 0.2 g/L CaCl₂, 0.5 g/L 효모 추출물 (Difco 제품), 10 ml/L 미량 원소 혼합물 (200 mg/L FeSO₄ × H₂O, 10 mg/L ZnSO₄ × 7 H₂O, 3 mg/L MnCl₂ × 4 H₂O, 30 mg/L H₃BO₃, 20 mg/L CoCl₂ × 6 H₂O, 1 mg/L NiCl₂ × 6 H₂O, 3 mg/L Na₂MoO₄ × 2 H₂O, 500 mg/L 착화제 (EDTA 또는 시트르산), 100 ml/L 비타민 혼합물 (0.2 mg/L 비오틴, 0.2 mg/L 엽산, 20 mg/L p-아미노 벤조산, 20 mg/L 리보플라빈, 40 mg/L ca-판토텐네이트, 140 mg/L 니코틴산, 40 mg/L 피리독솔 히드로클로라이드, 200 mg/L 미오-이노시톨). 상기 현탁액에 리소짐을 최종 농도 2.5 mg/ml로 첨가했다. 37℃에서 대

약 4 시간 동안 인큐베이션시킨 다음, 세포벽을 파괴하고 원심분리하여, 원형질체를 수거했다. 펠렛을 5 ml 완충액-I으로 1 회 세척하고, 5 ml TE-완충액 (10 mM 트리스-HCl, 1 mM EDTA, pH 8)으로 1 회 세척했다. 펠렛을 4 ml TE-완충액 중에 재현탁하고, 0.5 ml SDS 용액 (10%) 및 0.5 ml NaCl 용액 (5 M)을 첨가했다. 프로테아제 K를 최종 농도 200 $\mu\text{g}/\text{ml}$ 로 첨가한 다음, 상기 현탁액을 37°C에서 약 18 시간 동안 인큐베이션시켰다. 표준 방법을 이용하여, 페놀, 페놀-클로로포름-이소아밀알콜 및 클로로포름-이소아밀알콜로 추출하여 DNA를 정제했다. 그 다음, 1/50 부피의 3 M 아세트산 나트륨 및 2 배 부피의 에탄올을 첨가하여 DNA를 침전시킨 후, -20°C에서 30 분 동안 인큐베이션시키고, SS34 회전자 (Sorvall 제품)를 사용한 고속 원심분리기로 12,000 rpm에서 30 분 동안 원심분리했다. 상기 DNA를 20 $\mu\text{g}/\text{ml}$ RNaseA를 함유한 1 ml TE-완충액 중에 용해시키고, 4°C에서 3 시간 이상 동안 1000 ml TE-완충액 중에 투석했다. 투석 동안, 상기 완충액을 3 회 갈아주었다. 투석된 DNA 용액을 0.4 ml씩 분취하여, 0.4 ml 2 M LiCl 및 0.8 ml 에탄올을 첨가했다. -20°C에서 30 분 동안 인큐베이션시킨 다음, 원심분리 (13,000 rpm, 독일 하나우 헤라우스 소재의 Biofuge Fresco 제품)하여 DNA를 수집했다. DNA 펠렛을 TE-완충액 중에 용해했다. 이 방법으로 프래밍된 DNA를 서던 블롯팅 또는 게놈 라이브러리 제작 등의 모든 목적에 이용했다.

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

<214> 실시예 1에 기재한 바와 같이 프래밍된 DNA를 사용하여, 공지되고 수립된 방법 (예를 들면, 문헌 [Sambrook, J. et al. (1989) "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory Press] 또는 문헌 [Ausubel, F.M. et al. (1994) "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons] 참조)에 따라 코스미드 및 플라스미드 라이브러리를 제작했다.

<215> 임의의 플라스미드 또는 코스미드를 사용할 수 있었다. 특히, 플라스미드 pBR322 (문헌 [Sutcliffe, J.G. (1979) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75:3737-3741]); pACYC177 (문헌 [Change & Cohen (1978) J. Bacteriol 134:1141-1156]), pBS 계열의 플라스미드 (pBSSK+, pBSSK- 등; 문헌 [Stratagene, LaJolla, USA]), 또는 SuperCos I (문헌 [Stratagene, LaJolla, USA]) 또는 Lorist6 (문헌 [Gibson, T.J., Rosenthal A. and Waterson, R.H. (1987) Gene 53:283-286]) 등의 코스미드를 사용했다. 구체적으로, 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 유전자 라이브러리는 플라스미드 pSL 109 (문헌 [Lee, H.-S. and A.J. Sinskey (1994) J. Microbiol. Biotechnol. 4:256-263])를 사용하여 제작할 수 있다.

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

<217> 실시예 2에 기재한 바와 같은 게놈 라이브러리를 사용하여, 표준 방법에 따른 DNA 서열분석, 특히 ABI377 서열분석기를 사용한 쉘 종결 방법 (예를 들면, 문헌 [Fleischman, R.D. et al. (1995) "Whole-genome Random Sequencing and Assembly of Haemophilus Influenzae Rd., Science, 269:496-512)에 의한 DNA 서열분석을 수행했다. 다음의 뉴클레오티드 서열을 갖는 서열분석 프라이머를 사용했다: 5'-GGAAACAGTATGACCATG-3' (서열 1157) 또는 5'-GTAAACGACGGCCAGT-3' (서열 1158).

<218> **실시예 4: 생체내 돌연변이유발법**

<219> 코리네박테리움 글루타미쿰의 생체내 돌연변이유발법은 완전한 유전 정보 유지 능력이 손상된 대장균 또는 다른 미생물 (예를 들면, 바실루스 종 또는 사카로마이세스 세레비지에 등의 효모)에 플라스미드 (또는 다른 벡터) DNA를 계대접종하여 수행할 수 있다. 전형적인 돌연변이유발 균주는 DNA 복구 시스템에 관한 유전자 (예를 들면, mutHLS, mutD, mutT 등; 참고를 위해서는, 문헌 [Rupp, W.D. (1996) DNA repair mechanisms, in: Escherichia coli and Salmonella, p.2277-2294, ASM: Washington]을 참조한다)에 돌연변이가 있다. 이러한 균주들은 당업자에게 공지되어 있다. 이런 균주의 사용법은 예를 들어, 문헌 [Greener, A. and Callahan, M. (1994) Strategies 7:32-34]에 설명되어 있다.

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

<221> 여러 코리네박테리움 및 브레비박테리움 종은 자율적으로 복제되는 내인성 플라스미드 (예를 들면, pHM1519 또는 pBL1 등)를 함유하고 있다 (이에 관해 살펴보기 위해서는, 예를 들어 문헌 [Martin, J.F. et al. (1987) Biotechnology, 5:137-146]을 참조한다). 대장균 및 코리네박테리움 글루타미쿰에 사용하기 위한 서틀 벡터는 코리네박테리움 글루타미쿰을 위한 복제 기점 및 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 적당한 마커를 첨가한, 대장균에 사용하는 표준 벡터 (문헌 [Sambrook, J. et al. (1989), "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory Press] 또는 문헌 [Ausubel, F.M. et al. (1994) "Current Protocols in Molecular Biology", John Wiley & Sons])를 사용하여 쉽게 제작할 수 있다. 상기 복제 기점은

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

<222>

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

<223>

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

<224>

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

<225>

실시예 6: 돌연변이 단백질의 발현 평가

<226>

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

<227>

이 mRNA로부터 번역된 단백질의 존재 여부 또는 그 상대량을 평가하기 위해서는, 웨스턴 블롯팅과 같은 표준 기술을 사용할 수 있다 (예를 들어, 문헌 [Ausubel et al. (1988) Current Protocols in Molecular Biology, Wiley: New York]을 참조한다). 이 방법에서, 세포내 전체 단백질을 추출하고, 겔 전기영동법으로 분리한 후, 이를 니트로셀룰로스 등과 같은 매트릭스로 전달하여, 원하는 단백질에 특이적으로 결합하는 항체 등의 프로브와 인큐베이션시킨다. 통상적으로, 이 프로브는 쉽게 검출될 수 있는 화학발광성 또는 비색성 표지로 태그된 것이다. 관찰된 표지의 존재 여부 및 양은 그 세포 내에서 원하는 돌연변이 단백질의 존재 여부 및 양을 지시

한다.

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

<229> 유전적으로 변형된 코리네박테리아를 합성 또는 천연 성장 배지에서 배양한다. 코리네박테리아의 수많은 상이한 성장 배지는 당업계에 공지되어 있으며, 또한 쉽게 이용가능하다 (문헌 [Lieb et al. (1989) Appl. Microbiol. Biotechnol., 32:205-210], 문헌 [von der Osten et al. (1998) Biotechnology Letters, 11:11-16], 문헌 [독일 특허 제4,120,867호], 문헌 [Liebl (1992) "The Genus *Corynebacterium*", in: The Prokaryotes, Volume II, Balows, A. et al., eds. Springer-Verlag]). 상기 배지는 1종 이상의 탄소 공급원, 질소 공급원, 무기염, 비타민 및 미량 원소로 구성된다. 바람직한 탄소 공급원은 단당류, 이당류, 또는 다당류 등의 당이다. 예를 들면, 글루코스, 프룩토스, 만노스, 갈락토스, 리보스, 소르보스, 리불로스, 락토스, 말토스, 수크로스, 라피노스, 녹말 또는 셀룰로스가 매우 훌륭한 탄소 공급원으로 기능한다. 또한, 당 정제시 생성되는 당밀 또는 기타 부산물 등과 같은 복합 화합물 등을 통해 당을 배지에 공급할 수도 있다. 또한, 상이한 탄소 공급원들의 혼합물을 공급하는 것도 유리할 수 있다. 다른 가능한 탄소 공급원은 메탄올, 에탄올, 아세트산 또는 락트산 등의 알콜 및 유기산이다. 질소 공급원은 통상적으로 유기 또는 무기 질소 화합물, 또는 이러한 화합물을 함유하는 물질이다. 질소 공급원의 예로는 암모니아 기체 또는 NH_4Cl 또는 $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$, NH_4OH 등의 암모니아염, 질산염, 우레아, 아미노산 또는 옥수수 침유 (steep liquor), 대두 가루, 대두 단백질, 효모 추출물, 육류 추출물 등의 복합 질소 공급원 등이 있다.

<230> 배지에 포함될 수 있는 무기 염 화합물로는 칼슘, 마그네슘, 나트륨, 코발트, 몰리브데넘, 칼륨, 망간, 아연, 구리 및 철의 염산염, 인산염, 또는 황산염 등이 있다. 킬레이트 화합물을 배지에 첨가하여 금속 이온을 용액 상태로 유지할 수 있다. 특히 유용한 킬레이트 화합물로는 카테콜 또는 프로토키테쿠에이트 등의 디히드록시페놀, 또는 시트르산 등의 유기산 등이 있다. 또한, 통상적으로 배지에는 비타민 또는 성장 촉진제 등의 다른 성장 요소가 포함되어 있고, 이들의 예로는 비오틴, 리보플라빈, 티아민, 엽산, 니코틴산, 판토텐네이트 및 피리독신 등이 있다. 성장 요소 및 염은 흔히 효모 추출물, 당밀, 옥수수 침유 등과 같은 복합 배지 성분에서 생긴다. 배지 화합물의 정확한 조성은 이후의 실험에 따라 크게 달라지고, 각각의 특정 경우마다 따로 결정된다. 배지의 최적화에 관한 정보는 문헌 ["Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach (eds. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) pp.53-73, ISBN 0 19 963577 3)]에서 찾을 수 있다. 또한, 스탠다드 1 (Merck 제품) 또는 BHI (곡물 속 침출물, DIFCO 제품) 등과 같이 제조 회사로부터의 성장배지 중에서 선택할 수도 있다.

<231> 모든 배지 성분들을 열처리 (1.5 bar 및 121°C에서 20 분) 또는 멸균 여과로 멸균시킨다. 이 성분들을 한꺼번에 멸균하거나, 필요에 따라 따로따로 멸균할 수 있다. 모든 배지 성분들은 배양 초기부터 존재하거나, 경우에 따라 연속적으로 또는 배치식으로 (batchwise) 첨가될 수 있다.

<232> 배양 조건은 각 실험마다 따로 정의된다. 온도는 15°C와 45°C 사이의 범위여야 한다. 온도는 일정하게 유지하거나 실험하는 동안 변경할 수 있다. 배지의 pH는 5 내지 8.5의 범위, 바람직하게는 약 7.0이어야 하며, 배지에 완충액을 첨가하여 유지시킬 수 있다. 이러한 목적으로 사용할 수 있는 완충액의 예로는 인산 칼륨 완충액 등이 있다. MOPS, HEPES, ACES 등과 같은 합성 완충액을 대안적으로 사용하거나 동시에 사용할 수 있다. 또한, 배양하는 동안 NaOH 또는 NH_4OH 를 첨가하여 배양물의 pH를 일정하게 유지시킬 수도 있다. 효모 추출물 등의 복합 배지 성분이 사용되는 경우, 많은 복합 화합물들은 완충 성능이 높기 때문에, 추가의 완충액에 대한 요구를 감소시킬 수 있다. 미생물 배양에 발효기를 사용하는 경우, pH는 암모니아 기체를 사용하여 제어할 수도 있다.

<233> 인큐베이션 시간 범위는 통상적으로 수 시간 내지 수 일이다. 이 시간은 브로스 (broth)에 축적되는 생성물의 양이 최대가 되도록 선택한다. 개시한 배양 실험을 상이한 크기의 마이크로타이터 플레이트, 유리관, 유리 플라스크 또는 유리 또는 금속 발효기 등의 다양한 용기에서 수행할 수 있다. 수많은 클론을 스크리닝하기 위해서는, 미생물을 배플 (baffle)이 있거나 없는 마이크로타이터 플레이트, 유리관 또는 진탕 플라스크에서 배양해야 한다. 요구되는 성장 배지를 100 ml 진탕 플라스크에 10% (부피비) 채워 사용하는 것이 바람직하다. 이 플라스크들은 속도 범위 100-300 rpm의 회전 진탕기 상에서 진탕 (진폭 25 mm)되어야 한다. 증발에 의한 손실량은 대기를 습하게 유지함으로써 감소될 수 있다; 별법으로, 증발에 의한 손실량을 정확하게 보정해야 한다.

<234> 유전적으로 변형된 클론을 시험하는 경우, 비변형된 대조 클론 또는 임의의 인서트가 없는 기본 플라스미드를

함유하는 대조 클론도 시험해야 한다. 30℃에서 인큐베이션한 CM 플레이트 (10 g/L 글루코스, 2.5 g/L NaCl, 2 g/L 우레아, 10 g/L 폴리펩톤, 5 g/L 효모 추출물, 5 g/L 육류 추출물, 22 g/L 아가, 2 M NaOH을 사용하여 pH 6.8로 조절) 등과 같은 아가 플레이트 상의 세포를 OD₆₀₀ 0.5-1.5이 되도록 배지에 접종한다. 배지 접종은 CM 플레이트로부터의 코리네박테리움 글루타미쿰 세포의 염수 현탁액을 도입하거나, 이 박테리아의 예비배양물을 첨가하여 수행한다.

<235> **실시예 8: 돌연변이 단백질의 기능에 관한 시험관내 분석**

<236> 효소의 활성 및 반응 속도 파라미터의 측정 방법은 당업계에서 잘 수립되어 있다. 임의의 주어진 변형된 효소의 활성 측정 실험은 야생형 효소의 비활성(比活性)에 맞추어야 하며, 당업자라면 이를 잘 수행할 수 있다. 효소의 구조, 반응 속도, 원리, 방법, 적용에 관한 구체적인 세부사항 뿐 아니라 효소에 관한 통상적인 개요 및 많은 효소들의 활성 측정 방법의 예를 하기의 참고문헌 등에서 찾을 수 있다: 문헌 [Dixon, M., and Webb, E.C., (1979) Enzymes. Longmans: London; Fersht, (1985) Enzyme Structure and Mechanism. Freeman: New York], 문헌 [Walsh, (1979) Enzymatic Reaction Mechanisms. Freeman: San Francisco], 문헌 [Price, N.C., Stevens, L. (1982) Fundamentals of Enzymology. Oxford Univ. Press: Oxford], 문헌 [Boyer, P.D., ed. (1983) The Enzymes, 3rd ed. Academic Press: New York], 문헌 [Bisswanger, H., (1994) Enzymkinetik, 2nd ed. VCH: Weinheim (ISBN 3527300325)], 문헌 [Bergmeyer, H.U., Bergmeyer, J., Grassl, M., eds. (1983-1986) Methods of Enzymatic Analysis, 3rd ed., vol.I-XII, Verlag Chemie: Weinheim], 및 문헌 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry (1987) vol.A9, "Enzymes". VCH: Weinheim, p.352-363].

<237> DNA에 결합하는 단백질 활성은 DNA 밴드-변위 분석법 (겔 지연 분석법 (gel retardation assays)으로도 지칭됨) 등과 같이 잘 수립된 여러 방법들을 사용하여 측정할 수 있다. 상기 단백질들이 다른 분자들의 발현에 미치는 영향은 리포터 유전자 분석법 (예를 들면, 문헌 [Kolmar, H. et al. (1995) EMBO J. 14:3895-3904] 및 이 문헌에서 인용한 참고 문헌에 기재된 바와 같음)을 사용하여 측정할 수 있다. β-갈락토시다제 등의 효소, 녹색 형광 단백질 및 기타 여러가지를 사용하는 리포터 유전자 시험 시스템은 원핵 세포 및 진핵 세포 모두에의 적용에 대해 공지되어 있으며, 잘 수립되어 있다.

<238> 막 수송 단백질의 활성 측정은 문헌 [Gennis, R.B. (1989) "Pores, Channels and Transporters", in Biomembranes, Molecular Structure and Function, Springer: Heidelberg, p.85-137, 199-234, 및 270-322]에 기재된 기술 등에 따라 수행될 수 있다.

<239> **실시예 9: 원하는 생물체 생산에 대한 돌연변이 단백질의 영향 분석**

<240> 코리네박테리움 글루타미쿰에서의 유전적 변형이 원하는 화합물 (예를 들면, 아미노산)의 생산에 미치는 영향은 변형된 미생물을 적당한 조건 (예를 들면, 상기 기재한 바와 같음) 하에 배양하고, 원하는 생물체 (즉, 아미노산)의 생성 증가에 관여한 배지 성분 및(또는) 세포내 성분을 분석하여 평가할 수 있다. 이러한 분석 기술은 당업자에게 공지되어 있으며, 분광분석법, 박층크로마토그래피법, 각종 염색법, 효소적 및 미생물학적 방법, 및 고성능 액체 크로마토그래피법 등과 같은 분석용 크로마토그래피법 등이 있다 (예를 들면, 문헌 [Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol.A2, p.89-90 및 p.443-613, VCH: Weinheim (1985)], 문헌 [Fallon, A. et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol.17], 문헌 [Rehm et al. (1993) Biotechnology, vol.3, Chapter III: "Product recovery and purification", page 469-714, VCH: Weinheim], 문헌 [Belter, P.A. et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for biotechnology, John Wiley and Sons], 문헌 [Kennedy, J.F. and Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological materials, John Wiley and Sons], 문헌 [Shaeiwitz, J.A. and Henry, J.D. (1988) Biochemical separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol.B3, Chapter 11, page 1-27, VCH: Weinheim], 및 문헌 [Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications] 참조).

<241> 최종 발효 생성물의 측정 뿐 아니라, 중간체 및 부산물 등과 같이 원하는 화합물의 생성에 이용된 대사 경로 중의 다른 성분들의 분석, 전체적인 화합물 생성 효율의 측정 또한 가능하다. 분석 방법으로는 배지 내의 영양분 (예를 들면, 당, 탄화수소, 질소 공급원, 인산염 및 기타 이온) 함량 측정, 생물집단 (biomass)의 조성 및 증식량 측정, 생합성 경로의 공통 대사물질의 생성 분석, 및 발효 동안에 생성된 기체 측정 등이 있다. 이러한 측정을 위한 표준 방법은 문헌 [Applied Microbial Physiology, A Practical Approach, P.M.Rhodes and P.F.Stanbury, eds., IRL Press, p.103-129, 131-163, 및 165-192 (ISBN:0199635773) 및 이 문헌에서 인용한

참고 문헌]에 약술되어 있다.

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

<243> 당업계에 공지된 각종 방법을 사용하여, 코리네박테리움 글루타미쿰 세포 또는 상기 기재한 배양물의 상층액으로부터 원하는 생성물을 회수할 수 있다. 원하는 생성물이 세포로부터 분리되지 않는 경우, 배양물을 저속 원심분리하여 세포를 수거하고, 기계적인 힘 또는 초음파 등의 표준 기술로 세포를 용균시킬 수 있다. 원심분리로 세포 부스러기를 제거하고, 가용성 단백질을 함유하는 상층액 부분은 남겨 원하는 화합물의 추가의 정제에 사용한다. 코리네박테리움 글루타미쿰 세포로부터 생성물이 분리되는 경우, 배양물을 저속 원심분리하여 세포를 제거하고, 상층액 부분은 남겨 추가의 정제에 사용한다.

<244> 상기 두 가지 정제 방법 중 임의의 방법에 의한 상층액 부분을 적당한 수지를 사용한 크로마토그래피에 적용하여, 원하는 분자는 크로마토그래피 수지 상에 남지만 샘플 중의 많은 불순물은 남지 않게 하거나, 불순물들은 수지에 남지만 원하는 분자는 남지 않게 한다. 필요에 따라, 동일하거나 상이한 크로마토그래피 수지를 사용하여 이러한 크로마토그래피 단계를 반복할 수 있다. 당업자라면, 적합한 크로마토그래피 수지를 선택하고 특정 분자의 정제에 대해 가장 효과적으로 이를 적용하는 것에 숙달되어 있을 것이다. 정제된 생성물을 여과법 또는 한외여과법으로 농축시켜, 생성물의 안정성이 최대가 되는 온도에 보관할 수 있다.

<245> 당업계에 공지된 정제 방법은 다양하며, 상기 기재한 정제법에 제한되지 않는다. 이러한 정제 기술은 예를 들어 문헌 [Bailey, J.E. & Ollis, D.F. Biochemical Engineering Fundamentals, McGraw-Hill: New York (1986)]에 기재되어 있다.

<246> 분리된 화합물의 확인 및 순도는 당업계의 표준 기술로 평가될 수 있다. 여기에는 고성능 액체 크로마토그래피 (HPLC)법, 분광분석법, 염색법, 박층 크로마토그래피법, NIRS, 효소적 분석법, 또는 미생물학적 방법 등이 있다. 상기 분석 방법은 하기 문헌에서 검토된다: 문헌 [Patek et al. (1994) Appl. Environ. Microbiol. 60:133-140], 문헌 [Malakhova et al. (1996) Biotechnologia 11:27-32], 문헌 [Schmidt et al. (1998) Bioprocess Engineer. 19:67-70], 문헌 [Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, (1996) vol.A27, VCH: Weinheim, p.89-90, p.521-540, p.540547, p.559-566, p.575-581 및 p.581-587], 문헌 [Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley and Sons], 및 문헌 [Fallon, A. et al. (1987) Applications of HPLC in Biochemistry in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol.17].

<247> 실시예 11: 본 발명의 유전자 서열 분석

<248> 서열 비교 및 2 가지 서열 사이의 상동성(%) 측정은 당업계에 공지된 기술이며, 이는 문헌 [Karlin and Altschul (1990) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:2264-68]의 알고리즘을 문헌 [Karlin and Altschul (1993) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 90:5873-77]에서와 같이 변형시킨 알고리즘 등의 수리적 알고리즘을 사용하여 수행할 수 있다. 상기 알고리즘을 문헌 [Altschul, et al. (1990) J. Mol. Biol. 215:403-10]의 NBLAST 및 XBLAST 프로그램 (버전 2.0)에 도입한다. 스코어 = 100, 워드레인지 (wordlength) = 12의 NBLAST 프로그램으로 BLAST 뉴클레오티드를 검색하여 본 발명의 MP 핵산 분자에 상동성인 뉴클레오티드 서열을 얻을 수 있다. 스코어 = 50, 워드레인지 = 3의 XBLAST 프로그램으로 BLAST 단백질을 검색하여 본 발명의 MP 단백질 분자에 상동성인 아미노산 서열을 얻을 수 있다. 문헌 [Altschul et al., (1997) Nucleic Acids Res. 25 (17):3389-3402]에 기재된 바와 같이 갭 BLAST를 이용하여 비교용 갭 정렬을 얻을 수 있다. 당업자라면, BLAST 및 갭 BLAST 프로그램을 이용할 때, 분석할 구체적인 서열에 대해 프로그램 (예를 들면, XBLAST 및 NBLAST)의 파라미터를 최적화하는 방법을 알 것이다.

<249> 서열 비교에 이용되는 수리적 알고리즘의 다른 예로는 문헌 [Meyers and Miller (1988) Comput. Appl. Biosci. 4:11-17]의 알고리즘이 있다. 이 알고리즘을 GCG 서열 정렬 소프트웨어 패키지의 일부인 ALIGN 프로그램 (버전 2.0)에 도입한다. 아미노산 서열 비교를 위해 ALIGN 프로그램을 이용하는 경우, PAM 120 중량 잔기 표, 갭 길이 패널티 12, 및 갭 패널티 4를 사용할 수 있다. 추가의 서열 분석용 알고리즘이 당업계에 공지되어 있으며, 문헌 [Torelli and Robotti (1994) Comput. Appl. Biosci. 10:3-5]에 기재된 ADVANCE 및 ADAM., 및 문헌 [Pearson and Lipman (1988) P.N.A.S. 85:2444-8]에 기재된 FASTA를 포함한다.

<250> 또한, 2개의 아미노산 서열 사이의 상동성(%) 비교는 Blosum 62 매트릭스 또는 PAM250 매트릭스, 및 갭 중량 12, 10, 8, 6, 또는 4 및 길이 중량 2, 3, 또는 4를 사용하는 GCG 소프트웨어 패키지 (<http://www.gcg.com>에서 이용가능함) 중의 GAP 프로그램을 사용하여 수행할 수도 있다. 2개의 핵산 서열 사이의 상동성(%) 비교는 갭

중량 50 및 길이 중량 3 등의 표준 파라미터로 GCG 소프트웨어 패키지 중의 GAP 프로그램을 사용하여 수행할 수 있다.

<251> 당업계에서 공지된 기술을 사용하여 본 발명의 유전자 서열과 젠뱅크의 유전자 서열을 비교 분석했다 (예를 들면, 문헌 [Bexevanis and Ouellette, eds. (1998) Bioinformatics: A Practical Guide to the Analysis of Genes and Proteins. John Wiley and Sons: New York] 참조). 본 발명의 유전자 서열과 젠뱅크의 유전자 서열을 3-단계 방법으로 비교했다. 제1단계에서, 본 발명의 서열 각각을 젠뱅크의 뉴클레오타이드 서열에 대해 BLASTN 분석 (예를 들면, 국소 정렬 분석)하고, 추가의 분석을 위해 상위 500개의 히트 (hit)를 남겨 두었다. 그 다음에, 상기 500 히트에 대해 FASTA 검색 (예를 들면, 서열 중 한정된 영역을 정렬하는, 조합된 국소 및 전반적 정렬 분석)을 수행했다. 이어서, GCG 소프트웨어 패키지 중의 GAP 프로그램을 사용하여 (표준 파라미터 사용), 본 발명의 각 유전자 서열을 상위 3개의 FASTA 히트 각각에 전반적으로 정렬했다. 정확한 결과를 얻기 위해서, 젠뱅크에서 선별한 서열들의 길이를 당업계에 공지된 방법을 사용하여 해당 서열의 길이에 맞춰 조절했다. 상기 분석 결과를 표 4에 기재했다. 이렇게 얻은 데이터는 GAP (전반적) 분석 단독만을 수행하여 본 발명의 각 유전자를 젠뱅크의 참고 서열 각각과 비교하여 얻은 데이터와 동일하였으나, 상기 데이터베이스 - 광범위한 GAP (전반적) 분석과 비교할 때, 필요한 컴퓨터 이용 시간은 훨씬 감소했다. 본 발명의 서열 중 정렬이 되지 않은 것은 표 4에서 정렬 정보가 없는 컷오프 (cutoff) 값으로 나타났다. 또한, 당업자라면, 표 4에서 GAP 정렬 상동성(%)을 "상동성(%) (GAP)"란 표제 하에 유럽식 숫자 포맷으로 열거하였으며, 여기서, ','는 소수점을 의미한다는 것을 이해할 것이다. 예를 들어, 이 단(段)에서 "40,345"란 값은 "40.345%"를 뜻한다.

<252> 실시예 12: DNA 미세배열체의 제작 및 시행

<253> 본 발명의 서열은 DNA 미세배열체 (microarray) (DNA 배열체 (array)의 고안, 방법, 및 용도는 당업계에 공지되어 있으며, 문헌 [Schna, M. et al. (1995) Science 270:467-470], 문헌 [Wodicka, L. et al. (1997) Nature Biotechnology 15:1359-1367], 문헌 [DeSaizieu, A. et al. (1998) Nature Biotechnology 16:45-48], 및 문헌 [DeRisi, J.L. et al. (1997) Science 278:680-686)] 등에 기재되어 있음)의 제작 및 적용에 추가로 이용될 수 있다.

<254> DNA 미세배열체는 니트로셀룰로스, 나일론, 유리, 실리콘, 또는 기타 물질로 구성된 고체 또는 유연한 지지체이다. 핵산 분자들은 이 표면에 순차적인 방식으로 부착될 수 있다. 적절하게 표지한 후, 다른 핵산 또는 핵산 혼합물을 상기 고정된 핵산 분자에 혼성화시킬 수 있고, 상기 표지를 이용하여 한정된 영역에서 혼성화된 분자들의 개별적 신호 강도를 모니터링하고 측정할 수 있다. 이 방법을 이용하면, 적용한 핵산 샘플 또는 혼합물 중의 모든 핵산 또는 선택된 핵산의 상대량 또는 절대량을 동시에 정량할 수 있다. 그러므로, DNA 미세배열체는 대량의 (6800개 이상) 핵산 발현의 동시 분석을 가능케한다 (예를 들면, 문헌 [Schna, M. (1996) BioEssays 18 (5):427-431] 참조).

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

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

<257> 샘플 또는 뉴클레오타이드 혼합물에 존재하는 본 발명의 핵산 분자는 미세배열체와 혼성화할 수 있다. 이러한 핵산 분자들은 표준 방법에 따라 표지될 수 있다. 간략하게, 동위원소 또는 형광 표지한 뉴클레오타이드를 예를 들어, 역전사 동안 또는 DNA 합성 동안 혼입하여 핵산 분자 (예를 들면, mRNA 분자 또는 DNA 분자)를 표지한다. 표지된 핵산을 미세배열체에 혼성화하는 방법은 문헌 (예를 들어, 문헌 [Schna, M. et al. (1995) 상기 문헌], 문헌 [Wodicka, L. et al. (1997), 상기 문헌] 및 문헌 [DeSaizieu A. et al. (1998), 상기 문헌])에 기재되어 있다. 혼성화된 분자의 검출 및 정량화 방법은 혼입된 특정 표지에 따라 달라진다. 방사성 표지는 예를 들어, 문헌 [Schna, M. et al. (1995) 상기 문헌]에 기재된 방법으로 검출할 수 있고, 형광 표지는 예를 들어, 문헌

[Shalon et al. (1996) Genome Research 6:639-645]의 방법으로 검출할 수 있다.

- <258> 상기 기재한 바와 같이, 본 발명의 서열을 DNA 미세배열체 기술에 적용하면 상이한 균주의 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 다른 코리네박테리아를 비교 분석할 수 있다. 예를 들어, 개개의 전사체 프로필에 기초한 균주들 사이의 변이체 연구 및 병원성, 생산성 및 스트레스 내성 등과 같은 특정 및(또는) 원하는 균주 특성에 중요한 유전자의 확인은 핵산 배열법으로 용이해진다. 또한, 핵산 배열 기술을 사용하여, 발효 반응 과정 동안 본 발명의 유전자 발현 프로필을 비교할 수 있다.
- <259> **실시예 13: 세포내 단백질 집단의 동력학(動力學) 분석 (프로테오믹스)**
- <260> 본 발명의 유전자, 조성물, 및 방법을 '프로테오믹스 (proteomics)'라 지칭되는, 단백질 집단의 상호작용 및 동력학 연구에 적용할 수 있다. 목적 단백질 집단에는 코리네박테리움 글루타미쿰의 전체 단백질 집단 (예를 들면, 다른 생물의 단백질 집단과의 비교시), 특정 환경 조건 또는 대사 조건 (예를 들면, 발효동안, 고온 또는 저온에서, 또는 높은 pH 또는 낮은 pH) 하에서 활성인 단백질 집단, 또는 성장 및 발생의 특정 시기 동안 활성인 단백질 집단 등이 있으나 이에 제한되는 것은 아니다.
- <261> 겔 전기영동법 등의 각종 공지된 기술로 단백질 집단을 분석할 수 있다. 세포내 단백질은 용균 또는 추출 등으로 얻을 수 있고, 다양한 전기영동 기술을 사용하여 서로 분리해낼 수 있다. 소듐 도데실 술페이트 (sodium dodecyl sulfate) 폴리아크릴아미드 겔 전기영동 (SDS-PAGE)은 단백질들을 주로 이들의 분자량에 따라 분리한다. 등전점 포커싱 (isoelectric focusing) 폴리아크릴아미드 겔 전기영동법 (IEF-PAGE)은 단백질들을 그들의 등전점에 따라 분리한다 (아미노산 서열 뿐 아니라 그 단백질의 번역후 변형체도 분리해냄을 의미함). 또한, 더욱 바람직한 단백질 분석법은 2D-겔 전기영동법으로 공지된, IEF-PAGE 및 SDS-PAGE 둘다의 연속 병행법이다 (예를 들면, 문헌 [Hermann et al. (1998) Electrophoresis 19:3217-3221], 문헌 [Fountoulakis et al. (1998) Electrophoresis 19:1193-1202], 문헌 [Langen et al. (1997) Electrophoresis 18:1184-1192], 문헌 [Antelmann et al. (1997) Electrophoresis 18:1451-1463]에 기재되어 있음). 또한, 모세관 겔 전기영동법 등과 같이 당업계에 공지된 다른 분리 기술을 이용하여 단백질을 분리할 수도 있다.
- <262> 이러한 방법으로 분리된 단백질을 염색 또는 표지 등의 표준 기술로 가시화할 수 있다. 적당한 염색약은 당업계에 공지되어 있으며, 쿠마시 브릴리안트 블루, 실버 염색약, 또는 시프로 루비 (Sypro Ruby) (Molecular Probes 제품) 등과 같은 형광 염료 등이 있다. 방사성 표지된 아미노산 또는 기타의 단백질 전구체 (예를 들면, ^{35}S -메티오닌, ^{35}S -시스테인, ^{14}C -표지된 아미노산, ^{15}N -아미노산, $^{15}\text{NO}_3$ 또는 $^{15}\text{NH}_4^+$ 또는 ^{13}C -표지된 아미노산)를 코리네박테리움 글루타미쿰 배지에 포함시키면, 세포로부터의 단백질을 분리해내기 전에 이들을 표지할 수 있다. 유사하게, 형광 표지를 이용할 수 있다. 이렇게 표지된 단백질을 상기 기재한 기술에 따라 추출, 분리 및 분리할 수 있다.
- <263> 상기 기술로 가시화된 단백질은 사용된 염료 또는 표지의 양을 측정하여 더욱 분석될 수 있다. 주어진 단백질의 양은 광학적 방법 등을 이용하여 정량적으로 측정할 수 있고, 동일 겔 또는 다른 겔 중의 다른 단백질 양과 비교할 수 있다. 광학적 비교법, 분광법, 이미지 스캐닝 및 겔 분석, 또는 사진용 필름 및 스크린의 사용 등을 통해 겔 상의 단백질을 비교할 수 있다. 상기 기술들은 당업계에 공지되어 있다.
- <264> 임의의 주어진 단백질이 무엇인지 결정하기 위해, 직접적인 서열분석법 또는 다른 표준 기술을 이용할 수 있다. 예를 들면, N- 및(또는) C-말단 아미노산 서열분석법 (예를 들면, 에드만 분해법) 및 질량 분광분석법 (특히, MALDI 또는 ESI 기술 (예를 들면, 문헌 [Langen et al. (1997) Electrophoresis 18:1184-1192] 참조))을 이용할 수 있다. 이러한 기술들을 사용하여, 본원에서 제공되는 단백질 서열을 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질 확인에 사용할 수 있다.
- <265> 상기 방법으로 얻은 정보를 사용하여 각종 생물학적 조건 (예를 들면, 상이한 생물, 발효 시점, 배지 조건, 또는 서로간의 상이한 환경 (biotope))으로부터의 상이한 샘플들 사이에서 단백질 존재 여부, 활성 또는 변형의 양상들을 비교할 수 있다. 상기 실험 단독으로 또는 다른 기술들과 병행하여 얻어진 데이터는 주어진 상태 (예를 들면, 대사 상태)에서 각종 생물의 반응 비교, 정밀 화학물질을 생성하는 균주의 생산성 증가, 또는 정밀 화학물질의 생성 효율 증가 등 여러가지 목적을 위해 적용할 수 있다.
- <266> **등가법**
- <267> 당업자라면, 일상적인 실험 방법 뿐 아니라 본원에 기재한 본 발명의 특정 실시양태와 등가인 많은 실험 방법들을 알고 있거나, 알아낼 수 있을 것이다. 이러한 동등한 방법들은 하기의 청구항에 포함될 것이다.

발명의 효과

<268>

본 발명은 다양한 용도를 갖는 신규 박테리아 핵산 분자를 제공한다. 상기 용도로는 코리네박테리움 글루타미쿰의 계놈을 맵핑하기 위한 기준점 및 형질전환용 마커로서 정밀 화학물질의 생산에 사용될 수 있는 미생물의 확인, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아에서의 정밀 화학물질의 생산 조절, 및 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아의 타이핑 또는 확인 등이 있다. 이들 신규 핵산 분자는 본원에서 대사 경로 (MP) 단백질로 언급되는 단백질을 코딩한다.

서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> BASF Aktiengesellschaft

<120> CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM GENES ENCODING
METABOLIC PATHWAY PROTEINS

<130> BGI-121CPPC

<140> PCT/00IB/00923

<141> 2000-06-23

<150> US 60/141,031

<151> 1999-06-25

<150> US 60/142,101

<151> 1999-07-02

<150> US 60/148,613

<151> 1999-08-12

<150> US 60/187,970

<151> 2000-03-09

<150> DE 19930476.9

<151> 1999-07-01

<150> DE 19931415.2

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931418.7

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931419.5

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931420.9
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931424.1
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931428.4
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931434.9
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931435.7
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931443.8
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931453.5
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931457.8
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931465.9
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931478.0
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931510.8
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931541.8
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931573.6
<151> 1999-07-08

<150> DE 19931592.2

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931632.5

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931634.1

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931636.8

<151> 1999-07-08

<150> DE 19932125.6

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932126.4

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932130.2

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932186.8

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932206.6

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932227.9

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932228.7

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932229.5

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932230.9

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932922.2

<151> 1999-07-14

<150> DE 19932926.5
<151> 1999-07-14

<150> DE 19932928.1
<151> 1999-07-14

<150> DE 19933004.2
<151> 1999-07-14

<150> DE 19933005.0
<151> 1999-07-14

<150> DE 19933006.9
<151> 1999-07-14

<150> DE 19940764.9
<151> 1999-08-27

<150> DE 19940765.7
<151> 1999-08-27

<150> DE 19940766.5
<151> 1999-08-27

<150> DE 19940832.7
<151> 1999-08-27

<150> DE 19941378.9
<151> 1999-08-31

<150> DE 19941379.7
<151> 1999-08-31

<150> DE 19941380.0
<151> 1999-08-31

<150> DE 19941394.0
<151> 1999-08-31

<150> DE 19941396.7
<151> 1999-08-31

<150> DE 19942076.9
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942077.7
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942079.3
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942086.6
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942087.4
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942088.2
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942095.5
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942124.2
<151> 1999-09-03

<150> DE 19942129.3
<151> 1999-09-03

<160> 1158

<210> 1
<211> 948
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(925)
<223> RXA02229

<400> 1

gctgggttcaa cagagaccac cgcgtgtcct gggtcgacgc ctctggcgat cccaccgcac 60

aagccttggga gattttgggt ctacaatagc gaggggtgaat 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			
230	235	240	245
cca cgt ggg gaa gta gaa gtc cag atc ttt gac gac ggc tcc aca ctc			883
Pro Arg Gly Glu Val Glu Val Gln Ile Phe Asp Asp Gly Ser Thr Leu			
	250	255	260
acc ggc cca agc gcc atc atc gca ctc ggt gag gtg cag atc			925
Thr Gly Pro Ser Ala Ile Ile Ala Leu Gly Glu Val Gln Ile			
	265	270	275
taagattcgc gattgtagtt cgg			948

<210> 2

<211> 275

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 2

Leu Thr Ile Pro Phe Ala Lys Gly His Ala Thr Glu Asn Asp Phe Ile
1 5 10 15

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

Val Thr Leu Cys Asp Arg Arg Ala Gly Ile Gly Ala Asp Gly Ile Leu
35 40 45

Arg Val Val Lys Ala Ala Asp Val Glu Gly Ser Thr Val Asp Pro Ser
50 55 60

Leu Trp Phe Met Asp Tyr Arg Asn Ala Asp Gly Ser Leu Ala Glu Met
65 70 75 80

Cys Gly Asn Gly Val Arg Leu Phe Ala His Trp Leu Tyr Ser Arg Gly
85 90 95

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

His Val Asp Ile Leu Gln Ala Asp Gln His Ser Ala Gln Val Arg Val
115 120 125

Asp Met Gly Ile Pro Asp Val Thr Gly Leu Ser Thr Cys Asp Ile Asn
130 135 140

Gly Gln Val Phe Ala Gly Leu Gly Val Asp Met Gly Asn Pro His Leu
145 150 155 160

Ala Cys Val Val Pro Gly Leu Ser Ala Ser Ala Leu Ala Asp Met Glu
165 170 175

Leu Arg Ala Pro Thr Phe Asp Gln Glu Phe Phe Pro His Gly Val Asn
180 185 190

Val Glu Ile Val Thr Glu Leu Glu Asp Asp Ala Val Ser Met Arg Val
195 200 205

Trp Glu Arg Gly Val Gly Glu Thr Arg Ser Cys Gly Thr Gly Thr Val
210 215 220

Ala Ala Ala Cys Ala Ala Leu Ala Asp Ala Gly Leu Gly Glu Gly Thr
225 230 235 240

Ala Lys Val Cys Val Pro Arg Gly Glu Val Glu Val Gln Ile Phe Asp
245 250 255

Asp Gly Ser Thr Leu Thr Gly Pro Ser Ala Ile Ile Ala Leu Gly Glu
260 265 270

Val Gln Ile
275

<210> 3

<211> 1491

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1468)

<223> RXS02970

<400> 3

aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
Leu Ala Leu Lys Gly

1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala

10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211
Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe

25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40 45 50

gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac 307
Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

55 60 65

atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga 355
Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg

70 75 80 85

tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac 403
Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn

90 95 100

ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg 451
Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val

105 110 115

tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc 499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly

120 125 130

gcc gac gcc atc gag cac tcc atc cgc atg gct cgc ctg cac acc gga 547
Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala Arg Leu His Thr Gly

135 140 145

cgc aac aaa att ctg tcc gca tac cgc agc tac cac ggc gca acc gga 595
Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr His Gly Ala Thr Gly

150 155 160 165

tcc gcg atg atg ctc acc ggc gaa cac cgc cgc ctg ggc aac ccc acc 643
Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg Leu Gly Asn Pro Thr

170 175 180

acc gac cca gat atc tac cac ttc tgg gca cca ttc ctg cac cac tcc 691
Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro Phe Leu His His Ser

185 190 195

tca ttc ttt gcc acc acc caa gaa gaa gaa tgc gaa cgc gca ctc aag 739
Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys Glu Arg Ala Leu Lys

200 205 210

cac ttg gaa gat gtc atc gcg ttt gaa ggt gct ggc atg atc gca gcg 787

His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala Gly Met Ile Ala Ala
215 220 225

atc gtc ctg gag cca gtg gtg gga tca tca gga atc atc ctg cca cca 835
Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly Ile Ile Leu Pro Pro

230 235 240 245

gca ggt tac tta aat ggc gtg cgc gaa ctt tgc aac aag cac ggc atc 883
Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys Asn Lys His Gly Ile

250 255 260

ctc ttc atc gcc gac gaa gtc atg gtc gga ttc gga cgc acc gga aaa 931
Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe Gly Arg Thr Gly Lys

265 270 275

ctg ttt gct tac gag cat gct ggc gac gat ttc cag cca gac atg atc 979
Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe Gln Pro Asp Met Ile

280 285 290

acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc 1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile

295 300 305

gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc 1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser

310 315 320 325

ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag 1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys

330 335 340

gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct 1171
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala

345 350 355

cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa 1219
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu

360 365 370

gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca 1267

Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala
375 380 385

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

390 395 400 405

ttc aag gaa cgc ggc gtg tgg ccg atg atc tcc ggc aac cga ttc cac 1363
Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser Gly Asn Arg Phe His

410 415 420

atc gcg ccg ccg ctg acc acc act gat gac gaa ttg gta gca ctg ctg 1411
Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu Leu Val Ala Leu Leu

425 430 435

gac gcg gtg gaa gct gca gcc caa gct gtc gag ctg acc ttc gct ggg 1459
Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu Leu Thr Phe Ala Gly

440 445 450

gcg ttg ttc taagttttct agataacaag gcc 1491
Ala Leu Phe

455

<210> 4
<211> 456
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 4
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
1 5 10 15

Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
20 25 30

Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
35 40 45

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly
225 230 235 240

Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
245 250 255

Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
260 265 270

Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe

275 280 285
 Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
 290 295 300
 Pro Leu Gly Gly Ile Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
 325 330 335
 Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
 340 345 350
 Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
 355 360 365
 Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
 370 375 380
 Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
 385 390 395 400
 Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser
 405 410 415
 Gly Asn Arg Phe His Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu
 420 425 430
 Leu Val Ala Leu Leu Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu
 435 440 445
 Leu Thr Phe Ala Gly Ala Leu Phe
 450 455

<210> 5

<211> 1330

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1330)

<223> FRXA01009

<400> 5

aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggg ttg gca ttg aag ggt 115
Leu Ala Leu Lys Gly

1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala

10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211
Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe

25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40 45 50

gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac 307
Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

55 60 65

atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga 355
Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg

70 75 80 85

tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac 403
Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn

90 95 100

ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg 451
Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val

105 110 115

tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc 499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly

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

280	285	290	
acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc			1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile			
295	300	305	
gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc			1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser			
310	315	320	325
ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag			1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys			
330	335	340	
gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct			1171
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala			
345	350	355	
cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa			1219
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu			
360	365	370	
gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca			1267
Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala			
375	380	385	
gtg gag ttc aat gca gac gcc act gcc atg gct gcc ggt gct gca gaa			1315
Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala Ala Gly Ala Ala Glu			
390	395	400	405
ttc aag gaa cgc ggc			1330
Phe Lys Glu Arg Gly			

410

<210> 6
 <211> 410
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 6
 Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
 1 5 10 15

Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
20 25 30

Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
35 40 45

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly

225 230 235 240
 Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
 245 250 255
 Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
 260 265 270
 Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
 275 280 285
 Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
 290 295 300
 Pro Leu Gly Gly Ile Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
 325 330 335
 Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
 340 345 350
 Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
 355 360 365
 Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
 370 375 380
 Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
 385 390 395 400
 Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly
 405 410

<210> 7

<211> 792

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(769)

<223> RXC02390

<400> 7

gctgggtggtg ctgaccata cgctggaact ccaactgctg ttgataccgc caagatgttt 60

ggccgcgagg atctcgtagc tcgcttcgag tcataggccg gtg gag tgg acc gct 115
Val Glu Trp Thr Ala

1 5

ttt ggc acc ctg att ctg ctc aat ttg gtg ggc agt tta tcc ccg ggg 163
Phe Gly Thr Leu Ile Leu Leu Asn Leu Val Gly Ser Leu Ser Pro Gly

10 15 20

cct gat acc ttt ttc ctc ctc cgc tta gcc acc cgc tcc aga gcg cac 211
Pro Asp Thr Phe Phe Leu Leu Arg Leu Ala Thr Arg Ser Arg Ala His

25 30 35

gcg atc gct ggc gtc gcc ggc atc gtc acc gga ctc acg gtg tgg gtg 259
Ala Ile Ala Gly Val Ala Gly Ile Val Thr Gly Leu Thr Val Trp Val

40 45 50

acg ctg acg gtc gtg gga gca gcg gcg ctg ctc acc act tat ccg tcg 307
Thr Leu Thr Val Val Gly Ala Ala Ala Leu Leu Thr Thr Tyr Pro Ser

55 60 65

att ctc gga atc atc cag ctc gtc ggc ggc acg tac cta agc ttc att 355
Ile Leu Gly Ile Ile Gln Leu Val Gly Gly Thr Tyr Leu Ser Phe Ile

70 75 80 85

ggg tac aag ttg ctg cgc tcg gcg tcg aga gag ctt atc gac gcc cgc 403
Gly Tyr Lys Leu Leu Arg Ser Ala Ser Arg Glu Leu Ile Asp Ala Arg

90 95 100

cag ttc cgt ttc aac gcc gat gcc cga cct atc ccg gat gcg gta gaa 451
Gln Phe Arg Phe Asn Ala Asp Ala Arg Pro Ile Pro Asp Ala Val Glu

105 110 115

gca ctg gga acc cgc act cag gta tat cga caa ggt ttg gcc acc aac 499
Ala Leu Gly Thr Arg Thr Gln Val Tyr Arg Gln Gly Leu Ala Thr Asn

120 125 130

ctg tca aac cct aaa gtt gtc atg tac ttc gcg gca att ctg gct ccg 547
Leu Ser Asn Pro Lys Val Val Met Tyr Phe Ala Ala Ile Leu Ala Pro

135 140 145

ttg atg cca gcg cac cca tca ccg gtg ctg gcg ttc tct atc atc gtg 595
Leu Met Pro Ala His Pro Ser Pro Val Leu Ala Phe Ser Ile Ile Val

150 155 160 165

gcg att tta gtg cag acc ttt gtt acc ttc tct gct gtg tgc ctc att 643
Ala Ile Leu Val Gln Thr Phe Val Thr Phe Ser Ala Val Cys Leu Ile

170 175 180

gtc tct acg gag cgt gtg cgc aaa gca atg ctg cgt gca ggt ccc tgg 691
Val Ser Thr Glu Arg Val Arg Lys Ala Met Leu Arg Ala Gly Pro Trp

185 190 195

ttt gac ctg ctt gct ggc gtt gtc ttc ctc gtt gtg ggt gtg act ctg 739
Phe Asp Leu Leu Ala Gly Val Val Phe Leu Val Val Gly Val Thr Leu

200 205 210

ctg tat gaa ggc ctg acc ggt tta ctc ggg taaaggcata aaaaatggct 789
Leu Tyr Glu Gly Leu Thr Gly Leu Leu Gly

215 220

tcc 792

<210> 8

<211> 223

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 8

Val Glu Trp Thr Ala Phe Gly Thr Leu Ile Leu Leu Asn Leu Val Gly
1 5 10 15

Ser Leu Ser Pro Gly Pro Asp Thr Phe Phe Leu Leu Arg Leu Ala Thr
20 25 30

Arg Ser Arg Ala His Ala Ile Ala Gly Val Ala Gly Ile Val Thr Gly

35 40 45
 Leu Thr Val Trp Val Thr Leu Thr Val Val Gly Ala Ala Ala Leu Leu
 50 55 60
 Thr Thr Tyr Pro Ser Ile Leu Gly Ile Ile Gln Leu Val Gly Gly Thr
 65 70 75 80
 Tyr Leu Ser Phe Ile Gly Tyr Lys Leu Leu Arg Ser Ala Ser Arg Glu
 85 90 95
 Leu Ile Asp Ala Arg Gln Phe Arg Phe Asn Ala Asp Ala Arg Pro Ile
 100 105 110
 Pro Asp Ala Val Glu Ala Leu Gly Thr Arg Thr Gln Val Tyr Arg Gln
 115 120 125
 Gly Leu Ala Thr Asn Leu Ser Asn Pro Lys Val Val Met Tyr Phe Ala
 130 135 140
 Ala Ile Leu Ala Pro Leu Met Pro Ala His Pro Ser Pro Val Leu Ala
 145 150 155 160
 Phe Ser Ile Ile Val Ala Ile Leu Val Gln Thr Phe Val Thr Phe Ser
 165 170 175
 Ala Val Cys Leu Ile Val Ser Thr Glu Arg Val Arg Lys Ala Met Leu
 180 185 190
 Arg Ala Gly Pro Trp Phe Asp Leu Leu Ala Gly Val Val Phe Leu Val
 195 200 205
 Val Gly Val Thr Leu Leu Tyr Glu Gly Leu Thr Gly Leu Leu Gly
 210 215 220

<210> 9

<211> 897

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(874)

<223> RXC01796

<400> 9

atgtaactcg atcaggtgga aatgcccgca aaagtggcgg cggtggccga gggatggccg 60

ttggtgcggc 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

acc ggc tgc ggt ttc gct tct gcg tcc act ggg ccg ttt tac tgt ccg 403
Thr Gly Cys Gly Phe Ala Ser Ala Ser Thr Gly Pro Phe Tyr Cys Pro

90 95 100

tca gac caa gat gct tat ttt gac ttg act ttc ttc gat cag atg cgt 451
Ser Asp Gln Asp Ala Tyr Phe Asp Leu Thr Phe Phe Asp Gln Met Arg

105 110 115

cag ttc ggt gca gaa aac gcc ccg ctt gcc cag atg tac atc gtg gcg 499
Gln Phe Gly Ala Glu Asn Ala Pro Leu Ala Gln Met Tyr Ile Val Ala

120	125	130	
cac gag tac ggc cac cac gtc caa aac ctc gag ggc aca ctc gga ctg 547			
His Glu Tyr Gly His His Val Gln Asn Leu Glu Gly Thr Leu Gly Leu			
135	140	145	
tcc aat tac aac gat ccg ggc gct gat tcc aac gcc gtc aag atc gag 595			
Ser Asn Tyr Asn Asp Pro Gly Ala Asp Ser Asn Ala Val Lys Ile Glu			
150	155	160	165
ttg cag gcc gat tgc tac gca ggc att tgg gct aat cac tcc agc gaa 643			
Leu Gln Ala Asp Cys Tyr Ala Gly Ile Trp Ala Asn His Ser Ser Glu			
170	175	180	
ggc ccg gat ccg cta ctc caa ccc atc acc gaa tct gag cta gat tcc 691			
Gly Pro Asp Pro Leu Leu Gln Pro Ile Thr Glu Ser Glu Leu Asp Ser			
185	190	195	
gct ctc ctt gct gca agc gcc gtg ggc gac gac aat atc cag caa cga 739			
Ala Leu Leu Ala Ala Ser Ala Val Gly Asp Asp Asn Ile Gln Gln Arg			
200	205	210	
tcc ggt ggc gat gtc aat cct gaa agc tgg act cac ggc tca tcg cag 787			
Ser Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Ser Trp Thr His Gly Ser Ser Gln			
215	220	225	
cag cgc aaa gac gcg ttc ctc gcc ggc tac aac acc ggc cag atg agc 835			
Gln Arg Lys Asp Ala Phe Leu Ala Gly Tyr Asn Thr Gly Gln Met Ser			
230	235	240	245
gcc tgc gac ttc ctc ggc cgg ggc gtc tac aac gac gct taaagcattg 884			
Ala Cys Asp Phe Leu Gly Arg Gly Val Tyr Asn Asp Ala			
250	255		
cttttcgacg tct 897			

<210> 10

<211> 258

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 10

Leu Leu Leu Gly Gly Asn Pro Ala Glu Ile Asp Gln Val Leu Gly Gly
1 5 10 15

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

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

Leu Tyr Tyr Thr Ser Phe Ser Val Asn Glu Met Trp Gln Thr Leu Leu
50 55 60

Pro Ala Gln Ala Gly Ile Glu Tyr Thr Glu Pro Thr Leu Thr Leu Phe
65 70 75 80

Lys Asn Ser Thr Gln Thr Gly Cys Gly Phe Ala Ser Ala Ser Thr Gly
85 90 95

Pro Phe Tyr Cys Pro Ser Asp Gln Asp Ala Tyr Phe Asp Leu Thr Phe
100 105 110

Phe Asp Gln Met Arg Gln Phe Gly Ala Glu Asn Ala Pro Leu Ala Gln
115 120 125

Met Tyr Ile Val Ala His Glu Tyr Gly His His Val Gln Asn Leu Glu
130 135 140

Gly Thr Leu Gly Leu Ser Asn Tyr Asn Asp Pro Gly Ala Asp Ser Asn
145 150 155 160

Ala Val Lys Ile Glu Leu Gln Ala Asp Cys Tyr Ala Gly Ile Trp Ala
165 170 175

Asn His Ser Ser Glu Gly Pro Asp Pro Leu Leu Gln Pro Ile Thr Glu
180 185 190

Ser Glu Leu Asp Ser Ala Leu Leu Ala Ala Ser Ala Val Gly Asp Asp
195 200 205

Asn Ile Gln Gln Arg Ser Gly Gly Asp Val Asn Pro Glu Ser Trp Thr
210 215 220

His Gly Ser Ser Gln Gln Arg Lys Asp Ala Phe Leu Ala Gly Tyr Asn
225 230 235 240

Thr Gly Gln Met Ser Ala Cys Asp Phe Leu Gly Arg Gly Val Tyr Asn
245 250 255

Asp Ala

<210> 11
<211> 771
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 11
cttcatgatc tcaccggcag agcgcgtttt gttacagcgc gtaaactgtg actttgaaaa 60

atTTTTgaac aatccgtaca ccaacttcag gagaaaaaca gtg agc aga atc tat 115
Val Ser Arg Ile Tyr

1 5

gac tgt gcc gac caa gac tcc cgt gca gca ggc cta aag gcg gct gtc 163
Asp Cys Ala Asp Gln Asp Ser Arg Ala Ala Gly Leu Lys Ala Ala Val

10 15 20

gat gca gtc aaa gcc ggt cag ctc gtt gtc ctt ccc acg gat acc ctt 211
Asp Ala Val Lys Ala Gly Gln Leu Val Val Leu Pro Thr Asp Thr Leu

25 30 35

tat gga ctc ggc tgc gac gct ttc aac aac gag gca gta gcc aac ctt 259
Tyr Gly Leu Gly Cys Asp Ala Phe Asn Asn Glu Ala Val Ala Asn Leu

40 45 50

ctg gcc acc aaa cac cgt ggc ccc gat atg ccc gtt cca gtg ctc gtc 307
Leu Ala Thr Lys His Arg Gly Pro Asp Met Pro Val Pro Val Leu Val

55	60	65	
ggc agc tgg gac acc att caa gga ctt gtg cac tcc tat tct gcg cag			355
Gly Ser Trp Asp Thr Ile Gln Gly Leu Val His Ser Tyr Ser Ala Gln			
70	75	80	85
gca aaa gcg ctt gtg gag gcg ttc tgg cct ggt gga ctg tcc atc atc			403
Ala Lys Ala Leu Val Glu Ala Phe Trp Pro Gly Gly Leu Ser Ile Ile			
	90	95	100
gtt ccg cag gca cca agc ctt ccg tgg aac ctt ggc gat acc cgt ggc			451
Val Pro Gln Ala Pro Ser Leu Pro Trp Asn Leu Gly Asp Thr Arg Gly			
	105	110	115
acc gta atg ctg cgc atg cca ctg cac cca gtt gcc att gaa ttg ctg			499
Thr Val Met Leu Arg Met Pro Leu His Pro Val Ala Ile Glu Leu Leu			
	120	125	130
cgc caa acc gga cca atg gct gtc tcc tcc gcc aac atc tcc gga cat			547
Arg Gln Thr Gly Pro Met Ala Val Ser Ser Ala Asn Ile Ser Gly His			
	135	140	145
act cct cca acc acc gtg ctg gag gct cgt cag cag ctc aac caa aat			595
Thr Pro Pro Thr Thr Val Leu Glu Ala Arg Gln Gln Leu Asn Gln Asn			
	150	155	160
gtc gct gtc tac ctc gat ggt ggc gaa tgc gcg ctg gcc acc cct tca			643
Val Ala Val Tyr Leu Asp Gly Gly Glu Cys Ala Leu Ala Thr Pro Ser			
	170	175	180
acc atc gtg gat att tca ggc ccc gca cca aag att ttg cgt gag ggt			691
Thr Ile Val Asp Ile Ser Gly Pro Ala Pro Lys Ile Leu Arg Glu Gly			
	185	190	195
gcc atc agc gca gaa cgc gtt ggc gaa gta ctt gga gtg tcg gca gaa			739
Ala Ile Ser Ala Glu Arg Val Gly Glu Val Leu Gly Val Ser Ala Glu			
	200	205	210
agc ctg cgc taaatgggag tcggtttcgc ggg			771
Ser Leu Arg			

215

<210> 12

<211> 216

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 12

Val Ser Arg Ile Tyr Asp Cys Ala Asp Gln Asp Ser Arg Ala Ala Gly
1 5 10 15

Leu Lys Ala Ala Val Asp Ala Val Lys Ala Gly Gln Leu Val Val Leu
20 25 30

Pro Thr Asp Thr Leu Tyr Gly Leu Gly Cys Asp Ala Phe Asn Asn Glu
35 40 45

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

Val Pro Val Leu Val Gly Ser Trp Asp Thr Ile Gln Gly Leu Val His
65 70 75 80

Ser Tyr Ser Ala Gln Ala Lys Ala Leu Val Glu Ala Phe Trp Pro Gly
85 90 95

Gly Leu Ser Ile Ile Val Pro Gln Ala Pro Ser Leu Pro Trp Asn Leu
100 105 110

Gly Asp Thr Arg Gly Thr Val Met Leu Arg Met Pro Leu His Pro Val
115 120 125

Ala Ile Glu Leu Leu Arg Gln Thr Gly Pro Met Ala Val Ser Ser Ala
130 135 140

Asn Ile Ser Gly His Thr Pro Pro Thr Thr Val Leu Glu Ala Arg Gln
145 150 155 160

Gln Leu Asn Gln Asn Val Ala Val Tyr Leu Asp Gly Gly Glu Cys Ala
165 170 175

Leu Ala Thr Pro Ser Thr Ile Val Asp Ile Ser Gly Pro Ala Pro Lys

180	185	190	
Ile Leu Arg Glu Gly Ala Ile Ser Ala Glu Arg Val Gly Glu Val Leu			
195	200	205	
Gly Val Ser Ala Glu Ser Leu Arg			
210	215		
<210> 13			
<211> 1026			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1003)			
<223> RXC00657			
<400> 13			
gtgcggatcg ggtatccgcg ctacacttag aggtgttaga gatcatgagt ttccacgaac 60			
tgtaacgcag gattcaccaa tcaatgaaag gtcgaccgac atg agc act gaa gac			115
	Met Ser Thr Glu Asp		
	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 Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val Ala Pro Glu Ile Lys	355
70758085	
atc ggg cac acc atc gct gaa ggc agt ccc atc gac atg ctg ttg gaa Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile Asp Met Leu Leu Glu	403
9095100	
atg tct ccc gat gcc aca atg atc gtc atg ggt tcc cgc gga ctc ggc Met Ser Pro Asp Ala Thr Met Ile Val Met Gly Ser Arg Gly Leu Gly	451
105110115	
gga ctc tcc gga atg gtc atg ggc tcc gtc tcc ggt gca gtg gtc agc Gly Leu Ser Gly Met Val Met Gly Ser Val Ser Gly Ala Val Val Ser	499
120125130	
cac gca aag tgt cca gtc gtt gtt gtc cgt gaa gac agc gca gtc aac His Ala Lys Cys Pro Val Val Val Val Arg Glu Asp Ser Ala Val Asn	547
135140145	
gaa gac agc aag tac ggc cca gtc gtc gtc ggt gtg gat ggc tcc gaa Glu Asp Ser Lys Tyr Gly Pro Val Val Val Gly Val Asp Gly Ser Glu	595
150155160165	
gtc tcc caa cag gca acc gaa tac gca ttt gcg gaa gct gaa gct cgt Val Ser Gln Gln Ala Thr Glu Tyr Ala Phe Ala Glu Ala Glu Ala Arg	643
170175180	
ggc gcc gaa ctc gtt gca gtt cac acc tgg atg gac atg cag gta cag Gly Ala Glu Leu Val Ala Val His Thr Trp Met Asp Met Gln Val Gln	691
185190195	
gca tca ctt gca ggt ctt gca gct gct caa cag cag tgg gat gaa gtg Ala Ser Leu Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Gln Trp Asp Glu Val	739
200205210	
gaa cgt cag caa acc gac atg ctg atc gaa cgc ctc gca cca ctg gtg Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg Leu Ala Pro Leu Val	787
215220225	
gaa aag tac cca agt gta acc gtc aag aag atc atc acc cgt gac cgc	835

Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile Ile Thr Arg Asp Arg
230 235 240 245
cca gtt cgc gca ctt gca gaa gca tct gaa aac gcg cag ctc cta gtc 883
Pro Val Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ser Glu Asn Ala Gln Leu Leu Val
250 255 260
gtt ggt tcc cat ggt cgt ggc gga ttt aag ggc atg ctc ctt ggc tcc 931
Val Gly Ser His Gly Arg Gly Gly Phe Lys Gly Met Leu Leu Gly Ser
265 270 275
acc tcc cgc gca ctg ctg caa tcc gca ccg tgc cca atg atg gtg gtt 979
Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys Pro Met Met Val Val
280 285 290
cgc cca cct gag aag att aag aag tagtttcttt taagtttcga tgc 1026
Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
295 300
<210> 14
<211> 301
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 14
Met Ser Thr Glu Asp Ile Val Val Val Ala Val Asp Gly Ser Asp Ala
1 5 10 15
Ser Lys Gln Ala Val Arg Trp Ala Ala Asn Thr Ala Asn Lys Arg Gly
20 25 30
Ile Pro Leu Arg Leu Ala Ser Ser Tyr Thr Met Pro Gln Phe Leu Tyr
35 40 45
Ala Glu Gly Met Val Pro Pro Gln Glu Leu Phe Asp Asp Leu Gln Ala
50 55 60
Glu Ala Leu Glu Lys Ile Asn Glu Ala Arg Asp Ile Ala His Glu Val
65 70 75 80
Ala Pro Glu Ile Lys Ile Gly His Thr Ile Ala Glu Gly Ser Pro Ile

85

90

95

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

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

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

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

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

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

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

Gln Trp Asp Glu Val Glu Arg Gln Gln Thr Asp Met Leu Ile Glu Arg
210 215 220

Leu Ala Pro Leu Val Glu Lys Tyr Pro Ser Val Thr Val Lys Lys Ile
225 230 235 240

Ile Thr Arg Asp Arg Pro Val Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ser Glu Asn
245 250 255

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

Met Leu Leu Gly Ser Thr Ser Arg Ala Leu Leu Gln Ser Ala Pro Cys
275 280 285

Pro Met Met Val Val Arg Pro Pro Glu Lys Ile Lys Lys
290 295 300

<210> 15
 <211> 1059
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 15
 ccgccaacaa ggcagcaaag ctcgatccaa ttgacgcctt gcgttatgag taaaagcctc 60

gtttttaagg tagccacaca tcgcactaga ctgaagaact gtg gct acc tca aaa 115
 Val Ala Thr Ser Lys

1 5

att ctt ctt tat tac gca ttc acc ccg ctc tct gac cct aaa gcg gtt 163
 Ile Leu Leu Tyr Tyr Ala Phe Thr Pro Leu Ser Asp Pro Lys Ala Val

10 15 20

cag ctg tgg cag cgt gag ctc tgc gag tca ctg aat ctt cgt ggc cgc 211
 Gln Leu Trp Gln Arg Glu Leu Cys Glu Ser Leu Asn Leu Arg Gly Arg

25 30 35

atc ctg atc tcc act cac ggc atc aat gga acc gtg ggc gga gat att 259
 Ile Leu Ile Ser Thr His Gly Ile Asn Gly Thr Val Gly Gly Asp Ile

40 45 50

gat gat tgc aag gcg tac att aaa aag acc cgc gag tac cca ggt ttc 307
 Asp Asp Cys Lys Ala Tyr Ile Lys Lys Thr Arg Glu Tyr Pro Gly Phe

55 60 65

aac cgc atg cag ttt aag tgg tcc gag ggt ggc gct gag gat ttc cca 355
 Asn Arg Met Gln Phe Lys Trp Ser Glu Gly Gly Ala Glu Asp Phe Pro

70 75 80 85

aag ctc agt gtc aaa gtc cgc gat gag atc gtt gcc ttc ggc gct cca 403
 Lys Leu Ser Val Lys Val Arg Asp Glu Ile Val Ala Phe Gly Ala Pro

90 95 100

gat gag ctc aaa gtg gat gaa aac ggc gtc gtc ggt ggc ggc gtt cac 451

Asp Glu Leu Lys Val Asp Glu Asn Gly Val Val Gly Gly Gly Val His	
105	110
115	
ctg aaa cca cag cag gtc aat gag ctt gtg gaa gcc cgt ggc gat gaa	499
Leu Lys Pro Gln Gln Val Asn Glu Leu Val Glu Ala Arg Gly Asp Glu	
120	125
130	
gtt gtg ttc ttt gac ggc cgc aac gca atg gaa gcc cag atc ggc aag	547
Val Val Phe Phe Asp Gly Arg Asn Ala Met Glu Ala Gln Ile Gly Lys	
135	140
145	
ttc aag gac gct gtt gtc cct gac gta gaa acc act cat gat ttc atc	595
Phe Lys Asp Ala Val Val Pro Asp Val Glu Thr Thr His Asp Phe Ile	
150	155
160	165
gca gaa att gag tct gga aaa tac gac gat ctc aaa gac aag cct gtg	643
Ala Glu Ile Glu Ser Gly Lys Tyr Asp Asp Leu Lys Asp Lys Pro Val	
170	175
180	
gtc acc tac tgc acc ggc gga att cgt tgt gag atc ctg agt tca ctc	691
Val Thr Tyr Cys Thr Gly Gly Ile Arg Cys Glu Ile Leu Ser Ser Leu	
185	190
195	
atg atc aac cgt ggt ttc aaa gag gtc tac caa atc gat ggc ggc atc	739
Met Ile Asn Arg Gly Phe Lys Glu Val Tyr Gln Ile Asp Gly Gly Ile	
200	205
210	
gtt cgc tac ggc gag cag ttt ggc aac aag ggc ctg tgg gaa ggc tcc	787
Val Arg Tyr Gly Glu Gln Phe Gly Asn Lys Gly Leu Trp Glu Gly Ser	
215	220
225	
ctc tac gtt ttc gat aag cgc atg cat atg gaa ttc ggc gag gat tac	835
Leu Tyr Val Phe Asp Lys Arg Met His Met Glu Phe Gly Glu Asp Tyr	
230	235
240	245
aaa gag gtc gga cac tgc atc cat tgc gat act ccc acc aac aaa ttt	883
Lys Glu Val Gly His Cys Ile His Cys Asp Thr Pro Thr Asn Lys Phe	
250	255
260	
gag cac tgc ctc aac gaa gat gat tgc cgc gag ctc gtg ttg atg tgc	931

Glu His Cys Leu Asn Glu Asp Asp Cys Arg Glu Leu Val Leu Met Cys

265 270 275

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

280 285 290

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

295 300 305

gtt act tct taaaaagggt atggtggctg ggt 1059
Val Thr Ser

310

<210> 16

<211> 312

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 16

Val Ala Thr Ser Lys Ile Leu Leu Tyr Tyr Ala Phe Thr Pro Leu Ser
1 5 10 15

Asp Pro Lys Ala Val Gln Leu Trp Gln Arg Glu Leu Cys Glu Ser Leu
20 25 30

Asn Leu Arg Gly Arg Ile Leu Ile Ser Thr His Gly Ile Asn Gly Thr
35 40 45

Val Gly Gly Asp Ile Asp Asp Cys Lys Ala Tyr Ile Lys Lys Thr Arg
50 55 60

Glu Tyr Pro Gly Phe Asn Arg Met Gln Phe Lys Trp Ser Glu Gly Gly
65 70 75 80

Ala Glu Asp Phe Pro Lys Leu Ser Val Lys Val Arg Asp Glu Ile Val
85 90 95

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

100	105	110
Gly Gly Gly Val His Leu Lys Pro Gln Gln Val Asn Glu Leu Val Glu		
115	120	125
Ala Arg Gly Asp Glu Val Val Phe Phe Asp Gly Arg Asn Ala Met Glu		
130	135	140
Ala Gln Ile Gly Lys Phe Lys Asp Ala Val Val Pro Asp Val Glu Thr		
145	150	155
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
Phe Gly Glu Asp Tyr Lys Glu Val Gly His Cys Ile His Cys Asp Thr		
245	250	255
Pro Thr Asn Lys Phe Glu His Cys Leu Asn Glu Asp Asp Cys Arg Glu		
260	265	270
Leu Val Leu Met Cys Pro Asp Cys Phe Ala Asn Val Glu Thr Arg His		
275	280	285
Cys Lys Arg Glu Arg Cys Ala Ala Ile Ala Ala Asp Phe Ala Glu Gln		
290	295	300
Gly Ile Asp Pro Leu Val Thr Ser		
305	310	

<210> 17
 <211> 1578
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1555)
 <223> RXN00351

<400> 17
 gaaggctgct gctaagaaaa cgaccaagaa gaccactaag aaaactacta aaaagaccac 60

cgcaaagaag accacaaaga agtccttaagc cggatcttat atg gat gat tcc aat 115
 Met Asp Asp Ser Asn

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

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

40 45 50

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

55 60 65

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

70 75 80 85

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

90 95 100

att gtt act ccg gtg tac aac acc gat tgg tgg cat gcg ttt cgg gag 451

Ile Val Thr Pro Val Tyr Asn Thr Asp Trp Trp His Ala Phe Arg Glu	
105	110
115	
gta aac ctc aag ttc gct gaa gcc gtg agc caa gtg gcg gca cac ggt	499
Val Asn Leu Lys Phe Ala Glu Ala Val Ser Gln Val Ala Ala His Gly	
120	125
130	
gcc act gtg tgg gtg cag gac tat cag ctg ttg ctg gtt cct ggc att	547
Ala Thr Val Trp Val Gln Asp Tyr Gln Leu Leu Leu Val Pro Gly Ile	
135	140
145	
ttg cgc cag atg cgc cct gat ttg aag atc ggt ttc ttc ctc cac att	595
Leu Arg Gln Met Arg Pro Asp Leu Lys Ile Gly Phe Phe Leu His Ile	
150	155
160	165
ccc ttc cct tcc cct gat ctg ttc cgt cag ctg ccg tgg cgt gaa gag	643
Pro Phe Pro Ser Pro Asp Leu Phe Arg Gln Leu Pro Trp Arg Glu Glu	
170	175
180	
att gtt cga ggc atg ctg ggc gca gat ttg gtg gga ttc cat ttg gtt	691
Ile Val Arg Gly Met Leu Gly Ala Asp Leu Val Gly Phe His Leu Val	
185	190
195	
caa aac gca gaa aac ttc ctt gcg tta acc cag cag gtt gcc ggc act	739
Gln Asn Ala Glu Asn Phe Leu Ala Leu Thr Gln Gln Val Ala Gly Thr	
200	205
210	
gcc ggg tct cat gtg ggt cag ccg gac acc ttg cag gtc agt ggt gaa	787
Ala Gly Ser His Val Gly Gln Pro Asp Thr Leu Gln Val Ser Gly Glu	
215	220
225	
gca ttg gtg cgt gag att ggc gct cat gtt gaa acc gct gac gga agg	835
Ala Leu Val Arg Glu Ile Gly Ala His Val Glu Thr Ala Asp Gly Arg	
230	235
240	245
cga gtt agc gtc ggg gcg ttc ccg atc tcg att gat gtt gaa atg ttt	883
Arg Val Ser Val Gly Ala Phe Pro Ile Ser Ile Asp Val Glu Met Phe	
250	255
260	
ggg gag gcg tcg aaa agc gcc gtt ctt gat ctt tta aaa acg ctc gac	931

Gly	Glu	Ala	Ser	Lys	Ser	Ala	Val	Leu	Asp	Leu	Leu	Lys	Thr	Leu	Asp	
265				270				275								
gag	ccg	gaa	acc	gta	ttc	ctg	ggc	gtt	gac	cga	ctg	gac	tac	acc	aag	979
Glu	Pro	Glu	Thr	Val	Phe	Leu	Gly	Val	Asp	Arg	Leu	Asp	Tyr	Thr	Lys	
280				285				290								
ggc	att	ttg	cag	cgc	ctg	ctt	gcg	ttt	gag	gaa	ctg	ctg	gaa	tcc	ggc	1027
Gly	Ile	Leu	Gln	Arg	Leu	Leu	Ala	Phe	Glu	Glu	Leu	Leu	Glu	Ser	Gly	
295				300				305								
gcg	ttg	gag	gcc	gac	aaa	gct	gtg	ttg	ctg	cag	gtc	gcg	acg	cct	tcg	1075
Ala	Leu	Glu	Ala	Asp	Lys	Ala	Val	Leu	Leu	Gln	Val	Ala	Thr	Pro	Ser	
310				315				320				325				
cgt	gag	cgc	att	gat	cac	tat	cgt	gtg	tcg	cgt	tcg	cag	gtc	gag	gaa	1123
Arg	Glu	Arg	Ile	Asp	His	Tyr	Arg	Val	Ser	Arg	Ser	Gln	Val	Glu	Glu	
330				335				340								
gcc	gtc	ggc	cgt	atc	aat	ggt	cgt	ttc	ggt	cgc	atg	ggg	cgt	ccc	gtg	1171
Ala	Val	Gly	Arg	Ile	Asn	Gly	Arg	Phe	Gly	Arg	Met	Gly	Arg	Pro	Val	
345				350				355								
gtg	cat	tat	cta	cac	agg	tca	ttg	agc	aaa	aat	gat	ctc	cag	gtg	ctg	1219
Val	His	Tyr	Leu	His	Arg	Ser	Leu	Ser	Lys	Asn	Asp	Leu	Gln	Val	Leu	
360				365				370								
tat	acc	gca	gcc	gat	gtc	atg	ctg	gtt	acg	cct	ttt	aaa	gac	ggt	atg	1267
Tyr	Thr	Ala	Ala	Asp	Val	Met	Leu	Val	Thr	Pro	Phe	Lys	Asp	Gly	Met	
375				380				385								
aac	ttg	gtg	gct	aaa	gaa	ttc	gtg	gcc	aac	cac	cgc	gac	ggc	act	ggt	1315
Asn	Leu	Val	Ala	Lys	Glu	Phe	Val	Ala	Asn	His	Arg	Asp	Gly	Thr	Gly	
390				395				400				405				
gct	ttg	gtg	ctg	tcc	gaa	ttt	gcc	ggc	gcg	gcc	act	gag	ctg	acc	ggt	1363
Ala	Leu	Val	Leu	Ser	Glu	Phe	Ala	Gly	Ala	Ala	Thr	Glu	Leu	Thr	Gly	
410				415				420								
gcg	tat	tta	tgc	aac	cca	ttt	gat	gtg	gaa	tcc	atc	aaa	cgg	caa	atg	1411

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

425

430

435

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

440

445

450

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

455

460

465

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

470

475

480

485

tgaaccgcgc acgaatcgcg acc 1578

<210> 18

<211> 485

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 18

Met Asp Asp Ser Asn Ser Phe Val Val Val Ala Asn Arg Leu Pro Val
1 5 10 15

Asp Met Thr Val His Pro Asp Gly Ser Tyr Ser Ile Ser Pro Ser Pro
20 25 30

Gly Gly Leu Val Thr Gly Leu Ser Pro Val Leu Glu Gln His Arg Gly
35 40 45

Cys Trp Val Gly Trp Pro Gly Thr Val Asp Val Ala Pro Glu Pro Phe
50 55 60

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

Asp Tyr Glu Gly Phe Tyr Glu Gly Phe Ser Asn Ala Thr Leu Trp Pro
85 90 95

Leu Phe His Asp Leu Ile Val Thr Pro Val Tyr Asn Thr Asp Trp Trp
100 105 110

His Ala Phe Arg Glu Val Asn Leu Lys Phe Ala Glu Ala Val Ser Gln
115 120 125

Val Ala Ala His Gly Ala Thr Val Trp Val Gln Asp Tyr Gln Leu Leu
130 135 140

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

Phe Phe Leu His Ile Pro Phe Pro Ser Pro Asp Leu Phe Arg Gln Leu
165 170 175

Pro Trp Arg Glu Glu Ile Val Arg Gly Met Leu Gly Ala Asp Leu Val
180 185 190

Gly Phe His Leu Val Gln Asn Ala Glu Asn Phe Leu Ala Leu Thr Gln
195 200 205

Gln Val Ala Gly Thr Ala Gly Ser His Val Gly Gln Pro Asp Thr Leu
210 215 220

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

Thr Ala Asp Gly Arg Arg Val Ser Val Gly Ala Phe Pro Ile Ser Ile
245 250 255

Asp Val Glu Met Phe Gly Glu Ala Ser Lys Ser Ala Val Leu Asp Leu
260 265 270

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

Leu Asp Tyr Thr Lys Gly Ile Leu Gln Arg Leu Leu Ala Phe Glu Glu
290 295 300

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ser Gly Glu Asn Ser
485

<210> 19

<211> 1546

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1546)

<223> FRXA00351

<400> 19

gaaggctgct gctaagaaaa cgaccaagaa gaccactaag aaaactacta aaaagaccac 60

cgcaaagaag accacaaaga agtccttaagc cggatcttat atg gat gat tcc aat 115
Met Asp Asp Ser Asn

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

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

40 45 50

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

55 60 65

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

70 75 80 85

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

90 95 100

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

105 110 115

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

120 125 130

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

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

295	300	305	
gcg ttg gag gcc gac aaa gct gtg ttg ctg cag gtc gcg acg cct tcg			1075
Ala Leu Glu Ala Asp Lys Ala Val Leu Leu Gln Val Ala Thr Pro Ser			
310	315	320	325
cgt gag cgc att gat cac tat cgt gtg tcg cgt tcg cag gtc gag gaa			1123
Arg Glu Arg Ile Asp His Tyr Arg Val Ser Arg Ser Gln Val Glu Glu			
	330	335	340
gcc gtc ggc cgt atc aat ggt cgt ttc ggt cgc atg ggg cgt ccc gtg			1171
Ala Val Gly Arg Ile Asn Gly Arg Phe Gly Arg Met Gly Arg Pro Val			
	345	350	355
gtg cat tat cta cac agg tca ttg agc aaa aat gat ctc cag gtg ctg			1219
Val His Tyr Leu His Arg Ser Leu Ser Lys Asn Asp Leu Gln Val Leu			
	360	365	370
tat acc gca gcc gat gtc atg ctg gtt acg cct ttt aaa gac ggt atg			1267
Tyr Thr Ala Ala Asp Val Met Leu Val Thr Pro Phe Lys Asp Gly Met			
	375	380	385
aac ttg gtg gct aaa gaa ttc gtg gcc aac cac cgc gac ggc act ggt			1315
Asn Leu Val Ala Lys Glu Phe Val Ala Asn His Arg Asp Gly Thr Gly			
390	395	400	405
gct ttg gtg ctg tcc gaa ttt gcc ggc gcg gcc act gag ctg acc ggt			1363
Ala Leu Val Leu Ser Glu Phe Ala Gly Ala Ala Thr Glu Leu Thr Gly			
	410	415	420
gcg tat tta tgc aac cca ttt gat gtg gaa tcc atc aaa cgg caa atg			1411
Ala Tyr Leu Cys Asn Pro Phe Asp Val Glu Ser Ile Lys Arg Gln Met			
	425	430	435
gtg gca gct gtc cat gat ttg aag cac aat ccg gaa tct gcg gca acg			1459
Val Ala Ala Val His Asp Leu Lys His Asn Pro Glu Ser Ala Ala Thr			
	440	445	450
cga atg aaa acg aac agc gag cag gtc tat acc cac gac gtc aac gtg			1507
Arg Met Lys Thr Asn Ser Glu Gln Val Tyr Thr His Asp Val Asn Val			

455 460 465

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

470 475 480

<210> 20
 <211> 482
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 20
 Met Asp Asp Ser Asn Ser Phe Val Val Val Ala Asn Arg Leu Pro Val
 1 5 10 15

Asp Met Thr Val His Pro Asp Gly Ser Tyr Ser Ile Ser Pro Ser Pro
 20 25 30

Gly Gly Leu Val Thr Gly Leu Ser Pro Val Leu Glu Gln His Arg Gly
 35 40 45

Cys Trp Val Gly Trp Pro Gly Thr Val Asp Val Ala Pro Glu Pro Phe
 50 55 60

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

Asp Tyr Glu Gly Phe Tyr Glu Gly Phe Ser Asn Ala Thr Leu Trp Pro
 85 90 95

Leu Phe His Asp Leu Ile Val Thr Pro Val Tyr Asn Thr Asp Trp Trp
 100 105 110

His Ala Phe Arg Glu Val Asn Leu Lys Phe Ala Glu Ala Val Ser Gln
 115 120 125

Val Ala Ala His Gly Ala Thr Val Trp Val Gln Asp Tyr Gln Leu Leu
 130 135 140

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

Phe Phe Leu His Ile Pro Phe Pro Ser Pro Asp Leu Phe Arg Gln Leu
165 170 175

Pro Trp Arg Glu Glu Ile Val Arg Gly Met Leu Gly Ala Asp Leu Val
180 185 190

Gly Phe His Leu Val Gln Asn Ala Glu Asn Phe Leu Ala Leu Thr Gln
195 200 205

Gln Val Ala Gly Thr Ala Gly Ser His Val Gly Gln Pro Asp Thr Leu
210 215 220

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

Thr Ala Asp Gly Arg Arg Val Ser Val Gly Ala Phe Pro Ile Ser Ile
245 250 255

Asp Val Glu Met Phe Gly Glu Ala Ser Lys Ser Ala Val Leu Asp Leu
260 265 270

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

Leu Asp Tyr Thr Lys Gly Ile Leu Gln Arg Leu Leu Ala Phe Glu Glu
290 295 300

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

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

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

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

Asp Leu Gln Val Leu Tyr Thr Ala Ala Asp Val Met Leu Val Thr Pro

370 375 380

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

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

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

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

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

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

Ser Gly

<210> 21
<211> 779
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(756)
<223> RXA00873

<400> 21
act gcc caa tgg ggt att ttc ctg cgt aat cat gat gag ctc acc ctt 48
Thr Ala Gln Trp Gly Ile Phe Leu Arg Asn His Asp Glu Leu Thr Leu

1 5 10 15

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

20 25 30

tcc gaa cct cgc atg cgc gcc aac gta gga atc cgc agg cgc ctt tcc	144
Ser Glu Pro Arg Met Arg Ala Asn Val Gly Ile Arg Arg Arg Leu Ser	
35 40 45	
cca ctg ctt gaa ggc gac cgc aac cag ctg gaa ctc ctt cac ggt ttg	192
Pro Leu Leu Glu Gly Asp Arg Asn Gln Leu Glu Leu Leu His Gly Leu	
50 55 60	
ttg ctg tct cta cct ggc tca ccc gtg ttg tat tac ggt gat gaa att	240
Leu Leu Ser Leu Pro Gly Ser Pro Val Leu Tyr Tyr Gly Asp Glu Ile	
65 70 75 80	
ggc atg ggc gac aat atc tgg ctc cac gac cgc gac gga gtg cgc acc	288
Gly Met Gly Asp Asn Ile Trp Leu His Asp Arg Asp Gly Val Arg Thr	
85 90 95	
ccc atg cag tgg tcc aac gac cgc aac ggt ggt ttc tcc aaa gct gat	336
Pro Met Gln Trp Ser Asn Asp Arg Asn Gly Gly Phe Ser Lys Ala Asp	
100 105 110	
cct gaa cgc ctg tac ctt cca gcg atc caa aat gat caa tac ggc tac	384
Pro Glu Arg Leu Tyr Leu Pro Ala Ile Gln Asn Asp Gln Tyr Gly Tyr	
115 120 125	
gcc caa gta aac gtg gaa agc caa ctc aac cgc gaa aac tcc ctg ctg	432
Ala Gln Val Asn Val Glu Ser Gln Leu Asn Arg Glu Asn Ser Leu Leu	
130 135 140	
cgc tgg ctc cga aac caa atc ctt atc cgc aag cag tac cgc gca ttt	480
Arg Trp Leu Arg Asn Gln Ile Leu Ile Arg Lys Gln Tyr Arg Ala Phe	
145 150 155 160	
ggt gcc gga acc tac cgt gaa gtg tcc tcc acc aat gag tca gtg ttg	528
Gly Ala Gly Thr Tyr Arg Glu Val Ser Ser Thr Asn Glu Ser Val Leu	
165 170 175	
aca ttt tta cga gaa cac aag ggc caa acc att ttg tgt gtc aac aac	576
Thr Phe Leu Arg Glu His Lys Gly Gln Thr Ile Leu Cys Val Asn Asn	
180 185 190	
atg agc aaa tat cct cag gca gtc tcg ctt gat ttg cgt gaa ttt gca	624

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250

ccaacacatc atc 779

<210> 22

<211> 252

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 22

Thr Ala Gln Trp Gly Ile Phe Leu Arg Asn His Asp Glu Leu Thr Leu
1 5 10 15

Glu Met Val Ser Asp Glu Glu Arg Ser Tyr Met Tyr Ser Gln Phe Ala
20 25 30

Ser Glu Pro Arg Met Arg Ala Asn Val Gly Ile Arg Arg Arg Leu Ser
35 40 45

Pro Leu Leu Glu Gly Asp Arg Asn Gln Leu Glu Leu Leu His Gly Leu
50 55 60

Leu Leu Ser Leu Pro Gly Ser Pro Val Leu Tyr Tyr Gly Asp Glu Ile
65 70 75 80

Gly Met Gly Asp Asn Ile Trp Leu His Asp Arg Asp Gly Val Arg Thr
85 90 95

Pro Met Gln Trp Ser Asn Asp Arg Asn Gly Gly Phe Ser Lys Ala Asp
100 105 110

Pro Glu Arg Leu Tyr Leu Pro Ala Ile Gln Asn Asp Gln Tyr Gly Tyr
115 120 125

Ala Gln Val Asn Val Glu Ser Gln Leu Asn Arg Glu Asn Ser Leu Leu
130 135 140

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

Gly Ala Gly Thr Tyr Arg Glu Val Ser Ser Thr Asn Glu Ser Val Leu
165 170 175

Thr Phe Leu Arg Glu His Lys Gly Gln Thr Ile Leu Cys Val Asn Asn
180 185 190

Met Ser Lys Tyr Pro Gln Ala Val Ser Leu Asp Leu Arg Glu Phe Ala
195 200 205

Gly His Thr Pro Arg Glu Met Ser Gly Gly Gln Leu Phe Pro Thr Ile
210 215 220

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

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

<210> 23

<211> 1102

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1102)

<223> RXA00891

<400> 23

tcaatatattcc gaagaaaacc gcgcagctct ctactagtc tcaggtgagg cgaaagtgg 60

gaaagacccg ctacgcatgg tgcgcctggc tttttagaat gtg ctg caa acc tcc	115		
Val Leu Gln Thr Ser			
1	5		
tgg cat ttc tct atc ctg gca ggc atg act gat acc tct ccg ttg aat	163		
Trp His Phe Ser Ile Leu Ala Gly Met Thr Asp Thr Ser Pro Leu Asn			
10	15	20	
tct cag ccg agt gca gat cac cac cct gat cac gcg gct cgc cca gtt	211		
Ser Gln Pro Ser Ala Asp His His Pro Asp His Ala Ala Arg Pro Val			
25	30	35	
ctt gat gcc cac ggc ttg atc gtt gag cac gaa tcg gaa gag ttt cca	259		
Leu Asp Ala His Gly Leu Ile Val Glu His Glu Ser Glu Glu Phe Pro			
40	45	50	
gtc ccc gca ccc gct ccc ggt gaa cag ccc tgg gag aag aaa aac cgc	307		
Val Pro Ala Pro Ala Pro Gly Glu Gln Pro Trp Glu Lys Lys Asn Arg			
55	60	65	
gag tgg tac aaa gac gcc gtt ttc tac gaa gtg ctg gtt cgt gcc ttc	355		
Glu Trp Tyr Lys Asp Ala Val Phe Tyr Glu Val Leu Val Arg Ala Phe			
70	75	80	85
tac gat cca gaa ggc aac gga gtc gga tcg ttg aaa ggc ctg acc gaa	403		
Tyr Asp Pro Glu Gly Asn Gly Val Gly Ser Leu Lys Gly Leu Thr Glu			
90	95	100	
aaa ctg gat tac atc cag tgg ctc ggc gtg gat tgc att tgg atc cca	451		
Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Trp Leu Gly Val Asp Cys Ile Trp Ile Pro			
105	110	115	
ccg ttt tat gat tcc cca ctg cgc gac ggc ggt tac gat atc cgc aac	499		
Pro Phe Tyr Asp Ser Pro Leu Arg Asp Gly Gly Tyr Asp Ile Arg Asn			
120	125	130	
ttc cgt gaa atc ctg ccc gaa ttc ggc acc gtc gat gac ttc gtg gaa	547		
Phe Arg Glu Ile Leu Pro Glu Phe Gly Thr Val Asp Asp Phe Val Glu			
135	140	145	

ctc gtt gac cac gcc cac cgc cgt ggc ctg cgt gtt atc acc gac ttg	595
Leu Val Asp His Ala His Arg Arg Gly Leu Arg Val Ile Thr Asp Leu	
150	155
160	165
gtc atg aat cac acc tcc gac cag cac gca tgg ttc caa gaa tcc cgg	643
Val Met Asn His Thr Ser Asp Gln His Ala Trp Phe Gln Glu Ser Arg	
170	175
180	
cgc gac cca acc ggc ccc tac gga gat ttc tat gtg tgg agc gat gat	691
Arg Asp Pro Thr Gly Pro Tyr Gly Asp Phe Tyr Val Trp Ser Asp Asp	
185	190
195	
ccc acc ctg tac aac gaa gcc cgc atc atc ttt gta gat aca gaa gaa	739
Pro Thr Leu Tyr Asn Glu Ala Arg Ile Ile Phe Val Asp Thr Glu Glu	
200	205
210	
tcc aac tgg acc tat gat ccg gtg cgt ggc cag tac ttc tgg cac cgc	787
Ser Asn Trp Thr Tyr Asp Pro Val Arg Gly Gln Tyr Phe Trp His Arg	
215	220
225	
ttc ttc tcc cac caa cca gac ctc aac tac gac aac ccc gca gtc caa	835
Phe Phe Ser His Gln Pro Asp Leu Asn Tyr Asp Asn Pro Ala Val Gln	
230	235
240	245
gag gcc atg cta gat gtc ttg cgt ttc tgg ctg gac ctg gga ctt gat	883
Glu Ala Met Leu Asp Val Leu Arg Phe Trp Leu Asp Leu Gly Leu Asp	
250	255
260	
ggt ttc cga cta gat gcc gtt cct tat ctt ttt gaa cgc gaa ggc acc	931
Gly Phe Arg Leu Asp Ala Val Pro Tyr Leu Phe Glu Arg Glu Gly Thr	
265	270
275	
aac ggc gaa aac ctc aaa gaa acc cac gat ttc ctc aaa ctg tgt cgc	979
Asn Gly Glu Asn Leu Lys Glu Thr His Asp Phe Leu Lys Leu Cys Arg	
280	285
290	
tct gtc att gag aag gaa tac ccc ggc cga atc ctg ctc gca gaa gcc	1027
Ser Val Ile Glu Lys Glu Tyr Pro Gly Arg Ile Leu Leu Ala Glu Ala	
295	300
305	

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

310 315 320 325

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

330

<210> 24

<211> 334

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 24

Val Leu Gln Thr Ser Trp His Phe Ser Ile Leu Ala Gly Met Thr Asp
1 5 10 15

Thr Ser Pro Leu Asn Ser Gln Pro Ser Ala Asp His His Pro Asp His
20 25 30

Ala Ala Arg Pro Val Leu Asp Ala His Gly Leu Ile Val Glu His Glu
35 40 45

Ser Glu Glu Phe Pro Val Pro Ala Pro Ala Pro Gly Glu Gln Pro Trp
50 55 60

Glu Lys Lys Asn Arg Glu Trp Tyr Lys Asp Ala Val Phe Tyr Glu Val
65 70 75 80

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

Lys Gly Leu Thr Glu Lys Leu Asp Tyr Ile Gln Trp Leu Gly Val Asp
100 105 110

Cys Ile Trp Ile Pro Pro Phe Tyr Asp Ser Pro Leu Arg Asp Gly Gly
115 120 125

Tyr Asp Ile Arg Asn Phe Arg Glu Ile Leu Pro Glu Phe Gly Thr Val
130 135 140

Asp Asp Phe Val Glu Leu Val Asp His Ala His Arg Arg Gly Leu Arg
145 150 155 160

Val Ile Thr Asp Leu Val Met Asn His Thr Ser Asp Gln His Ala Trp
165 170 175

Phe Gln Glu Ser Arg Arg Asp Pro Thr Gly Pro Tyr Gly Asp Phe Tyr
180 185 190

Val Trp Ser Asp Asp Pro Thr Leu Tyr Asn Glu Ala Arg Ile Ile Phe
195 200 205

Val Asp Thr Glu Glu Ser Asn Trp Thr Tyr Asp Pro Val Arg Gly Gln
210 215 220

Tyr Phe Trp His Arg Phe Phe Ser His Gln Pro Asp Leu Asn Tyr Asp
225 230 235 240

Asn Pro Ala Val Gln Glu Ala Met Leu Asp Val Leu Arg Phe Trp Leu
245 250 255

Asp Leu Gly Leu Asp Gly Phe Arg Leu Asp Ala Val Pro Tyr Leu Phe
260 265 270

Glu Arg Glu Gly Thr Asn Gly Glu Asn Leu Lys Glu Thr His Asp Phe
275 280 285

Leu Lys Leu Cys Arg Ser Val Ile Glu Lys Glu Tyr Pro Gly Arg Ile
290 295 300

Leu Leu Ala Glu Ala Asn Gln Trp Pro Gln Asp Val Val Glu Tyr Phe
305 310 315 320

Gly Glu Lys Asp Lys Gly Asp Glu Cys His Met Ala Phe His
325 330

<210> 25

<211> 1386

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1363)

<223> RXA00534

<400> 25

ctgtgcagaa agaaaacact cctctggcta ggtagacaca gtttataaag gtagagtga 60

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

1 5

cag aaa tat ggc ggt tcc tcg ctt gag agt gcg gaa cgc att aga aac 163
Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala Glu Arg Ile Arg Asn

10 15 20

gtc gct gaa cgg atc gtt gcc acc aag aag gct gga aat gat gtc gtg 211
Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala Gly Asn Asp Val Val

25 30 35

gtt gtc tgc tcc gca atg gga gac acc acg gat gaa ctt cta gaa ctt 259
Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp Glu Leu Leu Glu Leu

40 45 50

gca gcg gca gtg aat ccc gtt ccg cca gct cgt gaa atg gat atg ctc 307
Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg Glu Met Asp Met Leu

55 60 65

ctg act gct ggt gag cgt att tct aac gct ctc gtc gcc atg gct att 355
Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu Val Ala Met Ala Ile

70 75 80 85

gag tcc ctt ggc gca gaa gcc caa tct ttc acg ggc tct cag gct ggt 403
Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr Gly Ser Gln Ala Gly

90 95 100

gtg ctc acc acc gag cgc cac gga aac gca cgc att gtt gat gtc act 451
Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg Ile Val Asp Val Thr

105 110 115

cca ggt cgt gtg cgt gaa gca ctc gat gag ggc aag atc tgc att gtt	499
Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly Lys Ile Cys Ile Val	
120	125
130	
gct ggt ttc cag ggt gtt aat aaa gaa acc cgc gat gtc acc acg ttg	547
Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg Asp Val Thr Thr Leu	
135	140
145	
ggt cgt ggt ggt tct gac acc act gca gtt gcg ttg gca gct gct ttg	595
Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala Leu Ala Ala Ala Leu	
150	155
160	165
aac gct gat gtg tgt gag att tac tcg gac gtt gac ggt gtg tat acc	643
Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val Asp Gly Val Tyr Thr	
170	175
180	
gct gac ccg cgc atc gtt cct aat gca cag aag ctg gaa aag ctc agc	691
Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys Leu Glu Lys Leu Ser	
185	190
195	
ttc gaa gaa atg ctg gaa ctt gct gct gtt ggc tcc aag att ttg gtg	739
Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly Ser Lys Ile Leu Val	
200	205
210	
ctg cgc agt gtt gaa tac gct cgt gca ttc aat gtg cca ctt cgc gta	787
Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn Val Pro Leu Arg Val	
215	220
225	
cgc tcg tct tat agt aat gat ccc ggc act ttg att gcc ggc tct atg	835
Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu Ile Ala Gly Ser Met	
230	235
240	245
gag gat att cct gtg gaa gaa gca gtc ctt acc ggt gtc gca acc gac	883
Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp	
250	255
260	
aag tcc gaa gcc aaa gta acc gtt ctg ggt att tcc gat aag cca ggc	931
Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser Asp Lys Pro Gly	
265	270
275	
gag gct gcg aag gtt ttc cgt gcg ttg gct gat gca gaa atc aac att	979

Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Glu Ile Asn Ile
280 285 290

gac atg gtt ctg cag aac gtc tct tct gta gaa gac ggc acc acc gac 1027
Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gly Thr Thr Asp

295 300 305

atc acc ttc acc tgc cct cgt tcc gac ggc cgc cgc gcg atg gag atc 1075
Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ser Asp Gly Arg Arg Ala Met Glu Ile

310 315 320 325

ttg aag aag ctt cag gtt cag ggc aac tgg acc aat gtg ctt tac gac 1123
Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Val Leu Tyr Asp

330 335 340

gac cag gtc ggc aaa gtc tcc ctc gtg ggt gct ggc atg aag tct cac 1171
Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Met Lys Ser His

345 350 355

cca ggt gtt acc gca gag ttc atg gaa gct ctg cgc gat gtc aac gtg 1219
Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg Asp Val Asn Val

360 365 370

aac atc gaa ttg att tcc acc tct gag att cgt att tcc gtg ctg atc 1267
Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Ser Val Leu Ile

375 380 385

cgt gaa gat gat ctg gat gct gct gca cgt gca ttg cat gag cag ttc 1315
Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu His Glu Gln Phe

390 395 400 405

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

410 415 420

taaagtttta aaggagtagt ttt 1386

<210> 26
<211> 421
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 26

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

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

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

Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg
50 55 60

Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu
65 70 75 80

Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr
85 90 95

Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg
100 105 110

Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly
115 120 125

Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg
130 135 140

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

Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val
165 170 175

Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys
180 185 190

Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly
195 200 205

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Ala Gly Thr Gly Arg

420

<210> 27
<211> 1155
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 27
ctgcacgtgc attgcatgag cagttccagc tgggcggcga agacgaagcc gtcgtttatg 60

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

1 5

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

10 15 20

gaa gag cgc aat ttc cca gct gac act gtt cgt ttc ttt gct tcc cca 211
Glu Glu Arg Asn Phe Pro Ala Asp Thr Val Arg Phe Phe Ala Ser Pro

25 30 35

cgt tcc gca ggc cgt aag att gaa ttc cgt ggc acg gaa atc gag gta 259
Arg Ser Ala Gly Arg Lys Ile Glu Phe Arg Gly Thr Glu Ile Glu Val

40 45 50

gaa gac att act cag gca acc gag gag tcc ctc aag gac atc gac gtt 307
Glu Asp Ile Thr Gln Ala Thr Glu Glu Ser Leu Lys Asp Ile Asp Val

55 60 65

gcg ttg ttc tcc gct gga ggc acc gct tcc aag cag tac gct cca ctg 355
Ala Leu Phe Ser Ala Gly Gly Thr Ala Ser Lys Gln Tyr Ala Pro Leu

70 75 80 85

ttc gct gct gca ggc gcg act gtt gtg gat aac tct tct gct tgg cgc 403
Phe Ala Ala Ala Gly Ala Thr Val Val Asp Asn Ser Ser Ala Trp Arg

90	95	100	
aag gac gac gag gtt cca cta atc gtc tct gag gtg aac cct tcc gac			451
Lys Asp Asp Glu Val Pro Leu Ile Val Ser Glu Val Asn Pro Ser Asp			
105	110	115	
aag gat tcc ctg gtc aag ggc att att gcg aac cct aac tgc acc acc			499
Lys Asp Ser Leu Val Lys Gly Ile Ile Ala Asn Pro Asn Cys Thr Thr			
120	125	130	
atg gct gcg atg cca gtg ctg aag cca ctt cac gat gcc gct ggt ctt			547
Met Ala Ala Met Pro Val Leu Lys Pro Leu His Asp Ala Ala Gly Leu			
135	140	145	
gta aag ctt cac gtt tcc tct tac cag gct gtt tcc ggt tct ggt ctt			595
Val Lys Leu His Val Ser Ser Tyr Gln Ala Val Ser Gly Ser Gly Leu			
150	155	160	165
gca ggt gtg gaa acc ttg gca aag cag gtt gct gca gtt gga gac cac			643
Ala Gly Val Glu Thr Leu Ala Lys Gln Val Ala Ala Val Gly Asp His			
170	175	180	
aac gtt gag ttc gtc cat gat gga cag gct gct gac gca ggc gat gtc			691
Asn Val Glu Phe Val His Asp Gly Gln Ala Ala Asp Ala Gly Asp Val			
185	190	195	
gga cct tat gtt tca cca atc gct tac aac gtg ctg cca ttc gcc gga			739
Gly Pro Tyr Val Ser Pro Ile Ala Tyr Asn Val Leu Pro Phe Ala Gly			
200	205	210	
aac ctc gtc gat gac ggc acc ttc gaa acc gat gaa gag cag aag ctg			787
Asn Leu Val Asp Asp Gly Thr Phe Glu Thr Asp Glu Glu Gln Lys Leu			
215	220	225	
cgc aac gaa tcc cgc aag att ctc ggt ctc cca gac ctc aag gtc tca			835
Arg Asn Glu Ser Arg Lys Ile Leu Gly Leu Pro Asp Leu Lys Val Ser			
230	235	240	245
ggc acc tgc gtc cgc gtg ccg gtt ttc acc ggc cac acg ctg acc att			883
Gly Thr Cys Val Arg Val Pro Val Phe Thr Gly His Thr Leu Thr Ile			

250	255	260	
cac gcc gaa ttc gac aag gca atc acc gtg gac cag gcg cag gag atc 931			
His Ala Glu Phe Asp Lys Ala Ile Thr Val Asp Gln Ala Gln Glu Ile			
265	270	275	
ttg ggt gcc gct tca ggc gtc aag ctt gtc gac gtc cca acc cca ctt 979			
Leu Gly Ala Ala Ser Gly Val Lys Leu Val Asp Val Pro Thr Pro Leu			
280	285	290	
gca gct gcc ggc att gac gaa tcc ctc gtt gga cgc atc cgt cag gac 1027			
Ala Ala Ala Gly Ile Asp Glu Ser Leu Val Gly Arg Ile Arg Gln Asp			
295	300	305	
tcc act gtc gac gat aac cgc ggt ctg gtt ctc gtc gta tct ggc gac 1075			
Ser Thr Val Asp Asp Asn Arg Gly Leu Val Leu Val Val Ser Gly Asp			
310	315	320	325
aac ctc cgc aag ggt gct gcg cta aac acc atc cag atc gct gag ctg 1123			
Asn Leu Arg Lys Gly Ala Ala Leu Asn Thr Ile Gln Ile Ala Glu Leu			
330	335	340	
ctg gtt aag taaaaaccgc ccattaaaaa ctc 1155			
Leu Val Lys			

<210> 28
 <211> 344
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Leu Pro Phe Ala Gly Asn Leu Val Asp Asp Gly Thr Phe Glu Thr Asp
210 215 220

Glu Glu Gln Lys Leu Arg Asn Glu Ser Arg Lys Ile Leu Gly Leu Pro
225 230 235 240

Asp Leu Lys Val Ser Gly Thr Cys Val Arg Val Pro Val Phe Thr Gly
245 250 255

His Thr Leu Thr Ile His Ala Glu Phe Asp Lys Ala Ile Thr Val Asp
260 265 270

Gln Ala Gln Glu Ile Leu Gly Ala Ala Ser Gly Val Lys Leu Val Asp
275 280 285

Val Pro Thr Pro Leu Ala Ala Ala Gly Ile Asp Glu Ser Leu Val Gly
290 295 300

Arg Ile Arg Gln Asp Ser Thr Val Asp Asp Asn Arg Gly Leu Val Leu
305 310 315 320

Val Val Ser Gly Asp Asn Leu Arg Lys Gly Ala Ala Leu Asn Thr Ile
325 330 335

Gln Ile Ala Glu Leu Leu Val Lys
340

<210> 29

<211> 608

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (69)..(608)

<223> RXA02843

<400> 29

cccattgcgc ggaggtcgca ccccttcgga 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
Phe Arg Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn

80 85 90
aat gtc gtg tgg acc aac ttc gga ccg tgc gca gtt gac ggt ttc gca 398
Asn Val Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala

95 100 105 110
ctc acc cgc gcg cgc ctg tca cgc cga ggc caa gtt acg gtt tat agc 446
Leu Thr Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser

115 120 125
gtc gac aag ttc cca cgc atg gtc gac tat gtg gtt ccc tcg ggc gtg 494
Val Asp Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val

130 135 140
cgc atc ggt gac gcc gac cgc gtc cga ctt ggc gcg tac ctg gca gat 542
Arg Ile Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp

145 150 155
ggc acc acc gtg atg cat gag ggc ttc gtg aac ttc aac gct ggc acg 590
Gly Thr Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr

160 165 170
ctc ggc gct tcc atg gtt 608
Leu Gly Ala Ser Met Val

175 180

<210> 30
<211> 180
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 30
Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Thr Gly

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

<210> 31
 <211> 1230
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

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

<223> RXA02022

<400> 31

tatttgcat tccaactgct tgggctccgc gaatgttttc actcattttt taatcgaccg 60

cttccatcat gttttaacta aggtttgtag gcttaaacct gtg aac tct gaa ctc 115
Val Asn Ser Glu Leu

1 5

aaa cca gga tta gat ctc ctc ggc gac cca att gtc ctt act caa cgt 163
Lys Pro Gly Leu Asp Leu Leu Gly Asp Pro Ile Val Leu Thr Gln Arg

10 15 20

ttg gta gat ata ccg agt ccg tcg ggt cag gaa aag cag att gct gat 211
Leu Val Asp Ile Pro Ser Pro Ser Gly Gln Glu Lys Gln Ile Ala Asp

25 30 35

gaa att gaa gat gcc ctt cgg aac ctt aat cta cct ggt gta gag gtc 259
Glu Ile Glu Asp Ala Leu Arg Asn Leu Asn Leu Pro Gly Val Glu Val

40 45 50

ttc cgc ttc aac aac aac gtt ctt gct cgc acg aac agg gga ttg gcc 307
Phe Arg Phe Asn Asn Asn Val Leu Ala Arg Thr Asn Arg Gly Leu Ala

55 60 65

tcg agg gtc atg ctt gct ggt cat atc gat aca gtg ccg atc gcg gac 355
Ser Arg Val Met Leu Ala Gly His Ile Asp Thr Val Pro Ile Ala Asp

70 75 80 85

aat ctg cca agc cgt gtg gaa gac ggc atc atg tat ggc tgt ggc acc 403
Asn Leu Pro Ser Arg Val Glu Asp Gly Ile Met Tyr Gly Cys Gly Thr

90 95 100

gtc gat atg aaa tct ggg ttg gcg gtg tat ttg cat act ttt gcc acc 451
Val Asp Met Lys Ser Gly Leu Ala Val Tyr Leu His Thr Phe Ala Thr

105 110 115

ttg gcc acg tcg act gag ctt aaa cat gat ctg acg ctg att gcg tat 499
Leu Ala Thr Ser Thr Glu Leu Lys His Asp Leu Thr Leu Ile Ala Tyr

120 125 130

gag tgc gag gaa gtt gct gat cac ctc aat ggt ttg ggc cac att cgc 547
Glu Cys Glu Glu Val Ala Asp His Leu Asn Gly Leu Gly His Ile Arg

135 140 145

gat gag cat ccg gag tgg ttg gcg gct gat ttg gcg ttg ttg ggt gag 595
Asp Glu His Pro Glu Trp Leu Ala Ala Asp Leu Ala Leu Leu Gly Glu

150 155 160 165

cct act ggc ggc tgg att gag gcg ggc tgc cag ggc aat ctg cgc atc 643
Pro Thr Gly Gly Trp Ile Glu Ala Gly Cys Gln Gly Asn Leu Arg Ile

170 175 180

aag gtg acg gcg cat ggt gtg cgt gcc cat tcg gcg aga agc tgg ttg 691
Lys Val Thr Ala His Gly Val Arg Ala His Ser Ala Arg Ser Trp Leu

185 190 195

ggt gat aat gcg atg cat aag ttg tcg ccg atc att tcg aag gtt gct 739
Gly Asp Asn Ala Met His Lys Leu Ser Pro Ile Ile Ser Lys Val Ala

200 205 210

gcg tat aag gcc gca gaa gtc aac att gat ggc ttg acc tac cgt gaa 787
Ala Tyr Lys Ala Ala Glu Val Asn Ile Asp Gly Leu Thr Tyr Arg Glu

215 220 225

ggc ctc aac atc gtt ttc tgc gaa tcg ggc gtg gca aac aac gtc att 835
Gly Leu Asn Ile Val Phe Cys Glu Ser Gly Val Ala Asn Asn Val Ile

230 235 240 245

cca gac ctc gcg tgg atg aac ctc aac ttc cgt ttc gcg ccg aat cgc 883
Pro Asp Leu Ala Trp Met Asn Leu Asn Phe Arg Phe Ala Pro Asn Arg

250 255 260

gat ctc aac gag gcg atc gag cat gtc gtc gaa acg ctt gag ctt gac 931
Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu His Val Val Glu Thr Leu Glu Leu Asp

265 270 275

ggt caa gac ggc atc gaa tgg gcc gta gaa gac ggg gca ggc ggt gcc 979
Gly Gln Asp Gly Ile Glu Trp Ala Val Glu Asp Gly Ala Gly Gly Ala

280 285 290

ctt cca ggc ttg ggg cag cag gtg aca agc ggg ctt atc gac gcc gtc 1027
Leu Pro Gly Leu Gly Gln Gln Val Thr Ser Gly Leu Ile Asp Ala Val

295 300 305

ggc cgc gaa aaa atc cgc gca aaa ttc ggc tgg acc gat gtc tca cgt 1075
Gly Arg Glu Lys Ile Arg Ala Lys Phe Gly Trp Thr Asp Val Ser Arg

310 315 320 325

ttt tca gcc atg gga att cca gcc cta aac ttt ggc gct ggt gat cca 1123
Phe Ser Ala Met Gly Ile Pro Ala Leu Asn Phe Gly Ala Gly Asp Pro

330 335 340

agt ttc gcg cat aaa cgc gac gag cag tgc cca gtg gag caa atc acg 1171
Ser Phe Ala His Lys Arg Asp Glu Gln Cys Pro Val Glu Gln Ile Thr

345 350 355

gat gtg gca gca att ttg aag cag tac ctg agc gag taaccgcatt 1217
Asp Val Ala Ala Ile Leu Lys Gln Tyr Leu Ser Glu

360 365

cggggttatc gtg 1230

<210> 32
<211> 369
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 32
Val Asn Ser Glu Leu Lys Pro Gly Leu Asp Leu Leu Gly Asp Pro Ile
1 5 10 15

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

Lys Gln Ile Ala Asp Glu Ile Glu Asp Ala Leu Arg Asn Leu Asn Leu
35 40 45

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

Asn Arg Gly Leu Ala Ser Arg Val Met Leu Ala Gly His Ile Asp Thr
65 70 75 80

Val Pro Ile Ala Asp Asn Leu Pro Ser Arg Val Glu Asp Gly Ile Met
85 90 95

Tyr Gly Cys Gly Thr Val Asp Met Lys Ser Gly Leu Ala Val Tyr Leu
100 105 110

His Thr Phe Ala Thr Leu Ala Thr Ser Thr Glu Leu Lys His Asp Leu
115 120 125

Thr Leu Ile Ala Tyr Glu Cys Glu Glu Val Ala Asp His Leu Asn Gly
130 135 140

Leu Gly His Ile Arg Asp Glu His Pro Glu Trp Leu Ala Ala Asp Leu
145 150 155 160

Ala Leu Leu Gly Glu Pro Thr Gly Gly Trp Ile Glu Ala Gly Cys Gln
165 170 175

Gly Asn Leu Arg Ile Lys Val Thr Ala His Gly Val Arg Ala His Ser
180 185 190

Ala Arg Ser Trp Leu Gly Asp Asn Ala Met His Lys Leu Ser Pro Ile
195 200 205

Ile Ser Lys Val Ala Ala Tyr Lys Ala Ala Glu Val Asn Ile Asp Gly
210 215 220

Leu Thr Tyr Arg Glu Gly Leu Asn Ile Val Phe Cys Glu Ser Gly Val
225 230 235 240

Ala Asn Asn Val Ile Pro Asp Leu Ala Trp Met Asn Leu Asn Phe Arg
245 250 255

Phe Ala Pro Asn Arg Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu His Val Val Glu
260 265 270

Thr Leu Glu Leu Asp Gly Gln Asp Gly Ile Glu Trp Ala Val Glu Asp

275 280 285

Gly Ala Gly Gly Ala Leu Pro Gly Leu Gly Gln Gln Val Thr Ser Gly
290 295 300

Leu Ile Asp Ala Val Gly Arg Glu Lys Ile Arg Ala Lys Phe Gly Trp
305 310 315 320

Thr Asp Val Ser Arg Phe Ser Ala Met Gly Ile Pro Ala Leu Asn Phe
325 330 335

Gly Ala Gly Asp Pro Ser Phe Ala His Lys Arg Asp Glu Gln Cys Pro
340 345 350

Val Glu Gln Ile Thr Asp Val Ala Ala Ile Leu Lys Gln Tyr Leu Ser
355 360 365

Glu

<210> 33
<211> 1059
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1036)
<223> RXA00044

<400> 33
attacctcag ccttccaagc tgatgatgca ttacttaaaa actgcagaca cttgaaaaac 60

ttctcacccg cactcgttcc ctcaaccac aaggagcacc atg gct tcc gca act 115
Met Ala Ser Ala Thr

1 5

ttc acc ggc gtg atc cca ccc gta atg acc cca ctc cac gcc gac ggc 163
Phe Thr Gly Val Ile Pro Pro Val Met Thr Pro Leu His Ala Asp Gly

10 15 20

agt gtg gat gta gaa agc ctc cgc aag ctc gtt gac cac ctc atc aat 211

Ser Val Asp Val Glu Ser Leu Arg Lys Leu Val Asp His Leu Ile Asn	
25 30 35	
ggc ggc gtc gac gga ctt ttc gca ctg ggc tcc tca ggc gaa gcg gca	259
Gly Gly Val Asp Gly Leu Phe Ala Leu Gly Ser Ser Gly Glu Ala Ala	
40 45 50	
ttc ctc acc cgc gcc cag cgc aaa ctc gca ctg acc acc atc atc gag	307
Phe Leu Thr Arg Ala Gln Arg Lys Leu Ala Leu Thr Thr Ile Ile Glu	
55 60 65	
cac acc gca ggc cgc gtt ccc gta act gct ggt gtc att gaa acc acc	355
His Thr Ala Gly Arg Val Pro Val Thr Ala Gly Val Ile Glu Thr Thr	
70 75 80 85	
act gct cgc gtg att gag ctc gtg gaa gat gcc ctg gag gct ggt gcc	403
Thr Ala Arg Val Ile Glu Leu Val Glu Asp Ala Leu Glu Ala Gly Ala	
90 95 100	
gaa ggc ctc gtt gcc act gca cct ttc tac acc cgc acc cac gat gtg	451
Glu Gly Leu Val Ala Thr Ala Pro Phe Tyr Thr Arg Thr His Asp Val	
105 110 115	
gaa att gaa gaa cac ttc cgc aag atc cac gcc gcc gct cca gag ctt	499
Glu Ile Glu Glu His Phe Arg Lys Ile His Ala Ala Ala Pro Glu Leu	
120 125 130	
cca ctg ttt gcc tac aac atc cca gtg tcg gtg cac tcc aac ctc aac	547
Pro Leu Phe Ala Tyr Asn Ile Pro Val Ser Val His Ser Asn Leu Asn	
135 140 145	
cca gtc atg ctt ttg acg ctg gcc aag gat ggc gtt ctt gca ggc acc	595
Pro Val Met Leu Leu Thr Leu Ala Lys Asp Gly Val Leu Ala Gly Thr	
150 155 160 165	
aag gat tcc agt ggc aat gat ggc gca atc cgc tca ctg atc gaa gct	643
Lys Asp Ser Ser Gly Asn Asp Gly Ala Ile Arg Ser Leu Ile Glu Ala	
170 175 180	
cgt gat gat gct gga ctc act gag cag ttc aag atc ctc acc ggc agc	691

Arg Asp Asp Ala Gly Leu Thr Glu Gln Phe Lys Ile Leu Thr Gly Ser
185 190 195

gaa acc acc gtt gat ttc gcc tac ctt gcg ggt gcc gat gga gtt gtc 739
Glu Thr Thr Val Asp Phe Ala Tyr Leu Ala Gly Ala Asp Gly Val Val

200 205 210

cca ggc ctg ggc aat gtt gat cct gca gca tac gca gct tta gca aaa 787
Pro Gly Leu Gly Asn Val Asp Pro Ala Ala Tyr Ala Ala Leu Ala Lys

215 220 225

ctc tgc ctc gat gga aag tgg gca gaa gct gct gct ttg cag aag cgc 835
Leu Cys Leu Asp Gly Lys Trp Ala Glu Ala Ala Ala Leu Gln Lys Arg

230 235 240 245

atc aac cac ctc ttc cac atc gtc ttc gtg gga gac acc tcc cat atg 883
Ile Asn His Leu Phe His Ile Val Phe Val Gly Asp Thr Ser His Met

250 255 260

tcc gga tcc agc gct ggt ttg ggc ggt ttc aag aca gca ctc gca cac 931
Ser Gly Ser Ser Ala Gly Leu Gly Gly Phe Lys Thr Ala Leu Ala His

265 270 275

ctt ggc att att gaa tcc aat gcg atg gca gtt cct cac cag agc ctc 979
Leu Gly Ile Ile Glu Ser Asn Ala Met Ala Val Pro His Gln Ser Leu

280 285 290

agc gac gaa gaa act gct cgc att cac gcc att gtt gat gaa ttc ctg 1027
Ser Asp Glu Glu Thr Ala Arg Ile His Ala Ile Val Asp Glu Phe Leu

295 300 305

tac acc gct taaggccac acctcatgac tga 1059
Tyr Thr Ala

310

<210> 34

<211> 312

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 34

Met Ala Ser Ala Thr Phe Thr Gly Val Ile Pro Pro Val Met Thr Pro
1 5 10 15

Leu His Ala Asp Gly Ser Val Asp Val Glu Ser Leu Arg Lys Leu Val
20 25 30

Asp His Leu Ile Asn Gly Gly Val Asp Gly Leu Phe Ala Leu Gly Ser
35 40 45

Ser Gly Glu Ala Ala Phe Leu Thr Arg Ala Gln Arg Lys Leu Ala Leu
50 55 60

Thr Thr Ile Ile Glu His Thr Ala Gly Arg Val Pro Val Thr Ala Gly
65 70 75 80

Val Ile Glu Thr Thr Thr Ala Arg Val Ile Glu Leu Val Glu Asp Ala
85 90 95

Leu Glu Ala Gly Ala Glu Gly Leu Val Ala Thr Ala Pro Phe Tyr Thr
100 105 110

Arg Thr His Asp Val Glu Ile Glu Glu His Phe Arg Lys Ile His Ala
115 120 125

Ala Ala Pro Glu Leu Pro Leu Phe Ala Tyr Asn Ile Pro Val Ser Val
130 135 140

His Ser Asn Leu Asn Pro Val Met Leu Leu Thr Leu Ala Lys Asp Gly
145 150 155 160

Val Leu Ala Gly Thr Lys Asp Ser Ser Gly Asn Asp Gly Ala Ile Arg
165 170 175

Ser Leu Ile Glu Ala Arg Asp Asp Ala Gly Leu Thr Glu Gln Phe Lys
180 185 190

Ile Leu Thr Gly Ser Glu Thr Thr Val Asp Phe Ala Tyr Leu Ala Gly
195 200 205

Ala Asp Gly Val Val Pro Gly Leu Gly Asn Val Asp Pro Ala Ala Tyr
210 215 220

Ala Ala Leu Ala Lys Leu Cys Leu Asp Gly Lys Trp Ala Glu Ala Ala
225 230 235 240

Ala Leu Gln Lys Arg Ile Asn His Leu Phe His Ile Val Phe Val Gly
245 250 255

Asp Thr Ser His Met Ser Gly Ser Ser Ala Gly Leu Gly Gly Phe Lys
260 265 270

Thr Ala Leu Ala His Leu Gly Ile Ile Glu Ser Asn Ala Met Ala Val
275 280 285

Pro His Gln Ser Leu Ser Asp Glu Glu Thr Ala Arg Ile His Ala Ile
290 295 300

Val Asp Glu Phe Leu Tyr Thr Ala
305 310

<210> 35
<211> 867
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 35
aacggtcagt taggtatgga tatcagcacc ttctgaacgg gtacgtctag actggtgggc 60

gtttgaaaaa ctcttcgccc cacgaaaatg aaggagcata atg gga atc aag gtt 115
Met Gly Ile Lys Val

1 5

ggc gtt ctc gga gcc aaa ggc cgt gtt ggt caa act att gtg gca gca 163
Gly Val Leu Gly Ala Lys Gly Arg Val Gly Gln Thr Ile Val Ala Ala

10 15 20

gtc aat gag tcc gac gat ctg gag ctt gtt gca gag atc ggc gtc gac 211
Val Asn Glu Ser Asp Asp Leu Glu Leu Val Ala Glu Ile Gly Val Asp

25	30	35	
gat gat ttg agc ctt ctg gta gac aac ggc gct gaa gtt gtc gtt gac			259
Asp Asp Leu Ser Leu Leu Val Asp Asn Gly Ala Glu Val Val Val Asp			
40	45	50	
ttc acc act cct aac gct gtg atg ggc aac ctg gag ttc tgc atc aac			307
Phe Thr Thr Pro Asn Ala Val Met Gly Asn Leu Glu Phe Cys Ile Asn			
55	60	65	
aac ggc att tct gcg gtt gtt gga acc acg ggc ttc gat gat gct cgt			355
Asn Gly Ile Ser Ala Val Val Gly Thr Thr Gly Phe Asp Asp Ala Arg			
70	75	80	85
ttg gag cag gtt cgc gac tgg ctt gaa gga aaa gac aat gtc ggt gtt			403
Leu Glu Gln Val Arg Asp Trp Leu Glu Gly Lys Asp Asn Val Gly Val			
90	95	100	
ctg atc gca cct aac ttt gct atc tct gcg gtg ttg acc atg gtc ttt			451
Leu Ile Ala Pro Asn Phe Ala Ile Ser Ala Val Leu Thr Met Val Phe			
105	110	115	
tcc aag cag gct gcc cgc ttc ttc gaa tca gct gaa gtt att gag ctg			499
Ser Lys Gln Ala Ala Arg Phe Phe Glu Ser Ala Glu Val Ile Glu Leu			
120	125	130	
cac cac ccc aac aag ctg gat gca cct tca ggc acc gcg atc cac act			547
His His Pro Asn Lys Leu Asp Ala Pro Ser Gly Thr Ala Ile His Thr			
135	140	145	
gct cag ggc att gct gcg gca cgc aaa gaa gca ggc atg gac gca cag			595
Ala Gln Gly Ile Ala Ala Ala Arg Lys Glu Ala Gly Met Asp Ala Gln			
150	155	160	165
cca gat gcg acc gag cag gca ctt gag ggt tcc cgt ggc gca agc gta			643
Pro Asp Ala Thr Glu Gln Ala Leu Glu Gly Ser Arg Gly Ala Ser Val			
170	175	180	
gat gga atc ccg gtt cat gca gtc cgc atg tcc ggc atg gtt gct cac			691
Asp Gly Ile Pro Val His Ala Val Arg Met Ser Gly Met Val Ala His			

185	190	195	
gag caa gtt atc ttt ggc acc cag ggt cag acc ttg acc atc aag cag			739
Glu Gln Val Ile Phe Gly Thr Gln Gly Gln Thr Leu Thr Ile Lys Gln			
200	205	210	
gac tcc tat gat cgc aac tca ttt gca cca ggt gtc ttg gtg ggt gtg			787
Asp Ser Tyr Asp Arg Asn Ser Phe Ala Pro Gly Val Leu Val Gly Val			
215	220	225	
cgc aac att gca cag cac cca ggc cta gtc gta gga ctt gag cat tac			835
Arg Asn Ile Ala Gln His Pro Gly Leu Val Val Gly Leu Glu His Tyr			
230	235	240	245
cta ggc ctg taaaggctca tttcagcagc ggg			867
Leu Gly Leu			

<210> 36
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 36
 Met Gly Ile Lys Val Gly Val Leu Gly Ala Lys Gly Arg Val Gly Gln
 1 5 10 15

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Arg Gly Ala Ser Val Asp Gly Ile Pro Val His Ala Val Arg Met Ser
180 185 190

Gly Met Val Ala His Glu Gln Val Ile Phe Gly Thr Gln Gly Gln Thr
195 200 205

Leu Thr Ile Lys Gln Asp Ser Tyr Asp Arg Asn Ser Phe Ala Pro Gly
210 215 220

Val Leu Val Gly Val Arg Asn Ile Ala Gln His Pro Gly Leu Val Val
225 230 235 240

Gly Leu Glu His Tyr Leu Gly Leu
245

<210> 37

<211> 873

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(850)

<223> RXA00864

<400> 37

acagcaccca ggctagtcg taggacttga gcattaccta ggctgtaaa ggctcatttc 60

agcagcgggt ggaatttttt aaaaggagcg tttaaaggct gtg gcc gaa caa gtt 115
Val Ala Glu Gln Val

1 5

aaa ttg agc gtg gag ttg ata gcg tgc agt tct ttt act cca ccc gct 163
Lys Leu Ser Val Glu Leu Ile Ala Cys Ser Ser Phe Thr Pro Pro Ala

10 15 20

gat gtt gag tgg tca act gat gtt gag ggc gcg gaa gca ctc gtc gag 211
Asp Val Glu Trp Ser Thr Asp Val Glu Gly Ala Glu Ala Leu Val Glu

25 30 35

ttt gcg ggt cgt gcc tgc tac gaa act ttt gat aag ccg aac cct cga 259
Phe Ala Gly Arg Ala Cys Tyr Glu Thr Phe Asp Lys Pro Asn Pro Arg

40 45 50

act gct tcc aat gct gcg tat ctg cgc cac atc atg gaa gtg ggg cac 307
Thr Ala Ser Asn Ala Ala Tyr Leu Arg His Ile Met Glu Val Gly His

55 60 65

act gct ttg ctt gag cat gcc aat gcc acg atg tat atc cga ggc att 355
Thr Ala Leu Leu Glu His Ala Asn Ala Thr Met Tyr Ile Arg Gly Ile

70 75 80 85

tct cgg tcc gcg acc cat gaa ttg gtc cga cac cgc cat ttt tcc ttc 403
Ser Arg Ser Ala Thr His Glu Leu Val Arg His Arg His Phe Ser Phe

90 95 100

tct caa ctg tct cag cgt ttc gtg cac agc gga gaa tcg gaa gta gtg 451
Ser Gln Leu Ser Gln Arg Phe Val His Ser Gly Glu Ser Glu Val Val

105 110 115

gtg ccc act ctc atc gat gaa gat ccg cag ttg cgt gaa ctt ttc atg 499
Val Pro Thr Leu Ile Asp Glu Asp Pro Gln Leu Arg Glu Leu Phe Met

120 125 130

cac gcc atg gat gag tct cgg ttc gct ttc aat gag ctg ctt aat gcg 547
His Ala Met Asp Glu Ser Arg Phe Ala Phe Asn Glu Leu Leu Asn Ala

135	140	145	
ctg gaa gaa aaa ctt ggc gat gaa ccg aat gca ctt tta agg aaa aag			595
Leu Glu Glu Lys Leu Gly Asp Glu Pro Asn Ala Leu Leu Arg Lys Lys			
150	155	160	165
cag gct cgt caa gca gct cgc gct gtg ctg ccc aac gct aca gag tcc			643
Gln Ala Arg Gln Ala Ala Arg Ala Val Leu Pro Asn Ala Thr Glu Ser			
	170	175	180
aga atc gtg gtg tct gga aac ttc cgc acc tgg agg cat ttc att ggc			691
Arg Ile Val Val Ser Gly Asn Phe Arg Thr Trp Arg His Phe Ile Gly			
	185	190	195
atg cga gcc agt gaa cat gca gac gtc gaa atc cgc gaa gta gcg gta			739
Met Arg Ala Ser Glu His Ala Asp Val Glu Ile Arg Glu Val Ala Val			
200	205	210	
gaa tgt tta aga aag ctg cag gta gca gcg cca act gtt ttc ggt gat			787
Glu Cys Leu Arg Lys Leu Gln Val Ala Ala Pro Thr Val Phe Gly Asp			
215	220	225	
ttt gag att gaa act ttg gca gac gga tcg caa atg gca aca agc ccg			835
Phe Glu Ile Glu Thr Leu Ala Asp Gly Ser Gln Met Ala Thr Ser Pro			
230	235	240	245
tat gtc atg gac ttt taacgcaaag ctcacacca cga			873
Tyr Val Met Asp Phe			

250

<210> 38
 <211> 250
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 38
 Val Ala Glu Gln Val Lys Leu Ser Val Glu Leu Ile Ala Cys Ser Ser
 1 5 10 15
 Phe Thr Pro Pro Ala Asp Val Glu Trp Ser Thr Asp Val Glu Gly Ala
 20 25 30

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

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

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

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

Arg His Phe Ser Phe Ser Gln Leu Ser Gln Arg Phe Val His Ser Gly
100 105 110

Glu Ser Glu Val Val Val Pro Thr Leu Ile Asp Glu Asp Pro Gln Leu
115 120 125

Arg Glu Leu Phe Met His Ala Met Asp Glu Ser Arg Phe Ala Phe Asn
130 135 140

Glu Leu Leu Asn Ala Leu Glu Glu Lys Leu Gly Asp Glu Pro Asn Ala
145 150 155 160

Leu Leu Arg Lys Lys Gln Ala Arg Gln Ala Ala Arg Ala Val Leu Pro
165 170 175

Asn Ala Thr Glu Ser Arg Ile Val Val Ser Gly Asn Phe Arg Thr Trp
180 185 190

Arg His Phe Ile Gly Met Arg Ala Ser Glu His Ala Asp Val Glu Ile
195 200 205

Arg Glu Val Ala Val Glu Cys Leu Arg Lys Leu Gln Val Ala Ala Pro
210 215 220

Thr Val Phe Gly Asp Phe Glu Ile Glu Thr Leu Ala Asp Gly Ser Gln
225 230 235 240

Met Ala Thr Ser Pro Tyr Val Met Asp Phe
245 250

<210> 39
 <211> 608
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 39
 cccattgcgc ggaggtcgca ccccttcga 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
 Phe Arg Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn

80 85 90

aat gtc gtg tgg acc aac ttc gga ccg tgc gca gtt gac ggt ttc gca 398
 Asn Val Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala

95 100 105 110

ctc acc cgc gcg cgc ctg tca cgc cga ggc caa gtt acg gtt tat agc 446

Leu Thr Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser

115 120 125

gtc gac aag ttc cca cgc atg gtc gac tat gtg gtt ccc tcg ggc gtg 494
Val Asp Lys Phe Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val Pro Ser Gly Val

130 135 140

cgc atc ggt gac gcc gac cgc gtc cga ctt ggc gcg tac ctg gca gat 542
Arg Ile Gly Asp Ala Asp Arg Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Asp

145 150 155

ggc acc acc gtg atg cat gag ggc ttc gtg aac ttc aac gct ggc acg 590
Gly Thr Thr Val Met His Glu Gly Phe Val Asn Phe Asn Ala Gly Thr

160 165 170

ctc ggc gct tcc atg gtt 608
Leu Gly Ala Ser Met Val

175 180

<210> 40
<211> 180
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 40
Met Thr Thr Ala Ser Ala Thr Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Thr Gly
1 5 10 15

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

Ala Leu Thr Pro Leu Glu Gly Val Asp Glu Asp Arg Asn Val Thr Arg
35 40 45

Lys Ile Val Thr Thr Thr Ile Asp Thr Asp Ala Ala Pro Thr Asp Thr
50 55 60

Tyr Asp Ala Trp Leu Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Val Phe Arg
65 70 75 80

Pro His Thr Ile Asn Leu Asp Gly Ile Phe Gly Leu Leu Asn Asn Val

85

90

95

Val Trp Thr Asn Phe Gly Pro Cys Ala Val Asp Gly Phe Ala Leu Thr
100 105 110

Arg Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Gln Val Thr Val Tyr Ser Val Asp
115 120 125

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

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

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

Ala Ser Met Val
180

<210> 41
<211> 1143
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 41
aatagatcag cgcattccgtg gtggaaccaa aaggctcaac aatacgaac gttcgtttc 60

ggctctgatg aaagagatgt ccctgaatca tcatctaagt atg cat ctc ggt aag 115
Met His Leu Gly Lys

1 5

ctc gac cag gac agt gcc acc aca att ttg gag gat tac aag aac atg 163
Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu Asp Tyr Lys Asn Met

10 15 20

acc aac atc cgc gta gct atc gtg ggc tac gga aac ctg gga cgc agc 211
Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Asn Leu Gly Arg Ser

25	30	35	
gtc gaa aag ctt att gcc aag cag ccc gac atg gac ctt gta gga atc			259
Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met Asp Leu Val Gly Ile			
40	45	50	
ttc tcg cgc cgg gcc acc ctc gac aca aag acg cca gtc ttt gat gtc			307
Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr Pro Val Phe Asp Val			
55	60	65	
gcc gac gtg gac aag cac gcc gac gac gtg gac gtg ctg ttc ctg tgc			355
Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp Val Leu Phe Leu Cys			
70	75	80	85
atg ggc tcc gcc acc gac atc cct gag cag gca cca aag ttc gcg cag			403
Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala Pro Lys Phe Ala Gln			
90	95	100	
ttc gcc tgc acc gta gac acc tac gac aac cac cgc gac atc cca cgc			451
Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His Arg Asp Ile Pro Arg			
105	110	115	
cac cgc cag gtc atg aac gaa gcc gcc acc gca gcc ggc aac gtt gca			499
His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala Ala Gly Asn Val Ala			
120	125	130	
ctg gtc tct acc ggc tgg gat cca gga atg ttc tcc atc aac cgc gtc			547
Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe Ser Ile Asn Arg Val			
135	140	145	
tac gca gcg gca gtc tta gcc gag cac cag cag cac acc ttc tgg ggc			595
Tyr Ala Ala Ala Val Leu Ala Glu His Gln Gln His Thr Phe Trp Gly			
150	155	160	165
cca ggt ttg tca cag ggc cac tcc gat gct ttg cga cgc atc cct ggc			643
Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu Arg Arg Ile Pro Gly			
170	175	180	
gtt caa aag gca gtc cag tac acc ctc cca tcc gaa gac gcc ctg gaa			691
Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser Glu Asp Ala Leu Glu			

185	190	195	
aag gcc cgc cgc ggc gaa gcc ggc gac ctt acc gga aag caa acc cac	739		
Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr Gly Lys Gln Thr His			
200	205	210	
aag cgc caa tgc ttc gtg gtt gcc gac gcg gcc gat cac gag cgc atc	787		
Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala Asp His Glu Arg Ile			
215	220	225	
gaa aac gac atc cgc acc atg cct gat tac ttc gtt ggc tac gaa gtc	835		
Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe Val Gly Tyr Glu Val			
230	235	240	245
gaa gtc aac ttc atc gac gaa gca acc ttc gac tcc gag cac acc ggc	883		
Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp Ser Glu His Thr Gly			
250	255	260	
atg cca cac ggt ggc cac gtg att acc acc ggc gac acc ggt ggc ttc	931		
Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly Asp Thr Gly Gly Phe			
265	270	275	
aac cac acc gtg gaa tac atc ctc aag ctg gac cga aac cca gat ttc	979		
Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys Leu Asp Arg Asn Pro Asp Phe			
280	285	290	
acc gct tcc tca cag atc gct ttc ggt cgc gca gct cac cgc atg aag	1027		
Thr Ala Ser Ser Gln Ile Ala Phe Gly Arg Ala Ala His Arg Met Lys			
295	300	305	
cag cag ggc caa agc gga gct ttc acc gtc ctc gaa gtt gct cca tac	1075		
Gln Gln Gly Gln Ser Gly Ala Phe Thr Val Leu Glu Val Ala Pro Tyr			
310	315	320	325
ctg ctc tcc cca gag aac ttg gac gat ctg atc gca cgc gac gtc	1120		
Leu Leu Ser Pro Glu Asn Leu Asp Asp Leu Ile Ala Arg Asp Val			
330	335	340	
taatttagct cgaggggcaa gga	1143		

<211> 340

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 42

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

Asp Tyr Lys Asn Met Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly
20 25 30

Asn Leu Gly Arg Ser Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met
35 40 45

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

Pro Val Phe Asp Val Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp
65 70 75 80

Val Leu Phe Leu Cys Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala
85 90 95

Pro Lys Phe Ala Gln Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His
100 105 110

Arg Asp Ile Pro Arg His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala
115 120 125

Ala Gly Asn Val Ala Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe
130 135 140

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

His Thr Phe Trp Gly Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu
165 170 175

Arg Arg Ile Pro Gly Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser
180 185 190

Glu Asp Ala Leu Glu Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr

Met His Leu Gly Lys																				
1										5										
ctc gac cag gac agt gcc acc aca att ttg gag gat tac aag aac atg	163																			
Leu Asp Gln Asp Ser Ala Thr Thr Ile Leu Glu Asp Tyr Lys Asn Met																				
10					15					20										
acc aac atc cgc gta gct atc gtg ggc tac gga aac ctg gga cgc agc	211																			
Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Asn Leu Gly Arg Ser																				
25					30					35										
gtc gaa aag ctt att gcc aag cag ccc gac atg gac ctt gta gga atc	259																			
Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met Asp Leu Val Gly Ile																				
40					45					50										
ttc tcg cgc cgg gcc acc ctc gac aca aag acg cca gtc ttt gat gtc	307																			
Phe Ser Arg Arg Ala Thr Leu Asp Thr Lys Thr Pro Val Phe Asp Val																				
55					60					65										
gcc gac gtg gac aag cac gcc gac gac gtg gac gtg ctg ttc ctg tgc	355																			
Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp Val Leu Phe Leu Cys																				
70					75					80					85					
atg ggc tcc gcc acc gac atc cct gag cag gca cca aag ttc gcg cag	403																			
Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala Pro Lys Phe Ala Gln																				
90					95					100										
ttc gcc tgc acc gta gac acc tac gac aac cac cgc gac atc cca cgc	451																			
Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His Arg Asp Ile Pro Arg																				
105					110					115										
cac cgc cag gtc atg aac gaa gcc gcc acc gca gcc ggc aac gtt gca	499																			
His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala Ala Gly Asn Val Ala																				
120					125					130										
ctg gtc tct acc ggc tgg gat cca gga atg ttc tcc atc aac cgc gtc	547																			
Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe Ser Ile Asn Arg Val																				
135					140					145										
tac gca gcg gca gtc tta gcc gag cac cag cag cac acc ttc tgg ggc	595																			

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

<210> 44

<211> 286

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 44

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

Asp Tyr Lys Asn Met Thr Asn Ile Arg Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly
20 25 30

Asn Leu Gly Arg Ser Val Glu Lys Leu Ile Ala Lys Gln Pro Asp Met
35 40 45

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

Pro Val Phe Asp Val Ala Asp Val Asp Lys His Ala Asp Asp Val Asp
65 70 75 80

Val Leu Phe Leu Cys Met Gly Ser Ala Thr Asp Ile Pro Glu Gln Ala
85 90 95

Pro Lys Phe Ala Gln Phe Ala Cys Thr Val Asp Thr Tyr Asp Asn His
100 105 110

Arg Asp Ile Pro Arg His Arg Gln Val Met Asn Glu Ala Ala Thr Ala
115 120 125

Ala Gly Asn Val Ala Leu Val Ser Thr Gly Trp Asp Pro Gly Met Phe
130 135 140

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

His Thr Phe Trp Gly Pro Gly Leu Ser Gln Gly His Ser Asp Ala Leu
165 170 175

Arg Arg Ile Pro Gly Val Gln Lys Ala Val Gln Tyr Thr Leu Pro Ser
180 185 190

Glu Asp Ala Leu Glu Lys Ala Arg Arg Gly Glu Ala Gly Asp Leu Thr
195 200 205

Gly Lys Gln Thr His Lys Arg Gln Cys Phe Val Val Ala Asp Ala Ala
210 215 220

Asp His Glu Arg Ile Glu Asn Asp Ile Arg Thr Met Pro Asp Tyr Phe
225 230 235 240

Val Gly Tyr Glu Val Glu Val Asn Phe Ile Asp Glu Ala Thr Phe Asp
245 250 255

Ser Glu His Thr Gly Met Pro His Gly Gly His Val Ile Thr Thr Gly
260 265 270

Asp Thr Gly Gly Phe Asn His Thr Val Glu Tyr Ile Leu Lys
275 280 285

<210> 45

<211> 1400

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1377)

<223> RXA00972

<400> 45

cct gca cct ggt tgg cgt ttc cgc acc gga gaa gat gta aca atg gct 48
Pro Ala Pro Gly Trp Arg Phe Arg Thr Gly Glu Asp Val Thr Met Ala

1 5 10 15

aca gtt gaa aat ttc aat gaa ctt ccc gca cac gta tgg cca cgc aat 96
Thr Val Glu Asn Phe Asn Glu Leu Pro Ala His Val Trp Pro Arg Asn

20 25 30

gcc gtg cgc caa gaa gac ggc gtt gtc acc gtc gct ggt gtg cct ctg 144
Ala Val Arg Gln Glu Asp Gly Val Val Thr Val Ala Gly Val Pro Leu

35 40 45

cct gac ctc gct gaa gaa tac gga acc cca ctg ttc gta gtc gac gag 192
Pro Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Thr Pro Leu Phe Val Val Asp Glu

50 55 60

gac gat ttc cgt tcc cgc tgt cgc gac atg gct acc gca ttc ggt gga 240

Asp	Asp	Phe	Arg	Ser	Arg	Cys	Arg	Asp	Met	Ala	Thr	Ala	Phe	Gly	Gly	
65					70				75						80	
cca	ggc	aat	gtg	cac	tac	gca	tct	aaa	gcg	ttc	ctg	acc	aag	acc	att	288
Pro	Gly	Asn	Val	His	Tyr	Ala	Ser	Lys	Ala	Phe	Leu	Thr	Lys	Thr	Ile	
				85					90						95	
gca	cgt	tgg	gtt	gat	gaa	gag	ggg	ctg	gca	ctg	gac	att	gca	tcc	atc	336
Ala	Arg	Trp	Val	Asp	Glu	Glu	Gly	Leu	Ala	Leu	Asp	Ile	Ala	Ser	Ile	
			100					105					110			
aac	gaa	ctg	ggc	att	gcc	ctg	gcc	gct	ggc	ttc	ccc	gcc	agc	cgt	atc	384
Asn	Glu	Leu	Gly	Ile	Ala	Leu	Ala	Ala	Gly	Phe	Pro	Ala	Ser	Arg	Ile	
		115						120					125			
acc	gcg	cac	ggc	aac	aac	aaa	ggc	gta	gag	ttc	ctg	cgc	gcg	ttg	gtt	432
Thr	Ala	His	Gly	Asn	Asn	Lys	Gly	Val	Glu	Phe	Leu	Arg	Ala	Leu	Val	
	130						135					140				
caa	aac	ggc	gtg	gga	cac	gtg	gtg	ctg	gac	tcc	gca	cag	gaa	cta	gaa	480
Gln	Asn	Gly	Val	Gly	His	Val	Val	Leu	Asp	Ser	Ala	Gln	Glu	Leu	Glu	
145					150					155					160	
ctg	ttg	gat	tac	gtt	gcc	gct	ggc	gaa	ggc	aag	att	cag	gac	gtg	ttg	528
Leu	Leu	Asp	Tyr	Val	Ala	Ala	Gly	Glu	Gly	Lys	Ile	Gln	Asp	Val	Leu	
				165					170						175	
atc	cgc	gta	aag	cca	ggc	atc	gaa	gca	cac	acc	cac	gag	ttc	atc	gcc	576
Ile	Arg	Val	Lys	Pro	Gly	Ile	Glu	Ala	His	Thr	His	Glu	Phe	Ile	Ala	
			180						185				190			
act	agc	cac	gaa	gac	cag	aag	ttc	gga	ttc	tcc	ctg	gca	tcc	ggc	tcc	624
Thr	Ser	His	Glu	Asp	Gln	Lys	Phe	Gly	Phe	Ser	Leu	Ala	Ser	Gly	Ser	
		195						200				205				
gca	ttc	gaa	gca	gca	aaa	gcc	gcc	aac	aac	gca	gaa	aac	ctg	aac	ctg	672
Ala	Phe	Glu	Ala	Ala	Lys	Ala	Ala	Asn	Asn	Ala	Glu	Asn	Leu	Asn	Leu	
	210						215				220					
gtt	ggc	ctg	cac	tgc	cac	gtt	ggc	tcc	cag	gtg	ttc	gac	gcc	gaa	ggc	720

Val	Gly	Leu	His	Cys	His	Val	Gly	Ser	Gln	Val	Phe	Asp	Ala	Glu	Gly		
225				230				235				240					
ttc	aag	ctg	gca	gca	gaa	cgc	gtg	tig	ggc	ctg	tac	tca	cag	atc	cac	768	
Phe	Lys	Leu	Ala	Ala	Glu	Arg	Val	Leu	Gly	Leu	Tyr	Ser	Gln	Ile	His		
245				250				255									
agc	gaa	ctg	ggc	gtt	gcc	ctt	cct	gaa	ctg	gat	ctc	ggc	ggc	gga	tac	816	
Ser	Glu	Leu	Gly	Val	Ala	Leu	Pro	Glu	Leu	Asp	Leu	Gly	Gly	Gly	Tyr		
260				265				270									
ggc	att	gcc	tat	acc	gca	gct	gaa	gaa	cca	ctc	aac	gtc	gca	gaa	gtt	864	
Gly	Ile	Ala	Tyr	Thr	Ala	Ala	Glu	Glu	Pro	Leu	Asn	Val	Ala	Glu	Val		
275				280				285									
gcc	tcc	gac	ctg	ctc	acc	gca	gtc	gga	aaa	atg	gca	gcg	gaa	cta	ggc	912	
Ala	Ser	Asp	Leu	Leu	Thr	Ala	Val	Gly	Lys	Met	Ala	Ala	Glu	Leu	Gly		
290				295				300									
atc	gac	gca	cca	acc	gtg	ctt	gtt	gag	ccc	ggc	cgc	gct	atc	gca	ggc	960	
Ile	Asp	Ala	Pro	Thr	Val	Leu	Val	Glu	Pro	Gly	Arg	Ala	Ile	Ala	Gly		
305				310				315				320					
ccc	tcc	acc	gtg	acc	atc	tac	gaa	gtc	ggc	acc	acc	aaa	gac	gtc	cac	1008	
Pro	Ser	Thr	Val	Thr	Ile	Tyr	Glu	Val	Gly	Thr	Thr	Lys	Asp	Val	His		
325				330				335									
gta	gac	gac	gac	aaa	acc	cgc	cgt	tac	atc	gcc	gtg	gac	gga	ggc	atg	1056	
Val	Asp	Asp	Asp	Lys	Thr	Arg	Arg	Tyr	Ile	Ala	Val	Asp	Gly	Gly	Met		
340				345				350									
tcc	gac	aac	atc	cgc	cca	gca	ctc	tac	ggg	tcc	gaa	tac	gac	gcc	cgc	1104	
Ser	Asp	Asn	Ile	Arg	Pro	Ala	Leu	Tyr	Gly	Ser	Glu	Tyr	Asp	Ala	Arg		
355				360				365									
gta	gta	tcc	cgc	ttc	gcc	gaa	gga	gac	cca	gta	agc	acc	cgc	atc	gtg	1152	
Val	Val	Ser	Arg	Phe	Ala	Glu	Gly	Asp	Pro	Val	Ser	Thr	Arg	Ile	Val		
370				375				380									
ggc	tcc	cac	tgc	gaa	tcc	ggc	gat	atc	ctg	atc	aac	gat	gaa	atc	tac	1200	

Gly Ser His Cys Glu Ser Gly Asp Ile Leu Ile Asn Asp Glu Ile Tyr
 385 390 395 400
 cca tct gac atc acc agc ggc gac ttc ctt gca ctc gca gcc acc ggc 1248
 Pro Ser Asp Ile Thr Ser Gly Asp Phe Leu Ala Leu Ala Ala Thr Gly
 405 410 415
 gca tac tgc tac gcc atg agc tcc cgc tac aac gcc ttc aca cgg ccc 1296
 Ala Tyr Cys Tyr Ala Met Ser Ser Arg Tyr Asn Ala Phe Thr Arg Pro
 420 425 430
 gcc gtc gtg tcc gtc cgc gct ggc agc tcc cgc ctc atg ctg cgc cgc 1344
 Ala Val Val Ser Val Arg Ala Gly Ser Ser Arg Leu Met Leu Arg Arg
 435 440 445
 gaa acg ctc gac gac atc ctc tca cta gag gca taacgctttt cgacgcctga 1397
 Glu Thr Leu Asp Asp Ile Leu Ser Leu Glu Ala
 450 455
 ccc 1400
 <210> 46
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 46
 Pro Ala Pro Gly Trp Arg Phe Arg Thr Gly Glu Asp Val Thr Met Ala
 1 5 10 15
 Thr Val Glu Asn Phe Asn Glu Leu Pro Ala His Val Trp Pro Arg Asn
 20 25 30
 Ala Val Arg Gln Glu Asp Gly Val Val Thr Val Ala Gly Val Pro Leu
 35 40 45
 Pro Asp Leu Ala Glu Glu Tyr Gly Thr Pro Leu Phe Val Val Asp Glu
 50 55 60
 Asp Asp Phe Arg Ser Arg Cys Arg Asp Met Ala Thr Ala Phe Gly Gly

65	70	75	80
Pro Gly Asn Val His Tyr Ala Ser Lys Ala Phe Leu Thr Lys Thr Ile	85	90	95
Ala Arg Trp Val Asp Glu Glu Gly Leu Ala Leu Asp Ile Ala Ser Ile	100	105	110
Asn Glu Leu Gly Ile Ala Leu Ala Ala Gly Phe Pro Ala Ser Arg Ile	115	120	125
Thr Ala His Gly Asn Asn Lys Gly Val Glu Phe Leu Arg Ala Leu Val	130	135	140
Gln Asn Gly Val Gly His Val Val Leu Asp Ser Ala Gln Glu Leu Glu	145	150	155
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
Phe Lys Leu Ala Ala Glu Arg Val Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile His	245	250	255
Ser Glu Leu Gly Val Ala Leu Pro Glu Leu Asp Leu Gly Gly Gly Tyr	260	265	270
Gly Ile Ala Tyr Thr Ala Ala Glu Glu Pro Leu Asn Val Ala Glu Val	275	280	285
Ala Ser Asp Leu Leu Thr Ala Val Gly Lys Met Ala Ala Glu Leu Gly			

290 295 300

Ile Asp Ala Pro Thr Val Leu Val Glu Pro Gly Arg Ala Ile Ala Gly
305 310 315 320

Pro Ser Thr Val Thr Ile Tyr Glu Val Gly Thr Thr Lys Asp Val His
325 330 335

Val Asp Asp Asp Lys Thr Arg Arg Tyr Ile Ala Val Asp Gly Gly Met
340 345 350

Ser Asp Asn Ile Arg Pro Ala Leu Tyr Gly Ser Glu Tyr Asp Ala Arg
355 360 365

Val Val Ser Arg Phe Ala Glu Gly Asp Pro Val Ser Thr Arg Ile Val
370 375 380

Gly Ser His Cys Glu Ser Gly Asp Ile Leu Ile Asn Asp Glu Ile Tyr
385 390 395 400

Pro Ser Asp Ile Thr Ser Gly Asp Phe Leu Ala Leu Ala Ala Thr Gly
405 410 415

Ala Tyr Cys Tyr Ala Met Ser Ser Arg Tyr Asn Ala Phe Thr Arg Pro
420 425 430

Ala Val Val Ser Val Arg Ala Gly Ser Ser Arg Leu Met Leu Arg Arg
435 440 445

Glu Thr Leu Asp Asp Ile Leu Ser Leu Glu Ala
450 455

<210> 47
<211> 2121
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2098)
<223> RXA02653

<400> 47

agacagagtg ttagtgctg gggcagctct cactttcacc gacatcacc gagtatgctc 60

accggccgta ttcattccaa taaccgcac agggaaacta atg ata ccg aag ccc 115
Met Ile Pro Lys Pro

1 5

gac gtg acc gac tta tat tta gag gac ctc tta aat gag ggt tcg gaa 163
Asp Val Thr Asp Leu Tyr Leu Glu Asp Leu Leu Asn Glu Gly Ser Glu

10 15 20

aag att cgg tcc gcc aag gat ctt tcc gaa ctt agg aca gtt cta aaa 211
Lys Ile Arg Ser Ala Lys Asp Leu Ser Glu Leu Arg Thr Val Leu Lys

25 30 35

gag gtt tcc tcc caa att cag gaa cga gct ggg aaa aaa gat gaa gaa 259
Glu Val Ser Ser Gln Ile Gln Glu Arg Ala Gly Lys Lys Asp Glu Glu

40 45 50

tgg gga atg ggg gcc act tgg cgg gag ctg tac ccc agc atc gtg gaa 307
Trp Gly Met Gly Ala Thr Trp Arg Glu Leu Tyr Pro Ser Ile Val Glu

55 60 65

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

70 75 80 85

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

90 95 100

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

105 110 115

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

120 125 130

ata act gtg gtg ata gac gct gtt ctt ccc ccg ccg gga gta gtg cca 547
Ile Thr Val Val Ile Asp Ala Val Leu Pro Pro Pro Gly Val Val Pro

135	140	145	
ggc aca ttg gtg cac aat ttg gta aaa gag gga tat gcc aga atg cgt			595
Gly Thr Leu Val His Asn Leu Val Lys Glu Gly Tyr Ala Arg Met Arg			
150	155	160	165
cct ggg act cgg ggg tta gat gta gcg gct gac ggc acc gtt caa ggg			643
Pro Gly Thr Arg Gly Leu Asp Val Ala Ala Asp Gly Thr Val Gln Gly			
	170	175	180
caa cga cat ttg gct gca gtc gga cgg atg acg gaa gat gtg gtt ttg			691
Gln Arg His Leu Ala Ala Val Gly Arg Met Thr Glu Asp Val Val Leu			
	185	190	195
ggg aat gac aca ttg tcg cga tca tta cat gac ata atc ccg aag tgg			739
Gly Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Leu His Asp Ile Ile Pro Lys Trp			
	200	205	210
gct cgt cga gtt atc cgc gac gcg agc acg tat ccc gat agg gta cat			787
Ala Arg Arg Val Ile Arg Asp Ala Ser Thr Tyr Pro Asp Arg Val His			
	215	220	225
ggg act cca ccg ctt ccg gca cgg ttg gaa ccc tgg gcg gaa aag ctc			835
Gly Thr Pro Pro Leu Pro Ala Arg Leu Glu Pro Trp Ala Glu Lys Leu			
230	235	240	245
act tca gat ccg gcc aca tgc cgc cac ctg att gaa gaa ttc ggg agt			883
Thr Ser Asp Pro Ala Thr Cys Arg His Leu Ile Glu Glu Phe Gly Ser			
	250	255	260
cct gtg aat gta ctc cat tca ggt tct atg cct cgt aat ata aat gag			931
Pro Val Asn Val Leu His Ser Gly Ser Met Pro Arg Asn Ile Asn Glu			
	265	270	275
ttg gtt gac gcc ggc att cag atg ggg gtg gat act cga ata ttt ttt			979
Leu Val Asp Ala Gly Ile Gln Met Gly Val Asp Thr Arg Ile Phe Phe			
	280	285	290
gcc cgc aaa gcg aat aag ggt ctt acc ttc gtt gat gcc gtt aaa gac			1027
Ala Arg Lys Ala Asn Lys Gly Leu Thr Phe Val Asp Ala Val Lys Asp			

295	300	305	
acc ggt cat ggt gta gat gta gcc agt gaa cga gag tta tct cag gtg 1075			
Thr Gly His Gly Val Asp Val Ala Ser Glu Arg Glu Leu Ser Gln Val			
310	315	320	325
ctt aat cgt gga gtc cca gga gag cgg atc att cta tcc gca gct atc 1123			
Leu Asn Arg Gly Val Pro Gly Glu Arg Ile Ile Leu Ser Ala Ala Ile			
	330	335	340
aaa ccg gac aga cta ttg gca tta gcg atc gaa aat ggc gtg atc atc 1171			
Lys Pro Asp Arg Leu Leu Ala Leu Ala Ile Glu Asn Gly Val Ile Ile			
	345	350	355
tct gtg gat tcg cgt gat gaa tta gat cgc att tcg gct ttg gtt ggt 1219			
Ser Val Asp Ser Arg Asp Glu Leu Asp Arg Ile Ser Ala Leu Val Gly			
	360	365	370
gac cgc gtt gca cga gtt gcg cct aga gta gct cca gat cct gca gtc 1267			
Asp Arg Val Ala Arg Val Ala Pro Arg Val Ala Pro Asp Pro Ala Val			
	375	380	385
tta cct cca act aga ttt ggt gag cgt gct gca gac tgg ggt aat cgg 1315			
Leu Pro Pro Thr Arg Phe Gly Glu Arg Ala Ala Asp Trp Gly Asn Arg			
390	395	400	405
ctt acc gag gtg ata ccc ggc gtg gat att gtg ggt ctt cac gtt cac 1363			
Leu Thr Glu Val Ile Pro Gly Val Asp Ile Val Gly Leu His Val His			
	410	415	420
ctc cat ggc tat gct gca aaa gac cgt gct ctg gct ctg cag gaa tgt 1411			
Leu His Gly Tyr Ala Ala Lys Asp Arg Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys			
	425	430	435
tgc caa ctc gtc gat tct ctc aga gaa tgc ggg cat tcc cca cag ttt 1459			
Cys Gln Leu Val Asp Ser Leu Arg Glu Cys Gly His Ser Pro Gln Phe			
	440	445	450
att gac ctt gga gga ggg gtg cct atg agc tac att gaa tct gag gaa 1507			
Ile Asp Leu Gly Gly Gly Val Pro Met Ser Tyr Ile Glu Ser Glu Glu			

455	460	465	
gat tgg atc cgt tat caa tcc gct aaa tct gcg act tca gcc ggg tat			1555
Asp Trp Ile Arg Tyr Gln Ser Ala Lys Ser Ala Thr Ser Ala Gly Tyr			
470	475	480	485
gcc gaa tcc ttt acg tgg aaa gac gat ccg tta tct aat acg tac ccg			1603
Ala Glu Ser Phe Thr Trp Lys Asp Asp Pro Leu Ser Asn Thr Tyr Pro			
	490	495	500
ttc tat cag acc cca gtg cgc ggt aat tgg ttg aaa gac gtg ctt tct			1651
Phe Tyr Gln Thr Pro Val Arg Gly Asn Trp Leu Lys Asp Val Leu Ser			
	505	510	515
aag ggg gta gct cag atg ctc att gac cgg gga ttg cgg tta cac ata			1699
Lys Gly Val Ala Gln Met Leu Ile Asp Arg Gly Leu Arg Leu His Ile			
	520	525	530
gag cct ggt cga agt tta cta gat ggg tgt ggc gtc act ctt gcc gaa			1747
Glu Pro Gly Arg Ser Leu Leu Asp Gly Cys Gly Val Thr Leu Ala Glu			
	535	540	545
gtt gct ttt gtg aaa acc cga agt gac ggg ttg cct cta gtg gga ctg			1795
Val Ala Phe Val Lys Thr Arg Ser Asp Gly Leu Pro Leu Val Gly Leu			
550	555	560	565
gct atg aac cga acg cag tgc cgg act aca tcc gat gat ttt ctc att			1843
Ala Met Asn Arg Thr Gln Cys Arg Thr Thr Ser Asp Asp Phe Leu Ile			
	570	575	580
gat ccc ctg cat atc act gac ggt gat gta ggc gag gaa atc gaa gca			1891
Asp Pro Leu His Ile Thr Asp Gly Asp Val Gly Glu Glu Ile Glu Ala			
	585	590	595
tat cta gtg ggt gcc tac tgc atc gaa gat gag ctg att tta cgc cgg			1939
Tyr Leu Val Gly Ala Tyr Cys Ile Glu Asp Glu Leu Ile Leu Arg Arg			
	600	605	610
cga atc cgc ttc ccg aga gga gtc aaa cca gga gat atc atc gga att			1987
Arg Ile Arg Phe Pro Arg Gly Val Lys Pro Gly Asp Ile Ile Gly Ile			

615	620	625	
cct aac acc gca gga tac ttc atg cat atc ttg gaa agt gca tcg cac			2035
Pro Asn Thr Ala Gly Tyr Phe Met His Ile Leu Glu Ser Ala Ser His			
630	635	640	645
caa atc ccg ttg gcg aaa aat gta gtg tgg ccg gag ggg cag tta gac			2083
Gln Ile Pro Leu Ala Lys Asn Val Val Trp Pro Glu Gly Gln Leu Asp			
	650	655	660
gat atc gat gcg gat taagacataa ccattcgcta atc			2121
Asp Ile Asp Ala Asp			
	665		
<210> 48			
<211> 666			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 48			
Met	Ile	Pro	Lys
1	5	10	15
Pro	Asp	Val	Thr
20	25	30	35
Asn	Glu	Gly	Ser
40	45	50	55
Ile	Arg	Ser	Ala
60	65	70	75
Lys	Asp	Leu	Ser
80	85	90	95
Gln	Glu	Arg	Ala
100	105	110	115
Thr	Trp	Arg	Glu
120	125	130	135
Leu	Tyr	Lys	Val
140	145	150	155
Gly	Met	Gly	Ala
160	165	170	175
Thr	Trp	Arg	Glu
180	185	190	195
Leu	Tyr	Lys	Val
200	205	210	215
Asp	Val	Thr	Ile
220	225	230	235
Leu	Ser	Ala	Gly
240	245	250	255
Arg	Glu	Ile	Gln
260	265	270	275
Ser	Ser	Val	Thr
280	285	290	295
Glu	Val	Glu	Lys
300	305	310	315
Lys	Asp	Glu	Lys
320	325	330	335
Tyr	Leu	Glu	Ala
340	345	350	355
Pro	Ser	Ile	Val
360	365	370	375
Leu	Ser	Ala	Gly
380	385	390	395
Arg	Asp	Glu	Ala
400	405	410	415
Thr	Trp	Arg	Glu
420	425	430	435
Leu	Tyr	Lys	Val
440	445	450	455
Asp	Val	Thr	Ile
460	465	470	475
Leu	Ser	Ala	Gly
480	485	490	495
Glu	Val	Glu	Lys
500	505	510	515
Met	Gly	Ala	Thr
520	525	530	535
Trp	Arg	Glu	Ala
540	545	550	555
Glu	Val	Glu	Lys
560	565	570	575
Thr	Trp	Arg	Glu
580	585	590	595
Leu	Tyr	Lys	Val
600	605	610	615
Asp	Val	Thr	Ile
620	625	630	635
Leu	Ser	Ala	Gly
640	645	650	655
Glu	Val	Glu	Lys
660	665	670	675
Met	Gly	Ala	Thr
680	685	690	695
Trp	Arg	Glu	Ala
700	705	710	715
Leu	Tyr	Lys	Val
720	725	730	735
Asp	Val	Thr	Ile
740	745	750	755
Leu	Ser	Ala	Gly
760	765	770	775
Glu	Val	Glu	Lys
780	785	790	795
Met	Gly	Ala	Thr
800	805	810	815
Trp	Arg	Glu	Ala
820	825	830	835
Glu	Val	Glu	Lys
840	845	850	855
Thr	Trp	Arg	Glu
860	865	870	875
Leu	Tyr	Lys	Val
880	885	890	895
Asp	Val	Thr	Ile
900	905	910	915
Leu	Ser	Ala	Gly
920	925	930	935
Glu	Val	Glu	Lys
940	945	950	955
Met	Gly	Ala	Thr
960	965	970	975
Trp	Arg	Glu	Ala
980	985	990	995
Leu	Tyr	Lys	Val
1000	1005	1010	1015
Asp	Val	Thr	Ile
1020	1025	1030	1035
Leu	Ser	Ala	Gly
1040	1045	1050	1055
Glu	Val	Glu	Lys
1060	1065	1070	1075
Met	Gly	Ala	Thr
1080	1085	1090	1095
Trp	Arg	Glu	Ala
1100	1105	1110	1115
Glu	Val	Glu	Lys
1120	1125	1130	1135
Thr	Trp	Arg	Glu
1140	1145	1150	1155
Leu	Tyr	Lys	Val
1160	1165	1170	1175
Asp	Val	Thr	Ile
1180	1185	1190	1195
Leu	Ser	Ala	Gly
1200	1205	1210	1215
Glu	Val	Glu	Lys
1220	1225	1230	1235
Met	Gly	Ala	Thr
1240	1245	1250	1255
Trp	Arg	Glu	Ala
1260	1265	1270	1275
Leu	Tyr	Lys	Val
1280	1285	1290	1295
Asp	Val	Thr	Ile
1300	1305	1310	1315
Leu	Ser	Ala	Gly
1320	1325	1330	1335
Glu	Val	Glu	Lys
1340	1345	1350	1355
Met	Gly	Ala	Thr
1360	1365	1370	1375
Trp	Arg	Glu	Ala
1380	1385	1390	1395
Leu	Tyr	Lys	Val
1400	1405	1410	1415
Asp	Val	Thr	Ile
1420	1425	1430	1435
Leu	Ser	Ala	Gly
1440	1445	1450	1455
Glu	Val	Glu	Lys
1460	1465	1470	1475
Met	Gly	Ala	Thr
1480	1485	1490	1495
Trp	Arg	Glu	Ala
1500	1505	1510	1515
Leu	Tyr	Lys	Val
1520	1525	1530	1535
Asp	Val	Thr	Ile
1540	1545	1550	1555
Leu	Ser	Ala	Gly
1560	1565	1570	1575
Glu	Val	Glu	Lys
1580	1585	1590	1595
Met	Gly	Ala	Thr
1600	1605	1610	1615
Trp	Arg	Glu	Ala
1620	1625	1630	1635
Leu	Tyr	Lys	Val
1640	1645	1650	1655
Asp	Val	Thr	Ile
1660	1665	1670	1675
Leu	Ser	Ala	Gly
1680	1685	1690	1695
Glu	Val	Glu	Lys
1700	1705	1710	1715
Met	Gly	Ala	Thr
1720	1725	1730	1735
Trp	Arg	Glu	Ala
1740	1745	1750	1755
Leu	Tyr	Lys	Val
1760	1765	1770	1775
Asp	Val	Thr	Ile
1780	1785	1790	1795
Leu	Ser	Ala	Gly
1800	1805	1810	1815
Glu	Val	Glu	Lys
1820	1825	1830	1835
Met	Gly	Ala	Thr
1840	1845	1850	1855
Trp	Arg	Glu	Ala
1860	1865	1870	1875
Leu	Tyr	Lys	Val
1880	1885	1890	1895
Asp	Val	Thr	Ile
1900	1905	1910	1915
Leu	Ser	Ala	Gly
1920	1925	1930	1935
Glu	Val	Glu	Lys
1940	1945	1950	1955
Met	Gly	Ala	Thr
1960	1965	1970	1975
Trp	Arg	Glu	Ala
1980	1985	1990	1995
Leu	Tyr	Lys	Val
2000	2005	2010	2015
Asp	Val	Thr	Ile
2020	2025	2030	2035
Leu	Ser	Ala	Gly
2040	2045	2050	2055
Glu	Val	Glu	Lys
2060	2065	2070	2075
Met	Gly	Ala	Thr
2080	2085	2090	2095
Trp	Arg	Glu	Ala
2100	2105	2110	2115
Leu	Tyr	Lys	Val
2120	2125	2130	2135
Asp	Val	Thr	Ile
2140	2145	2150	2155
Leu	Ser	Ala	Gly
2160	2165	2170	2175
Glu	Val	Glu	Lys
2180	2185	2190	2195
Met	Gly	Ala	Thr
2200	2205	2210	2215
Trp	Arg	Glu	Ala
2220	2225	2230	2235
Leu	Tyr	Lys	Val
2240	2245	2250	2255
Asp	Val	Thr	Ile
2260	2265	2270	2275
Leu	Ser	Ala	Gly
2280	2285	2290	2295
Glu	Val	Glu	Lys
2300	2305	2310	2315
Met	Gly	Ala	Thr
2320	2325	2330	2335
Trp	Arg	Glu	Ala
2340	2345	2350	2355
Leu	Tyr	Lys	Val
2360	2365	2370	2375
Asp	Val	Thr	Ile
2380	2385	2390	2395
Leu	Ser	Ala	Gly
2400	2405	2410	2415
Glu	Val	Glu	Lys
2420	2425	2430	2435
Met	Gly	Ala	Thr
2440	2445	2450	2455
Trp	Arg	Glu	Ala
2460	2465	2470	2475
Leu	Tyr	Lys	Val
2480	2485	2490	2495
Asp	Val	Thr	Ile
2500	2505	2510	2515
Leu	Ser	Ala	Gly
2520	2525	2530	2535
Glu	Val	Glu	Lys
2540	2545	2550	2555
Met	Gly	Ala	Thr
2560	2565	2570	2575
Trp	Arg	Glu	Ala
2580	2585	2590	2595
Leu	Tyr	Lys	Val
2600	2605	2610	2615
Asp	Val	Thr	Ile
2620	2625	2630	2635
Leu	Ser	Ala	Gly
2640	2645	2650	2655
Glu	Val	Glu	Lys
2660	2665	2670	2675
Met	Gly	Ala	Thr
2680	2685	2690	2695
Trp	Arg	Glu	Ala
2700	2705	2710	2715
Leu	Tyr	Lys	Val
2720	2725	2730	2735
Asp	Val	Thr	Ile
2740	2745	2750	2755
Leu	Ser	Ala	Gly
2760	2765	2770	2775
Glu	Val	Glu	Lys
2780	2785	2790	2795
Met	Gly	Ala	Thr
2800	2805	2810	2815
Trp	Arg	Glu	Ala
2820	2825	2830	2835
Leu	Tyr	Lys	Val
2840	2845	2850	2855
Asp	Val	Thr	Ile
2860	2865	2870	2875

115	120	125
Val Arg Glu Leu Glu Ile Thr Val Val Ile Asp Ala Val Leu Pro Pro		
130	135	140
Pro Gly Val Val Pro Gly Thr Leu Val His Asn Leu Val Lys Glu Gly		
145	150	155
		160
Tyr Ala Arg Met Arg Pro Gly Thr Arg Gly Leu Asp Val Ala Ala Asp		
	165	170
		175
Gly Thr Val Gln Gly Gln Arg His Leu Ala Ala Val Gly Arg Met Thr		
	180	185
		190
Glu Asp Val Val Leu Gly Asn Asp Thr Leu Ser Arg Ser Leu His Asp		
	195	200
		205
Ile Ile Pro Lys Trp Ala Arg Arg Val Ile Arg Asp Ala Ser Thr Tyr		
	210	215
		220
Pro Asp Arg Val His Gly Thr Pro Pro Leu Pro Ala Arg Leu Glu Pro		
225	230	235
		240
Trp Ala Glu Lys Leu Thr Ser Asp Pro Ala Thr Cys Arg His Leu Ile		
	245	250
		255
Glu Glu Phe Gly Ser Pro Val Asn Val Leu His Ser Gly Ser Met Pro		
	260	265
		270
Arg Asn Ile Asn Glu Leu Val Asp Ala Gly Ile Gln Met Gly Val Asp		
	275	280
		285
Thr Arg Ile Phe Phe Ala Arg Lys Ala Asn Lys Gly Leu Thr Phe Val		
	290	295
		300
Asp Ala Val Lys Asp Thr Gly His Gly Val Asp Val Ala Ser Glu Arg		
305	310	315
		320
Glu Leu Ser Gln Val Leu Asn Arg Gly Val Pro Gly Glu Arg Ile Ile		
	325	330
		335
Leu Ser Ala Ala Ile Lys Pro Asp Arg Leu Leu Ala Leu Ala Ile Glu		

340	345	350
Asn Gly Val Ile Ile Ser Val Asp Ser Arg Asp Glu Leu Asp Arg Ile		
355	360	365
Ser Ala Leu Val Gly Asp Arg Val Ala Arg Val Ala Pro Arg Val Ala		
370	375	380
Pro Asp Pro Ala Val Leu Pro Pro Thr Arg Phe Gly Glu Arg Ala Ala		
385	390	395
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
Thr Ser Ala Gly Tyr Ala Glu Ser Phe Thr Trp Lys Asp Asp Pro Leu		
485	490	495
Ser Asn Thr Tyr Pro Phe Tyr Gln Thr Pro Val Arg Gly Asn Trp Leu		
500	505	510
Lys Asp Val Leu Ser Lys Gly Val Ala Gln Met Leu Ile Asp Arg Gly		
515	520	525
Leu Arg Leu His Ile Glu Pro Gly Arg Ser Leu Leu Asp Gly Cys Gly		
530	535	540
Val Thr Leu Ala Glu Val Ala Phe Val Lys Thr Arg Ser Asp Gly Leu		
545	550	555
Pro Leu Val Gly Leu Ala Met Asn Arg Thr Gln Cys Arg Thr Thr Ser		

565

570

575

Asp Asp Phe Leu Ile Asp Pro Leu His Ile Thr Asp Gly Asp Val Gly
580 585 590

Glu Glu Ile Glu Ala Tyr Leu Val Gly Ala Tyr Cys Ile Glu Asp Glu
595 600 605

Leu Ile Leu Arg Arg Arg Ile Arg Phe Pro Arg Gly Val Lys Pro Gly
610 615 620

Asp Ile Ile Gly Ile Pro Asn Thr Ala Gly Tyr Phe Met His Ile Leu
625 630 635 640

Glu Ser Ala Ser His Gln Ile Pro Leu Ala Lys Asn Val Val Trp Pro
645 650 655

Glu Gly Gln Leu Asp Asp Ile Asp Ala Asp
660 665

<210> 49
<211> 993
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(970)
<223> RXA01393

<400> 49
caaaagcaga cctgtaatga agatttccat gatcaccatc gtgacctatg gaagtactta 60

agtaaaatga ttggttctta acatgggtta atatagcttc atg aac ccc att caa 115
Met Asn Pro Ile Gln

1 5

ctg gac act ttg ctc tca atc att gat gaa ggc agc ttc gaa ggc gcc 163
Leu Asp Thr Leu Leu Ser Ile Ile Asp Glu Gly Ser Phe Glu Gly Ala

10 15 20

tcc tta gcc ctt tcc att tcc ccc tcg gcg gtg agt cag cgc gtt aaa 211

Ser Leu Ala Leu Ser Ile Ser Pro Ser Ala Val Ser Gln Arg Val Lys
25 30 35

gct ctc gag cat cac gtg ggt cga gtg ttg gta tcg cgc acc caa ccg 259
Ala Leu Glu His His Val Gly Arg Val Leu Val Ser Arg Thr Gln Pro

40 45 50

gcc aaa gca acc gaa gcg ggt gaa gtc ctt gtg caa gca gcg cgg aaa 307
Ala Lys Ala Thr Glu Ala Gly Glu Val Leu Val Gln Ala Ala Arg Lys

55 60 65

atg gtg ttg ctg caa gca gaa act aaa gcg caa cta tct gga cgc ctt 355
Met Val Leu Leu Gln Ala Glu Thr Lys Ala Gln Leu Ser Gly Arg Leu

70 75 80 85

gct gaa atc ccg tta acc atc gcc atc aac gca gat tcg cta tcc aca 403
Ala Glu Ile Pro Leu Thr Ile Ala Ile Asn Ala Asp Ser Leu Ser Thr

90 95 100

tgg ttt cct ccc gtg ttc aac gag gta gct tct tgg ggt gga gca acg 451
Trp Phe Pro Pro Val Phe Asn Glu Val Ala Ser Trp Gly Gly Ala Thr

105 110 115

ctc acg ctg cgc ttg gaa gat gaa gcg cac aca tta tcc ttg ctg cgg 499
Leu Thr Leu Arg Leu Glu Asp Glu Ala His Thr Leu Ser Leu Leu Arg

120 125 130

cgt gga gat gtt tta gga gcg gta acc cgt gaa gct aat ccc gtg gcg 547
Arg Gly Asp Val Leu Gly Ala Val Thr Arg Glu Ala Asn Pro Val Ala

135 140 145

gga tgt gaa gta gta gaa ctt gga acc atg cgc cac ttg gcc att gca 595
Gly Cys Glu Val Val Glu Leu Gly Thr Met Arg His Leu Ala Ile Ala

150 155 160 165

acc ccc tca ttg cgg gat gcc tac atg gtt gat ggg aaa cta gat tgg 643
Thr Pro Ser Leu Arg Asp Ala Tyr Met Val Asp Gly Lys Leu Asp Trp

170 175 180

gct gcg atg ccc gtc tta cgc ttc ggt ccc aaa gat gtg ctt caa gac 691

Ala Ala Met Pro Val Leu Arg Phe Gly Pro Lys Asp Val Leu Gln Asp

185

190

195

cgt gac ctg gac ggg cgc gtc gat ggt cct gtg ggg cgc agg cgc gta 739
Arg Asp Leu Asp Gly Arg Val Asp Gly Pro Val Gly Arg Arg Arg Val

200

205

210

tcc att gtc ccg tcg gcg gaa ggt ttt ggt gag gca att cgc cga ggc 787
Ser Ile Val Pro Ser Ala Glu Gly Phe Gly Glu Ala Ile Arg Arg Gly

215

220

225

ctt ggt tgg gga ctt ctt ccc gaa acc caa gct gct ccc atg cta aaa 835
Leu Gly Trp Gly Leu Leu Pro Glu Thr Gln Ala Ala Pro Met Leu Lys

230

235

240

245

gca gga gaa gtg atc ctc ctc gat gag ata ccc att gac aca ccg atg 883
Ala Gly Glu Val Ile Leu Leu Asp Glu Ile Pro Ile Asp Thr Pro Met

250

255

260

tat tgg caa cga tgg cgc ctg gaa tct aga tct cta gct aga ctc aca 931
Tyr Trp Gln Arg Trp Arg Leu Glu Ser Arg Ser Leu Ala Arg Leu Thr

265

270

275

gac gcc gtc gtt gat gca gca atc gag gga ttg cgg cct tagttacttc 980
Asp Ala Val Val Asp Ala Ala Ile Glu Gly Leu Arg Pro

280

285

290

tgaaaagggtt cag 993

<210> 50

<211> 290

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 50

Met Asn Pro Ile Gln Leu Asp Thr Leu Leu Ser Ile Ile Asp Glu Gly

1

5

10

15

Ser Phe Glu Gly Ala Ser Leu Ala Leu Ser Ile Ser Pro Ser Ala Val

20

25

30

Ser Gln Arg Val Lys Ala Leu Glu His His Val Gly Arg Val Leu Val
35 40 45

Ser Arg Thr Gln Pro Ala Lys Ala Thr Glu Ala Gly Glu Val Leu Val
50 55 60

Gln Ala Ala Arg Lys Met Val Leu Leu Gln Ala Glu Thr Lys Ala Gln
65 70 75 80

Leu Ser Gly Arg Leu Ala Glu Ile Pro Leu Thr Ile Ala Ile Asn Ala
85 90 95

Asp Ser Leu Ser Thr Trp Phe Pro Pro Val Phe Asn Glu Val Ala Ser
100 105 110

Trp Gly Gly Ala Thr Leu Thr Leu Arg Leu Glu Asp Glu Ala His Thr
115 120 125

Leu Ser Leu Leu Arg Arg Gly Asp Val Leu Gly Ala Val Thr Arg Glu
130 135 140

Ala Asn Pro Val Ala Gly Cys Glu Val Val Glu Leu Gly Thr Met Arg
145 150 155 160

His Leu Ala Ile Ala Thr Pro Ser Leu Arg Asp Ala Tyr Met Val Asp
165 170 175

Gly Lys Leu Asp Trp Ala Ala Met Pro Val Leu Arg Phe Gly Pro Lys
180 185 190

Asp Val Leu Gln Asp Arg Asp Leu Asp Gly Arg Val Asp Gly Pro Val
195 200 205

Gly Arg Arg Arg Val Ser Ile Val Pro Ser Ala Glu Gly Phe Gly Glu
210 215 220

Ala Ile Arg Arg Gly Leu Gly Trp Gly Leu Leu Pro Glu Thr Gln Ala
225 230 235 240

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

Ile Asp Thr Pro Met Tyr Trp Gln Arg Trp Arg Leu Glu Ser Arg Ser
260 265 270

Leu Ala Arg Leu Thr Asp Ala Val Val Asp Ala Ala Ile Glu Gly Leu
275 280 285

Arg Pro
290

<210> 51
<211> 1626
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1603)
<223> RXA00241

<400> 51
ggctctccagc ctttctaacc aattcatctg cacttgatta attggcccca agattacgcg 60

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

1 5

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

10 15 20

att aga acc ctc atc gcg ctg atc atc gga tgc acc gtc ggc gcg gga 211
Ile Arg Thr Leu Ile Ala Leu Ile Ile Gly Ser Thr Val Gly Ala Gly

25 30 35

att ttc tcc atc cct caa aac atc ggc tca gtc gca ggt ccc ggc gcg 259
Ile Phe Ser Ile Pro Gln Asn Ile Gly Ser Val Ala Gly Pro Gly Ala

40 45 50

atg ctc atc ggc tgg ctg atc gcc ggt gtg ggc atg ttg tcc gta gcg 307
Met Leu Ile Gly Trp Leu Ile Ala Gly Val Gly Met Leu Ser Val Ala

55 60 65

ttc gtg ttc cat gtt ctt gcc cgc cgt aaa cct cac ctc gat tct ggc	355
Phe Val Phe His Val Leu Ala Arg Arg Lys Pro His Leu Asp Ser Gly	
70 75 80 85	
gtc tac gca tat gcg cgt gtt gga ttg ggc gat tat gta ggt ttc tcc	403
Val Tyr Ala Tyr Ala Arg Val Gly Leu Gly Asp Tyr Val Gly Phe Ser	
90 95 100	
tcc gct tgg ggt tat tgg ctg ggt tca gtc atc gcc caa gtt ggc tac	451
Ser Ala Trp Gly Tyr Trp Leu Gly Ser Val Ile Ala Gln Val Gly Tyr	
105 110 115	
gca acg tta ttt ttc tcc acg ttg ggc cac tac gta ccg ctg ttt tcc	499
Ala Thr Leu Phe Phe Ser Thr Leu Gly His Tyr Val Pro Leu Phe Ser	
120 125 130	
caa gat cat cca ttt gtg tca gcg ttg gca gtt agc gct ttg acc tgg	547
Gln Asp His Pro Phe Val Ser Ala Leu Ala Val Ser Ala Leu Thr Trp	
135 140 145	
ctg gtg ttt gga gtt gtt tcc cga gga att agc caa gct gct ttc ttg	595
Leu Val Phe Gly Val Val Ser Arg Gly Ile Ser Gln Ala Ala Phe Leu	
150 155 160 165	
aca acg gtc acc acc gtg gcc aaa att ctg cct ctg ttg tgc ttc atc	643
Thr Thr Val Thr Thr Val Ala Lys Ile Leu Pro Leu Leu Cys Phe Ile	
170 175 180	
atc ctt gtt gca ttc ttg ggc ttt agc tgg gag aag ttc act gtt gat	691
Ile Leu Val Ala Phe Leu Gly Phe Ser Trp Glu Lys Phe Thr Val Asp	
185 190 195	
tta tgg gcg cgt gat ggt ggc gtg ggc agc att ttt gat cag gtg cgc	739
Leu Trp Ala Arg Asp Gly Gly Val Gly Ser Ile Phe Asp Gln Val Arg	
200 205 210	
ggc atc atg gtg tac acc gtg tgg gtg ttc atc ggt atc gaa ggt gca	787
Gly Ile Met Val Tyr Thr Val Trp Val Phe Ile Gly Ile Glu Gly Ala	
215 220 225	
tcg gta tat tcc cgc cag gca cgc tca cgc agt gat gtc agc cga gct	835

Ser Val Tyr Ser Arg Gln Ala Arg Ser Arg Ser Asp Val Ser Arg Ala	
230	235
acc gtg att ggt ttt gtg gct gtt ctc ctt ttg ctg gtg tcg att tct	883
Thr Val Ile Gly Phe Val Ala Val Leu Leu Leu Leu Val Ser Ile Ser	
250	255
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
gat aat tcc atg gcg tcg gtg ctc gaa gct gtt gtt ggt cca tgg ggt	979
Asp Asn Ser Met Ala Ser Val Leu Glu Ala Val Val Gly Pro Trp Gly	
280	285
gcc gca ttg att tcg ttg ggt ctg tgt ctt tcg gtt ctt ggg gcc tat	1027
Ala Ala Leu Ile Ser Leu Gly Leu Cys Leu Ser Val Leu Gly Ala Tyr	
295	300
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
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
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
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
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
gtc atg ctg gca aca cgt gga aaa gga atc acc cac cca cat gcc ggc	1315

Val Met Leu Ala Thr Arg Gly Lys Gly Ile Thr His Pro His Ala Gly
 390 395 400 405
 aca cgt ttt gat gat tcc ggt cca gag ata tcc cgc cga gaa aac cgc 1363
 Thr Arg Phe Asp Asp Ser Gly Pro Glu Ile Ser Arg Arg Glu Asn Arg
 410 415 420
 aaa cac ctc atc gtc ggt tta gta gca acg gtg tat tca gtg tgg ctg 1411
 Lys His Leu Ile Val Gly Leu Val Ala Thr Val Tyr Ser Val Trp Leu
 425 430 435
 ttt tac gct gca gaa ccg cag ttt gtc ctc ttc gga gcc atg gcg atg 1459
 Phe Tyr Ala Ala Glu Pro Gln Phe Val Leu Phe Gly Ala Met Ala Met
 440 445 450
 ctt ccc ggc tta atc ccc tat gtg tgg aca agg att tat cgt ggc gaa 1507
 Leu Pro Gly Leu Ile Pro Tyr Val Trp Thr Arg Ile Tyr Arg Gly Glu
 455 460 465
 cag gtg ttt aac cgc ttt gaa atc ggc gtg gtt gtt gtc ctg gtc gtt 1555
 Gln Val Phe Asn Arg Phe Glu Ile Gly Val Val Val Val Leu Val Val
 470 475 480 485
 gct gcc agc gcg ggc gtt att ggt ttg gtc aac gga tca cta tcg ctt 1603
 Ala Ala Ser Ala Gly Val Ile Gly Leu Val Asn Gly Ser Leu Ser Leu
 490 495 500
 taaacaccga aaccttcctg cta 1626

<210> 52
 <211> 501
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 52
 Val Asn Thr Gln Ser Asp Ser Ala Gly Ser Gln Gly Ala Ala Ala Thr
 1 5 10 15
 Ser Arg Thr Val Ser Ile Arg Thr Leu Ile Ala Leu Ile Ile Gly Ser
 20 25 30

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

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

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

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

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

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

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

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

Gln Ala Ala Phe Leu Thr Thr Val Thr Thr Val Ala Lys Ile Leu Pro
165 170 175

Leu Leu Cys Phe Ile Ile Leu Val Ala Phe Leu Gly Phe Ser Trp Glu
180 185 190

Lys Phe Thr Val Asp Leu Trp Ala Arg Asp Gly Gly Val Gly Ser Ile
195 200 205

Phe Asp Gln Val Arg Gly Ile Met Val Tyr Thr Val Trp Val Phe Ile
210 215 220

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

Asp Val Ser Arg Ala Thr Val Ile Gly Phe Val Ala Val Leu Leu Leu
245 250 255

Leu Val Ser Ile Ser Ser Leu Ser Phe Gly Val Leu Thr Gln Gln Glu
260 265 270

Leu Ala Ala Leu Pro Asp Asn Ser Met Ala Ser Val Leu Glu Ala Val
275 280 285

Val Gly Pro Trp Gly Ala Ala Leu Ile Ser Leu Gly Leu Cys Leu Ser
290 295 300

Val Leu Gly Ala Tyr Val Ser Trp Gln Met Leu Cys Ala Glu Pro Leu
305 310 315 320

Ala Leu Met Ala Met Asp Gly Leu Ile Pro Ser Lys Ile Gly Ala Ile
325 330 335

Asn Ser Arg Gly Ala Ala Trp Met Ala Gln Leu Ile Ser Thr Ile Val
340 345 350

Ile Gln Ile Phe Ile Ile Ile Phe Phe Leu Asn Glu Thr Thr Tyr Val
355 360 365

Ser Met Val Gln Leu Ala Thr Asn Leu Tyr Leu Val Pro Tyr Leu Phe
370 375 380

Ser Ala Phe Tyr Leu Val Met Leu Ala Thr Arg Gly Lys Gly Ile Thr
385 390 395 400

His Pro His Ala Gly Thr Arg Phe Asp Asp Ser Gly Pro Glu Ile Ser
405 410 415

Arg Arg Glu Asn Arg Lys His Leu Ile Val Gly Leu Val Ala Thr Val
420 425 430

Tyr Ser Val Trp Leu Phe Tyr Ala Ala Glu Pro Gln Phe Val Leu Phe
435 440 445

Gly Ala Met Ala Met Leu Pro Gly Leu Ile Pro Tyr Val Trp Thr Arg
450 455 460

Ile Tyr Arg Gly Glu Gln Val Phe Asn Arg Phe Glu Ile Gly Val Val
465 470 475 480

Val Val Leu Val Val Ala Ala Ser Ala Gly Val Ile Gly Leu Val Asn
485 490 495

Gly Ser Leu Ser Leu
500

<210> 53
<211> 822
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(799)
<223> RXA01394

<400> 53
gagcaaagtg tccagttgaa tggggttcac gaagctatat taaaccatgt taagaaccaa 60

tcattttact 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 ggc 259
Val Leu Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Val Phe Leu Phe Ile Ala Gly

40 45 50

acc ttg ggc gtt gat ctt ttg tcc aat gcc gcg ccg atc gtg ctc gat 307
Thr Leu Gly Val Asp Leu Leu Ser Asn Ala Ala Pro Ile Val Leu Asp

55 60 65

att atg cgc tgg ggt ggc atc gct tac ctg tta tgg ttt gcc gtc atg 355
Ile Met Arg Trp Gly Gly Ile Ala Tyr Leu Leu Trp Phe Ala Val Met

70	75	80	85	
gca gcg aaa gac gcc atg aca aac aag gtg gaa gcg cca cag atc att				403
Ala Ala Lys Asp Ala Met Thr Asn Lys Val Glu Ala Pro Gln Ile Ile				
	90	95	100	
gaa gaa aca gaa cca acc gtg ccc gat gac acg cct ttg ggc ggt tgc				451
Glu Glu Thr Glu Pro Thr Val Pro Asp Asp Thr Pro Leu Gly Gly Ser				
	105	110	115	
gcg gtg gcc act gac acg cgc aac cgg gtg cgg gtg gag gtg agc gtc				499
Ala Val Ala Thr Asp Thr Arg Asn Arg Val Arg Val Glu Val Ser Val				
	120	125	130	
gat aag cag cgg gtt tgg gta aag ccc atg ttg atg gca atc gtg ctg				547
Asp Lys Gln Arg Val Trp Val Lys Pro Met Leu Met Ala Ile Val Leu				
	135	140	145	
acc tgg ttg aac ccg aat gcg tat ttg gac gcg ttt gtg ttt atc ggc				595
Thr Trp Leu Asn Pro Asn Ala Tyr Leu Asp Ala Phe Val Phe Ile Gly				
	150	155	160	165
ggc gtc ggc gcg caa tac ggc gac acc gga cgg tgg att ttc gcc gct				643
Gly Val Gly Ala Gln Tyr Gly Asp Thr Gly Arg Trp Ile Phe Ala Ala				
	170	175	180	
ggc gcg ttc gcg gca agc ctg atc tgg ttc ccg ctg gtg ggt ttc ggc				691
Gly Ala Phe Ala Ala Ser Leu Ile Trp Phe Pro Leu Val Gly Phe Gly				
	185	190	195	
gca gca gca ttg tca cgc ccg ctg tcc agc ccc aag gtg tgg cgc tgg				739
Ala Ala Ala Leu Ser Arg Pro Leu Ser Ser Pro Lys Val Trp Arg Trp				
	200	205	210	
atc aac gtc gtc gtg gca gtt gtg atg acc gca ttg gcc atc aaa ctg				787
Ile Asn Val Val Val Ala Val Val Met Thr Ala Leu Ala Ile Lys Leu				
	215	220	225	
atg ttg atg ggt tagttttcgc gggttttgga atc				822
Met Leu Met Gly				

230

<210> 54

<211> 233

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 54

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

Ser Ile Gly Pro Gln Asn Val Leu Val Ile Lys Gln Gly Ile Lys Arg
20 25 30

Glu Gly Leu Ile Ala Val Leu Leu Val Cys Leu Ile Ser Asp Val Phe
35 40 45

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

Pro Ile Val Leu Asp Ile Met Arg Trp Gly Gly Ile Ala Tyr Leu Leu
65 70 75 80

Trp Phe Ala Val Met Ala Ala Lys Asp Ala Met Thr Asn Lys Val Glu
85 90 95

Ala Pro Gln Ile Ile Glu Glu Thr Glu Pro Thr Val Pro Asp Asp Thr
100 105 110

Pro Leu Gly Gly Ser Ala Val Ala Thr Asp Thr Arg Asn Arg Val Arg
115 120 125

Val Glu Val Ser Val Asp Lys Gln Arg Val Trp Val Lys Pro Met Leu
130 135 140

Met Ala Ile Val Leu Thr Trp Leu Asn Pro Asn Ala Tyr Leu Asp Ala
145 150 155 160

Phe Val Phe Ile Gly Gly Val Gly Ala Gln Tyr Gly Asp Thr Gly Arg
165 170 175

Trp Ile Phe Ala Ala Gly Ala Phe Ala Ala Ser Leu Ile Trp Phe Pro

180 185 190

Leu Val Gly Phe Gly Ala Ala Ala Leu Ser Arg Pro Leu Ser Ser Pro
195 200 205

Lys Val Trp Arg Trp Ile Asn Val Val Val Ala Val Val Met Thr Ala
210 215 220

Leu Ala Ile Lys Leu Met Leu Met Gly
225 230

<210> 55
<211> 1026
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 55
ttatcgggaat gtggcttggg cgattgttat gcaaaagttg ttaggttttt tgcggggttg 60

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

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

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

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

gcg ggc acc act ggt gaa tcc cca acg aca acc gcc gct gaa aaa cta 307

Ala Gly Thr Thr Gly Glu Ser Pro Thr Thr Thr Ala Ala Glu Lys Leu
55 60 65

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

70 75 80 85

atc gcc ggt gtc gga acc aac aac acg cgg aca tct gtg gaa ctt gcg 403
Ile Ala Gly Val Gly Thr Asn Asn Thr Arg Thr Ser Val Glu Leu Ala

90 95 100

gaa gct gct gct tct gct ggc gca gac ggc ctt tta gtt gta act cct 451
Glu Ala Ala Ala Ser Ala Gly Ala Asp Gly Leu Leu Val Val Thr Pro

105 110 115

tat tac tcc aag ccg agc caa gag gga ttg ctg gcg cac ttc ggt gca 499
Tyr Tyr Ser Lys Pro Ser Gln Glu Gly Leu Leu Ala His Phe Gly Ala

120 125 130

att gct gca gca aca gag gtt cca att tgt ctc tat gac att cct ggt 547
Ile Ala Ala Ala Thr Glu Val Pro Ile Cys Leu Tyr Asp Ile Pro Gly

135 140 145

cgg tca ggt att cca att gag tct gat acc atg aga cgc ctg agt gaa 595
Arg Ser Gly Ile Pro Ile Glu Ser Asp Thr Met Arg Arg Leu Ser Glu

150 155 160 165

tta cct acg att ttg gcg gtc aag gac gcc aag ggt gac ctc gtt gca 643
Leu Pro Thr Ile Leu Ala Val Lys Asp Ala Lys Gly Asp Leu Val Ala

170 175 180

gcc acg tca ttg atc aaa gaa acg gga ctt gcc tgg tat tca ggc gat 691
Ala Thr Ser Leu Ile Lys Glu Thr Gly Leu Ala Trp Tyr Ser Gly Asp

185 190 195

gac cca cta aac ctt gtt tgg ctt gct ttg ggc gga tca ggt ttc att 739
Asp Pro Leu Asn Leu Val Trp Leu Ala Leu Gly Gly Ser Gly Phe Ile

200 205 210

tcc gta att gga cat gca gcc ccc aca gca tta cgt gag ttg tac aca 787

Ser Val Ile Gly His Ala Ala Pro Thr Ala Leu Arg Glu Leu Tyr Thr
215 220 225

agc ttc gag gaa ggc gac ctc gtc cgt gcg cgg gaa atc aac gcc aaa 835
Ser Phe Glu Glu Gly Asp Leu Val Arg Ala Arg Glu Ile Asn Ala Lys

230 235 240 245

cta tca ccg ctg gta gct gcc caa ggt cgc ttg ggt gga gtc agc ttg 883
Leu Ser Pro Leu Val Ala Ala Gln Gly Arg Leu Gly Gly Val Ser Leu

250 255 260

gca aaa gct gct ctg cgt ctg cag ggc atc aac gta gga gat cct cga 931
Ala Lys Ala Ala Leu Arg Leu Gln Gly Ile Asn Val Gly Asp Pro Arg

265 270 275

ctt cca att atg gct cca aat gag cag gaa ctt gag gct ctc cga gaa 979
Leu Pro Ile Met Ala Pro Asn Glu Gln Glu Leu Glu Ala Leu Arg Glu

280 285 290

gac atg aaa aaa gct gga gtt cta taaatatgaa tgattcccga aat 1026
Asp Met Lys Lys Ala Gly Val Leu

295 300

<210> 56
<211> 301
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 56
Met Ser Thr Gly Leu Thr Ala Lys Thr Gly Val Glu His Phe Gly Thr
1 5 10 15

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

Ile Ala Ala Gly Arg Glu Val Ala Ala Tyr Leu Val Asp Lys Gly Leu
35 40 45

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

Ala Ala Glu Lys Leu Glu Leu Leu Lys Ala Val Arg Glu Glu Val Gly
65 70 75 80

Asp Arg Ala Lys Leu Ile Ala Gly Val Gly Thr Asn Asn Thr Arg Thr
85 90 95

Ser Val Glu Leu Ala Glu Ala Ala Ala Ser Ala Gly Ala Asp Gly Leu
100 105 110

Leu Val Val Thr Pro Tyr Tyr Ser Lys Pro Ser Gln Glu Gly Leu Leu
115 120 125

Ala His Phe Gly Ala Ile Ala Ala Ala Thr Glu Val Pro Ile Cys Leu
130 135 140

Tyr Asp Ile Pro Gly Arg Ser Gly Ile Pro Ile Glu Ser Asp Thr Met
145 150 155 160

Arg Arg Leu Ser Glu Leu Pro Thr Ile Leu Ala Val Lys Asp Ala Lys
165 170 175

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

Trp Tyr Ser Gly Asp Asp Pro Leu Asn Leu Val Trp Leu Ala Leu Gly
195 200 205

Gly Ser Gly Phe Ile Ser Val Ile Gly His Ala Ala Pro Thr Ala Leu
210 215 220

Arg Glu Leu Tyr Thr Ser Phe Glu Glu Gly Asp Leu Val Arg Ala Arg
225 230 235 240

Glu Ile Asn Ala Lys Leu Ser Pro Leu Val Ala Ala Gln Gly Arg Leu
245 250 255

Gly Gly Val Ser Leu Ala Lys Ala Ala Leu Arg Leu Gln Gly Ile Asn
260 265 270

Val Gly Asp Pro Arg Leu Pro Ile Met Ala Pro Asn Glu Gln Glu Leu

275	280	285	
Glu Ala Leu Arg Glu Asp Met Lys Lys Ala Gly Val Leu			
290	295	300	
<210> 57			
<211> 1071			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1048)			
<223> RXS02021			
<400> 57			
ttgggtcgcc gaggagatct 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 acc 163			
Arg Gly Ala Gln Ala Val Gly Ile Ala Asn Ile Ala Met Asp Gly Thr			
10	15	20	
atc ctg gac acg tgg tac cca gaa ccc caa att ttc aac ccg gat cag 211			
Ile Leu Asp Thr Trp Tyr Pro Glu Pro Gln Ile Phe Asn Pro Asp Gln			
25	30	35	
tgg gct gaa cgc tac cca ttg gaa gtg ggc acc aca cgc ctc gga gca 259			
Trp Ala Glu Arg Tyr Pro Leu Glu Val Gly Thr Thr Arg Leu Gly Ala			
40	45	50	
aac gaa ctc acc cca cgg atg ctg cag ttg gta aaa ctg gac caa gat 307			
Asn Glu Leu Thr Pro Arg Met Leu Gln Leu Val Lys Leu Asp Gln Asp			
55	60	65	
cgc ctc gtc gaa cag gta gca gtc cgc acc gtt atc ccc gat ctg tct 355			
Arg Leu Val Glu Gln Val Ala Val Arg Thr Val Ile Pro Asp Leu Ser			
70	75	80	85

caa cct cca gta gac gcg cac gat gtt tac ctg cgc ctc cac ctg ctt	403
Gln Pro Pro Val Asp Ala His Asp Val Tyr Leu Arg Leu His Leu Leu	
90 95 100	
tcc cac cgg ctg gtc cgc ccc cac gaa atg cac atg caa aac acc ttg	451
Ser His Arg Leu Val Arg Pro His Glu Met His Met Gln Asn Thr Leu	
105 110 115	
gag ctg ctg tcc gac gtg gtg tgg aca aac aag ggc cct tgc ctt cct	499
Glu Leu Leu Ser Asp Val Val Trp Thr Asn Lys Gly Pro Cys Leu Pro	
120 125 130	
gaa aac ttt gag tgg gtg cgt ggt gct ctg cgg tcc cgc gga ctc atc	547
Glu Asn Phe Glu Trp Val Arg Gly Ala Leu Arg Ser Arg Gly Leu Ile	
135 140 145	
cac gtc tac tgt gtg gac cgt ctt ccc cgc atg gtc gac tat gtg gtt	595
His Val Tyr Cys Val Asp Arg Leu Pro Arg Met Val Asp Tyr Val Val	
150 155 160 165	
ccc cct gga gtc cgc atc tcc gaa gca gaa cgc gtg cgc cta ggt gca	643
Pro Pro Gly Val Arg Ile Ser Glu Ala Glu Arg Val Arg Leu Gly Ala	
170 175 180	
tac ctt gct ccg ggt acc tct gtg ctg cgt gaa ggt ttc gtg tct ttc	691
Tyr Leu Ala Pro Gly Thr Ser Val Leu Arg Glu Gly Phe Val Ser Phe	
185 190 195	
aac tcc ggc acc ttg ggt gcc gca aag gtg gaa ggc cgc ctg agt tcc	739
Asn Ser Gly Thr Leu Gly Ala Ala Lys Val Glu Gly Arg Leu Ser Ser	
200 205 210	
ggt gtg gtc atc ggt gaa ggt tcc gag att gga ctg tct tct act att	787
Gly Val Val Ile Gly Glu Gly Ser Glu Ile Gly Leu Ser Ser Thr Ile	
215 220 225	
cag tcc ccg aga gat gaa cag cgc cgc cgt ttg ccg ttg agc atc ggc	835
Gln Ser Pro Arg Asp Glu Gln Arg Arg Arg Leu Pro Leu Ser Ile Gly	
230 235 240 245	
caa aac tgc aac ttt ggt gtc agc tcc gga atc atc gga gtc agt ctg	883

Gln Asn Cys Asn Phe Gly Val Ser Ser Gly Ile Ile Gly Val Ser Leu

250 255 260

gga gac aat tgc gac atc gga aat aac att gtc ttg gat gga gat acc 931
Gly Asp Asn Cys Asp Ile Gly Asn Asn Ile Val Leu Asp Gly Asp Thr

265 270 275

ccc att tgg ttc gca gcc gat gag gag tta cgc act atc gac tcc atc 979
Pro Ile Trp Phe Ala Ala Asp Glu Glu Leu Arg Thr Ile Asp Ser Ile

280 285 290

gaa ggc caa gca aat tgg tca atc aag cgt gaa tcc ggc ttc cat gag 1027
Glu Gly Gln Ala Asn Trp Ser Ile Lys Arg Glu Ser Gly Phe His Glu

295 300 305

cca gtt gcc cgc ctc aaa gct tgacccatit tcataaccag tgc 1071
Pro Val Ala Arg Leu Lys Ala

310 315

<210> 58
<211> 316
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 58
Met Ser Glu Asn Ile Arg Gly Ala Gln Ala Val Gly Ile Ala Asn Ile
1 5 10 15

Ala Met Asp Gly Thr Ile Leu Asp Thr Trp Tyr Pro Glu Pro Gln Ile
20 25 30

Phe Asn Pro Asp Gln Trp Ala Glu Arg Tyr Pro Leu Glu Val Gly Thr
35 40 45

Thr Arg Leu Gly Ala Asn Glu Leu Thr Pro Arg Met Leu Gln Leu Val
50 55 60

Lys Leu Asp Gln Asp Arg Leu Val Glu Gln Val Ala Val Arg Thr Val
65 70 75 80

Ile Pro Asp Leu Ser Gln Pro Pro Val Asp Ala His Asp Val Tyr Leu
85 90 95

Arg Leu His Leu Leu Ser His Arg Leu Val Arg Pro His Glu Met His
100 105 110

Met Gln Asn Thr Leu Glu Leu Leu Ser Asp Val Val Trp Thr Asn Lys
115 120 125

Gly Pro Cys Leu Pro Glu Asn Phe Glu Trp Val Arg Gly Ala Leu Arg
130 135 140

Ser Arg Gly Leu Ile His Val Tyr Cys Val Asp Arg Leu Pro Arg Met
145 150 155 160

Val Asp Tyr Val Val Pro Pro Gly Val Arg Ile Ser Glu Ala Glu Arg
165 170 175

Val Arg Leu Gly Ala Tyr Leu Ala Pro Gly Thr Ser Val Leu Arg Glu
180 185 190

Gly Phe Val Ser Phe Asn Ser Gly Thr Leu Gly Ala Ala Lys Val Glu
195 200 205

Gly Arg Leu Ser Ser Gly Val Val Ile Gly Glu Gly Ser Glu Ile Gly
210 215 220

Leu Ser Ser Thr Ile Gln Ser Pro Arg Asp Glu Gln Arg Arg Arg Leu
225 230 235 240

Pro Leu Ser Ile Gly Gln Asn Cys Asn Phe Gly Val Ser Ser Gly Ile
245 250 255

Ile Gly Val Ser Leu Gly Asp Asn Cys Asp Ile Gly Asn Asn Ile Val
260 265 270

Leu Asp Gly Asp Thr Pro Ile Trp Phe Ala Ala Asp Glu Glu Leu Arg
275 280 285

Thr Ile Asp Ser Ile Glu Gly Gln Ala Asn Trp Ser Ile Lys Arg Glu
290 295 300

Ser Gly Phe His Glu Pro Val Ala Arg Leu Lys Ala
305 310 315

<210> 59
<211> 1296
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1273)
<223> RXS02157

<400> 59
gggtggaatt ggcacgatgg tgctgccgga tgtttttgat cgggagaatt atcctgaagg 60

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

1 5

act tgg cca cag gtc att att aat acg tac ggc acc cca cca gtt gag 163
Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly Thr Pro Pro Val Glu

10 15 20

ctg gtg tcc ggc aag ggc gca acc gtc act gat gac cag ggc aat gtc 211
Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp Asp Gln Gly Asn Val

25 30 35

tac atc gac ttg ctc gcg ggc atc gca gtc aac gcg ttg ggc cac gcc 259
Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn Ala Leu Gly His Ala

40 45 50

cac ccg gcg atc atc gag gcg gtc acc aac cag atc ggc caa ctt ggt 307
His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln Ile Gly Gln Leu Gly

55 60 65

cac gtc tca aac ttg ttc gca tcc agg ccc gtc gtc gag gtc gcc gag 355
His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val Val Glu Val Ala Glu

70 75 80 85

gag ctc atc aag cgt ttt tcg ctt gac gac gcc acc ctc gcc gcg caa 403

Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala Thr Leu Ala Ala Gln	
90	95
100	
acc cgg gtt ttc ttc tgc aac tcg ggc gcc gaa gca aac gag gct gct	451
Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu Ala Asn Glu Ala Ala	
105	110
115	
ttc aag att gca cgc ttg act ggt cgt tcc cgg att ctg gct gca gtt	499
Phe Lys Ile Ala Arg Leu Thr Gly Arg Ser Arg Ile Leu Ala Ala Val	
120	125
130	
cat ggt ttc cac ggc cgc acc atg ggt tcc ctc gcg ctg act ggc cag	547
His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu Ala Leu Thr Gly Gln	
135	140
145	
cca gac aag cgt gaa gcg ttc ctg cca atg cca agc ggt gtg gag ttc	595
Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro Ser Gly Val Glu Phe	
150	155
160	165
tac cct tac ggc gac acc gat tac ttg cgc aaa atg gta gaa acc aac	643
Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys Met Val Glu Thr Asn	
170	175
180	
cca acg gat gtg gct gct atc ttc ctc gag cca atc cag ggt gaa acg	691
Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro Ile Gln Gly Glu Thr	
185	190
195	
ggc gtt gtt cca gca cct gaa gga ttc ctc aag gca gtg cgc gag ctg	739
Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys Ala Val Arg Glu Leu	
200	205
210	
tgc gat gag tac ggc atc ttg atg atc acc gat gaa gtc cag act ggc	787
Cys Asp Glu Tyr Gly Ile Leu Met Ile Thr Asp Glu Val Gln Thr Gly	
215	220
225	
gtt ggc cgt acc ggc gat ttc ttt gca cat cag cac gat ggc gtt gtt	835
Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln His Asp Gly Val Val	
230	235
240	245
ccc gat gtg gtg acc atg gcc aag gga ctt ggc ggc ggt ctt ccc atc	883

Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly Gly Gly Leu Pro Ile
250 255 260

ggt gct tgt ttg gcc act ggc cgt gca gct gaa ttg atg acc cca ggc 931
Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu Leu Met Thr Pro Gly

265 270 275

aag cac ggc acc act ttc ggt ggc aac cca gtt gct tgt gca gct gcc 979
Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala

280 285 290

aag gca gtg ctg tct gtt gtc gat gac gct ttc tgc gca gaa gtt gcc 1027
Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe Cys Ala Glu Val Ala

295 300 305

cgc aag ggc gag ctg ttc aag gaa ctt ctt gcc aag gtt gac ggc gtt 1075
Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala Lys Val Asp Gly Val

310 315 320 325

gta gac gtc cgt ggc agg ggc ttg atg ttg ggc gtg gtg ctg gag cgc 1123
Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly Val Val Leu Glu Arg

330 335 340

gac gtc gca aag caa gct gtt ctt gat ggt ttt aag cac ggc gtt att 1171
Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe Lys His Gly Val Ile

345 350 355

ttg aat gca ccg gcg gac aac att atc cgt ttg acc ccg ccg ctg gtg 1219
Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu Thr Pro Pro Leu Val

360 365 370

atc acc gac gaa gaa atc gca gac gca gtc aag gct att gcc gag aca 1267
Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys Ala Ile Ala Glu Thr

375 380 385

atc gca taaaggactc aaacttatga ctt 1296
Ile Ala

390

<210> 60
 <211> 391
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 60
 Met Ser Thr Leu Glu Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly
 1 5 10 15

Thr Pro Pro Val Glu Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp
 20 25 30

Asp Gln Gly Asn Val Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn
 35 40 45

Ala Leu Gly His Ala His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln
 50 55 60

Ile Gly Gln Leu Gly His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val
 65 70 75 80

Val Glu Val Ala Glu Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala
 85 90 95

Thr Leu Ala Ala Gln Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu
 100 105 110

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

Ile Leu Ala Ala Val His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu
 130 135 140

Ala Leu Thr Gly Gln Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro
 145 150 155 160

Ser Gly Val Glu Phe Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys
 165 170 175

Met Val Glu Thr Asn Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro
 180 185 190

Ile Gln Gly Glu Thr Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys

195	200	205
Ala Val Arg Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Ile Leu Met Ile Thr Asp		
210	215	220
Glu Val Gln Thr Gly Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln		
225	230	235 240
His Asp Gly Val Val Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly		
245	250	255
Gly Gly Leu Pro Ile Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu		
260	265	270
Leu Met Thr Pro Gly Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val		
275	280	285
Ala Cys Ala Ala Ala Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe		
290	295	300
Cys Ala Glu Val Ala Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala		
305	310	315 320
Lys Val Asp Gly Val Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly		
325	330	335
Val Val Leu Glu Arg Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe		
340	345	350
Lys His Gly Val Ile Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu		
355	360	365
Thr Pro Pro Leu Val Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys		
370	375	380
Ala Ile Ala Glu Thr Ile Ala		
385	390	

<210> 61
 <211> 1008
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(985)

<223> RXC00733

<400> 61

acggcgaggt tgtcgggtatt 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 cgg atg ctc aac cgc atc 547
Ile Gly Ser Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ala Arg Met Leu Asn Arg Ile

135 140 145

gtg caa agt gcc atg cac cgg ctg cgc atg gag gtg gag gaa aaa atc 595
Val Gln Ser Ala Met His Arg Leu Arg Met Glu Val Glu Glu Lys Ile

150 155 160 165

cac cgc cta ccg ctg agc tat ttc gat tcc atc aaa cgt ggt gat ctg 643
His Arg Leu Pro Leu Ser Tyr Phe Asp Ser Ile Lys Arg Gly Asp Leu

170 175 180

ctt agc cgt gtg acc aac gat gtg gat aat atc ggt caa tcc ctg caa 691
Leu Ser Arg Val Thr Asn Asp Val Asp Asn Ile Gly Gln Ser Leu Gln

185 190 195

caa acc ttg tca cag gcg atc act tcc cta ctg acc gtc atc ggt gtg 739
Gln Thr Leu Ser Gln Ala Ile Thr Ser Leu Leu Thr Val Ile Gly Val

200 205 210

ttg gtg atg atg ttt atc atc tcc cca ctg ctc gca ctc gtg gcg ctg 787
Leu Val Met Met Phe Ile Ile Ser Pro Leu Leu Ala Leu Val Ala Leu

215 220 225

gta tcc att ccg gtc acc atc gtg gtc act gtg gtg gtt gcg agc cgt 835
Val Ser Ile Pro Val Thr Ile Val Val Thr Val Val Val Ala Ser Arg

230 235 240 245

tcc cag aaa ctc ttt gcg gaa cag tgg aag cag acc ggt att ttg aat 883
Ser Gln Lys Leu Phe Ala Glu Gln Trp Lys Gln Thr Gly Ile Leu Asn

250 255 260

gcg cgc ctg gag gaa acc tac tct ggc cac gcc gtg gtt aag gtt ttc 931
Ala Arg Leu Glu Glu Thr Tyr Ser Gly His Ala Val Val Lys Val Phe

265 270 275

gga cac caa aag gat gtt caa gaa gca ttc gag gaa gaa aat caa gct 979
Gly His Gln Lys Asp Val Gln Glu Ala Phe Glu Glu Glu Asn Gln Ala

280 285 290

tgt gta taaggccagc ttggtgccc agt 1008
Cys Val

295

<210> 62

<211> 295

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 62

Met Ser Asn Thr Ala Gly Pro Arg Gly Arg Ser His Gln Ala Asp Ala
1 5 10 15

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Lys Arg Gly Asp Leu Leu Ser Arg Val Thr Asn Asp Val Asp Asn Ile
180 185 190

Gly Gln Ser Leu Gln Gln Thr Leu Ser Gln Ala Ile Thr Ser Leu Leu
195 200 205

Thr Val Ile Gly Val Leu Val Met Met Phe Ile Ile Ser Pro Leu Leu
210 215 220

Ala Leu Val Ala Leu Val Ser Ile Pro Val Thr Ile Val Val Thr Val
225 230 235 240

Val Val Ala Ser Arg Ser Gln Lys Leu Phe Ala Glu Gln Trp Lys Gln
245 250 255

Thr Gly Ile Leu Asn Ala Arg Leu Glu Glu Thr Tyr Ser Gly His Ala
260 265 270

Val Val Lys Val Phe Gly His Gln Lys Asp Val Gln Glu Ala Phe Glu
275 280 285

Glu Glu Asn Gln Ala Cys Val
290 295

<210> 63
<211> 426
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(426)
<223> RXC00861

<400> 63
atg gct cct cac aag gtc atg ctg att acc act ggt act cag ggt gag 48

Met Ala Pro His Lys Val Met Leu Ile Thr Thr Gly Thr Gln Gly Glu

1 5 10 15

cct atg gct gcg ctg tct cgc atg gcg cgt cgt gag cac cga cag atc 96
Pro Met Ala Ala Leu Ser Arg Met Ala Arg Arg Glu His Arg Gln Ile

20 25 30

act gtc cgt gat gga gac ttg att atc ctt tct tcc tcc ctg gtt cca 144
Thr Val Arg Asp Gly Asp Leu Ile Ile Leu Ser Ser Ser Leu Val Pro

35 40 45

ggc 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

ggc 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 gcc 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 gcc gag tgg cgc cac ctg cgc gcc aac 336
Lys Asn Ala Met Pro Val His Gly Glu Trp Arg His Leu Arg Ala Asn

100 105 110

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

115 120 125

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

130 135 140

<210> 64

<211> 142

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 64

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

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

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

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

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

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

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

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

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

<210> 65

<211> 1066

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1066)

<223> RXC00866

<400> 65

gcacacacgt aggagatcct cgacttccaa ttatggtccc aaatgagcag gaacttgagg 60

ctctccgaga agacatgaaa aaagctggag ttctataaat atg aat gat tcc cga	115		
Met Asn Asp Ser Arg			
1	5		
aat cgc ggc cgg aag gtt acc cgc aag gcg ggc cca cca gaa gct ggt	163		
Asn Arg Gly Arg Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly Pro Pro Glu Ala Gly			
10	15	20	
cag gaa aac cat ctg gat acc cct gtc ttt cag gca cca gat gct tcc	211		
Gln Glu Asn His Leu Asp Thr Pro Val Phe Gln Ala Pro Asp Ala Ser			
25	30	35	
tct aac cag agc gct gta aaa gct gag acc gcc gga aac gac aat cgg	259		
Ser Asn Gln Ser Ala Val Lys Ala Glu Thr Ala Gly Asn Asp Asn Arg			
40	45	50	
gat gct gcg caa ggt gct caa gga tcc caa gat tct cag ggt tcc cag	307		
Asp Ala Ala Gln Gly Ala Gln Gly Ser Gln Asp Ser Gln Gly Ser Gln			
55	60	65	
aac gct caa ggt tcc cag aac cgc gag tcc gga aac aac aac cgc aac	355		
Asn Ala Gln Gly Ser Gln Asn Arg Glu Ser Gly Asn Asn Asn Arg Asn			
70	75	80	85
cgt tcc aac aac aac cgt cgc ggt ggt cgt gga cgt cgt gga tcc gga	403		
Arg Ser Asn Asn Asn Arg Arg Gly Gly Arg Gly Arg Arg Gly Ser Gly			
90	95	100	
aac gcc aat gag ggc gcg aac aac aac agc ggt aac cag aac cgt cag	451		
Asn Ala Asn Glu Gly Ala Asn Asn Asn Ser Gly Asn Gln Asn Arg Gln			
105	110	115	
ggc gga aac cgt ggc aac cgc ggt ggc gga cgc cga aac gtt gtt aag	499		
Gly Gly Asn Arg Gly Asn Arg Gly Gly Gly Arg Arg Asn Val Val Lys			
120	125	130	
tcg atg cag ggt gcg gat ctg acc cag cgc ctg cca gag cca cca aag	547		
Ser Met Gln Gly Ala Asp Leu Thr Gln Arg Leu Pro Glu Pro Pro Lys			
135	140	145	
gca ccg gca aac ggt ctg cgt att tac gca ctt ggt ggc att tcc gaa	595		

Ala Pro Ala Asn Gly Leu Arg Ile Tyr Ala Leu Gly Gly Ile Ser Glu
150 155 160 165
atc ggt cgc aac atg acc gtg ttt gag tac aac aac cgt ctg ctc atc 643
Ile Gly Arg Asn Met Thr Val Phe Glu Tyr Asn Asn Arg Leu Leu Ile
170 175 180
gtg gac tgt ggt gtg ctc ttc cca tct tca ggt gag cca ggc gtt gac 691
Val Asp Cys Gly Val Leu Phe Pro Ser Ser Gly Glu Pro Gly Val Asp
185 190 195
ctg att ctt cct gac ttc ggc cca att gag gat cac ctg cac cgc gtc 739
Leu Ile Leu Pro Asp Phe Gly Pro Ile Glu Asp His Leu His Arg Val
200 205 210
gat gca ttg gtg gtt act cac gga cac gaa gac cac att ggt gct att 787
Asp Ala Leu Val Val Thr His Gly His Glu Asp His Ile Gly Ala Ile
215 220 225
ccc tgg ctg ctg aag ctg cgc aac gat atc cca atc ttg gca tcc cgt 835
Pro Trp Leu Leu Lys Leu Arg Asn Asp Ile Pro Ile Leu Ala Ser Arg
230 235 240 245
ttc acc ttg gct ctg att gca gct aag tgt aag gaa cac cgt cag cgt 883
Phe Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Lys Cys Lys Glu His Arg Gln Arg
250 255 260
ccg aag ctg atc gag gtc aac gag cag tcc aat gag gac cgc gga ccg 931
Pro Lys Leu Ile Glu Val Asn Glu Gln Ser Asn Glu Asp Arg Gly Pro
265 270 275
ttc aac att cgc ttc tgg gct gtt aac cac tcc atc cca gac tgc ctt 979
Phe Asn Ile Arg Phe Trp Ala Val Asn His Ser Ile Pro Asp Cys Leu
280 285 290
ggg ctt gct atc aag act cct gct ggt ttg gtc atc cac acc ggt gac 1027
Gly Leu Ala Ile Lys Thr Pro Ala Gly Leu Val Ile His Thr Gly Asp
295 300 305
atc aag ctg gat cag act cct cct gat gga cgc cca act 1066

Ile Lys Leu Asp Gln Thr Pro Pro Asp Gly Arg Pro Thr

310 315 320

<210> 66

<211> 322

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 66

Met Asn Asp Ser Arg Asn Arg Gly Arg Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly
1 5 10 15

Pro Pro Glu Ala Gly Gln Glu Asn His Leu Asp Thr Pro Val Phe Gln
20 25 30

Ala Pro Asp Ala Ser Ser Asn Gln Ser Ala Val Lys Ala Glu Thr Ala
35 40 45

Gly Asn Asp Asn Arg Asp Ala Ala Gln Gly Ala Gln Gly Ser Gln Asp
50 55 60

Ser Gln Gly Ser Gln Asn Ala Gln Gly Ser Gln Asn Arg Glu Ser Gly
65 70 75 80

Asn Asn Asn Arg Asn Arg Ser Asn Asn Asn Arg Arg Gly Gly Arg Gly
85 90 95

Arg Arg Gly Ser Gly Asn Ala Asn Glu Gly Ala Asn Asn Asn Ser Gly
100 105 110

Asn Gln Asn Arg Gln Gly Gly Asn Arg Gly Asn Arg Gly Gly Gly Arg
115 120 125

Arg Asn Val Val Lys Ser Met Gln Gly Ala Asp Leu Thr Gln Arg Leu
130 135 140

Pro Glu Pro Pro Lys Ala Pro Ala Asn Gly Leu Arg Ile Tyr Ala Leu
145 150 155 160

Gly Gly Ile Ser Glu Ile Gly Arg Asn Met Thr Val Phe Glu Tyr Asn
165 170 175

Asn Arg Leu Leu Ile Val Asp Cys Gly Val Leu Phe Pro Ser Ser Gly
180 185 190

Glu Pro Gly Val Asp Leu Ile Leu Pro Asp Phe Gly Pro Ile Glu Asp
195 200 205

His Leu His Arg Val Asp Ala Leu Val Val Thr His Gly His Glu Asp
210 215 220

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

Ile Leu Ala Ser Arg Phe Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Lys Cys Lys
245 250 255

Glu His Arg Gln Arg Pro Lys Leu Ile Glu Val Asn Glu Gln Ser Asn
260 265 270

Glu Asp Arg Gly Pro Phe Asn Ile Arg Phe Trp Ala Val Asn His Ser
275 280 285

Ile Pro Asp Cys Leu Gly Leu Ala Ile Lys Thr Pro Ala Gly Leu Val
290 295 300

Ile His Thr Gly Asp Ile Lys Leu Asp Gln Thr Pro Pro Asp Gly Arg
305 310 315 320

Pro Thr

<210> 67

<211> 1527

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1504)

<223> RXC02095

<400> 67

ctctcttgggt cctctcccca cccattttta agtactcaag acccttccaa cagaaaggat 60

tactcccca acagggtcaa aaatactgaa aggtcacgc atg aaa act gag caa 115
Met Lys Thr Glu Gln

1 5

tcc caa aaa gca caa tta gcc cct aag aaa gca cct gaa aag cca caa 163
Ser Gln Lys Ala Gln Leu Ala Pro Lys Lys Ala Pro Glu Lys Pro Gln

10 15 20

cgc atc cgc caa ctt att tcc gtg gcg tgg cag cga cct tgg ctc acc 211
Arg Ile Arg Gln Leu Ile Ser Val Ala Trp Gln Arg Pro Trp Leu Thr

25 30 35

tca ttc acc gta atc agc gct tta gct gca acg ttg ttt gaa ctt aca 259
Ser Phe Thr Val Ile Ser Ala Leu Ala Ala Thr Leu Phe Glu Leu Thr

40 45 50

ctt cct ctt ttg acc ggt ggc gcc atc gat atc gcg ctc gga aat acc 307
Leu Pro Leu Leu Thr Gly Gly Ala Ile Asp Ile Ala Leu Gly Asn Thr

55 60 65

gga gat act tta acc act gac ctg ctg gac cgg ttc act ccg agt gga 355
Gly Asp Thr Leu Thr Thr Asp Leu Leu Asp Arg Phe Thr Pro Ser Gly

70 75 80 85

tta agc gtg ttg acc agc gtc att gcc ctt atc gtg ctt ctc gcg ttg 403
Leu Ser Val Leu Thr Ser Val Ile Ala Leu Ile Val Leu Leu Ala Leu

90 95 100

ctt cgc tat gcc agt caa ttt gga cgg cga tac acc gca ggc aag ctc 451
Leu Arg Tyr Ala Ser Gln Phe Gly Arg Arg Tyr Thr Ala Gly Lys Leu

105 110 115

agc atg ggg gta cag cat gat gtc cgg ctt aaa acg atg cgc tca ttg 499
Ser Met Gly Val Gln His Asp Val Arg Leu Lys Thr Met Arg Ser Leu

120 125 130

cag aac ctc gat ggg cca ggt cag gac tct att cgc aca ggc caa gta 547
Gln Asn Leu Asp Gly Pro Gly Gln Asp Ser Ile Arg Thr Gly Gln Val

135	140	145	
gtc agt cgg tcc att tcg gat atc aac atg gtg caa agc ctt gtg gcg			595
Val Ser Arg Ser Ile Ser Asp Ile Asn Met Val Gln Ser Leu Val Ala			
150	155	160	165
atg ttg ccg atg ttg atc gga aat gtg gtc aag ctt gtg ctc act ttg			643
Met Leu Pro Met Leu Ile Gly Asn Val Val Lys Leu Val Leu Thr Leu			
	170	175	180
gtg atc atg ctg gct att tcc ccg ccg ctg acc atc atc gct gca gtg			691
Val Ile Met Leu Ala Ile Ser Pro Pro Leu Thr Ile Ile Ala Ala Val			
	185	190	195
ttg gtg cct ttg ctg ttg tgg gcc gtg gcc tat tcg cga aaa gcg ctt			739
Leu Val Pro Leu Leu Leu Trp Ala Val Ala Tyr Ser Arg Lys Ala Leu			
200	205	210	
ttt gcg tcc acg tgg tcg gcc cag caa aag gct gcg gat ctg acc act			787
Phe Ala Ser Thr Trp Ser Ala Gln Gln Lys Ala Ala Asp Leu Thr Thr			
215	220	225	
cat gtg gaa gaa act gtc acg ggt atc cgc gtg gtc aag gca ttt gcg			835
His Val Glu Glu Thr Val Thr Gly Ile Arg Val Val Lys Ala Phe Ala			
230	235	240	245
cag gaa gac cgc gag acc gac aaa ttg gat ctc acc gca cgt gag tta			883
Gln Glu Asp Arg Glu Thr Asp Lys Leu Asp Leu Thr Ala Arg Glu Leu			
	250	255	260
ttt gcc cag cgc atg cgc act gca cgt ctg acg gca aag ttc atc ccc			931
Phe Ala Gln Arg Met Arg Thr Ala Arg Leu Thr Ala Lys Phe Ile Pro			
	265	270	275
atg gtt gag cag ctt ccg cag ctt gct ttg gtg gtc aac att gtt ggc			979
Met Val Glu Gln Leu Pro Gln Leu Ala Leu Val Val Asn Ile Val Gly			
280	285	290	
ggg ggc tat ttg gcc atg act ggt cac atc acg gtg ggc acg ttt gtg			1027
Gly Gly Tyr Leu Ala Met Thr Gly His Ile Thr Val Gly Thr Phe Val			

295	300	305	
gcg ttt tct tcc tat ctc act agc ttg tgc gcg gtg gct agg tcc ctg			1075
Ala Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Ser Leu Ser Ala Val Ala Arg Ser Leu			
310	315	320	325
tcg ggc atg ctc atg cgc gtg cag ttg gcg ctg tct tct gtg gag cgc			1123
Ser Gly Met Leu Met Arg Val Gln Leu Ala Leu Ser Ser Val Glu Arg			
	330	335	340
atc ttt gaa gtc att gat ctt cag cct gaa cgc acc gat cct gca cac			1171
Ile Phe Glu Val Ile Asp Leu Gln Pro Glu Arg Thr Asp Pro Ala His			
	345	350	355
ccc ctg tca ctt ccc gac act ccc ctg ggt ctg tgc ttc aac aac gta			1219
Pro Leu Ser Leu Pro Asp Thr Pro Leu Gly Leu Ser Phe Asn Asn Val			
	360	365	370
gat ttc cgt ggg att ctc aac ggt ttt gag ctg ggt gtt cag gcc ggt			1267
Asp Phe Arg Gly Ile Leu Asn Gly Phe Glu Leu Gly Val Gln Ala Gly			
	375	380	385
gaa acc gtt gtg ttg gtg ggc cct cca ggt tca ggc aag acc atg gct			1315
Glu Thr Val Val Leu Val Gly Pro Pro Gly Ser Gly Lys Thr Met Ala			
390	395	400	405
gtg cag ctt gct gga aac ttt tat caa cca gac agc ggc cac atc gcc			1363
Val Gln Leu Ala Gly Asn Phe Tyr Gln Pro Asp Ser Gly His Ile Ala			
	410	415	420
ttt gat agc aac ggc cat cgc act cgc ttc gac gac ctc acc cac agc			1411
Phe Asp Ser Asn Gly His Arg Thr Arg Phe Asp Asp Leu Thr His Ser			
	425	430	435
gat atc cgc agg aat ctc atc gcg gtt ttt gat gag ccg ttc ttg tac			1459
Asp Ile Arg Arg Asn Leu Ile Ala Val Phe Asp Glu Pro Phe Leu Tyr			
	440	445	450
tcc tcc tcc ata ccg cga gaa cat ctc gat ggg ttt gga tgt cag			1504
Ser Ser Ser Ile Pro Arg Glu His Leu Asp Gly Phe Gly Cys Gln			

455

460

465

tgatgagcag atcgaaacag cag

1527

<210> 68

<211> 468

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 68

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

Pro Glu Lys Pro Gln Arg Ile Arg Gln Leu Ile Ser Val Ala Trp Gln
20 25 30

Arg Pro Trp Leu Thr Ser Phe Thr Val Ile Ser Ala Leu Ala Ala Thr
35 40 45

Leu Phe Glu Leu Thr Leu Pro Leu Leu Thr Gly Gly Ala Ile Asp Ile
50 55 60

Ala Leu Gly Asn Thr Gly Asp Thr Leu Thr Thr Asp Leu Leu Asp Arg
65 70 75 80

Phe Thr Pro Ser Gly Leu Ser Val Leu Thr Ser Val Ile Ala Leu Ile
85 90 95

Val Leu Leu Ala Leu Leu Arg Tyr Ala Ser Gln Phe Gly Arg Arg Tyr
100 105 110

Thr Ala Gly Lys Leu Ser Met Gly Val Gln His Asp Val Arg Leu Lys
115 120 125

Thr Met Arg Ser Leu Gln Asn Leu Asp Gly Pro Gly Gln Asp Ser Ile
130 135 140

Arg Thr Gly Gln Val Val Ser Arg Ser Ile Ser Asp Ile Asn Met Val
145 150 155 160

Gln Ser Leu Val Ala Met Leu Pro Met Leu Ile Gly Asn Val Val Lys

165

170

175

Leu Val Leu Thr Leu Val Ile Met Leu Ala Ile Ser Pro Pro Leu Thr
180 185 190

Ile Ile Ala Ala Val Leu Val Pro Leu Leu Leu Trp Ala Val Ala Tyr
195 200 205

Ser Arg Lys Ala Leu Phe Ala Ser Thr Trp Ser Ala Gln Gln Lys Ala
210 215 220

Ala Asp Leu Thr Thr His Val Glu Glu Thr Val Thr Gly Ile Arg Val
225 230 235 240

Val Lys Ala Phe Ala Gln Glu Asp Arg Glu Thr Asp Lys Leu Asp Leu
245 250 255

Thr Ala Arg Glu Leu Phe Ala Gln Arg Met Arg Thr Ala Arg Leu Thr
260 265 270

Ala Lys Phe Ile Pro Met Val Glu Gln Leu Pro Gln Leu Ala Leu Val
275 280 285

Val Asn Ile Val Gly Gly Gly Tyr Leu Ala Met Thr Gly His Ile Thr
290 295 300

Val Gly Thr Phe Val Ala Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Ser Leu Ser Ala
305 310 315 320

Val Ala Arg Ser Leu Ser Gly Met Leu Met Arg Val Gln Leu Ala Leu
325 330 335

Ser Ser Val Glu Arg Ile Phe Glu Val Ile Asp Leu Gln Pro Glu Arg
340 345 350

Thr Asp Pro Ala His Pro Leu Ser Leu Pro Asp Thr Pro Leu Gly Leu
355 360 365

Ser Phe Asn Asn Val Asp Phe Arg Gly Ile Leu Asn Gly Phe Glu Leu
370 375 380

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

Gly Lys Thr Met Ala Val Gln Leu Ala Gly Asn Phe Tyr Gln Pro Asp
405 410 415

Ser Gly His Ile Ala Phe Asp Ser Asn Gly His Arg Thr Arg Phe Asp
420 425 430

Asp Leu Thr His Ser Asp Ile Arg Arg Asn Leu Ile Ala Val Phe Asp
435 440 445

Glu Pro Phe Leu Tyr Ser Ser Ser Ile Pro Arg Glu His Leu Asp Gly
450 455 460

Phe Gly Cys Gln
465

<210> 69
<211> 295
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<220>
<221> misc_feature
<222> 57
<223> n = a, c, g, or t

<400> 69
agcgcccaac cgttcagacc agcggtttct ctgaggatgc aaagtccatg atgggtnagg 60

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

1 5 10

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

15 20 25

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

30 35 40

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

45 50 55

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

60

<210> 70

<211> 63

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 70

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

Gln Gln Leu Arg Arg Lys Leu Ser Arg Phe Val Glu Gln Lys Trp Lys
20 25 30

Arg Gln Pro Val Ile Met Pro Thr Val Ile Pro Met Thr Ala Glu Thr
35 40 45

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

<210> 71

<211> 4653

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(4630)

<223> RXN00367

<400> 71

atcgaaagta acccttttgt tacttgcgtt gcaggtagtg tccctgattt tcttattatc 60

gaacgattga tagaaacagg attaaagtga ggtatccgc atg aaa cca caa gga 115
Met Lys Pro Gln Gly

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

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

40 45 50

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

55 60 65

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

70 75 80 85

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

90 95 100

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

105 110 115

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

120 125 130

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

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

295	300	305	
atc cct cag gcg tgg gaa cac aac aag acg ctg agc cct gag ctg cgt 1075			
Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu Ser Pro Glu Leu Arg			
310	315	320	325
gat ttc tac gaa tac cac tct tgt ctg atg gag cca tgg gat ggt cct 1123			
Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu Pro Trp Asp Gly Pro			
	330	335	340
gca gcg ctg gca ttt act gac ggt cgt ttt gtg ggt gcc gtg ctg gac 1171			
Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val Gly Ala Val Leu Asp			
	345	350	355
cgt aat ggc ctg cga cct ggg cga atc acc att act gat tcg ggt ttg 1219			
Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile Thr Asp Ser Gly Leu			
	360	365	370
gtt gtg atg gct tct gaa tcg gga gtg ttg gac ttg agg gag gag agc 1267			
Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp Leu Arg Glu Glu Ser			
	375	380	385
gtc gta aag cgt act cgc gta cag cct gga cgc atg ttc ctt gtt gac 1315			
Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg Met Phe Leu Val Asp			
390	395	400	405
act gcc gag ggc cgc atc gtt gaa gac gag gaa atc aag cag aaa tta 1363			
Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu Ile Lys Gln Lys Leu			
	410	415	420
agc gaa gcg cag cca tat ggt gag tgg att cgc gat aat ttt gtg cat 1411			
Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg Asp Asn Phe Val His			
	425	430	435
ctg gat cgt ctg cct cag aca cgc tac aac tac atg gcg cac tct cgt 1459			
Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr Met Ala His Ser Arg			
	440	445	450
gct gtg ttg cgt cag cgt gtt ttc gga atc act gaa gaa gat gtg gat 1507			
Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr Glu Glu Asp Val Asp			

455	460	465	
ttg ttg ctg ctg ccg atg gcc cgc cag ggt gct gag gcg att ggt tcc			1555
Leu Leu Leu Leu Pro Met Ala Arg Gln Gly Ala Glu Ala Ile Gly Ser			
470	475	480	485
atg ggt tcg gat acg cca att gcg gcg cta tcc cag cga cca cgc atg			1603
Met Gly Ser Asp Thr Pro Ile Ala Ala Leu Ser Gln Arg Pro Arg Met			
	490	495	500
ctt tat gat ttc ttc gcg cag cgc ttt gct cag gtg aca aac cca ccg			1651
Leu Tyr Asp Phe Phe Ala Gln Arg Phe Ala Gln Val Thr Asn Pro Pro			
	505	510	515
ttg gac tct atc cgc gaa aag cct gtg acc agc atg ttc act ttg ttg			1699
Leu Asp Ser Ile Arg Glu Lys Pro Val Thr Ser Met Phe Thr Leu Leu			
	520	525	530
ggt gcg cag tct gac gtg ctc aat ccg ggt cct gat gcg gcg cga cgt			1747
Gly Ala Gln Ser Asp Val Leu Asn Pro Gly Pro Asp Ala Ala Arg Arg			
	535	540	545
atc cgt ttg gaa tcg ccg atc att gat aac cat gag ctg gcc acc ttg			1795
Ile Arg Leu Glu Ser Pro Ile Ile Asp Asn His Glu Leu Ala Thr Leu			
550	555	560	565
atc aat gcc aac gcg cat ggt gag tgg gat tcc ttt ggt gct gct gta			1843
Ile Asn Ala Asn Ala His Gly Glu Trp Asp Ser Phe Gly Ala Ala Val			
	570	575	580
att tct ggt ttg tac cca gtg gct cac cat ggt gcc ggc atg aag gct			1891
Ile Ser Gly Leu Tyr Pro Val Ala His His Gly Ala Gly Met Lys Ala			
	585	590	595
gcg att gct cgt gtg cgc cgc gag gtt tct gaa gca atc cgc aat ggc			1939
Ala Ile Ala Arg Val Arg Arg Glu Val Ser Glu Ala Ile Arg Asn Gly			
	600	605	610
aag acg ttg atc gtg ctg tcg gat cgt gaa tct gat gag cgc atg gca			1987
Lys Thr Leu Ile Val Leu Ser Asp Arg Glu Ser Asp Glu Arg Met Ala			

615	620	625	
cct atc cct gcg ctg ctg ctg act tcc gct gtg cat cag tac ttg gtg	2035		
Pro Ile Pro Ala Leu Leu Leu Thr Ser Ala Val His Gln Tyr Leu Val			
630	635	640	645
cag caa cgt acc cgt acc cag tgc tcc ctg gtg gtg gaa tcc ggc gat	2083		
Gln Gln Arg Thr Arg Thr Gln Cys Ser Leu Val Val Glu Ser Gly Asp			
650	655	660	
gcc cgc gag gtt cat cac ctg gcg atg ctc att ggt ttt ggt gcc gat	2131		
Ala Arg Glu Val His His Leu Ala Met Leu Ile Gly Phe Gly Ala Asp			
665	670	675	
gcg atc aac ccg tac atg gca ttt gaa acc atc gat gag ctg cgc atg	2179		
Ala Ile Asn Pro Tyr Met Ala Phe Glu Thr Ile Asp Glu Leu Arg Met			
680	685	690	
aag ggt cag ttg ggt gat ctt tct ttg gat gag gca tcc cga aac tac	2227		
Lys Gly Gln Leu Gly Asp Leu Ser Leu Asp Glu Ala Ser Arg Asn Tyr			
695	700	705	
atc aag gca gcc acc act ggt gtg ctg aag gtg atg tcc aag atg ggc	2275		
Ile Lys Ala Ala Thr Thr Gly Val Leu Lys Val Met Ser Lys Met Gly			
710	715	720	725
att gca acg gtg tct tcg tac cgt ggc gcg cag ctt gcc gat gtc act	2323		
Ile Ala Thr Val Ser Ser Tyr Arg Gly Ala Gln Leu Ala Asp Val Thr			
730	735	740	
ggt ctg cac cag gat ctc ctg gac aac tac ttc ggt ggt att gct tca	2371		
Gly Leu His Gln Asp Leu Leu Asp Asn Tyr Phe Gly Gly Ile Ala Ser			
745	750	755	
cca att tct ggc atc ggt ctg gat gaa gtt gca gct gac gta gaa gct	2419		
Pro Ile Ser Gly Ile Gly Leu Asp Glu Val Ala Ala Asp Val Glu Ala			
760	765	770	
cgt cac cgc agc gca ttt ttg cca cgc cct gaa gag cac gct cac cgt	2467		
Arg His Arg Ser Ala Phe Leu Pro Arg Pro Glu Glu His Ala His Arg			

775	780	785	
gaa ttg gat ttg ggt ggt gaa tac aag tgg cgc cgc gaa ggt gaa tac			2515
Glu Leu Asp Leu Gly Gly Glu Tyr Lys Trp Arg Arg Glu Gly Glu Tyr			
790	795	800	805
cac ctg ttc aac cca gaa acc atc ttc aag ctg cag cat gca acg cgt			2563
His Leu Phe Asn Pro Glu Thr Ile Phe Lys Leu Gln His Ala Thr Arg			
	810	815	820
tct ggc agc tac gag att ttc aag gat tac acc cgc aag gtt gat gat			2611
Ser Gly Ser Tyr Glu Ile Phe Lys Asp Tyr Thr Arg Lys Val Asp Asp			
	825	830	835
caa tcc act cgc ttg ggt act att cgt gga ctg ttt gag ttc agc acg			2659
Gln Ser Thr Arg Leu Gly Thr Ile Arg Gly Leu Phe Glu Phe Ser Thr			
	840	845	850
gac cgc aag cca att tcg gtg tct gag gtg gag ccg gtc agt gag atc			2707
Asp Arg Lys Pro Ile Ser Val Ser Glu Val Glu Pro Val Ser Glu Ile			
	855	860	865
gtg aag cgt ttc tcc act ggt gcg atg tct tat ggc tcg att tct gct			2755
Val Lys Arg Phe Ser Thr Gly Ala Met Ser Tyr Gly Ser Ile Ser Ala			
870	875	880	885
gaa gcc cat gag gtc ttg gcc atc gcc atg aac cga ctg ggc ggt atg			2803
Glu Ala His Glu Val Leu Ala Ile Ala Met Asn Arg Leu Gly Gly Met			
	890	895	900
tcc aac tcc ggc gaa ggt ggc gag gac gcc cgc cga ttt gat gtg gaa			2851
Ser Asn Ser Gly Glu Gly Gly Glu Asp Ala Arg Arg Phe Asp Val Glu			
	905	910	915
ccc aac ggt gac tgg aag cgc tct gcc att aag cag gtg gcc tcg gga			2899
Pro Asn Gly Asp Trp Lys Arg Ser Ala Ile Lys Gln Val Ala Ser Gly			
	920	925	930
cgt ttc ggc gtg acc agc cac tac ttg aac aac tgc acc gat att cag			2947
Arg Phe Gly Val Thr Ser His Tyr Leu Asn Asn Cys Thr Asp Ile Gln			

935 940 945

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

 950 955 960 965

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

 970 975 980

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

 985 990 995

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

 1000 1005 1010

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

 1015 1020 1025

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

 1030 1035 1040 1045

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

 1050 1055 1060

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

 1065 1070 1075

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

 1080 1085 1090

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

1095	1100	1105	
ttc ggt ttt gcc acc gca ccg ctg gtg gtt gaa ggc tgc atc atg atg 3475 Phe Gly Phe Ala Thr Ala Pro Leu Val Val Glu Gly Cys Ile Met Met			
1110	1115	1120	1125
cgc gtc tgc cac ctg gac acc tgc ccg gtg ggt atc gct acc cag aac 3523 Arg Val Cys His Leu Asp Thr Cys Pro Val Gly Ile Ala Thr Gln Asn			
	1130	1135	1140
ccg gat ttg cgt tcc aag ttc acc ggc aag gct gaa cac gtg gtc aac 3571 Pro Asp Leu Arg Ser Lys Phe Thr Gly Lys Ala Glu His Val Val Asn			
	1145	1150	1155
ttc ttc acc ttc atc gcc cag gaa gtc cgt gag tac ttg gca cag ctt 3619 Phe Phe Thr Phe Ile Ala Gln Glu Val Arg Glu Tyr Leu Ala Gln Leu			
	1160	1165	1170
ggt ttc cgc tct att gat gaa gcc gtc gga caa gcc cag gtg ctg cgc 3667 Gly Phe Arg Ser Ile Asp Glu Ala Val Gly Gln Ala Gln Val Leu Arg			
	1175	1180	1185
aag cgt tcc gga atc cca gct gat tcc cgc gca gca cac ctg gat ttg 3715 Lys Arg Ser Gly Ile Pro Ala Asp Ser Arg Ala Ala His Leu Asp Leu			
1190	1195	1200	1205
agc cca att ttc cat cgc cca gaa act cca cac ttc cca act cag gat 3763 Ser Pro Ile Phe His Arg Pro Glu Thr Pro His Phe Pro Thr Gln Asp			
	1210	1215	1220
gtg cgt tgc acc aag acc cag gaa cac agc cta gaa aaa gcc ctg gac 3811 Val Arg Cys Thr Lys Thr Gln Glu His Ser Leu Glu Lys Ala Leu Asp			
	1225	1230	1235
aac gca ttt att gat aag gct tcg gac acg atc acc cgt gcc gca gcg 3859 Asn Ala Phe Ile Asp Lys Ala Ser Asp Thr Ile Thr Arg Ala Ala Ala			
	1240	1245	1250
ggt gtg gaa acc agc att gtt att gat agc tcc atc agc aac gtc aac 3907 Gly Val Glu Thr Ser Ile Val Ile Asp Ser Ser Ile Ser Asn Val Asn			

1255	1260	1265	
cgt tca gtt ggc acg atg	ctg ggt tct gca gtc	agc cgc gtg gct ggt	3955
Arg Ser Val Gly Thr Met	Leu Gly Ser Ala Val	Ser Arg Val Ala Gly	
1270	1275	1280	1285
gcc caa ggt ttg cca	gac ggc acc atc acc	ttg aat ctt caa ggc	tgc 4003
Ala Gln Gly Leu Pro	Asp Gly Thr Ile Thr	Leu Asn Leu Gln Gly	Cys
	1290	1295	1300
gcc ggt aac tcc	ttt ggc gcg ttc atc	cca cga ggc atc acc	atc aac 4051
Ala Gly Asn Ser	Phe Gly Ala Phe Ile	Pro Arg Gly Ile Thr	Ile Asn
1305	1310	1315	
ctc acc ggc	gat gcc aat gac ttt	gtg ggc aag gga tta	tct ggc gga 4099
Leu Thr Gly	Asp Ala Asn Asp Phe	Val Gly Lys Gly Leu	Ser Gly Gly
1320	1325	1330	
aag att	gtg atc aag cct tcc	gct cag gct ccg aag	cag ctg aag aac 4147
Lys Ile	Val Ile Lys Pro Ser	Ala Gln Ala Pro Lys	Gln Leu Lys Asn
1335	1340	1345	
aat cca aat atc att gcc	gga aac gtg ctt gga	tac ggc gca acc agt	4195
Asn Pro Asn Ile Ile Ala	Gly Asn Val Leu Gly	Tyr Gly Ala Thr Ser	
1350	1355	1360	1365
ggt gaa ttg ttc att	cgt ggc cag gtc ggc	gaa cgt ttc tgc gtc	cgt 4243
Gly Glu Leu Phe Ile	Arg Gly Gln Val Gly	Glu Arg Phe Cys Val	Arg
	1370	1375	1380
aac tct ggc gcc	acc gca gtg gtt gaa	ggt atc gga aac cac	ggt tgt 4291
Asn Ser Gly Ala	Thr Ala Val Val Glu	Gly Ile Gly Asn His	Gly Cys
1385	1390	1395	
gag tac atg	act ggc ggc cga gtc	ctg gtt ttg ggc ccg	gtt ggt gag 4339
Glu Tyr Met	Thr Gly Gly Arg Val	Leu Val Leu Gly Pro	Val Gly Glu
1400	1405	1410	
aac ttt	ggt gcc ggc atg tct	ggt ggc att gca tac	ctg gct aat tcc 4387
Asn Phe	Gly Ala Gly Met Ser	Gly Gly Ile Ala Tyr	Leu Ala Asn Ser

1415 1420 1425
 ccg gac cta aac cag aag atc aat gcc gaa ttg gtg gat gtt gtt cca 4435
 Pro Asp Leu Asn Gln Lys Ile Asn Gly Glu Leu Val Asp Val Val Pro
 1430 1435 1440 1445
 ctg agc gct gac gat ctg acg tgg gct gat gag ctc att gct cgc cac 4483
 Leu Ser Ala Asp Asp Leu Thr Trp Ala Asp Glu Leu Ile Ala Arg His
 1450 1455 1460
 cgc gaa ctc acc gga tcc gag acc aag ctg cgt gca caa gat ttg gtg 4531
 Arg Glu Leu Thr Gly Ser Glu Thr Lys Leu Arg Ala Gln Asp Leu Val
 1465 1470 1475
 aaa atc atg ccg cgc gat ttc caa aaa gta ctc aac atc atc gaa acg 4579
 Lys Ile Met Pro Arg Asp Phe Gln Lys Val Leu Asn Ile Ile Glu Thr
 1480 1485 1490
 gcc cac gct gag gcc caa gac cca gca atc aag atc atg gag gca gtg 4627
 Ala His Ala Glu Gly Gln Asp Pro Ala Ile Lys Ile Met Glu Ala Val
 1495 1500 1505
 agc taatggccga cccacaagga ttc 4653
 Ser
 1510
 <210> 72
 <211> 1510
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 72
 Met Lys Pro Gln Gly Leu Tyr Asn Pro Ala His Glu His Asp Ala Cys
 1 5 10 15
 Gly Val Ala Phe Ile Ala Asp Ile His Gly Arg Pro Ser Arg Ser Ile
 20 25 30
 Val Asp Arg Ala Leu Glu Ala Leu Arg Asn Ile Asp His Arg Gly Ala
 35 40 45
 Ala Gly Ala Glu Lys Asn Thr Gly Asp Gly Ala Gly Ile Leu Met Gln

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

275	280	285
Asp Glu Ala Leu Glu Leu Leu His Leu Gly Gly Tyr Ser Leu Pro His		
290	295	300
Ala Val Ala Met Met Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu		
305	310	315 320
Ser Pro Glu Leu Arg Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu		
	325	330 335
Pro Trp Asp Gly Pro Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val		
	340	345 350
Gly Ala Val Leu Asp Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile		
	355	360 365
Thr Asp Ser Gly Leu Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp		
	370	375 380
Leu Arg Glu Glu Ser Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg		
385	390	395 400
Met Phe Leu Val Asp Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu		
	405	410 415
Ile Lys Gln Lys Leu Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg		
	420	425 430
Asp Asn Phe Val His Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr		
	435	440 445
Met Ala His Ser Arg Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr		
	450	455 460
Glu Glu Asp Val Asp Leu Leu Leu Leu Pro Met Ala Arg Gln Gly Ala		
465	470	475 480
Glu Ala Ile Gly Ser Met Gly Ser Asp Thr Pro Ile Ala Ala Leu Ser		
	485	490 495
Gln Arg Pro Arg Met Leu Tyr Asp Phe Phe Ala Gln Arg Phe Ala Gln		

500	505	510
Val Thr Asn Pro Pro Leu Asp Ser Ile Arg Glu Lys Pro Val Thr Ser		
515	520	525
Met Phe Thr Leu Leu Gly Ala Gln Ser Asp Val Leu Asn Pro Gly Pro		
530	535	540
Asp Ala Ala Arg Arg Ile Arg Leu Glu Ser Pro Ile Ile Asp Asn His		
545	550	555
		560
Glu Leu Ala Thr Leu Ile Asn Ala Asn Ala His Gly Glu Trp Asp Ser		
565	570	575
Phe Gly Ala Ala Val Ile Ser Gly Leu Tyr Pro Val Ala His His Gly		
580	585	590
Ala Gly Met Lys Ala Ala Ile Ala Arg Val Arg Arg Glu Val Ser Glu		
595	600	605
Ala Ile Arg Asn Gly Lys Thr Leu Ile Val Leu Ser Asp Arg Glu Ser		
610	615	620
Asp Glu Arg Met Ala Pro Ile Pro Ala Leu Leu Leu Thr Ser Ala Val		
625	630	635
		640
His Gln Tyr Leu Val Gln Gln Arg Thr Arg Thr Gln Cys Ser Leu Val		
645	650	655
Val Glu Ser Gly Asp Ala Arg Glu Val His His Leu Ala Met Leu Ile		
660	665	670
Gly Phe Gly Ala Asp Ala Ile Asn Pro Tyr Met Ala Phe Glu Thr Ile		
675	680	685
Asp Glu Leu Arg Met Lys Gly Gln Leu Gly Asp Leu Ser Leu Asp Glu		
690	695	700
Ala Ser Arg Asn Tyr Ile Lys Ala Ala Thr Thr Gly Val Leu Lys Val		
705	710	715
		720
Met Ser Lys Met Gly Ile Ala Thr Val Ser Ser Tyr Arg Gly Ala Gln		

725

730

735

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

Gly Gly Ile Ala Ser Pro Ile Ser Gly Ile Gly Leu Asp Glu Val Ala
755 760 765

Ala Asp Val Glu Ala Arg His Arg Ser Ala Phe Leu Pro Arg Pro Glu
770 775 780

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

Arg Glu Gly Glu Tyr His Leu Phe Asn Pro Glu Thr Ile Phe Lys Leu
805 810 815

Gln His Ala Thr Arg Ser Gly Ser Tyr Glu Ile Phe Lys Asp Tyr Thr
820 825 830

Arg Lys Val Asp Asp Gln Ser Thr Arg Leu Gly Thr Ile Arg Gly Leu
835 840 845

Phe Glu Phe Ser Thr Asp Arg Lys Pro Ile Ser Val Ser Glu Val Glu
850 855 860

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

Gly Ser Ile Ser Ala Glu Ala His Glu Val Leu Ala Ile Ala Met Asn
885 890 895

Arg Leu Gly Gly Met Ser Asn Ser Gly Glu Gly Gly Glu Asp Ala Arg
900 905 910

Arg Phe Asp Val Glu Pro Asn Gly Asp Trp Lys Arg Ser Ala Ile Lys
915 920 925

Gln Val Ala Ser Gly Arg Phe Gly Val Thr Ser His Tyr Leu Asn Asn
930 935 940

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

Gly Gly Gln Leu Pro Pro Asn Lys Val Tyr Pro Trp Val Ala Glu Val
965 970 975

Arg Ile Thr Thr Pro Gly Val Gly Leu Ile Ser Pro Pro Pro His His
980 985 990

Asp Ile Tyr Ser Ile Glu Asp Leu Ala Gln Leu Ile His Asp Leu Lys
995 1000 1005

Asn Ala Asn Pro Arg Ala Arg Ile His Val Lys Leu Val Ala Glu Gln
1010 1015 1020

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

Val Leu Ile Ser Gly His Asp Gly Gly Thr Gly Ala Ser Pro Leu Thr
1045 1050 1055

Ser Leu Lys His Ala Gly Gly Pro Trp Glu Leu Gly Leu Ala Glu Thr
1060 1065 1070

Gln Gln Thr Leu Leu Leu Asn Gly Leu Arg Asp Arg Ile Arg Val Gln
1075 1080 1085

Cys Asp Gly Gln Leu Lys Thr Gly Arg Asp Val Val Ile Ala Ala Leu
1090 1095 1100

Leu Gly Ala Glu Glu Phe Gly Phe Ala Thr Ala Pro Leu Val Val Glu
1105 1110 1115 1120

Gly Cys Ile Met Met Arg Val Cys His Leu Asp Thr Cys Pro Val Gly
1125 1130 1135

Ile Ala Thr Gln Asn Pro Asp Leu Arg Ser Lys Phe Thr Gly Lys Ala
1140 1145 1150

Glu His Val Val Asn Phe Phe Thr Phe Ile Ala Gln Glu Val Arg Glu
1155 1160 1165

Tyr Leu Ala Gln Leu Gly Phe Arg Ser Ile Asp Glu Ala Val Gly Gln
1170 1175 1180

Ala Gln Val Leu Arg Lys Arg Ser Gly Ile Pro Ala Asp Ser Arg Ala
1185 1190 1195 1200

Ala His Leu Asp Leu Ser Pro Ile Phe His Arg Pro Glu Thr Pro His
1205 1210 1215

Phe Pro Thr Gln Asp Val Arg Cys Thr Lys Thr Gln Glu His Ser Leu
1220 1225 1230

Glu Lys Ala Leu Asp Asn Ala Phe Ile Asp Lys Ala Ser Asp Thr Ile
1235 1240 1245

Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val Glu Thr Ser Ile Val Ile Asp Ser Ser
1250 1255 1260

Ile Ser Asn Val Asn Arg Ser Val Gly Thr Met Leu Gly Ser Ala Val
1265 1270 1275 1280

Ser Arg Val Ala Gly Ala Gln Gly Leu Pro Asp Gly Thr Ile Thr Leu
1285 1290 1295

Asn Leu Gln Gly Cys Ala Gly Asn Ser Phe Gly Ala Phe Ile Pro Arg
1300 1305 1310

Gly Ile Thr Ile Asn Leu Thr Gly Asp Ala Asn Asp Phe Val Gly Lys
1315 1320 1325

Gly Leu Ser Gly Gly Lys Ile Val Ile Lys Pro Ser Ala Gln Ala Pro
1330 1335 1340

Lys Gln Leu Lys Asn Asn Pro Asn Ile Ile Ala Gly Asn Val Leu Gly
1345 1350 1355 1360

Tyr Gly Ala Thr Ser Gly Glu Leu Phe Ile Arg Gly Gln Val Gly Glu
1365 1370 1375

Arg Phe Cys Val Arg Asn Ser Gly Ala Thr Ala Val Val Glu Gly Ile
1380 1385 1390

Gly Asn His Gly Cys Glu Tyr Met Thr Gly Gly Arg Val Leu Val Leu
1395 1400 1405

Gly Pro Val Gly Glu Asn Phe Gly Ala Gly Met Ser Gly Gly Ile Ala
1410 1415 1420

Tyr Leu Ala Asn Ser Pro Asp Leu Asn Gln Lys Ile Asn Gly Glu Leu
1425 1430 1435 1440

Val Asp Val Val Pro Leu Ser Ala Asp Asp Leu Thr Trp Ala Asp Glu
1445 1450 1455

Leu Ile Ala Arg His Arg Glu Leu Thr Gly Ser Glu Thr Lys Leu Arg
1460 1465 1470

Ala Gln Asp Leu Val Lys Ile Met Pro Arg Asp Phe Gln Lys Val Leu
1475 1480 1485

Asn Ile Ile Glu Thr Ala His Ala Glu Gly Gln Asp Pro Ala Ile Lys
1490 1495 1500

Ile Met Glu Ala Val Ser
1505 1510

<210> 73
<211> 1906
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1906)
<223> FRXA00007

<400> 73
atcgaaagta acccttttgt tacttgcgtt gcaggtagtg tccctgattt tcttattatc 60

gaacgattga tagaaacagg attaaagtga ggtatccgc atg aaa cca caa gga 115
Met Lys Pro Gln Gly

1 5

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

10	15	20	
gcg gat atc cac ggt cga ccc agc cgc agc att gtt gat cgt gca ctt			211
Ala Asp Ile His Gly Arg Pro Ser Arg Ser Ile Val Asp Arg Ala Leu			
25	30	35	
gag gcg ctt cgc aac att gac cac cga ggt gcc gcc ggt gca gag aag			259
Glu Ala Leu Arg Asn Ile Asp His Arg Gly Ala Ala Gly Ala Glu Lys			
40	45	50	
aac act ggc gat ggt gcg ggc atc ctc atg cag att ccg gac ggc ttt			307
Asn Thr Gly Asp Gly Ala Gly Ile Leu Met Gln Ile Pro Asp Gly Phe			
55	60	65	
tat cgt gaa gta tct ggc att gag ctt cct gag gca ggg gag tat gcc			355
Tyr Arg Glu Val Ser Gly Ile Glu Leu Pro Glu Ala Gly Glu Tyr Ala			
70	75	80	85
act ggt att gcg ttc ttg cct cgc ggt cgc atg gcg atg atg gat gct			403
Thr Gly Ile Ala Phe Leu Pro Arg Gly Arg Met Ala Met Met Asp Ala			
90	95	100	
cag aag gaa att gag cgc atc gca aag caa gaa ggt gcc gat gtg ctt			451
Gln Lys Glu Ile Glu Arg Ile Ala Lys Gln Glu Gly Ala Asp Val Leu			
105	110	115	
ggt tgg cgc atg gtt cct ttt gat tct cgt gat ttg ggt tcc atg gct			499
Gly Trp Arg Met Val Pro Phe Asp Ser Arg Asp Leu Gly Ser Met Ala			
120	125	130	
gag gag gcg atg cct agt ttc gcg cag att ttc ctt act gtg cct gga			547
Glu Glu Ala Met Pro Ser Phe Ala Gln Ile Phe Leu Thr Val Pro Gly			
135	140	145	
aaa tct ggt gaa gat ctt gac cgt gtg atg ttc ttt atc cgt aag cgt			595
Lys Ser Gly Glu Asp Leu Asp Arg Val Met Phe Phe Ile Arg Lys Arg			
150	155	160	165
tgt gag cgt gag ctg ggc acc acc aat ggt cgc gat acg gtg tat ttc			643
Cys Glu Arg Glu Leu Gly Thr Thr Asn Gly Arg Asp Thr Val Tyr Phe			

170	175	180	
ccg tcg cta tct tca cgc acc atc att tac aaa ggc atg ttg acc act			691
Pro Ser Leu Ser Ser Arg Thr Ile Ile Tyr Lys Gly Met Leu Thr Thr			
185	190	195	
ctg cag ctt gag ggc ttc ttt gag gat ctg ggt gat gct cgc ctg gag			739
Leu Gln Leu Glu Gly Phe Phe Glu Asp Leu Gly Asp Ala Arg Leu Glu			
200	205	210	
tcg gcc att gct att gtg cac tcg cgt ttc tcc acg aac act ttc cca			787
Ser Ala Ile Ala Ile Val His Ser Arg Phe Ser Thr Asn Thr Phe Pro			
215	220	225	
agc tgg ccg ctg gcg cac ccg tac cgt ttc gtt gcc cac aac ggt gag			835
Ser Trp Pro Leu Ala His Pro Tyr Arg Phe Val Ala His Asn Gly Glu			
230	235	240	245
atc aac act gtg cgt ggc aat gaa aac tgg atg cgc gcc cgc gag gcg			883
Ile Asn Thr Val Arg Gly Asn Glu Asn Trp Met Arg Ala Arg Glu Ala			
250	255	260	
ctt atc aaa aac gac aag ctg ggc aat ttg agc agc gtg ctg cct atc			931
Leu Ile Lys Asn Asp Lys Leu Gly Asn Leu Ser Ser Val Leu Pro Ile			
265	270	275	
tgc acc ccg gag ggc tcg gat acc gcg cgt ttc gac gag gct ttg gag			979
Cys Thr Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ala Arg Phe Asp Glu Ala Leu Glu			
280	285	290	
ctt ttg cac ctg ggc gga tac tca ctt ccg cat gct gtt gcg atg atg			1027
Leu Leu His Leu Gly Gly Tyr Ser Leu Pro His Ala Val Ala Met Met			
295	300	305	
atc cct cag gcg tgg gaa cac aac aag acg ctg agc cct gag ctg cgt			1075
Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu Ser Pro Glu Leu Arg			
310	315	320	325
gat ttc tac gaa tac cac tct tgt ctg atg gag cca tgg gat ggt cct			1123
Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu Pro Trp Asp Gly Pro			

330	335	340	
gca gcg ctg gca ttt act gac ggt cgt ttt gtg ggt gcc gtg ctg gac			1171
Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val Gly Ala Val Leu Asp			
345	350	355	
cgt aat ggc ctg cga cct ggg cga atc acc att act gat tcg ggt ttg			1219
Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile Thr Asp Ser Gly Leu			
360	365	370	
gtt gtg atg gct tct gaa tcg gga gtg ttg gac ttg agg gag gag agc			1267
Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp Leu Arg Glu Glu Ser			
375	380	385	
gtc gta aag cgt act cgc gta cag cct gga cgc atg ttc ctt gtt gac			1315
Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg Met Phe Leu Val Asp			
390	395	400	405
act gcc gag ggc cgc atc gtt gaa gac gag gaa atc aag cag aaa tta			1363
Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu Ile Lys Gln Lys Leu			
410	415	420	
agc gaa gcg cag cca tat ggt gag tgg att cgc gat aat ttt gtg cat			1411
Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg Asp Asn Phe Val His			
425	430	435	
ctg gat cgt ctg cct cag aca cgc tac aac tac atg gcg cac tct cgt			1459
Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr Met Ala His Ser Arg			
440	445	450	
gct gtg ttg cgt cag cgt gtt ttc gga atc act gaa gaa gat gtg gat			1507
Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr Glu Glu Asp Val Asp			
455	460	465	
ttg ttg ctg ctg ccg atg gcc cgc cag ggt gct gag gcg att ggt tcc			1555
Leu Leu Leu Leu Pro Met Ala Arg Gln Gly Ala Glu Ala Ile Gly Ser			
470	475	480	485
atg ggt tcg gat acg cca att gcg gcg cta tcc cag cga cca cgc atg			1603
Met Gly Ser Asp Thr Pro Ile Ala Ala Leu Ser Gln Arg Pro Arg Met			

490	495	500	
ctt tat gat ttc ttc gcg cag cgc ttt gct cag gtg aca aac cca ccg			1651
Leu Tyr Asp Phe Phe Ala Gln Arg Phe Ala Gln Val Thr Asn Pro Pro			
505	510	515	
ttg gac tct atc cgc gaa aag cct gtg acc agc atg ttc act ttg ttg			1699
Leu Asp Ser Ile Arg Glu Lys Pro Val Thr Ser Met Phe Thr Leu Leu			
520	525	530	
ggc gcg cag tct gac gtg ctc aat ccg ggt cct gat gcg gcg cga cgt			1747
Gly Ala Gln Ser Asp Val Leu Asn Pro Gly Pro Asp Ala Ala Arg Arg			
535	540	545	
att cgt ttg gaa tcg ccg atc att gat aac cat gag ctg gcc acc ttg			1795
Ile Arg Leu Glu Ser Pro Ile Ile Asp Asn His Glu Leu Ala Thr Leu			
550	555	560	565
atc aat gcc aac gcg cat ggt gag tgg gat tcc ttt ggt gct gct gta			1843
Ile Asn Ala Asn Ala His Gly Glu Trp Asp Ser Phe Gly Ala Ala Val			
570	575	580	
att tct ggt ttg tac cca gtg gct cac cat ggt gcc ggc atg aag gct			1891
Ile Ser Gly Leu Tyr Pro Val Ala His His Gly Ala Gly Met Lys Ala			
585	590	595	
gcg att gct cgt gtg			1906
Ala Ile Ala Arg Val			

600

<210> 74
 <211> 602
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 74
 Met Lys Pro Gln Gly Leu Tyr Asn Pro Ala His Glu His Asp Ala Cys
 1 5 10 15

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

20

25

30

Val Asp Arg Ala Leu Glu Ala Leu Arg Asn Ile Asp His Arg Gly Ala
35 40 45

Ala Gly Ala Glu Lys Asn Thr Gly Asp Gly Ala Gly Ile Leu Met Gln
50 55 60

Ile Pro Asp Gly Phe Tyr Arg Glu Val Ser Gly Ile Glu Leu Pro Glu
65 70 75 80

Ala Gly Glu Tyr Ala Thr Gly Ile Ala Phe Leu Pro Arg Gly Arg Met
85 90 95

Ala Met Met Asp Ala Gln Lys Glu Ile Glu Arg Ile Ala Lys Gln Glu
100 105 110

Gly Ala Asp Val Leu Gly Trp Arg Met Val Pro Phe Asp Ser Arg Asp
115 120 125

Leu Gly Ser Met Ala Glu Glu Ala Met Pro Ser Phe Ala Gln Ile Phe
130 135 140

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

Phe Ile Arg Lys Arg Cys Glu Arg Glu Leu Gly Thr Thr Asn Gly Arg
165 170 175

Asp Thr Val Tyr Phe Pro Ser Leu Ser Ser Arg Thr Ile Ile Tyr Lys
180 185 190

Gly Met Leu Thr Thr Leu Gln Leu Glu Gly Phe Phe Glu Asp Leu Gly
195 200 205

Asp Ala Arg Leu Glu Ser Ala Ile Ala Ile Val His Ser Arg Phe Ser
210 215 220

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

Ala His Asn Gly Glu Ile Asn Thr Val Arg Gly Asn Glu Asn Trp Met

245	250	255
Arg Ala Arg Glu Ala Leu Ile Lys Asn Asp Lys Leu Gly Asn Leu Ser		
260	265	270
Ser Val Leu Pro Ile Cys Thr Pro Glu Gly Ser Asp Thr Ala Arg Phe		
275	280	285
Asp Glu Ala Leu Glu Leu Leu His Leu Gly Gly Tyr Ser Leu Pro His		
290	295	300
Ala Val Ala Met Met Ile Pro Gln Ala Trp Glu His Asn Lys Thr Leu		
305	310	315
Ser Pro Glu Leu Arg Asp Phe Tyr Glu Tyr His Ser Cys Leu Met Glu		
325	330	335
Pro Trp Asp Gly Pro Ala Ala Leu Ala Phe Thr Asp Gly Arg Phe Val		
340	345	350
Gly Ala Val Leu Asp Arg Asn Gly Leu Arg Pro Gly Arg Ile Thr Ile		
355	360	365
Thr Asp Ser Gly Leu Val Val Met Ala Ser Glu Ser Gly Val Leu Asp		
370	375	380
Leu Arg Glu Glu Ser Val Val Lys Arg Thr Arg Val Gln Pro Gly Arg		
385	390	395
Met Phe Leu Val Asp Thr Ala Glu Gly Arg Ile Val Glu Asp Glu Glu		
405	410	415
Ile Lys Gln Lys Leu Ser Glu Ala Gln Pro Tyr Gly Glu Trp Ile Arg		
420	425	430
Asp Asn Phe Val His Leu Asp Arg Leu Pro Gln Thr Arg Tyr Asn Tyr		
435	440	445
Met Ala His Ser Arg Ala Val Leu Arg Gln Arg Val Phe Gly Ile Thr		
450	455	460

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

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

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

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

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

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

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

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

Ala Gly Met Lys Ala Ala Ile Ala Arg Val
595 600

<210> 75

<211> 1362

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (70)..(1362)

<223> FRXA00364

<400> 75

accaatttct ggcacggtc tggatgaagt tgcagctgac gtagaaagct cgtcaccgca 60

gcgcatttt ttg cca cgc cct gaa gag cac gct cac cgt gaa ttg gat ttg 111
Leu Pro Arg Pro Glu Glu His Ala His Arg Glu Leu Asp Leu

1	5	10	
ggt ggt gaa tac aag tgg cgc cgc gaa ggt gaa tac cac ctg ttc aac			159
Gly Gly Glu Tyr Lys Trp Arg Arg Glu Gly Glu Tyr His Leu Phe Asn			
15	20	25	30
cca gaa acc atc ttc aag ctg cag cat gca acg cgt tct ggc agc tac			207
Pro Glu Thr Ile Phe Lys Leu Gln His Ala Thr Arg Ser Gly Ser Tyr			
35	40	45	
gag att ttc aag gat tac acc cgc aag gtt gat gat caa tcc act cgc			255
Glu Ile Phe Lys Asp Tyr Thr Arg Lys Val Asp Asp Gln Ser Thr Arg			
50	55	60	
ttg ggt act att cgt gga ctg ttt gag ttc agc acg gac cgc aag cca			303
Leu Gly Thr Ile Arg Gly Leu Phe Glu Phe Ser Thr Asp Arg Lys Pro			
65	70	75	
att tcg gtg tct gag gtg gag ccg gtc agt gag atc gtg aag cgt ttc			351
Ile Ser Val Ser Glu Val Glu Pro Val Ser Glu Ile Val Lys Arg Phe			
80	85	90	
tcc act ggt gcg atg tct tat ggc tcg att tct gct gaa gcc cat gag			399
Ser Thr Gly Ala Met Ser Tyr Gly Ser Ile Ser Ala Glu Ala His Glu			
95	100	105	110
gtc ttg gcc atc gcc atg aac cga ctg ggc ggt atg tcc aac tcc ggc			447
Val Leu Ala Ile Ala Met Asn Arg Leu Gly Gly Met Ser Asn Ser Gly			
115	120	125	
gaa ggt ggc gag gac gcc cgc cga ttt gat gtg gaa ccc aac ggt gac			495
Glu Gly Gly Glu Asp Ala Arg Arg Phe Asp Val Glu Pro Asn Gly Asp			
130	135	140	
tgg aag cgc tct gcc att aag cag gtg gcc tcg gga cgt ttc ggc gtg			543
Trp Lys Arg Ser Ala Ile Lys Gln Val Ala Ser Gly Arg Phe Gly Val			
145	150	155	
acc agc cac tac ttg aac aac tgc acc gat att cag atc aag atg gca			591
Thr Ser His Tyr Leu Asn Asn Cys Thr Asp Ile Gln Ile Lys Met Ala			

160	165	170	
cag ggc gca aag ccc ggt gaa ggt ggc cag ctg cca cca aac aag gtg			639
Gln Gly Ala Lys Pro Gly Glu Gly Gly Gln Leu Pro Pro Asn Lys Val			
175	180	185	190
tac cca tgg gtt gca gaa gtc cgc atc acc acc cca ggc gtt ggt ctg			687
Tyr Pro Trp Val Ala Glu Val Arg Ile Thr Thr Pro Gly Val Gly Leu			
	195	200	205
att tcc cct cca cca cac cac gat att tac tcc att gag gat ctg gct			735
Ile Ser Pro Pro Pro His His Asp Ile Tyr Ser Ile Glu Asp Leu Ala			
	210	215	220
cag ctg atc cac gac ctg aag aac gct aac cca cgc gca cga atc cac			783
Gln Leu Ile His Asp Leu Lys Asn Ala Asn Pro Arg Ala Arg Ile His			
	225	230	235
gtg aag cta gtg gca gaa caa ggc gtg ggc acc gtt gcc gca ggt gtg			831
Val Lys Leu Val Ala Glu Gln Gly Val Gly Thr Val Ala Ala Gly Val			
	240	245	250
tcc aaa gca cac gct gat gtg gtg ctt att tcc ggc cac gat ggc gga			879
Ser Lys Ala His Ala Asp Val Val Leu Ile Ser Gly His Asp Gly Gly			
255	260	265	270
act ggc gca tct cct ttg acc tcc ctg aag cat gcc ggt ggt cca tgg			927
Thr Gly Ala Ser Pro Leu Thr Ser Leu Lys His Ala Gly Gly Pro Trp			
	275	280	285
gag ttg ggc ttg gct gaa acc cag caa acg ttg ctg ctc aac ggc ctg			975
Glu Leu Gly Leu Ala Glu Thr Gln Gln Thr Leu Leu Leu Asn Gly Leu			
	290	295	300
cgc gat cgt att cgc gtg cag tgc gat ggt cag ctg aaa act ggc cga			1023
Arg Asp Arg Ile Arg Val Gln Cys Asp Gly Gln Leu Lys Thr Gly Arg			
	305	310	315
gac gtg gtt atc gca gct ctt ctc ggt gcc gaa gaa ttc ggt ttt gcc			1071
Asp Val Val Ile Ala Ala Leu Leu Gly Ala Glu Glu Phe Gly Phe Ala			

320	325	330	
acc gca ccg ctg gtg gtt gaa ggc tgc atc atg atg cgc gtc tgc cac			1119
Thr Ala Pro Leu Val Val Glu Gly Cys Ile Met Met Arg Val Cys His			
335	340	345	350
ctg gac acc tgc ccg gtg ggt atc gct acc cag aac ccg gat ttg cgt			1167
Leu Asp Thr Cys Pro Val Gly Ile Ala Thr Gln Asn Pro Asp Leu Arg			
	355	360	365
tcc aag ttc acc ggc aag gct gaa cac gtg gtc aac ttc ttc acc ttc			1215
Ser Lys Phe Thr Gly Lys Ala Glu His Val Val Asn Phe Phe Thr Phe			
	370	375	380
atc gcc cag gaa gtc cgt gag tac ttg gca cag ctt ggt ttc cgc tct			1263
Ile Ala Gln Glu Val Arg Glu Tyr Leu Ala Gln Leu Gly Phe Arg Ser			
	385	390	395
att gat gaa gcc gtc gga caa gcc cag gtg ctg cgc aag cgt tcc gga			1311
Ile Asp Glu Ala Val Gly Gln Ala Gln Val Leu Arg Lys Arg Ser Gly			
	400	405	410
atc cca gct gat tcc cgc gca gca cac ctg gat ttg agc cca att ttc			1359
Ile Pro Ala Asp Ser Arg Ala Ala His Leu Asp Leu Ser Pro Ile Phe			
	415	420	425
atc			1362
Ile			

<210> 76
 <211> 431
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 76
 Leu Pro Arg Pro Glu Glu His Ala His Arg Glu Leu Asp Leu Gly Gly
 1 5 10 15
 Glu Tyr Lys Trp Arg Arg Glu Gly Glu Tyr His Leu Phe Asn Pro Glu
 20 25 30

Thr Ile Phe Lys Leu Gln His Ala Thr Arg Ser Gly Ser Tyr Glu Ile
35 40 45

Phe Lys Asp Tyr Thr Arg Lys Val Asp Asp Gln Ser Thr Arg Leu Gly
50 55 60

Thr Ile Arg Gly Leu Phe Glu Phe Ser Thr Asp Arg Lys Pro Ile Ser
65 70 75 80

Val Ser Glu Val Glu Pro Val Ser Glu Ile Val Lys Arg Phe Ser Thr
85 90 95

Gly Ala Met Ser Tyr Gly Ser Ile Ser Ala Glu Ala His Glu Val Leu
100 105 110

Ala Ile Ala Met Asn Arg Leu Gly Gly Met Ser Asn Ser Gly Glu Gly
115 120 125

Gly Glu Asp Ala Arg Arg Phe Asp Val Glu Pro Asn Gly Asp Trp Lys
130 135 140

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

His Tyr Leu Asn Asn Cys Thr Asp Ile Gln Ile Lys Met Ala Gln Gly
165 170 175

Ala Lys Pro Gly Glu Gly Gly Gln Leu Pro Pro Asn Lys Val Tyr Pro
180 185 190

Trp Val Ala Glu Val Arg Ile Thr Thr Pro Gly Val Gly Leu Ile Ser
195 200 205

Pro Pro Pro His His Asp Ile Tyr Ser Ile Glu Asp Leu Ala Gln Leu
210 215 220

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

Leu Val Ala Glu Gln Gly Val Gly Thr Val Ala Ala Gly Val Ser Lys

245	250	255
Ala His Ala Asp Val Val Leu Ile Ser Gly His Asp Gly Gly Thr Gly		
260	265	270
Ala Ser Pro Leu Thr Ser Leu Lys His Ala Gly Gly Pro Trp Glu Leu		
275	280	285
Gly Leu Ala Glu Thr Gln Gln Thr Leu Leu Leu Asn Gly Leu Arg Asp		
290	295	300
Arg Ile Arg Val Gln Cys Asp Gly Gln Leu Lys Thr Gly Arg Asp Val		
305	310	315
Val Ile Ala Ala Leu Leu Gly Ala Glu Glu Phe Gly Phe Ala Thr Ala		
325	330	335
Pro Leu Val Val Glu Gly Cys Ile Met Met Arg Val Cys His Leu Asp		
340	345	350
Thr Cys Pro Val Gly Ile Ala Thr Gln Asn Pro Asp Leu Arg Ser Lys		
355	360	365
Phe Thr Gly Lys Ala Glu His Val Val Asn Phe Phe Thr Phe Ile Ala		
370	375	380
Gln Glu Val Arg Glu Tyr Leu Ala Gln Leu Gly Phe Arg Ser Ile Asp		
385	390	395
Glu Ala Val Gly Gln Ala Gln Val Leu Arg Lys Arg Ser Gly Ile Pro		
405	410	415
Ala Asp Ser Arg Ala Ala His Leu Asp Leu Ser Pro Ile Phe Ile		
420	425	430

<210> 77

<211> 866

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(843)

<223> FRXA00367

<400> 77

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

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90 95

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

100 105 110

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

115 120 125

gtg ctt gga tac ggc gca acc agt ggt gaa ttg ttc att cgt ggc cag 432
Val Leu Gly Tyr Gly Ala Thr Ser Gly Glu Leu Phe Ile Arg Gly Gln

130 135 140

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

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195 200 205

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

210 215 220

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

225 230 235 240

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

245 250 255

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

260 265 270

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

275 280

ttc 866

<210> 78
<211> 281
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 78

His Ser Leu Glu Lys Ala Leu Asp Asn Ala Phe Ile Asp Lys Ala Ser
1 5 10 15

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

Asp Ser Ser Ile Ser Asn Val Asn Arg Ser Val Gly Thr Met Leu Gly
35 40 45

Ser Ala Val Ser Arg Val Ala Gly Ala Gln Gly Leu Pro Asp Gly Thr
50 55 60

Ile Thr Leu Asn Leu Gln Gly Cys Ala Gly Asn Ser Phe Gly Ala Phe
65 70 75 80

Ile Pro Arg Gly Ile Thr Ile Asn Leu Thr Gly Asp Ala Asn Asp Phe
85 90 95

Val Gly Lys Gly Leu Ser Gly Gly Lys Ile Val Ile Lys Pro Ser Ala
100 105 110

Gln Ala Pro Lys Gln Leu Lys Asn Asn Pro Asn Ile Ile Ala Gly Asn
115 120 125

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

Val Gly Glu Arg Phe Cys Val Arg Asn Ser Gly Ala Thr Ala Val Val
145 150 155 160

Glu Gly Ile Gly Asn His Gly Cys Glu Tyr Met Thr Gly Gly Arg Val
165 170 175

Leu Val Leu Gly Pro Val Gly Glu Asn Phe Gly Ala Gly Met Ser Gly
180 185 190

Gly Ile Ala Tyr Leu Ala Asn Ser Pro Asp Leu Asn Gln Lys Ile Asn
195 200 205

Gly Glu Leu Val Asp Val Val Pro Leu Ser Ala Asp Asp Leu Thr Trp
210 215 220

Ala Asp Glu Leu Ile Ala Arg His Arg Glu Leu Thr Gly Ser Glu Thr
225 230 235 240

Lys Leu Arg Ala Gln Asp Leu Val Lys Ile Met Pro Arg Asp Phe Gln
245 250 255

Lys Val Leu Asn Ile Ile Glu Thr Ala His Ala Glu Gly Gln Asp Pro
260 265 270

Ala Ile Lys Ile Met Glu Ala Val Ser
275 280

<210> 79
<211> 1494
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1471)
<223> RXN00076

<400> 79
tctaggagtg ttaaacagcc tggacttgaa acacctttaa ctacttgatt ttcacaccct 60

tgtttccata aaagggctca cgaaaggcaa cttcaaacac atg aca act ccc ctg 115
Met Thr Thr Pro Leu

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

caa atg cct gca ccg ttc gga ctc atc cgt tac ggc gtt gct cca gac 259

Gln Met Pro Ala Pro Phe Gly Leu Ile Arg Tyr Gly Val Ala Pro Asp
40 45 50

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

55 60 65

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

70 75 80 85

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

90 95 100

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

105 110 115

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

120 125 130

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

135 140 145

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

150 155 160 165

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

170 175 180

ctc aaa gaa aac aag gcc act gaa gtg cac gtt ttc gga cgt cgt ggc 691
Leu Lys Glu Asn Lys Ala Thr Glu Val His Val Phe Gly Arg Arg Gly

185 190 195

cca gca cag gtc aag ttc acc cca cag gaa ctc aaa gaa ctc gac cac 739

Pro Ala Gln Val Lys Phe Thr Pro Gln Glu Leu Lys Glu Leu Asp His	
200	205
210	
tcc ccc acc atc aac gtg gtt gtt gat cca gaa gac atc gac tac gac	787
Ser Pro Thr Ile Asn Val Val Val Asp Pro Glu Asp Ile Asp Tyr Asp	
215	220
225	
ggc gcc tct gaa gaa gcc cgc cgc gca tcc aag tcc cag gac ctg gtc	835
Gly Ala Ser Glu Glu Ala Arg Arg Ala Ser Lys Ser Gln Asp Leu Val	
230	235
240	245
tgc cag atc ctg gaa cag tac gca atc cgc gag cca aag gac gct ccg	883
Cys Gln Ile Leu Glu Gln Tyr Ala Ile Arg Glu Pro Lys Asp Ala Pro	
250	255
260	
cac acc ctg cag atc cac ctc ttt gaa aac cca gtt gag gtt ctt caa	931
His Thr Leu Gln Ile His Leu Phe Glu Asn Pro Val Glu Val Leu Gln	
265	270
275	
aag gac ggc aag gtt gtt ggc ctg cgc acc gaa cgc acc tca ctt gat	979
Lys Asp Gly Lys Val Val Gly Leu Arg Thr Glu Arg Thr Ser Leu Asp	
280	285
290	
ggc aac ggc ggc gta aac gga acc ggc gaa ttc aag gac tgg cca gtc	1027
Gly Asn Gly Gly Val Asn Gly Thr Gly Glu Phe Lys Asp Trp Pro Val	
295	300
305	
cag gct gtc tac cgc gca gtc ggc tac aag tcc gac ccc atc gac ggc	1075
Gln Ala Val Tyr Arg Ala Val Gly Tyr Lys Ser Asp Pro Ile Asp Gly	
310	315
320	325
gtc cca ttc gat gag aac aag cac gtc atc cct aat gac ggc gga cat	1123
Val Pro Phe Asp Glu Asn Lys His Val Ile Pro Asn Asp Gly Gly His	
330	335
340	
gtc ctc acc gct cca ggc gca gaa cca gta cca ggc ctc tat gca acc	1171
Val Leu Thr Ala Pro Gly Ala Glu Pro Val Pro Gly Leu Tyr Ala Thr	
345	350
355	
ggc tgg atc aag cgt gga cca atc ggt cta atc ggc aac acc aag tcc	1219

Gly Trp Ile Lys Arg Gly Pro Ile Gly Leu Ile Gly Asn Thr Lys Ser

360 365 370

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

375 380 385

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

390 395 400 405

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

410 415 420

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

425 430 435

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

440 445 450

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

455

<210> 80

<211> 457

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 80

Met Thr Thr Pro Leu Arg Val Ala Val Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly

1 5 10 15

Ile Tyr Ala Ser Asp Leu Leu Ile Arg Asn Glu Glu Arg Glu Val Phe

20 25 30

Val Asp Leu Phe Glu Gln Met Pro Ala Pro Phe Gly Leu Ile Arg Tyr

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

260 265 270

Val Glu Val Leu Gln Lys Asp Gly Lys Val Val Gly Leu Arg Thr Glu
275 280 285

Arg Thr Ser Leu Asp Gly Asn Gly Gly Val Asn Gly Thr Gly Glu Phe
290 295 300

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

Asp Pro Ile Asp Gly Val Pro Phe Asp Glu Asn Lys His Val Ile Pro
325 330 335

Asn Asp Gly Gly His Val Leu Thr Ala Pro Gly Ala Glu Pro Val Pro
340 345 350

Gly Leu Tyr Ala Thr Gly Trp Ile Lys Arg Gly Pro Ile Gly Leu Ile
355 360 365

Gly Asn Thr Lys Ser Asp Ala Lys Glu Thr Thr Asp Ile Leu Ile Lys
370 375 380

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

Ala Ile Ile Glu Leu Leu Asp Ser Arg Asn Ile Pro Phe Thr Thr Trp
405 410 415

Glu Gly Trp Tyr Lys Leu Asp Ala Ala Glu Arg Ala Leu Gly Glu Ala
420 425 430

Glu Gly Arg Glu Arg Lys Lys Ile Val Asp Trp Glu Glu Met Val Arg
435 440 445

Gln Ala Arg Glu Ala Pro Ala Ile Val
450 455

<210> 81
<211> 786
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(763)

<223> FRXA00075

<220>

<221> VARIANT

<222> 187

<223> Xaa = Val or Ala

<220>

<221> VARIANT

<222> 188

<223> Xaa = Thr or Ser

<220>

<221> VARIANT

<222> 209

<223> Xaa = Lys or Gln

<220>

<221> VARIANT

<222> 212

<223> Xaa = Arg

<400> 81

tctaggagtg ttaaacagcc tggacttgaa acacctttaa ctacttgatt ttcacaccct 60

tgtttccata aaagggctca cgaaaggcaa cttcaaacac atg aca act ccc ctg 115
Met Thr Thr Pro Leu

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

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

40	45	50	
cac cca cgc atc aag ggc atc gtt aag tcc ctg cac aac gtg ttg gac			307
His Pro Arg Ile Lys Gly Ile Val Lys Ser Leu His Asn Val Leu Asp			
55	60	65	
aag cca cgc ctg cgc ctg ctc ggt aac att gaa atc ggc aaa gac atc			355
Lys Pro Arg Leu Arg Leu Leu Gly Asn Ile Glu Ile Gly Lys Asp Ile			
70	75	80	85
acc gtc gaa gaa ctc cgc gac tac tac gat gca gtc gtg ttc tcc acc			403
Thr Val Glu Glu Leu Arg Asp Tyr Tyr Asp Ala Val Val Phe Ser Thr			
90	95	100	
ggc gca gtt gca gac cgc gac ctc aac atc ccc gga att gaa gca gaa			451
Gly Ala Val Ala Asp Arg Asp Leu Asn Ile Pro Gly Ile Glu Ala Glu			
105	110	115	
ggc tcc ttc ggt gcc ggc gag ttc gtt ggc ttc tac gac ggc aac cca			499
Gly Ser Phe Gly Ala Gly Glu Phe Val Gly Phe Tyr Asp Gly Asn Pro			
120	125	130	
cgc ttc gag cgc tcc tgg gat ctg tct gca cag tcc gtc gct gtt atc			547
Arg Phe Glu Arg Ser Trp Asp Leu Ser Ala Gln Ser Val Ala Val Ile			
135	140	145	
ggc gtt ggt aac gtc ggc ctc gac gta gcc cgc atc ctg gct aag aca			595
Gly Val Gly Asn Val Gly Leu Asp Val Ala Arg Ile Leu Ala Lys Thr			
150	155	160	165
ggc gac gag ctc aaa gtc acc gaa att tcc gac aac gtc tac gac tcc			643
Gly Asp Glu Leu Lys Val Thr Glu Ile Ser Asp Asn Val Tyr Asp Ser			
170	175	180	
ctc aaa gaa aac aag gyc wct gaa gtg cac gtt ttc gga cgt cgg tgg			691
Leu Lys Glu Asn Lys Xaa Xaa Glu Val His Val Phe Gly Arg Arg Trp			
185	190	195	
ccc agc aca ggt caa gtt cac ccc aca gga act maa aga act cgr cca			739
Pro Ser Thr Gly Gln Val His Pro Thr Gly Thr Xaa Arg Thr Xaa Pro			

200 205 210 786

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

215 220

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

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

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

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

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 212
 <223> Xaa = Arg

<400> 82
 Met Thr Thr Pro Leu Arg Val Ala Val Ile Gly Ala Gly Pro Ala Gly
 1 5 10 15

Ile Tyr Ala Ser Asp Leu Leu Ile Arg Asn Glu Glu Arg Glu Val Phe
 20 25 30

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

Gly Val Ala Pro Asp His Pro Arg Ile Lys Gly Ile Val Lys Ser Leu
 50 55 60

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

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

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

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

Tyr Asp Gly Asn Pro Arg Phe Glu Arg Ser Trp Asp Leu Ser Ala Gln
130 135 140

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

Ile Leu Ala Lys Thr Gly Asp Glu Leu Lys Val Thr Glu Ile Ser Asp
165 170 175

Asn Val Tyr Asp Ser Leu Lys Glu Asn Lys Xaa Xaa Glu Val His Val
180 185 190

Phe Gly Arg Arg Trp Pro Ser Thr Gly Gln Val His Pro Thr Gly Thr
195 200 205

Xaa Arg Thr Xaa Pro Leu Pro His His Gln Arg Gly Cys
210 215 220

<210> 83

<211> 672

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(649)

<223> RXN00198

<400> 83

atgcaggatt agagcagcag caacggagcc agaatacagtc tccaatttg atatccagcc 60

ccgcgctcct ttccagcgcg ccgattccac tccatggccg atg tac ccc aac ctc 115
Met Tyr Pro Asn Leu

1 5

ttc cgc acc gca acg gct cac gaa gaa ggc gaa tac atc atc act ggc 163
Phe Arg Thr Ala Thr Ala His Glu Glu Gly Glu Tyr Ile Ile Thr Gly

10 15 20

gat gaa tca gcc gat gaa atc gca gcc ctg ggc ctc gcc gaa cgt gcc 211
Asp Glu Ser Ala Asp Glu Ile Ala Ala Leu Gly Leu Ala Glu Arg Ala

25 30 35

gca ggc tcc acg ctt ggt gaa cgt aaa ttt gct gtc aac acc gtg gaa 259
Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Arg Lys Phe Ala Val Asn Thr Val Glu

40 45 50

ttc cac ggc aac aac ggc cac gtc acc gga ctc acc ggc aac caa atc 307
Phe His Gly Asn Asn Gly His Val Thr Gly Leu Thr Gly Asn Gln Ile

55 60 65

cga gtt gtc aac ggc aaa cgt gaa cca atc gaa ggc acc gaa ttc ccc 355
Arg Val Val Asn Gly Lys Arg Glu Pro Ile Glu Gly Thr Glu Phe Pro

70 75 80 85

ttc gaa gca gac ctc gtt ctt gtt gca ctt ggc ttc acc ggc gca gaa 403
Phe Glu Ala Asp Leu Val Leu Val Ala Leu Gly Phe Thr Gly Ala Glu

90 95 100

caa ggc gga ttg gca cac gaa cta ggc gta ggt ttc gac gac cgg ggc 451
Gln Gly Gly Leu Ala His Glu Leu Gly Val Gly Phe Asp Asp Arg Gly

105 110 115

cgc atc ctc cgc gat tcc gaa tac cgc agc ccc acc aac tcc cgc gtt 499
Arg Ile Leu Arg Asp Ser Glu Tyr Arg Ser Pro Thr Asn Ser Arg Val

120 125 130

tac atc gca ggc gac aac ggc cgt ggc cag tcc ctg atc gtg tgg gca 547
Tyr Ile Ala Gly Asp Asn Gly Arg Gly Gln Ser Leu Ile Val Trp Ala

135 140 145

atc gcc gaa ggc cgc gca tgc gcc gca gct atc gac gcc gat ctc atg 595
 Ile Ala Glu Gly Arg Ala Cys Ala Ala Ala Ile Asp Ala Asp Leu Met

150 155 160 165

ggt gaa act gca ctc cct gta gca gtt gca cca cag gac gtg ccg ctg 643
 Gly Glu Thr Ala Leu Pro Val Ala Val Ala Pro Gln Asp Val Pro Leu

170 175 180

gct gtc tagcttgggt agaaaatgct aga 672
 Ala Val

<210> 84
 <211> 183
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 84
 Met Tyr Pro Asn Leu Phe Arg Thr Ala Thr Ala His Glu Glu Gly Glu
 1 5 10 15

Tyr Ile Ile Thr Gly Asp Glu Ser Ala Asp Glu Ile Ala Ala Leu Gly
 20 25 30

Leu Ala Glu Arg Ala Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Arg Lys Phe Ala
 35 40 45

Val Asn Thr Val Glu Phe His Gly Asn Asn Gly His Val Thr Gly Leu
 50 55 60

Thr Gly Asn Gln Ile Arg Val Val Asn Gly Lys Arg Glu Pro Ile Glu
 65 70 75 80

Gly Thr Glu Phe Pro Phe Glu Ala Asp Leu Val Leu Val Ala Leu Gly
 85 90 95

Phe Thr Gly Ala Glu Gln Gly Gly Leu Ala His Glu Leu Gly Val Gly
 100 105 110

Phe Asp Asp Arg Gly Arg Ile Leu Arg Asp Ser Glu Tyr Arg Ser Pro

115 120 125

Thr Asn Ser Arg Val Tyr Ile Ala Gly Asp Asn Gly Arg Gly Gln Ser
130 135 140

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

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

Gln Asp Val Pro Leu Ala Val
180

<210> 85
<211> 305
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(282)
<223> FRXA00198

<400> 85
ctc gtt ctt gtt gca ctt ggc ttc acc ggc gca gaa caa ggc gga ttg 48
Leu Val Leu Val Ala Leu Gly Phe Thr Gly Ala Glu Gln Gly Gly Leu

1 5 10 15

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

20 25 30

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

35 40 45

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

50 55 60

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

65 70 75 80

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

85 90

tagcttgggt agaaaatgct aga 305

<210> 86

<211> 94

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 86

Leu Val Leu Val Ala Leu Gly Phe Thr Gly Ala Glu Gln Gly Gly Leu
1 5 10 15

Ala His Glu Leu Gly Val Gly Phe Asp Asp Arg Gly Arg Ile Leu Arg
20 25 30

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

Asp Asn Gly Arg Gly Gln Ser Leu Ile Val Trp Ala Ile Ala Glu Gly
50 55 60

Arg Ala Cys Ala Ala Ala Ile Asp Ala Asp Leu Met Gly Glu Thr Ala
65 70 75 80

Leu Pro Val Ala Val Ala Pro Gln Asp Val Pro Leu Ala Val
85 90

<210> 87

<211> 727

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(727)

<223> RXN00365

<400> 87

gaagcctacg atcgcttgca cgcgaccaac aatttccccg agttcaccgg ccgtttgtgc 60

cccgccacct gcgaaggcgc ctgcgtgctc ggtatcaacg atg att ctg tca cca 115
Met Ile Leu Ser Pro

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

gtc gtc ggt tcc ggc ccc gct ggc ctt gcc gcc gcg cag cag ctc acc 259
Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Leu Thr

40 45 50

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

55 60 65

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

70 75 80 85

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

90 95 100

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

105 110 115

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

120 125 130

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

135 140 145

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

150 155 160 165

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

170 175 180

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

185 190 195

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

200 205

<210> 88
<211> 209
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 88
Met Ile Leu Ser Pro Ser Lys Thr Phe Glu Leu Glu Ile Val Glu Lys
1 5 10 15

Ala Phe Arg Glu Gly Trp Val Gln Pro Val Ile Pro Ser Met Ser Thr
20 25 30

Gly Leu Ser Val Ala Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala
35 40 45

Ala Gln Gln Leu Thr Arg Ala Gly His Ser Val Thr Val Phe Glu Arg
50 55 60

Asp Asp Arg Leu Gly Gly Leu Met Arg Tyr Gly Val Pro Glu Tyr Lys

65 70 75 80

Met Glu Asn Arg Trp Ile Asp Arg Arg Ile Glu Gln Met Glu Ala Glu
85 90 95

Gly Thr Thr Phe Gln Val Gly Thr Ser Pro Arg Ala Ala Glu Leu Ala
100 105 110

Leu Phe Asp Ala Ile Leu Leu Ala Thr Gly Thr Pro Val Ala Arg Glu
115 120 125

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

Tyr Leu Thr Ala Gln Asn Arg Ile Asn Glu Gly Asp Gly Glu Val Ser
145 150 155 160

Pro Ile Asn Ala Lys Gly Lys Lys Val Val Ile Ile Gly Gly Gly Asp
165 170 175

Thr Gly Thr Asp Cys Phe Gly Thr Ala Leu Arg Gln Gly Ala Glu Ser
180 185 190

Val Thr Gln Phe Asp Ile Arg Pro Arg Ala Pro Phe Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Ser

<210> 89
<211> 727
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(727)
<223> FRXA00365

<400> 89
gaagcctacg atcgcttgca cgcgaccaac aatttccccg agttcaccgg cgttttgtgc 60

```

ccccgaccct gcgaaggcgc ctgcgtgctc ggtatcaacg atg att ctg tca cca 115
                                Met Ile Leu Ser Pro

                                1                                5

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

                                10                                15                                20

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

                                25                                30                                35

gtc gtc ggt tcc ggc ccc gct ggc ctt gcc gcc gcg cag cag ctc acc 259
Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala Ala Gln Gln Leu Thr

                                40                                45                                50

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

                                55                                60                                65

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

                                70                                75                                80                                85

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

                                90                                95                                100

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

                                105                                110                                115

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

                                120                                125                                130

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

                                135                                140                                145

aac cgc atc aac gaa ggc gac ggt gaa gtc tct cca atc aac gcc aaa 595

```

Asn Arg Ile Asn Glu Gly Asp Gly Glu Val Ser Pro Ile Asn Ala Lys

150 155 160 165

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

170 175 180

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

185 190 195

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

200 205

<210> 90

<211> 209

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 90

Met Ile Leu Ser Pro Ser Lys Thr Phe Glu Leu Glu Ile Val Glu Lys
1 5 10 15

Ala Phe Arg Glu Gly Trp Val Gln Pro Val Ile Pro Ser Met Ser Thr
20 25 30

Gly Leu Ser Val Ala Val Val Gly Ser Gly Pro Ala Gly Leu Ala Ala
35 40 45

Ala Gln Gln Leu Thr Arg Ala Gly His Ser Val Thr Val Phe Glu Arg
50 55 60

Asp Asp Arg Leu Gly Gly Leu Met Arg Tyr Gly Val Pro Glu Tyr Lys
65 70 75 80

Met Glu Asn Arg Trp Ile Asp Arg Arg Ile Glu Gln Met Glu Ala Glu
85 90 95

Gly Thr Thr Phe Gln Val Gly Thr Ser Pro Arg Ala Ala Glu Leu Ala
100 105 110

Leu Phe Asp Ala Ile Leu Leu Ala Thr Gly Thr Pro Val Ala Arg Glu
115 120 125

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

Tyr Leu Thr Ala Gln Asn Arg Ile Asn Glu Gly Asp Gly Glu Val Ser
145 150 155 160

Pro Ile Asn Ala Lys Gly Lys Lys Val Val Ile Ile Gly Gly Gly Asp
165 170 175

Thr Gly Thr Asp Cys Phe Gly Thr Ala Leu Arg Gln Gly Ala Glu Ser
180 185 190

Val Thr Gln Phe Asp Ile Arg Pro Arg Ala Pro Phe Gln Arg Ala Asp
195 200 205

Ser

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

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(457)
<223> RXA00366

<400> 91
aaatcatgcc gcgcgatttc caaaaagtac tcaacatcat cgaaacggcc cagcgtgagg 60

gccaaagacc agcaatcaag atcatggagg cagtgaagcta atg gcc gac cca caa 115
Met Ala Asp Pro Gln
1 5

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

10	15	20	
ctg cgc ctc atg gac cac tcc gag gtc tac gaa aag gca ccg gca ggt			211
Leu Arg Leu Met Asp His Ser Glu Val Tyr Glu Lys Ala Pro Ala Gly			
25	30	35	
cag atc gag gaa cag gct gcc cgc tgc atg gat tgc ggt gtc ccg ttc			259
Gln Ile Glu Glu Gln Ala Ala Arg Cys Met Asp Cys Gly Val Pro Phe			
40	45	50	
tgc cac gaa ggc tgc cca ctg ggc aac atc atc cct gag tgg aat gat			307
Cys His Glu Gly Cys Pro Leu Gly Asn Ile Ile Pro Glu Trp Asn Asp			
55	60	65	
ctg gta cgc caa ggt cgg tgg aag gaa gcc tac gat cgc ttg cac gcg			355
Leu Val Arg Gln Gly Arg Trp Lys Glu Ala Tyr Asp Arg Leu His Ala			
70	75	80	85
acc aac aat ttc ccc gag ttc acc ggc cgt ttg tgc ccc gca ccc tgc			403
Thr Asn Asn Phe Pro Glu Phe Thr Gly Arg Leu Cys Pro Ala Pro Cys			
90	95	100	
gaa ggc gcc tgc gtg ctc ggt atc aac gat gat tct gtc acc atc aaa			451
Glu Gly Ala Cys Val Leu Gly Ile Asn Asp Asp Ser Val Thr Ile Lys			
105	110	115	
aac gtt tgagctggaa atcgtcgaaa aag			480
Asn Val			

<210> 92
 <211> 119
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 92
 Met Ala Asp Pro Gln Gly Phe Ile Lys Tyr Ser Arg Arg Glu Pro Ala
 1 5 10 15
 His Arg Pro Val Pro Leu Arg Leu Met Asp His Ser Glu Val Tyr Glu

20 25 30

Lys Ala Pro Ala Gly Gln Ile Glu Glu Gln Ala Ala Arg Cys Met Asp
35 40 45

Cys Gly Val Pro Phe Cys His Glu Gly Cys Pro Leu Gly Asn Ile Ile
50 55 60

Pro Glu Trp Asn Asp Leu Val Arg Gln Gly Arg Trp Lys Glu Ala Tyr
65 70 75 80

Asp Arg Leu His Ala Thr Asn Asn Phe Pro Glu Phe Thr Gly Arg Leu
85 90 95

Cys Pro Ala Pro Cys Glu Gly Ala Cys Val Leu Gly Ile Asn Asp Asp
100 105 110

Ser Val Thr Ile Lys Asn Val
115

<210> 93
<211> 1464
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1441)
<223> RXA02072

<400> 93
tacatggtgc cctcaatggg aaccaccaac atcactaaat ggcccaggta cacacttta 60

aatcgtgcgc gcatgcagcc gagatgggaa cgaggaaatc atg aca gtt gat gag 115
Met Thr Val Asp Glu
1 5

cag gtc tct aac tat tac gac atg ctt ctg aag cgc aat gct ggc gag 163
Gln Val Ser Asn Tyr Tyr Asp Met Leu Leu Lys Arg Asn Ala Gly Glu
10 15 20

cct gaa ttt cac cag gca gtg gca gag gtt ttg gaa tct ttg aag atc 211

Pro Glu Phe His Gln Ala Val Ala Glu Val Leu Glu Ser Leu Lys Ile
25 30 35

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

40 45 50

ctg tgc gag cct gag cgt cag ctc atc ttc cgt gtg cct tgg gtt gat 307
Leu Cys Glu Pro Glu Arg Gln Leu Ile Phe Arg Val Pro Trp Val Asp

55 60 65

gac cag ggc cag gtc cac gtc aac cgt ggt ttc cgc gtg cag ttc aac 355
Asp Gln Gly Gln Val His Val Asn Arg Gly Phe Arg Val Gln Phe Asn

70 75 80 85

tct gca ctt gga cca tac aag ggc ggc ctg cgc ttc cac cca tct gta 403
Ser Ala Leu Gly Pro Tyr Lys Gly Gly Leu Arg Phe His Pro Ser Val

90 95 100

aac ctg ggc att gtg aag ttc ctg ggc ttt gag cag atc ttt aaa aac 451
Asn Leu Gly Ile Val Lys Phe Leu Gly Phe Glu Gln Ile Phe Lys Asn

105 110 115

tcc cta acc ggc ctg cca atc ggt ggt ggc aag ggt gga tcc gac ttc 499
Ser Leu Thr Gly Leu Pro Ile Gly Gly Gly Lys Gly Gly Ser Asp Phe

120 125 130

gac cct aag ggc aag tcc gat ctg gaa atc atg cgt ttc tgc cag tcc 547
Asp Pro Lys Gly Lys Ser Asp Leu Glu Ile Met Arg Phe Cys Gln Ser

135 140 145

ttc atg acc gag ctg cac cgc cac atc ggt gag tac cgc gac gtt cct 595
Phe Met Thr Glu Leu His Arg His Ile Gly Glu Tyr Arg Asp Val Pro

150 155 160 165

gca ggt aac atc gga gtt ggt ggc cac gag atc ggt tac ctg ttt ggc 643
Ala Gly Asn Ile Gly Val Gly Gly His Glu Ile Gly Tyr Leu Phe Gly

170 175 180

cac tac cgt cgc atg gct aac cag cac gag tcc ggc gtt ttg acc ggt 691

His Tyr Arg Arg Met Ala Asn Gln His Glu Ser Gly Val Leu Thr Gly	
185	190
195	
aag ggc ctg acc tgg ggt gga tcc ctg gtc cgc acc gag gca act ggc	739
Lys Gly Leu Thr Trp Gly Gly Ser Leu Val Arg Thr Glu Ala Thr Gly	
200	205
210	
tac ggc tgc gtt tac ttc gtg agt gaa atg atc aag gct aag ggc gag	787
Tyr Gly Cys Val Tyr Phe Val Ser Glu Met Ile Lys Ala Lys Gly Glu	
215	220
225	
agc atc agc ggc cag aag atc atc gtt tcc ggt tcc ggc aac gta gca	835
Ser Ile Ser Gly Gln Lys Ile Ile Val Ser Gly Ser Gly Asn Val Ala	
230	235
240	245
acc tac gcg att gaa aag gct cag gaa ctc ggc gca acc gtt att ggt	883
Thr Tyr Ala Ile Glu Lys Ala Gln Glu Leu Gly Ala Thr Val Ile Gly	
250	255
260	
ttc tcc gat tcc agc ggt tgg gtt cat acc cct aac ggc gtt gac gtg	931
Phe Ser Asp Ser Ser Gly Trp Val His Thr Pro Asn Gly Val Asp Val	
265	270
275	
gct aag ctc cgc gaa atc aag gaa gtt cgt cgc gca cgc gta tcc gtg	979
Ala Lys Leu Arg Glu Ile Lys Glu Val Arg Arg Ala Arg Val Ser Val	
280	285
290	
tac gcc gac gaa gtt gaa ggc gca acc tac cac acc gac ggt tcc atc	1027
Tyr Ala Asp Glu Val Glu Gly Ala Thr Tyr His Thr Asp Gly Ser Ile	
295	300
305	
tgg gat ctc aag tgc gat atc gct ctt cct tgt gca act cag aac gag	1075
Trp Asp Leu Lys Cys Asp Ile Ala Leu Pro Cys Ala Thr Gln Asn Glu	
310	315
320	325
ctc aac ggc gag aac gct aag act ctt gca gac aac ggc tgc cgt ttc	1123
Leu Asn Gly Glu Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp Asn Gly Cys Arg Phe	
330	335
340	
gtt gct gaa ggc gcg aac atg cct tcc acc cct gag gct gtt gag gtc	1171

Val Ala Glu Gly Ala Asn Met Pro Ser Thr Pro Glu Ala Val Glu Val
345 350 355

ttc cgt gag cgc gac atc cgc ttc gga cca ggc aag gca gct aac gct 1219
Phe Arg Glu Arg Asp Ile Arg Phe Gly Pro Gly Lys Ala Ala Asn Ala

360 365 370

ggt ggc gtt gca acc tcc gct ctg gag atg cag cag aac gct tcg cgc 1267
Gly Gly Val Ala Thr Ser Ala Leu Glu Met Gln Gln Asn Ala Ser Arg

375 380 385

gat tcc tgg agc ttc gag tac acc gac gag cgc ctc cag gtg atc atg 1315
Asp Ser Trp Ser Phe Glu Tyr Thr Asp Glu Arg Leu Gln Val Ile Met

390 395 400 405

aag aac atc ttc aag acc tgt gca gag acc gca gca gag tat gga cac 1363
Lys Asn Ile Phe Lys Thr Cys Ala Glu Thr Ala Ala Glu Tyr Gly His

410 415 420

gag aac gat tac gtt gtc ggc gct aac att gct ggc ttc aag aag gta 1411
Glu Asn Asp Tyr Val Val Gly Ala Asn Ile Ala Gly Phe Lys Lys Val

425 430 435

gct gac gcg atg ctg gca cag ggc gtc atc taagaccctt gcgctttact 1461
Ala Asp Ala Met Leu Ala Gln Gly Val Ile

440 445

taa 1464

<210> 94
<211> 447
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 94
Met Thr Val Asp Glu Gln Val Ser Asn Tyr Tyr Asp Met Leu Leu Lys
1 5 10 15

Arg Asn Ala Gly Glu Pro Glu Phe His Gln Ala Val Ala Glu Val Leu
20 25 30

Glu Ser Leu Lys Ile Val Leu Glu Lys Asp Pro His Tyr Ala Asp Tyr
35 40 45

Gly Leu Ile Gln Arg Leu Cys Glu Pro Glu Arg Gln Leu Ile Phe Arg
50 55 60

Val Pro Trp Val Asp Asp Gln Gly Gln Val His Val Asn Arg Gly Phe
65 70 75 80

Arg Val Gln Phe Asn Ser Ala Leu Gly Pro Tyr Lys Gly Gly Leu Arg
85 90 95

Phe His Pro Ser Val Asn Leu Gly Ile Val Lys Phe Leu Gly Phe Glu
100 105 110

Gln Ile Phe Lys Asn Ser Leu Thr Gly Leu Pro Ile Gly Gly Gly Lys
115 120 125

Gly Gly Ser Asp Phe Asp Pro Lys Gly Lys Ser Asp Leu Glu Ile Met
130 135 140

Arg Phe Cys Gln Ser Phe Met Thr Glu Leu His Arg His Ile Gly Glu
145 150 155 160

Tyr Arg Asp Val Pro Ala Gly Asn Ile Gly Val Gly Gly His Glu Ile
165 170 175

Gly Tyr Leu Phe Gly His Tyr Arg Arg Met Ala Asn Gln His Glu Ser
180 185 190

Gly Val Leu Thr Gly Lys Gly Leu Thr Trp Gly Gly Ser Leu Val Arg
195 200 205

Thr Glu Ala Thr Gly Tyr Gly Cys Val Tyr Phe Val Ser Glu Met Ile
210 215 220

Lys Ala Lys Gly Glu Ser Ile Ser Gly Gln Lys Ile Ile Val Ser Gly
225 230 235 240

Ser Gly Asn Val Ala Thr Tyr Ala Ile Glu Lys Ala Gln Glu Leu Gly

245

250

255

Ala Thr Val Ile Gly Phe Ser Asp Ser Ser Gly Trp Val His Thr Pro
260 265 270

Asn Gly Val Asp Val Ala Lys Leu Arg Glu Ile Lys Glu Val Arg Arg
275 280 285

Ala Arg Val Ser Val Tyr Ala Asp Glu Val Glu Gly Ala Thr Tyr His
290 295 300

Thr Asp Gly Ser Ile Trp Asp Leu Lys Cys Asp Ile Ala Leu Pro Cys
305 310 315 320

Ala Thr Gln Asn Glu Leu Asn Gly Glu Asn Ala Lys Thr Leu Ala Asp
325 330 335

Asn Gly Cys Arg Phe Val Ala Glu Gly Ala Asn Met Pro Ser Thr Pro
340 345 350

Glu Ala Val Glu Val Phe Arg Glu Arg Asp Ile Arg Phe Gly Pro Gly
355 360 365

Lys Ala Ala Asn Ala Gly Gly Val Ala Thr Ser Ala Leu Glu Met Gln
370 375 380

Gln Asn Ala Ser Arg Asp Ser Trp Ser Phe Glu Tyr Thr Asp Glu Arg
385 390 395 400

Leu Gln Val Ile Met Lys Asn Ile Phe Lys Thr Cys Ala Glu Thr Ala
405 410 415

Ala Glu Tyr Gly His Glu Asn Asp Tyr Val Val Gly Ala Asn Ile Ala
420 425 430

Gly Phe Lys Lys Val Ala Asp Ala Met Leu Ala Gln Gly Val Ile
435 440 445

<210> 95

<211> 1461

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1438)

<223> RXA00323

<400> 95

cgcgacatcc ttgagtaact ctgagaaaaa ctacccccga tgggagtata aaagtggcaa 60

atgcgcagtc gatgtcccat cgctgcgtag attagttttc atg aac agc gaa cag 115
Met Asn Ser Glu Gln

1 5

gaa ttt gta ctc agc gcc att gaa gaa cgc gac att aag ttt gtg cgt 163
Glu Phe Val Leu Ser Ala Ile Glu Glu Arg Asp Ile Lys Phe Val Arg

10 15 20

cta tgg ttc act gac att ctt ggc cac ttg aag tca gtg gtt gtg gct 211
Leu Trp Phe Thr Asp Ile Leu Gly His Leu Lys Ser Val Val Val Ala

25 30 35

cct gca gaa cta gag tct gcg ttg gaa gaa ggc atc gga ttc gat ggc 259
Pro Ala Glu Leu Glu Ser Ala Leu Glu Glu Gly Ile Gly Phe Asp Gly

40 45 50

tca gcc att gag ggc tac gcg cgt atc tcg gaa gcg gac acc att gcc 307
Ser Ala Ile Glu Gly Tyr Ala Arg Ile Ser Glu Ala Asp Thr Ile Ala

55 60 65

cgc cca gat cca tcg aca ttc cag gtc ctc cca cta gaa gcg ggc atc 355
Arg Pro Asp Pro Ser Thr Phe Gln Val Leu Pro Leu Glu Ala Gly Ile

70 75 80 85

tca aaa ctg cag gca gca cgc ctg ttt tgc gat gtc acg atg cca gac 403
Ser Lys Leu Gln Ala Ala Arg Leu Phe Cys Asp Val Thr Met Pro Asp

90 95 100

gga cag cca tct ttt tct gac ccg cgc caa gtg ctg cgc agg cag gtc 451
Gly Gln Pro Ser Phe Ser Asp Pro Arg Gln Val Leu Arg Arg Gln Val

105 110 115

caa cta gct gca gat gaa ggc ttg acc tgc atg atc tca cca gag att 499
Gln Leu Ala Ala Asp Glu Gly Leu Thr Cys Met Ile Ser Pro Glu Ile

120 125 130

gag ttc tat ttg gtg caa agc ctt cgc acc aac gga ctg cca cct gtg 547
Glu Phe Tyr Leu Val Gln Ser Leu Arg Thr Asn Gly Leu Pro Pro Val

135 140 145

ccc act gac aac ggc gga tat ttc gac caa gcc aca ttc aat gag gcg 595
Pro Thr Asp Asn Gly Gly Tyr Phe Asp Gln Ala Thr Phe Asn Glu Ala

150 155 160 165

ccg aat ttc cgt cga aac gcg atg gta gcg ctg gag gaa ctc ggc atc 643
Pro Asn Phe Arg Arg Asn Ala Met Val Ala Leu Glu Glu Leu Gly Ile

170 175 180

cct gtc gag ttc tcc cac cat gaa act gca cct ggc cag caa gaa atc 691
Pro Val Glu Phe Ser His His Glu Thr Ala Pro Gly Gln Gln Glu Ile

185 190 195

gat tta cgc cat gcg gat gcg ctc acc atg gcc gac aac atc atg acc 739
Asp Leu Arg His Ala Asp Ala Leu Thr Met Ala Asp Asn Ile Met Thr

200 205 210

ttc cgc tac atc atg aaa cag gtg gca agg gac caa ggc gtc ggg gca 787
Phe Arg Tyr Ile Met Lys Gln Val Ala Arg Asp Gln Gly Val Gly Ala

215 220 225

tca ttt atg ccc aag cca ttc caa gaa cat gca ggc tcc gcc atg cac 835
Ser Phe Met Pro Lys Pro Phe Gln Glu His Ala Gly Ser Ala Met His

230 235 240 245

acg cac atg tcc tta ttt gag ggc gat acc aac gcg ttc cac gat cca 883
Thr His Met Ser Leu Phe Glu Gly Asp Thr Asn Ala Phe His Asp Pro

250 255 260

gac gat tct tac atg ctg tcc aaa acc gca aaa cag ttc atc gct gga 931
Asp Asp Ser Tyr Met Leu Ser Lys Thr Ala Lys Gln Phe Ile Ala Gly

265 270 275

atc ttg cat cac gct cca gaa ttc acc gct gtg acc aac cag tgg gtc 979
Ile Leu His His Ala Pro Glu Phe Thr Ala Val Thr Asn Gln Trp Val

280 285 290

aat tcc tac aaa cgc atc gtg tac gga aac gaa gct cca act gcg gca 1027
Asn Ser Tyr Lys Arg Ile Val Tyr Gly Asn Glu Ala Pro Thr Ala Ala

295 300 305

acc tgg ggt gta tct aat cgt tct gcg ctg gtt cgt gtt cct acc tac 1075
Thr Trp Gly Val Ser Asn Arg Ser Ala Leu Val Arg Val Pro Thr Tyr

310 315 320 325

cgt ttg aat aag gag gag tcg cgc cgg gtg gag gtg cgt ctt cct gat 1123
Arg Leu Asn Lys Glu Glu Ser Arg Arg Val Glu Val Arg Leu Pro Asp

330 335 340

acc gct tgt aac cca tat ttg gcg ttt tca gtg atg ctc ggc gct ggt 1171
Thr Ala Cys Asn Pro Tyr Leu Ala Phe Ser Val Met Leu Gly Ala Gly

345 350 355

ttg aaa ggc att aaa gaa ggt tat gag ctc gac gag cca gct gag gac 1219
Leu Lys Gly Ile Lys Glu Gly Tyr Glu Leu Asp Glu Pro Ala Glu Asp

360 365 370

gat atc tcc aac ttg agc ttc cgg gaa cgt cgc gcc atg ggc tac aac 1267
Asp Ile Ser Asn Leu Ser Phe Arg Glu Arg Arg Ala Met Gly Tyr Asn

375 380 385

gat ctg cca agc agc ctt gat cag gca ctg cgc caa atg gaa aag tca 1315
Asp Leu Pro Ser Ser Leu Asp Gln Ala Leu Arg Gln Met Glu Lys Ser

390 395 400 405

gag ctt gtt gct gac atc ctc ggt gag cac gtt ttt gag ttt ttc ttg 1363
Glu Leu Val Ala Asp Ile Leu Gly Glu His Val Phe Glu Phe Phe Leu

410 415 420

cgc aat aag tgg cgt gaa tgg cgt gac tac caa gag cag atc act ccg 1411
Arg Asn Lys Trp Arg Glu Trp Arg Asp Tyr Gln Glu Gln Ile Thr Pro

425 430 435

tgg gag ctc cga aac aat ctt gat tac tagacttttg cactccaatg 1458
Trp Glu Leu Arg Asn Asn Leu Asp Tyr

440 445

gaa 1461

<210> 96
<211> 446
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 96
Met Asn Ser Glu Gln Glu Phe Val Leu Ser Ala Ile Glu Glu Arg Asp
1 5 10 15

Ile Lys Phe Val Arg Leu Trp Phe Thr Asp Ile Leu Gly His Leu Lys
20 25 30

Ser Val Val Val Ala Pro Ala Glu Leu Glu Ser Ala Leu Glu Glu Gly
35 40 45

Ile Gly Phe Asp Gly Ser Ala Ile Glu Gly Tyr Ala Arg Ile Ser Glu
50 55 60

Ala Asp Thr Ile Ala Arg Pro Asp Pro Ser Thr Phe Gln Val Leu Pro
65 70 75 80

Leu Glu Ala Gly Ile Ser Lys Leu Gln Ala Ala Arg Leu Phe Cys Asp
85 90 95

Val Thr Met Pro Asp Gly Gln Pro Ser Phe Ser Asp Pro Arg Gln Val
100 105 110

Leu Arg Arg Gln Val Gln Leu Ala Ala Asp Glu Gly Leu Thr Cys Met
115 120 125

Ile Ser Pro Glu Ile Glu Phe Tyr Leu Val Gln Ser Leu Arg Thr Asn
130 135 140

Gly Leu Pro Pro Val Pro Thr Asp Asn Gly Gly Tyr Phe Asp Gln Ala

145	150	155	160
Thr Phe Asn Glu Ala Pro Asn Phe Arg Arg Asn Ala Met Val Ala Leu			
	165	170	175
Glu Glu Leu Gly Ile Pro Val Glu Phe Ser His His Glu Thr Ala Pro			
	180	185	190
Gly Gln Gln Glu Ile Asp Leu Arg His Ala Asp Ala Leu Thr Met Ala			
	195	200	205
Asp Asn Ile Met Thr Phe Arg Tyr Ile Met Lys Gln Val Ala Arg Asp			
	210	215	220
Gln Gly Val Gly Ala Ser Phe Met Pro Lys Pro Phe Gln Glu His Ala			
	225	230	235
Gly Ser Ala Met His Thr His Met Ser Leu Phe Glu Gly Asp Thr Asn			
	245	250	255
Ala Phe His Asp Pro Asp Asp Ser Tyr Met Leu Ser Lys Thr Ala Lys			
	260	265	270
Gln Phe Ile Ala Gly Ile Leu His His Ala Pro Glu Phe Thr Ala Val			
	275	280	285
Thr Asn Gln Trp Val Asn Ser Tyr Lys Arg Ile Val Tyr Gly Asn Glu			
	290	295	300
Ala Pro Thr Ala Ala Thr Trp Gly Val Ser Asn Arg Ser Ala Leu Val			
	305	310	315
Arg Val Pro Thr Tyr Arg Leu Asn Lys Glu Glu Ser Arg Arg Val Glu			
	325	330	335
Val Arg Leu Pro Asp Thr Ala Cys Asn Pro Tyr Leu Ala Phe Ser Val			
	340	345	350
Met Leu Gly Ala Gly Leu Lys Gly Ile Lys Glu Gly Tyr Glu Leu Asp			
	355	360	365
Glu Pro Ala Glu Asp Asp Ile Ser Asn Leu Ser Phe Arg Glu Arg Arg			

370

375

380

Ala Met Gly Tyr Asn Asp Leu Pro Ser Ser Leu Asp Gln Ala Leu Arg
385 390 395 400

Gln Met Glu Lys Ser Glu Leu Val Ala Asp Ile Leu Gly Glu His Val
405 410 415

Phe Glu Phe Phe Leu Arg Asn Lys Trp Arg Glu Trp Arg Asp Tyr Gln
420 425 430

Glu Gln Ile Thr Pro Trp Glu Leu Arg Asn Asn Leu Asp Tyr
435 440 445

<210> 97

<211> 1554

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1531)

<223> RXA00335

<400> 97

actacatttg cagccaagtc tactacttga tcttcaaagg tcagcaattg tgaacaaagc 60

tacaaataaa ccgttccgcc catgtcaatg aggagtcacc gtg gcg ttt gaa acc 115
Val Ala Phe Glu Thr

1 5

ccg gaa gaa att gtc aag ttc atc aag gat gaa aac gtc gag ttc gtt 163
Pro Glu Glu Ile Val Lys Phe Ile Lys Asp Glu Asn Val Glu Phe Val

10 15 20

gac gtt cga ttc acc gac ctt ccc ggc acc gag cag cac ttc agc atc 211
Asp Val Arg Phe Thr Asp Leu Pro Gly Thr Glu Gln His Phe Ser Ile

25 30 35

cca gct gcc agc ttc gat gca gat aca atc gaa gaa ggt ctc gca ttc 259
Pro Ala Ala Ser Phe Asp Ala Asp Thr Ile Glu Glu Gly Leu Ala Phe

40	45	50	
gac gga tcc tcg atc cgt ggc ttc acc acg atc gac gaa tct gac atg			307
Asp Gly Ser Ser Ile Arg Gly Phe Thr Thr Ile Asp Glu Ser Asp Met			
55	60	65	
aat ctc ctg cca gac ctc gga acg gcc acc ctt gat cca ttc cgc aag			355
Asn Leu Leu Pro Asp Leu Gly Thr Ala Thr Leu Asp Pro Phe Arg Lys			
70	75	80	85
gca aag acc ctg aac gtt aag ttc ttc gtt cac gat cct ttc acc cgc			403
Ala Lys Thr Leu Asn Val Lys Phe Phe Val His Asp Pro Phe Thr Arg			
90	95	100	
gag gca ttc tcc cgc gac cca cgc aac gtg gca cgc aag gca gag cag			451
Glu Ala Phe Ser Arg Asp Pro Arg Asn Val Ala Arg Lys Ala Glu Gln			
105	110	115	
tac ctg gca tcc acc ggc att gca gac acc tgc aac ttc ggc gcc gag			499
Tyr Leu Ala Ser Thr Gly Ile Ala Asp Thr Cys Asn Phe Gly Ala Glu			
120	125	130	
gct gag ttc tac ctc ttc gac tcc gtt cgc tac tcc acc gag atg aac			547
Ala Glu Phe Tyr Leu Phe Asp Ser Val Arg Tyr Ser Thr Glu Met Asn			
135	140	145	
tcc ggc ttc tac gaa gta gat acc gaa gaa ggc tgg tgg aac cgt ggc			595
Ser Gly Phe Tyr Glu Val Asp Thr Glu Glu Gly Trp Trp Asn Arg Gly			
150	155	160	165
aag gaa acc aac ctc gac ggc acc cca aac ctg ggc gca aag aac cgc			643
Lys Glu Thr Asn Leu Asp Gly Thr Pro Asn Leu Gly Ala Lys Asn Arg			
170	175	180	
gtc aag ggt ggc tac ttc cca gta gca cca tac gac caa acc gtt gac			691
Val Lys Gly Gly Tyr Phe Pro Val Ala Pro Tyr Asp Gln Thr Val Asp			
185	190	195	
gtg cgc gat gac atg gtt cgc aac ctc gca gct tcc ggc ttc gct ctt			739
Val Arg Asp Asp Met Val Arg Asn Leu Ala Ala Ser Gly Phe Ala Leu			

200	205	210	
gag cgt ttc cac cac gaa gtc ggt ggc gga cag cag gaa atc aac tac 787			
Glu Arg Phe His His Glu Val Gly Gly Gly Gln Gln Glu Ile Asn Tyr			
215	220	225	
cgc ttc aac acc atg ctc cac gcg gca gat gat atc cag acc ttc aag 835			
Arg Phe Asn Thr Met Leu His Ala Ala Asp Asp Ile Gln Thr Phe Lys			
230	235	240	245
tac atc atc aag aac acc gct cgc ctc cac ggc aag gct gca acc ttc 883			
Tyr Ile Ile Lys Asn Thr Ala Arg Leu His Gly Lys Ala Ala Thr Phe			
250	255	260	
atg cct aag cca ctg gct ggc gac aac ggt tcc ggc atg cac gct cac 931			
Met Pro Lys Pro Leu Ala Gly Asp Asn Gly Ser Gly Met His Ala His			
265	270	275	
cag tcc ctc tgg aag gac ggc aag cca ctc ttc cac gat gag tcc ggc 979			
Gln Ser Leu Trp Lys Asp Gly Lys Pro Leu Phe His Asp Glu Ser Gly			
280	285	290	
tac gca ggc ctg tcc gac atc gcc cgc tac tac atc ggc ggc atc ctg 1027			
Tyr Ala Gly Leu Ser Asp Ile Ala Arg Tyr Tyr Ile Gly Gly Ile Leu			
295	300	305	
cac cac gca ggc gct gtt ctg gcg ttc acc aac gca acc ctg aac tcc 1075			
His His Ala Gly Ala Val Leu Ala Phe Thr Asn Ala Thr Leu Asn Ser			
310	315	320	325
tac cac cgt ctg gtt cca ggc ttc gag gct cca atc aac ctg gtg tac 1123			
Tyr His Arg Leu Val Pro Gly Phe Glu Ala Pro Ile Asn Leu Val Tyr			
330	335	340	
tca cag cgc aac cgt tcc gct gct gtc cgt atc cca atc acc gga tcc 1171			
Ser Gln Arg Asn Arg Ser Ala Ala Val Arg Ile Pro Ile Thr Gly Ser			
345	350	355	
aac ccg aag gca aag cgc atc gaa ttc cgc gct cca gac cca tca ggc 1219			
Asn Pro Lys Ala Lys Arg Ile Glu Phe Arg Ala Pro Asp Pro Ser Gly			

360	365	370	
aac cca tac ctg ggc ttt gca gcg atg atg atg gcc ggc ctc gac ggc			1267
Asn Pro Tyr Leu Gly Phe Ala Ala Met Met Met Ala Gly Leu Asp Gly			
375	380	385	
atc aag aac cgc atc gag cca cac gct cca gtg gac aag gac ctc tac			1315
Ile Lys Asn Arg Ile Glu Pro His Ala Pro Val Asp Lys Asp Leu Tyr			
390	395	400	405
gaa cta cca cca gag gaa gct gca tcc att cca cag gca cca acc tcc			1363
Glu Leu Pro Pro Glu Glu Ala Ala Ser Ile Pro Gln Ala Pro Thr Ser			
410	415	420	
ctg gaa gca tcc ctg aag gca ctg cag gaa gac acc gac ttc ctc acc			1411
Leu Glu Ala Ser Leu Lys Ala Leu Gln Glu Asp Thr Asp Phe Leu Thr			
425	430	435	
gag tct gac gtc ttc acc gag gat ctc atc gag gcg tac atc cag tac			1459
Glu Ser Asp Val Phe Thr Glu Asp Leu Ile Glu Ala Tyr Ile Gln Tyr			
440	445	450	
aag tac gac aac gag atc tcc cca gtt cgc ctg cgc cca acc ccg cag			1507
Lys Tyr Asp Asn Glu Ile Ser Pro Val Arg Leu Arg Pro Thr Pro Gln			
455	460	465	
gaa ttc gaa ttg tac ttc gac tgc taattcactt agctagccga tag			1554
Glu Phe Glu Leu Tyr Phe Asp Cys			

470

475

<210> 98

<211> 477

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 98

Val Ala Phe Glu Thr Pro Glu Glu Ile Val Lys Phe Ile Lys Asp Glu

1

5

10

15

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

20 25 30

Gln His Phe Ser Ile Pro Ala Ala Ser Phe Asp Ala Asp Thr Ile Glu
35 40 45

Glu Gly Leu Ala Phe Asp Gly Ser Ser Ile Arg Gly Phe Thr Thr Ile
50 55 60

Asp Glu Ser Asp Met Asn Leu Leu Pro Asp Leu Gly Thr Ala Thr Leu
65 70 75 80

Asp Pro Phe Arg Lys Ala Lys Thr Leu Asn Val Lys Phe Phe Val His
85 90 95

Asp Pro Phe Thr Arg Glu Ala Phe Ser Arg Asp Pro Arg Asn Val Ala
100 105 110

Arg Lys Ala Glu Gln Tyr Leu Ala Ser Thr Gly Ile Ala Asp Thr Cys
115 120 125

Asn Phe Gly Ala Glu Ala Glu Phe Tyr Leu Phe Asp Ser Val Arg Tyr
130 135 140

Ser Thr Glu Met Asn Ser Gly Phe Tyr Glu Val Asp Thr Glu Glu Gly
145 150 155 160

Trp Trp Asn Arg Gly Lys Glu Thr Asn Leu Asp Gly Thr Pro Asn Leu
165 170 175

Gly Ala Lys Asn Arg Val Lys Gly Gly Tyr Phe Pro Val Ala Pro Tyr
180 185 190

Asp Gln Thr Val Asp Val Arg Asp Asp Met Val Arg Asn Leu Ala Ala
195 200 205

Ser Gly Phe Ala Leu Glu Arg Phe His His Glu Val Gly Gly Gly Gln
210 215 220

Gln Glu Ile Asn Tyr Arg Phe Asn Thr Met Leu His Ala Ala Asp Asp
225 230 235 240

Ile Gln Thr Phe Lys Tyr Ile Ile Lys Asn Thr Ala Arg Leu His Gly

245

250

255

Lys Ala Ala Thr Phe Met Pro Lys Pro Leu Ala Gly Asp Asn Gly Ser
260 265 270

Gly Met His Ala His Gln Ser Leu Trp Lys Asp Gly Lys Pro Leu Phe
275 280 285

His Asp Glu Ser Gly Tyr Ala Gly Leu Ser Asp Ile Ala Arg Tyr Tyr
290 295 300

Ile Gly Gly Ile Leu His His Ala Gly Ala Val Leu Ala Phe Thr Asn
305 310 315 320

Ala Thr Leu Asn Ser Tyr His Arg Leu Val Pro Gly Phe Glu Ala Pro
325 330 335

Ile Asn Leu Val Tyr Ser Gln Arg Asn Arg Ser Ala Ala Val Arg Ile
340 345 350

Pro Ile Thr Gly Ser Asn Pro Lys Ala Lys Arg Ile Glu Phe Arg Ala
355 360 365

Pro Asp Pro Ser Gly Asn Pro Tyr Leu Gly Phe Ala Ala Met Met Met
370 375 380

Ala Gly Leu Asp Gly Ile Lys Asn Arg Ile Glu Pro His Ala Pro Val
385 390 395 400

Asp Lys Asp Leu Tyr Glu Leu Pro Pro Glu Glu Ala Ala Ser Ile Pro
405 410 415

Gln Ala Pro Thr Ser Leu Glu Ala Ser Leu Lys Ala Leu Gln Glu Asp
420 425 430

Thr Asp Phe Leu Thr Glu Ser Asp Val Phe Thr Glu Asp Leu Ile Glu
435 440 445

Ala Tyr Ile Gln Tyr Lys Tyr Asp Asn Glu Ile Ser Pro Val Arg Leu
450 455 460

Arg Pro Thr Pro Gln Glu Phe Glu Leu Tyr Phe Asp Cys
465 470 475

<210> 99

<211> 3258

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(3235)

<223> RXA00324

<400> 99

tccgtgggag ctccgaaaca atcttgatta ctagactttt gcactccaat ggaaacccta 60

cggcgaccca attgcgaccc gatgaaggag gggagaagct atg tca gga ccg tta 115
Met Ser Gly Pro Leu

1 5

aga agt gaa cgt aaa gtc gtt ggc ttt gtc aga gac cca ctg cca aaa 163
Arg Ser Glu Arg Lys Val Val Gly Phe Val Arg Asp Pro Leu Pro Lys

10 15 20

gtt ggt tct tta tcg ctg aaa tct gag cat gcc caa gca gat cta gag 211
Val Gly Ser Leu Ser Leu Lys Ser Glu His Ala Gln Ala Asp Leu Glu

25 30 35

cat ttg ggt tgg cgc aat gtt gag tct ttg gat ttg ttg tgg ggc ttg 259
His Leu Gly Trp Arg Asn Val Glu Ser Leu Asp Leu Leu Trp Gly Leu

40 45 50

tca ggt gca ggc gat ccc gat gtc gcg ctg aac ctt ctt att cgg ctg 307
Ser Gly Ala Gly Asp Pro Asp Val Ala Leu Asn Leu Leu Ile Arg Leu

55 60 65

tat cag gca ctt gaa gca atc ggc gag gat gct cga aac gag ctt gat 355
Tyr Gln Ala Leu Glu Ala Ile Gly Glu Asp Ala Arg Asn Glu Leu Asp

70 75 80 85

caa gag att cgc cag gat gaa aaa cta cga gtc cgc ctt ttt gca ttg 403
Gln Glu Ile Arg Gln Asp Glu Lys Leu Arg Val Arg Leu Phe Ala Leu

90	95	100	
ttg ggt ggt tcc tcg gct gtc ggt gat cac ttg gtc gcc aat cct ttg			451
Leu Gly Gly Ser Ser Ala Val Gly Asp His Leu Val Ala Asn Pro Leu			
105	110	115	
cag tgg aaa ctc tta aaa ctt gat gcg cca tcg agg gaa gag atg ttt			499
Gln Trp Lys Leu Leu Lys Leu Asp Ala Pro Ser Arg Glu Glu Met Phe			
120	125	130	
cag gcg ctg ctg gaa tct gtg aaa gct cag cct gct gtg ctt gag gtt			547
Gln Ala Leu Leu Glu Ser Val Lys Ala Gln Pro Ala Val Leu Glu Val			
135	140	145	
gag gat ttc agc gat gca cac aac att gcc cga gac gat ttg agc acg			595
Glu Asp Phe Ser Asp Ala His Asn Ile Ala Arg Asp Asp Leu Ser Thr			
150	155	160	165
cct ggt ttt tac acg gct agt gtt acc ggg cct gaa gca gag cga gtc			643
Pro Gly Phe Tyr Thr Ala Ser Val Thr Gly Pro Glu Ala Glu Arg Val			
170	175	180	
ttg aaa tgg act tat cgc acg ttg ctg acc cgg att gct gcg cat gat			691
Leu Lys Trp Thr Tyr Arg Thr Leu Leu Thr Arg Ile Ala Ala His Asp			
185	190	195	
tta gcg ggt acc tat ccc acc gac atg cgg aga aaa ggt ggc gat cct			739
Leu Ala Gly Thr Tyr Pro Thr Asp Met Arg Arg Lys Gly Gly Asp Pro			
200	205	210	
gtt ccg ttt agc aca gtg acc atg cag ctc agc gac cta gct gat gct			787
Val Pro Phe Ser Thr Val Thr Met Gln Leu Ser Asp Leu Ala Asp Ala			
215	220	225	
gct ttg act gct gct tta gct gtg gca att gcc aat gtt tat ggt gaa			835
Ala Leu Thr Ala Ala Leu Ala Val Ala Ile Ala Asn Val Tyr Gly Glu			
230	235	240	245
aag ccg gtt gat tca gct tta tct gtc atc gcg atg ggc aaa tgt ggc			883
Lys Pro Val Asp Ser Ala Leu Ser Val Ile Ala Met Gly Lys Cys Gly			

250	255	260	
gcg cag gaa ttg aac tac att tca gat gtg gac gtg gtg ttt gtt gca			931
Ala Gln Glu Leu Asn Tyr Ile Ser Asp Val Asp Val Val Phe Val Ala			
265	270	275	
gag ccg gca aac tct aaa tca aca cgc acc gca gca gag ctc att cgc			979
Glu Pro Ala Asn Ser Lys Ser Thr Arg Thr Ala Ala Glu Leu Ile Arg			
280	285	290	
atc ggt agc aac tcg ttc ttt gag gtg gat gca gca ctt cgc cca gaa			1027
Ile Gly Ser Asn Ser Phe Phe Glu Val Asp Ala Ala Leu Arg Pro Glu			
295	300	305	
ggt aaa agt ggc gct ctt gtg cgc tct ttg gat tcc cat atg gcg tat			1075
Gly Lys Ser Gly Ala Leu Val Arg Ser Leu Asp Ser His Met Ala Tyr			
310	315	320	325
tac aag cgc tgg gcg gaa acc tgg gag ttt cag gca ctg ctg aaa gct			1123
Tyr Lys Arg Trp Ala Glu Thr Trp Glu Phe Gln Ala Leu Leu Lys Ala			
330	335	340	
cgt ccc atg acg ggt gat att aac ctt ggg cag tcc tat gtg gat gct			1171
Arg Pro Met Thr Gly Asp Ile Asn Leu Gly Gln Ser Tyr Val Asp Ala			
345	350	355	
ctt tca ccg ttg att tgg acg gct agc cag cgg gaa tca ttt gtc aca			1219
Leu Ser Pro Leu Ile Trp Thr Ala Ser Gln Arg Glu Ser Phe Val Thr			
360	365	370	
gat gtc caa gct atg cgc cgt cga gtg ttg gac aat gtt ccg gaa gac			1267
Asp Val Gln Ala Met Arg Arg Arg Val Leu Asp Asn Val Pro Glu Asp			
375	380	385	
ttg cgt gat cgt gag ctg aag ctt ggt cgc ggt ggt ttg agg gat gtg			1315
Leu Arg Asp Arg Glu Leu Lys Leu Gly Arg Gly Gly Leu Arg Asp Val			
390	395	400	405
gag ttt gct gtc cag ctc ctt cag atg gtg cat ggt cgc att gat gag			1363
Glu Phe Ala Val Gln Leu Leu Gln Met Val His Gly Arg Ile Asp Glu			

410	415	420	
acg ttg cgg gtt cgg tca acg gta aat gct ttg cat gtg ttg gtt gat			1411
Thr Leu Arg Val Arg Ser Thr Val Asn Ala Leu His Val Leu Val Asp			
425	430	435	
cag gga tat gtg ggt cgt gaa gac ggg cat aat ctc att gag tcg tat			1459
Gln Gly Tyr Val Gly Arg Glu Asp Gly His Asn Leu Ile Glu Ser Tyr			
440	445	450	
gag ttt ttg cgt ctg ttg gag cat cgc ctt caa ttg gag cgg atc aag			1507
Glu Phe Leu Arg Leu Leu Glu His Arg Leu Gln Leu Glu Arg Ile Lys			
455	460	465	
cgc act cac ttg tta ccg aaa cct gat gac cga atg aat atg cgc tgg			1555
Arg Thr His Leu Leu Pro Lys Pro Asp Asp Arg Met Asn Met Arg Trp			
470	475	480	485
ttg gcg cgc gct tct ggg ttt act ggt tcg atg gag caa agt tcg gcc			1603
Leu Ala Arg Ala Ser Gly Phe Thr Gly Ser Met Glu Gln Ser Ser Ala			
490	495	500	
aaa gct atg gaa cgg cat ttg cgt aag gtt cgt ttg cag att cag tcg			1651
Lys Ala Met Glu Arg His Leu Arg Lys Val Arg Leu Gln Ile Gln Ser			
505	510	515	
ttg cat agt cag ctg ttt tat cgg cca ctg ctg aac tct gtg gtc aac			1699
Leu His Ser Gln Leu Phe Tyr Arg Pro Leu Leu Asn Ser Val Val Asn			
520	525	530	
ttg agc gcg gat gcc atc agg ttg tct ccg gat gct gca aag cta caa			1747
Leu Ser Ala Asp Ala Ile Arg Leu Ser Pro Asp Ala Ala Lys Leu Gln			
535	540	545	
ttg gcg gca ttg gga tac ctg cat cca tca cgt gct tat gaa cac ctg			1795
Leu Ala Ala Leu Gly Tyr Leu His Pro Ser Arg Ala Tyr Glu His Leu			
550	555	560	565
act gct ctt gca tca gga gct agc cgt aaa gcc aag att cag gcg atg			1843
Thr Ala Leu Ala Ser Gly Ala Ser Arg Lys Ala Lys Ile Gln Ala Met			

570	575	580	
ttg ctg ccc acg ttg atg gag tgg ctg tct caa aca gct gaa cca gat			1891
Leu Leu Pro Thr Leu Met Glu Trp Leu Ser Gln Thr Ala Glu Pro Asp			
585	590	595	
gcg gga ttg ctg aat tac cgc aag ctt tct gat gct tcc tat gat cg			1939
Ala Gly Leu Leu Asn Tyr Arg Lys Leu Ser Asp Ala Ser Tyr Asp Arg			
600	605	610	
agc tgg ttt ttg cgc atg ctg cgt gat gag ggc gta gtg ggg cag cgg			1987
Ser Trp Phe Leu Arg Met Leu Arg Asp Glu Gly Val Val Gly Gln Arg			
615	620	625	
ttg atg cgt att ttg gga aat tct ccc tat att tct gaa ctg att atc			2035
Leu Met Arg Ile Leu Gly Asn Ser Pro Tyr Ile Ser Glu Leu Ile Ile			
630	635	640	645
tcc act ccg gac ttt atg aaa cag ctg ggt gat gcg gcg tct ggt cct			2083
Ser Thr Pro Asp Phe Met Lys Gln Leu Gly Asp Ala Ala Ser Gly Pro			
650	655	660	
aaa ttg ctt gct act gca ccg act cag gtt gtg aaa gca atc aag gca			2131
Lys Leu Leu Ala Thr Ala Pro Thr Gln Val Val Lys Ala Ile Lys Ala			
665	670	675	
acg gtg tcg cgt cat gag tca cct gat cgg gcg atc cag gct gca cga			2179
Thr Val Ser Arg His Glu Ser Pro Asp Arg Ala Ile Gln Ala Ala Arg			
680	685	690	
tcg ctg agg agg cag gag ctg gca cgc att gcc tct gct gat ttg ctc			2227
Ser Leu Arg Arg Gln Glu Leu Ala Arg Ile Ala Ser Ala Asp Leu Leu			
695	700	705	
aac atg ctc act gtt cag gaa gta tgc caa agc ttg tca cta gtc tgg			2275
Asn Met Leu Thr Val Gln Glu Val Cys Gln Ser Leu Ser Leu Val Trp			
710	715	720	725
gat gcg gtg ttg gat gct gcc ttg gat gcg gaa atc cgt gct gca ctt			2323
Asp Ala Val Leu Asp Ala Ala Leu Asp Ala Glu Ile Arg Ala Ala Leu			

730	735	740	
aac gat cca cag aaa cca gat cag cct ctg gcc aat att tct gtg atc			2371
Asn Asp Pro Gln Lys Pro Asp Gln Pro Leu Ala Asn Ile Ser Val Ile			
745	750	755	
ggc atg ggc cgt ttg ggt gga gca gaa ctt gga tac ggt tct gat gcc			2419
Gly Met Gly Arg Leu Gly Gly Ala Glu Leu Gly Tyr Gly Ser Asp Ala			
760	765	770	
gat gtg atg ttt gta tgc gag ccg gta gcc ggt gtg gaa gag cat gag			2467
Asp Val Met Phe Val Cys Glu Pro Val Ala Gly Val Glu Glu His Glu			
775	780	785	
gcc gtc aca tgg tct att gct atc tgt gat tcc atg cgg tcg agg ctt			2515
Ala Val Thr Trp Ser Ile Ala Ile Cys Asp Ser Met Arg Ser Arg Leu			
790	795	800	805
gcg cag cct tcc ggt gat cca cct ttg gag gtg gat ctg ggg ctg cgt			2563
Ala Gln Pro Ser Gly Asp Pro Pro Leu Glu Val Asp Leu Gly Leu Arg			
810	815	820	
cct gaa ggg aga tct ggt gcg att gtg cgc acc gtt gat tcc tat gtg			2611
Pro Glu Gly Arg Ser Gly Ala Ile Val Arg Thr Val Asp Ser Tyr Val			
825	830	835	
aag tac tac gaa aag tgg ggt gaa act tgg gag att cag gcg ctg ctg			2659
Lys Tyr Tyr Glu Lys Trp Gly Glu Thr Trp Glu Ile Gln Ala Leu Leu			
840	845	850	
agg gct gcg tgg gtt gct ggt gat cgt gag ctg ggt att aag ttc ttg			2707
Arg Ala Ala Trp Val Ala Gly Asp Arg Glu Leu Gly Ile Lys Phe Leu			
855	860	865	
gag tcg att gat cgt ttc cgc tac cca gtt gac ggg gca acg cag gcg			2755
Glu Ser Ile Asp Arg Phe Arg Tyr Pro Val Asp Gly Ala Thr Gln Ala			
870	875	880	885
cag ctt cgt gaa gtt cgt cga att aag gcg agg gtg gat aat gag agg			2803
Gln Leu Arg Glu Val Arg Arg Ile Lys Ala Arg Val Asp Asn Glu Arg			

890	895	900	
ctt ccg cgc ggg gct gat cga aat acc cat acc aag ctg ggt cgg gga			2851
Leu Pro Arg Gly Ala Asp Arg Asn Thr His Thr Lys Leu Gly Arg Gly			
905	910	915	
gcg tta act gac atc gag tgg act gtg cag ttg ttg acc atg atg cat			2899
Ala Leu Thr Asp Ile Glu Trp Thr Val Gln Leu Leu Thr Met Met His			
920	925	930	
gct cat gag att ccg gag ctg cac aat acg tcg acg ttg gaa gtt ctt			2947
Ala His Glu Ile Pro Glu Leu His Asn Thr Ser Thr Leu Glu Val Leu			
935	940	945	
gaa gtg ctg gaa aag cat cag att att aac cct gtg cag gtg cag acg			2995
Glu Val Leu Glu Lys His Gln Ile Ile Asn Pro Val Gln Val Gln Thr			
950	955	960	965
ctt cgg gaa gcg tgg ctg acg gca acg gct gct agg aat gcg ctt gtg			3043
Leu Arg Glu Ala Trp Leu Thr Ala Thr Ala Ala Arg Asn Ala Leu Val			
970	975	980	
ctg gtc agg ggt aag aga tta gat cag tta cct act cct ggt ccg cac			3091
Leu Val Arg Gly Lys Arg Leu Asp Gln Leu Pro Thr Pro Gly Pro His			
985	990	995	
ctt gcg cag gtg gct ggt gcg tct ggt tgg gat cca aat gag tac cag			3139
Leu Ala Gln Val Ala Gly Ala Ser Gly Trp Asp Pro Asn Glu Tyr Gln			
1000	1005	1010	
gag tat ttg gaa aac tat ctg aaa gtg acc agg aag agt cgt cag gtt			3187
Glu Tyr Leu Glu Asn Tyr Leu Lys Val Thr Arg Lys Ser Arg Gln Val			
1015	1020	1025	
gtt gat gaa gtc ttc tgg ggt gtg gac tct atg gag caa cgt gag ttt			3235
Val Asp Glu Val Phe Trp Gly Val Asp Ser Met Glu Gln Arg Glu Phe			
1030	1035	1040	1045
taggtaggtg gtgggagccc caa			3258

<210> 100
 <211> 1045
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 100

Met Ser Gly Pro Leu Arg Ser Glu Arg Lys Val Val Gly Phe Val Arg
 1 5 10 15

Asp Pro Leu Pro Lys Val Gly Ser Leu Ser Leu Lys Ser Glu His Ala
 20 25 30

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

Leu Leu Trp Gly Leu Ser Gly Ala Gly Asp Pro Asp Val Ala Leu Asn
 50 55 60

Leu Leu Ile Arg Leu Tyr Gln Ala Leu Glu Ala Ile Gly Glu Asp Ala
 65 70 75 80

Arg Asn Glu Leu Asp Gln Glu Ile Arg Gln Asp Glu Lys Leu Arg Val
 85 90 95

Arg Leu Phe Ala Leu Leu Gly Gly Ser Ser Ala Val Gly Asp His Leu
 100 105 110

Val Ala Asn Pro Leu Gln Trp Lys Leu Leu Lys Leu Asp Ala Pro Ser
 115 120 125

Arg Glu Glu Met Phe Gln Ala Leu Leu Glu Ser Val Lys Ala Gln Pro
 130 135 140

Ala Val Leu Glu Val Glu Asp Phe Ser Asp Ala His Asn Ile Ala Arg
 145 150 155 160

Asp Asp Leu Ser Thr Pro Gly Phe Tyr Thr Ala Ser Val Thr Gly Pro
 165 170 175

Glu Ala Glu Arg Val Leu Lys Trp Thr Tyr Arg Thr Leu Leu Thr Arg
 180 185 190

Ile Ala Ala His Asp Leu Ala Gly Thr Tyr Pro Thr Asp Met Arg Arg

195	200	205
Lys Gly Gly Asp Pro Val Pro Phe Ser Thr Val Thr Met Gln Leu Ser		
210	215	220
Asp Leu Ala Asp Ala Ala Leu Thr Ala Ala Leu Ala Val Ala Ile Ala		
225	230	235 240
Asn Val Tyr Gly Glu Lys Pro Val Asp Ser Ala Leu Ser Val Ile Ala		
	245	250 255
Met Gly Lys Cys Gly Ala Gln Glu Leu Asn Tyr Ile Ser Asp Val Asp		
	260	265 270
Val Val Phe Val Ala Glu Pro Ala Asn Ser Lys Ser Thr Arg Thr Ala		
	275	280 285
Ala Glu Leu Ile Arg Ile Gly Ser Asn Ser Phe Phe Glu Val Asp Ala		
	290	295 300
Ala Leu Arg Pro Glu Gly Lys Ser Gly Ala Leu Val Arg Ser Leu Asp		
305	310	315 320
Ser His Met Ala Tyr Tyr Lys Arg Trp Ala Glu Thr Trp Glu Phe Gln		
	325	330 335
Ala Leu Leu Lys Ala Arg Pro Met Thr Gly Asp Ile Asn Leu Gly Gln		
	340	345 350
Ser Tyr Val Asp Ala Leu Ser Pro Leu Ile Trp Thr Ala Ser Gln Arg		
	355	360 365
Glu Ser Phe Val Thr Asp Val Gln Ala Met Arg Arg Arg Val Leu Asp		
	370	375 380
Asn Val Pro Glu Asp Leu Arg Asp Arg Glu Leu Lys Leu Gly Arg Gly		
385	390	395 400
Gly Leu Arg Asp Val Glu Phe Ala Val Gln Leu Leu Gln Met Val His		
	405	410 415
Gly Arg Ile Asp Glu Thr Leu Arg Val Arg Ser Thr Val Asn Ala Leu		

420	425	430
His Val Leu Val Asp Gln Gly Tyr Val Gly Arg Glu Asp Gly His Asn		
435	440	445
Leu Ile Glu Ser Tyr Glu Phe Leu Arg Leu Leu Glu His Arg Leu Gln		
450	455	460
Leu Glu Arg Ile Lys Arg Thr His Leu Leu Pro Lys Pro Asp Asp Arg		
465	470	475
480		
Met Asn Met Arg Trp Leu Ala Arg Ala Ser Gly Phe Thr Gly Ser Met		
485	490	495
Glu Gln Ser Ser Ala Lys Ala Met Glu Arg His Leu Arg Lys Val Arg		
500	505	510
Leu Gln Ile Gln Ser Leu His Ser Gln Leu Phe Tyr Arg Pro Leu Leu		
515	520	525
Asn Ser Val Val Asn Leu Ser Ala Asp Ala Ile Arg Leu Ser Pro Asp		
530	535	540
Ala Ala Lys Leu Gln Leu Ala Ala Leu Gly Tyr Leu His Pro Ser Arg		
545	550	555
560		
Ala Tyr Glu His Leu Thr Ala Leu Ala Ser Gly Ala Ser Arg Lys Ala		
565	570	575
Lys Ile Gln Ala Met Leu Leu Pro Thr Leu Met Glu Trp Leu Ser Gln		
580	585	590
Thr Ala Glu Pro Asp Ala Gly Leu Leu Asn Tyr Arg Lys Leu Ser Asp		
595	600	605
Ala Ser Tyr Asp Arg Ser Trp Phe Leu Arg Met Leu Arg Asp Glu Gly		
610	615	620
Val Val Gly Gln Arg Leu Met Arg Ile Leu Gly Asn Ser Pro Tyr Ile		
625	630	635
640		
Ser Glu Leu Ile Ile Ser Thr Pro Asp Phe Met Lys Gln Leu Gly Asp		

645

650

655

Ala Ala Ser Gly Pro Lys Leu Leu Ala Thr Ala Pro Thr Gln Val Val
660 665 670

Lys Ala Ile Lys Ala Thr Val Ser Arg His Glu Ser Pro Asp Arg Ala
675 680 685

Ile Gln Ala Ala Arg Ser Leu Arg Arg Gln Glu Leu Ala Arg Ile Ala
690 695 700

Ser Ala Asp Leu Leu Asn Met Leu Thr Val Gln Glu Val Cys Gln Ser
705 710 715 720

Leu Ser Leu Val Trp Asp Ala Val Leu Asp Ala Ala Leu Asp Ala Glu
725 730 735

Ile Arg Ala Ala Leu Asn Asp Pro Gln Lys Pro Asp Gln Pro Leu Ala
740 745 750

Asn Ile Ser Val Ile Gly Met Gly Arg Leu Gly Gly Ala Glu Leu Gly
755 760 765

Tyr Gly Ser Asp Ala Asp Val Met Phe Val Cys Glu Pro Val Ala Gly
770 775 780

Val Glu Glu His Glu Ala Val Thr Trp Ser Ile Ala Ile Cys Asp Ser
785 790 795 800

Met Arg Ser Arg Leu Ala Gln Pro Ser Gly Asp Pro Pro Leu Glu Val
805 810 815

Asp Leu Gly Leu Arg Pro Glu Gly Arg Ser Gly Ala Ile Val Arg Thr
820 825 830

Val Asp Ser Tyr Val Lys Tyr Tyr Glu Lys Trp Gly Glu Thr Trp Glu
835 840 845

Ile Gln Ala Leu Leu Arg Ala Ala Trp Val Ala Gly Asp Arg Glu Leu
850 855 860

Gly Ile Lys Phe Leu Glu Ser Ile Asp Arg Phe Arg Tyr Pro Val Asp
865 870 875 880

Gly Ala Thr Gln Ala Gln Leu Arg Glu Val Arg Arg Ile Lys Ala Arg
885 890 895

Val Asp Asn Glu Arg Leu Pro Arg Gly Ala Asp Arg Asn Thr His Thr
900 905 910

Lys Leu Gly Arg Gly Ala Leu Thr Asp Ile Glu Trp Thr Val Gln Leu
915 920 925

Leu Thr Met Met His Ala His Glu Ile Pro Glu Leu His Asn Thr Ser
930 935 940

Thr Leu Glu Val Leu Glu Val Leu Glu Lys His Gln Ile Ile Asn Pro
945 950 955 960

Val Gln Val Gln Thr Leu Arg Glu Ala Trp Leu Thr Ala Thr Ala Ala
965 970 975

Arg Asn Ala Leu Val Leu Val Arg Gly Lys Arg Leu Asp Gln Leu Pro
980 985 990

Thr Pro Gly Pro His Leu Ala Gln Val Ala Gly Ala Ser Gly Trp Asp
995 1000 1005

Pro Asn Glu Tyr Gln Glu Tyr Leu Glu Asn Tyr Leu Lys Val Thr Arg
1010 1015 1020

Lys Ser Arg Gln Val Val Asp Glu Val Phe Trp Gly Val Asp Ser Met
1025 1030 1035 1040

Glu Gln Arg Glu Phe
1045

<210> 101

<211> 861

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(861)

<223> RXN03176

<400> 101

gag ttg gcc gat tac atc ccg gaa cta aaa tct gcg gac cca aac ccg 48
Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro

1 5 10 15

ctg gca gta gcc ctg tgc acc gtt aac gga cac atc tac agc gca ggc 96
Leu Ala Val Ala Leu Cys Thr Val Asn Gly His Ile Tyr Ser Ala Gly

20 25 30

gat gac gac atc gaa ttc acc atg caa agt att tcc aag cca ttt gcc 144
Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala

35 40 45

tac gca ctc gca ctc caa gaa tgc ggc ttt gat gag gtc tct gca tcc 192
Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser

50 55 60

gtg gcc ttg gag ccc tcc ggt gag gcc ttc aac gaa ctt tcc ctc gac 240
Val Ala Leu Glu Pro Ser Gly Glu Ala Phe Asn Glu Leu Ser Leu Asp

65 70 75 80

ggc gaa aac cgc ccc atg aac ccc atg atc aac gcc ggc gcg atc gcc 288
Gly Glu Asn Arg Pro Met Asn Pro Met Ile Asn Ala Gly Ala Ile Ala

85 90 95

atc aac cag ctg atc aac ggc tcc gat tcc acc gtg gaa gac cgc gtg 336
Ile Asn Gln Leu Ile Asn Gly Ser Asp Ser Thr Val Glu Asp Arg Val

100 105 110

gaa aaa atc cga cac tac ttc tct gaa ctt gct gga cgc gaa ctc acc 384
Glu Lys Ile Arg His Tyr Phe Ser Glu Leu Ala Gly Arg Glu Leu Thr

115 120 125

atc gac cgc gtg ctt gcc gaa tcc gaa ctc gcc ggc gcc gac cgc aac 432
Ile Asp Arg Val Leu Ala Glu Ser Glu Leu Ala Gly Ala Asp Arg Asn

130 135 140

ctc tcc atc gcc cac atg ctg cgc aat tac ggc gtc atc gaa gac gaa 480
Leu Ser Ile Ala His Met Leu Arg Asn Tyr Gly Val Ile Glu Asp Glu

145 150 155 160

gcc cac gac gcc gtc ctc agc tac acg ctg caa tgc gcc atc aaa gta 528
Ala His Asp Ala Val Leu Ser Tyr Thr Leu Gln Cys Ala Ile Lys Val

165 170 175

acc acg cgc gac ctc gca gtc atg acc gcc acg ctc gcc gcc ggc ggc 576
Thr Thr Arg Asp Leu Ala Val Met Thr Ala Thr Leu Ala Ala Gly Gly

180 185 190

aca cac cca att acc ggc aag aag ctt ctc gac gcc cgc gtc tgc cgc 624
Thr His Pro Ile Thr Gly Lys Lys Leu Leu Asp Ala Arg Val Cys Arg

195 200 205

ctc acc ctc tcc gtc atg gct tca gca ggc atg tac gac gag gca ggg 672
Leu Thr Leu Ser Val Met Ala Ser Ala Gly Met Tyr Asp Glu Ala Gly

210 215 220

cag tgg ctc tcc acc gta ggc atc ccc gcg aaa tca gga gtc gcc ggc 720
Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly

225 230 235 240

gga ctc atc ggc att ctg cca ggt cag ctg ggc atc gcc aca ttt tcc 768
Gly Leu Ile Gly Ile Leu Pro Gly Gln Leu Gly Ile Ala Thr Phe Ser

245 250 255

cca cgc ctg aac ccc aaa ggc aac agc gtg cgc ggc gta aaa ata ttc 816
Pro Arg Leu Asn Pro Lys Gly Asn Ser Val Arg Gly Val Lys Ile Phe

260 265 270

aaa cag ctt tcc gac gac atg ggc ctc cac ctc atg tcc acc gag 861
Lys Gln Leu Ser Asp Asp Met Gly Leu His Leu Met Ser Thr Glu

275 280 285

<210> 102

<211> 287

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 102

Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro
1 5 10 15

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

Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala
35 40 45

Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser
50 55 60

Val Ala Leu Glu Pro Ser Gly Glu Ala Phe Asn Glu Leu Ser Leu Asp
65 70 75 80

Gly Glu Asn Arg Pro Met Asn Pro Met Ile Asn Ala Gly Ala Ile Ala
85 90 95

Ile Asn Gln Leu Ile Asn Gly Ser Asp Ser Thr Val Glu Asp Arg Val
100 105 110

Glu Lys Ile Arg His Tyr Phe Ser Glu Leu Ala Gly Arg Glu Leu Thr
115 120 125

Ile Asp Arg Val Leu Ala Glu Ser Glu Leu Ala Gly Ala Asp Arg Asn
130 135 140

Leu Ser Ile Ala His Met Leu Arg Asn Tyr Gly Val Ile Glu Asp Glu
145 150 155 160

Ala His Asp Ala Val Leu Ser Tyr Thr Leu Gln Cys Ala Ile Lys Val
165 170 175

Thr Thr Arg Asp Leu Ala Val Met Thr Ala Thr Leu Ala Ala Gly Gly
180 185 190

Thr His Pro Ile Thr Gly Lys Lys Leu Leu Asp Ala Arg Val Cys Arg
195 200 205

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

Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly
225 230 235 240

Gly Leu Ile Gly Ile Leu Pro Gly Gln Leu Gly Ile Ala Thr Phe Ser
245 250 255

Pro Arg Leu Asn Pro Lys Gly Asn Ser Val Arg Gly Val Lys Ile Phe
260 265 270

Lys Gln Leu Ser Asp Asp Met Gly Leu His Leu Met Ser Thr Glu
275 280 285

<210> 103
<211> 861
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(861)
<223> FRXA02879

<400> 103
gag ttg gcc gat tac atc ccg gaa cta aaa tct gcg gac cca aac ccg 48
Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro
1 5 10 15
ctg gca gta gcc ctg tgc acc gtt aac gga cac atc tac agc gca ggc 96
Leu Ala Val Ala Leu Cys Thr Val Asn Gly His Ile Tyr Ser Ala Gly
20 25 30
gat gac gac atc gaa ttc acc atg caa agt att tcc aag cca ttt gcc 144
Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala
35 40 45
tac gca ctc gca ctc caa gaa tgc ggc ttt gat gag gtc tct gca tcc 192
Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser
50 55 60
gtg gcc ttg gag ccc tcc ggt gag gcc ttc aac gaa ctt tcc ctc gac 240

Val	Ala	Leu	Glu	Pro	Ser	Gly	Glu	Ala	Phe	Asn	Glu	Leu	Ser	Leu	Asp	
65					70					75					80	
ggc	gaa	aac	cgc	ccc	atg	aac	ccc	atg	atc	aac	gcc	ggc	gcg	atc	gcc	288
Gly	Glu	Asn	Arg	Pro	Met	Asn	Pro	Met	Ile	Asn	Ala	Gly	Ala	Ile	Ala	
					85					90					95	
atc	aac	cag	ctg	atc	aac	ggc	tcc	gat	tcc	acc	gtg	gaa	gac	cgc	gtg	336
Ile	Asn	Gln	Leu	Ile	Asn	Gly	Ser	Asp	Ser	Thr	Val	Glu	Asp	Arg	Val	
					100					105					110	
gaa	aaa	atc	cga	cac	tac	ttc	tct	gaa	ctt	gct	gga	cgc	gaa	ctc	acc	384
Glu	Lys	Ile	Arg	His	Tyr	Phe	Ser	Glu	Leu	Ala	Gly	Arg	Glu	Leu	Thr	
					115					120					125	
atc	gac	cgc	gtg	ctt	gcc	gaa	tcc	gaa	ctc	gcc	ggc	gcc	gac	cgc	aac	432
Ile	Asp	Arg	Val	Leu	Ala	Glu	Ser	Glu	Leu	Ala	Gly	Ala	Asp	Arg	Asn	
					130					135					140	
ctc	tcc	atc	gcc	cac	atg	ctg	cgc	aat	tac	ggc	gtc	atc	gaa	gac	gaa	480
Leu	Ser	Ile	Ala	His	Met	Leu	Arg	Asn	Tyr	Gly	Val	Ile	Glu	Asp	Glu	
					145					150					155	
gcc	cac	gac	gcc	gtc	ctc	agc	tac	acg	ctg	caa	tgc	gcc	atc	aaa	gta	528
Ala	His	Asp	Ala	Val	Leu	Ser	Tyr	Thr	Leu	Gln	Cys	Ala	Ile	Lys	Val	
					165					170					175	
acc	acg	cgc	gac	ctc	gca	gtc	atg	acc	gcc	acg	ctc	gcc	gcc	ggc	ggc	576
Thr	Thr	Arg	Asp	Leu	Ala	Val	Met	Thr	Ala	Thr	Leu	Ala	Ala	Gly	Gly	
					180					185					190	
aca	cac	cca	att	acc	ggc	aag	aag	ctt	ctc	gac	gcc	cgc	gtc	tgc	cgc	624
Thr	His	Pro	Ile	Thr	Gly	Lys	Lys	Leu	Leu	Asp	Ala	Arg	Val	Cys	Arg	
					195					200					205	
ctc	acc	ctc	tcc	gtc	atg	gct	tca	gca	ggc	atg	tac	gac	gag	gca	ggg	672
Leu	Thr	Leu	Ser	Val	Met	Ala	Ser	Ala	Gly	Met	Tyr	Asp	Glu	Ala	Gly	
					210					215					220	
cag	tgg	ctc	tcc	acc	gta	ggc	atc	ccc	gcg	aaa	tca	gga	gtc	gcc	ggc	720

Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly
 225 230 235 240
 gga ctc atc ggc att ctg cca ggt cag ctg ggc atc gcc aca ttt tcc 768
 Gly Leu Ile Gly Ile Leu Pro Gly Gln Leu Gly Ile Ala Thr Phe Ser
 245 250 255
 cca cgc ctg aac ccc aaa ggc aac agc gtg cgc ggc gta aaa ata ttc 816
 Pro Arg Leu Asn Pro Lys Gly Asn Ser Val Arg Gly Val Lys Ile Phe
 260 265 270
 aaa cag ctt tcc gac gac atg ggc ctc cac ctc atg tcc acc gag 861
 Lys Gln Leu Ser Asp Asp Met Gly Leu His Leu Met Ser Thr Glu
 275 280 285
 <210> 104
 <211> 287
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 104
 Glu Leu Ala Asp Tyr Ile Pro Glu Leu Lys Ser Ala Asp Pro Asn Pro
 1 5 10 15
 Leu Ala Val Ala Leu Cys Thr Val Asn Gly His Ile Tyr Ser Ala Gly
 20 25 30
 Asp Asp Asp Ile Glu Phe Thr Met Gln Ser Ile Ser Lys Pro Phe Ala
 35 40 45
 Tyr Ala Leu Ala Leu Gln Glu Cys Gly Phe Asp Glu Val Ser Ala Ser
 50 55 60
 Val Ala Leu Glu Pro Ser Gly Glu Ala Phe Asn Glu Leu Ser Leu Asp
 65 70 75 80
 Gly Glu Asn Arg Pro Met Asn Pro Met Ile Asn Ala Gly Ala Ile Ala
 85 90 95
 Ile Asn Gln Leu Ile Asn Gly Ser Asp Ser Thr Val Glu Asp Arg Val
 100 105 110

Glu Lys Ile Arg His Tyr Phe Ser Glu Leu Ala Gly Arg Glu Leu Thr
115 120 125

Ile Asp Arg Val Leu Ala Glu Ser Glu Leu Ala Gly Ala Asp Arg Asn
130 135 140

Leu Ser Ile Ala His Met Leu Arg Asn Tyr Gly Val Ile Glu Asp Glu
145 150 155 160

Ala His Asp Ala Val Leu Ser Tyr Thr Leu Gln Cys Ala Ile Lys Val
165 170 175

Thr Thr Arg Asp Leu Ala Val Met Thr Ala Thr Leu Ala Ala Gly Gly
180 185 190

Thr His Pro Ile Thr Gly Lys Lys Leu Leu Asp Ala Arg Val Cys Arg
195 200 205

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

Gln Trp Leu Ser Thr Val Gly Ile Pro Ala Lys Ser Gly Val Ala Gly
225 230 235 240

Gly Leu Ile Gly Ile Leu Pro Gly Gln Leu Gly Ile Ala Thr Phe Ser
245 250 255

Pro Arg Leu Asn Pro Lys Gly Asn Ser Val Arg Gly Val Lys Ile Phe
260 265 270

Lys Gln Leu Ser Asp Asp Met Gly Leu His Leu Met Ser Thr Glu
275 280 285

<210> 105

<211> 1155

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1132)

<223> RXA00278

<400> 105

ggccacggag ttggtgtccg tcatggtgat gattctgtct gtcgtttctg tgttggtttt 60

gtgggtcggc atccgcccc gtttgcagga gtacttataa atg cac gct ttt cga 115
Met His Ala Phe Arg

1 5

cgc ccc cct cca ctc acc acg cga gtc ggc gct gca ttg ctg gcc gca 163
Arg Pro Pro Pro Leu Thr Thr Arg Val Gly Ala Ala Leu Leu Ala Ala

10 15 20

acg ctg ctt gct tcc tgc act cca aca cct gtg gaa ccg gca gaa acc 211
Thr Leu Leu Ala Ser Cys Thr Pro Thr Pro Val Glu Pro Ala Glu Thr

25 30 35

ttg act gct ttg gat ccc gat gcc ggt cca cca ctg cca ccg gat tct 259
Leu Thr Ala Leu Asp Pro Asp Ala Gly Pro Pro Leu Pro Pro Asp Ser

40 45 50

tcg att gaa gct ccc ggt gaa aaa gag ccc att gtg gaa gta ata gag 307
Ser Ile Glu Ala Pro Gly Glu Lys Glu Pro Ile Val Glu Val Ile Glu

55 60 65

aat tgg cca ggt tct tta cgc ccg gat gat ctg acc cct gag gag cgg 355
Asn Trp Pro Gly Ser Leu Arg Pro Asp Asp Leu Thr Pro Glu Glu Arg

70 75 80 85

gta cct ggc atc gtc aac cgg ggt cgc atc att gtg ggt gtg gat caa 403
Val Pro Gly Ile Val Asn Arg Gly Arg Ile Ile Val Gly Val Asp Gln

90 95 100

tcg caa aac ttg ctc agt ttc cgt gat ccg gtg act ggt gag ctg cgc 451
Ser Gln Asn Leu Leu Ser Phe Arg Asp Pro Val Thr Gly Glu Leu Arg

105 110 115

ggt ttt gaa gtg gaa tta gcg agg gaa att tcc cgc gac att ttc ggt 499
Gly Phe Glu Val Glu Leu Ala Arg Glu Ile Ser Arg Asp Ile Phe Gly

120 125 130

gac ccc aat aag gtg gat ttc cga ttc gtc ggc tgc tcc gac cgt ctg 547
Asp Pro Asn Lys Val Asp Phe Arg Phe Val Gly Ser Ser Asp Arg Leu

135 140 145

cgt tcc ctt gac caa ggt gat gta gat att gtg att cgt tcc gtc acg 595
Arg Ser Leu Asp Gln Gly Asp Val Asp Ile Val Ile Arg Ser Val Thr

150 155 160 165

atc acc gac gaa cgc gcc aaa ttg gtg gaa ttt tcc aca ccg tac ctg 643
Ile Thr Asp Glu Arg Ala Lys Leu Val Glu Phe Ser Thr Pro Tyr Leu

170 175 180

cgc acc caa acc cgc atg ttg acc atg gaa tct tca gga atc acg tcc 691
Arg Thr Gln Thr Arg Met Leu Thr Met Glu Ser Ser Gly Ile Thr Ser

185 190 195

atc gca gat cta ccc ggc cac acc att tgt gtc acc gat ggc tcc act 739
Ile Ala Asp Leu Pro Gly His Thr Ile Cys Val Thr Asp Gly Ser Thr

200 205 210

tca ttg cag cga gcc cgc acc att gcg ccg gag gcc tca atc tta aaa 787
Ser Leu Gln Arg Ala Arg Thr Ile Ala Pro Glu Ala Ser Ile Leu Lys

215 220 225

act cgc aat tgg tcc gat tgt ctc atg gcg ttg cag cag cat cag gct 835
Thr Arg Asn Trp Ser Asp Cys Leu Met Ala Leu Gln Gln His Gln Ala

230 235 240 245

cag gtc att ttg ggc gat gat gtc att ttg tcc ggc atc gca gca cag 883
Gln Val Ile Leu Gly Asp Asp Val Ile Leu Ser Gly Ile Ala Ala Gln

250 255 260

gat ccc tac acc gag att ctt gat acc tcc ctc gat tcc cat tcc tat 931
Asp Pro Tyr Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu Asp Ser His Ser Tyr

265 270 275

gga gtg gca gcg gca tcg acc act gct gaa aca gac tct tcg ggg ttg 979
Gly Val Ala Ala Ala Ser Thr Thr Ala Glu Thr Asp Ser Ser Gly Leu

280 285 290

att cgg cag gta aac tac aca att gaa cgg atc cgc aca gac cgc atg 1027
Ile Arg Gln Val Asn Tyr Thr Ile Glu Arg Ile Arg Thr Asp Arg Met

295 300 305

tgg tgg aca atg ttc gac gat tgg ttc gga cct tat ctc tgg tcc tac 1075
Trp Trp Thr Met Phe Asp Asp Trp Phe Gly Pro Tyr Leu Trp Ser Tyr

310 315 320 325

ggg cca cca cag ctg cag tac atg cca gag gaa gaa ggg aca gaa aac 1123
Gly Pro Pro Gln Leu Gln Tyr Met Pro Glu Glu Glu Gly Thr Glu Asn

330 335 340

gat gaa gga taatgaagat ttcgatccag att 1155
Asp Glu Gly

<210> 106

<211> 344

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 106

Met His Ala Phe Arg Arg Pro Pro Pro Leu Thr Thr Arg Val Gly Ala
1 5 10 15

Ala Leu Leu Ala Ala Thr Leu Leu Ala Ser Cys Thr Pro Thr Pro Val
20 25 30

Glu Pro Ala Glu Thr Leu Thr Ala Leu Asp Pro Asp Ala Gly Pro Pro
35 40 45

Leu Pro Pro Asp Ser Ser Ile Glu Ala Pro Gly Glu Lys Glu Pro Ile
50 55 60

Val Glu Val Ile Glu Asn Trp Pro Gly Ser Leu Arg Pro Asp Asp Leu
65 70 75 80

Thr Pro Glu Glu Arg Val Pro Gly Ile Val Asn Arg Gly Arg Ile Ile
85 90 95

Val Gly Val Asp Gln Ser Gln Asn Leu Leu Ser Phe Arg Asp Pro Val
100 105 110

Thr Gly Glu Leu Arg Gly Phe Glu Val Glu Leu Ala Arg Glu Ile Ser
115 120 125

Arg Asp Ile Phe Gly Asp Pro Asn Lys Val Asp Phe Arg Phe Val Gly
130 135 140

Ser Ser Asp Arg Leu Arg Ser Leu Asp Gln Gly Asp Val Asp Ile Val
145 150 155 160

Ile Arg Ser Val Thr Ile Thr Asp Glu Arg Ala Lys Leu Val Glu Phe
165 170 175

Ser Thr Pro Tyr Leu Arg Thr Gln Thr Arg Met Leu Thr Met Glu Ser
180 185 190

Ser Gly Ile Thr Ser Ile Ala Asp Leu Pro Gly His Thr Ile Cys Val
195 200 205

Thr Asp Gly Ser Thr Ser Leu Gln Arg Ala Arg Thr Ile Ala Pro Glu
210 215 220

Ala Ser Ile Leu Lys Thr Arg Asn Trp Ser Asp Cys Leu Met Ala Leu
225 230 235 240

Gln Gln His Gln Ala Gln Val Ile Leu Gly Asp Asp Val Ile Leu Ser
245 250 255

Gly Ile Ala Ala Gln Asp Pro Tyr Thr Glu Ile Leu Asp Thr Ser Leu
260 265 270

Asp Ser His Ser Tyr Gly Val Ala Ala Ala Ser Thr Thr Ala Glu Thr
275 280 285

Asp Ser Ser Gly Leu Ile Arg Gln Val Asn Tyr Thr Ile Glu Arg Ile
290 295 300

Arg Thr Asp Arg Met Trp Trp Thr Met Phe Asp Asp Trp Phe Gly Pro
305 310 315 320

Tyr Leu Trp Ser Tyr Gly Pro Pro Gln Leu Gln Tyr Met Pro Glu Glu
325 330 335

Glu Gly Thr Glu Asn Asp Glu Gly
340

<210> 107
<211> 1035
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1012)
<223> RXA00727

<400> 107
ttattgcacc atggcaggta gtattttgcc catgattgag agtttcaccc gattgcgaat 60

ttcgcagaca ccgcctctga aacggctact gcatagcact ttg cgt ttc ccc aaa 115
Leu Arg Phe Pro Lys

1 5

atc ccc aag cgc gct gta gcg gcg acc gtc ggc atc gtg gca acc tca 163
Ile Pro Lys Arg Ala Val Ala Ala Thr Val Gly Ile Val Ala Thr Ser

10 15 20

ttc acc ttg gct tct tgt gtc acc aat gag gag cag ggc aac cca gat 211
Phe Thr Leu Ala Ser Cys Val Thr Asn Glu Glu Gln Gly Asn Pro Asp

25 30 35

ggc tgg gag cag atc gtt cca gat cct gta ccg gag att cag gcg atg 259
Gly Trp Glu Gln Ile Val Pro Asp Pro Val Pro Glu Ile Gln Ala Met

40 45 50

gtt ccc gaa gct ctg gct cag cgc ggt gtg ctc acc gcc ggt gcc aac 307
Val Pro Glu Ala Leu Ala Gln Arg Gly Val Leu Thr Ala Gly Ala Asn

55 60 65

cca cct ttc cca ccg ttt gag ttt aaa gat tcc gat ggt cag att atc 355
Pro Pro Phe Pro Pro Phe Glu Phe Lys Asp Ser Asp Gly Gln Ile Ile

70	75	80	85	
ggt gtg gaa atg gac ctc gtg cgt gca atg gcg ggg gtg atg ggc ttg				403
Gly Val Glu Met Asp Leu Val Arg Ala Met Ala Gly Val Met Gly Leu				
	90	95	100	
gag ttc agc cct cag gag cag gat ttc tcc ctc atc ctt cca tcg gtt				451
Glu Phe Ser Pro Gln Glu Gln Asp Phe Ser Leu Ile Leu Pro Ser Val				
	105	110	115	
caa gct ggc acc ctt gat atc gga gcc tct ggc ttc act gac aac gag				499
Gln Ala Gly Thr Leu Asp Ile Gly Ala Ser Gly Phe Thr Asp Asn Glu				
	120	125	130	
gaa cgc cgc gag aac ttt gat ttc atc gat ttc ctc ttc gca ggt gtg				547
Glu Arg Arg Glu Asn Phe Asp Phe Ile Asp Phe Leu Phe Ala Gly Val				
	135	140	145	
cag tgg gcg cag gca act gat cgt gaa acc cca atc gat ccg gaa aac				595
Gln Trp Ala Gln Ala Thr Asp Arg Glu Thr Pro Ile Asp Pro Glu Asn				
	150	155	160	165
gcc tgt ggt ctc acc gtt gct gta cag cgc aca acc gtg gca gag acc				643
Ala Cys Gly Leu Thr Val Ala Val Gln Arg Thr Thr Val Ala Glu Thr				
	170	175	180	
gac gat gtc cgt cct cgc tca gct caa tgt gaa gcc gaa ggc aaa gag				691
Asp Asp Val Arg Pro Arg Ser Ala Gln Cys Glu Ala Glu Gly Lys Glu				
	185	190	195	
ccg atc acc att ttg tct tat gaa acc gca gat act gca gct acc gca				739
Pro Ile Thr Ile Leu Ser Tyr Glu Thr Ala Asp Thr Ala Ala Thr Ala				
	200	205	210	
ttg atc ctg gga cgc gca gac gca ctt gct gcg gac tcc cct gtt tca				787
Leu Ile Leu Gly Arg Ala Asp Ala Leu Ala Ala Asp Ser Pro Val Ser				
	215	220	225	
gct tgg gct gca gag cgc tcc gaa ggc cgc atc gaa gtt gtg ggc gat				835
Ala Trp Ala Ala Glu Arg Ser Glu Gly Arg Ile Glu Val Val Gly Asp				

230 235 240 245

atg tac ttg gct gcg cca ttt ggt ttc gca ttc ccg ttg gaa tct gac 883
Met Tyr Leu Ala Ala Pro Phe Gly Phe Ala Phe Pro Leu Glu Ser Asp

250 255 260

ctc acc cca gca gca gct gcg gcg ttc caa cac ttg att gac acc ggc 931
Leu Thr Pro Ala Ala Ala Ala Ala Phe Gln His Leu Ile Asp Thr Gly

265 270 275

gat tac cag cgc atc atg gcg caa tgg ggc att gaa gaa ggc ctt ctt 979
Asp Tyr Gln Arg Ile Met Ala Gln Trp Gly Ile Glu Glu Gly Leu Leu

280 285 290

gat gag gcc ctg atc aac gaa cag cca ctc aac tagagccttc cagcaactaa 1032
Asp Glu Ala Leu Ile Asn Glu Gln Pro Leu Asn

295 300

aaa 1035

<210> 108
<211> 304
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 108
Leu Arg Phe Pro Lys Ile Pro Lys Arg Ala Val Ala Ala Thr Val Gly
1 5 10 15

Ile Val Ala Thr Ser Phe Thr Leu Ala Ser Cys Val Thr Asn Glu Glu
20 25 30

Gln Gly Asn Pro Asp Gly Trp Glu Gln Ile Val Pro Asp Pro Val Pro
35 40 45

Glu Ile Gln Ala Met Val Pro Glu Ala Leu Ala Gln Arg Gly Val Leu
50 55 60

Thr Ala Gly Ala Asn Pro Pro Phe Pro Pro Phe Glu Phe Lys Asp Ser
65 70 75 80

Asp Gly Gln Ile Ile Gly Val Glu Met Asp Leu Val Arg Ala Met Ala
85 90 95

Gly Val Met Gly Leu Glu Phe Ser Pro Gln Glu Gln Asp Phe Ser Leu
100 105 110

Ile Leu Pro Ser Val Gln Ala Gly Thr Leu Asp Ile Gly Ala Ser Gly
115 120 125

Phe Thr Asp Asn Glu Glu Arg Arg Glu Asn Phe Asp Phe Ile Asp Phe
130 135 140

Leu Phe Ala Gly Val Gln Trp Ala Gln Ala Thr Asp Arg Glu Thr Pro
145 150 155 160

Ile Asp Pro Glu Asn Ala Cys Gly Leu Thr Val Ala Val Gln Arg Thr
165 170 175

Thr Val Ala Glu Thr Asp Asp Val Arg Pro Arg Ser Ala Gln Cys Glu
180 185 190

Ala Glu Gly Lys Glu Pro Ile Thr Ile Leu Ser Tyr Glu Thr Ala Asp
195 200 205

Thr Ala Ala Thr Ala Leu Ile Leu Gly Arg Ala Asp Ala Leu Ala Ala
210 215 220

Asp Ser Pro Val Ser Ala Trp Ala Ala Glu Arg Ser Glu Gly Arg Ile
225 230 235 240

Glu Val Val Gly Asp Met Tyr Leu Ala Ala Pro Phe Gly Phe Ala Phe
245 250 255

Pro Leu Glu Ser Asp Leu Thr Pro Ala Ala Ala Ala Ala Phe Gln His
260 265 270

Leu Ile Asp Thr Gly Asp Tyr Gln Arg Ile Met Ala Gln Trp Gly Ile
275 280 285

Glu Glu Gly Leu Leu Asp Glu Ala Leu Ile Asn Glu Gln Pro Leu Asn
290 295 300

<210> 109
 <211> 1962
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1939)
 <223> RXA02139

<400> 109
 tcaggaggat tttcaatca tgtgcggcct tcttgccata ttgactgcaa atgggaacgc 60

tgaagcattc gttcctgcac tcgagcgggc cttgccatgc atg cgc cac cgt ggt 115
 Met Arg His Arg Gly

1 5

cct gac gat gcc ggc act tgg cat gac gcc gat gca gcg ttt gga ttc 163
 Pro Asp Asp Ala Gly Thr Trp His Asp Ala Asp Ala Ala Phe Gly Phe

10 15 20

aac cgc ctc tcc atc att gat att gca cac tcc cac caa cca ctg cgt 211
 Asn Arg Leu Ser Ile Ile Asp Ile Ala His Ser His Gln Pro Leu Arg

25 30 35

tgg gga cct gcg gat gaa ccc gac cgc tac gca atg act ttc aac ggt 259
 Trp Gly Pro Ala Asp Glu Pro Asp Arg Tyr Ala Met Thr Phe Asn Gly

40 45 50

gag atc tac aac tac gtt gag ctg cgt aaa gag ctc tcg gat ttg gga 307
 Glu Ile Tyr Asn Tyr Val Glu Leu Arg Lys Glu Leu Ser Asp Leu Gly

55 60 65

tat gcc ttt aat act tct ggc gat ggc gag cca att gtt gtc ggt ttc 355
 Tyr Ala Phe Asn Thr Ser Gly Asp Gly Glu Pro Ile Val Val Gly Phe

70 75 80 85

cac cac tgg ggc gag tcc gtg gtc gag cat ctc cgc gga atg ttc ggc 403

His His Trp Gly Glu Ser Val Val Glu His Leu Arg Gly Met Phe Gly	
90	95
100	
att gcc att tgg gat aca aag gaa aag tcg ctt ttc ctt gcg cgt gat	451
Ile Ala Ile Trp Asp Thr Lys Glu Lys Ser Leu Phe Leu Ala Arg Asp	
105	110
115	
cag ttc ggc att aag cca ctg ttc tac gca acc acc gag cat ggc acc	499
Gln Phe Gly Ile Lys Pro Leu Phe Tyr Ala Thr Thr Glu His Gly Thr	
120	125
130	
gtg ttc tcc tca gag aag aag acc atc ttg gag atg gcc gag gag atg	547
Val Phe Ser Ser Glu Lys Lys Thr Ile Leu Glu Met Ala Glu Glu Met	
135	140
145	
aat cta gat ctg ggc ctt gat aag cgc acc att gag cac tac gtg gac	595
Asn Leu Asp Leu Gly Leu Asp Lys Arg Thr Ile Glu His Tyr Val Asp	
150	155
160	165
ttg cag tac gtg ccc gag cca gat acc ctt cac gcg cag att tcc cgc	643
Leu Gln Tyr Val Pro Glu Pro Asp Thr Leu His Ala Gln Ile Ser Arg	
170	175
180	
ttg gag tca ggc tgc acc gca aca gtt cgt ccg ggc ggc aag ctg gaa	691
Leu Glu Ser Gly Cys Thr Ala Thr Val Arg Pro Gly Gly Lys Leu Glu	
185	190
195	
cag aag cgt tac ttc aag cct cag ttc cca gta cag aag gtc gta aag	739
Gln Lys Arg Tyr Phe Lys Pro Gln Phe Pro Val Gln Lys Val Val Lys	
200	205
210	
ggc aag gag cag gac ctc ttc gat cgc att gcc cag gtg ttg gag gat	787
Gly Lys Glu Gln Asp Leu Phe Asp Arg Ile Ala Gln Val Leu Glu Asp	
215	220
225	
agc gtc gaa aag cat atg cgt gcc gac gtg acc gta ggc tcg ttc ctt	835
Ser Val Glu Lys His Met Arg Ala Asp Val Thr Val Gly Ser Phe Leu	
230	235
240	245
ttc ggc ggc att gac tca acc gca att gcg gcg ctt gca aag cgc cac	883

Phe Gly Gly Ile Asp Ser Thr Ala Ile Ala Ala Leu Ala Lys Arg His	
250	255
260	
aac cct gac ctg ctc acc ttc acc acc ggt ttc gag cgt gaa ggc tac	931
Asn Pro Asp Leu Leu Thr Phe Thr Thr Gly Phe Glu Arg Glu Gly Tyr	
265	270
275	
tcg gag gtc gat gtg gct gcg gag tcc gcc gct gcg att ggc gct gag	979
Ser Glu Val Asp Val Ala Ala Glu Ser Ala Ala Ala Ile Gly Ala Glu	
280	285
290	
cac atc gtg aag att gtc tcg cct gag gaa tac gcc aac gcg att cct	1027
His Ile Val Lys Ile Val Ser Pro Glu Glu Tyr Ala Asn Ala Ile Pro	
295	300
305	
aag atc atg tgg tac ttg gat gat cct gta gct gac cca tca ttg gtc	1075
Lys Ile Met Trp Tyr Leu Asp Asp Pro Val Ala Asp Pro Ser Leu Val	
310	315
320	325
ccg ctg tac ttc gtg gca gcg gaa gca cgt aag cac gtc aag gtt gtg	1123
Pro Leu Tyr Phe Val Ala Ala Glu Ala Arg Lys His Val Lys Val Val	
330	335
340	
ctg tct ggc gag ggc gca gat gag ctg ttc ggt gga tac acc att tac	1171
Leu Ser Gly Glu Gly Ala Asp Glu Leu Phe Gly Gly Tyr Thr Ile Tyr	
345	350
355	
aag gag ccg cta tcg ctt gct cca ttt gag aag atc cct tcc cca cta	1219
Lys Glu Pro Leu Ser Leu Ala Pro Phe Glu Lys Ile Pro Ser Pro Leu	
360	365
370	
cgt aaa ggc ctg gga aag ctc agc aag gtt ctg cca gac ggc atg aag	1267
Arg Lys Gly Leu Gly Lys Leu Ser Lys Val Leu Pro Asp Gly Met Lys	
375	380
385	
ggc aag tcc ctt ctt gag cgt ggc tcc atg acc atg gaa gag cgc tac	1315
Gly Lys Ser Leu Leu Glu Arg Gly Ser Met Thr Met Glu Glu Arg Tyr	
390	395
400	405
tac ggc aac gct cgc tcc ttc aat ttc gag cag atg caa cgc gtt att	1363

Tyr Gly Asn Ala Arg Ser Phe Asn Phe Glu Gln Met Gln Arg Val Ile
410 415 420

cca tgg gca aag cgc gaa tgg gac cac cgc gaa gtc act gcg ccg atc 1411
Pro Trp Ala Lys Arg Glu Trp Asp His Arg Glu Val Thr Ala Pro Ile

425 430 435

tac gca cag tcc cgc aac ttt gat cca gta gcc cgc atg caa cac ctg 1459
Tyr Ala Gln Ser Arg Asn Phe Asp Pro Val Ala Arg Met Gln His Leu

440 445 450

gat ctg ttc acc tgg atg cgc ggc gac atc ctg gtc aag gct gac aag 1507
Asp Leu Phe Thr Trp Met Arg Gly Asp Ile Leu Val Lys Ala Asp Lys

455 460 465

atc aac atg gcg aac tcc ctt gag ctg cga gtt cca ttc ttg gat aag 1555
Ile Asn Met Ala Asn Ser Leu Glu Leu Arg Val Pro Phe Leu Asp Lys

470 475 480 485

gaa gtt ttc aag gtt gca gag acc att cct tac gac ctg aag att gcc 1603
Glu Val Phe Lys Val Ala Glu Thr Ile Pro Tyr Asp Leu Lys Ile Ala

490 495 500

aac ggt acc acc aag tac gcg ctg cgc agg gca ctc gag cag att gtt 1651
Asn Gly Thr Thr Lys Tyr Ala Leu Arg Arg Ala Leu Glu Gln Ile Val

505 510 515

ccg cct cac gtt ttg cac cgc aag aag ctg ggc ttc cct gtt ccc atg 1699
Pro Pro His Val Leu His Arg Lys Lys Leu Gly Phe Pro Val Pro Met

520 525 530

cgc cac tgg ctt gcc ggc gat gag ctg ttc ggt tgg gcg cag gac acc 1747
Arg His Trp Leu Ala Gly Asp Glu Leu Phe Gly Trp Ala Gln Asp Thr

535 540 545

atc aag gaa tcc ggt act gaa gat atc ttc aac aag cag gct gtg ctg 1795
Ile Lys Glu Ser Gly Thr Glu Asp Ile Phe Asn Lys Gln Ala Val Leu

550 555 560 565

gat atg ctg aac gag cac cgc gat ggc gtg tca gat cat tcc cgt cga 1843

Asp Met Leu Asn Glu His Arg Asp Gly Val Ser Asp His Ser Arg Arg

570

575

580

ctg tgg act gtt ctg tca ttt atg gtg tgg cac ggc att ttt gtg gaa 1891
Leu Trp Thr Val Leu Ser Phe Met Val Trp His Gly Ile Phe Val Glu

585

590

595

aac cgc att gat cca cag att gag gac cgc tcc tac cca gtc gag ctt 1939
Asn Arg Ile Asp Pro Gln Ile Glu Asp Arg Ser Tyr Pro Val Glu Leu

600

605

610

taagtcttaa agcctaaacc ccc 1962

<210> 110

<211> 613

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 110

Met Arg His Arg Gly Pro Asp Asp Ala Gly Thr Trp His Asp Ala Asp
1 5 10 15

Ala Ala Phe Gly Phe Asn Arg Leu Ser Ile Ile Asp Ile Ala His Ser
20 25 30

His Gln Pro Leu Arg Trp Gly Pro Ala Asp Glu Pro Asp Arg Tyr Ala
35 40 45

Met Thr Phe Asn Gly Glu Ile Tyr Asn Tyr Val Glu Leu Arg Lys Glu
50 55 60

Leu Ser Asp Leu Gly Tyr Ala Phe Asn Thr Ser Gly Asp Gly Glu Pro
65 70 75 80

Ile Val Val Gly Phe His His Trp Gly Glu Ser Val Val Glu His Leu
85 90 95

Arg Gly Met Phe Gly Ile Ala Ile Trp Asp Thr Lys Glu Lys Ser Leu
100 105 110

Phe Leu Ala Arg Asp Gln Phe Gly Ile Lys Pro Leu Phe Tyr Ala Thr

115	120	125
Thr Glu His Gly Thr Val Phe Ser Ser Glu Lys Lys Thr Ile Leu Glu		
130	135	140
Met Ala Glu Glu Met Asn Leu Asp Leu Gly Leu Asp Lys Arg Thr Ile		
145	150	155
		160
Glu His Tyr Val Asp Leu Gln Tyr Val Pro Glu Pro Asp Thr Leu His		
	165	170
		175
Ala Gln Ile Ser Arg Leu Glu Ser Gly Cys Thr Ala Thr Val Arg Pro		
	180	185
		190
Gly Gly Lys Leu Glu Gln Lys Arg Tyr Phe Lys Pro Gln Phe Pro Val		
	195	200
		205
Gln Lys Val Val Lys Gly Lys Glu Gln Asp Leu Phe Asp Arg Ile Ala		
	210	215
		220
Gln Val Leu Glu Asp Ser Val Glu Lys His Met Arg Ala Asp Val Thr		
225	230	235
		240
Val Gly Ser Phe Leu Phe Gly Gly Ile Asp Ser Thr Ala Ile Ala Ala		
	245	250
		255
Leu Ala Lys Arg His Asn Pro Asp Leu Leu Thr Phe Thr Thr Gly Phe		
	260	265
		270
Glu Arg Glu Gly Tyr Ser Glu Val Asp Val Ala Ala Glu Ser Ala Ala		
	275	280
		285
Ala Ile Gly Ala Glu His Ile Val Lys Ile Val Ser Pro Glu Glu Tyr		
	290	295
		300
Ala Asn Ala Ile Pro Lys Ile Met Trp Tyr Leu Asp Asp Pro Val Ala		
305	310	315
		320
Asp Pro Ser Leu Val Pro Leu Tyr Phe Val Ala Ala Glu Ala Arg Lys		
	325	330
		335
His Val Lys Val Val Leu Ser Gly Glu Gly Ala Asp Glu Leu Phe Gly		

340
 Gly Tyr Thr Ile Tyr Lys Glu Pro Leu Ser Leu Ala Pro Phe Glu Lys
 355 360 365
 Ile Pro Ser Pro Leu Arg Lys Gly Leu Gly Lys Leu Ser Lys Val Leu
 370 375 380
 Pro Asp Gly Met Lys Gly Lys Ser Leu Leu Glu Arg Gly Ser Met Thr
 385 390 395 400
 Met Glu Glu Arg Tyr Tyr Gly Asn Ala Arg Ser Phe Asn Phe Glu Gln
 405 410 415
 Met Gln Arg Val Ile Pro Trp Ala Lys Arg Glu Trp Asp His Arg Glu
 420 425 430
 Val Thr Ala Pro Ile Tyr Ala Gln Ser Arg Asn Phe Asp Pro Val Ala
 435 440 445
 Arg Met Gln His Leu Asp Leu Phe Thr Trp Met Arg Gly Asp Ile Leu
 450 455 460
 Val Lys Ala Asp Lys Ile Asn Met Ala Asn Ser Leu Glu Leu Arg Val
 465 470 475 480
 Pro Phe Leu Asp Lys Glu Val Phe Lys Val Ala Glu Thr Ile Pro Tyr
 485 490 495
 Asp Leu Lys Ile Ala Asn Gly Thr Thr Lys Tyr Ala Leu Arg Arg Ala
 500 505 510
 Leu Glu Gln Ile Val Pro Pro His Val Leu His Arg Lys Lys Leu Gly
 515 520 525
 Phe Pro Val Pro Met Arg His Trp Leu Ala Gly Asp Glu Leu Phe Gly
 530 535 540
 Trp Ala Gln Asp Thr Ile Lys Glu Ser Gly Thr Glu Asp Ile Phe Asn
 545 550 555 560
 Lys Gln Ala Val Leu Asp Met Leu Asn Glu His Arg Asp Gly Val Ser

565

570

575

Asp His Ser Arg Arg Leu Trp Thr Val Leu Ser Phe Met Val Trp His
580 585 590

Gly Ile Phe Val Glu Asn Arg Ile Asp Pro Gln Ile Glu Asp Arg Ser
595 600 605

Tyr Pro Val Glu Leu
610

<210> 111

<211> 1284

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1261)

<223> RXN00116

<400> 111

cgcggcacgc acgctggggg caagcgtcga caagcacaaa ctttttgctt aattgaatcc 60

tttgcgcacc aatcaatggg ggatcaaata tagtagctgc atg agt aat gac ttc 115
Met Ser Asn Asp Phe

1

5

gtc gtt tct agg ctt aga ccc ttt ggt gaa acg att ttt gca acc atg 163
Val Val Ser Arg Leu Arg Pro Phe Gly Glu Thr Ile Phe Ala Thr Met

10

15

20

acc cag cga gct gtt gag gcg ggt gca atc aat ctt ggt cag ggc ttt 211
Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly Phe

25

30

35

cct gat gag gat ggt cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag 259
Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln

40

45

50

att ctc ggg gga aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg 307

Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser	
55	60
65	
ttg agg gca gct gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag	355
Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu	
70	75
80	85
tac aac cct gat tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg	403
Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala	
90	95
100	
att acg gcg act gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc	451
Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile	
105	110
115	
ggt ttg gaa ccg tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg	499
Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala	
120	125
130	
ggg gcg acg ccg gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg	547
Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp	
135	140
145	
gat gtg gat gtc gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg ccg	595
Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg	
150	155
160	165
atg att atc gtt aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct	643
Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser	
170	175
180	
aag aag gcg ttg aag cag ttg gcg ggt gtt gct cgt gcg tat gac ttg	691
Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala Gly Val Ala Arg Ala Tyr Asp Leu	
185	190
195	
ttg gtg ttg tca gat gag gtg tat gag cat ctt gtt ttt gat gat cag	739
Leu Val Leu Ser Asp Glu Val Tyr Glu His Leu Val Phe Asp Asp Gln	
200	205
210	
aag cat gtg agt gtc gcg aag ctg ccc ggt atg tgg gat cgc acg gtg	787

Lys His Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Gly Met Trp Asp Arg Thr Val
215 220 225

acg gtg tgc tgc gcg gcg aaa acg ttc aat gtg act ggt tgg aag acg 835
Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val Thr Gly Trp Lys Thr

230 235 240 245

ggg tgg gcg ttg gca ccg gag ccg ttg ttg gag gcg gtg ttg aag gcg 883
Gly Trp Ala Leu Ala Pro Glu Pro Leu Leu Glu Ala Val Leu Lys Ala

250 255 260

aag cag ttt atg tct tat gtg ggg gct aca cct ttt cag ccg gct gtg 931
Lys Gln Phe Met Ser Tyr Val Gly Ala Thr Pro Phe Gln Pro Ala Val

265 270 275

gcg cat gcg att gaa cat gag cag aag tgg gtg tca aag atg tct aag 979
Ala His Ala Ile Glu His Glu Gln Lys Trp Val Ser Lys Met Ser Lys

280 285 290

ggg ctt gag ctc aag cgg gat att ttg cgt act gcg tta gat aag gcg 1027
Gly Leu Glu Leu Lys Arg Asp Ile Leu Arg Thr Ala Leu Asp Lys Ala

295 300 305

ggg ctg aag act cat gac agt atg ggc acg tat ttc atc gtt gcg gat 1075
Gly Leu Lys Thr His Asp Ser Met Gly Thr Tyr Phe Ile Val Ala Asp

310 315 320 325

att ggg gat cgt gat ggt gcg gag ttc tgt ttt gag ttg att gag aag 1123
Ile Gly Asp Arg Asp Gly Ala Glu Phe Cys Phe Glu Leu Ile Glu Lys

330 335 340

gtt ggg gtg gcg gcg att ccg gtg cag gcg ttt gtg gat cat ccg aag 1171
Val Gly Val Ala Ala Ile Pro Val Gln Ala Phe Val Asp His Pro Lys

345 350 355

aag tgg tgc tgc aag gtt cgt ttt gcg ttt tgc aaa aaa gaa gag acg 1219
Lys Trp Ser Ser Lys Val Arg Phe Ala Phe Cys Lys Lys Glu Glu Thr

360 365 370

ctc cgc gaa gct gcg gag cgt ctc aag ggg att aag aaa cta 1261

Leu Arg Glu Ala Ala Glu Arg Leu Lys Gly Ile Lys Lys Leu

375

380

385

tagtttgaac aggttggtgg ggg

1284

<210> 112

<211> 387

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 112

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

Ile Phe Ala Thr Met Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn
20 25 30

Leu Gly Gln Gly Phe Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu
35 40 45

Ile Ala Ser Glu Gln Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly
50 55 60

Arg Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu
65 70 75 80

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

Gly Ala Thr Glu Ala Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro
100 105 110

Gly Asp Glu Val Ile Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala
115 120 125

Ala Ile Ala Leu Ala Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu
130 135 140

Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val
145 150 155 160

Thr Lys Lys Thr Arg Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr
165 170 175

Gly Ser Val Phe Ser Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala Gly Val Ala
180 185 190

Arg Ala Tyr Asp Leu Leu Val Leu Ser Asp Glu Val Tyr Glu His Leu
195 200 205

Val Phe Asp Asp Gln Lys His Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Gly Met
210 215 220

Trp Asp Arg Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val
225 230 235 240

Thr Gly Trp Lys Thr Gly Trp Ala Leu Ala Pro Glu Pro Leu Leu Glu
245 250 255

Ala Val Leu Lys Ala Lys Gln Phe Met Ser Tyr Val Gly Ala Thr Pro
260 265 270

Phe Gln Pro Ala Val Ala His Ala Ile Glu His Glu Gln Lys Trp Val
275 280 285

Ser Lys Met Ser Lys Gly Leu Glu Leu Lys Arg Asp Ile Leu Arg Thr
290 295 300

Ala Leu Asp Lys Ala Gly Leu Lys Thr His Asp Ser Met Gly Thr Tyr
305 310 315 320

Phe Ile Val Ala Asp Ile Gly Asp Arg Asp Gly Ala Glu Phe Cys Phe
325 330 335

Glu Leu Ile Glu Lys Val Gly Val Ala Ala Ile Pro Val Gln Ala Phe
340 345 350

Val Asp His Pro Lys Lys Trp Ser Ser Lys Val Arg Phe Ala Phe Cys
355 360 365

Lys Lys Glu Glu Thr Leu Arg Glu Ala Ala Glu Arg Leu Lys Gly Ile
370 375 380

Lys Lys Leu
385

<210> 113
<211> 607
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(607)
<223> FRXA00116

<400> 113
tttgcgcacc aatcaatggg ggatcaaata tagtagctgc atgagtaatg acttcgtcgt 60

ttctaggctt agaccctttg gtgaaacgat ttttgcaacc atg acc cag cga gct 115
Met Thr Gln Arg Ala

1 5

gtt gag gcg ggt gca atc aat ctt ggt cag ggc ttt cct gat gag gat 163
Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly Phe Pro Asp Glu Asp

10 15 20

ggc cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag att ctc ggg gga 211
Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln Ile Leu Gly Gly

25 30 35

aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg ttg agg gca gct 259
Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Ala

40 45 50

gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag tac aac cct gat 307
Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu Tyr Asn Pro Asp

55 60 65

tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg att acg gcg act 355
Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala Ile Thr Ala Thr

70 75 80 85

gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc gtt ttg gaa ccg 403

Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile Val Leu Glu Pro

90

95

100

tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg ggg gcg acg cgg 451
Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala Gly Ala Thr Arg

105

110

115

gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg gat gtg gat gtc 499
Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val

120

125

130

gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg cgg atg att atc gtt 547
Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg Met Ile Ile Val

135

140

145

aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct aag aag gcg ttg 595
Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser Lys Lys Ala Leu

150

155

160

165

aag cag ttg gcg 607
Lys Gln Leu Ala

<210> 114

<211> 169

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 114

Met Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly
1 5 10 15

Phe Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu
20 25 30

Gln Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala
35 40 45

Ser Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu
50 55 60

Glu Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu
65 70 75 80

Ala Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val
85 90 95

Ile Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu
100 105 110

Ala Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser
115 120 125

Trp Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr
130 135 140

Arg Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe
145 150 155 160

Ser Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala
165

<210> 115
<211> 1230
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1207)
<223> RXN00618

<400> 115
gctgcattag aggtcgtat ctgcgtctaa aagcagtacg cagataggct tgtctcttat 60

gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgcgtc atg cag atg ttg gac 115
Met Gln Met Leu Asp

1 5

cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163
Arg Val His Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10 15 20

gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca 211
Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala

25 30 35

gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt 259
Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly

40 45 50

gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat 307
Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr

55 60 65

gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca 355
Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser

70 75 80 85

ggt gga ttc gtg gca tcg ttt atc gcc acc ttg gat cac ggg gat tat 403
Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr Leu Asp His Gly Asp Tyr

90 95 100

gtg gca atg cct acc ccg ggg tac ccg gca tat cgc aat att ctg gaa 451
Val Ala Met Pro Thr Pro Gly Tyr Pro Ala Tyr Arg Asn Ile Leu Glu

105 110 115

tct ttg ggg gcg aag gtt ctg aac ctg cgc tgt act gca gag act cgt 499
Ser Leu Gly Ala Lys Val Leu Asn Leu Arg Cys Thr Ala Glu Thr Arg

120 125 130

ttc cag cca acc gct caa atg ttg gag gaa ctg cca cac aag ccg aag 547
Phe Gln Pro Thr Ala Gln Met Leu Glu Glu Leu Pro His Lys Pro Lys

135 140 145

gct gtt att gtc acc agc cca gga aac cca acg ggc acc atc att gat 595
Ala Val Ile Val Thr Ser Pro Gly Asn Pro Thr Gly Thr Ile Ile Asp

150 155 160 165

ccg gaa gag cta gag cgc atc gcc aag tgg tgc gat gac aat gat gct 643
Pro Glu Glu Leu Glu Arg Ile Ala Lys Trp Cys Asp Asp Asn Asp Ala

170 175 180

gtt ctt atc tct gat gag gac tac cac ggc atg agc ttt ggt cgt ccg 691
Val Leu Ile Ser Asp Glu Asp Tyr His Gly Met Ser Phe Gly Arg Pro

185 190 195

ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt acc 739
Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly Thr

200 205 210

ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc atc 787
Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile Ile

215 220 225

gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct ctt 835
Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser Leu

230 235 240 245

tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc ttc 883
Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala Phe

250 255 260

act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat cgc 931
Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr Arg

265 270 275

gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt ggc 979
Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu Gly

280 285 290

act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt tct 1027
Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val Ser

295 300 305

gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat gaa 1075
Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp Glu

310 315 320 325

gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa ggc 1123
Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu Gly

330 335 340

cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc att 1171
His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr Ile

345 350 355

gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac 1217
Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys

360 365

taggttagtt tcg 1230

<210> 116

<211> 369

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 116

Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp
1 5 10 15

Thr Leu Met Phe Cys Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala
20 25 30

Val Ile Glu Glu Ala Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr
35 40 45

Thr Glu Val Ile Gly Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp
50 55 60

His Ser Ala Thr Tyr Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val
65 70 75 80

Thr Thr Gly Ser Ser Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr Leu
85 90 95

Asp His Gly Asp Tyr Val Ala Met Pro Thr Pro Gly Tyr Pro Ala Tyr
100 105 110

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

Thr Ala Glu Thr Arg Phe Gln Pro Thr Ala Gln Met Leu Glu Glu Leu
130 135 140

Pro His Lys Pro Lys Ala Val Ile Val Thr Ser Pro Gly Asn Pro Thr
145 150 155 160

Gly Thr Ile Ile Asp Pro Glu Glu Leu Glu Arg Ile Ala Lys Trp Cys
165 170 175

Asp Asp Asn Asp Ala Val Leu Ile Ser Asp Glu Asp Tyr His Gly Met
180 185 190

Ser Phe Gly Arg Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala
195 200 205

Ile Val Val Gly Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg
210 215 220

Val Gly Trp Ile Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn
225 230 235 240

Leu Gln Ala Ser Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala
245 250 255

Gly Arg Ala Ala Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His
260 265 270

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

Glu Ile Gly Leu Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu
290 295 300

Trp Val Asp Val Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu
305 310 315 320

Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe
325 330 335

Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser
340 345 350

Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys
355 360 365

Lys

<210> 117
<211> 657
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(634)
<223> FRXA00618

<400> 117
cccaacgggc accatcattg atccggaaga gctagagcgc atcgccaagt ggtgcatga 60

caatgatgct gttcttatct ctgatgagga ctaccacggc atg agc ttt ggt cgt 115
Met Ser Phe Gly Arg

1 5

ccg ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt 163
Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly

10 15 20

acc ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc 211
Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile

25 30 35

atc gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct 259
Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser

40 45 50

ctt tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc 307
Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala

55 60 65

ttc act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat 355
Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr

70	75	80	85	
cgc gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt				403
Arg Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu				
	90	95	100	
ggc act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt				451
Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val				
	105	110	115	
tct gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat				499
Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp				
	120	125	130	
gaa gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa				547
Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu				
	135	140	145	
ggc cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc				595
Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr				
150	155	160	165	
att gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac				644
Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys				
	170	175		
taggttagtt tcg				657

<210> 118
 <211> 178
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 118
 Met Ser Phe Gly Arg Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn
 1 5 10 15

Ala Ile Val Val Gly Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp
 20 25 30

Arg Val Gly Trp Ile Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu

35 40 45
 Asn Leu Gln Ala Ser Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala
 50 55 60

Ala Gly Arg Ala Ala Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala
 65 70 75 80

His Val Glu Ala Tyr Arg Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu
 85 90 95

Pro Glu Ile Gly Leu Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr
 100 105 110

Leu Trp Val Asp Val Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala
 115 120 125

Leu Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp
 130 135 140

Phe Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala
 145 150 155 160

Ser Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile
 165 170 175

Lys Lys

<210> 119
 <211> 385
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(385)
 <223> FRXA00627

<400> 119
 gctgcattag agggctcgtat ctcgatctaa aagcagtacg cagataggct tgtctcttat 60

gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgcgtc atg cag atg ttg gac 115
Met Gln Met Leu Asp

1 5

cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163
Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10 15 20

gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca 211
Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala

25 30 35

gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt 259
Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly

40 45 50

gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat 307
Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr

55 60 65

gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca 355
Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser

70 75 80 85

ggt gga ttc gtg gca tcg ttt atc gcc acc 385
Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr

90 95

<210> 120

<211> 95

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 120

Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp
1 5 10 15

Thr Leu Met Phe Cys Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala
20 25 30

Val Ile Glu Glu Ala Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr
35 40 45

Thr Glu Val Ile Gly Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp
50 55 60

His Ser Ala Thr Tyr Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val
65 70 75 80

Thr Thr Gly Ser Ser Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr
85 90 95

<210> 121

<211> 1434

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1411)

<223> RXA02550

<400> 121

gatcttaggc agccgtggga ttacacctt ttagagctag aacagtaaaa attcacccaa 60

tagctttcaa ctacgcacac aaagtggcaa cattgagcgg gtg act aca gac aag 115
Val Thr Thr Asp Lys

1 5

cgc aaa acc tct aag acc acc gac acc gcc aac aag gct gtg ggc gcg 163
Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn Lys Ala Val Gly Ala

10 15 20

gat cag gca gcg cgt ccc act cgg cga aca act cgc cgc atc ttc gat 211
Asp Gln Ala Ala Arg Pro Thr Arg Arg Thr Thr Arg Arg Ile Phe Asp

25 30 35

cag tcg gag aag atg aag gac gtg ctg tac gag atc cgt ggc ccg gtg 259
Gln Ser Glu Lys Met Lys Asp Val Leu Tyr Glu Ile Arg Gly Pro Val

40 45 50

gcc gcg gag gcg gaa cgc atg gag ctt gat ggg cat aac atc tta aag 307
Ala Ala Glu Ala Glu Arg Met Glu Leu Asp Gly His Asn Ile Leu Lys

55	60	65	
ctc aac acg gga aat cca gcc gtg ttc gga ttc gat gcc ccc gac gtg			355
Leu Asn Thr Gly Asn Pro Ala Val Phe Gly Phe Asp Ala Pro Asp Val			
70	75	80	85
att atg cgt gac atg atc gcc aac ctt cca act tcc caa ggg tat tcc			403
Ile Met Arg Asp Met Ile Ala Asn Leu Pro Thr Ser Gln Gly Tyr Ser			
	90	95	100
acc tcc aaa ggc att att ccg gcc cgg cga gca gtg gtc acc cgc tac			451
Thr Ser Lys Gly Ile Ile Pro Ala Arg Arg Ala Val Val Thr Arg Tyr			
105	110	115	
gaa gtt gtg ccc gga ttc ccc cac ttc gat gtt gat gat gtg ttc tta			499
Glu Val Val Pro Gly Phe Pro His Phe Asp Val Asp Asp Val Phe Leu			
120	125	130	
ggc aac ggt gtc tca gaa cta atc acc atg acc acc caa gca ctc ctc			547
Gly Asn Gly Val Ser Glu Leu Ile Thr Met Thr Thr Gln Ala Leu Leu			
135	140	145	
aac gac ggc gat gaa gtt ctt atc ccc gca ccg gac tac cca ctg tgg			595
Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro Asp Tyr Pro Leu Trp			
150	155	160	165
act gcc gca acc tcc ctg gct ggt ggt aag cct gtg cac tac ctc tgt			643
Thr Ala Ala Thr Ser Leu Ala Gly Gly Lys Pro Val His Tyr Leu Cys			
170	175	180	
gat gag gaa gat gac tgg aac cca tcc atc gaa gac atc aag tcc aaa			691
Asp Glu Glu Asp Asp Trp Asn Pro Ser Ile Glu Asp Ile Lys Ser Lys			
185	190	195	
atc tca gag aaa acc aaa gct att gtg gtg atc aac ccc aac aac ccc			739
Ile Ser Glu Lys Thr Lys Ala Ile Val Val Ile Asn Pro Asn Asn Pro			
200	205	210	
acg gga gct gtc tac ccg cgc cgg gtg ttg gaa caa atc gtc gag att			787
Thr Gly Ala Val Tyr Pro Arg Arg Val Leu Glu Gln Ile Val Glu Ile			

215	220	225	
gca cgc gag cat gac ctg ctg att ttg gcc gat gaa atc tac gac cgc			835
Ala Arg Glu His Asp Leu Leu Ile Leu Ala Asp Glu Ile Tyr Asp Arg			
230	235	240	245
att ctc tac gat gat gcc gag cac atc agc ctg gca acc ctt gca cca			883
Ile Leu Tyr Asp Asp Ala Glu His Ile Ser Leu Ala Thr Leu Ala Pro			
	250	255	260
gat ctc ctt tgc atc aca tac aac ggt cta tcc aag gca tac cgc gtc			931
Asp Leu Leu Cys Ile Thr Tyr Asn Gly Leu Ser Lys Ala Tyr Arg Val			
	265	270	275
gca gga tac cga gct ggc tgg atg gta ttg act gga cca aag caa tac			979
Ala Gly Tyr Arg Ala Gly Trp Met Val Leu Thr Gly Pro Lys Gln Tyr			
	280	285	290
gca cgt gga ttt att gag ggc ctc gaa ctc ctc gca ggc act cga ctc			1027
Ala Arg Gly Phe Ile Glu Gly Leu Glu Leu Leu Ala Gly Thr Arg Leu			
	295	300	305
tgc cca aat gtc cca gct cag cac gct att cag gta gct ctg ggt gga			1075
Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln Val Ala Leu Gly Gly			
310	315	320	325
cgc cag tcc atc tac gac ctc act ggc gaa cac ggc cga ctc ctg gaa			1123
Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His Gly Arg Leu Leu Glu			
	330	335	340
cag cgc aac atg gca tgg acg aaa ctc aac gaa atc cca ggt gtc agc			1171
Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu Ile Pro Gly Val Ser			
	345	350	355
tgt gtg aaa cca atg gga gct cta tac gcg ttc ccc aag ctc gac ccc			1219
Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe Pro Lys Leu Asp Pro			
	360	365	370
aac gtg tac gaa atc cac gac gac acc caa ctc atg ctg gat ctt ctc			1267
Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu Met Leu Asp Leu Leu			

375 380 385

cgt gcc gag aaa atc ctc atg gtt cag ggc act ggc ttc aac tgg cca 1315
 Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr Gly Phe Asn Trp Pro

390 395 400 405

cat cac gat cac ttc cga gtg gtc acc ctg cca tgg gca tcc cag ttg 1363
 His His Asp His Phe Arg Val Val Thr Leu Pro Trp Ala Ser Gln Leu

410 415 420

gaa aac gca att gag cgc ctg ggt aac ttc ctg tcc act tac aag cag 1411
 Glu Asn Ala Ile Glu Arg Leu Gly Asn Phe Leu Ser Thr Tyr Lys Gln

425 430 435

tagtagttgt taggattcac cac 1434

<210> 122
 <211> 437
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 122
 Val Thr Thr Asp Lys Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn
 1 5 10 15

Lys Ala Val Gly Ala Asp Gln Ala Ala Arg Pro Thr Arg Arg Thr Thr
 20 25 30

Arg Arg Ile Phe Asp Gln Ser Glu Lys Met Lys Asp Val Leu Tyr Glu
 35 40 45

Ile Arg Gly Pro Val Ala Ala Glu Ala Glu Arg Met Glu Leu Asp Gly
 50 55 60

His Asn Ile Leu Lys Leu Asn Thr Gly Asn Pro Ala Val Phe Gly Phe
 65 70 75 80

Asp Ala Pro Asp Val Ile Met Arg Asp Met Ile Ala Asn Leu Pro Thr
 85 90 95

Ser Gln Gly Tyr Ser Thr Ser Lys Gly Ile Ile Pro Ala Arg Arg Ala

100	105	110
Val Val Thr Arg Tyr Glu Val Val Pro Gly Phe Pro His Phe Asp Val		
115	120	125
Asp Asp Val Phe Leu Gly Asn Gly Val Ser Glu Leu Ile Thr Met Thr		
130	135	140
Thr Gln Ala Leu Leu Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro		
145	150	155
Asp Tyr Pro Leu Trp Thr Ala Ala Thr Ser Leu Ala Gly Gly Lys Pro		
165	170	175
Val His Tyr Leu Cys Asp Glu Glu Asp Asp Trp Asn Pro Ser Ile Glu		
180	185	190
Asp Ile Lys Ser Lys Ile Ser Glu Lys Thr Lys Ala Ile Val Val Ile		
195	200	205
Asn Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Val Tyr Pro Arg Arg Val Leu Glu		
210	215	220
Gln Ile Val Glu Ile Ala Arg Glu His Asp Leu Leu Ile Leu Ala Asp		
225	230	235
Glu Ile Tyr Asp Arg Ile Leu Tyr Asp Asp Ala Glu His Ile Ser Leu		
245	250	255
Ala Thr Leu Ala Pro Asp Leu Leu Cys Ile Thr Tyr Asn Gly Leu Ser		
260	265	270
Lys Ala Tyr Arg Val Ala Gly Tyr Arg Ala Gly Trp Met Val Leu Thr		
275	280	285
Gly Pro Lys Gln Tyr Ala Arg Gly Phe Ile Glu Gly Leu Glu Leu Leu		
290	295	300
Ala Gly Thr Arg Leu Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln		
305	310	315
Val Ala Leu Gly Gly Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His		

325 330 335

Gly Arg Leu Leu Glu Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu
340 345 350

Ile Pro Gly Val Ser Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe
355 360 365

Pro Lys Leu Asp Pro Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu
370 375 380

Met Leu Asp Leu Leu Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr
385 390 395 400

Gly Phe Asn Trp Pro His His Asp His Phe Arg Val Val Thr Leu Pro
405 410 415

Trp Ala Ser Gln Leu Glu Asn Ala Ile Glu Arg Leu Gly Asn Phe Leu
420 425 430

Ser Thr Tyr Lys Gln
435

<210> 123
<211> 1701
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1678)
<223> RXA02193

<400> 123
ccccgaaaa tgiagtgggt agttccacac tgcctcttac aagtagtag gataatccac 60

agcaccattg tgatttcctt caacttgtga gaggcagtac atg tct aag acg agc 115
Met Ser Lys Thr Ser

1 5

aac aag tct tca gca gac tca aag aat gac gca aaa gcc gaa gac att 163
Asn Lys Ser Ser Ala Asp Ser Lys Asn Asp Ala Lys Ala Glu Asp Ile

10	15	20	
gtg aac ggc gag aac caa atc gcc acg aat gag tcg cag tct tca gac			211
Val Asn Gly Glu Asn Gln Ile Ala Thr Asn Glu Ser Gln Ser Ser Asp			
25	30	35	
agc gct gca gtt tcg gaa cgt gtc gtc gaa cca aaa acc acg gtt cag			259
Ser Ala Ala Val Ser Glu Arg Val Val Glu Pro Lys Thr Thr Val Gln			
40	45	50	
aaa aag ttc cga atc gaa tcg gat ctg ctt ggt gaa ctt cag atc cca			307
Lys Lys Phe Arg Ile Glu Ser Asp Leu Leu Gly Glu Leu Gln Ile Pro			
55	60	65	
tcc cac gca tat tac ggg gtg cac acc ctt cgt gcg gtg gac aac ttc			355
Ser His Ala Tyr Tyr Gly Val His Thr Leu Arg Ala Val Asp Asn Phe			
70	75	80	85
caa atc tca cga acc acc atc aac cac gtc cca gat ttc att cgc ggc			403
Gln Ile Ser Arg Thr Thr Ile Asn His Val Pro Asp Phe Ile Arg Gly			
90	95	100	
atg gtc cag gtg aaa aag gcc gca gct tta gca aac cgc cga ctg cac			451
Met Val Gln Val Lys Lys Ala Ala Ala Leu Ala Asn Arg Arg Leu His			
105	110	115	
aca ctt cca gca caa aaa gca gaa gca att gtc tgg gct tgt gat cag			499
Thr Leu Pro Ala Gln Lys Ala Glu Ala Ile Val Trp Ala Cys Asp Gln			
120	125	130	
atc ctc att gag gaa cgc tgt atg gat cag ttc ccc atc gat gtg ttc			547
Ile Leu Ile Glu Glu Arg Cys Met Asp Gln Phe Pro Ile Asp Val Phe			
135	140	145	
cag ggt ggc gca ggt acc tca ctg aac atg aac acc aac gag gtt gtt			595
Gln Gly Gly Ala Gly Thr Ser Leu Asn Met Asn Thr Asn Glu Val Val			
150	155	160	165
gcc aac ctt gca ctt gag ttc tta ggc cat gaa aag ggc gag tac cac			643
Ala Asn Leu Ala Leu Glu Phe Leu Gly His Glu Lys Gly Glu Tyr His			

170	175	180	
atc ctg cac ccc atg gat gat gtg aac atg tcc cag tcc acc aac gat			691
Ile Leu His Pro Met Asp Asp Val Asn Met Ser Gln Ser Thr Asn Asp			
185	190	195	
tcc tac cca act ggt ttc cgc ctg ggc att tac gct gga ctg cag acc			739
Ser Tyr Pro Thr Gly Phe Arg Leu Gly Ile Tyr Ala Gly Leu Gln Thr			
200	205	210	
ctc atc gct gaa att gat gag ctt cag gtt gcg ttc cgc cac aag ggc			787
Leu Ile Ala Glu Ile Asp Glu Leu Gln Val Ala Phe Arg His Lys Gly			
215	220	225	
aat gag ttt gtc gac atc atc aag atg ggc cgc acc cag ttg cag gat			835
Asn Glu Phe Val Asp Ile Ile Lys Met Gly Arg Thr Gln Leu Gln Asp			
230	235	240	245
gct gtt ccc atg agc ttg ggc gaa gag ttc cga gca ttc gcg cac aac			883
Ala Val Pro Met Ser Leu Gly Glu Glu Phe Arg Ala Phe Ala His Asn			
250	255	260	
ctc gca gaa gag cag acc gtg ctg cgt gaa gct gcc aac cgt ctc ctc			931
Leu Ala Glu Glu Gln Thr Val Leu Arg Glu Ala Ala Asn Arg Leu Leu			
265	270	275	
gag gtc aat ctt ggt gca acc gca atc ggt act ggt gtg aac act cca			979
Glu Val Asn Leu Gly Ala Thr Ala Ile Gly Thr Gly Val Asn Thr Pro			
280	285	290	
gca ggc tac cgc cac cag gtt gtc gct gct ctg tct gag gtc acc gga			1027
Ala Gly Tyr Arg His Gln Val Val Ala Ala Leu Ser Glu Val Thr Gly			
295	300	305	
ctg gaa cta aag tcc gca cgt gat ctc atc gag gct acc tct gac acc			1075
Leu Glu Leu Lys Ser Ala Arg Asp Leu Ile Glu Ala Thr Ser Asp Thr			
310	315	320	325
ggt gca tat gtt cat gcg cac tcc gca atc aag cgt gca gcc atg aaa			1123
Gly Ala Tyr Val His Ala His Ser Ala Ile Lys Arg Ala Ala Met Lys			

330	335	340	
ctg tcc aag atc tgt aac gat cta cgt ctg ctg tct tct ggt cct cgt			1171
Leu Ser Lys Ile Cys Asn Asp Leu Arg Leu Leu Ser Ser Gly Pro Arg			
345	350	355	
gct ggc ttg aac gaa atc aac ctg cca cca cgc cag gct ggt tcc tcc			1219
Ala Gly Leu Asn Glu Ile Asn Leu Pro Pro Arg Gln Ala Gly Ser Ser			
360	365	370	
atc atg cca gcc aag gtc aac cca gtg atc cca gaa gtg gtc aac cag			1267
Ile Met Pro Ala Lys Val Asn Pro Val Ile Pro Glu Val Val Asn Gln			
375	380	385	
gtc tgc ttc aag gtc ttc ggt aac gat ctc acc gtc acc atg gct gcg			1315
Val Cys Phe Lys Val Phe Gly Asn Asp Leu Thr Val Thr Met Ala Ala			
390	395	400	405
gaa gct ggc cag ttg cag ctc aac gtc atg gag cca gtc att ggc gaa			1363
Glu Ala Gly Gln Leu Gln Leu Asn Val Met Glu Pro Val Ile Gly Glu			
410	415	420	
tcc ctc ttc cag tca ctg cgc atc ctg ggc aat gca gcc aag act ttg			1411
Ser Leu Phe Gln Ser Leu Arg Ile Leu Gly Asn Ala Ala Lys Thr Leu			
425	430	435	
cgt gag aag tgc gtc gta gga atc acc gcc aac gct gat gtt tgc cgt			1459
Arg Glu Lys Cys Val Val Gly Ile Thr Ala Asn Ala Asp Val Cys Arg			
440	445	450	
gct tac gtt gat aac tcc atc ggg att atc act tac ctg aac cca ttc			1507
Ala Tyr Val Asp Asn Ser Ile Gly Ile Ile Thr Tyr Leu Asn Pro Phe			
455	460	465	
ctg ggc cac gac att gga gat cag atc ggt aag gaa gca gcc gaa act			1555
Leu Gly His Asp Ile Gly Asp Gln Ile Gly Lys Glu Ala Ala Glu Thr			
470	475	480	485
ggt cga cca gtg cgt gaa ctc atc ctg gaa aag aag ctc atg gat gaa			1603
Gly Arg Pro Val Arg Glu Leu Ile Leu Glu Lys Lys Leu Met Asp Glu			

490 495 500
aag acg ctc gag gca gtc ctg tcc aag gag aac ctc atg cac cca atg 1651
Lys Thr Leu Glu Ala Val Leu Ser Lys Glu Asn Leu Met His Pro Met

505 510 515
ttc cgc gga agg ctc tac ttg gag aac taatccaaga tctcgtctga 1698
Phe Arg Gly Arg Leu Tyr Leu Glu Asn

520 525
tac 1701

<210> 124
<211> 526
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 124
Met Ser Lys Thr Ser Asn Lys Ser Ser Ala Asp Ser Lys Asn Asp Ala
1 5 10 15

Lys Ala Glu Asp Ile Val Asn Gly Glu Asn Gln Ile Ala Thr Asn Glu
20 25 30

Ser Gln Ser Ser Asp Ser Ala Ala Val Ser Glu Arg Val Val Glu Pro
35 40 45

Lys Thr Thr Val Gln Lys Lys Phe Arg Ile Glu Ser Asp Leu Leu Gly
50 55 60

Glu Leu Gln Ile Pro Ser His Ala Tyr Tyr Gly Val His Thr Leu Arg
65 70 75 80

Ala Val Asp Asn Phe Gln Ile Ser Arg Thr Thr Ile Asn His Val Pro
85 90 95

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

Asn Arg Arg Leu His Thr Leu Pro Ala Gln Lys Ala Glu Ala Ile Val
115 120 125

Trp Ala Cys Asp Gln Ile Leu Ile Glu Glu Arg Cys Met Asp Gln Phe
130 135 140

Pro Ile Asp Val Phe Gln Gly Gly Ala Gly Thr Ser Leu Asn Met Asn
145 150 155 160

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

Lys Gly Glu Tyr His Ile Leu His Pro Met Asp Asp Val Asn Met Ser
180 185 190

Gln Ser Thr Asn Asp Ser Tyr Pro Thr Gly Phe Arg Leu Gly Ile Tyr
195 200 205

Ala Gly Leu Gln Thr Leu Ile Ala Glu Ile Asp Glu Leu Gln Val Ala
210 215 220

Phe Arg His Lys Gly Asn Glu Phe Val Asp Ile Ile Lys Met Gly Arg
225 230 235 240

Thr Gln Leu Gln Asp Ala Val Pro Met Ser Leu Gly Glu Glu Phe Arg
245 250 255

Ala Phe Ala His Asn Leu Ala Glu Glu Gln Thr Val Leu Arg Glu Ala
260 265 270

Ala Asn Arg Leu Leu Glu Val Asn Leu Gly Ala Thr Ala Ile Gly Thr
275 280 285

Gly Val Asn Thr Pro Ala Gly Tyr Arg His Gln Val Val Ala Ala Leu
290 295 300

Ser Glu Val Thr Gly Leu Glu Leu Lys Ser Ala Arg Asp Leu Ile Glu
305 310 315 320

Ala Thr Ser Asp Thr Gly Ala Tyr Val His Ala His Ser Ala Ile Lys
325 330 335

Arg Ala Ala Met Lys Leu Ser Lys Ile Cys Asn Asp Leu Arg Leu Leu

340										345										350									
Ser	Ser	Gly	Pro	Arg	Ala	Gly	Leu	Asn	Glu	Ile	Asn	Leu	Pro	Pro	Arg														
355							360							365															
Gln	Ala	Gly	Ser	Ser	Ile	Met	Pro	Ala	Lys	Val	Asn	Pro	Val	Ile	Pro														
370							375							380															
Glu	Val	Val	Asn	Gln	Val	Cys	Phe	Lys	Val	Phe	Gly	Asn	Asp	Leu	Thr														
385							390							395							400								
Val	Thr	Met	Ala	Ala	Glu	Ala	Gly	Gln	Leu	Gln	Leu	Asn	Val	Met	Glu														
405							410							415															
Pro	Val	Ile	Gly	Glu	Ser	Leu	Phe	Gln	Ser	Leu	Arg	Ile	Leu	Gly	Asn														
420							425							430															
Ala	Ala	Lys	Thr	Leu	Arg	Glu	Lys	Cys	Val	Val	Gly	Ile	Thr	Ala	Asn														
435							440							445															
Ala	Asp	Val	Cys	Arg	Ala	Tyr	Val	Asp	Asn	Ser	Ile	Gly	Ile	Ile	Thr														
450							455							460															
Tyr	Leu	Asn	Pro	Phe	Leu	Gly	His	Asp	Ile	Gly	Asp	Gln	Ile	Gly	Lys														
465							470							475							480								
Glu	Ala	Ala	Glu	Thr	Gly	Arg	Pro	Val	Arg	Glu	Leu	Ile	Leu	Glu	Lys														
485							490							495															
Lys	Leu	Met	Asp	Glu	Lys	Thr	Leu	Glu	Ala	Val	Leu	Ser	Lys	Glu	Asn														
500							505							510															
Leu	Met	His	Pro	Met	Phe	Arg	Gly	Arg	Leu	Tyr	Leu	Glu	Asn																
515							520							525															

<210> 125
<211> 1098
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS

<222> (101)..(1075)

<223> RXA02432

<400> 125

cacgtgattc atttgtgacc aacaaccgaa actgagccag aagactgtca atccccctgct 60

gtgcacataa caactgcagc tagttgatac gctagagcgc atg tcg aag cag cac 115
Met Ser Lys Gln His

1 5

tcc aca cca tta aac aat gat gaa gaa cac act tcc gct cct caa aag 163
Ser Thr Pro Leu Asn Asn Asp Glu Glu His Thr Ser Ala Pro Gln Lys

10 15 20

gtt gcg gta atc acc acg ggc gga acc atc gcc tgt act tcc gac gca 211
Val Ala Val Ile Thr Thr Gly Gly Thr Ile Ala Cys Thr Ser Asp Ala

25 30 35

aat ggg cat ctg ctt ccc acc gtc agc ggt gca gac ctg ctt gcg cca 259
Asn Gly His Leu Leu Pro Thr Val Ser Gly Ala Asp Leu Leu Ala Pro

40 45 50

atc gca cca cgg ttc aat gga gcg cag atc gct ttc gaa atc cac gaa 307
Ile Ala Pro Arg Phe Asn Gly Ala Gln Ile Ala Phe Glu Ile His Glu

55 60 65

atc aac cgc ctt gat tcc tcc tcc atg acg ttt gag gat ctc gat tcc 355
Ile Asn Arg Leu Asp Ser Ser Ser Met Thr Phe Glu Asp Leu Asp Ser

70 75 80 85

atc atc gcc acg gtt cat aag gtg ttg gag gat ccg gat gtt gtt ggc 403
Ile Ile Ala Thr Val His Lys Val Leu Glu Asp Pro Asp Val Val Gly

90 95 100

gta gta gtt acc cac ggc acc gat tcc atg gaa gag tcc gcc atc gcc 451
Val Val Val Thr His Gly Thr Asp Ser Met Glu Glu Ser Ala Ile Ala

105 110 115

gta gac acc ttc ctt gat gat ccc cgc cca gtc att ttc acc ggc gcc 499
Val Asp Thr Phe Leu Asp Asp Pro Arg Pro Val Ile Phe Thr Gly Ala

120	125	130	
caa aaa ccc ttc gat cat ccc gaa gcc gac ggc cca aac aac ctt ttc			547
Gln Lys Pro Phe Asp His Pro Glu Ala Asp Gly Pro Asn Asn Leu Phe			
135	140	145	
gaa gcc tgc ctc atc gca tcc gac ccc tcc gct cgc gga att ggt gca			595
Glu Ala Cys Leu Ile Ala Ser Asp Pro Ser Ala Arg Gly Ile Gly Ala			
150	155	160	165
ctc att gtc ttc ggt cac gcc gtc atc cct gct cgc ggc tgc gtt aaa			643
Leu Ile Val Phe Gly His Ala Val Ile Pro Ala Arg Gly Cys Val Lys			
170	175	180	
tgg cac acc tct gat gag ctg gcg ttt gca acc aac ggc cct gaa gaa			691
Trp His Thr Ser Asp Glu Leu Ala Phe Ala Thr Asn Gly Pro Glu Glu			
185	190	195	
cca gag cgc ccc gat gcg ctg ccc gta gct aaa ttg gcg gat gtc tct			739
Pro Glu Arg Pro Asp Ala Leu Pro Val Ala Lys Leu Ala Asp Val Ser			
200	205	210	
gtc gaa atc atc ccc gca tac cct ggt gcc acc ggc gca atg gtg gaa			787
Val Glu Ile Ile Pro Ala Tyr Pro Gly Ala Thr Gly Ala Met Val Glu			
215	220	225	
gct gcc atc gct gcc ggt gct caa gga ctt gta gtg gaa gca atg gga			835
Ala Ala Ile Ala Ala Gly Ala Gln Gly Leu Val Val Glu Ala Met Gly			
230	235	240	245
tca ggc aat gtt ggt tcc cgc atg ggt gat gcc cta ggt aaa gca ctt			883
Ser Gly Asn Val Gly Ser Arg Met Gly Asp Ala Leu Gly Lys Ala Leu			
250	255	260	
gac gct gga att ccc gtg gtg atg agc act agg gtt cct cgt ggt gaa			931
Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Met Ser Thr Arg Val Pro Arg Gly Glu			
265	270	275	
gta tcc gga gtg tat ggc ggt gca ggt gga ggt gcg act ttg gct gcg			979
Val Ser Gly Val Tyr Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ala Thr Leu Ala Ala			

280 285 290

aag ggc gct gtg gga tct cgc tac ttc aga gct ggt cag gca cgt att 1027
Lys Gly Ala Val Gly Ser Arg Tyr Phe Arg Ala Gly Gln Ala Arg Ile

295 300 305

ttg ctc gcg att gcc att gcg acg ggc gca cat ccg gtg acg ctt tac 1075
Leu Leu Ala Ile Ala Ile Ala Thr Gly Ala His Pro Val Thr Leu Tyr

310 315 320 325

taatttcgcc ctgtgtcttg cat 1098

<210> 126
<211> 325
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 126
Met Ser Lys Gln His Ser Thr Pro Leu Asn Asn Asp Glu Glu His Thr
1 5 10 15

Ser Ala Pro Gln Lys Val Ala Val Ile Thr Thr Gly Gly Thr Ile Ala
20 25 30

Cys Thr Ser Asp Ala Asn Gly His Leu Leu Pro Thr Val Ser Gly Ala
35 40 45

Asp Leu Leu Ala Pro Ile Ala Pro Arg Phe Asn Gly Ala Gln Ile Ala
50 55 60

Phe Glu Ile His Glu Ile Asn Arg Leu Asp Ser Ser Ser Met Thr Phe
65 70 75 80

Glu Asp Leu Asp Ser Ile Ile Ala Thr Val His Lys Val Leu Glu Asp
85 90 95

Pro Asp Val Val Gly Val Val Val Thr His Gly Thr Asp Ser Met Glu
100 105 110

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

Ile Phe Thr Gly Ala Gln Lys Pro Phe Asp His Pro Glu Ala Asp Gly
130 135 140

Pro Asn Asn Leu Phe Glu Ala Cys Leu Ile Ala Ser Asp Pro Ser Ala
145 150 155 160

Arg Gly Ile Gly Ala Leu Ile Val Phe Gly His Ala Val Ile Pro Ala
165 170 175

Arg Gly Cys Val Lys Trp His Thr Ser Asp Glu Leu Ala Phe Ala Thr
180 185 190

Asn Gly Pro Glu Glu Pro Glu Arg Pro Asp Ala Leu Pro Val Ala Lys
195 200 205

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

Gly Ala Met Val Glu Ala Ala Ile Ala Ala Gly Ala Gln Gly Leu Val
225 230 235 240

Val Glu Ala Met Gly Ser Gly Asn Val Gly Ser Arg Met Gly Asp Ala
245 250 255

Leu Gly Lys Ala Leu Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Met Ser Thr Arg
260 265 270

Val Pro Arg Gly Glu Val Ser Gly Val Tyr Gly Gly Ala Gly Gly Gly
275 280 285

Ala Thr Leu Ala Ala Lys Gly Ala Val Gly Ser Arg Tyr Phe Arg Ala
290 295 300

Gly Gln Ala Arg Ile Leu Leu Ala Ile Ala Ile Ala Thr Gly Ala His
305 310 315 320

Pro Val Thr Leu Tyr
325

<210> 127

<211> 775

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(775)

<223> RXN03003

<400> 127

tcgatgatct ggcctcccca ggtggtgcgg ctaagcttgg accacaagat tttgatcacc 60

caatgatcgc tgcgctgccg cctcaggcat aatctaacgc atg acc tct cgc acc 115
Met Thr Ser Arg Thr

1 5

ccg ctt gtt tct gtt ctt cct gat ttt ccg tgg gat tcg ctc gct tcc 163
Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp Asp Ser Leu Ala Ser

10 15 20

gca aaa gcc aaa gct gcg tct cac ccg gat ggg atc gtg aat ctt tct 211
Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly Ile Val Asn Leu Ser

25 30 35

gtt ggc act ccg gtt gat ccg gtc gcg ccc agc att cag atc gcg ttg 259
Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser Ile Gln Ile Ala Leu

40 45 50

gca gaa gca gcg ggg ttt tcg ggt tac cct caa acc atc ggc acc ccg 307
Ala Glu Ala Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln Thr Ile Gly Thr Pro

55 60 65

gaa ctc cgc gca gcc atc agg ggc gcg ctt gag cgg cgc tac aac atg 355
Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu Arg Arg Tyr Asn Met

70 75 80 85

aca aag ctt gtc gac gcc tcc ctc ctc ccc gtc gtg ggt acc aag gag 403
Thr Lys Leu Val Asp Ala Ser Leu Leu Pro Val Val Gly Thr Lys Glu

90 95 100

gca att gcc ctt ctt cca ttc gcg ttg ggt att tcc ggc acc gtt gtc 451
Ala Ile Ala Leu Leu Pro Phe Ala Leu Gly Ile Ser Gly Thr Val Val

105 110 115

atc cca gag att gcg tac cca acc tac gaa gtc gct gtc gtg gcc gca 499
Ile Pro Glu Ile Ala Tyr Pro Thr Tyr Glu Val Ala Val Val Ala Ala

120 125 130

gga tgc acc gtg ttg cgt tct gat tcg ctg ttt aag ctc ggc ccg cag 547
Gly Cys Thr Val Leu Arg Ser Asp Ser Leu Phe Lys Leu Gly Pro Gln

135 140 145

atc ccg tcg atg atg ttt atc aac tca cca tcc aac ccc aca ggc aag 595
Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser Asn Pro Thr Gly Lys

150 155 160 165

gtt ctg ggc atc cca cac ttg cgc aag gtt gtg aag tgg gcg cag gaa 643
Val Leu Gly Ile Pro His Leu Arg Lys Val Val Lys Trp Ala Gln Glu

170 175 180

aac aac gtg atc ctc gca gct gat gaa tgc tac ttg ggt ctt ggc tgg 691
Asn Asn Val Ile Leu Ala Ala Asp Glu Cys Tyr Leu Gly Leu Gly Trp

185 190 195

gac gat gaa aac cca ccg atc tca att ttg gat cca cgt gtc tgc gat 739
Asp Asp Glu Asn Pro Pro Ile Ser Ile Leu Asp Pro Arg Val Cys Asp

200 205 210

ggc gac cac acc aac ttg atc gcc att cac tcg ctg 775
Gly Asp His Thr Asn Leu Ile Ala Ile His Ser Leu

215 220 225

<210> 128

<211> 225

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 128

Met Thr Ser Arg Thr Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp

1 5 10 15

Asp Ser Leu Ala Ser Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly

20 25 30

Ile Val Asn Leu Ser Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser
35 40 45

Ile Gln Ile Ala Leu Ala Glu Ala Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln
50 55 60

Thr Ile Gly Thr Pro Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu
65 70 75 80

Arg Arg Tyr Asn Met Thr Lys Leu Val Asp Ala Ser Leu Leu Pro Val
85 90 95

Val Gly Thr Lys Glu Ala Ile Ala Leu Leu Pro Phe Ala Leu Gly Ile
100 105 110

Ser Gly Thr Val Val Ile Pro Glu Ile Ala Tyr Pro Thr Tyr Glu Val
115 120 125

Ala Val Val Ala Ala Gly Cys Thr Val Leu Arg Ser Asp Ser Leu Phe
130 135 140

Lys Leu Gly Pro Gln Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser
145 150 155 160

Asn Pro Thr Gly Lys Val Leu Gly Ile Pro His Leu Arg Lys Val Val
165 170 175

Lys Trp Ala Gln Glu Asn Asn Val Ile Leu Ala Ala Asp Glu Cys Tyr
180 185 190

Leu Gly Leu Gly Trp Asp Asp Glu Asn Pro Pro Ile Ser Ile Leu Asp
195 200 205

Pro Arg Val Cys Asp Gly Asp His Thr Asn Leu Ile Ala Ile His Ser
210 215 220

Leu
225

<210> 129
<211> 1206
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1183)

<223> RXN00508

<400> 129

agccacgtgt ttaaggatag ttgaaagcgt ggggcaatac tggcactaac cccggcacca 60

atcgtatttc tgcgcggt tgggtggcaca atagttcaac atg aac ttg ctg acc 115
Met Asn Leu Leu Thr

1 5

acc aaa att gac ctg gat gcc atc gcc cat aac acg agg gtg ctt aaa 163
Thr Lys Ile Asp Leu Asp Ala Ile Ala His Asn Thr Arg Val Leu Lys

10 15 20

caa atg gcg ggt ccg gcg aag ctg atg gcg gtg gtg aag gcg aat gca 211
Gln Met Ala Gly Pro Ala Lys Leu Met Ala Val Val Lys Ala Asn Ala

25 30 35

tat aac cat ggc gta gag aag gtc gct ccg gtt att gct gct cat ggt 259
Tyr Asn His Gly Val Glu Lys Val Ala Pro Val Ile Ala Ala His Gly

40 45 50

gcg gat gcg ttt ggt gtg gca act ctt gcg gag gct atg cag ttg cgt 307
Ala Asp Ala Phe Gly Val Ala Thr Leu Ala Glu Ala Met Gln Leu Arg

55 60 65

gat atc ggc atc agc caa gag gtt ttg tgt tgg att tgg aca ccg gag 355
Asp Ile Gly Ile Ser Gln Glu Val Leu Cys Trp Ile Trp Thr Pro Glu

70 75 80 85

cag gat ttc cgc gcc gcc att gat cgc aat att gat ttg gct gtt att 403
Gln Asp Phe Arg Ala Ala Ile Asp Arg Asn Ile Asp Leu Ala Val Ile

90 95 100

tct ccc gcg cat gcc aaa gcc ttg atc gaa act gat gcg gag cat att 451
Ser Pro Ala His Ala Lys Ala Leu Ile Glu Thr Asp Ala Glu His Ile

105 110 115

cgg gtg tcc atc aag att gat tct ggg ttg cat cgt tcg ggt gtg gat 499
Arg Val Ser Ile Lys Ile Asp Ser Gly Leu His Arg Ser Gly Val Asp

120 125 130

gag cag gag tgg gag ggc gtg ttc agc gcg ttg gct gct gcc ccg cac 547
Glu Gln Glu Trp Glu Gly Val Phe Ser Ala Leu Ala Ala Ala Pro His

135 140 145

att gag gtc acg ggc atg ttc acg cac ttg gcg tgc gcg gat gag cca 595
Ile Glu Val Thr Gly Met Phe Thr His Leu Ala Cys Ala Asp Glu Pro

150 155 160 165

gag aat ccg gaa act gat cgc caa att att gct ttt cga cgc gcc ctt 643
Glu Asn Pro Glu Thr Asp Arg Gln Ile Ile Ala Phe Arg Arg Ala Leu

170 175 180

gcg ctc gcc cgc aag cac ggg ctt gag tgc ccg gtc aac cac gta tgc 691
Ala Leu Ala Arg Lys His Gly Leu Glu Cys Pro Val Asn His Val Cys

185 190 195

aac tca cct gca ttc ttg act cga tct gat tta cac atg gag atg gtc 739
Asn Ser Pro Ala Phe Leu Thr Arg Ser Asp Leu His Met Glu Met Val

200 205 210

cga ccg ggt ttg gcc ttt tat ggg ttg gaa ccc gtg gcg gga ctg gag 787
Arg Pro Gly Leu Ala Phe Tyr Gly Leu Glu Pro Val Ala Gly Leu Glu

215 220 225

cat ggt ttg aag ccg gcg atg acg tgg gag gcg aag gtg agc gtc gta 835
His Gly Leu Lys Pro Ala Met Thr Trp Glu Ala Lys Val Ser Val Val

230 235 240 245

aag caa att gaa gct gga caa ggc act tcc tat ggc ctg acc tgg cgc 883
Lys Gln Ile Glu Ala Gly Gln Gly Thr Ser Tyr Gly Leu Thr Trp Arg

250 255 260

gct gag gat cgc ggc ttt gtg gct gtg gtg cct gcg ggc tat gcc gat 931
Ala Glu Asp Arg Gly Phe Val Ala Val Val Pro Ala Gly Tyr Ala Asp

265 270 275

ggc atg ccg cgg cat gcc cag ggg aaa ttc tcc gtc acg att gat ggc 979
Gly Met Pro Arg His Ala Gln Gly Lys Phe Ser Val Thr Ile Asp Gly

280 285 290

ctg gac tat ccg cag gtt ggg cgc gta tgc atg gat cag ttc gtt att 1027
Leu Asp Tyr Pro Gln Val Gly Arg Val Cys Met Asp Gln Phe Val Ile

295 300 305

tct ttg ggc gac aat cca cac ggc gtg gaa gct ggg gcg aag gcc gtg 1075
Ser Leu Gly Asp Asn Pro His Gly Val Glu Ala Gly Ala Lys Ala Val

310 315 320 325

ata ttc ggt gag aat ggg cat gac gca act gat ttt gcg gag cgt tta 1123
Ile Phe Gly Glu Asn Gly His Asp Ala Thr Asp Phe Ala Glu Arg Leu

330 335 340

gac acc att aac tat gag gta gtg tgc cga cca acc ggc cga act gtc 1171
Asp Thr Ile Asn Tyr Glu Val Val Cys Arg Pro Thr Gly Arg Thr Val

345 350 355

cgc gca tat gtt taagtgaata cgtttaagga gca 1206
Arg Ala Tyr Val

360

<210> 130

<211> 361

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 130

Met Asn Leu Leu Thr Thr Lys Ile Asp Leu Asp Ala Ile Ala His Asn
1 5 10 15

Thr Arg Val Leu Lys Gln Met Ala Gly Pro Ala Lys Leu Met Ala Val
20 25 30

Val Lys Ala Asn Ala Tyr Asn His Gly Val Glu Lys Val Ala Pro Val
35 40 45

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

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

275	280	285	
Val Thr Ile Asp Gly Leu Asp Tyr Pro Gln Val Gly Arg Val Cys Met			
290	295	300	
Asp Gln Phe Val Ile Ser Leu Gly Asp Asn Pro His Gly Val Glu Ala			
305	310	315	320
Gly Ala Lys Ala Val Ile Phe Gly Glu Asn Gly His Asp Ala Thr Asp			
	325	330	335
Phe Ala Glu Arg Leu Asp Thr Ile Asn Tyr Glu Val Val Cys Arg Pro			
	340	345	350
Thr Gly Arg Thr Val Arg Ala Tyr Val			
	355	360	
<210> 131			
<211> 1152			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1129)			
<223> RXN00636			
<400> 131			
tcatgggatt cagcaaggcg gccacccgaa ccgtctttgg tggaggagta ggagcgatga 60			
tcgatctggc ccgttcgaac ataaggaata ttctactcc atg atg att gat aca 115			
Met Met Ile Asp Thr			
1 5			
cct gct gtt ctc att gac cgc gag cgc tta act gcc aac att tcc agg 163			
Pro Ala Val Leu Ile Asp Arg Glu Arg Leu Thr Ala Asn Ile Ser Arg			
10 15 20			
atg gca gct cac gcc ggt gcc cat gag att gcc ctg cgt ccg cat gtg 211			
Met Ala Ala His Ala Gly Ala His Glu Ile Ala Leu Arg Pro His Val			
25 30 35			

aaa acg cac aaa atc att gaa att gcg cag atg cag gtc gac gcc ggt	259
Lys Thr His Lys Ile Ile Glu Ile Ala Gln Met Gln Val Asp Ala Gly	
40	45
50	
gcc cga ggg atc acc tgc gca acc att ggc gag gcg gaa att ttt gcc	307
Ala Arg Gly Ile Thr Cys Ala Thr Ile Gly Glu Ala Glu Ile Phe Ala	
55	60
65	
ggc gca ggt ttt acg gac atc ttt att gca tat ccg ctg tat cta acc	355
Gly Ala Gly Phe Thr Asp Ile Phe Ile Ala Tyr Pro Leu Tyr Leu Thr	
70	75
80	85
gat cat gca gtg caa cgc ctg aac gcg atc ccc gga gaa att tcc att	403
Asp His Ala Val Gln Arg Leu Asn Ala Ile Pro Gly Glu Ile Ser Ile	
90	95
100	
ggc gtg gat tgc gta gag atg gca cag gcg acg gcg ggt ttg cgg gaa	451
Gly Val Asp Ser Val Glu Met Ala Gln Ala Thr Ala Gly Leu Arg Glu	
105	110
115	
gat atc aag gct ctg att gaa gtg gat tgc gga cat cgt aga agt gga	499
Asp Ile Lys Ala Leu Ile Glu Val Asp Ser Gly His Arg Arg Ser Gly	
120	125
130	
gtc acg gcg act gct tca gaa ttg agt cag atc cgc gag gcg ctg ggc	547
Val Thr Ala Thr Ala Ser Glu Leu Ser Gln Ile Arg Glu Ala Leu Gly	
135	140
145	
agc agg tat gca gga gtg ttt act ttt cct ggg cat tct tat ggc ccg	595
Ser Arg Tyr Ala Gly Val Phe Thr Phe Pro Gly His Ser Tyr Gly Pro	
150	155
160	165
gga aat ggt gag cag gca gca gct gat gag ctt cag gct cta aac aac	643
Gly Asn Gly Glu Gln Ala Ala Ala Asp Glu Leu Gln Ala Leu Asn Asn	
170	175
180	
agc gtc cag cga ctt gct ggc ggc ctg act tct ggc ggt tcc tgc ccg	691
Ser Val Gln Arg Leu Ala Gly Gly Leu Thr Ser Gly Gly Ser Ser Pro	
185	190
195	
tct gcg cag ttt aca gac gca atc gat gag atg cga cca ggc gtg tat	739

Ser Ala Gln Phe Thr Asp Ala Ile Asp Glu Met Arg Pro Gly Val Tyr
200 205 210

gtg ttt aac gat tcc cag cag atc acc tcg gga gca tgc act gag aag 787
Val Phe Asn Asp Ser Gln Gln Ile Thr Ser Gly Ala Cys Thr Glu Lys

215 220 225

cag gtg gca atg acg gtg ctg tct act gtg gtc agc cga aat gtg tca 835
Gln Val Ala Met Thr Val Leu Ser Thr Val Val Ser Arg Asn Val Ser

230 235 240 245

gat cgt cgg atc att ttg gat gcg gga tcc aaa atc ctc agc act gat 883
Asp Arg Arg Ile Ile Leu Asp Ala Gly Ser Lys Ile Leu Ser Thr Asp

250 255 260

aaa cca gca tgg att gat ggc aat ggt ttt gtt ctg ggg aat cct gaa 931
Lys Pro Ala Trp Ile Asp Gly Asn Gly Phe Val Leu Gly Asn Pro Glu

265 270 275

gcc cga atc tct gct ttg tcg gag cat cac gca acc att ttc tgg cca 979
Ala Arg Ile Ser Ala Leu Ser Glu His His Ala Thr Ile Phe Trp Pro

280 285 290

gat aaa gtg cta ctt cca gta atc ggg gag cag ctc aac atc gtg ccc 1027
Asp Lys Val Leu Leu Pro Val Ile Gly Glu Gln Leu Asn Ile Val Pro

295 300 305

aac cat gcc tgc aac gtg att aat ttg gtg gat gag gtc tac gtt cgg 1075
Asn His Ala Cys Asn Val Ile Asn Leu Val Asp Glu Val Tyr Val Arg

310 315 320 325

gaa gcc gat ggc act ttc cgt acc tgg aag gta gtt gcc cgc ggc aga 1123
Glu Ala Asp Gly Thr Phe Arg Thr Trp Lys Val Val Ala Arg Gly Arg

330 335 340

aac aat tagggaaacc tcttgacctt cac 1152
Asn Asn

<210> 132

<211> 343

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 132

Met Met Ile Asp Thr Pro Ala Val Leu Ile Asp Arg Glu Arg Leu Thr
1 5 10 15

Ala Asn Ile Ser Arg Met Ala Ala His Ala Gly Ala His Glu Ile Ala
20 25 30

Leu Arg Pro His Val Lys Thr His Lys Ile Ile Glu Ile Ala Gln Met
35 40 45

Gln Val Asp Ala Gly Ala Arg Gly Ile Thr Cys Ala Thr Ile Gly Glu
50 55 60

Ala Glu Ile Phe Ala Gly Ala Gly Phe Thr Asp Ile Phe Ile Ala Tyr
65 70 75 80

Pro Leu Tyr Leu Thr Asp His Ala Val Gln Arg Leu Asn Ala Ile Pro
85 90 95

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

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

His Arg Arg Ser Gly Val Thr Ala Thr Ala Ser Glu Leu Ser Gln Ile
130 135 140

Arg Glu Ala Leu Gly Ser Arg Tyr Ala Gly Val Phe Thr Phe Pro Gly
145 150 155 160

His Ser Tyr Gly Pro Gly Asn Gly Glu Gln Ala Ala Ala Asp Glu Leu
165 170 175

Gln Ala Leu Asn Asn Ser Val Gln Arg Leu Ala Gly Gly Leu Thr Ser
180 185 190

Gly Gly Ser Ser Pro Ser Ala Gln Phe Thr Asp Ala Ile Asp Glu Met

[illegible]

<210> 133
<211> 879
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(856)
<223> RXA02536
```

<400> 133
aagaagtgat cacgcaacc tgtgtataac ttgcctcaaa gcgcctaggc tgtggattat 60

gcgtattgcc ttgcttcaga tctcgacgaa ttccgataag atg gac aac ttc gcc	115
Met Asp Asn Phe Ala	
1 5	
ctg ctg cgt gat gct gct gaa aaa gct gcg gaa cag ggg gct cgg gtg	163
Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu Gln Gly Ala Arg Val	
10 15 20	
ttg gtg ttt ccg gag gcg act tcg caa agc ttt ggt acg gga agg ctt	211
Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe Gly Thr Gly Arg Leu	
25 30 35	
gat act cag gcg gag gag ctc gat ggc gaa ttc tcc acc gcg gta cga	259
Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe Ser Thr Ala Val Arg	
40 45 50	
aaa tta gcc gat gag ctg gac gtt gtc atc gtt gcg ggc atg ttc acc	307
Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val Ala Gly Met Phe Thr	
55 60 65	
cct gct gac acc gtg cag cgc ggt gaa aaa acg atc tcg cgc gtc aac	355
Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr Ile Ser Arg Val Asn	
70 75 80 85	
aac acc gtg ctg att agt ggc gct gga ttg cat cag gga tac aac aaa	403
Asn Thr Val Leu Ile Ser Gly Ala Gly Leu His Gln Gly Tyr Asn Lys	
90 95 100	
att cac aca tat gac gcg ttc ggt tat agg gaa tcc gac act gtg aaa	451
Ile His Thr Tyr Asp Ala Phe Gly Tyr Arg Glu Ser Asp Thr Val Lys	
105 110 115	
ccg ggc gat gag ctg gtt gta ttc gag gtc gac gat att aaa ttt ggt	499
Pro Gly Asp Glu Leu Val Val Phe Glu Val Asp Asp Ile Lys Phe Gly	
120 125 130	
gtg gcg aca tgc tac gat att cga ttc cca gaa cag ttc aaa gac ctc	547
Val Ala Thr Cys Tyr Asp Ile Arg Phe Pro Glu Gln Phe Lys Asp Leu	
135 140 145	
gcc cgc aac ggt gca cag ata att gtg gtt ccc acg tcg tgg caa gac	595

Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro Thr Ser Trp Gln Asp
150 155 160 165
ggt cct gga aaa tta gaa caa tgg gaa gtc ctc cct cgc gcg cgt gca 643
Gly Pro Gly Lys Leu Glu Gln Trp Glu Val Leu Pro Arg Ala Arg Ala
170 175 180
ctg gat tcc acc tgc tgg atc gta gcg tgt ggg caa gcg cga ctt cca 691
Leu Asp Ser Thr Cys Trp Ile Val Ala Cys Gly Gln Ala Arg Leu Pro
185 190 195
gaa gaa tta cgc gat gaa cga aaa ggc cct acg ggg att ggt cat tcc 739
Glu Glu Leu Arg Asp Glu Arg Lys Gly Pro Thr Gly Ile Gly His Ser
200 205 210
atg gtg aca aac cca cac ggt gaa gta att gct agc gcg ggt tat gag 787
Met Val Thr Asn Pro His Gly Glu Val Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Glu
215 220 225
cca gaa atg ttg atc gcg gat att gat gtc agc ggt ttg gcc aaa att 835
Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser Gly Leu Ala Lys Ile
230 235 240 245
cgg gag gca ttg cct gtt ctt taaccactgt ctaaggaatc act 879
Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu
250
<210> 134
<211> 252
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 134
Met Asp Asn Phe Ala Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu
1 5 10 15
Gln Gly Ala Arg Val Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe
20 25 30
Gly Thr Gly Arg Leu Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe
35 40 45

Ser Thr Ala Val Arg Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val
50 55 60

Ala Gly Met Phe Thr Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr
65 70 75 80

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

Gln Gly Tyr Asn Lys Ile His Thr Tyr Asp Ala Phe Gly Tyr Arg Glu
100 105 110

Ser Asp Thr Val Lys Pro Gly Asp Glu Leu Val Val Phe Glu Val Asp
115 120 125

Asp Ile Lys Phe Gly Val Ala Thr Cys Tyr Asp Ile Arg Phe Pro Glu
130 135 140

Gln Phe Lys Asp Leu Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro
145 150 155 160

Thr Ser Trp Gln Asp Gly Pro Gly Lys Leu Glu Gln Trp Glu Val Leu
165 170 175

Pro Arg Ala Arg Ala Leu Asp Ser Thr Cys Trp Ile Val Ala Cys Gly
180 185 190

Gln Ala Arg Leu Pro Glu Glu Leu Arg Asp Glu Arg Lys Gly Pro Thr
195 200 205

Gly Ile Gly His Ser Met Val Thr Asn Pro His Gly Glu Val Ile Ala
210 215 220

Ser Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser
225 230 235 240

Gly Leu Ala Lys Ile Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu
245 250

<210> 135

<211> 1635
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1612)
 <223> RXS00870

<400> 135
 caagacggcg atgtcgccgc cgctgttgat accgcagcgc gacttgttca cacagatatt 60

caacaattca cticgcagag catttaagga atttacacac atg tct gaa cca caa 115
 Met Ser Glu Pro Gln

1 5

acc atc tcg cac tgg att gac ggc gcg att tcc cca tcc act tcc ggc 163
 Thr Ile Ser His Trp Ile Asp Gly Ala Ile Ser Pro Ser Thr Ser Gly

10 15 20

aag acc gct cct gtc tac aat cct gca act ggc cag gtc acc gcc aat 211
 Lys Thr Ala Pro Val Tyr Asn Pro Ala Thr Gly Gln Val Thr Ala Asn

25 30 35

gtt gcg ctg gct agc cag gaa gag atc gat gcc acc atc gct tct gcc 259
 Val Ala Leu Ala Ser Gln Glu Glu Ile Asp Ala Thr Ile Ala Ser Ala

40 45 50

acc aag gct gct aag acg tgg ggc aac ctg tct atc gct aag cgc caa 307
 Thr Lys Ala Ala Lys Thr Trp Gly Asn Leu Ser Ile Ala Lys Arg Gln

55 60 65

gct gtg ctt ttc aac ttc cgt gag ctg ctg aat gct cgc aag ggt gag 355
 Ala Val Leu Phe Asn Phe Arg Glu Leu Leu Asn Ala Arg Lys Gly Glu

70 75 80 85

ctg gcg gag atc atc act gca gag cac ggc aag gtc ttg tcc gat gcc 403
 Leu Ala Glu Ile Ile Thr Ala Glu His Gly Lys Val Leu Ser Asp Ala

90 95 100

atg ggt gaa atc ctg cgc ggc cag gaa gtc gtg gag ctt gct acc ggt 451
 Met Gly Glu Ile Leu Arg Gly Gln Glu Val Val Glu Leu Ala Thr Gly

105	110	115	
ttc cca cac ctg ctt aaa ggt gcg ttc aac gag aac gtc tcc acc ggc Phe Pro His Leu Leu Lys Gly Ala Phe Asn Glu Asn Val Ser Thr Gly			499
120	125	130	
att gat gtg tat tcc ttg aag cag cca ctg ggt gtt gtc ggt atc atc Ile Asp Val Tyr Ser Leu Lys Gln Pro Leu Gly Val Val Gly Ile Ile			547
135	140	145	
agc ccg ttc aac ttc cct gcg atg gtg ccg atg tgg ttt ttc cca atc Ser Pro Phe Asn Phe Pro Ala Met Val Pro Met Trp Phe Phe Pro Ile			595
150	155	160	165
gca atc gct gca ggc aac gca gtt att ttg aag cct tca gag aag gat Ala Ile Ala Ala Gly Asn Ala Val Ile Leu Lys Pro Ser Glu Lys Asp			643
170	175	180	
cct tcg gca gcg ctg tgg atg gct cag atc tgg aag gaa gct ggt ctt Pro Ser Ala Ala Leu Trp Met Ala Gln Ile Trp Lys Glu Ala Gly Leu			691
185	190	195	
cca gac ggc gta ttc aac gtg ctc cag ggc gac aag ctg gct gtt gat Pro Asp Gly Val Phe Asn Val Leu Gln Gly Asp Lys Leu Ala Val Asp			739
200	205	210	
ggt ttg ctg aac agc cct gat gtc tct gcg att tcc ttc gtg ggt tcc Gly Leu Leu Asn Ser Pro Asp Val Ser Ala Ile Ser Phe Val Gly Ser			787
215	220	225	
acc cca atc gca aag tac atc tac gag act tcc gcg aag aac ggc aag Thr Pro Ile Ala Lys Tyr Ile Tyr Glu Thr Ser Ala Lys Asn Gly Lys			835
230	235	240	245
cgc gtc cag gcg ttg ggc ggc gcg aag aac cac atg ctg gtg ctg cca Arg Val Gln Ala Leu Gly Gly Ala Lys Asn His Met Leu Val Leu Pro			883
250	255	260	
gat gct gat ctg gat ctg gtt gcc gat cag gca atc aac gca ggt tac Asp Ala Asp Leu Asp Leu Val Ala Asp Gln Ala Ile Asn Ala Gly Tyr			931

265	270	275	
ggc gct gcc ggt gag cgt tgc atg gct gtt tct gtg gtc ttg gct att			979
Gly Ala Ala Gly Glu Arg Cys Met Ala Val Ser Val Val Leu Ala Ile			
280	285	290	
gaa tct gtt gcc gac gag ctc att gag aag atc aag gag cgc atc gac			1027
Glu Ser Val Ala Asp Glu Leu Ile Glu Lys Ile Lys Glu Arg Ile Asp			
295	300	305	
acc ctg cgc atc ggc aac ggt gcc ggc gac gag cag ggc gag ccg cac			1075
Thr Leu Arg Ile Gly Asn Gly Ala Gly Asp Glu Gln Gly Glu Pro His			
310	315	320	325
ctg ggc cca cta atc acc gac gtc cac cgc gac aag gtc gct tct tat			1123
Leu Gly Pro Leu Ile Thr Asp Val His Arg Asp Lys Val Ala Ser Tyr			
330	335	340	
gtc gac atc gct gag gcc gac ggc gcc aag atc atc gtg gac ggg cgt			1171
Val Asp Ile Ala Glu Ala Asp Gly Ala Lys Ile Ile Val Asp Gly Arg			
345	350	355	
aac tgc gcc gta gac ggg cac gag gag ggc ttc ttc ttc ggc cct acg			1219
Asn Cys Ala Val Asp Gly His Glu Glu Gly Phe Phe Phe Gly Pro Thr			
360	365	370	
ctt atc gac gac atc cca ctc acg ttc cgc gcc tac acc gaa gaa atc			1267
Leu Ile Asp Asp Ile Pro Leu Thr Phe Arg Ala Tyr Thr Glu Glu Ile			
375	380	385	
ttc ggc ccg gtc ctc tct gtc gtt cgt gtc gca tcc ttc gac gag gca			1315
Phe Gly Pro Val Leu Ser Val Val Arg Val Ala Ser Phe Asp Glu Ala			
390	395	400	405
att gag ctg atc aac tcc ggt gaa ttc ggc aac gga acc gca atc ttc			1363
Ile Glu Leu Ile Asn Ser Gly Glu Phe Gly Asn Gly Thr Ala Ile Phe			
410	415	420	
acc aac gat ggt gga gcg gca cgc cgc ttc cag cat gag atc gaa gtg			1411
Thr Asn Asp Gly Gly Ala Ala Arg Arg Phe Gln His Glu Ile Glu Val			

425 430 435
 ggc atg atc ggc atc aac gta cca atc cca gtg cct gtt gcg tac cac 1459
 Gly Met Ile Gly Ile Asn Val Pro Ile Pro Val Pro Val Ala Tyr His

440 445 450
 tcc ttc ggt ggt tgg aag aac tcc ctc ttc ggt gac gcc aag gca tat 1507
 Ser Phe Gly Gly Trp Lys Asn Ser Leu Phe Gly Asp Ala Lys Ala Tyr

455 460 465
 ggc act caa ggt ttt gat ttc ttc acc agg gaa aag gcg atc acc agc 1555
 Gly Thr Gln Gly Phe Asp Phe Phe Thr Arg Glu Lys Ala Ile Thr Ser

470 475 480 485
 cgt tgg ctc gac cca gca acc cac ggt ggc att aac ctc ggt ttc cca 1603
 Arg Trp Leu Asp Pro Ala Thr His Gly Gly Ile Asn Leu Gly Phe Pro

490 495 500
 cag aac gat taattgaagg agagcacagg act 1635
 Gln Asn Asp

<210> 136
 <211> 504
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 136
 Met Ser Glu Pro Gln Thr Ile Ser His Trp Ile Asp Gly Ala Ile Ser
 1 5 10 15

Pro Ser Thr Ser Gly Lys Thr Ala Pro Val Tyr Asn Pro Ala Thr Gly
 20 25 30

Gln Val Thr Ala Asn Val Ala Leu Ala Ser Gln Glu Glu Ile Asp Ala
 35 40 45

Thr Ile Ala Ser Ala Thr Lys Ala Ala Lys Thr Trp Gly Asn Leu Ser
 50 55 60

Ile Ala Lys Arg Gln Ala Val Leu Phe Asn Phe Arg Glu Leu Leu Asn

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

290

295

300

Lys Glu Arg Ile Asp Thr Leu Arg Ile Gly Asn Gly Ala Gly Asp Glu
305 310 315 320

Gln Gly Glu Pro His Leu Gly Pro Leu Ile Thr Asp Val His Arg Asp
325 330 335

Lys Val Ala Ser Tyr Val Asp Ile Ala Glu Ala Asp Gly Ala Lys Ile
340 345 350

Ile Val Asp Gly Arg Asn Cys Ala Val Asp Gly His Glu Glu Gly Phe
355 360 365

Phe Phe Gly Pro Thr Leu Ile Asp Asp Ile Pro Leu Thr Phe Arg Ala
370 375 380

Tyr Thr Glu Glu Ile Phe Gly Pro Val Leu Ser Val Val Arg Val Ala
385 390 395 400

Ser Phe Asp Glu Ala Ile Glu Leu Ile Asn Ser Gly Glu Phe Gly Asn
405 410 415

Gly Thr Ala Ile Phe Thr Asn Asp Gly Gly Ala Ala Arg Arg Phe Gln
420 425 430

His Glu Ile Glu Val Gly Met Ile Gly Ile Asn Val Pro Ile Pro Val
435 440 445

Pro Val Ala Tyr His Ser Phe Gly Gly Trp Lys Asn Ser Leu Phe Gly
450 455 460

Asp Ala Lys Ala Tyr Gly Thr Gln Gly Phe Asp Phe Phe Thr Arg Glu
465 470 475 480

Lys Ala Ile Thr Ser Arg Trp Leu Asp Pro Ala Thr His Gly Gly Ile
485 490 495

Asn Leu Gly Phe Pro Gln Asn Asp
500

<210> 137
 <211> 531
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(508)
 <223> RXS02299

<400> 137
 acgcgggggt tgttgccgga tcgaaatatt cctttccttg tcatctcacg ctatgatttc 60

taaaacttgc aggacaaccc ccataaggac accacaggac atg ctg cgc acc atc 115
 Met Leu Arg Thr Ile

1 5

ctc gga agt aag att cac cga gcc act gtc act caa gct gat cta gat 163
 Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr Gln Ala Asp Leu Asp

10 15 20

tat gtt ggc tct gta acc atc gac gcc gac ctg gtt cac gcc gcc gga 211
 Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu Val His Ala Ala Gly

25 30 35

ttg atc gaa ggc gaa aaa gtt gcc atc gta gac atc acc aac ggc gct 259
 Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp Ile Thr Asn Gly Ala

40 45 50

cgt ctg gaa act tat gtc att gtg ggc gac gcc gga acg ggc aat att 307
 Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala Gly Thr Gly Asn Ile

55 60 65

tgc atc aat ggt gcc gct gca cac ctt att aat cct ggc gat ctt gtg 355
 Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn Pro Gly Asp Leu Val

70 75 80 85

atc atc atg agc tac ctt cag gca act gat gcg gaa gcc aag gcg tat 403
 Ile Ile Met Ser Tyr Leu Gln Ala Thr Asp Ala Glu Ala Lys Ala Tyr

90 95 100

gag cca aag att gtg cac gtg gac gcc gac aac cgc atc gtt gcg ctc 451

Glu Pro Lys Ile Val His Val Asp Ala Asp Asn Arg Ile Val Ala Leu

105

110

115

ggc aac gat ctt gcg gaa gca cta cct gga tcc ggg ctt ttg acg tcg 499
Gly Asn Asp Leu Ala Glu Ala Leu Pro Gly Ser Gly Leu Leu Thr Ser

120

125

130

aga agc att tagcggtttta gctcgccaat att 531
Arg Ser Ile

135

<210> 138

<211> 136

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 138

Met Leu Arg Thr Ile Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr
1 5 10 15

Gln Ala Asp Leu Asp Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu
20 25 30

Val His Ala Ala Gly Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp
35 40 45

Ile Thr Asn Gly Ala Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala
50 55 60

Gly Thr Gly Asn Ile Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn
65 70 75 80

Pro Gly Asp Leu Val Ile Ile Met Ser Tyr Leu Gln Ala Thr Asp Ala
85 90 95

Glu Ala Lys Ala Tyr Glu Pro Lys Ile Val His Val Asp Ala Asp Asn
100 105 110

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

Gly Leu Leu Thr Ser Arg Ser Ile
130 135

<210> 139
<211> 1053
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1030)
<223> RXA01561

<400> 139
gtgccagaa attctgcttg cactcaccca agccgttttag caaatgaac ctcacgttca 60

taataatgtt cattttcatc gagttctaga aaacacaggc atg ctc acc ctc aac 115
Met Leu Thr Leu Asn

1 5

gat gtc atc acc gcc caa caa cga acc gcc cct cat gtt cga cga acg 163
Asp Val Ile Thr Ala Gln Gln Arg Thr Ala Pro His Val Arg Arg Thr

10 15 20

cca ctt ttc gaa gca gac ccc atc gac ggc aca caa atc tgg atc aaa 211
Pro Leu Phe Glu Ala Asp Pro Ile Asp Gly Thr Gln Ile Trp Ile Lys

25 30 35

gca gag ttc ctc caa aag tgc ggc gtg ttc aaa acg cgt gga gca ttc 259
Ala Glu Phe Leu Gln Lys Cys Gly Val Phe Lys Thr Arg Gly Ala Phe

40 45 50

aac cgc cag ctc gca gct tcg gaa aac gga cta ctc gac cca acg gtt 307
Asn Arg Gln Leu Ala Ala Ser Glu Asn Gly Leu Leu Asp Pro Thr Val

55 60 65

ggc atc gtc gcg gca tca ggc gga aac gca gga ctc gca aat gct ttt 355
Gly Ile Val Ala Ala Ser Gly Gly Asn Ala Gly Leu Ala Asn Ala Phe

70 75 80 85

gcc gca gca tcc tta agc gtt ccc gcc acg gta ttg gtg ccc gaa act 403
Ala Ala Ala Ser Leu Ser Val Pro Ala Thr Val Leu Val Pro Glu Thr

90	95	100	
gcc cca caa gta aaa gtt gat cgc ctc aag caa tac ggt gca acc gtg			451
Ala Pro Gln Val Lys Val Asp Arg Leu Lys Gln Tyr Gly Ala Thr Val			
105	110	115	
caa caa atc gga tct gaa tat gcg gaa gca ttt gag gca gct caa acc			499
Gln Gln Ile Gly Ser Glu Tyr Ala Glu Ala Phe Glu Ala Ala Gln Thr			
120	125	130	
ttt gag tcg gaa act ggt gct ctg ttt tgc cac gcc tac gac cag ccc			547
Phe Glu Ser Glu Thr Gly Ala Leu Phe Cys His Ala Tyr Asp Gln Pro			
135	140	145	
gac atc gca gct gga gca ggc gtc att ggg cta gaa att gtc gaa gat			595
Asp Ile Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile Gly Leu Glu Ile Val Glu Asp			
150	155	160	165
ctt ccc gac gtt gac acc atc gtg gtt gct gtc ggt ggc ggt gga ctc			643
Leu Pro Asp Val Asp Thr Ile Val Val Ala Val Gly Gly Gly Gly Leu			
170	175	180	
tat gca gga atc gca gcc gtc gta gca gcc cac gac atc aaa gtg gtg			691
Tyr Ala Gly Ile Ala Ala Val Val Ala Ala His Asp Ile Lys Val Val			
185	190	195	
gcc gtt gaa ccc tcc aaa att cca acc ctg cac aac tca ctc att gcc			739
Ala Val Glu Pro Ser Lys Ile Pro Thr Leu His Asn Ser Leu Ile Ala			
200	205	210	
ggc caa cca gtc gat gtg aac gtt tct ggt atc gcg gca gat tct ttg			787
Gly Gln Pro Val Asp Val Asn Val Ser Gly Ile Ala Ala Asp Ser Leu			
215	220	225	
ggg gct cgc caa att gga cga gaa gcc ttt gac atc gca act gcc cat			835
Gly Ala Arg Gln Ile Gly Arg Glu Ala Phe Asp Ile Ala Thr Ala His			
230	235	240	245
ccc cca ata ggc gtc cta gtg gac gat gaa gca atc atc gca gct cga			883
Pro Pro Ile Gly Val Leu Val Asp Asp Glu Ala Ile Ile Ala Ala Arg			

250 255 260

cgc cac ctc tgg gac aac tac cgc atc cct gcc gag cat ggc gct gcc 931
Arg His Leu Trp Asp Asn Tyr Arg Ile Pro Ala Glu His Gly Ala Ala

265 270 275

gca gca ctc gcc tct ctt acc agt gga gca tac aaa cct gca gca gat 979
Ala Ala Leu Ala Ser Leu Thr Ser Gly Ala Tyr Lys Pro Ala Ala Asp

280 285 290

gaa aaa gtg gca gtc att gtg tgc gga gcg aac act gac ctc aca aca 1027
Glu Lys Val Ala Val Ile Val Cys Gly Ala Asn Thr Asp Leu Thr Thr

295 300 305

ctg tgatgtgatt tcaaacgac aca 1053
Leu

310

<210> 140
<211> 310
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 140
Met Leu Thr Leu Asn Asp Val Ile Thr Ala Gln Gln Arg Thr Ala Pro
1 5 10 15

His Val Arg Arg Thr Pro Leu Phe Glu Ala Asp Pro Ile Asp Gly Thr
20 25 30

Gln Ile Trp Ile Lys Ala Glu Phe Leu Gln Lys Cys Gly Val Phe Lys
35 40 45

Thr Arg Gly Ala Phe Asn Arg Gln Leu Ala Ala Ser Glu Asn Gly Leu
50 55 60

Leu Asp Pro Thr Val Gly Ile Val Ala Ala Ser Gly Gly Asn Ala Gly
65 70 75 80

Leu Ala Asn Ala Phe Ala Ala Ala Ser Leu Ser Val Pro Ala Thr Val
85 90 95

Leu Val Pro Glu Thr Ala Pro Gln Val Lys Val Asp Arg Leu Lys Gln
100 105 110

Tyr Gly Ala Thr Val Gln Gln Ile Gly Ser Glu Tyr Ala Glu Ala Phe
115 120 125

Glu Ala Ala Gln Thr Phe Glu Ser Glu Thr Gly Ala Leu Phe Cys His
130 135 140

Ala Tyr Asp Gln Pro Asp Ile Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile Gly Leu
145 150 155 160

Glu Ile Val Glu Asp Leu Pro Asp Val Asp Thr Ile Val Val Ala Val
165 170 175

Gly Gly Gly Gly Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Ala Val Val Ala Ala His
180 185 190

Asp Ile Lys Val Val Ala Val Glu Pro Ser Lys Ile Pro Thr Leu His
195 200 205

Asn Ser Leu Ile Ala Gly Gln Pro Val Asp Val Asn Val Ser Gly Ile
210 215 220

Ala Ala Asp Ser Leu Gly Ala Arg Gln Ile Gly Arg Glu Ala Phe Asp
225 230 235 240

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

Ile Ile Ala Ala Arg Arg His Leu Trp Asp Asn Tyr Arg Ile Pro Ala
260 265 270

Glu His Gly Ala Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Thr Ser Gly Ala Tyr
275 280 285

Lys Pro Ala Ala Asp Glu Lys Val Ala Val Ile Val Cys Gly Ala Asn
290 295 300

Thr Asp Leu Thr Thr Leu

305

310

<210> 141
 <211> 1470
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1447)
 <223> RXA01850

<400> 141
 ttcgtgcaac ttcagactct tacggaggcg atggacaaaa aacaactaca atcaagcaga 60

tcaccttgta caccaccaga gaaaaggccc accctcagcc atg gct atc agt gtt 115
 Met Ala Ile Ser Val

1 5

gtt gat cta ttt agc atc ggt atc gga cca tca tcc tca cat acc gtc 163
 Val Asp Leu Phe Ser Ile Gly Ile Gly Pro Ser Ser Ser His Thr Val

10 15 20

ggc ccc atg aga gcc gcc ctc acg tat atc tct gaa ttt ccc agc tcg 211
 Gly Pro Met Arg Ala Ala Leu Thr Tyr Ile Ser Glu Phe Pro Ser Ser

25 30 35

cat gtc gat atc acg ttg cac gga tcc ctt gcc gcc acc ggt aaa ggc 259
 His Val Asp Ile Thr Leu His Gly Ser Leu Ala Ala Thr Gly Lys Gly

40 45 50

cac tgc act gac cgg gcg gta tta ctg ggt ctg gtg gga tgg gaa cca 307
 His Cys Thr Asp Arg Ala Val Leu Leu Gly Leu Val Gly Trp Glu Pro

55 60 65

acg ata gtt ccc att gat gct gca ccc tca ccc ggc gcg ccg att cct 355
 Thr Ile Val Pro Ile Asp Ala Ala Pro Ser Pro Gly Ala Pro Ile Pro

70 75 80 85

gcg aaa ggt tct gtg aac ggg cca aag gga acg gtg tcg tat tcc ctg 403
 Ala Lys Gly Ser Val Asn Gly Pro Lys Gly Thr Val Ser Tyr Ser Leu

90 95 100

acg ttt gat cct cat cct ctt cca gaa cac ccc aat gcc gtt acc ttt 451
Thr Phe Asp Pro His Pro Leu Pro Glu His Pro Asn Ala Val Thr Phe

105 110 115

aaa gga tca acc aca agg act tat ttg tgc gtg ggt ggt ggg ttc att 499
Lys Gly Ser Thr Thr Arg Thr Tyr Leu Ser Val Gly Gly Gly Phe Ile

120 125 130

atg acg ttg gag gat ttc cgg aag ctg gac gat atc gga tca ggt gtg 547
Met Thr Leu Glu Asp Phe Arg Lys Leu Asp Asp Ile Gly Ser Gly Val

135 140 145

tca acc att cat cca gag gca gag gtg cct tgt cct ttt cag aag agt 595
Ser Thr Ile His Pro Glu Ala Glu Val Pro Cys Pro Phe Gln Lys Ser

150 155 160 165

tcc caa tta ctc gca tat ggt cgc gat ttt gcg gag gtc atg aag gat 643
Ser Gln Leu Leu Ala Tyr Gly Arg Asp Phe Ala Glu Val Met Lys Asp

170 175 180

aat gag cgc tta atc cac ggg gat ctt ggc aca gtg gat gcc cat ttg 691
Asn Glu Arg Leu Ile His Gly Asp Leu Gly Thr Val Asp Ala His Leu

185 190 195

gat cga gtg tgg cag att atg cag gag tgc gtg gca caa ggc atc gca 739
Asp Arg Val Trp Gln Ile Met Gln Glu Cys Val Ala Gln Gly Ile Ala

200 205 210

acg ccg ggg att tta ccg ggt ggg ttg aat gtg caa cgt cgg gcg ccg 787
Thr Pro Gly Ile Leu Pro Gly Gly Leu Asn Val Gln Arg Arg Ala Pro

215 220 225

cag gta cac gcg ctg att agc aac ggg gat acg tgt gag ctg ggt gct 835
Gln Val His Ala Leu Ile Ser Asn Gly Asp Thr Cys Glu Leu Gly Ala

230 235 240 245

gat ctt gat gct gtg gag tgg gtg aat ctg tac gcc ttg gcg gtg aat 883
Asp Leu Asp Ala Val Glu Trp Val Asn Leu Tyr Ala Leu Ala Val Asn

250 255 260

gaa gaa aac gcc gct ggt ggt cgt gtg gtt act gct ccg act aat ggt	931
Glu Glu Asn Ala Ala Gly Gly Arg Val Val Thr Ala Pro Thr Asn Gly	
265	270
275	
gct gcg ggg att att ccg gcg gtg atg cac tat gcg cgg gat ttt ttg	979
Ala Ala Gly Ile Ile Pro Ala Val Met His Tyr Ala Arg Asp Phe Leu	
280	285
290	
aca ggt ttt ggg gcg gag cag gcg cgg acg ttt ttg tat acc gcg ggt	1027
Thr Gly Phe Gly Ala Glu Gln Ala Arg Thr Phe Leu Tyr Thr Ala Gly	
295	300
305	
gcg gtg ggc atc atc att aag gaa aat gcc tcg atc tct ggc gcg gag	1075
Ala Val Gly Ile Ile Ile Lys Glu Asn Ala Ser Ile Ser Gly Ala Glu	
310	315
320	325
gtg ggg tgt cag ggt gag gtt ggt tca gcg tcc gcg atg gcg gct gcc	1123
Val Gly Cys Gln Gly Glu Val Gly Ser Ala Ser Ala Met Ala Ala Ala	
330	335
340	
ggg ttg tgt gca gtc tta ggt ggt tct ccg caa cag gtg gaa aac gcc	1171
Gly Leu Cys Ala Val Leu Gly Gly Ser Pro Gln Gln Val Glu Asn Ala	
345	350
355	
gcg gag att gcg ttg gag cac aat ttg gga ttg acg tgc gat ccg gtg	1219
Ala Glu Ile Ala Leu Glu His Asn Leu Gly Leu Thr Cys Asp Pro Val	
360	365
370	
ggc ggg tta gtg cag att ccg tgt att gaa cgc aac gct att gct gcc	1267
Gly Gly Leu Val Gln Ile Pro Cys Ile Glu Arg Asn Ala Ile Ala Ala	
375	380
385	
atg aag tcc atc aat gcg gca agg ctt gcc cgg att ggt gat ggc aac	1315
Met Lys Ser Ile Asn Ala Ala Arg Leu Ala Arg Ile Gly Asp Gly Asn	
390	395
400	405
aat cgc gtg agt ttg gat gat gtg gtg gtc acg atg gct gcc acc ggc	1363
Asn Arg Val Ser Leu Asp Asp Val Val Val Thr Met Ala Ala Thr Gly	
410	415
420	

cgg gac atg ctg acc aaa tat aag gaa acg tcc ctt ggt ggt ttg gca 1411
Arg Asp Met Leu Thr Lys Tyr Lys Glu Thr Ser Leu Gly Gly Leu Ala

425 430 435

acc acc ttg ggc ttc ccg gtg tgc atg acg gag tgt tagcggtagc 1457
Thr Thr Leu Gly Phe Pro Val Ser Met Thr Glu Cys

440 445

gctttaacac ggc 1470

<210> 142

<211> 449

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 142

Met Ala Ile Ser Val Val Asp Leu Phe Ser Ile Gly Ile Gly Pro Ser
1 5 10 15

Ser Ser His Thr Val Gly Pro Met Arg Ala Ala Leu Thr Tyr Ile Ser
20 25 30

Glu Phe Pro Ser Ser His Val Asp Ile Thr Leu His Gly Ser Leu Ala
35 40 45

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

Val Gly Trp Glu Pro Thr Ile Val Pro Ile Asp Ala Ala Pro Ser Pro
65 70 75 80

Gly Ala Pro Ile Pro Ala Lys Gly Ser Val Asn Gly Pro Lys Gly Thr
85 90 95

Val Ser Tyr Ser Leu Thr Phe Asp Pro His Pro Leu Pro Glu His Pro
100 105 110

Asn Ala Val Thr Phe Lys Gly Ser Thr Thr Arg Thr Tyr Leu Ser Val
115 120 125

Gly Gly Gly Phe Ile Met Thr Leu Glu Asp Phe Arg Lys Leu Asp Asp
130 135 140

Ile Gly Ser Gly Val Ser Thr Ile His Pro Glu Ala Glu Val Pro Cys
145 150 155 160

Pro Phe Gln Lys Ser Ser Gln Leu Leu Ala Tyr Gly Arg Asp Phe Ala
165 170 175

Glu Val Met Lys Asp Asn Glu Arg Leu Ile His Gly Asp Leu Gly Thr
180 185 190

Val Asp Ala His Leu Asp Arg Val Trp Gln Ile Met Gln Glu Cys Val
195 200 205

Ala Gln Gly Ile Ala Thr Pro Gly Ile Leu Pro Gly Gly Leu Asn Val
210 215 220

Gln Arg Arg Ala Pro Gln Val His Ala Leu Ile Ser Asn Gly Asp Thr
225 230 235 240

Cys Glu Leu Gly Ala Asp Leu Asp Ala Val Glu Trp Val Asn Leu Tyr
245 250 255

Ala Leu Ala Val Asn Glu Glu Asn Ala Ala Gly Gly Arg Val Val Thr
260 265 270

Ala Pro Thr Asn Gly Ala Ala Gly Ile Ile Pro Ala Val Met His Tyr
275 280 285

Ala Arg Asp Phe Leu Thr Gly Phe Gly Ala Glu Gln Ala Arg Thr Phe
290 295 300

Leu Tyr Thr Ala Gly Ala Val Gly Ile Ile Ile Lys Glu Asn Ala Ser
305 310 315 320

Ile Ser Gly Ala Glu Val Gly Cys Gln Gly Glu Val Gly Ser Ala Ser
325 330 335

Ala Met Ala Ala Ala Gly Leu Cys Ala Val Leu Gly Gly Ser Pro Gln
340 345 350

Gln Val Glu Asn Ala Ala Glu Ile Ala Leu Glu His Asn Leu Gly Leu
355 360 365

Thr Cys Asp Pro Val Gly Gly Leu Val Gln Ile Pro Cys Ile Glu Arg
370 375 380

Asn Ala Ile Ala Ala Met Lys Ser Ile Asn Ala Ala Arg Leu Ala Arg
385 390 395 400

Ile Gly Asp Gly Asn Asn Arg Val Ser Leu Asp Asp Val Val Val Thr
405 410 415

Met Ala Ala Thr Gly Arg Asp Met Leu Thr Lys Tyr Lys Glu Thr Ser
420 425 430

Leu Gly Gly Leu Ala Thr Thr Leu Gly Phe Pro Val Ser Met Thr Glu
435 440 445

Cys

<210> 143
<211> 1425
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1402)
<223> RXA00580

<400> 143
ttttatatat gggatatcggc ggtctatgct tgtgggcgta cctgtcccg c gagtgaggtc 60

ttacgcgcgg gattcgtctt gtgaaaggtt agctgacctg atg acc gat gcc cac 115
Met Thr Asp Ala His

1 5

caa gcg gac gat gtc cgt tac cag cca ctg aac gag ctt gat cct gag 163
Gln Ala Asp Asp Val Arg Tyr Gln Pro Leu Asn Glu Leu Asp Pro Glu

10 15 20

gtg gct gct gcc atc gct ggg gaa ctt gcc cgt caa cgc gat aca tta 211

Val Ala Ala Ala Ile Ala Gly Glu Leu Ala Arg Gln Arg Asp Thr Leu	
25	30
35	
gag atg atc gcg tct gag aac ttc gtt ccc cgt tct gtt ttg cag gcg 259	
Glu Met Ile Ala Ser Glu Asn Phe Val Pro Arg Ser Val Leu Gln Ala	
40	45
50	
cag ggt tct gtt ctt acc aat aag tat gcc gag ggt tac cct ggc cgc 307	
Gln Gly Ser Val Leu Thr Asn Lys Tyr Ala Glu Gly Tyr Pro Gly Arg	
55	60
65	
cgt tac tac ggt ggt tgc gaa caa gtt gac atc att gag gat ctt gca 355	
Arg Tyr Tyr Gly Gly Cys Glu Gln Val Asp Ile Ile Glu Asp Leu Ala	
70	75
80	85
cgt gat cgt gcg aag gct ctc ttc ggt gca gag ttc gcc aat gtt cag 403	
Arg Asp Arg Ala Lys Ala Leu Phe Gly Ala Glu Phe Ala Asn Val Gln	
90	95
100	
cct cac tct ggc gca cag gct aat gct gct gtg ctg atg act ttg gct 451	
Pro His Ser Gly Ala Gln Ala Asn Ala Ala Val Leu Met Thr Leu Ala	
105	110
115	
gag cca ggc gac aag atc atg ggt ctg tct ttg gct cat ggt ggt cac 499	
Glu Pro Gly Asp Lys Ile Met Gly Leu Ser Leu Ala His Gly Gly His	
120	125
130	
ttg acc cac gga atg aag ttg aac ttc tcc gga aag ctg tac gag gtt 547	
Leu Thr His Gly Met Lys Leu Asn Phe Ser Gly Lys Leu Tyr Glu Val	
135	140
145	
gtt gcg tac ggt gtt gat cct gag acc atg cgt gtt gat atg gat cag 595	
Val Ala Tyr Gly Val Asp Pro Glu Thr Met Arg Val Asp Met Asp Gln	
150	155
160	165
gtt cgt gag att gct ctg aag gag cag cca aag gta att atc gct ggc 643	
Val Arg Glu Ile Ala Leu Lys Glu Gln Pro Lys Val Ile Ile Ala Gly	
170	175
180	
tgg tct gca tac cct cgc cac ctt gat ttc gag gct ttc cag tct att 691	

Trp Ser Ala Tyr Pro Arg His Leu Asp Phe Glu Ala Phe Gln Ser Ile
185 190 195

gct gcg gaa gtt ggc gcg aag ctg tgg gtc gat atg gct cac ttc gct 739
Ala Ala Glu Val Gly Ala Lys Leu Trp Val Asp Met Ala His Phe Ala

200 205 210

ggc ctt gtt gct gct ggt ttg cac cca agc cca gtt cct tac tct gat 787
Gly Leu Val Ala Ala Gly Leu His Pro Ser Pro Val Pro Tyr Ser Asp

215 220 225

ggt gtt tct tcc act gtc cac aag act ttg ggt gga cct cgt tcc ggc 835
Val Val Ser Ser Thr Val His Lys Thr Leu Gly Gly Pro Arg Ser Gly

230 235 240 245

atc att ctg gct aag cag gag tac gcg aag aag ctg aac tct tcc gta 883
Ile Ile Leu Ala Lys Gln Glu Tyr Ala Lys Lys Leu Asn Ser Ser Val

250 255 260

ttc cca ggt cag cag ggt ggt cct ttg atg cac gca gtt gct gcg aag 931
Phe Pro Gly Gln Gln Gly Gly Pro Leu Met His Ala Val Ala Ala Lys

265 270 275

gct act tct ttg aag att gct ggc act gag cag ttc cgt gac cgt cag 979
Ala Thr Ser Leu Lys Ile Ala Gly Thr Glu Gln Phe Arg Asp Arg Gln

280 285 290

gct cgc acg ttg gag ggt gct cgc att ctt gct gag cgt ctg act gct 1027
Ala Arg Thr Leu Glu Gly Ala Arg Ile Leu Ala Glu Arg Leu Thr Ala

295 300 305

tct gat gcg aag gcc gct ggc gtg gat gtc ttg acc ggt ggc act gat 1075
Ser Asp Ala Lys Ala Ala Gly Val Asp Val Leu Thr Gly Gly Thr Asp

310 315 320 325

gtg cac ttg gtt ttg gct gat ctg cgt aac tcc cag atg gat ggc cag 1123
Val His Leu Val Leu Ala Asp Leu Arg Asn Ser Gln Met Asp Gly Gln

330 335 340

cag gcg gaa gat ctg ctg cac gag gtt ggt atc act gtg aac cgt aac 1171

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

345 350 355

gcg gtt cct ttc gat cct cgt cca cca atg gtt act tct ggt ctg cgt 1219
Ala Val Pro Phe Asp Pro Arg Pro Pro Met Val Thr Ser Gly Leu Arg

360 365 370

att ggt act cct gcg ctg gct acc cgt ggt ttc gat att cct gca ttc 1267
Ile Gly Thr Pro Ala Leu Ala Thr Arg Gly Phe Asp Ile Pro Ala Phe

375 380 385

act gag gtt gca gac atc att ggt act gct ttg gct aat ggt aag tcc 1315
Thr Glu Val Ala Asp Ile Ile Gly Thr Ala Leu Ala Asn Gly Lys Ser

390 395 400 405

gca gac att gag tct ctg cgt ggc cgt gta gca aag ctt gct gca gat 1363
Ala Asp Ile Glu Ser Leu Arg Gly Arg Val Ala Lys Leu Ala Ala Asp

410 415 420

tac cca ctg tat gag ggc ttg gaa gac tgg acc atc gtc taagtttttc 1412
Tyr Pro Leu Tyr Glu Gly Leu Glu Asp Trp Thr Ile Val

425 430

tttgagtttt cat 1425

<210> 144

<211> 434

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 144

Met Thr Asp Ala His Gln Ala Asp Asp Val Arg Tyr Gln Pro Leu Asn
1 5 10 15

Glu Leu Asp Pro Glu Val Ala Ala Ala Ile Ala Gly Glu Leu Ala Arg
20 25 30

Gln Arg Asp Thr Leu Glu Met Ile Ala Ser Glu Asn Phe Val Pro Arg
35 40 45

Ser Val Leu Gln Ala Gln Gly Ser Val Leu Thr Asn Lys Tyr Ala Glu

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

275 280 285
 Phe Arg Asp Arg Gln Ala Arg Thr Leu Glu Gly Ala Arg Ile Leu Ala
 290 295 300
 Glu Arg Leu Thr Ala Ser Asp Ala Lys Ala Ala Gly Val Asp Val Leu
 305 310 315 320
 Thr Gly Gly Thr Asp Val His Leu Val Leu Ala Asp Leu Arg Asn Ser
 325 330 335
 Gln Met Asp Gly Gln Gln Ala Glu Asp Leu Leu His Glu Val Gly Ile
 340 345 350
 Thr Val Asn Arg Asn Ala Val Pro Phe Asp Pro Arg Pro Pro Met Val
 355 360 365
 Thr Ser Gly Leu Arg Ile Gly Thr Pro Ala Leu Ala Thr Arg Gly Phe
 370 375 380
 Asp Ile Pro Ala Phe Thr Glu Val Ala Asp Ile Ile Gly Thr Ala Leu
 385 390 395 400
 Ala Asn Gly Lys Ser Ala Asp Ile Glu Ser Leu Arg Gly Arg Val Ala
 405 410 415
 Lys Leu Ala Ala Asp Tyr Pro Leu Tyr Glu Gly Leu Glu Asp Trp Thr
 420 425 430

Ile Val

<210> 145

<211> 401

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(378)

<223> RXA01821

<400> 145

cga aac agc caa ggc aaa tgg tgc cca agt acg cga tca cca aaa aat 48
Arg Asn Ser Gln Gly Lys Trp Cys Pro Ser Thr Arg Ser Pro Lys Asn

1 5 10 15

acc agc atc gaa gac aac ggc gat cac gta gtc atc caa gca ggc gaa 96
Thr Ser Ile Glu Asp Asn Gly Asp His Val Val Ile Gln Ala Gly Glu

20 25 30

gaa acc aca atc gtg gac cgc gtt atc gtc acc acc ggc agc tgg aca 144
Glu Thr Thr Ile Val Asp Arg Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Trp Thr

35 40 45

agc gag ctc gtg ccc tcc atc gcg cca ctg ctt gaa gtg cga cgc cta 192
Ser Glu Leu Val Pro Ser Ile Ala Pro Leu Leu Glu Val Arg Arg Leu

50 55 60

gtg ctc acc tgg ttc ctg ccc aac aat cca gtg gac ttc caa ccg gaa 240
Val Leu Thr Trp Phe Leu Pro Asn Asn Pro Val Asp Phe Gln Pro Glu

65 70 75 80

aac ctg cca tgc ttc atc cgt gac cgt gat ggc ttc cac gta ttt gga 288
Asn Leu Pro Cys Phe Ile Arg Asp Arg Asp Gly Phe His Val Phe Gly

85 90 95

gca cca tgc gtc gat ggg tac agc atc aaa att gcc gga ttg gat gag 336
Ala Pro Cys Val Asp Gly Tyr Ser Ile Lys Ile Ala Gly Leu Asp Glu

100 105 110

tgg ggc gtt cca tta agc ctc gat cca ccg atg tgc cct cgg 378
Trp Gly Val Pro Leu Ser Leu Asp Pro Pro Met Cys Pro Arg

115 120 125

tgatgtcctg atccccgttc cgg 401

<210> 146

<211> 126

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 146

Arg Asn Ser Gln Gly Lys Trp Cys Pro Ser Thr Arg Ser Pro Lys Asn
1 5 10 15

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

Glu Thr Thr Ile Val Asp Arg Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Trp Thr
35 40 45

Ser Glu Leu Val Pro Ser Ile Ala Pro Leu Leu Glu Val Arg Arg Leu
50 55 60

Val Leu Thr Trp Phe Leu Pro Asn Asn Pro Val Asp Phe Gln Pro Glu
65 70 75 80

Asn Leu Pro Cys Phe Ile Arg Asp Arg Asp Gly Phe His Val Phe Gly
85 90 95

Ala Pro Cys Val Asp Gly Tyr Ser Ile Lys Ile Ala Gly Leu Asp Glu
100 105 110

Trp Gly Val Pro Leu Ser Leu Asp Pro Pro Met Cys Pro Arg
115 120 125

<210> 147

<211> 488

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(478)

<223> RXN02263

<400> 147

cctgggcaac ccaagtgtat gaaaacgccc tggaaaaagg cgctggcacc acattgaacc 60

tgtgggaatc acccgcaactg gcttgagaga agaacaaca atg aaa att gcg gta 115
Met Lys Ile Ala Val

1 5

atc ggc ctt gga tca acc ggc tcc atg gca ctg tgg cac tta agt aac 163

Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu Trp His Leu Ser Asn
10 15 20

atc cca ggt gta gag gcc atc ggc ttt gaa caa ttc ggc atc tcc cat 211
Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln Phe Gly Ile Ser His

25 30 35

ggc tac ggc gca ttc aca ggg gag tcc cga ctg ttt cgc atg gcc tac 259
Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu Phe Arg Met Ala Tyr

40 45 50

cac gaa ggc agc acc tac gtt ccg ttg ctc aaa cgc gca cga gca cta 307
His Glu Gly Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys Arg Ala Arg Ala Leu

55 60 65

tgg tca tca ctg agc gag att tcc gga cgc gaa ctc ttc cac aac ttc 355
Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu Leu Phe His Asn Phe

70 75 80 85

ggt gtc tta agc acc ggc aag gaa gac gaa gca ccc ttc caa cgc ctg 403
Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala Pro Phe Gln Arg Leu

90 95 100

gtg gaa tca gtg gaa cgt tat gag ctg cca cat gaa cga ctt acc gcc 451
Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His Glu Arg Leu Thr Ala

105 110 115

gcg cag atg cgc agc gtt acc cag gtc tagacttccg 488
Ala Gln Met Arg Ser Val Thr Gln Val

120 125

<210> 148
<211> 126
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 148
Met Lys Ile Ala Val Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu
1 5 10 15

Trp His Leu Ser Asn Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln
20 25 30

Phe Gly Ile Ser His Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu
35 40 45

Phe Arg Met Ala Tyr His Glu Gly Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys
50 55 60

Arg Ala Arg Ala Leu Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu
65 70 75 80

Leu Phe His Asn Phe Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala
85 90 95

Pro Phe Gln Arg Leu Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His
100 105 110

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

<210> 149
<211> 460
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(460)
<223> FRXA02263

<400> 149
cctgggcaac ccaagtgtat gaaaacgcc tggaaaaagg cgtcggcacc acattgaacc 60

tgtgggaatc accgcactg gcttgagaga agaaacaaca atg aaa att gcg gta 115
Met Lys Ile Ala Val

1 5

atc ggc ctt gga tca acc ggc tcc atg gca ctg tgg cac tta agt aac 163
Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu Trp His Leu Ser Asn

10 15 20

atc cca ggt gta gag gcc atc ggc ttt gaa caa ttc ggc atc tcc cat 211

Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln Phe Gly Ile Ser His

25 30 35

ggc tac ggc gca ttc aca ggg gag tcc cga ctg ttt cgc atg gcc tac 259
Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu Phe Arg Met Ala Tyr

40 45 50

cac gaa ggc agc acc tac gtt ccg ttg ctc aaa cgc gca cga gca cta 307
His Glu Gly Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys Arg Ala Arg Ala Leu

55 60 65

tgg tca tca ctg agc gag att tcc gga cgc gaa ctc ttc cac aac ttc 355
Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu Leu Phe His Asn Phe

70 75 80 85

ggt gtc tta agc acc ggc aag gaa gac gaa gca ccc ttc caa cgc ctg 403
Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala Pro Phe Gln Arg Leu

90 95 100

gtg gaa tca gtg gaa cgt tat gag ctg cca cat gaa cga ctt acc gcc 451
Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His Glu Arg Leu Thr Ala

105 110 115

gcg cag atg 460
Ala Gln Met

120

<210> 150

<211> 120

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 150

Met Lys Ile Ala Val Ile Gly Leu Gly Ser Thr Gly Ser Met Ala Leu

1 5 10 15

Trp His Leu Ser Asn Ile Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Phe Glu Gln

20 25 30

Phe Gly Ile Ser His Gly Tyr Gly Ala Phe Thr Gly Glu Ser Arg Leu

35 40 45

Phe Arg Met Ala Tyr His Glu Gly Ser Thr Tyr Val Pro Leu Leu Lys
50 55 60

Arg Ala Arg Ala Leu Trp Ser Ser Leu Ser Glu Ile Ser Gly Arg Glu
65 70 75 80

Leu Phe His Asn Phe Gly Val Leu Ser Thr Gly Lys Glu Asp Glu Ala
85 90 95

Pro Phe Gln Arg Leu Val Glu Ser Val Glu Arg Tyr Glu Leu Pro His
100 105 110

Glu Arg Leu Thr Ala Ala Gln Met
115 120

<210> 151
<211> 1251
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1228)
<223> RXA02176

<400> 151
gggtgctagg aactgacagc ttcagggtta tagttgttgg gtcagatcgt taacgatccc 60

tggccctttt acttccaagc gcagaaagtt gcccgaagac atg acc gac ttc ccc 115
Met Thr Asp Phe Pro

1 5

acc ctg ccc tct gag ttc atc cct ggc gac ggc cgt ttc ggc tgc gga 163
Thr Leu Pro Ser Glu Phe Ile Pro Gly Asp Gly Arg Phe Gly Cys Gly

10 15 20

cct tcc aag gtt cga cca gaa cag att cag gct att gtc gac gga tcc 211
Pro Ser Lys Val Arg Pro Glu Gln Ile Gln Ala Ile Val Asp Gly Ser

25 30 35

gca tcc gtc atc ggt acc tca cac cgt cag ccg gca gta aaa aac gtc 259

Ala Ser Val Ile Gly Thr Ser His Arg Gln Pro Ala Val Lys Asn Val	
40 45 50	
gtg ggt tca atc cgc gag gga ctc tcc gac ctc ttc tcc ctt cca gaa	307
Val Gly Ser Ile Arg Glu Gly Leu Ser Asp Leu Phe Ser Leu Pro Glu	
55 60 65	
ggc tac gag atc atc ctt tcc cta ggt ggt gcg acc gca ttc tgg gat	355
Gly Tyr Glu Ile Ile Leu Ser Leu Gly Gly Ala Thr Ala Phe Trp Asp	
70 75 80 85	
gca gca acc ttc gga ctc att gaa aag aag tcc ggt cac ctt tct ttc	403
Ala Ala Thr Phe Gly Leu Ile Glu Lys Lys Ser Gly His Leu Ser Phe	
90 95 100	
ggt gag ttc tcc tcc aag ttc gca aag gct tct aag ctt gct cct tgg	451
Gly Glu Phe Ser Ser Lys Phe Ala Lys Ala Ser Lys Leu Ala Pro Trp	
105 110 115	
ctc gac gag cca gag atc gtc acc gca gaa acc ggt gac tct ccg gcc	499
Leu Asp Glu Pro Glu Ile Val Thr Ala Glu Thr Gly Asp Ser Pro Ala	
120 125 130	
cca cag gca ttc gaa ggc gcc gat gtt att gca tgg gca cac aac gaa	547
Pro Gln Ala Phe Glu Gly Ala Asp Val Ile Ala Trp Ala His Asn Glu	
135 140 145	
acc tcc act ggc gcc atg gtt cca gtt ctt cgc ccc gaa ggc tct gaa	595
Thr Ser Thr Gly Ala Met Val Pro Val Leu Arg Pro Glu Gly Ser Glu	
150 155 160 165	
ggc tcc ctg gtt gcc att gac gca acc tcc ggc gct ggt gga ctg cca	643
Gly Ser Leu Val Ala Ile Asp Ala Thr Ser Gly Ala Gly Gly Leu Pro	
170 175 180	
gta gac atc aag aac tcc gat gtt tac tac ttc tcc cca cag aag tgc	691
Val Asp Ile Lys Asn Ser Asp Val Tyr Tyr Phe Ser Pro Gln Lys Cys	
185 190 195	
ttc gca tcc gac ggt ggc ctg tgg ctt gca gcg atg agc cca gca gct	739

Phe Ala Ser Asp Gly Gly Leu Trp Leu Ala Ala Met Ser Pro Ala Ala
200 205 210

ctc gag cgc atc gag aag atc aac gct tcc gat cgc ttc atc cct gag 787
Leu Glu Arg Ile Glu Lys Ile Asn Ala Ser Asp Arg Phe Ile Pro Glu

215 220 225

ttc ctc aac ctg cag acc gca gtg gat aac tcc ctg aag aac cag acc 835
Phe Leu Asn Leu Gln Thr Ala Val Asp Asn Ser Leu Lys Asn Gln Thr

230 235 240 245

tac aac acc cca gct gtt gct acc ttg ctg atg ctg gac aac cag gtc 883
Tyr Asn Thr Pro Ala Val Ala Thr Leu Leu Met Leu Asp Asn Gln Val

250 255 260

aag tgg atg aac tcc aac ggc ggc ctg gat gga atg gtt gct cgc acc 931
Lys Trp Met Asn Ser Asn Gly Gly Leu Asp Gly Met Val Ala Arg Thr

265 270 275

aca gca agc tcc tcc gcc ctg tac aac tgg gct gag gct cgc gag gag 979
Thr Ala Ser Ser Ser Ala Leu Tyr Asn Trp Ala Glu Ala Arg Glu Glu

280 285 290

gca tcc cca tac gtg gca gat gca gct aag cgc tcc ctc gtt gtc ggc 1027
Ala Ser Pro Tyr Val Ala Asp Ala Ala Lys Arg Ser Leu Val Val Gly

295 300 305

acc atc gac ttc gat gac tcc atc gac gca gca gtg atc gct aag ata 1075
Thr Ile Asp Phe Asp Asp Ser Ile Asp Ala Ala Val Ile Ala Lys Ile

310 315 320 325

ctg cgc gca aac ggc atc ctg gac acc gag cct tac cgc aag ctg gga 1123
Leu Arg Ala Asn Gly Ile Leu Asp Thr Glu Pro Tyr Arg Lys Leu Gly

330 335 340

cgc aac cag ctg cgc atc ggt atg ttc cca gcg atc gat tcc acc gat 1171
Arg Asn Gln Leu Arg Ile Gly Met Phe Pro Ala Ile Asp Ser Thr Asp

345 350 355

gtg gaa aag ctc acc gga gca atc gac ttc atc ctc gat ggc ggt ttt 1219

Val Glu Lys Leu Thr Gly Ala Ile Asp Phe Ile Leu Asp Gly Gly Phe

360 365 370

gca agg aag taataaccccc actttgaaaa aca
Ala Arg Lys

1251

375

<210> 152

<211> 376

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 152

Met Thr Asp Phe Pro Thr Leu Pro Ser Glu Phe Ile Pro Gly Asp Gly
1 5 10 15

Arg Phe Gly Cys Gly Pro Ser Lys Val Arg Pro Glu Gln Ile Gln Ala
20 25 30

Ile Val Asp Gly Ser Ala Ser Val Ile Gly Thr Ser His Arg Gln Pro
35 40 45

Ala Val Lys Asn Val Val Gly Ser Ile Arg Glu Gly Leu Ser Asp Leu
50 55 60

Phe Ser Leu Pro Glu Gly Tyr Glu Ile Ile Leu Ser Leu Gly Gly Ala
65 70 75 80

Thr Ala Phe Trp Asp Ala Ala Thr Phe Gly Leu Ile Glu Lys Lys Ser
85 90 95

Gly His Leu Ser Phe Gly Glu Phe Ser Ser Lys Phe Ala Lys Ala Ser
100 105 110

Lys Leu Ala Pro Trp Leu Asp Glu Pro Glu Ile Val Thr Ala Glu Thr
115 120 125

Gly Asp Ser Pro Ala Pro Gln Ala Phe Glu Gly Ala Asp Val Ile Ala
130 135 140

Trp Ala His Asn Glu Thr Ser Thr Gly Ala Met Val Pro Val Leu Arg

145 150 155 160
 Pro Glu Gly Ser Glu Gly Ser Leu Val Ala Ile Asp Ala Thr Ser Gly
 165 170 175
 Ala Gly Gly Leu Pro Val Asp Ile Lys Asn Ser Asp Val Tyr Tyr Phe
 180 185 190
 Ser Pro Gln Lys Cys Phe Ala Ser Asp Gly Gly Leu Trp Leu Ala Ala
 195 200 205
 Met Ser Pro Ala Ala Leu Glu Arg Ile Glu Lys Ile Asn Ala Ser Asp
 210 215 220
 Arg Phe Ile Pro Glu Phe Leu Asn Leu Gln Thr Ala Val Asp Asn Ser
 225 230 235 240
 Leu Lys Asn Gln Thr Tyr Asn Thr Pro Ala Val Ala Thr Leu Leu Met
 245 250 255
 Leu Asp Asn Gln Val Lys Trp Met Asn Ser Asn Gly Gly Leu Asp Gly
 260 265 270
 Met Val Ala Arg Thr Thr Ala Ser Ser Ser Ala Leu Tyr Asn Trp Ala
 275 280 285
 Glu Ala Arg Glu Glu Ala Ser Pro Tyr Val Ala Asp Ala Ala Lys Arg
 290 295 300
 Ser Leu Val Val Gly Thr Ile Asp Phe Asp Asp Ser Ile Asp Ala Ala
 305 310 315 320
 Val Ile Ala Lys Ile Leu Arg Ala Asn Gly Ile Leu Asp Thr Glu Pro
 325 330 335
 Tyr Arg Lys Leu Gly Arg Asn Gln Leu Arg Ile Gly Met Phe Pro Ala
 340 345 350
 Ile Asp Ser Thr Asp Val Glu Lys Leu Thr Gly Ala Ile Asp Phe Ile
 355 360 365
 Leu Asp Gly Gly Phe Ala Arg Lys

370

375

<210> 153
<211> 1422
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1399)
<223> RXN02758

<400> 153
atacatctca cccaattccc cataactaga caattgccca gcaacgactg ataagtctcc 60

aatgtcgtgt tccgcgtca gacatgagac aattgttgcc gtg act gaa ctc atc 115
Val Thr Glu Leu Ile

1 5

cag aat gaa tcc caa gaa atc gct gag ctg gaa gcc ggc cag cag gtt 163
Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu Ala Gly Gln Gln Val

10 15 20

gca ttg cgt gaa ggt tat ctt cct gcg gtg atc aca gtg agc ggt aaa 211
Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile Thr Val Ser Gly Lys

25 30 35

gac cgc cca ggt gtg act gcc gcg ttc ttt agg gtc ttg tcc gct aat 259
Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala Ala Phe Phe Arg Val Leu Ser Ala Asn

40 45 50

cag gtt cag gtc ttg gac gtt gag cag tca atg ttc cgt ggc ttt ttg 307
Gln Val Gln Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met Phe Arg Gly Phe Leu

55 60 65

aac ttg gcg gcg ttt gtg ggt atc gca cct gag cgt gtc gag acc gtc 355
Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu Arg Val Glu Thr Val

70 75 80 85

acc aca ggc ctg act gac acc ctc aag gtg cat gga cag tcc gtg gtg 403
Thr Thr Gly Leu Thr Asp Thr Leu Lys Val His Gly Gln Ser Val Val

90	95	100	
gtg gag ctg cag gaa act gtg cag tgc tcc cgt cct cgt tct tcc cat			451
Val Glu Leu Gln Glu Thr Val Gln Ser Ser Arg Pro Arg Ser Ser His			
105	110	115	
gtt gtt gtg gtg ttg ggt gat ccg gtt gat gcg ttg gat att tcc cgc			499
Val Val Val Val Leu Gly Asp Pro Val Asp Ala Leu Asp Ile Ser Arg			
120	125	130	
att ggt cag acc ctg gcg gat tac gat gcc aac att gac acc att cgt			547
Ile Gly Gln Thr Leu Ala Asp Tyr Asp Ala Asn Ile Asp Thr Ile Arg			
135	140	145	
ggt att tcg gat tac cct gtg acc ggc ctg gag ctg aag gtg act gtg			595
Gly Ile Ser Asp Tyr Pro Val Thr Gly Leu Glu Leu Lys Val Thr Val			
150	155	160	165
ccg gat gtc agc cct ggt ggt ggt gaa gcg atg cgt aag gcg ctt gct			643
Pro Asp Val Ser Pro Gly Gly Gly Glu Ala Met Arg Lys Ala Leu Ala			
170	175	180	
gct ctt acc tct gag ctg aat gtg gat att gcg att gag cgt tct ggt			691
Ala Leu Thr Ser Glu Leu Asn Val Asp Ile Ala Ile Glu Arg Ser Gly			
185	190	195	
ttg ctg cgt cgt tct aag cgt ctg gtg tgc ttc gat tgt gat tcc acg			739
Leu Leu Arg Arg Ser Lys Arg Leu Val Cys Phe Asp Cys Asp Ser Thr			
200	205	210	
ttg atc act ggt gag gtc att gag atg ctg gcg gct cac gcg ggc aag			787
Leu Ile Thr Gly Glu Val Ile Glu Met Leu Ala Ala His Ala Gly Lys			
215	220	225	
gaa gct gaa gtt gcg gca gtt act gag cgt gcg atg cgc ggt gag ctc			835
Glu Ala Glu Val Ala Ala Val Thr Glu Arg Ala Met Arg Gly Glu Leu			
230	235	240	245
gat ttc gag gag tct ctg cgt gag cgt gtg aag gcg ttg gct ggt ttg			883
Asp Phe Glu Glu Ser Leu Arg Glu Arg Val Lys Ala Leu Ala Gly Leu			

250	255	260	
gat gcg tcg gtg atc gat gag gtc gct gcc gct att gag ctg acc cct			931
Asp Ala Ser Val Ile Asp Glu Val Ala Ala Ala Ile Glu Leu Thr Pro			
265	270	275	
ggt gcg cgc acc acg atc cgt acg ctg aac cgc atg ggt tac cag acc			979
Gly Ala Arg Thr Thr Ile Arg Thr Leu Asn Arg Met Gly Tyr Gln Thr			
280	285	290	
gct gtt gtt tcc ggt ggt ttc atc cag gtg ttg gaa ggt ttg gct gag			1027
Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu Glu Gly Leu Ala Glu			
295	300	305	
gag ttg gag ttg gat tat gtc cgc gcc aac act ttg gaa atc gtt gat			1075
Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr Leu Glu Ile Val Asp			
310	315	320	325
ggc aag ctg acc ggc aac gtc acc gga aag atc gtt gac cgc gct gcg			1123
Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile Val Asp Arg Ala Ala			
330	335	340	
aag gct gag ttc ctc cgt gag ttc gct gcg gat tct ggc ctg aag atg			1171
Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp Ser Gly Leu Lys Met			
345	350	355	
tac cag act gtc gct gtc ggt gat ggc gct aat gac atc gat atg ctc			1219
Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn Asp Ile Asp Met Leu			
360	365	370	
tcc gct gcg ggt ctg ggt gtt gct ttc aac gcg aag cct gcg ctg aag			1267
Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala Lys Pro Ala Leu Lys			
375	380	385	
gag att gcg gat act tcc gtg aac cac cca ttc ctc gac gag gtt ttg			1315
Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe Leu Asp Glu Val Leu			
390	395	400	405
cac atc atg ggc att tcc cgc gac gag atc gat ctg gcg gat cag gaa			1363
His Ile Met Gly Ile Ser Arg Asp Glu Ile Asp Leu Ala Asp Gln Glu			

410 415 420

gac ggc act ttc cac cgc gtt cca ttg acc aat gcc taaagattcg 1409
Asp Gly Thr Phe His Arg Val Pro Leu Thr Asn Ala

425 430

tttctcgacg ccc 1422

<210> 154
<211> 433
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 154
Val Thr Glu Leu Ile Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu
1 5 10 15

Ala Gly Gln Gln Val Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile
20 25 30

Thr Val Ser Gly Lys Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala Ala Phe Phe Arg
35 40 45

Val Leu Ser Ala Asn Gln Val Gln Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met
50 55 60

Phe Arg Gly Phe Leu Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu
65 70 75 80

Arg Val Glu Thr Val Thr Thr Gly Leu Thr Asp Thr Leu Lys Val His
85 90 95

Gly Gln Ser Val Val Val Glu Leu Gln Glu Thr Val Gln Ser Ser Arg
100 105 110

Pro Arg Ser Ser His Val Val Val Val Leu Gly Asp Pro Val Asp Ala
115 120 125

Leu Asp Ile Ser Arg Ile Gly Gln Thr Leu Ala Asp Tyr Asp Ala Asn
130 135 140

Ile Asp Thr Ile Arg Gly Ile Ser Asp Tyr Pro Val Thr Gly Leu Glu
145 150 155 160

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

Arg Lys Ala Leu Ala Ala Leu Thr Ser Glu Leu Asn Val Asp Ile Ala
180 185 190

Ile Glu Arg Ser Gly Leu Leu Arg Arg Ser Lys Arg Leu Val Cys Phe
195 200 205

Asp Cys Asp Ser Thr Leu Ile Thr Gly Glu Val Ile Glu Met Leu Ala
210 215 220

Ala His Ala Gly Lys Glu Ala Glu Val Ala Ala Val Thr Glu Arg Ala
225 230 235 240

Met Arg Gly Glu Leu Asp Phe Glu Glu Ser Leu Arg Glu Arg Val Lys
245 250 255

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

Ile Glu Leu Thr Pro Gly Ala Arg Thr Thr Ile Arg Thr Leu Asn Arg
275 280 285

Met Gly Tyr Gln Thr Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu
290 295 300

Glu Gly Leu Ala Glu Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr
305 310 315 320

Leu Glu Ile Val Asp Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile
325 330 335

Val Asp Arg Ala Ala Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp
340 345 350

Ser Gly Leu Lys Met Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn
355 360 365

Asp Ile Asp Met Leu Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala
370 375 380

Lys Pro Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe
385 390 395 400

Leu Asp Glu Val Leu His Ile Met Gly Ile Ser Arg Asp Glu Ile Asp
405 410 415

Leu Ala Asp Gln Glu Asp Gly Thr Phe His Arg Val Pro Leu Thr Asn
420 425 430

Ala

<210> 155
<211> 490
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(490)
<223> FRXA02479

<400> 155
atacatctca cccaattccc cataactaga caattgccca gcaacgactg ataagtctcc 60

aatgtcgtgt tccgcgtca gacatgagac aattgttgcc gtg act gaa ctc atc 115
Val Thr Glu Leu Ile

1 5

cag aat gaa tcc caa gaa atc gct gag ctg gaa gcc ggc cag cag gtt 163
Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu Ala Gly Gln Gln Val

10 15 20

gca ttg cgt gaa ggt tat ctt cct gcg gtg atc aca gtg agc ggt aaa 211
Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile Thr Val Ser Gly Lys

25 30 35

gac cgc cca ggt gtg act gcc gcg ttc ttt agg gtc ttg tcc gct aat 259
Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala Ala Phe Phe Arg Val Leu Ser Ala Asn

40 45 50

cag gtt cag gtc ttg gac gtt gag cag tca atg ttc cgt ggc ttt ttg 307
Gln Val Gln Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met Phe Arg Gly Phe Leu

55 60 65

aac ttg gcg gcg ttt gtg ggt atc gca cct gag cgt gtc gag acc gtc 355
Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu Arg Val Glu Thr Val

70 75 80 85

acc aca ggc ctg act gac acc ctc aag gtg cat gga cag tcc gtg gtg 403
Thr Thr Gly Leu Thr Asp Thr Leu Lys Val His Gly Gln Ser Val Val

90 95 100

gtg gag ctg cag gaa act gtg cag tcg tcc cgt cct cgt tct tcc cat 451
Val Glu Leu Gln Glu Thr Val Gln Ser Ser Arg Pro Arg Ser Ser His

105 110 115

gtt gtt gtg gtg ttg ggt gat ccg gtt gat gcg ctg gat 490
Val Val Val Val Leu Gly Asp Pro Val Asp Ala Leu Asp

120 125 130

<210> 156
<211> 130
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 156
Val Thr Glu Leu Ile Gln Asn Glu Ser Gln Glu Ile Ala Glu Leu Glu
1 5 10 15

Ala Gly Gln Gln Val Ala Leu Arg Glu Gly Tyr Leu Pro Ala Val Ile
20 25 30

Thr Val Ser Gly Lys Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala Ala Phe Phe Arg
35 40 45

Val Leu Ser Ala Asn Gln Val Gln Val Leu Asp Val Glu Gln Ser Met
50 55 60

Phe Arg Gly Phe Leu Asn Leu Ala Ala Phe Val Gly Ile Ala Pro Glu

65	70	75	80
Arg Val Glu Thr	Val Thr Thr Gly Leu Thr Asp Thr	Leu Lys Val His	
	85	90	95
Gly Gln Ser Val Val Val Glu Leu Gln Glu Thr	Val Gln Ser Ser Arg		
	100	105	110
Pro Arg Ser Ser His Val Val Val Val Leu Gly Asp	Pro Val Asp Ala		
	115	120	125
Leu Asp			
130			
<210> 157			
<211> 558			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(535)			
<223> FRXA02758			
<400> 157			
aaggcgttgg ctggtttgga tgcgtcgggtg atcgatgagg tcgctgccgc tattgagctg 60			
acccttggtg cgcgaccac gatccgtacg gttgaaccgc atg ggt tac cag acc 115			
Met Gly Tyr Gln Thr			
1 5			
gct gtt gtt tcc ggt ggt ttc atc cag gtg ttg gaa ggt ttg gct gag 163			
Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu Glu Gly Leu Ala Glu			
10 15 20			
gag ttg gag ttg gat tat gtc cgc gcc aac act ttg gaa atc gtt gat 211			
Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr Leu Glu Ile Val Asp			
25 30 35			
ggc aag ctg acc ggc aac gtc acc gga aag atc gtt gac cgc gct gcg 259			
Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile Val Asp Arg Ala Ala			
40 45 50			

aag gct gag ttc ctc cgt gag ttc gct gcg gat tct ggc ctg aag atg 307
Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp Ser Gly Leu Lys Met

55 60 65

tac cag act gtc gct gtc ggt gat ggc gct aat gac atc gat atg ctc 355
Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn Asp Ile Asp Met Leu

70 75 80 85

tcc gct gcg ggt ctg ggt gtt gct ttc aac gcg aag cct gcg ctg aag 403
Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala Lys Pro Ala Leu Lys

90 95 100

gag att gcg gat act tcc gtg aac cac cca ttc ctc gac gag gtt ttg 451
Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe Leu Asp Glu Val Leu

105 110 115

cac atc atg ggc att tcc cgc gac gag atc gat ctg gcg gat cag gaa 499
His Ile Met Gly Ile Ser Arg Asp Glu Ile Asp Leu Ala Asp Gln Glu

120 125 130

gac ggc act ttc cac cgc gtt cca ttg acc aat gcc taaagattcg 545
Asp Gly Thr Phe His Arg Val Pro Leu Thr Asn Ala

135 140 145

tttctcgacg ccc 558

<210> 158

<211> 145

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 158

Met Gly Tyr Gln Thr Ala Val Val Ser Gly Gly Phe Ile Gln Val Leu

1 5 10 15

Glu Gly Leu Ala Glu Glu Leu Glu Leu Asp Tyr Val Arg Ala Asn Thr

20 25 30

Leu Glu Ile Val Asp Gly Lys Leu Thr Gly Asn Val Thr Gly Lys Ile

35 40 45

Val Asp Arg Ala Ala Lys Ala Glu Phe Leu Arg Glu Phe Ala Ala Asp
50 55 60

Ser Gly Leu Lys Met Tyr Gln Thr Val Ala Val Gly Asp Gly Ala Asn
65 70 75 80

Asp Ile Asp Met Leu Ser Ala Ala Gly Leu Gly Val Ala Phe Asn Ala
85 90 95

Lys Pro Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Thr Ser Val Asn His Pro Phe
100 105 110

Leu Asp Glu Val Leu His Ile Met Gly Ile Ser Arg Asp Glu Ile Asp
115 120 125

Leu Ala Asp Gln Glu Asp Gly Thr Phe His Arg Val Pro Leu Thr Asn
130 135 140

Ala
145

<210> 159
<211> 205
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (72)..(182)
<223> FRXA02759

<400> 159
tcttacttct aagctgaatg tgatatgacg attaagcggt ctggtttgct gcgtcgttct 60

aagcgtctgg t gtg ctt cga ttg tat ccc acg ttg atc act ggt gag gtc 110
Val Leu Arg Leu Tyr Pro Thr Leu Ile Thr Gly Glu Val
1 5 10

att gag atg ctg gcg gct cac gcg ggc aag gaa gct aaa gtt gcg gca 158
Ile Glu Met Leu Ala Ala His Ala Gly Lys Glu Ala Lys Val Ala Ala

15	20	25	
gtt act gag cgt gcg atg cgc ggg tgagctcgat ttcgaggagt etc			205
Val Thr Glu Arg Ala Met Arg Gly			

30 35

<210> 160
<211> 37
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 160
Val Leu Arg Leu Tyr Pro Thr Leu Ile Thr Gly Glu Val Ile Glu Met
1 5 10 15

Leu Ala Ala His Ala Gly Lys Glu Ala Lys Val Ala Ala Val Thr Glu
20 25 30

Arg Ala Met Arg Gly
35

<210> 161
<211> 1188
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1165)
<223> RXA02501

<400> 161
cgccccgaaa gctttacat ggatacgata ctcaatggag atatcatta tcggtttggc 60

gtctgtgcgc tcatgaacca ggaaggtttt tgtttgtctc atg agc tct gaa gga 115
Met Ser Ser Glu Gly

1 5

aga aac cac aac tgg gac tac gcc gcc atc ggc acc cca gag gat ttc 163
Arg Asn His Asn Trp Asp Tyr Ala Ala Ile Gly Thr Pro Glu Asp Phe

10 15 20

ctc gcc agc tgg agc gca tcc cgc gga aat cta cga cgc ttt ttc gaa	211
Leu Ala Ser Trp Ser Ala Ser Arg Gly Asn Leu Arg Arg Phe Phe Glu	
25 30 35	
gac cac gca gcc gcc ccc ata aac gat gcc gcc cag cgc caa gca ggt	259
Asp His Ala Ala Ala Pro Ile Asn Asp Ala Ala Gln Arg Gln Ala Gly	
40 45 50	
gaa gcc gca gca acc caa gcc gtc gca gcg atc tac ggc atg gag ctc	307
Glu Ala Ala Ala Thr Gln Ala Val Ala Ala Ile Tyr Gly Met Glu Leu	
55 60 65	
aac gaa ttc aac gca ggt gtc gac gcc gtc gcc ggc gcc atc gaa tct	355
Asn Glu Phe Asn Ala Gly Val Asp Ala Val Ala Gly Ala Ile Glu Ser	
70 75 80 85	
gcc ggc gcc atc cac gtc agc atc ccc gat ccc gat gtc ccc caa gat	403
Ala Gly Ala Ile His Val Ser Ile Pro Asp Pro Asp Val Pro Gln Asp	
90 95 100	
gtc gga gcc gca gca ttt ttc gac gtc gac aac acc ctc atc caa ggc	451
Val Gly Ala Ala Ala Phe Phe Asp Val Asp Asn Thr Leu Ile Gln Gly	
105 110 115	
tcc tcc ctc atc gtt ttc gcc caa gga ctc ttc cgg aag aaa ttc ttc	499
Ser Ser Leu Ile Val Phe Ala Gln Gly Leu Phe Arg Lys Lys Phe Phe	
120 125 130	
acc atc aaa gaa atc ctc ccc gtg gtg tgg aaa caa gtg aaa ttc aaa	547
Thr Ile Lys Glu Ile Leu Pro Val Val Trp Lys Gln Val Lys Phe Lys	
135 140 145	
ctc acc ggc tcc gaa aac gcc gac gac gtc tcc cgc ggc cgc gaa caa	595
Leu Thr Gly Ser Glu Asn Ala Asp Asp Val Ser Arg Gly Arg Glu Gln	
150 155 160 165	
gcc ctc gaa ttc atc aaa ggc cgc ccc gtc caa gaa cta gtt gac ctc	643
Ala Leu Glu Phe Ile Lys Gly Arg Pro Val Gln Glu Leu Val Asp Leu	
170 175 180	
tgc gaa gaa atc gtc gac caa cgc atg gcc gac aaa atg tgg ccc ggc	691

Cys Glu Glu Ile Val Asp Gln Arg Met Ala Asp Lys Met Trp Pro Gly
185 190 195

acc aaa caa ctc gcc gac atg cac atc gcc gcc ggc cac caa gtc tgg 739
Thr Lys Gln Leu Ala Asp Met His Ile Ala Ala Gly His Gln Val Trp

200 205 210

ctc gtc tcc gca acc ccc gtc caa ctc gcc caa atc ctg gca caa cgc 787
Leu Val Ser Ala Thr Pro Val Gln Leu Ala Gln Ile Leu Ala Gln Arg

215 220 225

ctc ggc ttc acc gga gcg atc ggc aca gtc gca gaa gca aaa gat gga 835
Leu Gly Phe Thr Gly Ala Ile Gly Thr Val Ala Glu Ala Lys Asp Gly

230 235 240 245

gta ttc acc ggc cga ctc gtc ggc gac atc ctc cac gga ccc ggc aaa 883
Val Phe Thr Gly Arg Leu Val Gly Asp Ile Leu His Gly Pro Gly Lys

250 255 260

aga cac gca gtc gca gca ctc gca tcc atc gaa caa ctc gac ctc acc 931
Arg His Ala Val Ala Ala Leu Ala Ser Ile Glu Gln Leu Asp Leu Thr

265 270 275

cga tgc acc gcc tac tcc gac tcc atc aac gac ctc ccc atg ctc tcc 979
Arg Cys Thr Ala Tyr Ser Asp Ser Ile Asn Asp Leu Pro Met Leu Ser

280 285 290

atg gtc ggc acc gcc gtc gca gta aac ccc gac tcc aaa ctc cgc aaa 1027
Met Val Gly Thr Ala Val Ala Val Asn Pro Asp Ser Lys Leu Arg Lys

295 300 305

gaa gcc gaa acc cga ggc tgg gac gtc cgc gat ttc cga agc atc cgc 1075
Glu Ala Glu Thr Arg Gly Trp Asp Val Arg Asp Phe Arg Ser Ile Arg

310 315 320 325

aaa gcc acc cgc gaa tac gga atc ccc gcc ctg gtc acc gcc gca ttc 1123
Lys Ala Thr Arg Glu Tyr Gly Ile Pro Ala Leu Val Thr Ala Ala Phe

330 335 340

agt gtc gcc ggc tgg agt cta cgc cgc cga tgg aga aaa caa 1165

Ser Val Ala Gly Trp Ser Leu Arg Arg Arg Trp Arg Lys Gln

345 350 355

taacgcacag gagccgtttt aag 1188

<210> 162

<211> 355

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 162

Met Ser Ser Glu Gly Arg Asn His Asn Trp Asp Tyr Ala Ala Ile Gly
1 5 10 15

Thr Pro Glu Asp Phe Leu Ala Ser Trp Ser Ala Ser Arg Gly Asn Leu
20 25 30

Arg Arg Phe Phe Glu Asp His Ala Ala Ala Pro Ile Asn Asp Ala Ala
35 40 45

Gln Arg Gln Ala Gly Glu Ala Ala Ala Thr Gln Ala Val Ala Ala Ile
50 55 60

Tyr Gly Met Glu Leu Asn Glu Phe Asn Ala Gly Val Asp Ala Val Ala
65 70 75 80

Gly Ala Ile Glu Ser Ala Gly Ala Ile His Val Ser Ile Pro Asp Pro
85 90 95

Asp Val Pro Gln Asp Val Gly Ala Ala Ala Phe Phe Asp Val Asp Asn
100 105 110

Thr Leu Ile Gln Gly Ser Ser Leu Ile Val Phe Ala Gln Gly Leu Phe
115 120 125

Arg Lys Lys Phe Phe Thr Ile Lys Glu Ile Leu Pro Val Val Trp Lys
130 135 140

Gln Val Lys Phe Lys Leu Thr Gly Ser Glu Asn Ala Asp Asp Val Ser
145 150 155 160

Arg Gly Arg Glu Gln Ala Leu Glu Phe Ile Lys Gly Arg Pro Val Gln

165

170

175

Glu Leu Val Asp Leu Cys Glu Glu Ile Val Asp Gln Arg Met Ala Asp
180 185 190

Lys Met Trp Pro Gly Thr Lys Gln Leu Ala Asp Met His Ile Ala Ala
195 200 205

Gly His Gln Val Trp Leu Val Ser Ala Thr Pro Val Gln Leu Ala Gln
210 215 220

Ile Leu Ala Gln Arg Leu Gly Phe Thr Gly Ala Ile Gly Thr Val Ala
225 230 235 240

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

His Gly Pro Gly Lys Arg His Ala Val Ala Ala Leu Ala Ser Ile Glu
260 265 270

Gln Leu Asp Leu Thr Arg Cys Thr Ala Tyr Ser Asp Ser Ile Asn Asp
275 280 285

Leu Pro Met Leu Ser Met Val Gly Thr Ala Val Ala Val Asn Pro Asp
290 295 300

Ser Lys Leu Arg Lys Glu Ala Glu Thr Arg Gly Trp Asp Val Arg Asp
305 310 315 320

Phe Arg Ser Ile Arg Lys Ala Thr Arg Glu Tyr Gly Ile Pro Ala Leu
325 330 335

Val Thr Ala Ala Phe Ser Val Ala Gly Trp Ser Leu Arg Arg Arg Trp
340 345 350

Arg Lys Gln
355

<210> 163

<211> 558

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(535)

<223> RXN03105

<400> 163

ggttggggtc atcaaaggat gcggacatcg ctgtgggggtt gtgtaataat tgcacctgtg 60

agggtgccttt ctggcagggtg aatcaggact ctaagcaagc ttg att ctt cca gtt 115
Leu Ile Leu Pro Val

1 5

cag gag ggc att tcc tat ttt ccc acg ccg tta cac ctg aat cac atc 163
Gln Glu Gly Ile Ser Tyr Phe Pro Thr Pro Leu His Leu Asn His Ile

10 15 20

ggt gga tcc agg tta agc gca cat gta gaa gat gaa gat ctc cgc ctc 211
Gly Gly Ser Arg Leu Ser Ala His Val Glu Asp Glu Asp Leu Arg Leu

25 30 35

gac cgg gac gca gtc tct gaa ttt ggt cgg aaa acc cac gaa ctc ttc 259
Asp Arg Asp Ala Val Ser Glu Phe Gly Arg Lys Thr His Glu Leu Phe

40 45 50

ccc ggg gtc aac cca gag ccc aac cgt ttc agc gtc cac tat gac acc 307
Pro Gly Val Asn Pro Glu Pro Asn Arg Phe Ser Val His Tyr Asp Thr

55 60 65

tac act gca gac aaa tct cca att atc gac gcg gtt gac aat gtc att 355
Tyr Thr Ala Asp Lys Ser Pro Ile Ile Asp Ala Val Asp Asn Val Ile

70 75 80 85

gtg ctc acc gga gga tcc gga cac gcc ttc aag ctc tct cca gct tat 403
Val Leu Thr Gly Gly Ser Gly His Ala Phe Lys Leu Ser Pro Ala Tyr

90 95 100

ggc gaa ctc gca gca caa cga gcg gtc gga aac acc tcg ccg ctg tac 451
Gly Glu Leu Ala Ala Gln Arg Ala Val Gly Asn Thr Ser Pro Leu Tyr

105 110 115

agc gaa gac ttt cgg atc gcc tcg cat gaa cca atc aaa gag cgg tgc 499
Ser Glu Asp Phe Arg Ile Ala Ser His Glu Pro Ile Lys Glu Arg Cys

120 125 130

acg tat aga aag cta acc ttt tta agt gcg cgg ttt tagggtgaga 545
Thr Tyr Arg Lys Leu Thr Phe Leu Ser Ala Arg Phe

135 140 145

atctaacgct gag 558

<210> 164

<211> 145

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 164

Leu Ile Leu Pro Val Gln Glu Gly Ile Ser Tyr Phe Pro Thr Pro Leu
1 5 10 15

His Leu Asn His Ile Gly Gly Ser Arg Leu Ser Ala His Val Glu Asp
20 25 30

Glu Asp Leu Arg Leu Asp Arg Asp Ala Val Ser Glu Phe Gly Arg Lys
35 40 45

Thr His Glu Leu Phe Pro Gly Val Asn Pro Glu Pro Asn Arg Phe Ser
50 55 60

Val His Tyr Asp Thr Tyr Thr Ala Asp Lys Ser Pro Ile Ile Asp Ala
65 70 75 80

Val Asp Asn Val Ile Val Leu Thr Gly Gly Ser Gly His Ala Phe Lys
85 90 95

Leu Ser Pro Ala Tyr Gly Glu Leu Ala Ala Gln Arg Ala Val Gly Asn
100 105 110

Thr Ser Pro Leu Tyr Ser Glu Asp Phe Arg Ile Ala Ser His Glu Pro
115 120 125

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

Phe
145

<210> 165
<211> 687
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (62)..(664)
<223> RXS01130

<400> 165
agttcgtggc ggatgctgtg aacgtttccg gtggtcgcgt gggcgaagag gttctgtgtg 60

g atg gat ctg gct cgc aag ctt ggt ctt ctt gct ggc aag ctt gtc gac 109
Met Asp Leu Ala Arg Lys Leu Gly Leu Leu Ala Gly Lys Leu Val Asp

1 5 10 15

gcc gcc cca gtc tcc att gag gtt gag gct cga ggc gag ctt tct tcc 157
Ala Ala Pro Val Ser Ile Glu Val Glu Ala Arg Gly Glu Leu Ser Ser

20 25 30

gag cag gtc aat gca ctt ggt ttg tcc gct gtt cgt ggt ttg ttc tcc 205
Glu Gln Val Asn Ala Leu Gly Leu Ser Ala Val Arg Gly Leu Phe Ser

35 40 45

gga att atc gaa gag tcc gtt act ttc gtc aac gct cct cgc att gct 253
Gly Ile Ile Glu Glu Ser Val Thr Phe Val Asn Ala Pro Arg Ile Ala

50 55 60

gaa gag cgt ggc ctg gac atc tcc gtg aag acc aac tct gag tct gtt 301
Glu Glu Arg Gly Leu Asp Ile Ser Val Lys Thr Asn Ser Glu Ser Val

65 70 75 80

act cac cgt tcc gtc ctg cag gtc aag gtc att act ggc agc ggc gcg 349
Thr His Arg Ser Val Leu Gln Val Lys Val Ile Thr Gly Ser Gly Ala

85 90 95

agc gca act gtt gtt ggt gcc ctg act ggt ctt gag cgc gtt gag aag 397

Ser Ala Thr Val Val Gly Ala Leu Thr Gly Leu Glu Arg Val Glu Lys
100 105 110

atc acc cgc atc aat ggc cgt ggc ctg gat ctg cgc gca gag ggt ctg 445
Ile Thr Arg Ile Asn Gly Arg Gly Leu Asp Leu Arg Ala Glu Gly Leu

115 120 125

aac ctc ttc ctg cag tac act gac gct cct ggt gca ctg ggt acc gtt 493
Asn Leu Phe Leu Gln Tyr Thr Asp Ala Pro Gly Ala Leu Gly Thr Val

130 135 140

ggt acc aag ctg ggt gct gct ggc atc aac atc gag gct gct gcg ttg 541
Gly Thr Lys Leu Gly Ala Ala Gly Ile Asn Ile Glu Ala Ala Ala Leu

145 150 155 160

act cag gct gag aag ggt gac ggc gct gtc ctg atc ctg cgt gtt gag 589
Thr Gln Ala Glu Lys Gly Asp Gly Ala Val Leu Ile Leu Arg Val Glu

165 170 175

tcc gct gtc tct gaa gag ctg gaa gct gaa atc aac gct gag ttg ggt 637
Ser Ala Val Ser Glu Glu Leu Glu Ala Glu Ile Asn Ala Glu Leu Gly

180 185 190

gct act tcc ttc cag gtt gat ctt gac taattagaga tccatttgct 684
Ala Thr Ser Phe Gln Val Asp Leu Asp

195 200

tga 687

<210> 166
<211> 201
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 166
Met Asp Leu Ala Arg Lys Leu Gly Leu Leu Ala Gly Lys Leu Val Asp
1 5 10 15

Ala Ala Pro Val Ser Ile Glu Val Glu Ala Arg Gly Glu Leu Ser Ser
20 25 30

Glu Gln Val Asn Ala Leu Gly Leu Ser Ala Val Arg Gly Leu Phe Ser
35 40 45

Gly Ile Ile Glu Glu Ser Val Thr Phe Val Asn Ala Pro Arg Ile Ala
50 55 60

Glu Glu Arg Gly Leu Asp Ile Ser Val Lys Thr Asn Ser Glu Ser Val
65 70 75 80

Thr His Arg Ser Val Leu Gln Val Lys Val Ile Thr Gly Ser Gly Ala
85 90 95

Ser Ala Thr Val Val Gly Ala Leu Thr Gly Leu Glu Arg Val Glu Lys
100 105 110

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

Asn Leu Phe Leu Gln Tyr Thr Asp Ala Pro Gly Ala Leu Gly Thr Val
130 135 140

Gly Thr Lys Leu Gly Ala Ala Gly Ile Asn Ile Glu Ala Ala Ala Leu
145 150 155 160

Thr Gln Ala Glu Lys Gly Asp Gly Ala Val Leu Ile Leu Arg Val Glu
165 170 175

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

Ala Thr Ser Phe Gln Val Asp Leu Asp
195 200

<210> 167

<211> 604

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(604)

<223> RXS03112

<400> 167

gtgagcacgc aatttctttg ctgctgtcta ctgctcgcca gatcctgctg ctgatgcgac 60

gctgcgtgag ggcgagtgga agcgggtcttc tttcaacggt gtg gaa att ttc gga 115
Val Glu Ile Phe Gly

1 5

aaa act gtc ggt atc gtc ggt ttt ggc cac att ggt cag ttg ttt gct 163
Lys Thr Val Gly Ile Val Gly Phe Gly His Ile Gly Gln Leu Phe Ala

10 15 20

cag cgt ctt gct gcg ttt gag acc acc att gtt gct tac gat cct tac 211
Gln Arg Leu Ala Ala Phe Glu Thr Thr Ile Val Ala Tyr Asp Pro Tyr

25 30 35

gct aac cct gct cgt gcg gct cag ctg aac gtt gag ttg gtt gag ttg 259
Ala Asn Pro Ala Arg Ala Ala Gln Leu Asn Val Glu Leu Val Glu Leu

40 45 50

gat gag ctg atg agc cgt tct gac ttt gtc acc att cac ctt cct aag 307
Asp Glu Leu Met Ser Arg Ser Asp Phe Val Thr Ile His Leu Pro Lys

55 60 65

acc aag gaa act gct ggc atg ttt gat gcg cac ctc ctt gct aag tcc 355
Thr Lys Glu Thr Ala Gly Met Phe Asp Ala His Leu Leu Ala Lys Ser

70 75 80 85

aag aag ggc cag atc atc atc aac gct gct cgt ggt ggc ctt gtt gat 403
Lys Lys Gly Gln Ile Ile Ile Asn Ala Ala Arg Gly Gly Leu Val Asp

90 95 100

gag cag gct ttg gct gat gcg att gag tcc ggt cac att cgt ggc gct 451
Glu Gln Ala Leu Ala Asp Ala Ile Glu Ser Gly His Ile Arg Gly Ala

105 110 115

ggt ttc gat gtg tac tcc acc gag cct tgc act gat tct cct ttg ttc 499
Gly Phe Asp Val Tyr Ser Thr Glu Pro Cys Thr Asp Ser Pro Leu Phe

120 125 130

aag ttg cct cag gtt gtt gtg act cct cac ttg ggt gct tct act gaa 547
Lys Leu Pro Gln Val Val Val Thr Pro His Leu Gly Ala Ser Thr Glu

135

140

145

gag gct caa gat cgt gcg ggt act gac att gct gat tct gtg ctc aag 595
Glu Ala Gln Asp Arg Ala Gly Thr Asp Ile Ala Asp Ser Val Leu Lys

150

155

160

165

gcg ctg gct 604
Ala Leu Ala

<210> 168

<211> 168

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 168

Val Glu Ile Phe Gly Lys Thr Val Gly Ile Val Gly Phe Gly His Ile
1 5 10 15

Gly Gln Leu Phe Ala Gln Arg Leu Ala Ala Phe Glu Thr Thr Ile Val
20 25 30

Ala Tyr Asp Pro Tyr Ala Asn Pro Ala Arg Ala Ala Gln Leu Asn Val
35 40 45

Glu Leu Val Glu Leu Asp Glu Leu Met Ser Arg Ser Asp Phe Val Thr
50 55 60

Ile His Leu Pro Lys Thr Lys Glu Thr Ala Gly Met Phe Asp Ala His
65 70 75 80

Leu Leu Ala Lys Ser Lys Lys Gly Gln Ile Ile Ile Asn Ala Ala Arg
85 90 95

Gly Gly Leu Val Asp Glu Gln Ala Leu Ala Asp Ala Ile Glu Ser Gly
100 105 110

His Ile Arg Gly Ala Gly Phe Asp Val Tyr Ser Thr Glu Pro Cys Thr

115 120 125

Asp Ser Pro Leu Phe Lys Leu Pro Gln Val Val Val Thr Pro His Leu
130 135 140

Gly Ala Ser Thr Glu Glu Ala Gln Asp Arg Ala Gly Thr Asp Ile Ala
145 150 155 160

Asp Ser Val Leu Lys Ala Leu Ala
165

<210> 169
<211> 1458
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1435)
<223> RXN00969

<400> 169
ctatagtggc taggtaccct ttttgttttg gacacatgta gggtaggccga aacaaagtaa 60

taggacaaca acgctcgacc gcgattatit ttggagaatc atg acc tca gca tct 115
Met Thr Ser Ala Ser
1 5

gcc cca agc ttt aac ccc ggc aag ggt ccc ggc tca gca gtc gga att 163
Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly Ser Ala Val Gly Ile
10 15 20

gcc ctt tta gga ttc gga aca gtc ggc act gag gtg atg cgt ctg atg 211
Ala Leu Leu Gly Phe Gly Thr Val Gly Thr Glu Val Met Arg Leu Met
25 30 35

acc gag tac ggt gat gaa ctt gcg cac cgc att ggt ggc cca ctg gag 259
Thr Glu Tyr Gly Asp Glu Leu Ala His Arg Ile Gly Gly Pro Leu Glu
40 45 50

gtt cgt ggc att gct gtt tct gat atc tca aag cca cgt gaa ggc gtt 307

Val Arg Gly Ile Ala Val Ser Asp Ile Ser Lys Pro Arg Glu Gly Val	
55	60
65	
gca cct gag ctg ctc act gag gac gct ttt gca ctc atc gag cgc gag	355
Ala Pro Glu Leu Leu Thr Glu Asp Ala Phe Ala Leu Ile Glu Arg Glu	
70	75
80	85
gat gtt gac atc gtc gtt gag gtt atc ggc ggc att gag tac cca cgt	403
Asp Val Asp Ile Val Val Glu Val Ile Gly Gly Ile Glu Tyr Pro Arg	
90	95
100	
gag gta gtt ctc gca gct ctg aag gcc ggc aag tct gtt gtt acc gcc	451
Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Lys Ala Gly Lys Ser Val Val Thr Ala	
105	110
115	
aat aag gct ctt gtt gca gct cac tct gct gag ctt gct gat gca gcg	499
Asn Lys Ala Leu Val Ala Ala His Ser Ala Glu Leu Ala Asp Ala Ala	
120	125
130	
gaa gcc gca aac gtt gac ctg tac ttc gag gct gct gtt gca tgc gca	547
Glu Ala Ala Asn Val Asp Leu Tyr Phe Glu Ala Ala Val Ala Cys Ala	
135	140
145	
att cca gtg gtt ggc cca ctg cgt cgc tcc ctg gct ggc gat cag atc	595
Ile Pro Val Val Gly Pro Leu Arg Arg Ser Leu Ala Gly Asp Gln Ile	
150	155
160	165
cag tct gtg atg ggc atc gtt aac ggc acc acc aac ttc atc ttg gac	643
Gln Ser Val Met Gly Ile Val Asn Gly Thr Thr Asn Phe Ile Leu Asp	
170	175
180	
gcc atg gat tcc acc ggc gct gac tat gca gat tct ttg gct gag gca	691
Ala Met Asp Ser Thr Gly Ala Asp Tyr Ala Asp Ser Leu Ala Glu Ala	
185	190
195	
act cgt ttg ggt tac gcc gaa gct gat cca act gca aac gtc gaa ggc	739
Thr Arg Leu Gly Tyr Ala Glu Ala Asp Pro Thr Ala Asn Val Glu Gly	
200	205
210	
cat gac gcc gca tcc aag gct gca att ttg gca tgc atc gct ttc cac	787

His Asp Ala Ala Ser Lys Ala Ala Ile Leu Ala Cys Ile Ala Phe His	
215	220
225	
acc cgt gtt acc gcg gat gat gtg tac tgc gaa ggt att agg aac atc	835
Thr Arg Val Thr Ala Asp Asp Val Tyr Cys Glu Gly Ile Arg Asn Ile	
230	235
240	245
aac gct gcc gac att gag gca gca cag cag gca ggc cac acc atc aag	883
Asn Ala Ala Asp Ile Glu Ala Ala Gln Gln Ala Gly His Thr Ile Lys	
250	255
260	
ttg ttg gcc atc tgt gag aag ttc acc aac aag gaa gga aag tcg gct	931
Leu Leu Ala Ile Cys Glu Lys Phe Thr Asn Lys Glu Gly Lys Ser Ala	
265	270
275	
att tct gct cgc gtg cac ccg act cta tta cct gtg tcc cac cca ctg	979
Ile Ser Ala Arg Val His Pro Thr Leu Leu Pro Val Ser His Pro Leu	
280	285
290	
gcg tcg gta aac aag tcc ttt aat gca atc ttt gtt gaa gca gaa gca	1027
Ala Ser Val Asn Lys Ser Phe Asn Ala Ile Phe Val Glu Ala Glu Ala	
295	300
305	
gct ggt cgc ctg atg ttc tac gga aac ggt gca ggt ggc gcg cca acc	1075
Ala Gly Arg Leu Met Phe Tyr Gly Asn Gly Ala Gly Gly Ala Pro Thr	
310	315
320	325
gcg tct gct gtg ctt ggc gac gtc gtt ggt gcc gca cga aac aag gtg	1123
Ala Ser Ala Val Leu Gly Asp Val Val Gly Ala Ala Arg Asn Lys Val	
330	335
340	
cac ggt ggc cgt gct cca ggt gag tcc acc tac gct aac ctg ccg atc	1171
His Gly Gly Arg Ala Pro Gly Glu Ser Thr Tyr Ala Asn Leu Pro Ile	
345	350
355	
gct gat ttc ggt gag acc acc act cgt tac cac ctc gac atg gat gtg	1219
Ala Asp Phe Gly Glu Thr Thr Thr Arg Tyr His Leu Asp Met Asp Val	
360	365
370	
gaa gat cgc gtg ggg gtt ttg gct gaa ttg gct agc ctg ttc tct gag	1267

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

375 380 385

caa gga atc tcc ctg cgt aca atc cga cag gaa gag cgc gat gat gat 1315
Gln Gly Ile Ser Leu Arg Thr Ile Arg Gln Glu Glu Arg Asp Asp Asp

390 395 400 405

gca cgt ctg atc gtg gtc acc cac tct gcg ctg gaa tct gat ctt tcc 1363
Ala Arg Leu Ile Val Val Thr His Ser Ala Leu Glu Ser Asp Leu Ser

410 415 420

cgc acc gtt gaa ctg ctg aag gct aag cct gtt gtt aag gca atc aac 1411
Arg Thr Val Glu Leu Leu Lys Ala Lys Pro Val Val Lys Ala Ile Asn

425 430 435

agt gtg atc cgc ctc gaa agg gac taatcttact gacatggcaa ttg 1458
Ser Val Ile Arg Leu Glu Arg Asp

440 445

<210> 170
<211> 445
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 170
Met Thr Ser Ala Ser Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly
1 5 10 15

Ser Ala Val Gly Ile Ala Leu Leu Gly Phe Gly Thr Val Gly Thr Glu
20 25 30

Val Met Arg Leu Met Thr Glu Tyr Gly Asp Glu Leu Ala His Arg Ile
35 40 45

Gly Gly Pro Leu Glu Val Arg Gly Ile Ala Val Ser Asp Ile Ser Lys
50 55 60

Pro Arg Glu Gly Val Ala Pro Glu Leu Leu Thr Glu Asp Ala Phe Ala
65 70 75 80

Leu Ile Glu Arg Glu Asp Val Asp Ile Val Val Glu Val Ile Gly Gly

85

90

95

Ile Glu Tyr Pro Arg Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Lys Ala Gly Lys
100 105 110

Ser Val Val Thr Ala Asn Lys Ala Leu Val Ala Ala His Ser Ala Glu
115 120 125

Leu Ala Asp Ala Ala Glu Ala Ala Asn Val Asp Leu Tyr Phe Glu Ala
130 135 140

Ala Val Ala Cys Ala Ile Pro Val Val Gly Pro Leu Arg Arg Ser Leu
145 150 155 160

Ala Gly Asp Gln Ile Gln Ser Val Met Gly Ile Val Asn Gly Thr Thr
165 170 175

Asn Phe Ile Leu Asp Ala Met Asp Ser Thr Gly Ala Asp Tyr Ala Asp
180 185 190

Ser Leu Ala Glu Ala Thr Arg Leu Gly Tyr Ala Glu Ala Asp Pro Thr
195 200 205

Ala Asn Val Glu Gly His Asp Ala Ala Ser Lys Ala Ala Ile Leu Ala
210 215 220

Cys Ile Ala Phe His Thr Arg Val Thr Ala Asp Asp Val Tyr Cys Glu
225 230 235 240

Gly Ile Arg Asn Ile Asn Ala Ala Asp Ile Glu Ala Ala Gln Gln Ala
245 250 255

Gly His Thr Ile Lys Leu Leu Ala Ile Cys Glu Lys Phe Thr Asn Lys
260 265 270

Glu Gly Lys Ser Ala Ile Ser Ala Arg Val His Pro Thr Leu Leu Pro
275 280 285

Val Ser His Pro Leu Ala Ser Val Asn Lys Ser Phe Asn Ala Ile Phe
290 295 300

Val Glu Ala Glu Ala Ala Gly Arg Leu Met Phe Tyr Gly Asn Gly Ala
305 310 315 320

Gly Gly Ala Pro Thr Ala Ser Ala Val Leu Gly Asp Val Val Gly Ala
325 330 335

Ala Arg Asn Lys Val His Gly Gly Arg Ala Pro Gly Glu Ser Thr Tyr
340 345 350

Ala Asn Leu Pro Ile Ala Asp Phe Gly Glu Thr Thr Thr Arg Tyr His
355 360 365

Leu Asp Met Asp Val Glu Asp Arg Val Gly Val Leu Ala Glu Leu Ala
370 375 380

Ser Leu Phe Ser Glu Gln Gly Ile Ser Leu Arg Thr Ile Arg Gln Glu
385 390 395 400

Glu Arg Asp Asp Asp Ala Arg Leu Ile Val Val Thr His Ser Ala Leu
405 410 415

Glu Ser Asp Leu Ser Arg Thr Val Glu Leu Leu Lys Ala Lys Pro Val
420 425 430

Val Lys Ala Ile Asn Ser Val Ile Arg Leu Glu Arg Asp
435 440 445

<210> 171

<211> 493

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(493)

<223> FRXA00974

<400> 171

ctatagtggc taggtaccct tttgttttg gacacatgta gggtaggccga aacaaagtaa 60

taggacaaca acgctcgacc gcgattatit ttggagaatc atg acc tca gca tct 115
Met Thr Ser Ala Ser

	1	5	
gcc cca agc ttt aac ccc ggc aag ggt ccc ggc tca gca gtc gga att			163
Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly Ser Ala Val Gly Ile			
	10	15	20
gcc ctt tta gga ttc gga aca gtc ggc act gag gtg atg cgt ctg atg			211
Ala Leu Leu Gly Phe Gly Thr Val Gly Thr Glu Val Met Arg Leu Met			
	25	30	35
acc gag tac ggt gat gaa ctt gcg cac cgc att ggt ggc cca ctg gag			259
Thr Glu Tyr Gly Asp Glu Leu Ala His Arg Ile Gly Gly Pro Leu Glu			
	40	45	50
gtt cgt ggc att gct gtt tct gat atc tca aag cca cgt gaa ggc gtt			307
Val Arg Gly Ile Ala Val Ser Asp Ile Ser Lys Pro Arg Glu Gly Val			
	55	60	65
gca cct gag ctg ctc act gag gac gct ttt gca ctc atc gag cgc gag			355
Ala Pro Glu Leu Leu Thr Glu Asp Ala Phe Ala Leu Ile Glu Arg Glu			
	70	75	80
			85
gat gtt gac atc gtc gtt gag gtt atc ggc ggc att gag tac cca cgt			403
Asp Val Asp Ile Val Val Glu Val Ile Gly Gly Ile Glu Tyr Pro Arg			
	90	95	100
gag gta gtt ctc gca gct ctg aag gcc ggc aag tct gtt gtt acc gcc			451
Glu Val Val Leu Ala Ala Leu Lys Ala Gly Lys Ser Val Val Thr Ala			
	105	110	115
aat aag gct ctt gtt gca gct cac tct gct gag ctt gct gat			493
Asn Lys Ala Leu Val Ala Ala His Ser Ala Glu Leu Ala Asp			
	120	125	130

<210> 172

<211> 131

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 172

Met Thr Ser Ala Ser Ala Pro Ser Phe Asn Pro Gly Lys Gly Pro Gly

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

<210> 173
 <211> 1050
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1027)
 <223> RXA00970

<400> 173
 gaatctgac tttccgcac cgttgaactg ctgaaggcta agcctgttgt taaggcaatc 60

aacagtgtga tccgcctcga aagggaactaa ttttactgac atg gca att gaa ctg 115
 Met Ala Ile Glu Leu

	1	5	
aac gtc ggt cgt aag gtt acc gtc acg gta cct gga tct tct gca aac			163
Asn Val Gly Arg Lys Val Thr Val Thr Val Pro Gly Ser Ser Ala Asn			
	10	15	20
ctc gga cct ggc ttt gac act tta ggt ttg gca ctg tcg gta tac gac			211
Leu Gly Pro Gly Phe Asp Thr Leu Gly Leu Ala Leu Ser Val Tyr Asp			
	25	30	35
act gtc gaa gtg gaa att att cca tct ggc ttg gaa gtg gaa gtt ttt			259
Thr Val Glu Val Glu Ile Ile Pro Ser Gly Leu Glu Val Glu Val Phe			
	40	45	50
ggc gaa ggc caa ggc gaa gtc cct ctt gat ggc tcc cac ctg gtg gtt			307
Gly Glu Gly Gln Gly Glu Val Pro Leu Asp Gly Ser His Leu Val Val			
	55	60	65
aaa gct att cgt gct ggc ctg aag gca gct gac gct gaa gtt cct gga			355
Lys Ala Ile Arg Ala Gly Leu Lys Ala Ala Asp Ala Glu Val Pro Gly			
	70	75	80
ttg cga gtg gtg tgc cac aac aac att ccg cag tct cgt ggt ctt ggc			403
Leu Arg Val Val Cys His Asn Asn Ile Pro Gln Ser Arg Gly Leu Gly			
	90	95	100
tcc tct gct gca gcg gcg gtt gct ggt gtt gct gca gct aat ggt ttg			451
Ser Ser Ala Ala Ala Ala Val Ala Gly Val Ala Ala Ala Asn Gly Leu			
	105	110	115
gcg gat ttc ccg ctg act caa gag cag att gtt cag ttg tcc tct gcc			499
Ala Asp Phe Pro Leu Thr Gln Glu Gln Ile Val Gln Leu Ser Ser Ala			
	120	125	130
ttt gaa ggc cac cca gat aat gct gcg gct tct gtg ctg ggt gga gca			547
Phe Glu Gly His Pro Asp Asn Ala Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Ala			
	135	140	145
gtg gtg tcg tgg aca aat ctg tct atc gac ggc aag agc cag cca cag			595
Val Val Ser Trp Thr Asn Leu Ser Ile Asp Gly Lys Ser Gln Pro Gln			

150	155	160	165	
tat gct gct gta cca ctt gag gtg cag gac aat att cgt gcg act gcg				643
Tyr Ala Ala Val Pro Leu Glu Val Gln Asp Asn Ile Arg Ala Thr Ala				
	170	175	180	
ctg gtt cct aat ttc cac gca tcc acc gaa gct gtg cgc cga gtc ctt				691
Leu Val Pro Asn Phe His Ala Ser Thr Glu Ala Val Arg Arg Val Leu				
	185	190	195	
ccc act gaa gtc act cac atc gat gcg cga ttt aac gtg tcc cgc gtt				739
Pro Thr Glu Val Thr His Ile Asp Ala Arg Phe Asn Val Ser Arg Val				
	200	205	210	
gca gtg atg atc gtt gcg ttg cag cag cgt cct gat ttg ctg tgg gag				787
Ala Val Met Ile Val Ala Leu Gln Gln Arg Pro Asp Leu Leu Trp Glu				
	215	220	225	
ggt act cgt gac cgt ctg cac cag cct tat cgt gca gaa gtg ttg cct				835
Gly Thr Arg Asp Arg Leu His Gln Pro Tyr Arg Ala Glu Val Leu Pro				
230	235	240	245	
att acc tct gag tgg gta aac cgc ctg cgc aac cgt ggc tac gcg gca				883
Ile Thr Ser Glu Trp Val Asn Arg Leu Arg Asn Arg Gly Tyr Ala Ala				
	250	255	260	
tac ctt tcc ggt gcc ggc cca acc gcc atg gtg ctg tcc act gag cca				931
Tyr Leu Ser Gly Ala Gly Pro Thr Ala Met Val Leu Ser Thr Glu Pro				
	265	270	275	
att cca gac aag gtt ttg gaa gat gct cgt gag tct ggc att aag gtg				979
Ile Pro Asp Lys Val Leu Glu Asp Ala Arg Glu Ser Gly Ile Lys Val				
	280	285	290	
ctt gag ctt gag gtt gcg gga cca gtc aag gtt gaa gtt aac caa cct				1027
Leu Glu Leu Glu Val Ala Gly Pro Val Lys Val Glu Val Asn Gln Pro				
	295	300	305	
taggcccaac aaggaaggcc ccc				1050

<210> 174
 <211> 309
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 174
 Met Ala Ile Glu Leu Asn Val Gly Arg Lys Val Thr Val Thr Val Pro
 1 5 10 15

Gly Ser Ser Ala Asn Leu Gly Pro Gly Phe Asp Thr Leu Gly Leu Ala
 20 25 30

Leu Ser Val Tyr Asp Thr Val Glu Val Glu Ile Ile Pro Ser Gly Leu
 35 40 45

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

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

Ala Glu Val Pro Gly Leu Arg Val Val Cys His Asn Asn Ile Pro Gln
 85 90 95

Ser Arg Gly Leu Gly Ser Ser Ala Ala Ala Ala Val Ala Gly Val Ala
 100 105 110

Ala Ala Asn Gly Leu Ala Asp Phe Pro Leu Thr Gln Glu Gln Ile Val
 115 120 125

Gln Leu Ser Ser Ala Phe Glu Gly His Pro Asp Asn Ala Ala Ala Ser
 130 135 140

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

Lys Ser Gln Pro Gln Tyr Ala Ala Val Pro Leu Glu Val Gln Asp Asn
 165 170 175

Ile Arg Ala Thr Ala Leu Val Pro Asn Phe His Ala Ser Thr Glu Ala
 180 185 190

Val Arg Arg Val Leu Pro Thr Glu Val Thr His Ile Asp Ala Arg Phe

10	15	20	
ggc ggt cta gca cca gac ggc gga ctg tac ctg cct gca acc tac cct			211
Gly Gly Leu Ala Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Pro Ala Thr Tyr Pro			
25	30	35	
caa cta gat gat gcc cag ctg agt aaa tgg cgt gag gta tta gcc aac			259
Gln Leu Asp Asp Ala Gln Leu Ser Lys Trp Arg Glu Val Leu Ala Asn			
40	45	50	
gaa gga tac gca gct ttg gct gct gaa gtt atc tcc ctg ttt gtt gat			307
Glu Gly Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Val Ile Ser Leu Phe Val Asp			
55	60	65	
gac atc cca gta gaa gac atc aag gcg atc acc gca cgc gcc tac acc			355
Asp Ile Pro Val Glu Asp Ile Lys Ala Ile Thr Ala Arg Ala Tyr Thr			
70	75	80	85
tac ccg aag ttc aac agc gaa gac atc gtt cct gtc acc gaa ctc gag			403
Tyr Pro Lys Phe Asn Ser Glu Asp Ile Val Pro Val Thr Glu Leu Glu			
90	95	100	
gac aac att tac ctg ggc cac ctt tcc gaa ggc cca acc gct gca ttc			451
Asp Asn Ile Tyr Leu Gly His Leu Ser Glu Gly Pro Thr Ala Ala Phe			
105	110	115	
aaa gac atg gcc atg cag ctg ctc ggc gaa ctt ttc gaa tac gag ctt			499
Lys Asp Met Ala Met Gln Leu Leu Gly Glu Leu Phe Glu Tyr Glu Leu			
120	125	130	
cgc cgc cgc aac gaa acc atc aac atc ctg ggc gct acc tct ggc gat			547
Arg Arg Arg Asn Glu Thr Ile Asn Ile Leu Gly Ala Thr Ser Gly Asp			
135	140	145	
acc ggc tcc tct gcg gaa tac gcc atg cgc ggc cgc gag gga atc cgc			595
Thr Gly Ser Ser Ala Glu Tyr Ala Met Arg Gly Arg Glu Gly Ile Arg			
150	155	160	165
gta ttc atg ctg acc cca gct ggc cgc atg acc cca ttc cag caa gca			643
Val Phe Met Leu Thr Pro Ala Gly Arg Met Thr Pro Phe Gln Gln Ala			

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

330	335	340	
aac gat cta ttt ggt acc cag gtt cgc caa ggc gga ttc tca ctg gct			1171
Asn Asp Leu Phe Gly Thr Gln Val Arg Gln Gly Gly Phe Ser Leu Ala			
345	350	355	
gat gac gcc aac ttt gag aag gct gca gca gaa tac ggt ttc gcc tcc			1219
Asp Asp Ala Asn Phe Glu Lys Ala Ala Ala Glu Tyr Gly Phe Ala Ser			
360	365	370	
gga cga tcc acc cat gct gac cgt gtg gca acc atc gct gac gtg cat			1267
Gly Arg Ser Thr His Ala Asp Arg Val Ala Thr Ile Ala Asp Val His			
375	380	385	
tcc cgc ctc gac gta cta atc gat ccc cac acc gcc gac ggc gtt cac			1315
Ser Arg Leu Asp Val Leu Ile Asp Pro His Thr Ala Asp Gly Val His			
390	395	400	405
gtg gca cgc cag tgg agg gac gag gtc aac acc cca atc atc gtc cta			1363
Val Ala Arg Gln Trp Arg Asp Glu Val Asn Thr Pro Ile Ile Val Leu			
410	415	420	
gaa act gca ctc cca gtg aaa ttt gcc gac acc atc gtc gaa gca att			1411
Glu Thr Ala Leu Pro Val Lys Phe Ala Asp Thr Ile Val Glu Ala Ile			
425	430	435	
ggt gaa gca cct caa act cca gag cgt ttc gcc gcg atc atg gat gct			1459
Gly Glu Ala Pro Gln Thr Pro Glu Arg Phe Ala Ala Ile Met Asp Ala			
440	445	450	
cca ttc aag gtt tcc gac cta cca aac gac acc gat gca gtt aag cag			1507
Pro Phe Lys Val Ser Asp Leu Pro Asn Asp Thr Asp Ala Val Lys Gln			
455	460	465	
tac ata gtc gat gcg att gca aac act tcc gtg aag taacttgctt			1553
Tyr Ile Val Asp Ala Ile Ala Asn Thr Ser Val Lys			
470	475	480	
tacgccaagg cct			1566

<210> 176

<211> 481

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 176

Val Asp Tyr Ile Ser Thr Arg Asp Ala Ser Arg Thr Pro Ala Arg Phe
1 5 10 15

Ser Asp Ile Leu Leu Gly Gly Leu Ala Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu
20 25 30

Pro Ala Thr Tyr Pro Gln Leu Asp Asp Ala Gln Leu Ser Lys Trp Arg
35 40 45

Glu Val Leu Ala Asn Glu Gly Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Val Ile
50 55 60

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

Ala Arg Ala Tyr Thr Tyr Pro Lys Phe Asn Ser Glu Asp Ile Val Pro
85 90 95

Val Thr Glu Leu Glu Asp Asn Ile Tyr Leu Gly His Leu Ser Glu Gly
100 105 110

Pro Thr Ala Ala Phe Lys Asp Met Ala Met Gln Leu Leu Gly Glu Leu
115 120 125

Phe Glu Tyr Glu Leu Arg Arg Arg Asn Glu Thr Ile Asn Ile Leu Gly
130 135 140

Ala Thr Ser Gly Asp Thr Gly Ser Ser Ala Glu Tyr Ala Met Arg Gly
145 150 155 160

Arg Glu Gly Ile Arg Val Phe Met Leu Thr Pro Ala Gly Arg Met Thr
165 170 175

Pro Phe Gln Gln Ala Gln Met Phe Gly Leu Asp Asp Pro Asn Ile Phe
180 185 190

Asn Ile Ala Leu Asp Gly Val Phe Asp Asp Cys Gln Asp Val Val Lys
195 200 205

Ala Val Ser Ala Asp Ala Glu Phe Lys Lys Asp Asn Arg Ile Gly Ala
210 215 220

Val Asn Ser Ile Asn Trp Ala Arg Leu Met Ala Gln Val Val Tyr Tyr
225 230 235 240

Val Ser Ser Trp Ile Arg Thr Thr Thr Ser Asn Asp Gln Lys Val Ser
245 250 255

Phe Ser Val Pro Thr Gly Asn Phe Gly Asp Ile Cys Ala Gly His Ile
260 265 270

Ala Arg Gln Met Gly Leu Pro Ile Asp Arg Leu Ile Val Ala Thr Asn
275 280 285

Glu Asn Asp Val Leu Asp Glu Phe Phe Arg Thr Gly Asp Tyr Arg Val
290 295 300

Arg Ser Ser Ala Asp Thr His Glu Thr Ser Ser Pro Ser Met Asp Ile
305 310 315 320

Ser Arg Ala Ser Asn Phe Glu Arg Phe Ile Phe Asp Leu Leu Gly Arg
325 330 335

Asp Ala Thr Arg Val Asn Asp Leu Phe Gly Thr Gln Val Arg Gln Gly
340 345 350

Gly Phe Ser Leu Ala Asp Asp Ala Asn Phe Glu Lys Ala Ala Ala Glu
355 360 365

Tyr Gly Phe Ala Ser Gly Arg Ser Thr His Ala Asp Arg Val Ala Thr
370 375 380

Ile Ala Asp Val His Ser Arg Leu Asp Val Leu Ile Asp Pro His Thr
385 390 395 400

Ala Asp Gly Val His Val Ala Arg Gln Trp Arg Asp Glu Val Asn Thr

405 410 415

Pro Ile Ile Val Leu Glu Thr Ala Leu Pro Val Lys Phe Ala Asp Thr
420 425 430

Ile Val Glu Ala Ile Gly Glu Ala Pro Gln Thr Pro Glu Arg Phe Ala
435 440 445

Ala Ile Met Asp Ala Pro Phe Lys Val Ser Asp Leu Pro Asn Asp Thr
450 455 460

Asp Ala Val Lys Gln Tyr Ile Val Asp Ala Ile Ala Asn Thr Ser Val
465 470 475 480

Lys

<210> 177
<211> 1254
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 177
tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60

aagtttttagt ctgtccacc cagaacaggc gggtattttc atg ccc acc ctc gcg 115
Met Pro Thr Leu Ala

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

gaa tac cgc gta gat aaa gaa gga cgc agc aat gtc gtt ctc atc gaa	259
Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn Val Val Leu Ile Glu	
40 45 50	
cac gcc ctc act gga gat tcc aac gca gcc gat tgg tgg gct gac ttg	307
His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp Trp Trp Ala Asp Leu	
55 60 65	
ctc ggt ccc ggc aaa gcc atc aac act gat att tac tgc gtg atc tgt	355
Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile Tyr Cys Val Ile Cys	
70 75 80 85	
acc aac gtc atc ggt ggt tgc aac ggt tcc acc gga cct ggc tcc atg	403
Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr Gly Pro Gly Ser Met	
90 95 100	
cat cca gat gga aat ttc tgg ggt aat cgc ttc ccc gcc acg tcc att	451
His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe Pro Ala Thr Ser Ile	
105 110 115	
cgt gat cag gta aac gcc gaa aaa caa ttc ctc gac gca ctc ggc atc	499
Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu Asp Ala Leu Gly Ile	
120 125 130	
acc acg gtc gcc gca gta ctt ggt ggt tcc atg ggt ggt gcc cgc acc	547
Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met Gly Gly Ala Arg Thr	
135 140 145	
cta gag tgg gcc gca atg tac cca gaa act gtt ggc gca gct gct gtt	595
Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val Gly Ala Ala Ala Val	
150 155 160 165	
ctt gca gtt tct gca cgc gcc agc gcc tgg caa atc ggc att caa tcc	643
Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln Ile Gly Ile Gln Ser	
170 175 180	
gcc caa att aag gcg att gaa aac gac cac cac tgg cac gaa ggc aac	691
Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His Trp His Glu Gly Asn	
185 190 195	
tac tac gaa tcc ggc tgc aac cca gcc acc gga ctc ggc gcc gcc cga	739

Tyr	Tyr	Glu	Ser	Gly	Cys	Asn	Pro	Ala	Thr	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	Arg	
		200					205					210				
cgc	atc	gcc	cac	ctc	acc	tac	cgt	ggc	gaa	cta	gaa	atc	gac	gaa	cgc	787
Arg	Ile	Ala	His	Leu	Thr	Tyr	Arg	Gly	Glu	Leu	Glu	Ile	Asp	Glu	Arg	
		215					220					225				
ttc	ggc	acc	aaa	gcc	caa	aag	aac	gaa	aac	cca	ctc	ggt	ccc	tac	cgc	835
Phe	Gly	Thr	Lys	Ala	Gln	Lys	Asn	Glu	Asn	Pro	Leu	Gly	Pro	Tyr	Arg	
230					235						240				245	
aag	ccc	gac	cag	cgc	ttc	gcc	gtg	gaa	tcc	tac	ttg	gac	tac	caa	gca	883
Lys	Pro	Asp	Gln	Arg	Phe	Ala	Val	Glu	Ser	Tyr	Leu	Asp	Tyr	Gln	Ala	
				250						255				260		
gac	aag	cta	gta	cag	cgt	ttc	gac	gcc	ggc	tcc	tac	gtc	ttg	ctc	acc	931
Asp	Lys	Leu	Val	Gln	Arg	Phe	Asp	Ala	Gly	Ser	Tyr	Val	Leu	Leu	Thr	
		265					270							275		
gac	gcc	ctc	aac	cgc	cac	gac	att	ggt	cgc	gac	cgc	gga	ggc	ctc	aac	979
Asp	Ala	Leu	Asn	Arg	His	Asp	Ile	Gly	Arg	Asp	Arg	Gly	Gly	Leu	Asn	
		280					285							290		
aag	gca	ctc	gaa	tcc	atc	aaa	gtt	cca	gtc	ctt	gtc	gca	ggc	gta	gat	1027
Lys	Ala	Leu	Glu	Ser	Ile	Lys	Val	Pro	Val	Leu	Val	Ala	Gly	Val	Asp	
		295					300							305		
acc	gat	att	ttg	tac	ccc	tac	cac	cag	caa	gaa	cac	ctc	tcc	aga	aac	1075
Thr	Asp	Ile	Leu	Tyr	Pro	Tyr	His	Gln	Gln	Glu	His	Leu	Ser	Arg	Asn	
310					315							320			325	
ctg	gga	aat	cta	ctg	gca	atg	gca	aaa	atc	gta	tcc	cct	gtc	ggc	cac	1123
Leu	Gly	Asn	Leu	Leu	Ala	Met	Ala	Lys	Ile	Val	Ser	Pro	Val	Gly	His	
				330						335				340		
gat	gct	ttc	ctc	acc	gaa	agc	cgc	caa	atg	gat	cgc	atc	gtg	agg	aac	1171
Asp	Ala	Phe	Leu	Thr	Glu	Ser	Arg	Gln	Met	Asp	Arg	Ile	Val	Arg	Asn	
		345					350							355		
ttc	ttc	agc	ctc	atc	tcc	cca	gac	gaa	gac	aac	cct	tcg	acc	tac	atc	1219

Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn Pro Ser Thr Tyr Ile

360 365 370

gag ttc tac atc taataggtat ttacgacaaa tag 1254
Glu Phe Tyr Ile

375

<210> 178

<211> 377

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 178

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Gly Gly Ala Arg Thr Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val

145 150 155 160
 Gly Ala Ala Ala Val Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln
 165 170 175
 Ile Gly Ile Gln Ser Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His
 180 185 190
 Trp His Glu Gly Asn Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly
 195 200 205
 Leu Gly Ala Ala Arg Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu
 210 215 220
 Glu Ile Asp Glu Arg Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro
 225 230 235 240
 Leu Gly Pro Tyr Arg Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr
 245 250 255
 Leu Asp Tyr Gln Ala Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser
 260 265 270
 Tyr Val Leu Leu Thr Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp
 275 280 285
 Arg Gly Gly Leu Asn Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu
 290 295 300
 Val Ala Gly Val Asp Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu
 305 310 315 320
 His Leu Ser Arg Asn Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val
 325 330 335
 Ser Pro Val Gly His Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp
 340 345 350
 Arg Ile Val Arg Asn Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn
 355 360 365
 Pro Ser Thr Tyr Ile Glu Phe Tyr Ile

370

375

<210> 179
<211> 1210
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 179
tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60

aagttttagt ctgtccacc cagaacaggc ggttattttc atg ccc acc ctc gcg 115
Met Pro Thr Leu Ala

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

gaa tac cgc gta gat aaa gaa gga cgc agc aat gtc gtt ctc atc gaa 259
Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn Val Val Leu Ile Glu

40 45 50

cac gcc ctc act gga gat tcc aac gca gcc gat tgg tgg gct gac ttg 307
His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp Trp Trp Ala Asp Leu

55 60 65

ctc ggt ccc ggc aaa gcc atc aac act gat att tac tgc gtg atc tgt 355
Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile Tyr Cys Val Ile Cys

70 75 80 85

acc aac gtc atc ggt ggt tgc aac ggt tcc acc gga cct ggc tcc atg 403
Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr Gly Pro Gly Ser Met

90	95	100	
cat cca gat gga aat ttc tgg ggt aat cgc ttc ccc gcc acg tcc att			451
His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe Pro Ala Thr Ser Ile			
105	110	115	
cgt gat cag gta aac gcc gaa aaa caa ttc ctc gac gca ctc ggc atc			499
Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu Asp Ala Leu Gly Ile			
120	125	130	
acc acg gtc gcc gca gta ctt ggt ggt tcc atg ggt ggt gcc cgc acc			547
Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met Gly Gly Ala Arg Thr			
135	140	145	
cta gag tgg gcc gca atg tac cca gaa act gtt ggc gca gct gct gtt			595
Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val Gly Ala Ala Ala Val			
150	155	160	165
ctt gca gtt tct gca cgc gcc agc gcc tgg caa atc ggc att caa tcc			643
Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln Ile Gly Ile Gln Ser			
170	175	180	
gcc caa att aag gcg att gaa aac gac cac cac tgg cac gaa ggc aac			691
Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His Trp His Glu Gly Asn			
185	190	195	
tac tac gaa tcc ggc tgc aac cca gcc acc gga ctc ggc gcc gcc cga			739
Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly Leu Gly Ala Ala Arg			
200	205	210	
cgc atc gcc cac ctc acc tac cgt ggc gaa cta gaa atc gac gaa cgc			787
Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu Glu Ile Asp Glu Arg			
215	220	225	
ttc ggc acc aaa gcc caa aag aac gaa aac cca ctc ggt ccc tac cgc			835
Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro Leu Gly Pro Tyr Arg			
230	235	240	245
aag ccc gac cag cgc ttc gcc gtg gaa tcc tac ttg gac tac caa gca			883
Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr Leu Asp Tyr Gln Ala			

250 255 260
gac aag cta gta cag cgt ttc gac gcc ggc tcc tac gtc ttg ctc acc 931
Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser Tyr Val Leu Leu Thr

265 270 275
gac gcc ctc aac cgc cac gac att ggt cgc gac cgc gga ggc ctc aac 979
Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp Arg Gly Gly Leu Asn

280 285 290
aag gca ctc gaa tcc atc aaa gtt cca gtc ctt gtc gca ggc gta gat 1027
Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu Val Ala Gly Val Asp

295 300 305
acc gat att ttg tac ccc tac cac cag caa gaa cac ctc tcc aga aac 1075
Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu His Leu Ser Arg Asn

310 315 320 325
ctg gga aat cta ctg gca atg gca aaa atc gta tcc cct gtc ggc cac 1123
Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val Ser Pro Val Gly His

330 335 340
gat gct ttc ctc acc gaa agc cgc caa atg gat cgc atc gtg agg aac 1171
Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp Arg Ile Val Arg Asn

345 350 355
ttc ttc agc ctc atc tcc cca gac gaa gac aac cct tcg 1210
Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn Pro Ser

360 365 370

<210> 180
<211> 370
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 180
Met Pro Thr Leu Ala Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly
1 5 10 15

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

245
 250
 255
 Leu Asp Tyr Gln Ala Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser
 260 265 270
 Tyr Val Leu Leu Thr Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp
 275 280 285
 Arg Gly Gly Leu Asn Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu
 290 295 300
 Val Ala Gly Val Asp Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu
 305 310 315 320
 His Leu Ser Arg Asn Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val
 325 330 335
 Ser Pro Val Gly His Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp
 340 345 350
 Arg Ile Val Arg Asn Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn
 355 360 365
 Pro Ser
 370
 <210> 181
 <211> 771
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(748)
 <223> RXC01207
 <400> 181
 cttcatgatc tcaccggcag agcgcgtttt gttacagcgc gtaaactgtg actttgaaaa 60
 atttttgaac aatccgtaca ccaacttcag gagaaaaaca gtg agc aga atc tat 115
 Val Ser Arg Ile Tyr

gac tgt gcc gac caa gac tcc cgt gca gca ggc cta aag gcg gct gtc	163
Asp Cys Ala Asp Gln Asp Ser Arg Ala Ala Gly Leu Lys Ala Ala Val	
10 15 20	
gat gca gtc aaa gcc ggt cag ctc gtt gtc ctt ccc acg gat acc ctt	211
Asp Ala Val Lys Ala Gly Gln Leu Val Val Leu Pro Thr Asp Thr Leu	
25 30 35	
tat gga ctc ggc tgc gac gct ttc aac aac gag gca gta gcc aac ctt	259
Tyr Gly Leu Gly Cys Asp Ala Phe Asn Asn Glu Ala Val Ala Asn Leu	
40 45 50	
ctg gcc acc aaa cac cgt ggc ccc gat atg ccc gtt cca gtg ctc gtc	307
Leu Ala Thr Lys His Arg Gly Pro Asp Met Pro Val Pro Val Leu Val	
55 60 65	
ggc agc tgg gac acc att caa gga ctt gtg cac tcc tat tct gcg cag	355
Gly Ser Trp Asp Thr Ile Gln Gly Leu Val His Ser Tyr Ser Ala Gln	
70 75 80 85	
gca aaa gcg ctt gtg gag gcg ttc tgg cct ggt gga ctg tcc atc atc	403
Ala Lys Ala Leu Val Glu Ala Phe Trp Pro Gly Gly Leu Ser Ile Ile	
90 95 100	
gtt ccg cag gca cca agc ctt ccg tgg aac ctt ggc gat acc cgt ggc	451
Val Pro Gln Ala Pro Ser Leu Pro Trp Asn Leu Gly Asp Thr Arg Gly	
105 110 115	
acc gta atg ctg cgc atg cca ctg cac cca gtt gcc att gaa ttg ctg	499
Thr Val Met Leu Arg Met Pro Leu His Pro Val Ala Ile Glu Leu Leu	
120 125 130	
cgc caa acc gga cca atg gct gtc tcc tcc gcc aac atc tcc gga cat	547
Arg Gln Thr Gly Pro Met Ala Val Ser Ser Ala Asn Ile Ser Gly His	
135 140 145	
act cct cca acc acc gtg ctg gag gct cgt cag cag ctc aac caa aat	595
Thr Pro Pro Thr Thr Val Leu Glu Ala Arg Gln Gln Leu Asn Gln Asn	
150 155 160 165	
gtc gct gtc tac ctc gat ggt ggc gaa tgc gcg ctg gcc acc cct tca	643

Val Ala Val Tyr Leu Asp Gly Gly Glu Cys Ala Leu Ala Thr Pro Ser

170

175

180

acc atc gtg gat att tca ggc ccc gca cca aag att ttg cgt gag ggt 691
Thr Ile Val Asp Ile Ser Gly Pro Ala Pro Lys Ile Leu Arg Glu Gly

185

190

195

gcc atc agc gca gaa cgc gtt ggc gaa gta ctt gga gtg tcg gca gaa 739
Ala Ile Ser Ala Glu Arg Val Gly Glu Val Leu Gly Val Ser Ala Glu

200

205

210

agc ctg cgc taaatgggag tcggtttcgc ggg 771
Ser Leu Arg

215

<210> 182

<211> 216

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 182

Val Ser Arg Ile Tyr Asp Cys Ala Asp Gln Asp Ser Arg Ala Ala Gly
1 5 10 15

Leu Lys Ala Ala Val Asp Ala Val Lys Ala Gly Gln Leu Val Val Leu
20 25 30

Pro Thr Asp Thr Leu Tyr Gly Leu Gly Cys Asp Ala Phe Asn Asn Glu
35 40 45

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

Val Pro Val Leu Val Gly Ser Trp Asp Thr Ile Gln Gly Leu Val His
65 70 75 80

Ser Tyr Ser Ala Gln Ala Lys Ala Leu Val Glu Ala Phe Trp Pro Gly
85 90 95

Gly Leu Ser Ile Ile Val Pro Gln Ala Pro Ser Leu Pro Trp Asn Leu

100	105	110	
Gly Asp Thr Arg Gly Thr Val Met Leu Arg Met Pro Leu His Pro Val			
115	120	125	
Ala Ile Glu Leu Leu Arg Gln Thr Gly Pro Met Ala Val Ser Ser Ala			
130	135	140	
Asn Ile Ser Gly His Thr Pro Pro Thr Thr Val Leu Glu Ala Arg Gln			
145	150	155	160
Gln Leu Asn Gln Asn Val Ala Val Tyr Leu Asp Gly Gly Glu Cys Ala			
165	170	175	
Leu Ala Thr Pro Ser Thr Ile Val Asp Ile Ser Gly Pro Ala Pro Lys			
180	185	190	
Ile Leu Arg Glu Gly Ala Ile Ser Ala Glu Arg Val Gly Glu Val Leu			
195	200	205	
Gly Val Ser Ala Glu Ser Leu Arg			
210	215		
<210> 183			
<211> 1419			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1396)			
<223> RXC00152			
<400> 183			
gtcattgata tccaaggcac gaccgcgatt gtatggaaag aagcctaaat ttttaacaat 60			
caaatagtagc tggccattcc caactaaaac tggagtaacg atg aca gga cta atc 115			
Met Thr Gly Leu Ile			
1 5			
ctc gcc ata gtt ttc ctg gtc ttt gtc gcc gtc gtg gtg atc aag tcc 163			
Leu Ala Ile Val Phe Leu Val Phe Val Ala Val Val Val Ile Lys Ser			

10	15	20	
ata gcc ctg att ccc cag ggt gaa gcc gcc gtc att gaa cgc ctt ggt			211
Ile Ala Leu Ile Pro Gln Gly Glu Ala Ala Val Ile Glu Arg Leu Gly			
25	30	35	
agc tac acc cgc acc gtt tca ggt ggc ctg acc ctg ctg gtt cca ttc			259
Ser Tyr Thr Arg Thr Val Ser Gly Gly Leu Thr Leu Leu Val Pro Phe			
40	45	50	
gtg gac cga gta cgc gca agg atc gac acc cgt gag cgc gtg gtc tca			307
Val Asp Arg Val Arg Ala Arg Ile Asp Thr Arg Glu Arg Val Val Ser			
55	60	65	
ttc cca ccg cag gct gtt att acc caa gac aac ctg acc gtg gcc atc			355
Phe Pro Pro Gln Ala Val Ile Thr Gln Asp Asn Leu Thr Val Ala Ile			
70	75	80	85
gat atc gtg gtg acc ttc caa atc aac gaa cca gag cgc gcc atc tac			403
Asp Ile Val Val Thr Phe Gln Ile Asn Glu Pro Glu Arg Ala Ile Tyr			
90	95	100	
ggc gtg gac aac tac atc gtc ggt gtg gag cag att tct gta gca aca			451
Gly Val Asp Asn Tyr Ile Val Gly Val Glu Gln Ile Ser Val Ala Thr			
105	110	115	
ctt cga gac gtt gtc ggt ggc atg acc ctg gaa gaa acc ctc act tca			499
Leu Arg Asp Val Val Gly Gly Met Thr Leu Glu Glu Thr Leu Thr Ser			
120	125	130	
cgt gac gtg atc aac cgc cgc ctc cgt ggc gag ctc gat gca gca acc			547
Arg Asp Val Ile Asn Arg Arg Leu Arg Gly Glu Leu Asp Ala Ala Thr			
135	140	145	
acc aaa tgg ggc ctg cgc atc agc cgt gtg gaa cta aag gca att gat			595
Thr Lys Trp Gly Leu Arg Ile Ser Arg Val Glu Leu Lys Ala Ile Asp			
150	155	160	165
ccg cca cca tcc atc cag caa tcg atg gaa aag cag atg aag gca gac			643
Pro Pro Pro Ser Ile Gln Gln Ser Met Glu Lys Gln Met Lys Ala Asp			

170	175	180	
cgt gaa aag cgc gcc acc att ttg acc gca gaa ggt cag cgc gaa gcc			691
Arg Glu Lys Arg Ala Thr Ile Leu Thr Ala Glu Gly Gln Arg Glu Ala			
185	190	195	
gac atc aaa act gcc gaa ggt gaa aag caa gcc aag atc ctc caa gct			739
Asp Ile Lys Thr Ala Glu Gly Glu Lys Gln Ala Lys Ile Leu Gln Ala			
200	205	210	
gag ggt gaa aag cac gca tcc atc ctg aac gca gaa gca gaa cgc caa			787
Glu Gly Glu Lys His Ala Ser Ile Leu Asn Ala Glu Ala Glu Arg Gln			
215	220	225	
gcg atg atc ctg cgc gcc gaa ggt gaa cgc gca gca cgc tac ctc cag			835
Ala Met Ile Leu Arg Ala Glu Gly Glu Arg Ala Ala Arg Tyr Leu Gln			
230	235	240	245
gcg cag ggt gaa gcc cga gca atc caa aag gtc aac gca gca atc aag			883
Ala Gln Gly Glu Ala Arg Ala Ile Gln Lys Val Asn Ala Ala Ile Lys			
250	255	260	
tct gcc aag ttg acc cca gag gtt ctt gct tat caa tac ctc gaa aag			931
Ser Ala Lys Leu Thr Pro Glu Val Leu Ala Tyr Gln Tyr Leu Glu Lys			
265	270	275	
ctt cct aag atc gca gag ggc aac gcc tcc aag atg tgg gtc atc cca			979
Leu Pro Lys Ile Ala Glu Gly Asn Ala Ser Lys Met Trp Val Ile Pro			
280	285	290	
agc cag ttc tcc gat tct ctg gaa ggt ttt gcg aag cag ttc ggc gca			1027
Ser Gln Phe Ser Asp Ser Leu Glu Gly Phe Ala Lys Gln Phe Gly Ala			
295	300	305	
aag gat gca gaa ggt gtc ttc cgc tac gaa cca aac acc gtg gat gaa			1075
Lys Asp Ala Glu Gly Val Phe Arg Tyr Glu Pro Asn Thr Val Asp Glu			
310	315	320	325
gaa acc cgc gac atc gca aac gcc gac aac gtg gaa gac tgg ttc tcc			1123
Glu Thr Arg Asp Ile Ala Asn Ala Asp Asn Val Glu Asp Trp Phe Ser			

330 335 340
acc gaa tca gac cct gaa atc gca gca gca gtc gcc gca gca aac gcc 1171
Thr Glu Ser Asp Pro Glu Ile Ala Ala Ala Val Ala Ala Ala Asn Ala

345 350 355
gtg gcc aac aag cca gtc gat cca gaa ccc ggt gag atc ctt tcc aag 1219
Val Ala Asn Lys Pro Val Asp Pro Glu Pro Gly Glu Ile Leu Ser Lys

360 365 370
aag acc gca cga cgc gtt gaa cct gaa gca gta ttg gag gct ttg caa 1267
Lys Thr Ala Arg Arg Val Glu Pro Glu Ala Val Leu Glu Ala Leu Gln

375 380 385
aac gga acc act aca caa cct gag gtt gag gca gca cct cct acc gca 1315
Asn Gly Thr Thr Thr Gln Pro Glu Val Glu Ala Ala Pro Pro Thr Ala

390 395 400 405
aac ttc gcc caa gaa ttc cct gca cca cag gca aac cct gaa gat tac 1363
Asn Phe Ala Gln Glu Phe Pro Ala Pro Gln Ala Asn Pro Glu Asp Tyr

410 415 420
tcc gac caa cac cga gag aat cct tac gga aac taatcaggca taagaaaagg 1416
Ser Asp Gln His Arg Glu Asn Pro Tyr Gly Asn

425 430
cgg 1419

<210> 184
<211> 432
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 184
Met Thr Gly Leu Ile Leu Ala Ile Val Phe Leu Val Phe Val Ala Val
1 5 10 15

Val Val Ile Lys Ser Ile Ala Leu Ile Pro Gln Gly Glu Ala Ala Val
20 25 30

Ile Glu Arg Leu Gly Ser Tyr Thr Arg Thr Val Ser Gly Gly Leu Thr

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

260 265 270

Gln Tyr Leu Glu Lys Leu Pro Lys Ile Ala Glu Gly Asn Ala Ser Lys
275 280 285

Met Trp Val Ile Pro Ser Gln Phe Ser Asp Ser Leu Glu Gly Phe Ala
290 295 300

Lys Gln Phe Gly Ala Lys Asp Ala Glu Gly Val Phe Arg Tyr Glu Pro
305 310 315 320

Asn Thr Val Asp Glu Glu Thr Arg Asp Ile Ala Asn Ala Asp Asn Val
325 330 335

Glu Asp Trp Phe Ser Thr Glu Ser Asp Pro Glu Ile Ala Ala Ala Val
340 345 350

Ala Ala Ala Asn Ala Val Ala Asn Lys Pro Val Asp Pro Glu Pro Gly
355 360 365

Glu Ile Leu Ser Lys Lys Thr Ala Arg Arg Val Glu Pro Glu Ala Val
370 375 380

Leu Glu Ala Leu Gln Asn Gly Thr Thr Thr Gln Pro Glu Val Glu Ala
385 390 395 400

Ala Pro Pro Thr Ala Asn Phe Ala Gln Glu Phe Pro Ala Pro Gln Ala
405 410 415

Asn Pro Glu Asp Tyr Ser Asp Gln His Arg Glu Asn Pro Tyr Gly Asn
420 425 430

<210> 185

<211> 1170

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1147)

<223> RXA00115

<400> 185

tggattctcg agtctgtaca cccctgatca aagcccgagt gttccgtaga ttaactttgt 60

cgtatatattgt gacctacacc ccatactgtt aggagttttc atg ctc gac aat agt 115
Met Leu Asp Asn Ser

1 5

ttt tac acc gca gag gtt cag ggc cca tac gaa acc gct tcc att ggc 163
Phe Tyr Thr Ala Glu Val Gln Gly Pro Tyr Glu Thr Ala Ser Ile Gly

10 15 20

cgg ctc gaa ctc gaa gaa ggg ggt gtg att gag gat tgc tgg ttg gct 211
Arg Leu Glu Leu Glu Glu Gly Gly Val Ile Glu Asp Cys Trp Leu Ala

25 30 35

tac gct aca gct gga acg ctc aac gag gac aag tcc aac gcc atc ctc 259
Tyr Ala Thr Ala Gly Thr Leu Asn Glu Asp Lys Ser Asn Ala Ile Leu

40 45 50

att ccg acg tgg tac tcc gga acc cat cag acc tgg ttc cag cag tac 307
Ile Pro Thr Trp Tyr Ser Gly Thr His Gln Thr Trp Phe Gln Gln Tyr

55 60 65

atc ggc act gat cat gcg ctg gat cca tca aag tat ttc atc atc tcc 355
Ile Gly Thr Asp His Ala Leu Asp Pro Ser Lys Tyr Phe Ile Ile Ser

70 75 80 85

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

90 95 100

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

105 110 115

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

120 125 130

gag ctc ttt gcc gtc gtt ggt ggt tgc 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 tgc cat ctt 739
Ser Ser His Glu Glu Val Ala Asp Gly Leu Arg Arg Gln Ser His Leu

200

205

210

tgg gct gcc atg gga ttt tcc aca gag ttc tgg aag cag gag gca tgg 787
Trp Ala Ala Met Gly Phe Ser Thr Glu Phe Trp Lys Gln Glu Ala Trp

215

220

225

cgt cgc ctg gga ctt gaa agt aag gag tca gtg ctc gcg gac ttc ctg 835
Arg Arg Leu Gly Leu Glu Ser Lys Glu Ser Val Leu Ala Asp Phe Leu

230

235

240

245

gat ccg ctg ttc atg tcc atg gat cct aat acc ttg ctc aac aac gct 883
Asp Pro Leu Phe Met Ser Met Asp Pro Asn Thr Leu Leu Asn Asn Ala

250

255

260

tgg aag tgg cag cat ggc gat gtc tct cgc cac acc ggc ggc gac ttg 931
Trp Lys Trp Gln His Gly Asp Val Ser Arg His Thr Gly Gly Asp Leu

265

270

275

gca gcg gct ctt ggc cga gtg aag gct aag acc ttc gtt atg ccc atc 979
Ala Ala Ala Leu Gly Arg Val Lys Ala Lys Thr Phe Val Met Pro Ile

280

285

290

agc gag gac atg ttc ttt cct gtt cgt gac tgt gcc gca gaa caa gca 1027
Ser Glu Asp Met Phe Phe Pro Val Arg Asp Cys Ala Ala Glu Gln Ala

295 300 305

ctc atc cca ggc agc gag ctt cga gtg atc gaa gac atc gcc ggt cac 1075
Leu Ile Pro Gly Ser Glu Leu Arg Val Ile Glu Asp Ile Ala Gly His

310 315 320 325

ctt ggg ctt ttt aac gtc tct gag aat tac atc cca cag atc gac aaa 1123
Leu Gly Leu Phe Asn Val Ser Glu Asn Tyr Ile Pro Gln Ile Asp Lys

330 335 340

aat ctg aaa gag ctg ttc gag agc taaacactga tgtcaaagag cct 1170
Asn Leu Lys Glu Leu Phe Glu Ser

345

<210> 186

<211> 349

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 186

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

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

Asp Cys Trp Leu Ala Tyr Ala Thr Ala Gly Thr Leu Asn Glu Asp Lys
35 40 45

Ser Asn Ala Ile Leu Ile Pro Thr Trp Tyr Ser Gly Thr His Gln Thr
50 55 60

Trp Phe Gln Gln Tyr Ile Gly Thr Asp His Ala Leu Asp Pro Ser Lys
65 70 75 80

Tyr Phe Ile Ile Ser Ile Asn Gln Ile Gly Asn Gly Leu Ser Val Ser
85 90 95

Pro Ala Asn Thr Ala Asp Asp Ser Ile Ser Met Ser Lys Phe Pro Asn
100 105 110

Val Arg Ile Gly Asp Asp Val Val Ala Gln Asp Arg Leu Leu Arg Gln
115 120 125

Glu Phe Gly Ile Thr Glu Leu Phe Ala Val Val Gly Gly Ser Met Gly
130 135 140

Ala Gln Gln Thr Tyr Glu Trp Ile Val Arg Phe Pro Asp Gln Val His
145 150 155 160

Arg Ala Ala Pro Ile Ala Gly Thr Ala Lys Asn Thr Pro His Asp Phe
165 170 175

Ile Phe Thr Gln Thr Leu Asn Glu Thr Val Glu Ala Asp Pro Gly Phe
180 185 190

Asn Gly Gly Glu Tyr Ser Ser His Glu Glu Val Ala Asp Gly Leu Arg
195 200 205

Arg Gln Ser His Leu Trp Ala Ala Met Gly Phe Ser Thr Glu Phe Trp
210 215 220

Lys Gln Glu Ala Trp Arg Arg Leu Gly Leu Glu Ser Lys Glu Ser Val
225 230 235 240

Leu Ala Asp Phe Leu Asp Pro Leu Phe Met Ser Met Asp Pro Asn Thr
245 250 255

Leu Leu Asn Asn Ala Trp Lys Trp Gln His Gly Asp Val Ser Arg His
260 265 270

Thr Gly Gly Asp Leu Ala Ala Ala Leu Gly Arg Val Lys Ala Lys Thr
275 280 285

Phe Val Met Pro Ile Ser Glu Asp Met Phe Phe Pro Val Arg Asp Cys
290 295 300

Ala Ala Glu Gln Ala Leu Ile Pro Gly Ser Glu Leu Arg Val Ile Glu
305 310 315 320

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

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

<210> 187
<211> 1254
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 187
tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60

aagtttttagt ctgtgccacc cagaacaggc ggttattttc atg ccc acc ctc gcg 115
Met Pro Thr Leu Ala

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

gaa tac cgc gta gat aaa gaa gga cgc agc aat gtc gtt ctc atc gaa 259
Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn Val Val Leu Ile Glu

40 45 50

cac gcc ctc act gga gat tcc aac gca gcc gat tgg tgg gct gac ttg 307
His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp Trp Trp Ala Asp Leu

55 60 65

ctc ggt ccc gcc aaa gcc atc aac act gat att tac tgc gtg atc tgt 355
Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile Tyr Cys Val Ile Cys

70	75	80	85	
acc aac gtc atc ggt ggt tgc aac ggt tcc acc gga cct ggc tcc atg				403
Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr Gly Pro Gly Ser Met				
	90	95	100	
cat cca gat gga aat ttc tgg ggt aat cgc ttc ccc gcc acg tcc att				451
His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe Pro Ala Thr Ser Ile				
	105	110	115	
cgt gat cag gta aac gcc gaa aaa caa ttc ctc gac gca ctc ggc atc				499
Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu Asp Ala Leu Gly Ile				
	120	125	130	
acc acg gtc gcc gca gta ctt ggt ggt tcc atg ggt ggt gcc cgc acc				547
Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met Gly Gly Ala Arg Thr				
	135	140	145	
cta gag tgg gcc gca atg tac cca gaa act gtt ggc gca gct gct gtt				595
Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val Gly Ala Ala Ala Val				
	150	155	160	165
ctt gca gtt tct gca cgc gcc agc gcc tgg caa atc ggc att caa tcc				643
Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln Ile Gly Ile Gln Ser				
	170	175	180	
gcc caa att aag gcg att gaa aac gac cac cac tgg cac gaa ggc aac				691
Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His Trp His Glu Gly Asn				
	185	190	195	
tac tac gaa tcc ggc tgc aac cca gcc acc gga ctc ggc gcc gcc cga				739
Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly Leu Gly Ala Ala Arg				
	200	205	210	
cgc atc gcc cac ctc acc tac cgt ggc gaa cta gaa atc gac gaa cgc				787
Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu Glu Ile Asp Glu Arg				
	215	220	225	
ttc ggc acc aaa gcc caa aag aac gaa aac cca ctc ggt ccc tac cgc				835
Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro Leu Gly Pro Tyr Arg				

230	235	240	245	
aag ccc gac cag cgc ttc gcc gtg gaa tcc tac ttg gac tac caa gca	883			
Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr Leu Asp Tyr Gln Ala				
250	255	260		
gac aag cta gta cag cgt ttc gac gcc ggc tcc tac gtc ttg ctc acc	931			
Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser Tyr Val Leu Leu Thr				
265	270	275		
gac gcc ctc aac cgc cac gac att ggt cgc gac cgc gga ggc ctc aac	979			
Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp Arg Gly Gly Leu Asn				
280	285	290		
aag gca ctc gaa tcc atc aaa gtt cca gtc ctt gtc gca ggc gta gat	1027			
Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu Val Ala Gly Val Asp				
295	300	305		
acc gat att ttg tac ccc tac cac cag caa gaa cac ctc tcc aga aac	1075			
Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu His Leu Ser Arg Asn				
310	315	320	325	
ctg gga aat cta ctg gca atg gca aaa atc gta tcc cct gtc ggc cac	1123			
Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val Ser Pro Val Gly His				
330	335	340		
gat gct ttc ctc acc gaa agc cgc caa atg gat cgc atc gtg agg aac	1171			
Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp Arg Ile Val Arg Asn				
345	350	355		
ttc ttc agc ctc atc tcc cca gac gaa gac aac cct tcg acc tac atc	1219			
Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn Pro Ser Thr Tyr Ile				
360	365	370		
gag ttc tac atc taataggtat ttacgacaaa tag	1254			
Glu Phe Tyr Ile				

375

<210> 188
 <211> 377
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 188

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Pro Ser Thr Tyr Ile Glu Phe Tyr Ile
370 375

<210> 189

<211> 1210

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1210)

<223> FRXA00403

<400> 189

tttttcagac tcgtgagaat gcaaactaga ctagacagag ctgtccatat acactggacg 60

aagtttttagt ctgtccacc cagaacaggc gggtattttc atg ccc acc ctc gcg 115
Met Pro Thr Leu Ala

1 5

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

10 15 20

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

25 30 35

gaa tac cgc gta gat aaa gaa gga cgc agc aat gtc gtt ctc atc gaa 259
Glu Tyr Arg Val Asp Lys Glu Gly Arg Ser Asn Val Val Leu Ile Glu

40 45 50

cac gcc ctc act gga gat tcc aac gca gcc gat tgg tgg gct gac ttg 307
His Ala Leu Thr Gly Asp Ser Asn Ala Ala Asp Trp Trp Ala Asp Leu

55 60 65

ctc ggt ccc ggc aaa gcc atc aac act gat att tac tgc gtg atc tgt 355
Leu Gly Pro Gly Lys Ala Ile Asn Thr Asp Ile Tyr Cys Val Ile Cys

70 75 80 85

acc aac gtc atc ggt ggt tgc aac ggt tcc acc gga cct ggc tcc atg 403
Thr Asn Val Ile Gly Gly Cys Asn Gly Ser Thr Gly Pro Gly Ser Met

90 95 100

cat cca gat gga aat ttc tgg ggt aat cgc ttc ccc gcc acg tcc att 451
His Pro Asp Gly Asn Phe Trp Gly Asn Arg Phe Pro Ala Thr Ser Ile

105 110 115

cgt gat cag gta aac gcc gaa aaa caa ttc ctc gac gca ctc ggc atc 499
Arg Asp Gln Val Asn Ala Glu Lys Gln Phe Leu Asp Ala Leu Gly Ile

120 125 130

acc acg gtc gcc gca gta ctt ggt ggt tcc atg ggt ggt gcc cgc acc 547
Thr Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Gly Ser Met Gly Gly Ala Arg Thr

135 140 145

cta gag tgg gcc gca atg tac cca gaa act gtt ggc gca gct gct gtt 595
Leu Glu Trp Ala Ala Met Tyr Pro Glu Thr Val Gly Ala Ala Ala Val

150 155 160 165

ctt gca gtt tct gca cgc gcc agc gcc tgg caa atc ggc att caa tcc 643
Leu Ala Val Ser Ala Arg Ala Ser Ala Trp Gln Ile Gly Ile Gln Ser

170 175 180

gcc caa att aag gcg att gaa aac gac cac cac tgg cac gaa ggc aac 691
Ala Gln Ile Lys Ala Ile Glu Asn Asp His His Trp His Glu Gly Asn

185 190 195

tac tac gaa tcc ggc tgc aac cca gcc acc gga ctc ggc gcc gcc cga 739
Tyr Tyr Glu Ser Gly Cys Asn Pro Ala Thr Gly Leu Gly Ala Ala Arg

200 205 210

cgc atc gcc cac ctc acc tac cgt ggc gaa cta gaa atc gac gaa cgc 787
Arg Ile Ala His Leu Thr Tyr Arg Gly Glu Leu Glu Ile Asp Glu Arg

215 220 225

ttc ggc acc aaa gcc caa aag aac gaa aac cca ctc ggt ccc tac cgc 835
Phe Gly Thr Lys Ala Gln Lys Asn Glu Asn Pro Leu Gly Pro Tyr Arg

230 235 240 245

aag ccc gac cag cgc ttc gcc gtg gaa tcc tac ttg gac tac caa gca 883
Lys Pro Asp Gln Arg Phe Ala Val Glu Ser Tyr Leu Asp Tyr Gln Ala

250 255 260

gac aag cta gta cag cgt ttc gac gcc ggc tcc tac gtc ttg ctc acc 931
Asp Lys Leu Val Gln Arg Phe Asp Ala Gly Ser Tyr Val Leu Leu Thr

265 270 275

gac gcc ctc aac cgc cac gac att ggt cgc gac cgc gga ggc ctc aac 979
Asp Ala Leu Asn Arg His Asp Ile Gly Arg Asp Arg Gly Gly Leu Asn

280 285 290

aag gca ctc gaa tcc atc aaa gtt cca gtc ctt gtc gca ggc gta gat 1027
Lys Ala Leu Glu Ser Ile Lys Val Pro Val Leu Val Ala Gly Val Asp

295 300 305

acc gat att ttg tac ccc tac cac cag caa gaa cac ctc tcc aga aac 1075
Thr Asp Ile Leu Tyr Pro Tyr His Gln Gln Glu His Leu Ser Arg Asn

310 315 320 325

ctg gga aat cta ctg gca atg gca aaa atc gta tcc cct gtc ggc cac 1123
Leu Gly Asn Leu Leu Ala Met Ala Lys Ile Val Ser Pro Val Gly His

330 335 340

gat gct ttc ctc acc gaa agc cgc caa atg gat cgc atc gtg agg aac 1171
Asp Ala Phe Leu Thr Glu Ser Arg Gln Met Asp Arg Ile Val Arg Asn

345 350 355

ttc ttc agc ctc atc tcc cca gac gaa gac aac cct tcg 1210
Phe Phe Ser Leu Ile Ser Pro Asp Glu Asp Asn Pro Ser

360 365 370

<210> 190
<211> 370
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 190
Met Pro Thr Leu Ala Pro Ser Gly Gln Leu Glu Ile Gln Ala Ile Gly
1 5 10 15

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

290 295 300

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

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

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

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

Pro Ser
370

<210> 191
<211> 687
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 191
caaagctcac cgaaggcacc aacgccaagt tggttgttga caacaccttg gcaccccat 60

acctgcagca gccactaaaa ctgcgcgcac 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 etc 259

Gly Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Arg Gly Leu
40 45 50

aag acc ctt gca gtg cgc atg gat cgc cac tgc gac aac gca gaa aag 307
Lys Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys

55 60 65

atc gcg gaa ttc ctg gac tcc cgc cca gag gtc tcc acc gtg ctc tac 355
Ile Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr

70 75 80 85

cca ggt ctg aag aac cac cca ggc cac gaa gtc gca gcg aag cag atg 403
Pro Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met

90 95 100

aag cgc ttc ggc ggc atg atc tcc gtc cgt ttc gca ggc ggc gaa gaa 451
Lys Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe Ala Gly Gly Glu Glu

105 110 115

gca gct aag aag ttc tgt acc tcc acc aaa ctg atc tgt ctg gcc gag 499
Ala Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu Ile Cys Leu Ala Glu

120 125 130

tcc ctc ggt ggc gtg gaa tcc ctc ctg gag cac cca gca acc atg acc 547
Ser Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His Pro Ala Thr Met Thr

135 140 145

cac cag tca gct gcc ggc tct cag ctc gag gtt ccc cgc gac ctc gtg 595
His Gln Ser Ala Ala Gly Ser Gln Leu Glu Val Pro Arg Asp Leu Val

150 155 160 165

cgc atc tcc att ggt att gaa gac att gaa gac ctg ctc gca gat gtc 643
Arg Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp Leu Leu Ala Asp Val

170 175 180

gag cag gcc ctc aat aac ctt tagaaactat ttggcggcaa gca 687
Glu Gln Ala Leu Asn Asn Leu

185

<210> 192

<211> 188

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 192

Leu His Ser Thr Thr Lys Tyr Ile Glu Gly His Ser Asp Val Val Gly
1 5 10 15

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Pro Arg Asp Leu Val Arg Ile Ser Ile Gly Ile Glu Asp Ile Glu Asp
165 170 175

Leu Leu Ala Asp Val Glu Gln Ala Leu Asn Asn Leu
180 185

<210> 193

<211> 617
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

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

<400> 193
 cag cca cta aaa ctc ggc gca cac gca gtc ttg cac tcc acc acc aag 48
 Gln Pro Leu Lys Leu Gly Ala His Ala Val Leu His Ser Thr Thr Lys

1 5 10 15

tac atc gga gga cac tcc gac gtt gtt ggc ggc ctt gtg gtt acc aac 96
 Tyr Ile Gly Gly His Ser Asp Val Val Gly Gly Leu Val Val Thr Asn

20 25 30

gac cag gaa atg gac gaa gaa ctg ctg ttc atg cag ggc ggc atc gga 144
 Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe Met Gln Gly Gly Ile Gly

35 40 45

ccg atc cca tca gtt ttc gat gca tac ctg acc gcc cgt ggc ctc aag 192
 Pro Ile Pro Ser Val Phe Asp Ala Tyr Leu Thr Ala Arg Gly Leu Lys

50 55 60

acc ctt gca gtg cgc atg gat cgc cac tgc gac aac gca gaa aag atc 240
 Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys Ile

65 70 75 80

gcg gaa ttc ctg gac tcc cgc cca gag gtc tcc acc gtg ctc tac cca 288
 Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr Pro

85 90 95

ggt ctg aag aac cac cca ggc cac gaa gtc gca gcg aag cag atg aag 336
 Gly Leu Lys Asn His Pro Gly His Glu Val Ala Ala Lys Gln Met Lys

100 105 110

cgc ttc ggc ggc atg atc tcc gtc cgt ttc gca ggc ggc gaa gaa gca 384
 Arg Phe Gly Gly Met Ile Ser Val Arg Phe Ala Gly Gly Glu Glu Ala

115 120 125

gct aag aag ttc tgt acc tcc acc aaa ctg atc tgt ctg gcc gag tcc 432
Ala Lys Lys Phe Cys Thr Ser Thr Lys Leu Ile Cys Leu Ala Glu Ser

130 135 140

ctc ggt ggc gtg gaa tcc ctc ctg gag cac cca gca acc atg acc cac 480
Leu Gly Gly Val Glu Ser Leu Leu Glu His Pro Ala Thr Met Thr His

145 150 155 160

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

165 170 175

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

180 185 190

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

195

<210> 194

<211> 198

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 194

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

1 5 10 15

Tyr Ile Gly Gly His Ser Asp Val Val Gly Gly Leu Val Val Thr Asn

20 25 30

Asp Gln Glu Met Asp Glu Glu Leu Leu Phe Met Gln Gly Gly Ile Gly

35 40 45

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

50 55 60

Thr Leu Ala Val Arg Met Asp Arg His Cys Asp Asn Ala Glu Lys Ile

65 70 75 80

Ala Glu Phe Leu Asp Ser Arg Pro Glu Val Ser Thr Val Leu Tyr Pro

 85 90 95

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

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

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

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

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

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

Gln Ala Leu Asn Asn Leu
195

<210> 195

<211> 1170

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1147)

<223> RXA02532

<400> 195

gatgaat ttt taccacat ctgtacctat taaccctgcg tggcgccac ccacagtaac 60

tgtgcaagcg ggacggccag ccagaactcc tgggtgcgcg atg aac cca cct atc 115
Met Asn Pro Pro Ile

	1	5	
acg ttg tcc agc act tat gtt cat gat tca gaa aaa gct tat ggg cgc			163
Thr Leu Ser Ser Thr Tyr Val His Asp Ser Glu Lys Ala Tyr Gly Arg			
	10	15	20
gat ggc aat gat gga tgg ggt gca ttt gag gct gcc atg gga act cta			211
Asp Gly Asn Asp Gly Trp Gly Ala Phe Glu Ala Ala Met Gly Thr Leu			
	25	30	35
gat ggt ggg ttc gcg gta tct tat tct tca ggt ttg gca gcg gca acg			259
Asp Gly Gly Phe Ala Val Ser Tyr Ser Ser Gly Leu Ala Ala Ala Thr			
	40	45	50
tcg att gct gat ttg gtt cct act ggt ggc aca gtt gtt tta cct aaa			307
Ser Ile Ala Asp Leu Val Pro Thr Gly Gly Thr Val Val Leu Pro Lys			
	55	60	65
gct gcc tat tat ggc gtg acc aat att ttc gcc agg atg gaa gcc cgc			355
Ala Ala Tyr Tyr Gly Val Thr Asn Ile Phe Ala Arg Met Glu Ala Arg			
	70	75	80
			85
gga agg ctg aag gtt cga act gtt gat gca gac aat acc gaa gaa gtg			403
Gly Arg Leu Lys Val Arg Thr Val Asp Ala Asp Asn Thr Glu Glu Val			
	90	95	100
att gct gct gct caa ggt gca gat gtg gtg tgg gtg gaa tcg atc gct			451
Ile Ala Ala Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Trp Val Glu Ser Ile Ala			
	105	110	115
aat ccg acg atg gtg gta gct gat atc cct gca ata gtc gac ggt gtg			499
Asn Pro Thr Met Val Val Ala Asp Ile Pro Ala Ile Val Asp Gly Val			
	120	125	130
cgt ggg ctt gga gtt ttg act gtc gtt gac gcg act ttc gca acg cca			547
Arg Gly Leu Gly Val Leu Thr Val Val Asp Ala Thr Phe Ala Thr Pro			
	135	140	145
ctt cgt caa cgt cca ttg gaa ctt ggt gct gat att gtg ctt tac tcg			595
Leu Arg Gln Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala Asp Ile Val Leu Tyr Ser			

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

310 315 320 325

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

330 335 340

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

345

<210> 196
<211> 349
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 196
Met Asn Pro Pro Ile Thr Leu Ser Ser Thr Tyr Val His Asp Ser Glu
1 5 10 15

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

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

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

Val Val Leu Pro Lys Ala Ala Tyr Tyr Gly Val Thr Asn Ile Phe Ala
65 70 75 80

Arg Met Glu Ala Arg Gly Arg Leu Lys Val Arg Thr Val Asp Ala Asp
85 90 95

Asn Thr Glu Glu Val Ile Ala Ala Ala Gln Gly Ala Asp Val Val Trp
100 105 110

Val Glu Ser Ile Ala Asn Pro Thr Met Val Val Ala Asp Ile Pro Ala
115 120 125

Ile Val Asp Gly Val Arg Gly Leu Gly Val Leu Thr Val Val Asp Ala
130 135 140

Thr Phe Ala Thr Pro Leu Arg Gln Arg Pro Leu Glu Leu Gly Ala Asp
145 150 155 160

Ile Val Leu Tyr Ser Ala Thr Lys Leu Ile Gly Gly His Ser Asp Leu
165 170 175

Leu Leu Gly Val Ala Val Cys Lys Ser Glu His His Ala Gln Phe Leu
180 185 190

Ala Thr His Arg His Asp His Gly Ser Val Pro Gly Gly Leu Glu Ala
195 200 205

Phe Leu Ala Leu Arg Gly Leu Tyr Ser Leu Ala Val Arg Leu Asp Arg
210 215 220

Ala Glu Ser Asn Ala Ala Glu Leu Ser Arg Arg Leu Asn Ala His Pro
225 230 235 240

Ser Val Thr Arg Val Asn Tyr Pro Gly Leu Pro Asp Asp Pro Gln His
245 250 255

Glu Lys Ala Val Arg Val Leu Pro Ser Gly Cys Gly Asn Met Leu Ser
260 265 270

Phe Glu Leu Asp Ala Thr Pro Glu Arg Thr Asp Glu Ile Leu Glu Ser
275 280 285

Leu Ser Leu Leu Thr His Ala Thr Ser Trp Gly Gly Val Glu Thr Ala
290 295 300

Ile Glu Arg Arg Thr Arg Arg Asp Ala Glu Val Val Ala Glu Val Pro
305 310 315 320

Met Thr Leu Cys Arg Val Ser Val Gly Ile Glu Asp Val Glu Asp Leu
325 330 335

Trp Glu Asp Leu Asn Ala Ser Ile Asp Lys Val Leu Gly
340 345

<210> 197

<211> 861
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(838)
<223> RXS03159

<400> 197
aggggctagt ttacacaaa agtggacagc ttggtctatc attgccagaa gaccggtcct 60

tttagggcca tagaattctg attacaggag ttgatctacc ttg tct ttt gac cca 115
Leu Ser Phe Asp Pro

1 5

aac acc cag ggt ttc tcc act gca tcg att cac gct ggg tat gag cca 163
Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His Ala Gly Tyr Glu Pro

10 15 20

gac gac tac tac ggt tcg att aac acc cca atc tat gcc tcc acc acc 211
Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile Tyr Ala Ser Thr Thr

25 30 35

ttc gcg cag aac gct cca aac gaa ctg cgc aaa ggc tac gag tac acc 259
Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys Gly Tyr Glu Tyr Thr

40 45 50

cgt gtg ggc aac ccc acc atc gtg gca tta gag cag acc gtc gca gca 307
Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu Gln Thr Val Ala Ala

55 60 65

ctc gaa ggc gca aag tat ggc cgc gca ttc tcc tcc ggc atg gct gca 355
Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser Ser Gly Met Ala Ala

70 75 80 85

acc gac atc ctg ttc cgc atc atc ctc aag ccg ggc gat cac atc gtc 403
Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro Gly Asp His Ile Val

90 95 100

ctc ggc aac gat gct tac ggc gga acc tac cgc ctg atc gac acc gta 451
Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg Leu Ile Asp Thr Val

105	110	115	
ttc acc gca tgg ggc gtc gaa tac acc gtt gtt gat acc tcc gtc gtg 499 Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val Asp Thr Ser Val Val			
120	125	130	
gaa gag gtc aag gca gcg atc aag gac aac acc aag ctg atc tgg gtg 547 Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr Lys Leu Ile Trp Val			
135	140	145	
gaa acc cca acc aac cca gca ctt ggc atc acc gac atc gaa gca gta 595 Glu Thr Pro Thr Asn Pro Ala Leu Gly Ile Thr Asp Ile Glu Ala Val			
150	155	160	165
gca aag ctc acc gaa ggc acc aac gcc aag ttg gtt gtt gac aac acc 643 Ala Lys Leu Thr Glu Gly Thr Asn Ala Lys Leu Val Val Asp Asn Thr			
170	175	180	
ttg gca tcc cca tac ctg cag cag cca cta aaa ctc ggc gca cac gca 691 Leu Ala Ser Pro Tyr Leu Gln Gln Pro Leu Lys Leu Gly Ala His Ala			
185	190	195	
agt cct tgc act cca cca cca agt aca tcg aag gac act ccg acg ttg 739 Ser Pro Cys Thr Pro Pro Pro Ser Thr Ser Lys Asp Thr Pro Thr Leu			
200	205	210	
ttg gcg gcc ttg tgg gta cca acg acc agg aaa tgg acg aag aac tgc 787 Leu Ala Ala Leu Trp Val Pro Thr Thr Arg Lys Trp Thr Lys Asn Cys			
215	220	225	
tgt tca tgc agg gcg gca tcg gac cga tcc cat cag ttt tcg atg cat 835 Cys Ser Cys Arg Ala Ala Ser Asp Arg Ser His Gln Phe Ser Met His			
230	235	240	245
acc tgaccgcccg tggcctcaag acc 861 Thr			

<210> 198
<211> 246
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 198

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

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

Tyr Ala Ser Thr Thr Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys
35 40 45

Gly Tyr Glu Tyr Thr Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu
50 55 60

Gln Thr Val Ala Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser
65 70 75 80

Ser Gly Met Ala Ala Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro
85 90 95

Gly Asp His Ile Val Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg
100 105 110

Leu Ile Asp Thr Val Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val
115 120 125

Asp Thr Ser Val Val Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr
130 135 140

Lys Leu Ile Trp Val Glu Thr Pro Thr Asn Pro Ala Leu Gly Ile Thr
145 150 155 160

Asp Ile Glu Ala Val Ala Lys Leu Thr Glu Gly Thr Asn Ala Lys Leu
165 170 175

Val Val Asp Asn Thr Leu Ala Ser Pro Tyr Leu Gln Gln Pro Leu Lys
180 185 190

Leu Gly Ala His Ala Ser Pro Cys Thr Pro Pro Pro Ser Thr Ser Lys
195 200 205

Asp Thr Pro Thr Leu Leu Ala Ala Leu Trp Val Pro Thr Thr Arg Lys
210 215 220

Trp Thr Lys Asn Cys Cys Ser Cys Arg Ala Ala Ser Asp Arg Ser His
225 230 235 240

Gln Phe Ser Met His Thr
245

<210> 199
<211> 703
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(703)
<223> FRXA02768

<220>
<221> misc_feature
<222> 676, 687, 690, 691, 693
<223> n = a, c, g, or t

<220>
<221> VARIANT
<222> 192
<223> Xaa = His or Gln

<220>
<221> VARIANT
<222> 196
<223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser

<220>
<221> VARIANT
<222> 197
<223> Xaa = Phe, Leu, Ser, Tyr, Cys,

<223> Trp, or STOP CODON

<220>
<221> VARIANT
<222> 198

<223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly

<400> 199

aggggctagt ttacacaaa agtggacagc ttggtctatc attgccagaa gaccggtcct 60

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 tgc att cac gct ggg tat gag cca 163
Asn Thr Gln Gly Phe Ser Thr Ala Ser Ile His Ala Gly Tyr Glu Pro

10 15 20

gac gac tac tac ggt tgc att aac acc cca atc tat gcc tcc acc acc 211
Asp Asp Tyr Tyr Gly Ser Ile Asn Thr Pro Ile Tyr Ala Ser Thr Thr

25 30 35

ttc gcg cag aac gct cca aac gaa ctg cgc aaa ggc tac gag tac acc 259
Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys Gly Tyr Glu Tyr Thr

40 45 50

cgt gtg ggc aac ccc acc atc gtg gca tta gag cag acc gtc gca gca 307
Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu Gln Thr Val Ala Ala

55 60 65

ctc gaa ggc gca aag tat ggc cgc gca ttc tcc tcc ggc atg gct gca 355
Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser Ser Gly Met Ala Ala

70 75 80 85

acc gac atc ctg ttc cgc atc atc ctc aag ccg ggc gat cac atc gtc 403
Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro Gly Asp His Ile Val

90 95 100

ctc ggc aac gat gct tac ggc gga acc tac cgc ctg atc gac acc gta 451
Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg Leu Ile Asp Thr Val

105 110 115

ttc acc gca tgg ggc gtc gaa tac acc gtt gtt gat acc tcc gtc gtg 499
Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val Asp Thr Ser Val Val

120 125 130

gaa gag gtc aag gca gcg atc aag gac aac acc aag gct gat ctt ggt 547
Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr Lys Ala Asp Leu Gly

135 140 145

gga aac ccc aac caa ccc agc act ttg gca tta ccc gac atc gaa gca 595
Gly Asn Pro Asn Gln Pro Ser Thr Leu Ala Leu Pro Asp Ile Glu Ala

150 155 160 165

gln 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 tgc cat tcc cca tac ctg cag can cca ctt aaa ant tnn 691
Thr Thr Pro Ser His Ser Pro Tyr Leu Gln Xaa Pro Leu Lys Xaa Xaa

185 190 195

gng cac acg cag 703
Xaa His Thr Gln

200

<210> 200
<211> 201
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 192
<223> Xaa = His or Gln

<220>
<221> VARIANT
<222> 196
<223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser

<220>
<221> VARIANT
<222> 197
<223> Xaa = Phe, Leu, Ser, Tyr, Cys,

<223> Trp, or STOP CODON

<220>

<221> VARIANT

<222> 198

<223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly

<400> 200

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

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

Tyr Ala Ser Thr Thr Phe Ala Gln Asn Ala Pro Asn Glu Leu Arg Lys
35 40 45

Gly Tyr Glu Tyr Thr Arg Val Gly Asn Pro Thr Ile Val Ala Leu Glu
50 55 60

Gln Thr Val Ala Ala Leu Glu Gly Ala Lys Tyr Gly Arg Ala Phe Ser
65 70 75 80

Ser Gly Met Ala Ala Thr Asp Ile Leu Phe Arg Ile Ile Leu Lys Pro
85 90 95

Gly Asp His Ile Val Leu Gly Asn Asp Ala Tyr Gly Gly Thr Tyr Arg
100 105 110

Leu Ile Asp Thr Val Phe Thr Ala Trp Gly Val Glu Tyr Thr Val Val
115 120 125

Asp Thr Ser Val Val Glu Glu Val Lys Ala Ala Ile Lys Asp Asn Thr
130 135 140

Lys Ala Asp Leu Gly Gly Asn Pro Asn Gln Pro Ser Thr Leu Ala Leu
145 150 155 160

Pro Asp Ile Glu Ala Val Cys Lys Thr Ser Pro Glu Arg His Gln Pro
165 170 175

Gln Ala Cys Cys Leu Thr Thr Pro Ser His Ser Pro Tyr Leu Gln Xaa
180 185 190

Pro Leu Lys Xaa Xaa Xaa His Thr Gln

195

200

<210> 201
<211> 1113
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1090)
<223> RXA00216

<400> 201
gtgttgctcg cggccaggca gcagtgtgt acctgcctga cgcggatggt gacatcggtc 60

ttggatcagg caccatctgc cacacggagt cctaagaaaa ttg ggc gct tat ggt 115
Leu Gly Ala Tyr Gly

1 5

tta ggt gag ctt cct gga aaa tcc gcc gcg gaa gcc gcc gac att att 163
Leu Gly Glu Leu Pro Gly Lys Ser Ala Ala Glu Ala Ala Asp Ile Ile

10 15 20

cag ggt gaa acg ggc gat ctt ctc cat att cct cag ctt ccg gcg cga 211
Gln Gly Glu Thr Gly Asp Leu Leu His Ile Pro Gln Leu Pro Ala Arg

25 30 35

ggg ttg ggt gct gat ctg atc ggt cga acc gtc ggt ctg ctg gac atg 259
Gly Leu Gly Ala Asp Leu Ile Gly Arg Thr Val Gly Leu Leu Asp Met

40 45 50

atc aac gtt gat cgc ggg gcc cga tct tgg gtg atg agc aca cgc ccc 307
Ile Asn Val Asp Arg Gly Ala Arg Ser Trp Val Met Ser Thr Arg Pro

55 60 65

agc aga ttg acg cac ctg acc ggc gat ttc ctt gac atg gat ttg gat 355
Ser Arg Leu Thr His Leu Thr Gly Asp Phe Leu Asp Met Asp Leu Asp

70 75 80 85

gcg tgc gag gaa acc tgg gga acg ggc gtc gac aag cta aaa atc caa 403
Ala Cys Glu Glu Thr Trp Gly Thr Gly Val Asp Lys Leu Lys Ile Gln

90	95	100	
gtt gct ggt ccc tgg act tta ggt gcg cgc att gag ttg gcc aat ggc			451
Val Ala Gly Pro Trp Thr Leu Gly Ala Arg Ile Glu Leu Ala Asn Gly			
105	110	115	
cat cgc gtt ttg tct gat cgc ggt gcg atg cgt gat ctc acg cag gcg			499
His Arg Val Leu Ser Asp Arg Gly Ala Met Arg Asp Leu Thr Gln Ala			
120	125	130	
ctg atc gcc ggc atc gat gcg cat gca cgc aag gtt gct ggg cga ttt			547
Leu Ile Ala Gly Ile Asp Ala His Ala Arg Lys Val Ala Gly Arg Phe			
135	140	145	
cgc gcc gaa gtg cag gtg caa att gat gag ccg gag ctg aaa tcg ctt			595
Arg Ala Glu Val Gln Val Gln Ile Asp Glu Pro Glu Leu Lys Ser Leu			
150	155	160	165
atc gac ggc tcc ctc cct ggc act tcc acc ttt gac att att cct gcg			643
Ile Asp Gly Ser Leu Pro Gly Thr Ser Thr Phe Asp Ile Ile Pro Ala			
170	175	180	
gtg aat gtc gct gat gcc agt gaa cgt ttg cag cag gtc ttt agc tcg			691
Val Asn Val Ala Asp Ala Ser Glu Arg Leu Gln Gln Val Phe Ser Ser			
185	190	195	
att gag ggg ccg aca tat ctc aac ctc acc ggc cag att cct act tgg			739
Ile Glu Gly Pro Thr Tyr Leu Asn Leu Thr Gly Gln Ile Pro Thr Trp			
200	205	210	
gat gtg gct cgg ggt gcg ggc gcc gat act gtg cag att tcc atg gat			787
Asp Val Ala Arg Gly Ala Gly Ala Asp Thr Val Gln Ile Ser Met Asp			
215	220	225	
caa gtc cgt gga aat gaa cat ttg gat ggt ttt ggt gaa acc atc acc			835
Gln Val Arg Gly Asn Glu His Leu Asp Gly Phe Gly Glu Thr Ile Thr			
230	235	240	245
agt gga att cgt ctt ggt ttg ggc att acg aca gga aaa gat gtc gta			883
Ser Gly Ile Arg Leu Gly Leu Gly Ile Thr Thr Gly Lys Asp Val Val			

250 255 260
gat gaa ctg ctc gag cga ccg cgg caa aag gcc gtt gag gta gca cgc 931
Asp Glu Leu Leu Glu Arg Pro Arg Gln Lys Ala Val Glu Val Ala Arg

265 270 275
ttt ttt gat cgt tta ggt gtg ggc cga aac tat ctc gtg gat gct gtt 979
Phe Phe Asp Arg Leu Gly Val Gly Arg Asn Tyr Leu Val Asp Ala Val

280 285 290
gat att cat ccg ggt gag gat ttg gtg cag ggg acc atc acc gag gcc 1027
Asp Ile His Pro Gly Glu Asp Leu Val Gln Gly Thr Ile Thr Glu Ala

295 300 305
gcg cag gct tat cgc atg gcc ccg gtg atg tcg gag atg ttg tcg aag 1075
Ala Gln Ala Tyr Arg Met Ala Arg Val Met Ser Glu Met Leu Ser Lys

310 315 320 325
gat tca tgc gac ctt taaggcttta ccggcgctgg gtg 1113
Asp Ser Cys Asp Leu

330

<210> 202
<211> 330
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 202
Leu Gly Ala Tyr Gly Leu Gly Glu Leu Pro Gly Lys Ser Ala Ala Glu
1 5 10 15

Ala Ala Asp Ile Ile Gln Gly Glu Thr Gly Asp Leu Leu His Ile Pro
20 25 30

Gln Leu Pro Ala Arg Gly Leu Gly Ala Asp Leu Ile Gly Arg Thr Val
35 40 45

Gly Leu Leu Asp Met Ile Asn Val Asp Arg Gly Ala Arg Ser Trp Val
50 55 60

Met Ser Thr Arg Pro Ser Arg Leu Thr His Leu Thr Gly Asp Phe Leu

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

290 295 300

Thr Ile Thr Glu Ala Ala Gln Ala Tyr Arg Met Ala Arg Val Met Ser
305 310 315 320

Glu Met Leu Ser Lys Asp Ser Cys Asp Leu
325 330

<210> 203
<211> 623
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(600)
<223> RXN00402

<400> 203
act gac gaa aag gat gga aag cca gta ttg ccc tac ttc gtc act cca 48
Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro

1 5 10 15

gat gct gct tac cac gga ttg aag tac gca gac ctt ggt gca cca gcc 96
Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala

20 25 30

ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc 144
Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr

35 40 45

ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct gca gtc cag ggc atc gac acc ctt 192
Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu

50 55 60

tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa 240
Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu

65 70 75 80

ttc ctc aac aac cac gag aag gtg gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg 288
Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu

85 90 95

aag gat tcc cct tgg tac gca acc aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac 336
Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr

100 105 110

acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag atc aag ggc ggc aag gat gag gct 384
Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala

115 120 125

tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag cta cac tcc aac ctt gca aac atc 432
Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile

130 135 140

ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt cac cca gca acc acc acc cat tca 480
Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser

145 150 155 160

cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc 528
Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr

165 170 175

gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag acc att gat gat atc atc gct gac 576
Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp

180 185 190

ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc tagctttaaa tagactcacc cca 623
Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

195 200

<210> 204

<211> 200

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 204

Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro

1 5 10 15

Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala

20 25 30

Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr
35 40 45

Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu
50 55 60

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

Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu
85 90 95

Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr
100 105 110

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

Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile
130 135 140

Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser
145 150 155 160

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

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

Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile
195 200

<210> 205

<211> 599

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(576)

<223> FRXA00402

<400> 205

gta ttg ccc tac ttc gtc act cca gat gct gct tac cac gga ttg aag 48
Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys

1 5 10 15

tac gca gac ctt ggt gca cca gcc ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc 96
Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly

20 25 30

ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct 144
Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala

35 40 45

gca gtc cag ggc atc gac acc ctt tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac 192
Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn

50 55 60

gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa ttc ctc aac aac cac gag aag gtg 240
Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val

65 70 75 80

gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg aag gat tcc cct tgg tac gca acc 288
Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr

85 90 95

aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag 336
Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu

100 105 110

atc aag ggc ggc aag gat gag gct tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag 384
Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys

115 120 125

cta cac tcc aac ctt gca aac atc ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt 432
Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val

130 135 140

cac cca gca acc acc acc cat tca cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca 480
His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala

145 150 155 160

cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag 528
Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu

165 170 175

acc att gat gat atc atc gct gac ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc 576
Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

180 185 190

tagctttaaa tagactcacc cca 599

<210> 206

<211> 192

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 206

Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys
1 5 10 15

Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly
20 25 30

Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala
35 40 45

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

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

Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr
85 90 95

Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu
100 105 110

Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys
115 120 125

Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val

130 135 140

His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala
145 150 155 160

Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu
165 170 175

Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile
180 185 190

<210> 207
<211> 613
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(613)
<223> RXA00405

<400> 207
agaataaatt tataccacac agtctattgc aatagaccaa gctgttcagt aggggtgcatg 60

ggagaagaat ttcctaataa aaactcttaa ggacctccaa atg cca aag tac gac 115
Met Pro Lys Tyr Asp
1 5

aat tcc aat gct gac cag tgg ggc ttt gaa acc cgc tcc att cac gca 163
Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu Thr Arg Ser Ile His Ala
10 15 20

ggc cag tca gta gac gca cag acc agc gca cga aac ctt ccg atc tac 211
Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg Asn Leu Pro Ile Tyr
25 30 35

caa tcc acc gct ttc gtg ttc gac tcc gct gag cac gcc aag cag cgt 259
Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu His Ala Lys Gln Arg
40 45 50

ttc gca ctt gag gat cta ggc cct gtt tac tcc cgc ctc acc aac cca 307
Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser Arg Leu Thr Asn Pro

55 60 65

acc gtt gag gct ttg gaa aac cgc atc gct tcc ctc gaa ggt ggc gtc 355
Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser Leu Glu Gly Gly Val

70 75 80 85

cac gct gta gcg ttc tcc tcc gga cag gcc gca acc acc aac gcc att 403
His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala Thr Thr Asn Ala Ile

90 95 100

ttg aac ctg gca gga gcg ggc gac cac atc gtc acc tcc cca cgc ctc 451
Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val Thr Ser Pro Arg Leu

105 110 115

tac ggt ggc acc gag act cta ttc ctt atc act ctt aac cgc ctg ggt 499
Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Leu Ile Thr Leu Asn Arg Leu Gly

120 125 130

atc gat gtt tcc ttc gtg gaa aac ccc gac gac cct gag tcc tgg cag 547
Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp Pro Glu Ser Trp Gln

135 140 145

gca gcc gtt cag cca aac acc aaa gca ttc ttc ggc gag act ttc gcc 595
Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe Gly Glu Thr Phe Ala

150 155 160 165

aac cca cag gca gac gtc 613
Asn Pro Gln Ala Asp Val

170

<210> 208

<211> 171

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 208

Met Pro Lys Tyr Asp Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu Thr

1 5 10 15

Arg Ser Ile His Ala Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg
20 25 30

Asn Leu Pro Ile Tyr Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu
35 40 45

His Ala Lys Gln Arg Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser
50 55 60

Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser
65 70 75 80

Leu Glu Gly Gly Val His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala
85 90 95

Thr Thr Asn Ala Ile Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val
100 105 110

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

Leu Asn Arg Leu Gly Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp
130 135 140

Pro Glu Ser Trp Gln Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe
145 150 155 160

Gly Glu Thr Phe Ala Asn Pro Gln Ala Asp Val
165 170

<210> 209

<211> 551

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(528)

<223> RXA02197

<400> 209

gcc gaa cgc atg cgc ttt agc ttc cca cgc cag cag cgc ggc agg ttc	48
Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe	
1 5 10 15	
ttg tgc atc gcg gat ttc att cgc cca cgc gag caa gct gtc aag gac	96
Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp	
20 25 30	
ggc caa gtg gac gtc atg cca ttc cag ctg gtc acc atg ggt aat cct	144
Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro	
35 40 45	
att gct gat ttc gcc aac gag ttg ttc gca gcc aat gaa tac cgc gag	192
Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu	
50 55 60	
tac ttg gaa gtt cac ggc atc ggc gtg cag ctc acc gaa gca ttg gcc	240
Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala	
65 70 75 80	
gag tac tgg cac tcc cga gtg cgc agc gaa ctc aag ctg aac gac ggt	288
Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly	
85 90 95	
gga tct gtc gct gat ttt gat cca gaa gac aag acc aag ttc ttc gac	336
Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp	
100 105 110	
ctg gat tac cgc ggc gcc cgc ttc tcc ttt ggt tac ggt tct tgc cct	384
Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro	
115 120 125	
gat ctg gaa gac cgc gca aag ctg gtg gaa ttg ctc gag cca ggc cgt	432
Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg	
130 135 140	
atc ggc gtg gag ttg tcc gag gaa ctc cag ctg cac cca gag cag tcc	480
Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser	
145 150 155 160	
aca gac gcg ttt gtg ctc tac cac cca gag gca aag tac ttt aac gtc	528

Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val

165

170

175

taacaccttt gagaggaaa act

551

<210> 210

<211> 176

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 210

Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe
1 5 10 15

Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp
20 25 30

Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro
35 40 45

Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu
50 55 60

Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala
65 70 75 80

Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly
85 90 95

Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp
100 105 110

Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro
115 120 125

Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg
130 135 140

Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser
145 150 155 160

Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val
165 170 175

<210> 211
<211> 2599
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2599)
<223> RXN02198

<400> 211
agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggttg aaaatgaact acgaatgaaa 60

agttcgggaa ttgtctaate cgtactaagc tgtctacaca atg tct act tca gtt 115
Met Ser Thr Ser Val

1 5

act tca cca gcc cac aac aac gca cat tcc tcc gaa ttt ttg gat gcg 163
Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser Glu Phe Leu Asp Ala

10 15 20

ttg gca aac cat gtg ttg atc ggc gac ggc gcc atg ggc acc cag ctc 211
Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala Met Gly Thr Gln Leu

25 30 35

caa ggc ttt gac ctg gac gtg gaa aag gat ttc ctt gat ctg gag ggg 259
Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe Leu Asp Leu Glu Gly

40 45 50

tgt aat gag att ctc aac gac acc cgc cct gat gtg ttg agg cag att 307
Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp Val Leu Arg Gln Ile

55 60 65

cac cgc gcc tac ttt gag gcg gga gct gac ttg gtt gag acc aat act 355
His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu Val Glu Thr Asn Thr

70 75 80 85

ttt ggt tgc aac ctg ccg aac ttg gcg gat tat gac atc gct gat cgt	403
Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr Asp Ile Ala Asp Arg	
90 95 100	
tgc cgt gag ctt gcc tac aag ggc act gca gtg gct agg gaa gtg gct	451
Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val Ala Arg Glu Val Ala	
105 110 115	
gat gag atg ggg ccg ggc cga aac ggc atg cgg cgt ttc gtg gtt ggt	499
Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg Arg Phe Val Val Gly	
120 125 130	
tcc ctg gga cct gga acg aag ctt cca tcg ctg ggc cat gca ccg tat	547
Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu Gly His Ala Pro Tyr	
135 140 145	
gca gat ttg cgt ggg cac tac aag gaa gca gcg ctt ggc atc atc gac	595
Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala Leu Gly Ile Ile Asp	
150 155 160 165	
ggt ggt ggc gat gcc ttt ttg att gag act gct cag gac ttg ctt cag	643
Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Gln	
170 175 180	
gtc aag gct gcg gtt cac ggc gtt caa gat gcc atg gct gaa ctt gat	691
Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala Met Ala Glu Leu Asp	
185 190 195	
aca ttc ttg ccc att att tgc cac gtc acc gta gag acc acc ggc acc	739
Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val Glu Thr Thr Gly Thr	
200 205 210	
atg ctc atg ggt tct gag atc ggt gcc gcg ttg aca gcg ctg cag cca	787
Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu Thr Ala Leu Gln Pro	
215 220 225	
ctg ggt atc gac atg att ggt ctg aac tgc gcc acc ggc cca gat gag	835
Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala Thr Gly Pro Asp Glu	
230 235 240 245	
atg agc gag cac ctg cgt tac ctg tcc aag cac gcc gat att cct gtg	883

Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His Ala Asp Ile Pro Val	
250	255
260	
tcg gtg atg cct aac gca ggt ctt cct gtc ctg ggt aaa aac ggt gca	931
Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu Gly Lys Asn Gly Ala	
265	270
275	
gaa tac cca ctt gag gct gag gat ttg gcg cag gcg ctg gct gga ttc	979
Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu Ala Gly Phe	
280	285
290	
gtc tcc gaa tat ggc ctg tcc atg gtg ggt ggt tgt tgt ggc acc aca	1027
Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr	
295	300
305	
cct gag cac atc cgt gcg gtc cgc gat gcg gtg gtt ggt gtt cca gag	1075
Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val Val Gly Val Pro Glu	
310	315
320	325
cag gaa acc tcc aca ctg acc aag atc cct gca ggc cct gtt gag cag	1123
Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala Gly Pro Val Glu Gln	
330	335
340	
gcc tcc cgc gag gtg gag aaa gag gac tcc gtc gcg tcg ctg tac acc	1171
Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val Ala Ser Leu Tyr Thr	
345	350
355	
tcg gtg cca ttg tcc cag gaa acc ggc att tcc atg atc ggt gag cgc	1219
Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser Met Ile Gly Glu Arg	
360	365
370	
acc aac tcc aac ggt tcc aag gca ttc cgt gag gca atg ctg tct ggc	1267
Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu Ala Met Leu Ser Gly	
375	380
385	
gat tgg gaa aag tgt gtg gat att gcc aag cag caa acc cgc gat ggt	1315
Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln Gln Thr Arg Asp Gly	
390	395
400	405
gca cac atg ctg gat ctt tgt gtg gat tac gtg gga cga gac ggc acc	1363

Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val Gly Arg Asp Gly Thr	
410	415
420	
gcc gat atg gcg acc ttg gca gca ctt ctt gct acc agc tcc act ttg	1411
Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ser Ser Thr Leu	
425	430
435	
cca atc atg att gac tcc acc gag cca gag gtt att cgc aca ggc ctt	1459
Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val Ile Arg Thr Gly Leu	
440	445
450	
gag cac ttg ggt gga cga agc atc gtt aac tcc gtc aac ttt gaa gac	1507
Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser Val Asn Phe Glu Asp	
455	460
465	
ggc gat ggc cct gag tcc cgc tac cag cgc atc atg aaa ctg gta aag	1555
Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile Met Lys Leu Val Lys	
470	475
480	485
cag cac ggt gcg gcc gtg gtt gcg ctg acc att gat gag gaa ggc cag	1603
Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile Asp Glu Glu Gly Gln	
490	495
500	
gca cgt acc gct gag cac aag gtg cgc att gct aaa cga ctg att gac	1651
Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala Lys Arg Leu Ile Asp	
505	510
515	
gat atc acc ggc agc tac ggc ctg gat atc aaa gac atc gtt gtg gac	1699
Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys Asp Ile Val Val Asp	
520	525
530	
tgc ctg acc ttc ccg atc tct act ggc cag gaa gaa acc agg cga gat	1747
Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu Glu Thr Arg Arg Asp	
535	540
545	
ggc att gaa acc atc gaa gcc atc cgc gag ctg aag aag ctc tac cca	1795
Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu Lys Lys Leu Tyr Pro	
550	555
560	565
gaa atc cac acc acc ctg ggt ctg tcc aat att tcc ttc ggc ctg aac	1843

Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile Ser Phe Gly Leu Asn	
570	575
580	
cct gct gca cgc cag gtt ctt aac tct gtg ttc ctc aat gag tgc att	1891
Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe Leu Asn Glu Cys Ile	
585	590
595	
gag gct ggt ctg gac tct gcg att gcg cac agc tcc aag att ttg ccg	1939
Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser Ser Lys Ile Leu Pro	
600	605
610	
atg aac cgc att gat gat cgc cag cgc gaa gtg gcg ttg gat atg gtc	1987
Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val Ala Leu Asp Met Val	
615	620
625	
tat gat cgc cgc acc gag gat tac gat ccg ctg cag gaa ttc atg cag	2035
Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu Gln Glu Phe Met Gln	
630	635
640	645
ctg ttt gag ggc gtt tct gct gcc gat gcc aag gat gct cgc gct gaa	2083
Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys Asp Ala Arg Ala Glu	
650	655
660	
cag ctg gcc gct atg cct ttg ttt gag cgt ttg gca cag cgc atc atc	2131
Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu Ala Gln Arg Ile Ile	
665	670
675	
gac ggc gat aag aat ggc ctt gag gat gat ctg gaa gca ggc atg aag	2179
Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu Glu Ala Gly Met Lys	
680	685
690	
gag aag tct cct att gcg atc atc aac gag gac ctt ctc aac ggc atg	2227
Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp Leu Leu Asn Gly Met	
695	700
705	
aag acc gtg ggt gag ctg ttt ggt tcc gga cag atg cag ctg cca ttc	2275
Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln Met Gln Leu Pro Phe	
710	715
720	725
gtg ctg caa tcg gca gaa acc atg aaa act gcg gtg gcc tat ttg gaa	2323

Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala Val Ala Tyr Leu Glu

730 735 740

ccg ttc atg gaa gag gaa gca gaa gct acc gga tct gcg cag gca gag 2371
Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly Ser Ala Gln Ala Glu

745 750 755

ggc aag ggc aaa atc gtc gtg gcc acc gtc aag ggt gac gtg cac gat 2419
Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys Gly Asp Val His Asp

760 765 770

atc ggc aag aac ttg gtg gac atc att ttg tcc aac aac ggt tac gac 2467
Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser Asn Asn Gly Tyr Asp

775 780 785

gtg gtg aac ttg ggc atc aag cag cca ctg tcc gcc atg ttg gaa gca 2515
Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser Ala Met Leu Glu Ala

790 795 800 805

gcg gaa gaa cac aaa gca gac gtc atc ggc atg tcg gga ctt ctt gtg 2563
Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met Ser Gly Leu Leu Val

810 815 820

aag tcc acc gtg gtg atg aag caa acc atc agc gac 2599
Lys Ser Thr Val Val Met Lys Gln Thr Ile Ser Asp

825 830

<210> 212
<211> 833
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 212
Met Ser Thr Ser Val Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser
1 5 10 15

Glu Phe Leu Asp Ala Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala
20 25 30

Met Gly Thr Gln Leu Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe

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

485

490

495

Asp Glu Glu Gly Gln Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala
500 505 510

Lys Arg Leu Ile Asp Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys
515 520 525

Asp Ile Val Val Asp Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu
530 535 540

Glu Thr Arg Arg Asp Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu
545 550 555 560

Lys Lys Leu Tyr Pro Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile
565 570 575

Ser Phe Gly Leu Asn Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe
580 585 590

Leu Asn Glu Cys Ile Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser
595 600 605

Ser Lys Ile Leu Pro Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val
610 615 620

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

Gln Glu Phe Met Gln Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys
645 650 655

Asp Ala Arg Ala Glu Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu
660 665 670

Ala Gln Arg Ile Ile Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu
675 680 685

Glu Ala Gly Met Lys Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp
690 695 700

Leu Leu Asn Gly Met Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln
 705 710 715 720

 Met Gln Leu Pro Phe Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala
 725 730 735

 Val Ala Tyr Leu Glu Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly
 740 745 750

 Ser Ala Gln Ala Glu Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys
 755 760 765

 Gly Asp Val His Asp Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser
 770 775 780

 Asn Asn Gly Tyr Asp Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser
 785 790 795 800

 Ala Met Leu Glu Ala Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met
 805 810 815

 Ser Gly Leu Leu Val Lys Ser Thr Val Val Met Lys Gln Thr Ile Ser
 820 825 830

 Asp

 <210> 213
 <211> 2578
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2578)
 <223> FRXA02198

 <400> 213
 agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcgttg aaaatgaact acgaatgaaa 60

 agttcgggaa ttgtctaate cgtactaagc tgtctacaca atg tct act tca gtt 115
 Met Ser Thr Ser Val

	1	5	
act tca cca gcc cac aac aac gca cat tcc tcc gaa ttt ttg gat gcg			163
Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser Glu Phe Leu Asp Ala			
	10	15	20
ttg gca aac cat gtg ttg atc ggc gac ggc gcc atg ggc acc cag ctc			211
Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala Met Gly Thr Gln Leu			
	25	30	35
caa ggc ttt gac ctg gac gtg gaa aag gat ttc ctt gat ctg gag ggg			259
Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe Leu Asp Leu Glu Gly			
	40	45	50
tgt aat gag att ctc aac gac acc cgc cct gat gtg ttg agg cag att			307
Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp Val Leu Arg Gln Ile			
	55	60	65
cac cgc gcc tac ttt gag gcg gga gct gac ttg gtt gag acc aat act			355
His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu Val Glu Thr Asn Thr			
	70	75	80
ttt ggt tgc aac ctg ccg aac ttg gcg gat tat gac atc gct gat cgt			403
Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr Asp Ile Ala Asp Arg			
	90	95	100
tgc cgt gag ctt gcc tac aag ggc act gca gtg gct agg gaa gtg gct			451
Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val Ala Arg Glu Val Ala			
	105	110	115
gat gag atg ggg ccg ggc cga aac ggc atg cgg cgt ttc gtg gtt ggt			499
Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg Arg Phe Val Val Gly			
	120	125	130
tcc ctg gga cct gga acg aag ctt cca tcg ctg ggc cat gca ccg tat			547
Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu Gly His Ala Pro Tyr			
	135	140	145
gca gat ttg cgt ggg cac tac aag gaa gca gcg ctt ggc atc atc gac			595
Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala Leu Gly Ile Ile Asp			

150	155	160	165	
ggt ggt ggc gat gcc ttt ttg att gag act gct cag gac ttg ctt cag Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Gln				643
	170	175	180	
gtc aag gct gcg gtt cac ggc gtt caa gat gcc atg gct gaa ctt gat Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala Met Ala Glu Leu Asp				691
	185	190	195	
aca ttc ttg ccc att att tgc cac gtc acc gta gag acc acc ggc acc Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val Glu Thr Thr Gly Thr				739
	200	205	210	
atg ctc atg ggt tct gag atc ggt gcc gcg ttg aca gcg ctg cag cca Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu Thr Ala Leu Gln Pro				787
	215	220	225	
ctg ggt atc gac atg att ggt ctg aac tgc gcc acc ggc cca gat gag Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala Thr Gly Pro Asp Glu				835
230	235	240	245	
atg agc gag cac ctg cgt tac ctg tcc aag cac gcc gat att cct gtg Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His Ala Asp Ile Pro Val				883
	250	255	260	
tcg gtg atg cct aac gca ggt ctt cct gtc ctg ggt aaa aac ggt gca Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu Gly Lys Asn Gly Ala				931
	265	270	275	
gaa tac cca ctt gag gct gag gat ttg gcg cag gcg ctg gct gga ttc Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu Ala Gly Phe				979
	280	285	290	
gtc tcc gaa tat ggc ctg tcc atg gtg ggt ggt tgt tgt ggc acc aca Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr				1027
	295	300	305	
cct gag cac atc cgt gcg gtc cgc gat gcg gtg gtt ggt gtt cca gag Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val Val Gly Val Pro Glu				1075

310	315	320	325	
cag gaa acc tcc aca ctg acc aag atc cct gca ggc cct gtt gag cag				1123
Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala Gly Pro Val Glu Gln				
	330	335	340	
gcc tcc cgc gag gtg gag aaa gag gac tcc gtc gcg tcg ctg tac acc				1171
Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val Ala Ser Leu Tyr Thr				
	345	350	355	
tcg gtg cca ttg tcc cag gaa acc ggc att tcc atg atc ggt gag cgc				1219
Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser Met Ile Gly Glu Arg				
	360	365	370	
acc aac tcc aac ggt tcc aag gca ttc cgt gag gca atg ctg tct ggc				1267
Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu Ala Met Leu Ser Gly				
	375	380	385	
gat tgg gaa aag tgt gtg gat att gcc aag cag caa acc cgc gat ggt				1315
Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln Gln Thr Arg Asp Gly				
390	395	400	405	
gca cac atg ctg gat ctt tgt gtg gat tac gtg gga cga gac ggc acc				1363
Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val Gly Arg Asp Gly Thr				
	410	415	420	
gcc gat atg gcg acc ttg gca gca ctt ctt gct acc agc tcc act ttg				1411
Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ser Ser Thr Leu				
	425	430	435	
cca atc atg att gac tcc acc gag cca gag gtt att cgc aca ggc ctt				1459
Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val Ile Arg Thr Gly Leu				
	440	445	450	
gag cac ttg ggt gga cga agc atc gtt aac tcc gtc aac ttt gaa gac				1507
Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser Val Asn Phe Glu Asp				
	455	460	465	
ggc gat ggc cct gag tcc cgc tac cag cgc atc atg aaa ctg gta aag				1555
Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile Met Lys Leu Val Lys				

470	475	480	485	
cag cac ggt gcg gcc gtg gtt gcg ctg acc att gat gag gaa ggc cag	1603			
Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile Asp Glu Glu Gly Gln				
490	495	500		
gca cgt acc gct gag cac aag gtg cgc att gct aaa cga ctg att gac	1651			
Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala Lys Arg Leu Ile Asp				
505	510	515		
gat atc acc ggc agc tac ggc ctg gat atc aaa gac atc gtt gtg gac	1699			
Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys Asp Ile Val Val Asp				
520	525	530		
tgc ctg acc ttc ccg atc tct act ggc cag gaa gaa acc agg cga gat	1747			
Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu Glu Thr Arg Arg Asp				
535	540	545		
ggc att gaa acc atc gaa gcc atc cgc gag ctg aag aag ctc tac cca	1795			
Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu Lys Lys Leu Tyr Pro				
550	555	560	565	
gaa atc cac acc acc ctg ggt ctg tcc aat att tcc ttc ggc ctg aac	1843			
Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile Ser Phe Gly Leu Asn				
570	575	580		
cct gct gca cgc cag gtt ctt aac tct gtg ttc ctc aat gag tgc att	1891			
Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe Leu Asn Glu Cys Ile				
585	590	595		
gag gct ggt ctg gac tct gcg att gcg cac agc tcc aag att ttg ccg	1939			
Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser Ser Lys Ile Leu Pro				
600	605	610		
atg aac cgc att gat gat cgc cag cgc gaa gtg gcg ttg gat atg gtc	1987			
Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val Ala Leu Asp Met Val				
615	620	625		
tat gat cgc cgc acc gag gat tac gat ccg ctg cag gaa ttc atg cag	2035			
Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu Gln Glu Phe Met Gln				

630	635	640	645	
ctg ttt gag ggc gtt tct gct gcc gat gcc aag gat gct cgc gct gaa	2083			
Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys Asp Ala Arg Ala Glu				
650	655	660		
cag ctg gcc gct atg cct ttg ttt gag cgt ttg gca cag cgc atc atc	2131			
Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu Ala Gln Arg Ile Ile				
665	670	675		
gac ggc gat aag aat ggc ctt gag gat gat ctg gaa gca ggc atg aag	2179			
Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu Glu Ala Gly Met Lys				
680	685	690		
gag aag tct cct att gcg atc atc aac gag gac ctt ctc aac ggc atg	2227			
Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp Leu Leu Asn Gly Met				
695	700	705		
aag acc gtg ggt gag ctg ttt ggt tcc gga cag atg cag ctg cca ttc	2275			
Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln Met Gln Leu Pro Phe				
710	715	720	725	
gtg ctg caa tcg gca gaa acc atg aaa act gcg gtg gcc tat ttg gaa	2323			
Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala Val Ala Tyr Leu Glu				
730	735	740		
ccg ttc atg gaa gag gaa gca gaa gct acc gga tct gcg cag gca gag	2371			
Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly Ser Ala Gln Ala Glu				
745	750	755		
ggc aag ggc aaa atc gtc gtg gcc acc gtc aag ggt gac gtg cac gat	2419			
Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys Gly Asp Val His Asp				
760	765	770		
atc ggc aag aac ttg gtg gac atc att ttg tcc aac aac ggt tac gac	2467			
Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser Asn Asn Gly Tyr Asp				
775	780	785		
gtg gtg aac ttg ggc atc aag cag cca ctg tcc gcc atg ttg gaa gca	2515			
Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser Ala Met Leu Glu Ala				

790 795 800 805

gcg gaa gaa cac aaa gca gac gtc atc gcc atg tcg gga ctt ctt gtg 2563
Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met Ser Gly Leu Leu Val

810 815 820

aag tcc acc gtg gtg 2578
Lys Ser Thr Val Val

825

<210> 214
<211> 826
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 214
Met Ser Thr Ser Val Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser
1 5 10 15

Glu Phe Leu Asp Ala Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala
20 25 30

Met Gly Thr Gln Leu Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe
35 40 45

Leu Asp Leu Glu Gly Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp
50 55 60

Val Leu Arg Gln Ile His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu
65 70 75 80

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

Asp Ile Ala Asp Arg Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val
100 105 110

Ala Arg Glu Val Ala Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg
115 120 125

Arg Phe Val Val Gly Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu
130 135 140

Gly His Ala Pro Tyr Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala
145 150 155 160

Leu Gly Ile Ile Asp Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala
165 170 175

Gln Asp Leu Leu Gln Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala
180 185 190

Met Ala Glu Leu Asp Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val
195 200 205

Glu Thr Thr Gly Thr Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu
210 215 220

Thr Ala Leu Gln Pro Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala
225 230 235 240

Thr Gly Pro Asp Glu Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His
245 250 255

Ala Asp Ile Pro Val Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu
260 265 270

Gly Lys Asn Gly Ala Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln
275 280 285

Ala Leu Ala Gly Phe Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly
290 295 300

Cys Cys Gly Thr Thr Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val
305 310 315 320

Val Gly Val Pro Glu Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala
325 330 335

Gly Pro Val Glu Gln Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val
340 345 350

Ala Ser Leu Tyr Thr Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser

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

805

810

815

Ser Gly Leu Leu Val Lys Ser Thr Val Val
820 825

<210> 215

<211> 621

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(598)

<223> RXN03074

<400> 215

tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60

tagcaggaca agcatactgt tttagtctta tgcctgtgggc atg act caa agt gct 115
Met Thr Gln Ser Ala

1

5

cca gaa ttc att gcc acc gca gac ctc gta gac atc atc ggc gac aac 163
Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp Ile Ile Gly Asp Asn

10

15

20

gcg caa tca tgc gac act cag ttt caa aac ctt gga ggt gcc aca gaa 211
Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu Gly Gly Ala Thr Glu

25

30

35

ttc cac gga ata ata acc acc gtg aaa tgc ttc caa gac aac gcc ctc 259
Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe Gln Asp Asn Ala Leu

40

45

50

ctg aaa tcc atc ctg agc gag gat aat cct ggg gga gtg ctg gtt atc 307
Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly Gly Val Leu Val Ile

55

60

65

gat ggc gac gca tcc gtg cac acc gcg cta gtt ggc gac atc att gca 355
Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val Gly Asp Ile Ile Ala

70

75

80

85

gga ctt gga aaa gat cat ggt tgg tcc gga gta att gtc aac gga gca 403
Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val Ile Val Asn Gly Ala

90 95 100

att cga gac tcc gca gtc atc ggc acc atg acc ttt ggt tgt aaa gcc 451
Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr Phe Gly Cys Lys Ala

105 110 115

ctt gga acc aac ccg cgg aaa tcc act aaa act ggt tcc ggc gaa cga 499
Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr Gly Ser Gly Glu Arg

120 125 130

gac gta gtg gta tcg att ggt ggc att gac ttc att cct ggt cat tac 547
Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe Ile Pro Gly His Tyr

135 140 145

gtc tac gcg gac tct gac gga att atc gtc acc gag gcg cca att aag 595
Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr Glu Ala Pro Ile Lys

150 155 160 165

cag taatttggtt tgacgacgca gta 621
Gln

<210> 216

<211> 166

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 216

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

Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu
20 25 30

Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
35 40 45

Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
50 55 60

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

Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val
85 90 95

Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
100 105 110

Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
115 120 125

Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
130 135 140

Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr
145 150 155 160

Glu Ala Pro Ile Lys Gln
165

<210> 217
<211> 621
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(598)
<223> FRXA02906

<400> 217
tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60

tagcaggaca agcatactgt tttagtttcta tgctgtgggc atg act caa agt gct 115
Met Thr Gln Ser Ala

1 5

cca gaa ttc att gcc acc gca gac ctc gta gac atc atc ggc gac aac 163
Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp Ile Ile Gly Asp Asn

10 15 20

gcg caa tca tgc gac act cag ttt caa aac ctt gga ggt gcc aca gaa 211
Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu Gly Gly Ala Thr Glu

25 30 35

ttc cac gga ata ata acc acc gtg aaa tgc ttc caa gac aac gcc ctc 259
Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe Gln Asp Asn Ala Leu

40 45 50

ctg aaa tcc atc ctg agc gag gat aat cct ggg gga gtg ctg gtt atc 307
Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly Gly Val Leu Val Ile

55 60 65

gat ggc gac gca tcc gtg cac acc gcg cta gtt ggc gac atc att gca 355
Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val Gly Asp Ile Ile Ala

70 75 80 85

gga ctt gga aaa gat cat ggt tgg tcc gga gta att gtc aac gga gca 403
Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val Ile Val Asn Gly Ala

90 95 100

att cga gac tcc gca gtc atc ggc acc atg acc ttt ggt tgt aaa gcc 451
Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr Phe Gly Cys Lys Ala

105 110 115

ctt gga acc aac ccg cgg aaa tcc act aaa act ggt tcc ggc gaa cga 499
Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr Gly Ser Gly Glu Arg

120 125 130

gac gta gtg gta tcg att ggt ggc att gac ttc att cct ggt cat tac 547
Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe Ile Pro Gly His Tyr

135 140 145

gtc tac gcg gac tct gac gga att atc gtc acc gag gcg cca att aag 595
Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr Glu Ala Pro Ile Lys

150 155 160 165

cag taatttgttt tgacgacgca gta 621
Gln

<210> 218
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 218
 Met Thr Gln Ser Ala Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp
 1 5 10 15

Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu
 20 25 30

Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
 35 40 45

Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
 50 55 60

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

Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val
 85 90 95

Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
 100 105 110

Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
 115 120 125

Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
 130 135 140

Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr
 145 150 155 160

Glu Ala Pro Ile Lys Gln
 165

<210> 219

<211> 1557
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1534)
 <223> RXN00132

<400> 219
 aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtggtgcgcg ttaaaaaagt 60

tttcttaatt ttcattttct taaaaggagc tcgccaggac atg gca cag gtt atg 115
 Met Ala Gln Val Met

1 5

gac ttc aag gtt gcc gat ctt tca cta gca gag gca gga cgt cac cag 163
 Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu Ala Gly Arg His Gln

10 15 20

att cgt ctt gca gag tat gag atg cca ggt ctc atg cag ttg cgc aag 211
 Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu Met Gln Leu Arg Lys

25 30 35

gaa ttc gca gac gag cag cct ttg aag ggc gcc cga att gct ggt tct 259
 Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala Arg Ile Ala Gly Ser

40 45 50

atc cac atg acg gtc cag acc gcc gtg ctt att gag acc ctc act gct 307
 Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile Glu Thr Leu Thr Ala

55 60 65

ttg ggc gct gag gtt cgt tgg gct tcc tgc aac att ttc tcc acc cag 355
 Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn Ile Phe Ser Thr Gln

70 75 80 85

gat gag gct gca gcg gct atc gtt gtc ggc tcc ggc acc gtc gaa gag 403
 Asp Glu Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser Gly Thr Val Glu Glu

90 95 100

cca gct ggt gtt cca gta ttc gcg tgg aag ggt gag tca ctg gag gag 451
 Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly Glu Ser Leu Glu Glu

105	110	115	
tac tgg tgg tgc atc aac cag atc ttc agc tgg ggc gat gag ctg cca			499
Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp Gly Asp Glu Leu Pro			
120	125	130	
aac atg atc ctc gac gac ggc ggt gac gcc acc atg gct gtt att cgc			547
Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr Met Ala Val Ile Arg			
135	140	145	
ggt cgc gaa tac gag cag gct ggt ctg gtt cca cca gca gag gcc aac			595
Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro Pro Ala Glu Ala Asn			
150	155	160	165
gat tcc gat gag tac atc gca ttc ttg ggc atg ctg cgt gag gtt ctt			643
Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met Leu Arg Glu Val Leu			
170	175	180	
gct gca gag cct ggc aag tgg ggc aag atc gct gag gcc gtt aag ggt			691
Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala Glu Ala Val Lys Gly			
185	190	195	
gtc acc gag gaa acc acc acc ggt gtg cac cgc ctg tac cac ttc gct			739
Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg Leu Tyr His Phe Ala			
200	205	210	
gaa gaa ggc gtg ctg cct ttc cca gcg atg aac gtc aac gac gct gtc			787
Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn Val Asn Asp Ala Val			
215	220	225	
acc aag tcc aag ttt gat aac aag tac ggc acc cgc cac tcc ctg atc			835
Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr Arg His Ser Leu Ile			
230	235	240	245
gac ggc atc aac cgc gcc act gac atg ctc atg ggc ggc aag aac gtg			883
Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met Gly Gly Lys Asn Val			
250	255	260	
ctt gtc tgc ggt tac ggc gat gtc ggc aag ggc tgc gct gag gct ttc			931
Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly Cys Ala Glu Ala Phe			

265	270	275	
gac ggc cag ggc gct cgc gtc aag gtc acc gaa gct gac cca atc aac			979
Asp Gly Gln Gly Ala Arg Val Lys Val Thr Glu Ala Asp Pro Ile Asn			
280	285	290	
gct ctt cag gct ctg atg gat ggc tac tct gtg gtc acc gtt gat gag			1027
Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val Val Thr Val Asp Glu			
295	300	305	
gcc atc gag gac gcc gac atc gtg atc acc gcg acc ggc aac aag gac			1075
Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala Thr Gly Asn Lys Asp			
310	315	320	325
atc att tcc ttc gag cag atg ctc aag atg aag gat cac gct ctg ctg			1123
Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys Asp His Ala Leu Leu			
330	335	340	
ggc aac atc ggt cac ttt gat aat gag atc gat atg cat tcc ctg ttg			1171
Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp Met His Ser Leu Leu			
345	350	355	
cac cgc gac gac gtc acc cgc acc acg atc aag cca cag gtc gac gag			1219
His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys Pro Gln Val Asp Glu			
360	365	370	
ttc acc ttc tcc acc ggt cgc tcc atc atc gtc ctg tcc gaa ggt cgc			1267
Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val Leu Ser Glu Gly Arg			
375	380	385	
ctg ttg aac ctt ggc aac gcc acc gga cac cca tca ttt gtc atg tcc			1315
Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro Ser Phe Val Met Ser			
390	395	400	405
aac tct ttc gcc gat cag acc att gcg cag atc gaa ctg ttc caa aac			1363
Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile Glu Leu Phe Gln Asn			
410	415	420	
gaa gga cag tac gag aac gag gtc tac cgt ctg cct aag gtt ctc gac			1411
Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu Pro Lys Val Leu Asp			

425 430 435
gaa aag gtg gca cgc atc cac gtt gag gct ctc ggc ggt cag ctc acc 1459
Glu Lys Val Ala Arg Ile His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr

440 445 450
gaa ctg acc aag gag cag gct gag tac atc ggc gtt gac gtt gca ggc 1507
Glu Leu Thr Lys Glu Gln Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly

455 460 465
cca ttc aag ccg gag cac tac cgc tac taatgattgt cagcattgag 1554
Pro Phe Lys Pro Glu His Tyr Arg Tyr

470 475
gga 1557

<210> 220
<211> 478
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 220
Met Ala Gln Val Met Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu
1 5 10 15

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

Met Gln Leu Arg Lys Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala
35 40 45

Arg Ile Ala Gly Ser Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile
50 55 60

Glu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn
65 70 75 80

Ile Phe Ser Thr Gln Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser
85 90 95

Gly Thr Val Glu Glu Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly

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

325

330

335

Asp His Ala Leu Leu Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp
340 345 350

Met His Ser Leu Leu His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys
355 360 365

Pro Gln Val Asp Glu Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val
370 375 380

Leu Ser Glu Gly Arg Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro
385 390 395 400

Ser Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile
405 410 415

Glu Leu Phe Gln Asn Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu
420 425 430

Pro Lys Val Leu Asp Glu Lys Val Ala Arg Ile His Val Glu Ala Leu
435 440 445

Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln Ala Glu Tyr Ile Gly
450 455 460

Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His Tyr Arg Tyr
465 470 475

<210> 221

<211> 128

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(105)

<223> FRXA00132

<400> 221

cac gtt gag gct ctc ggc ggt cag ctc acc gaa ctg acc aag gag cag 48
His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln

1 5 10 15

gct gag tac atc ggc gtt gac gtt gca ggc cca ttc aag ccg gag cac 96
Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His

20 25 30

tac cgc tac taatgattgt cagcattgag gga 128
Tyr Arg Tyr

35

<210> 222
<211> 35
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 222
His Val Glu Ala Leu Gly Gly Gln Leu Thr Glu Leu Thr Lys Glu Gln
1 5 10 15

Ala Glu Tyr Ile Gly Val Asp Val Ala Gly Pro Phe Lys Pro Glu His
20 25 30

Tyr Arg Tyr
35

<210> 223
<211> 1396
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1396)
<223> FRXA01371

<400> 223
aacagcttca atcaattcgg tgtccactcc aacatgtaga gtggtgcgcg ttaaaaaagt 60

tttcctaatt ttcatTTTct taaaaggagc tgc ccaggac atg gca cag gtt atg 115
Met Ala Gln Val Met

1 5

gac ttc aag gtt gcc gat ctt tca cta gca gag gca gga cgt cac cag 163

Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu Ala Gly Arg His Gln	
10 15 20	
att cgt ctt gca gag tat gag atg cca ggt ctc atg cag ttg cgc aag	211
Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu Met Gln Leu Arg Lys	
25 30 35	
gaa ttc gca gac gag cag cct ttg aag ggc gcc cga att gct ggt tct	259
Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala Arg Ile Ala Gly Ser	
40 45 50	
atc cac atg acg gtc cag acc gcc gtg ctt att gag acc ctc act gct	307
Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile Glu Thr Leu Thr Ala	
55 60 65	
ttg ggc gct gag gtt cgt tgg gct tcc tgc aac att ttc tcc acc cag	355
Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn Ile Phe Ser Thr Gln	
70 75 80 85	
gat gag gct gca gcg gct atc gtt gtc ggc tcc ggc acc gtc gaa gag	403
Asp Glu Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Gly Ser Gly Thr Val Glu Glu	
90 95 100	
cca gct ggt gtt cca gta ttc gcg tgg aag ggt gag tca ctg gag gag	451
Pro Ala Gly Val Pro Val Phe Ala Trp Lys Gly Glu Ser Leu Glu Glu	
105 110 115	
tac tgg tgg tgc atc aac cag atc ttc agc tgg ggc gat gag ctg cca	499
Tyr Trp Trp Cys Ile Asn Gln Ile Phe Ser Trp Gly Asp Glu Leu Pro	
120 125 130	
aac atg atc ctc gac gac ggc ggt gac gcc acc atg gct gtt att cgc	547
Asn Met Ile Leu Asp Asp Gly Gly Asp Ala Thr Met Ala Val Ile Arg	
135 140 145	
ggt cgc gaa tac gag cag gct ggt ctg gtt cca cca gca gag gcc aac	595
Gly Arg Glu Tyr Glu Gln Ala Gly Leu Val Pro Pro Ala Glu Ala Asn	
150 155 160 165	
gat tcc gat gag tac atc gca ttc ttg ggc atg ctg cgt gag gtt ctt	643

Asp Ser Asp Glu Tyr Ile Ala Phe Leu Gly Met Leu Arg Glu Val Leu	
170	175
180	
gct gca gag cct ggc aag tgg ggc aag atc gct gag gcc gtt aag ggt 691	
Ala Ala Glu Pro Gly Lys Trp Gly Lys Ile Ala Glu Ala Val Lys Gly	
185	190
195	
gtc acc gag gaa acc acc acc ggt gtg cac cgc ctg tac cac ttc gct 739	
Val Thr Glu Glu Thr Thr Thr Gly Val His Arg Leu Tyr His Phe Ala	
200	205
210	
gaa gaa ggc gtg ctg cct ttc cca gcg atg aac gtc aac gac gct gtc 787	
Glu Glu Gly Val Leu Pro Phe Pro Ala Met Asn Val Asn Asp Ala Val	
215	220
225	
acc aag tcc aag ttt gat aac aag tac ggc acc cgc cac tcc ctg atc 835	
Thr Lys Ser Lys Phe Asp Asn Lys Tyr Gly Thr Arg His Ser Leu Ile	
230	235
240	245
gac ggc atc aac cgc gcc act gac atg ctc atg ggc ggc aag aac gtg 883	
Asp Gly Ile Asn Arg Ala Thr Asp Met Leu Met Gly Gly Lys Asn Val	
250	255
260	
ctt gtc tgc ggt tac ggc gat gtc ggc aag ggc tgc gct gag gct ttc 931	
Leu Val Cys Gly Tyr Gly Asp Val Gly Lys Gly Cys Ala Glu Ala Phe	
265	270
275	
gac ggc cag ggc gct cgc gtc aag gtc acc gaa gct gac cca atc aac 979	
Asp Gly Gln Gly Ala Arg Val Lys Val Thr Glu Ala Asp Pro Ile Asn	
280	285
290	
gct ctt cag gct ctg atg gat ggc tac tct gtg gtc acc gtt gat gag 1027	
Ala Leu Gln Ala Leu Met Asp Gly Tyr Ser Val Val Thr Val Asp Glu	
295	300
305	
gcc atc gag gac gcc gac atc gtg atc acc gcg acc ggc aac aag gac 1075	
Ala Ile Glu Asp Ala Asp Ile Val Ile Thr Ala Thr Gly Asn Lys Asp	
310	315
320	325
atc att tcc ttc gag cag atg ctc aag atg aag gat cac gct ctg ctg 1123	

Ile Ile Ser Phe Glu Gln Met Leu Lys Met Lys Asp His Ala Leu Leu

330 335 340

ggc aac atc ggt cac ttt gat aat gag atc gat atg cat tcc ctg ttg 1171
Gly Asn Ile Gly His Phe Asp Asn Glu Ile Asp Met His Ser Leu Leu

345 350 355

cac cgc gac gac gtc acc cgc acc acg atc aag cca cag gtc gac gag 1219
His Arg Asp Asp Val Thr Arg Thr Thr Ile Lys Pro Gln Val Asp Glu

360 365 370

ttc acc ttc tcc acc ggt cgc tcc atc atc gtc ctg tcc gaa ggt cgc 1267
Phe Thr Phe Ser Thr Gly Arg Ser Ile Ile Val Leu Ser Glu Gly Arg

375 380 385

ctg ttg aac ctt ggc aac gcc acc gga cac cca tca ttt gtc atg tcc 1315
Leu Leu Asn Leu Gly Asn Ala Thr Gly His Pro Ser Phe Val Met Ser

390 395 400 405

aac tct ttc gcc gat cag acc att gcg cag atc gaa ctg ttc caa aac 1363
Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile Glu Leu Phe Gln Asn

410 415 420

gaa gga cag tac gag aac gag gtc tac cgt ctg 1396
Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu

425 430

<210> 224

<211> 432

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 224

Met Ala Gln Val Met Asp Phe Lys Val Ala Asp Leu Ser Leu Ala Glu

1 5 10 15

Ala Gly Arg His Gln Ile Arg Leu Ala Glu Tyr Glu Met Pro Gly Leu

20 25 30

Met Gln Leu Arg Lys Glu Phe Ala Asp Glu Gln Pro Leu Lys Gly Ala

35	40	45
Arg Ile Ala Gly Ser Ile His Met Thr Val Gln Thr Ala Val Leu Ile		
50	55	60
Glu Thr Leu Thr Ala Leu Gly Ala Glu Val Arg Trp Ala Ser Cys Asn		
65	70	75
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
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
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
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
Ser Phe Val Met Ser Asn Ser Phe Ala Asp Gln Thr Ile Ala Gln Ile		
405	410	415
Glu Leu Phe Gln Asn Glu Gly Gln Tyr Glu Asn Glu Val Tyr Arg Leu		
420	425	430

<210> 225
 <211> 2358
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2335)

<223> RXN02085

<400> 225

cacccggtga tttcgcgaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tcctagccgg 60

gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt 115
Met Thr Ser Asn Phe

1 5

tct tcc act gtc gct ggt ctt cct cgc atc gga gcg aag cgt gaa ctg 163
Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly Ala Lys Arg Glu Leu

10 15 20

aag ttc gcg ctc gaa ggc tac tgg aat gga tca att gaa ggt cgc gaa 211
Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser Ile Glu Gly Arg Glu

25 30 35

ctt gcg cag acc gcc cgc caa ttg gtc aac act gca tcg gat tct ttg 259
Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr Ala Ser Asp Ser Leu

40 45 50

tct gga ttg gat tcc gtt ccg ttt gca gga cgt tcc tac tac gac gca 307
Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg Ser Tyr Tyr Asp Ala

55 60 65

atg ctc gat acc gcc gct att ttg ggt gtg ctg ccg gag cgt ttt gat 355
Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu Pro Glu Arg Phe Asp

70 75 80 85

gac atc gct gat cat gaa aac gat ggt ctc cca ctg tgg att gac cgc 403
Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro Leu Trp Ile Asp Arg

90 95 100

tac ttt ggc gct gct cgc ggt act gag acc ctg cct gca cag gca atg 451
Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu Pro Ala Gln Ala Met

105 110 115

acc aag tgg ttt gat acc aac tac cac tac ctc gtg ccg gag ttg tct 499
Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu Val Pro Glu Leu Ser

120 125 130

gcg gat aca cgt ttc gtt ttg gat gcg tcc gcg ctg att gag gat ctc 547
Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala Leu Ile Glu Asp Leu

135 140 145

cgt tgc cag cag gtt cgt ggc gtt aat gcc cgc cct gtt ctg gtt ggt 595
Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg Pro Val Leu Val Gly

150 155 160 165

cca ctg act ttc ctt tcc ctt gct cgc acc act gat ggt tcc aat cct 643
Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr Asp Gly Ser Asn Pro

170 175 180

ttg gat cac ctg cct gca ctg ttt gag gtc tac gag cgc ctc atc aag 691
Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr Glu Arg Leu Ile Lys

185 190 195

tct ttc gat act gag tgg gtt cag atc gat gag cct gcg ttg gtc acc 739
Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu Pro Ala Leu Val Thr

200 205 210

gat gtt gct cct gag gtt ttg gag cag gtc cgc gct ggt tac acc act 787
Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg Ala Gly Tyr Thr Thr

215 220 225

ttg gct aag cgc gat ggc gtg ttt gtc aat act tac ttc ggc tct ggc 835
Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr Tyr Phe Gly Ser Gly

230 235 240 245

gat cag gcg ctg aac act ctt gcg ggc atc ggc ctt ggc gcg att ggc 883
Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Ala Ile Gly

250 255 260

gtt gac ttg gtc acc cat ggc gtc act gag ctt gct gcg tgg aag ggt 931
Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu Ala Ala Trp Lys Gly

265 270 275

gag gag ctg ctg gtt gcg ggc atc gtt gat ggt cgt aac att tgg cgc 979
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg

280 285 290

acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc 1027
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg

295 300 305

ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac 1075
Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu Leu His Val Pro Tyr

310 315 320 325

acc ctc gag gct gag aac att gag cct gag gtc cgc gac tgg ctt gcc 1123
Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val Arg Asp Trp Leu Ala

330 335 340

ttc ggc tcg gag aag atc acc gag gtc aag ctg ctt gcc gac gcc cta 1171
Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu Leu Ala Asp Ala Leu

345 350 355

gcc ggc aac atc gac gcg gct gcg ttc gat gcg gcg tcc gca gca att 1219
Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ser Ala Ala Ile

360 365 370

gct tct cga cgc acc tcc cca cgc acc gca cca atc acg cag gaa ctc 1267
Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro Ile Thr Gln Glu Leu

375 380 385

cct ggc cgt agc cgt gga tcc ttc gac act cgt gtt acg ctg cag gag 1315
Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg Val Thr Leu Gln Glu

390 395 400 405

aag tca ctg gag ctt cca gct ctg cca acc acc acc att ggt tct ttc 1363
Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe

410 415 420

cca cag acc cca tcc att cgt tct gct cgc gct cgt ctg cgc aag gaa 1411
Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala Arg Leu Arg Lys Glu

425 430 435

tcc atc act ttg gag cag tac gaa gag gca atg cgc gaa gaa atc gat 1459
Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met Arg Glu Glu Ile Asp

440 445 450

ctg gtc atc gcc aag cag gaa gaa ctt ggt ctt gat gtg ttg gtt cac 1507
Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu Asp Val Leu Val His

455 460 465

ggt gag cca gag cgc aac gac atg gtt cag tac ttc tct gaa ctt ctc 1555
Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu

470 475 480 485

gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc 1603
Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser

490 495 500

cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg 1651
Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala

505 510 515

cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag 1699
Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys

520 525 530

cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc 1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser

535 540 545

ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca 1795
Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala

550 555 560 565

ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag 1843
Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys

570 575 580

atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccg cta cga 1891
Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Leu Arg

585 590 595

gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc 1939
Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg

600 605 610

ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac gtc caa atc cac acc cac atg 1987
Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln Ile His Thr His Met

615 620 625

tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc tcc tcg gtc atc gcg ttg gat 2035
Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp

630 635 640 645

gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca cgt tcc gac atg cag gtc ctc 2083
Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser Asp Met Gln Val Leu

650 655 660

gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag ctc ggc gtc gga cct ggt gtg 2131
Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly Val Gly Pro Gly Val

665 670 675

tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct tcc gcg cag aaa gtg gac ggt 2179
Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly

680 685 690

ctc ctc gag gct gca ctg cag tcc gtg gat cct cgc cag ctg tgg gtc 2227
Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val

695 700 705

aac cca gac tgt ggt ctg aag acc cgt gga tgg cca gaa gtg gaa gct 2275
Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala

710 715 720 725

tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct aag cag gct cgt gag aaa atc 2323
Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile

730 735 740

gga gca act atc taaattgggt taccgctagg aac 2358
Gly Ala Thr Ile

745

<210> 226

<211> 745

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 226

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

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

Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr
35 40 45

Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg
50 55 60

Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu
65 70 75 80

Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro
85 90 95

Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu
100 105 110

Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu
115 120 125

Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala
130 135 140

Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg
145 150 155 160

Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr
165 170 175

Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr
180 185 190

Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu
195 200 205

Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg
210 215 220

Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225 230 235 240

Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
245 250 255

Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu
260 265 270

Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
275 280 285

Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
290 295 300

Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305 310 315 320

Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val
325 330 335

Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
340 345 350

Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala
355 360 365

Ala Ser Ala Ala Ile Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro
370 375 380

Ile Thr Gln Glu Leu Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg
385 390 395 400

Val Thr Leu Gln Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr
405 410 415

Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala
420 425 430

Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met
435 440 445

Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu
450 455 460

Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr
465 470 475 480

Phe Ser Glu Leu Leu Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val
485 490 495

Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn
500 505 510

Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln
515 520 525

Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr
530 535 540

Ile Leu Ala Trp Ser Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr
545 550 555 560

Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile
565 570 575

Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu
580 585 590

Leu Leu Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser
595 600 605

Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln
610 615 620

Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser
625 630 635 640

Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser
645 650 655

Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly
660 665 670

Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala
675 680 685

Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro
690 695 700

Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp
705 710 715 720

Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln
725 730 735

Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile
740 745

<210> 227
<211> 1923
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1900)
<223> FRXA02085

<400> 227
caccCGgtga tttcgCGaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgCG tcctagccgG 60

gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt 115
Met Thr Ser Asn Phe

1 5

tct tcc act gtc gct ggt ctt cct cgc atc gga gcg aag cgt gaa ctg 163
Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly Ala Lys Arg Glu Leu

10 15 20

aag ttc gcg ctc gaa ggc tac tgg aat gga tca att gaa ggt cgc gaa 211
Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser Ile Glu Gly Arg Glu

25 30 35

ctt gcg cag acc gcc cgc caa ttg gtc aac act gca tgc gat tct ttg 259
 Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr Ala Ser Asp Ser Leu
 40 45 50

tct gga ttg gat tcc gtt ccg ttt gca gga cgt tcc tac tac gac gca 307
 Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg Ser Tyr Tyr Asp Ala
 55 60 65

atg ctc gat acc gcc gct att ttg ggt gtg ctg ccg gag cgt ttt gat 355
 Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu Pro Glu Arg Phe Asp
 70 75 80 85

gac atc gct gat cat gaa aac gat ggt ctc cca ctg tgg att gac cgc 403
 Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro Leu Trp Ile Asp Arg
 90 95 100

tac ttt ggc gct gct cgc ggt act gag acc ctg cct gca cag gca atg 451
 Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu Pro Ala Gln Ala Met
 105 110 115

acc aag tgg ttt gat acc aac tac cac tac ctc gtg ccg gag ttg tct 499
 Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu Val Pro Glu Leu Ser
 120 125 130

gcg gat aca cgt ttc gtt ttg gat gcg tcc gcg ctg att gag gat ctc 547
 Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala Leu Ile Glu Asp Leu
 135 140 145

cgt tgc cag cag gtt cgt ggc gtt aat gcc cgc cct gtt ctg gtt ggt 595
 Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg Pro Val Leu Val Gly
 150 155 160 165

cca ctg act ttc ctt tcc ctt gct cgc acc act gat ggt tcc aat cct 643
 Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr Asp Gly Ser Asn Pro
 170 175 180

ttg gat cac ctg cct gca ctg ttt gag gtc tac gag cgc ctc atc aag 691
 Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr Glu Arg Leu Ile Lys
 185 190 195

tct ttc gat act gag tgg gtt cag atc gat gag cct gcg ttg gtc acc 739

Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu Pro Ala Leu Val Thr	
200	205
210	
gat gtt gct cct gag gtt ttg gag cag gtc cgc gct ggt tac acc act 787	
Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg Ala Gly Tyr Thr Thr	
215	220
225	
ttg gct aag cgc gat ggc gtg ttt gtc aat act tac ttc ggc tct ggc 835	
Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr Tyr Phe Gly Ser Gly	
230	235
240	245
gat cag gcg ctg aac act ctt gcg ggc atc ggc ctt ggc gcg att ggc 883	
Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Ala Ile Gly	
250	255
260	
gtt gac ttg gtc acc cat ggc gtc act gag ctt gct gcg tgg aag ggt 931	
Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu Ala Ala Trp Lys Gly	
265	270
275	
gag gag ctg ctg gtt gcg ggc atc gtt gat ggt cgt aac att tgg cgc 979	
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg	
280	285
290	
acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc 1027	
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg	
295	300
305	
ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac 1075	
Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu Leu His Val Pro Tyr	
310	315
320	325
acc ctc gag gct gag aac att gag cct gag gtc cgc gac tgg ctt gcc 1123	
Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val Arg Asp Trp Leu Ala	
330	335
340	
ttc ggc tcg gag aag atc acc gag gtc aag ctg ctt gcc gac gcc cta 1171	
Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu Leu Ala Asp Ala Leu	
345	350
355	
gcc ggc aac atc gac gcg gct gcg ttc gat gcg gcg tcc gca gca att 1219	

Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ser Ala Ala Ile
360 365 370

gct tct cga cgc acc tcc cca cgc acc gca cca atc acg cag gaa etc 1267
Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro Ile Thr Gln Glu Leu

375 380 385

cct ggc cgt agc cgt gga tcc ttc gac act cgt gtt acg ctg cag gag 1315
Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg Val Thr Leu Gln Glu

390 395 400 405

aag tca ctg gag ctt cca gct ctg cca acc acc acc att ggt tct ttc 1363
Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe

410 415 420

cca cag acc cca tcc att cgt tct gct cgc gct cgt ctg cgc aag gaa 1411
Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala Arg Leu Arg Lys Glu

425 430 435

tcc atc act ttg gag cag tac gaa gag gca atg cgc gaa gaa atc gat 1459
Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met Arg Glu Glu Ile Asp

440 445 450

ctg gtc atc gcc aag cag gaa gaa ctt ggt ctt gat gtg ttg gtt cac 1507
Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu Asp Val Leu Val His

455 460 465

ggt gag cca gag cgc aac gac atg gtt cag tac ttc tct gaa ctt ctc 1555
Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu

470 475 480 485

gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc 1603
Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser

490 495 500

cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg 1651
Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala

505 510 515

cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag 1699

Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys

520

525

530

cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc 1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser

535

540

545

ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca 1795
Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala

550

555

560

565

ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag 1843
Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys

570

575

580

atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccc gct acg 1891
Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Ala Thr

585

590

595

aga cgt cga taagcctgcc tacctgcagt ggt 1923
Arg Arg Arg

600

<210> 228

<211> 600

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 228

Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly

1

5

10

15

Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser

20

25

30

Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr

35

40

45

Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg

50

55

60

Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu
65 70 75 80

Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro
85 90 95

Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu
100 105 110

Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu
115 120 125

Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala
130 135 140

Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg
145 150 155 160

Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr
165 170 175

Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr
180 185 190

Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu
195 200 205

Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg
210 215 220

Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225 230 235 240

Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
245 250 255

Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu
260 265 270

Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
275 280 285

Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
290 295 300

Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305 310 315 320

Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val
325 330 335

Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
340 345 350

Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala
355 360 365

Ala Ser Ala Ala Ile Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro
370 375 380

Ile Thr Gln Glu Leu Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg
385 390 395 400

Val Thr Leu Gln Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr
405 410 415

Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala
420 425 430

Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met
435 440 445

Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu
450 455 460

Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr
465 470 475 480

Phe Ser Glu Leu Leu Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val
485 490 495

Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn
500 505 510

Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln
515 520 525

Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr
530 535 540

Ile Leu Ala Trp Ser Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr
545 550 555 560

Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile
565 570 575

Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu
580 585 590

Leu Leu Pro Ala Thr Arg Arg Arg
595 600

<210> 229

<211> 603

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(580)

<223> FRXA02086

<400> 229

gatgatcagc cgctggctac cactgctgac caggttgac tggcactgcg cgatgaaatt 60

aacgatctca tcgaggctgg cgccaagatc atccaggtgg atg agc ctg cga ttc 115
Met Ser Leu Arg Phe

1 5

gtg aac tgt tgc ccg cta cga gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag 163
Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln

10 15 20

tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac 211
Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp

25 30 35

gtc caa atc cac acc cac atg tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc 259
Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile

40 45 50

tcc tcg gtc atc gcg ttg gat gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca 307
Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala

55 60 65

cgt tcc gac atg cag gtc ctc gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag 355
Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu

70 75 80 85

ctc ggc gtc gga cct ggt gtg tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct 403
Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro

90 95 100

tcc gcg cag aaa gtg gac ggt ctc ctc gag gct gca ctg cag tcc gtg 451
Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val

105 110 115

gat cct cgc cag ctg tgg gtc aac cca gac tgt ggt ctg aag acc cgt 499
Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg

120 125 130

gga tgg cca gaa gtg gaa gct tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct 547
Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala

135 140 145

aag cag gct cgt gag aaa atc gga gca act atc taaattgggt taccgctagg 600
Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile

150 155 160

aac 603

<210> 230

<211> 160

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 230

Met Ser Leu Arg Phe Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys

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

<210> 231
 <211> 1326
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1303)
 <223> RXN02648

<400> 231

atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc 115
Met Ser Gln Asn Arg

1 5

atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt 163
Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu

10 15 20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc 211
Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile Gly Glu Glu Glu Phe

25 30 35

ttc cag att ctg cag tct tct gta gat gac gtg atc aag cgc cag gtt 259
Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val Ile Lys Arg Gln Val

40 45 50

gac ctg ggt atc gac atc ctt aac gag ggc gaa tac ggc cac gtc acc 307
Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu Tyr Gly His Val Thr

55 60 65

tcc ggt gca gtt gac ttc ggt gca tgg tgg aac tac tcc ttc acc cgc 355
Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn Tyr Ser Phe Thr Arg

70 75 80 85

ctg ggc gga ctg acc atg acc gat acc gac cgt tgg gca agc cag gaa 403
Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg Trp Ala Ser Gln Glu

90 95 100

gca gtg cgt tcc acc cct ggc aac atc gag ctg acc agc ttc tct gat 451
Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu Thr Ser Phe Ser Asp

105 110 115

cgt cgc gac cgc gca ttg ttc agc gaa gca tac gag gat cca gta tct 499
Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr Glu Asp Pro Val Ser

120 125 130

ggc atc ttc acc ggt cgc gct tct gtg ggc aac cca gag ttc acc gga 547
Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn Pro Glu Phe Thr Gly

135	140	145	
cct att acc tac att ggc cag gaa gaa act cag acg gat gtt gat ctg	595		
Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln Thr Asp Val Asp Leu			
150	155	160	165
ctg aag aag ggc atg aac gca gcg gga gct acc gac ggc ttc gtt gca	643		
Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr Asp Gly Phe Val Ala			
	170	175	180
gca cta tcc cca gga tct gca gct cga ttg acc aac aag ttc tac gac	691		
Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr Asn Lys Phe Tyr Asp			
	185	190	195
act gat gaa gaa gtc gtc gca gca tgt gct gat gcg ctt tcc cag gaa	739		
Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu			
	200	205	210
tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca ccg	787		
Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala Pro			
	215	220	225
gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca agc gtg aag	835		
Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro Ser Val Lys			
	230	235	240
gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc aac agt gca	883		
Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile Asn Ser Ala			
	250	255	260
gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc tgc tgg ggc	931		
Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile Cys Trp Gly			
	265	270	275
tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt gac atc att	979		
Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly Asp Ile Ile			
	280	285	290
ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc gaa ggc gca	1027		
Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe Glu Gly Ala			

295	300	305	
tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa aac aag ctt			1075
Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu Asn Lys Leu			
310	315	320	325
cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac tcc atc aac			1123
Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His Ser Ile Asn			
	330	335	340
gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt cag ttc gcc			1171
Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val Gln Phe Ala			
	345	350	355
aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac tgt ggt ctg			1219
Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp Cys Gly Leu			
	360	365	370
ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg gag tcc cta			1267
Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu Glu Ser Leu			
	375	380	385
gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc taagctagac			1313
Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe			
390	395	400	
aacgagggtt gct			1326
<210> 232			
<211> 401			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 232			
Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg			
1	5	10	15
Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile			
20	25	30	
Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val			

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

260 265 270

His Ile Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro

275 280 285

Phe Gly Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe
290 295 300

Ser Phe Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp
305 310 315 320

Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val
325 330 335

Ser His Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg
340 345 350

Ile Val Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser
355 360 365

Thr Asp Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala
370 375 380

Lys Leu Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu
385 390 395 400

Phe

<210> 233
<211> 548
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(525)
<223> FRXA02648
```

<400> 233
gac gca ccg gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca 48
Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro

1	5	10	15	
agc gtg aag gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc				96
Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile				
	20	25	30	
aac agt gca gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc				144
Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile				
	35	40	45	
tgc tgg ggc tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt				192
Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly				
	50	55	60	
gac atc att ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc				240
Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe				
	65	70	75	80
gaa ggc gca tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa				288
Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu				
	85	90	95	
aac aag ctt cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac				336
Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His				
	100	105	110	
tcc atc aac gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt				384
Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val				
	115	120	125	
cag ttc gcc aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac				432
Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp				
	130	135	140	
tgt ggt ctg ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg				480
Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu				
	145	150	155	160
gag tcc cta gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc				525
Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe				

165 170 175
 taagctagac aacgagggtt gct 548

<210> 234
 <211> 175
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 234
 Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro
 1 5 10 15

Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile
 20 25 30

Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile
 35 40 45

Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly
 50 55 60

Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe
 65 70 75 80

Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu
 85 90 95

Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His
 100 105 110

Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val
 115 120 125

Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp
 130 135 140

Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu
 145 150 155 160

Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
 165 170 175

<210> 235
 <211> 784
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(784)
 <223> FRXA02658

<400> 235
 atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc 115
 Met Ser Gln Asn Arg

1 5

atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt 163
 Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu

10 15 20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc 211
 Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile Gly Glu Glu Glu Phe

25 30 35

ttc cag att ctg cag tct tct gta gat gac gtg atc aag cgc cag gtt 259
 Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val Ile Lys Arg Gln Val

40 45 50

gac ctg ggt atc gac atc ctt aac gag ggc gaa tac ggc cac gtc acc 307
 Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu Tyr Gly His Val Thr

55 60 65

tcc ggt gca gtt gac ttc ggt gca tgg tgg aac tac tcc ttc acc cgc 355
 Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn Tyr Ser Phe Thr Arg

70 75 80 85

ctg ggc gga ctg acc atg acc gat acc gac cgt tgg gca agc cag gaa 403
 Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg Trp Ala Ser Gln Glu

90 95 100

gca gtg cgt tcc acc cct ggc aac atc gag ctg acc agc ttc tct gat 451
Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu Thr Ser Phe Ser Asp

105 110 115

cgt cgc gac cgc gca ttg ttc agc gaa gca tac gag gat cca gta tct 499
Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr Glu Asp Pro Val Ser

120 125 130

ggc atc ttc acc ggt cgc gct tct gtg ggc aac cca gag ttc acc gga 547
Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn Pro Glu Phe Thr Gly

135 140 145

cct att acc tac att ggc cag gaa gaa act cag acg gat gtt gat ctg 595
Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln Thr Asp Val Asp Leu

150 155 160 165

ctg aag aag ggc atg aac gca gcg gga gct acc gac ggc ttc gtt gca 643
Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr Asp Gly Phe Val Ala

170 175 180

gca cta tcc cca gga tct gca gct cga ttg acc aac aag ttc tac gac 691
Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr Asn Lys Phe Tyr Asp

185 190 195

act gat gaa gaa gtc gtc gca gca tgt gct gat gcg ctt tcc cag gaa 739
Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu

200 205 210

tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca 784
Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala

215 220 225

<210> 236

<211> 228

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 236

Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg

1 5 10 15

Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
20 25 30

Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
35 40 45

Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
50 55 60

Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
65 70 75 80

Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
85 90 95

Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
100 105 110

Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
115 120 125

Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
130 135 140

Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
145 150 155 160

Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
165 170 175

Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
180 185 190

Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
195 200 205

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

Gln Leu Asp Ala

225

<210> 237
 <211> 408
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(385)
 <223> RXC02238

<400> 237
 ggcgcttagc caaaacatag agcggtaggg tatgcttata cgattgagca acctttcccg 60

ctcttaacac tactgtccat atacttttga aaaggtgtca gtg acc aac gtg agc 115
 Val Thr Asn Val Ser

1 5

aac gag acc aac gcc acc aag gcc gtc ttc gat ccg cca gtg ggc att 163
 Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp Pro Pro Val Gly Ile

10 15 20

acc gct cct ccg atc gat gaa ctg ctg gat aag gtc act tcc aag tac 211
 Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys Val Thr Ser Lys Tyr

25 30 35

gcc ctc gtg atc ttc gca gcc aag cgt gcg cgc cag atc aac agc ttc 259
 Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg Gln Ile Asn Ser Phe

40 45 50

tac cat cag gca gat gag gga gta ttc gag ttc atc gga cca ttg gtt 307
 Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe Ile Gly Pro Leu Val

55 60 65

act ccg cag cca ggc gaa aag cca ctt tct att gct ctg cgt gag atc 355
 Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile Ala Leu Arg Glu Ile

70 75 80 85

aat gca ggt ctg ttg gac cac gag gaa ggt taaaagacct tataacttca 405
 Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly

90

95

cac

408

<210> 238

<211> 95

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 238

Val Thr Asn Val Ser Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp
1 5 10 15

Pro Pro Val Gly Ile Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys
20 25 30

Val Thr Ser Lys Tyr Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg
35 40 45

Gln Ile Asn Ser Phe Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe
50 55 60

Ile Gly Pro Leu Val Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile
65 70 75 80

Ala Leu Arg Glu Ile Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly
85 90 95

<210> 239

<211> 1827

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1804)

<223> RXC00128

<400> 239

ccattttccg ttggtcttg cctaaagaac cgcattggaaa ttatcgtgaa gcaccgatcc 60

cgttgatcgc tccagagaca ccgtgggaag gggagcagca gtg agt aaa att tcg 115
Val Ser Lys Ile Ser

	1	5	
acg aaa ctg aag gcc ctc acc gcg gtg ctg tct gtg acc act ctg gtg			163
Thr Lys Leu Lys Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser Val Thr Thr Leu Val			
	10	15	20
gct ggg tgt tcc acg ctt ccg cag aac acg gat ccg caa gtg ctg cgc			211
Ala Gly Cys Ser Thr Leu Pro Gln Asn Thr Asp Pro Gln Val Leu Arg			
	25	30	35
tca ttt tcc ggg tcc caa agc aca caa gag ata gca ggg ccg acc ccg			259
Ser Phe Ser Gly Ser Gln Ser Thr Gln Glu Ile Ala Gly Pro Thr Pro			
	40	45	50
aat caa gat ccg gat ttg ttg atc cgc ggc ttc ttc agc gca ggt gcg			307
Asn Gln Asp Pro Asp Leu Leu Ile Arg Gly Phe Phe Ser Ala Gly Ala			
	55	60	65
tat ccg act cag cag tat gaa gcg gcg aag gcg tat ctg acg gaa ggg			355
Tyr Pro Thr Gln Gln Tyr Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Leu Thr Glu Gly			
	70	75	80
			85
acg cgc agc acg tgg aat ccg gct gcg tcg act cgt att ttg gat cgc			403
Thr Arg Ser Thr Trp Asn Pro Ala Ala Ser Thr Arg Ile Leu Asp Arg			
	90	95	100
att gat ctg aac act ctg cca ggt tcg acg aat gcg gaa cga acg att			451
Ile Asp Leu Asn Thr Leu Pro Gly Ser Thr Asn Ala Glu Arg Thr Ile			
	105	110	115
gcg atc cgt gga acg cag gtc gga acg ttg ctc agc ggt ggc gtg tat			499
Ala Ile Arg Gly Thr Gln Val Gly Thr Leu Leu Ser Gly Gly Val Tyr			
	120	125	130
cag ccg gag aat gcg gag ttt gaa gct gag atc acg atg cgt cgg gaa			547
Gln Pro Glu Asn Ala Glu Phe Glu Ala Glu Ile Thr Met Arg Arg Glu			
	135	140	145
gat ggg gag tgg cgt atc gat gct ttg ccg gac ggg att tta tta gag			595
Asp Gly Glu Trp Arg Ile Asp Ala Leu Pro Asp Gly Ile Leu Leu Glu			

150	155	160	165	
aga aac gat ctg cgg aac cat tac act ccg cac gat gtg tat ttc ttt				643
Arg Asn Asp Leu Arg Asn His Tyr Thr Pro His Asp Val Tyr Phe Phe				
	170	175	180	
gat cct tct ggc cag gtg ttg gtg ggg gat cgg cgt tgg ttg ttc aat				691
Asp Pro Ser Gly Gln Val Leu Val Gly Asp Arg Arg Trp Leu Phe Asn				
	185	190	195	
gag tcg cag tcg atg tcc acg gtg ctg atg gcc ctt ctg gtt aat ggt				739
Glu Ser Gln Ser Met Ser Thr Val Leu Met Ala Leu Leu Val Asn Gly				
	200	205	210	
cct tcg ccg gca att tct cct ggt gtg gtc aat cag ctg tcc acg gat				787
Pro Ser Pro Ala Ile Ser Pro Gly Val Val Asn Gln Leu Ser Thr Asp				
	215	220	225	
gcg tcg ttc gtg ggg ttc aat gat ggg gag tat cag ttc act ggt ttg				835
Ala Ser Phe Val Gly Phe Asn Asp Gly Glu Tyr Gln Phe Thr Gly Leu				
230	235	240	245	
gga aat ttg gat gat gat gcg cgt ttg cgt ttc gcc gcc cag gcc gtg				883
Gly Asn Leu Asp Asp Asp Ala Arg Leu Arg Phe Ala Ala Gln Ala Val				
	250	255	260	
tgg acg ttg gcg cat gct gat gtc gca ggc ccc tac act ttg gtc gct				931
Trp Thr Leu Ala His Ala Asp Val Ala Gly Pro Tyr Thr Leu Val Ala				
	265	270	275	
gac ggc gcg ccg ttg ctg tcg gag ttc cca acg ctc acc acc gat gac				979
Asp Gly Ala Pro Leu Leu Ser Glu Phe Pro Thr Leu Thr Thr Asp Asp				
	280	285	290	
ctc gcc gaa tac aac cca gag gct tac acc aac acg gtg tcc acg ttg				1027
Leu Ala Glu Tyr Asn Pro Glu Ala Tyr Thr Asn Thr Val Ser Thr Leu				
	295	300	305	
ttt gcg ttg cag gat gga tcg ttg tcg agg gtc agt tcc ggc aat gtg				1075
Phe Ala Leu Gln Asp Gly Ser Leu Ser Arg Val Ser Ser Gly Asn Val				

310	315	320	325	
agt cca cta cag ggc att tgg agc ggt gga gat atc gat tct gca gcg				1123
Ser Pro Leu Gln Gly Ile Trp Ser Gly Gly Asp Ile Asp Ser Ala Ala				
	330	335	340	
att tcc tcc tcc gcc aat gtg gtg gca gcg gta cgc cac gaa aac aac				1171
Ile Ser Ser Ser Ala Asn Val Val Ala Ala Val Arg His Glu Asn Asn				
	345	350	355	
gag gca gtg ctt act gtt ggc tcc atg gaa ggc gtg act tca gat gcg				1219
Glu Ala Val Leu Thr Val Gly Ser Met Glu Gly Val Thr Ser Asp Ala				
	360	365	370	
ttg agg agt gaa acg atc act cgt ccc acc ttt gaa tac gcg tcg agt				1267
Leu Arg Ser Glu Thr Ile Thr Arg Pro Thr Phe Glu Tyr Ala Ser Ser				
	375	380	385	
ggg ttg tgg gct gtg gtg gat ggg gag acg cct gtc cga gtc gca cga				1315
Gly Leu Trp Ala Val Val Asp Gly Glu Thr Pro Val Arg Val Ala Arg				
390	395	400	405	
tcg gca aca acc ggt gag ctc gtc cag acg gag gcg gag att gtg ctg				1363
Ser Ala Thr Thr Gly Glu Leu Val Gln Thr Glu Ala Glu Ile Val Leu				
	410	415	420	
cca agg gat gtg acg ggt ccg atc tct gaa ttc caa ctg tca cga act				1411
Pro Arg Asp Val Thr Gly Pro Ile Ser Glu Phe Gln Leu Ser Arg Thr				
	425	430	435	
ggg gtc cgg gcc gcc atg atc att gaa ggc aag gtg tac gtg ggc gtc				1459
Gly Val Arg Ala Ala Met Ile Ile Glu Gly Lys Val Tyr Val Gly Val				
	440	445	450	
gta acg cgt cct ggt ccg ggc gag cgg cgc gtg aca aat atc acg gag				1507
Val Thr Arg Pro Gly Pro Gly Glu Arg Arg Val Thr Asn Ile Thr Glu				
	455	460	465	
gtg gcg ccg agc ttg ggc gag gcg gcg ctg tcg atc aac tgg cgc cca				1555
Val Ala Pro Ser Leu Gly Glu Ala Ala Leu Ser Ile Asn Trp Arg Pro				

470	475	480	485	
gac ggc att ttg ctt gtg ggc acg tca att cca gag acg ccg ctg tgg				1603
Asp Gly Ile Leu Leu Val Gly Thr Ser Ile Pro Glu Thr Pro Leu Trp				
	490	495	500	
cgc gtc gag cag gac gga tcg gcg att tcg tcg atg ccg agc ggg aat				1651
Arg Val Glu Gln Asp Gly Ser Ala Ile Ser Ser Met Pro Ser Gly Asn				
	505	510	515	
ctc agc gcg ccg gtg gtg gcg gtg gca agt tcc gcg acg acg gtc tac				1699
Leu Ser Ala Pro Val Val Ala Val Ala Ser Ser Ala Thr Thr Val Tyr				
	520	525	530	
gtc act gat tcg cat gcg atg ctt cag ctg ccg act gcc gat aat gat				1747
Val Thr Asp Ser His Ala Met Leu Gln Leu Pro Thr Ala Asp Asn Asp				
	535	540	545	
att tgg cgc gag gtg ccc ggt ttg ctg ggc acg cgt gcg gcg ccg gtg				1795
Ile Trp Arg Glu Val Pro Gly Leu Leu Gly Thr Arg Ala Ala Pro Val				
550	555	560	565	
gtt gcg tac tgatggagct gttcttcccg cgc				1827
Val Ala Tyr				

<210> 240
 <211> 568
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 240
 Val Ser Lys Ile Ser Thr Lys Leu Lys Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser
 1 5 10 15

Val Thr Thr Leu Val Ala Gly Cys Ser Thr Leu Pro Gln Asn Thr Asp
 20 25 30

Pro Gln Val Leu Arg Ser Phe Ser Gly Ser Gln Ser Thr Gln Glu Ile
 35 40 45

Ala Gly Pro Thr Pro Asn Gln Asp Pro Asp Leu Leu Ile Arg Gly Phe

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

275	280	285
Leu Thr Thr Asp Asp Leu Ala Glu Tyr Asn Pro Glu Ala Tyr Thr Asn		
290	295	300
Thr Val Ser Thr Leu Phe Ala Leu Gln Asp Gly Ser Leu Ser Arg Val		
305	310	315
Ser Ser Gly Asn Val Ser Pro Leu Gln Gly Ile Trp Ser Gly Gly Asp		
325	330	335
Ile Asp Ser Ala Ala Ile Ser Ser Ser Ala Asn Val Val Ala Ala Val		
340	345	350
Arg His Glu Asn Asn Glu Ala Val Leu Thr Val Gly Ser Met Glu Gly		
355	360	365
Val Thr Ser Asp Ala Leu Arg Ser Glu Thr Ile Thr Arg Pro Thr Phe		
370	375	380
Glu Tyr Ala Ser Ser Gly Leu Trp Ala Val Val Asp Gly Glu Thr Pro		
385	390	395
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
Ile Asn Trp Arg Pro Asp Gly Ile Leu Leu Val Gly Thr Ser Ile Pro		
485	490	495
Glu Thr Pro Leu Trp Arg Val Glu Gln Asp Gly Ser Ala Ile Ser Ser		

500 505 510

Met Pro Ser Gly Asn Leu Ser Ala Pro Val Val Ala Val Ala Ser Ser
515 520 525

Ala Thr Thr Val Tyr Val Thr Asp Ser His Ala Met Leu Gln Leu Pro
530 535 540

Thr Ala Asp Asn Asp Ile Trp Arg Glu Val Pro Gly Leu Leu Gly Thr
545 550 555 560

Arg Ala Ala Pro Val Val Ala Tyr
565

<210> 241
<211> 1344
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1321)
<223> RXA02240

<400> 241
cagctagacc actgacattg cagttttaga cagcttggtc tatattgggt ttttgatttt 60

aagactatatt attctcaact tcttcgaaag aagggtattt gtg gct cag cca acc 115
Val Ala Gln Pro Thr
1 5

gcc gtc cgt ttg ttc acc agt gaa tct gta act gag gga cat cca gac 163
Ala Val Arg Leu Phe Thr Ser Glu Ser Val Thr Glu Gly His Pro Asp
10 15 20

aaa ata tgt gat gct att tcc gat acc att ttg gac gcg ctg ctc gaa 211
Lys Ile Cys Asp Ala Ile Ser Asp Thr Ile Leu Asp Ala Leu Leu Glu
25 30 35

aaa gat ccg cag tcg cgc gtc gca gtg gaa act gtg gtc acc acc gga 259
Lys Asp Pro Gln Ser Arg Val Ala Val Glu Thr Val Val Thr Thr Gly

40	45	50	
atc gtc cat gtt gtt ggc gag gtc cgt acc agc gct tac gta gag atc			307
Ile Val His Val Val Gly Glu Val Arg Thr Ser Ala Tyr Val Glu Ile			
55	60	65	
cct caa tta gtc cgc aac aag ctc atc gaa atc gga ttc aac tcc tct			355
Pro Gln Leu Val Arg Asn Lys Leu Ile Glu Ile Gly Phe Asn Ser Ser			
70	75	80	85
gag gtt gga ttc gac gga cgc acc tgt ggc gtc tca gta tcc atc ggt			403
Glu Val Gly Phe Asp Gly Arg Thr Cys Gly Val Ser Val Ser Ile Gly			
90	95	100	
gag cag tcc cag gaa atc gct gac ggc gtg gat aac tcc gac gaa gcc			451
Glu Gln Ser Gln Glu Ile Ala Asp Gly Val Asp Asn Ser Asp Glu Ala			
105	110	115	
cgc acc aac ggc gac gtt gaa gaa gac gac cgc gca ggt gct ggc gac			499
Arg Thr Asn Gly Asp Val Glu Glu Asp Asp Arg Ala Gly Ala Gly Asp			
120	125	130	
cag ggc ctg atg ttc ggc tac gcc acc aac gaa acc gaa gag tac atg			547
Gln Gly Leu Met Phe Gly Tyr Ala Thr Asn Glu Thr Glu Glu Tyr Met			
135	140	145	
cct ctt cct atc gcg ttg gcg cac cga ctg tca cgt cgt ctg acc cag			595
Pro Leu Pro Ile Ala Leu Ala His Arg Leu Ser Arg Arg Leu Thr Gln			
150	155	160	165
gtt cgt aaa gag ggc atc gtt cct cac ctg cgt cca gac gga aaa acc			643
Val Arg Lys Glu Gly Ile Val Pro His Leu Arg Pro Asp Gly Lys Thr			
170	175	180	
cag gtc acc ttc gca tac gat gcg caa gac cgc cct agc cac ctg gat			691
Gln Val Thr Phe Ala Tyr Asp Ala Gln Asp Arg Pro Ser His Leu Asp			
185	190	195	
acc gtt gtc atc tcc acc cag cac gac cca gaa gtt gac cgt gca tgg			739
Thr Val Val Ile Ser Thr Gln His Asp Pro Glu Val Asp Arg Ala Trp			

200	205	210	
ttg gaa acc caa ctg cgc gaa cac gtc att gat tgg gta atc aaa gac			787
Leu Glu Thr Gln Leu Arg Glu His Val Ile Asp Trp Val Ile Lys Asp			
215	220	225	
gca ggc att gag gat ctg gca acc ggt gag atc acc gtg ttg atc aac			835
Ala Gly Ile Glu Asp Leu Ala Thr Gly Glu Ile Thr Val Leu Ile Asn			
230	235	240	245
cct tca ggt tcc ttc att ctg ggt ggc ccc atg ggt gat gcg ggt ctg			883
Pro Ser Gly Ser Phe Ile Leu Gly Gly Pro Met Gly Asp Ala Gly Leu			
250	255	260	
acc ggc cgc aag atc atc gtg gat acc tac ggt ggc atg gct cgc cat			931
Thr Gly Arg Lys Ile Ile Val Asp Thr Tyr Gly Gly Met Ala Arg His			
265	270	275	
ggt ggt gga gca ttc tcc ggt aag gat cca agc aag gtg gac cgc tct			979
Gly Gly Gly Ala Phe Ser Gly Lys Asp Pro Ser Lys Val Asp Arg Ser			
280	285	290	
gct gca tac gcc atg cgt tgg gta gca aag aac atc gtg gca gca ggc			1027
Ala Ala Tyr Ala Met Arg Trp Val Ala Lys Asn Ile Val Ala Ala Gly			
295	300	305	
ctt gct gat cgc gct gaa gtt cag gtt gca tac gcc att gga cgc gca			1075
Leu Ala Asp Arg Ala Glu Val Gln Val Ala Tyr Ala Ile Gly Arg Ala			
310	315	320	325
aag cca gtc gga ctt tac gtt gaa acc ttt gac acc aac aag gaa ggc			1123
Lys Pro Val Gly Leu Tyr Val Glu Thr Phe Asp Thr Asn Lys Glu Gly			
330	335	340	
ctg agc gac gag cag att cag gct gcc gtg ttg gag gtc ttt gac ctg			1171
Leu Ser Asp Glu Gln Ile Gln Ala Ala Val Leu Glu Val Phe Asp Leu			
345	350	355	
cgt cca gca gca att atc cgt gag ctt gat ctg ctt cgt ccg atc tac			1219
Arg Pro Ala Ala Ile Ile Arg Glu Leu Asp Leu Leu Arg Pro Ile Tyr			

360 365 370

gct gac act gct gcc tac ggc cac ttt ggt cgc act gat ttg gac ctt 1267
Ala Asp Thr Ala Ala Tyr Gly His Phe Gly Arg Thr Asp Leu Asp Leu

375 380 385

cct tgg gag gct atc gac cgc gtt gat gaa ctt cgc gca gcc ctc aag 1315
Pro Trp Glu Ala Ile Asp Arg Val Asp Glu Leu Arg Ala Ala Leu Lys

390 395 400 405

ttg gcc taaaaatctg atgtagtattc ttc 1344
Leu Ala

<210> 242
<211> 407
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 242
Val Ala Gln Pro Thr Ala Val Arg Leu Phe Thr Ser Glu Ser Val Thr
1 5 10 15

Glu Gly His Pro Asp Lys Ile Cys Asp Ala Ile Ser Asp Thr Ile Leu
20 25 30

Asp Ala Leu Leu Glu Lys Asp Pro Gln Ser Arg Val Ala Val Glu Thr
35 40 45

Val Val Thr Thr Gly Ile Val His Val Val Gly Glu Val Arg Thr Ser
50 55 60

Ala Tyr Val Glu Ile Pro Gln Leu Val Arg Asn Lys Leu Ile Glu Ile
65 70 75 80

Gly Phe Asn Ser Ser Glu Val Gly Phe Asp Gly Arg Thr Cys Gly Val
85 90 95

Ser Val Ser Ile Gly Glu Gln Ser Gln Glu Ile Ala Asp Gly Val Asp
100 105 110

Asn Ser Asp Glu Ala Arg Thr Asn Gly Asp Val Glu Glu Asp Asp Arg

115	120	125
Ala Gly Ala Gly Asp Gln Gly Leu Met Phe Gly Tyr Ala Thr Asn Glu		
130	135	140
Thr Glu Glu Tyr Met Pro Leu Pro Ile Ala Leu Ala His Arg Leu Ser		
145	150	155
		160
Arg Arg Leu Thr Gln Val Arg Lys Glu Gly Ile Val Pro His Leu Arg		
	165	170
		175
Pro Asp Gly Lys Thr Gln Val Thr Phe Ala Tyr Asp Ala Gln Asp Arg		
	180	185
		190
Pro Ser His Leu Asp Thr Val Val Ile Ser Thr Gln His Asp Pro Glu		
	195	200
		205
Val Asp Arg Ala Trp Leu Glu Thr Gln Leu Arg Glu His Val Ile Asp		
	210	215
		220
Trp Val Ile Lys Asp Ala Gly Ile Glu Asp Leu Ala Thr Gly Glu Ile		
225	230	235
		240
Thr Val Leu Ile Asn Pro Ser Gly Ser Phe Ile Leu Gly Gly Pro Met		
	245	250
		255
Gly Asp Ala Gly Leu Thr Gly Arg Lys Ile Ile Val Asp Thr Tyr Gly		
	260	265
		270
Gly Met Ala Arg His Gly Gly Gly Ala Phe Ser Gly Lys Asp Pro Ser		
	275	280
		285
Lys Val Asp Arg Ser Ala Ala Tyr Ala Met Arg Trp Val Ala Lys Asn		
	290	295
		300
Ile Val Ala Ala Gly Leu Ala Asp Arg Ala Glu Val Gln Val Ala Tyr		
305	310	315
		320
Ala Ile Gly Arg Ala Lys Pro Val Gly Leu Tyr Val Glu Thr Phe Asp		
	325	330
		335
Thr Asn Lys Glu Gly Leu Ser Asp Glu Gln Ile Gln Ala Ala Val Leu		

340 345 350

Glu Val Phe Asp Leu Arg Pro Ala Ala Ile Ile Arg Glu Leu Asp Leu
355 360 365

Leu Arg Pro Ile Tyr Ala Asp Thr Ala Ala Tyr Gly His Phe Gly Arg
370 375 380

Thr Asp Leu Asp Leu Pro Trp Glu Ala Ile Asp Arg Val Asp Glu Leu
385 390 395 400

Arg Ala Ala Leu Lys Leu Ala
405

<210> 243
<211> 669
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(646)
<223> RXA00780

<400> 243
ccttttaagt ccttctttgc ccgtgaataa ttctctggat agtttccacg tgcagttaag 60

tcacgctggt agacttgccct gcatgctctc gacaataaaa atg atc cgt gaa gat 115
Met Ile Arg Glu Asp
1 5

ctc gca aac gct cgt gaa cac gat cca gca gcc cga ggc gat tta gaa 163
Leu Ala Asn Ala Arg Glu His Asp Pro Ala Ala Arg Gly Asp Leu Glu
10 15 20

aac gca gtg gtt tac tcc gga ctc cac gcc atc tgg gca cat cga gtt 211
Asn Ala Val Val Tyr Ser Gly Leu His Ala Ile Trp Ala His Arg Val
25 30 35

gcc aac agc tgg tgg aaa tcc ggt ttc cgc ggc ccc gcc cgc gta tta 259
Ala Asn Ser Trp Trp Lys Ser Gly Phe Arg Gly Pro Ala Arg Val Leu

40	45	50	
gcc caa ttc acc cga ttc ctc acc ggc att gaa att cac ccc ggt gcc			307
Ala Gln Phe Thr Arg Phe Leu Thr Gly Ile Glu Ile His Pro Gly Ala			
55	60	65	
acc att ggt cgt cgc ttt ttt att gac cac gga atg gga atc gtc atc			355
Thr Ile Gly Arg Arg Phe Phe Ile Asp His Gly Met Gly Ile Val Ile			
70	75	80	85
ggc gaa acc gct gaa atc ggc gaa ggc gtc atg ctc tac cac ggc gtc			403
Gly Glu Thr Ala Glu Ile Gly Glu Gly Val Met Leu Tyr His Gly Val			
90	95	100	
acc ctc ggc gga cag gtt ctc acc caa acc aag cgc cac ccc acg ctc			451
Thr Leu Gly Gly Gln Val Leu Thr Gln Thr Lys Arg His Pro Thr Leu			
105	110	115	
tgc gac aac gtg aca gtc ggc gcg ggc gca aaa atc tta ggt ccc atc			499
Cys Asp Asn Val Thr Val Gly Ala Gly Ala Lys Ile Leu Gly Pro Ile			
120	125	130	
acc atc ggc gaa ggc tcc gca att ggc gcc aat gca gtt gtc acc aaa			547
Thr Ile Gly Glu Gly Ser Ala Ile Gly Ala Asn Ala Val Val Thr Lys			
135	140	145	
gac gtg ccg gca gaa cac atc gca gtc gga att cct gcg gta gca cgc			595
Asp Val Pro Ala Glu His Ile Ala Val Gly Ile Pro Ala Val Ala Arg			
150	155	160	165
cca cgt ggc aag aca gag aag atc aag ctc gtc gat ccg gac tat tac			643
Pro Arg Gly Lys Thr Glu Lys Ile Lys Leu Val Asp Pro Asp Tyr Tyr			
170	175	180	
att taagaacagt tagcgcccta cct			669
Ile			

<210> 244
 <211> 182
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 244

Met Ile Arg Glu Asp Leu Ala Asn Ala Arg Glu His Asp Pro Ala Ala
1 5 10 15

Arg Gly Asp Leu Glu Asn Ala Val Val Tyr Ser Gly Leu His Ala Ile
20 25 30

Trp Ala His Arg Val Ala Asn Ser Trp Trp Lys Ser Gly Phe Arg Gly
35 40 45

Pro Ala Arg Val Leu Ala Gln Phe Thr Arg Phe Leu Thr Gly Ile Glu
50 55 60

Ile His Pro Gly Ala Thr Ile Gly Arg Arg Phe Phe Ile Asp His Gly
65 70 75 80

Met Gly Ile Val Ile Gly Glu Thr Ala Glu Ile Gly Glu Gly Val Met
85 90 95

Leu Tyr His Gly Val Thr Leu Gly Gly Gln Val Leu Thr Gln Thr Lys
100 105 110

Arg His Pro Thr Leu Cys Asp Asn Val Thr Val Gly Ala Gly Ala Lys
115 120 125

Ile Leu Gly Pro Ile Thr Ile Gly Glu Gly Ser Ala Ile Gly Ala Asn
130 135 140

Ala Val Val Thr Lys Asp Val Pro Ala Glu His Ile Ala Val Gly Ile
145 150 155 160

Pro Ala Val Ala Arg Pro Arg Gly Lys Thr Glu Lys Ile Lys Leu Val
165 170 175

Asp Pro Asp Tyr Tyr Ile
180

<210> 245

<211> 1056

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1033)

<223> RXA00779

<400> 245

cagaggccac ttcaagtaga tgtttcgtaa ttgtttacag cgtttacgca agcggtcgac 60

caacaaaaac agcacttcaa tgattggagc accaccgcac atg ggc aat gtg tac 115
Met Gly Asn Val Tyr

1 5

aac aac atc acc gaa acc atc ggc cac acc cca ctg gta aag ctg aac 163
Asn Asn Ile Thr Glu Thr Ile Gly His Thr Pro Leu Val Lys Leu Asn

10 15 20

aag ctc acc gaa ggc ctc gac gca act gtc ctg gtc aag ctt gag tca 211
Lys Leu Thr Glu Gly Leu Asp Ala Thr Val Leu Val Lys Leu Glu Ser

25 30 35

ttc aac cca gca aac tcc gtc aag gac cgt atc ggt ctg gcc atc gtt 259
Phe Asn Pro Ala Asn Ser Val Lys Asp Arg Ile Gly Leu Ala Ile Val

40 45 50

gaa gat gca gag aag tcc ggt gca ctg aag cca ggc ggc acc atc gtt 307
Glu Asp Ala Glu Lys Ser Gly Ala Leu Lys Pro Gly Gly Thr Ile Val

55 60 65

gaa gca acc tcc ggc aac acc ggt atc gca ctg gca atg gtc ggc gct 355
Glu Ala Thr Ser Gly Asn Thr Gly Ile Ala Leu Ala Met Val Gly Ala

70 75 80 85

gca cgc gga tac aac gtt gtt ctc acc atg ccg gag acc atg tcc aac 403
Ala Arg Gly Tyr Asn Val Val Leu Thr Met Pro Glu Thr Met Ser Asn

90 95 100

gag cgt cgc gtt ctc ctc cgc gct tac ggt gca gag atc gtt ctt acc 451
Glu Arg Arg Val Leu Leu Arg Ala Tyr Gly Ala Glu Ile Val Leu Thr

105 110 115

cca ggt gca gca ggc atg cag ggt gca aag gac aag gca gac gaa atc 499
Pro Gly Ala Ala Gly Met Gln Gly Ala Lys Asp Lys Ala Asp Glu Ile

120 125 130

gtc gct gaa cgc gaa aac gca gtc ctt gct cgc cag ttc gag aac gag 547
Val Ala Glu Arg Glu Asn Ala Val Leu Ala Arg Gln Phe Glu Asn Glu

135 140 145

gca aac cca cgc gtc aac cgc gac acc acc gcg aag gaa atc ctc gaa 595
Ala Asn Pro Arg Val Asn Arg Asp Thr Thr Ala Lys Glu Ile Leu Glu

150 155 160 165

gac acc gac ggc acc gtt gat atc ttc gtt gca agc ttc ggc acc ggc 643
Asp Thr Asp Gly Thr Val Asp Ile Phe Val Ala Ser Phe Gly Thr Gly

170 175 180

gga acc gtc acc ggc gtt ggc cag gtc ctg aag gaa aac aac gca gac 691
Gly Thr Val Thr Gly Val Gly Gln Val Leu Lys Glu Asn Asn Ala Asp

185 190 195

gta cag gtc tac acc gtc gag cca gaa gcg tcc cca ctt ctg acc gct 739
Val Gln Val Tyr Thr Val Glu Pro Glu Ala Ser Pro Leu Leu Thr Ala

200 205 210

ggc aag gct ggt cca cac aag atc cag ggc atc ggc gca aac ttc atc 787
Gly Lys Ala Gly Pro His Lys Ile Gln Gly Ile Gly Ala Asn Phe Ile

215 220 225

ccc gag gtc ctg gac cgc aag gtt ctc gac gac gtg ctg acc gtc tcc 835
Pro Glu Val Leu Asp Arg Lys Val Leu Asp Asp Val Leu Thr Val Ser

230 235 240 245

aac gaa gac gca atc gca ttc tcc cgc aag ctc gct acc gaa gag ggc 883
Asn Glu Asp Ala Ile Ala Phe Ser Arg Lys Leu Ala Thr Glu Glu Gly

250 255 260

atc ctc ggc ggt atc tcc acc ggc gca aac atc aag gca gct ctt gac 931
Ile Leu Gly Gly Ile Ser Thr Gly Ala Asn Ile Lys Ala Ala Leu Asp

265 270 275

ctt gca gca aag cca gag aac gct ggc aaa acc atc gtc acc gtt gtc 979
Leu Ala Ala Lys Pro Glu Asn Ala Gly Lys Thr Ile Val Thr Val Val

280 285 290

acc gac ttc ggc gag cgc tac gtc tcc acc gtt ctt tac gaa gac atc 1027
Thr Asp Phe Gly Glu Arg Tyr Val Ser Thr Val Leu Tyr Glu Asp Ile

295 300 305

cgc gac taattcttag cgactgttaa cca 1056
Arg Asp

310

<210> 246
<211> 311
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 246
Met Gly Asn Val Tyr Asn Asn Ile Thr Glu Thr Ile Gly His Thr Pro
1 5 10 15

Leu Val Lys Leu Asn Lys Leu Thr Glu Gly Leu Asp Ala Thr Val Leu
20 25 30

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

Gly Leu Ala Ile Val Glu Asp Ala Glu Lys Ser Gly Ala Leu Lys Pro
50 55 60

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

Ala Met Val Gly Ala Ala Arg Gly Tyr Asn Val Val Leu Thr Met Pro
85 90 95

Glu Thr Met Ser Asn Glu Arg Arg Val Leu Leu Arg Ala Tyr Gly Ala
100 105 110

Glu Ile Val Leu Thr Pro Gly Ala Ala Gly Met Gln Gly Ala Lys Asp

115	120	125
Lys Ala Asp Glu Ile Val Ala Glu Arg Glu Asn Ala Val Leu Ala Arg		
130	135	140
Gln Phe Glu Asn Glu Ala Asn Pro Arg Val Asn Arg Asp Thr Thr Ala		
145	150	155
Lys Glu Ile Leu Glu Asp Thr Asp Gly Thr Val Asp Ile Phe Val Ala		
165	170	175
Ser Phe Gly Thr Gly Gly Thr Val Thr Gly Val Gly Gln Val Leu Lys		
180	185	190
Glu Asn Asn Ala Asp Val Gln Val Tyr Thr Val Glu Pro Glu Ala Ser		
195	200	205
Pro Leu Leu Thr Ala Gly Lys Ala Gly Pro His Lys Ile Gln Gly Ile		
210	215	220
Gly Ala Asn Phe Ile Pro Glu Val Leu Asp Arg Lys Val Leu Asp Asp		
225	230	235
Val Leu Thr Val Ser Asn Glu Asp Ala Ile Ala Phe Ser Arg Lys Leu		
245	250	255
Ala Thr Glu Glu Gly Ile Leu Gly Gly Ile Ser Thr Gly Ala Asn Ile		
260	265	270
Lys Ala Ala Leu Asp Leu Ala Ala Lys Pro Glu Asn Ala Gly Lys Thr		
275	280	285
Ile Val Thr Val Val Thr Asp Phe Gly Glu Arg Tyr Val Ser Thr Val		
290	295	300
Leu Tyr Glu Asp Ile Arg Asp		
305	310	

<210> 247

<211> 623

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(600)

<223> RXN00402

<400> 247

act gac gaa aag gat gga aag cca gta ttg ccc tac ttc gtc act cca 48
Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro

1 5 10 15

gat gct gct tac cac gga ttg aag tac gca gac ctt ggt gca cca gcc 96
Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala

20 25 30

ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc 144
Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr

35 40 45

ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct gca gtc cag ggc atc gac acc ctt 192
Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu

50 55 60

tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa 240
Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu

65 70 75 80

ttc ctc aac aac cac gag aag gtg gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg 288
Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu

85 90 95

aag gat tcc cct tgg tac gca acc aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac 336
Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr

100 105 110

acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag atc aag ggc ggc aag gat gag gct 384
Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala

115 120 125

tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag cta cac tcc aac ctt gca aac atc 432

Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile

130 135 140

ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt cac cca gca acc acc acc cat tca 480
Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser

145 150 155 160

cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc 528
Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr

165 170 175

gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag acc att gat gat atc atc gct gac 576
Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp

180 185 190

ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc tagctttaaa tagactcacc cca 623
Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

195 200

<210> 248

<211> 200

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 248

Thr Asp Glu Lys Asp Gly Lys Pro Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro
1 5 10 15

Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala
20 25 30

Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr
35 40 45

Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu
50 55 60

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

Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu

85

90

95

Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr
100 105 110

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

Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile
130 135 140

Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser
145 150 155 160

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

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

Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile
195 200

<210> 249

<211> 599

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(576)

<223> FRXA00402

<400> 249

gta ttg ccc tac ttc gtc act cca gat gct gct tac cac gga ttg aag 48
Val Leu Pro Tyr Phe Val Thr Pro Asp Ala Ala Tyr His Gly Leu Lys

1

5

10

15

tac gca gac ctt ggt gca cca gcc ttc ggc ctc aag gtt cgc gtt ggc 96
Tyr Ala Asp Leu Gly Ala Pro Ala Phe Gly Leu Lys Val Arg Val Gly

20

25

30

ctt cta cgc gac acc ggc tcc acc ctc tcc gca ttc aac gca tgg gct 144
Leu Leu Arg Asp Thr Gly Ser Thr Leu Ser Ala Phe Asn Ala Trp Ala

35 40 45

gca gtc cag ggc atc gac acc ctt tcc ctg cgc ctg gag cgc cac aac 192
Ala Val Gln Gly Ile Asp Thr Leu Ser Leu Arg Leu Glu Arg His Asn

50 55 60

gaa aac gcc atc aag gtt gca gaa ttc ctc aac aac cac gag aag gtg 240
Glu Asn Ala Ile Lys Val Ala Glu Phe Leu Asn Asn His Glu Lys Val

65 70 75 80

gaa aag gtt aac ttc gca ggc ctg aag gat tcc cct tgg tac gca acc 288
Glu Lys Val Asn Phe Ala Gly Leu Lys Asp Ser Pro Trp Tyr Ala Thr

85 90 95

aag gaa aag ctt ggc ctg aag tac acc ggc tcc gtt ctc acc ttc gag 336
Lys Glu Lys Leu Gly Leu Lys Tyr Thr Gly Ser Val Leu Thr Phe Glu

100 105 110

atc aag ggc ggc aag gat gag gct tgg gca ttt atc gac gcc ctg aag 384
Ile Lys Gly Gly Lys Asp Glu Ala Trp Ala Phe Ile Asp Ala Leu Lys

115 120 125

cta cac tcc aac ctt gca aac atc ggc gat gtt cgc tcc ctc gtt gtt 432
Leu His Ser Asn Leu Ala Asn Ile Gly Asp Val Arg Ser Leu Val Val

130 135 140

cac cca gca acc acc acc cat tca cag tcc gac gaa gct ggc ctg gca 480
His Pro Ala Thr Thr Thr His Ser Gln Ser Asp Glu Ala Gly Leu Ala

145 150 155 160

cgc gcg ggc gtt acc cag tcc acc gtc cgc ctg tcc gtt ggc atc gag 528
Arg Ala Gly Val Thr Gln Ser Thr Val Arg Leu Ser Val Gly Ile Glu

165 170 175

acc att gat gat atc atc gct gac ctc gaa ggc ggc ttt gct gca atc 576
Thr Ile Asp Asp Ile Ile Ala Asp Leu Glu Gly Gly Phe Ala Ala Ile

180 185 190

tagctttaaa tagactcacc cca

599

<210> 250

<211> 192

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 250

Val	Leu	Pro	Tyr	Phe	Val	Thr	Pro	Asp	Ala	Ala	Tyr	His	Gly	Leu	Lys
1				5					10					15	

Tyr	Ala	Asp	Leu	Gly	Ala	Pro	Ala	Phe	Gly	Leu	Lys	Val	Arg	Val	Gly
			20					25					30		

Leu	Leu	Arg	Asp	Thr	Gly	Ser	Thr	Leu	Ser	Ala	Phe	Asn	Ala	Trp	Ala
		35					40					45			

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

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

Glu	Lys	Val	Asn	Phe	Ala	Gly	Leu	Lys	Asp	Ser	Pro	Trp	Tyr	Ala	Thr
			85						90					95	

Lys	Glu	Lys	Leu	Gly	Leu	Lys	Tyr	Thr	Gly	Ser	Val	Leu	Thr	Phe	Glu
		100					105						110		

Ile	Lys	Gly	Gly	Lys	Asp	Glu	Ala	Trp	Ala	Phe	Ile	Asp	Ala	Leu	Lys
		115					120					125			

Leu	His	Ser	Asn	Leu	Ala	Asn	Ile	Gly	Asp	Val	Arg	Ser	Leu	Val	Val
	130					135					140				

His	Pro	Ala	Thr	Thr	Thr	His	Ser	Gln	Ser	Asp	Glu	Ala	Gly	Leu	Ala
145				150						155				160	

Arg	Ala	Gly	Val	Thr	Gln	Ser	Thr	Val	Arg	Leu	Ser	Val	Gly	Ile	Glu
		165						170					175		

Thr	Ile	Asp	Asp	Ile	Ile	Ala	Asp	Leu	Glu	Gly	Gly	Phe	Ala	Ala	Ile

180

185

190

<210> 251

<211> 613

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(613)

<223> RXS00405

<400> 251

agaataaatt tataccacac agtctattgc aatagaccaa gctgttcagt aggggtgcatg 60

ggagaagaat ttctaataa aaactcttaa ggacctccaa atg cca aag tac gac 115
Met Pro Lys Tyr Asp

1

5

aat tcc aat gct gac cag tgg ggc ttt gaa acc cgc tcc att cac gca 163
Asn Ser Asn Ala Asp Gln Trp Gly Phe Glu Thr Arg Ser Ile His Ala

10

15

20

ggc cag tca gta gac gca cag acc agc gca cga aac ctt ccg atc tac 211
Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg Asn Leu Pro Ile Tyr

25

30

35

caa tcc acc gct ttc gtg ttc gac tcc gct gag cac gcc aag cag cgt 259
Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu His Ala Lys Gln Arg

40

45

50

ttc gca ctt gag gat cta ggc cct gtt tac tcc cgc ctc acc aac cca 307
Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser Arg Leu Thr Asn Pro

55

60

65

acc gtt gag gct ttg gaa aac cgc atc gct tcc ctc gaa ggt ggc gtc 355
Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser Leu Glu Gly Gly Val

70

75

80

85

cac gct gta gcg ttc tcc tcc gga cag gcc gca acc acc aac gcc att 403

His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala Thr Thr Asn Ala Ile

90 95 100

ttg aac ctg gca gga gcg ggc gac cac atc gtc acc tcc cca cgc etc 451
Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val Thr Ser Pro Arg Leu

105 110 115

tac ggt ggc acc gag act cta ttc ctt atc act ctt aac cgc ctg ggt 499
Tyr Gly Gly Thr Glu Thr Leu Phe Leu Ile Thr Leu Asn Arg Leu Gly

120 125 130

atc gat gtt tcc ttc gtg gaa aac ccc gac gac cct gag tcc tgg cag 547
Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp Pro Glu Ser Trp Gln

135 140 145

gca gcc gtt cag cca aac acc aaa gca ttc ttc ggc gag act ttc gcc 595
Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe Gly Glu Thr Phe Ala

150 155 160 165

aac cca cag gca gac gtc 613
Asn Pro Gln Ala Asp Val

170

<210> 252

<211> 171

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 252

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

Arg Ser Ile His Ala Gly Gln Ser Val Asp Ala Gln Thr Ser Ala Arg
20 25 30

Asn Leu Pro Ile Tyr Gln Ser Thr Ala Phe Val Phe Asp Ser Ala Glu
35 40 45

His Ala Lys Gln Arg Phe Ala Leu Glu Asp Leu Gly Pro Val Tyr Ser
50 55 60

Arg Leu Thr Asn Pro Thr Val Glu Ala Leu Glu Asn Arg Ile Ala Ser
65 70 75 80

Leu Glu Gly Gly Val His Ala Val Ala Phe Ser Ser Gly Gln Ala Ala
85 90 95

Thr Thr Asn Ala Ile Leu Asn Leu Ala Gly Ala Gly Asp His Ile Val
100 105 110

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

Leu Asn Arg Leu Gly Ile Asp Val Ser Phe Val Glu Asn Pro Asp Asp
130 135 140

Pro Glu Ser Trp Gln Ala Ala Val Gln Pro Asn Thr Lys Ala Phe Phe
145 150 155 160

Gly Glu Thr Phe Ala Asn Pro Gln Ala Asp Val
165 170

<210> 253
<211> 1812
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1789)
<223> RXC00164

<400> 253
ctgctttgcg ggaggttatg aaatgagtgg ggagacgtcg aaaagcatgc gctttccgtt 60

ggccagcctg ccgcaagtgc ggcgcgaggt ggcccggcag gtg ggt cgt att ccg 115
Val Gly Arg Ile Pro

1 5

cgg gcg aag tgg tgg ttt tta ggc gcg ctg gtg ttg ctg agt gcg ggc 163
Arg Ala Lys Trp Trp Phe Leu Gly Ala Leu Val Leu Leu Ser Ala Gly

10 15 20

gct tat gcg tcg gtg ctg gtg ccg cag gtg ctg ggg cgg att gtg gat 211
Ala Tyr Ala Ser Val Leu Val Pro Gln Val Leu Gly Arg Ile Val Asp

25 30 35

ctg gtg tcc gat ggc gcg cag atg cgt gat ttt gtt gag ctc agt gtg 259
Leu Val Ser Asp Gly Ala Gln Met Arg Asp Phe Val Glu Leu Ser Val

40 45 50

att ctc att gcg gtg gca att gcc ggc gcg gtg ctc agt gcg tgc ggg 307
Ile Leu Ile Ala Val Ala Ile Ala Gly Ala Val Leu Ser Ala Cys Gly

55 60 65

ttc tat gtg gtg tcg cgg att tct gag aag att atc gcc aat ttg agg 355
Phe Tyr Val Val Ser Arg Ile Ser Glu Lys Ile Ile Ala Asn Leu Arg

70 75 80 85

gaa gat atg gtg ggc acc gcg ctt ggg ttg ccc acg cac cag gtg gaa 403
Glu Asp Met Val Gly Thr Ala Leu Gly Leu Pro Thr His Gln Val Glu

90 95 100

gat gcg ggc tct ggc gat ttg gtg agc cgc tcc acc gat gat gtc tcc 451
Asp Ala Gly Ser Gly Asp Leu Val Ser Arg Ser Thr Asp Asp Val Ser

105 110 115

gag cta tcc gca gcg gtg aca gag acc gtc ccg att tta agt tcc tca 499
Glu Leu Ser Ala Ala Val Thr Glu Thr Val Pro Ile Leu Ser Ser Ser

120 125 130

ctg ttt acc att gcc gcg acg atc att gcg ctg ttt tct ttg gac tgg 547
Leu Phe Thr Ile Ala Ala Thr Ile Ile Ala Leu Phe Ser Leu Asp Trp

135 140 145

caa ttt gtg ctc att cct gtc gtg gtg gcg ccg gtg tac tac ttc gcg 595
Gln Phe Val Leu Ile Pro Val Val Val Ala Pro Val Tyr Tyr Phe Ala

150 155 160 165

tcc aag cac tat ttg agc aag gcg ccg gat cgg tat gcg gca gaa cgc 643
Ser Lys His Tyr Leu Ser Lys Ala Pro Asp Arg Tyr Ala Ala Glu Arg

170 175 180

gcg gcg atg gcg gag cgt gcg cga aag gta ctt gag gct att cgc ggg 691
Ala Ala Met Ala Glu Arg Ala Arg Lys Val Leu Glu Ala Ile Arg Gly

185 190 195

cgt gca act gtg cgg gcg tat tcc atg gaa gat gcc atg cat aat cag 739
Arg Ala Thr Val Arg Ala Tyr Ser Met Glu Asp Ala Met His Asn Gln

200 205 210

att gat cag gcg tcg tgg tct gtg gtg gtc aag ggt att cgt gcg cgc 787
Ile Asp Gln Ala Ser Trp Ser Val Val Val Lys Gly Ile Arg Ala Arg

215 220 225

acc acc atg ttg att ttg aac atg tgg atg ctg ttt gcg gaa ttc ctc 835
Thr Thr Met Leu Ile Leu Asn Met Trp Met Leu Phe Ala Glu Phe Leu

230 235 240 245

atg ctc gcg gtc gcg ttg gtg atc ggc tac aag ctg gtc att gat aat 883
Met Leu Ala Val Ala Leu Val Ile Gly Tyr Lys Leu Val Ile Asp Asn

250 255 260

gcg ctg acg atc ggc gcg gtt acc ggt gcc gtg ctg atg att att cgt 931
Ala Leu Thr Ile Gly Ala Val Thr Gly Ala Val Leu Met Ile Ile Arg

265 270 275

ctg cgt ggc ccg atg aat atg ttc atg cgc gtg ctc gac acc att caa 979
Leu Arg Gly Pro Met Asn Met Phe Met Arg Val Leu Asp Thr Ile Gln

280 285 290

tcc ggc tat gcg tcg ctg gcg cgc atc gtg gga gtt gtt gcg gat ccg 1027
Ser Gly Tyr Ala Ser Leu Ala Arg Ile Val Gly Val Val Ala Asp Pro

295 300 305

ccg att cct gtg ccc gac agc ggt gtg aaa gca cct cag ggc aaa gtg 1075
Pro Ile Pro Val Pro Asp Ser Gly Val Lys Ala Pro Gln Gly Lys Val

310 315 320 325

gaa ttg cgc aac gtc agc ttt agc tat ggc gat tcc tgg gcg gtg aaa 1123
Glu Leu Arg Asn Val Ser Phe Ser Tyr Gly Asp Ser Trp Ala Val Lys

330 335 340

gac atc gac atc acg atc aat tcc ggc gaa act gtc gcg ctc gtg ggc 1171
Asp Ile Asp Ile Thr Ile Asn Ser Gly Glu Thr Val Ala Leu Val Gly

345 350 355

gca tct ggc gca ggt aag acg acg gtc gcc gcc ttg ctg gcg ggc ttg 1219
Ala Ser Gly Ala Gly Lys Thr Thr Val Ala Ala Leu Leu Ala Gly Leu

360 365 370

cgg gtg cca gat caa ggg caa gtg ctt gtc gac gac ttc ccc gtc tct 1267
Arg Val Pro Asp Gln Gly Gln Val Leu Val Asp Asp Phe Pro Val Ser

375 380 385

cac ctc tct gac cgc gag cgt atc gcc cgc ttg gcc atg gtc agc cag 1315
His Leu Ser Asp Arg Glu Arg Ile Ala Arg Leu Ala Met Val Ser Gln

390 395 400 405

gag gtt cat gtt ttc tcc ggc acg ctg cgc cag gat ctc acc ttg gct 1363
Glu Val His Val Phe Ser Gly Thr Leu Arg Gln Asp Leu Thr Leu Ala

410 415 420

aaa cca gat gcc tcc gat gag gaa tta gcg cat gct ctt ggg caa gtt 1411
Lys Pro Asp Ala Ser Asp Glu Glu Leu Ala His Ala Leu Gly Gln Val

425 430 435

aat gcc ctt gac tgg ttg gag agt ctt cca gaa gga ctg gac acg gtc 1459
Asn Ala Leu Asp Trp Leu Glu Ser Leu Pro Glu Gly Leu Asp Thr Val

440 445 450

gtt ggt gcg cga gga atc cag cta gaa cca gtg gtg gct cag cag ttg 1507
Val Gly Ala Arg Gly Ile Gln Leu Glu Pro Val Val Ala Gln Gln Leu

455 460 465

gcg ttg gcc cgg gtg ttg ttg ctc aat ccg gcg atc gtc atc atg gat 1555
Ala Leu Ala Arg Val Leu Leu Leu Asn Pro Ala Ile Val Ile Met Asp

470 475 480 485

gaa gcc acg gca gaa gca gga tcg gcg ggt gcc agc gca ctg gaa gag 1603
Glu Ala Thr Ala Glu Ala Gly Ser Ala Gly Ala Ser Ala Leu Glu Glu

490 495 500

gct gca gat gca gtg agc aag aac cgt tcc gca ttg gtg gtg gcg cac 1651
Ala Ala Asp Ala Val Ser Lys Asn Arg Ser Ala Leu Val Val Ala His

505 510 515

cgg ttg gat cag gca tcg cgg gct gat cag att ctg gtg atg gat aag 1699
Arg Leu Asp Gln Ala Ser Arg Ala Asp Gln Ile Leu Val Met Asp Lys

520 525 530

ggg gag gtt gtg gaa tcc ggt act cac cag gag tta ttg gat cac ggg 1747
Gly Glu Val Val Glu Ser Gly Thr His Gln Glu Leu Leu Asp His Gly

535 540 545

ggt att tat cag cgt ctg tgg act gcg tgg agt gtc gga aga 1789
Gly Ile Tyr Gln Arg Leu Trp Thr Ala Trp Ser Val Gly Arg

550 555 560

tagttgactg ttcaatgcgt tga 1812

<210> 254
<211> 563
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 254
Val Gly Arg Ile Pro Arg Ala Lys Trp Trp Phe Leu Gly Ala Leu Val
1 5 10 15

Leu Leu Ser Ala Gly Ala Tyr Ala Ser Val Leu Val Pro Gln Val Leu
20 25 30

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

Val Glu Leu Ser Val Ile Leu Ile Ala Val Ala Ile Ala Gly Ala Val
50 55 60

Leu Ser Ala Cys Gly Phe Tyr Val Val Ser Arg Ile Ser Glu Lys Ile
65 70 75 80

Ile Ala Asn Leu Arg Glu Asp Met Val Gly Thr Ala Leu Gly Leu Pro
85 90 95

Thr His Gln Val Glu Asp Ala Gly Ser Gly Asp Leu Val Ser Arg Ser
100 105 110

Thr Asp Asp Val Ser Glu Leu Ser Ala Ala Val Thr Glu Thr Val Pro
115 120 125

Ile Leu Ser Ser Ser Leu Phe Thr Ile Ala Ala Thr Ile Ile Ala Leu
130 135 140

Phe Ser Leu Asp Trp Gln Phe Val Leu Ile Pro Val Val Val Ala Pro
145 150 155 160

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

Tyr Ala Ala Glu Arg Ala Ala Met Ala Glu Arg Ala Arg Lys Val Leu
180 185 190

Glu Ala Ile Arg Gly Arg Ala Thr Val Arg Ala Tyr Ser Met Glu Asp
195 200 205

Ala Met His Asn Gln Ile Asp Gln Ala Ser Trp Ser Val Val Val Lys
210 215 220

Gly Ile Arg Ala Arg Thr Thr Met Leu Ile Leu Asn Met Trp Met Leu
225 230 235 240

Phe Ala Glu Phe Leu Met Leu Ala Val Ala Leu Val Ile Gly Tyr Lys
245 250 255

Leu Val Ile Asp Asn Ala Leu Thr Ile Gly Ala Val Thr Gly Ala Val
260 265 270

Leu Met Ile Ile Arg Leu Arg Gly Pro Met Asn Met Phe Met Arg Val
275 280 285

Leu Asp Thr Ile Gln Ser Gly Tyr Ala Ser Leu Ala Arg Ile Val Gly
290 295 300

Val Val Ala Asp Pro Pro Ile Pro Val Pro Asp Ser Gly Val Lys Ala
305 310 315 320

Pro Gln Gly Lys Val Glu Leu Arg Asn Val Ser Phe Ser Tyr Gly Asp
325 330 335

Ser Trp Ala Val Lys Asp Ile Asp Ile Thr Ile Asn Ser Gly Glu Thr
340 345 350

Val Ala Leu Val Gly Ala Ser Gly Ala Gly Lys Thr Thr Val Ala Ala
355 360 365

Leu Leu Ala Gly Leu Arg Val Pro Asp Gln Gly Gln Val Leu Val Asp
370 375 380

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

Ala Met Val Ser Gln Glu Val His Val Phe Ser Gly Thr Leu Arg Gln
405 410 415

Asp Leu Thr Leu Ala Lys Pro Asp Ala Ser Asp Glu Glu Leu Ala His
420 425 430

Ala Leu Gly Gln Val Asn Ala Leu Asp Trp Leu Glu Ser Leu Pro Glu
435 440 445

Gly Leu Asp Thr Val Val Gly Ala Arg Gly Ile Gln Leu Glu Pro Val
450 455 460

Val Ala Gln Gln Leu Ala Leu Ala Arg Val Leu Leu Leu Asn Pro Ala
465 470 475 480

Ile Val Ile Met Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ala Gly Ser Ala Gly Ala
485 490 495

Ser Ala Leu Glu Glu Ala Ala Asp Ala Val Ser Lys Asn Arg Ser Ala
500 505 510

Leu Val Val Ala His Arg Leu Asp Gln Ala Ser Arg Ala Asp Gln Ile

Arg	Glu	Asp	Val	Leu	Arg	Ala	Ala	Val	Ser	Leu	Asp	Ala	Asn	Thr	Ile	
55			60			65										
gaa acg gcg ggg cgc ggc gac gtg att tcg cgt atc gcg gat gat tcg																355
Glu	Thr	Ala	Gly	Arg	Gly	Asp	Val	Ile	Ser	Arg	Ile	Ala	Asp	Asp	Ser	
70			75			80						85				
cgg gag gtg tcc act cgc gcg agc acc gtg gtg ccg ctg atg gtg cag																403
Arg	Glu	Val	Ser	Thr	Ala	Ala	Ser	Thr	Val	Val	Pro	Leu	Met	Val	Gln	
90					95					100						
gcg ggc ttt acc gtg gtg att tcc gcg ttt ggc atg gcg gcg gtt gat																451
Ala	Gly	Phe	Thr	Val	Val	Ile	Ser	Ala	Phe	Gly	Met	Ala	Ala	Val	Asp	
105				110				115								
tgg cgc ctc ggc ctt gtc ggt ttg gtc gcg atc ccg ctg tat tgg acc																499
Trp	Arg	Leu	Gly	Leu	Val	Gly	Leu	Val	Ala	Ile	Pro	Leu	Tyr	Trp	Thr	
120				125				130								
acg ttg cgc gtc tat tta ccc cgc tca ggt ccg ctt tat acg cgt gag																547
Thr	Leu	Arg	Val	Tyr	Leu	Pro	Arg	Ser	Gly	Pro	Leu	Tyr	Thr	Arg	Glu	
135			140			145										
cgc gag gcc ttt ggg gtg cgc acg cag cgg ctt gtc ggc gca gtc gaa																595
Arg	Glu	Ala	Phe	Gly	Val	Arg	Thr	Gln	Arg	Leu	Val	Gly	Ala	Val	Glu	
150			155			160						165				
ggc gcg gaa acc ttg cgc gct ttc cgc gca gaa gat aca gaa tta aag																643
Gly	Ala	Glu	Thr	Leu	Arg	Ala	Phe	Arg	Ala	Glu	Asp	Thr	Glu	Leu	Lys	
170					175					180						
cgt atc gac gca gcc tcc ggc gaa gcc cgc gac att tcc att tct gtt																691
Arg	Ile	Asp	Ala	Ala	Ser	Gly	Glu	Ala	Arg	Asp	Ile	Ser	Ile	Ser	Val	
185				190				195								
ttc agg ttc ctc aca tgg gca ttt tcc cgc aac aac cgc gcg gaa tgc																739
Phe	Arg	Phe	Leu	Thr	Trp	Ala	Phe	Ser	Arg	Asn	Asn	Arg	Ala	Glu	Cys	
200				205				210								
atc acc ctc gtg ctc atc ttg ggc acc ggc ttt tac ctg gtc aac atc																787

Ile Thr Leu Val Leu Ile Leu Gly Thr Gly Phe Tyr Leu Val Asn Ile	
215	220
225	
gat ctg gtc acc gtc ggc gca gtc tca acc gcc gca ctg atc ttc cac 835	
Asp Leu Val Thr Val Gly Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Ile Phe His	
230	235
240	245
cga ctc ttc ggt cca atc ggc acg ctc gtg ggc atg ttc tcc gac atc 883	
Arg Leu Phe Gly Pro Ile Gly Thr Leu Val Gly Met Phe Ser Asp Ile	
250	255
260	
caa tcc gcc agc gca tcg ctg atc cgc atg gtg ggc gtt att aac gcg 931	
Gln Ser Ala Ser Ala Ser Leu Ile Arg Met Val Gly Val Ile Asn Ala	
265	270
275	
gca tcg aac cag gtc agc ggc acc tcg ccg gcg tct gcc agc acc gct 979	
Ala Ser Asn Gln Val Ser Gly Thr Ser Pro Ala Ser Ala Ser Thr Ala	
280	285
290	
tta acg ctt ttc gac gtc tcc cac cac tat cac act gca ccc gtc atc 1027	
Leu Thr Leu Phe Asp Val Ser His His Tyr His Thr Ala Pro Val Ile	
295	300
305	
aag aat gca tcc gtg cag ctg gaa cca ggg gaa cac atc gcc att gtg 1075	
Lys Asn Ala Ser Val Gln Leu Glu Pro Gly Glu His Ile Ala Ile Val	
310	315
320	325
ggt gcg acc ggc gct ggt aaa agc acg ctc gcc ctc att gcg gca ggc 1123	
Gly Ala Thr Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Gly	
330	335
340	
ctg ctc agc cca act tcc ggg cag gtg gct ctc ggc gga tcg agt ttt 1171	
Leu Leu Ser Pro Thr Ser Gly Gln Val Ala Leu Gly Gly Ser Ser Phe	
345	350
355	
tct aac gtc gaa ccg gaa gca ttg cgc cag aag atc gcg atg gtc agc 1219	
Ser Asn Val Glu Pro Glu Ala Leu Arg Gln Lys Ile Ala Met Val Ser	
360	365
370	
caa gaa atc cac tgc ttc cga gga tct gtt tta gat aat ctt cgt atc 1267	

Gln Glu Ile His Cys Phe Arg Gly Ser Val Leu Asp Asn Leu Arg Ile
375 380 385

gca cgc ccc gaa gcc acc gat gcg gac atc cac gcc gtt ctc gcc gat 1315
Ala Arg Pro Glu Ala Thr Asp Ala Asp Ile His Ala Val Leu Ala Asp

390 395 400 405

att ggt gat tcc tgg ttg gag cgc tta ccg caa ggc ata gac acc atc 1363
Ile Gly Asp Ser Trp Leu Glu Arg Leu Pro Gln Gly Ile Asp Thr Ile

410 415 420

gtg ggt gat ggc gct ttc cgt tta acc tct gtg gaa aac cag atc atg 1411
Val Gly Asp Gly Ala Phe Arg Leu Thr Ser Val Glu Asn Gln Ile Met

425 430 435

gcg ctt gct cgc gta cat ttg gcc gac cta gca atc gtc atc ctt gat 1459
Ala Leu Ala Arg Val His Leu Ala Asp Leu Ala Ile Val Ile Leu Asp

440 445 450

gaa gca acg gct gaa tca ggc tct gat cat gca aaa cag ctt gaa gat 1507
Glu Ala Thr Ala Glu Ser Gly Ser Asp His Ala Lys Gln Leu Glu Asp

455 460 465

gca gcc ctt aaa gtc act gaa aac aga tca gcc atc atc gtg gct cac 1555
Ala Ala Leu Lys Val Thr Glu Asn Arg Ser Ala Ile Ile Val Ala His

470 475 480 485

cgc ctc aac caa gcg aaa acc gcc gat cgc atc atc gtc atg gac tcc 1603
Arg Leu Asn Gln Ala Lys Thr Ala Asp Arg Ile Ile Val Met Asp Ser

490 495 500

gga gaa atc ata gaa tct gga acc cat gaa gag ctt cga gcg atc ggc 1651
Gly Glu Ile Ile Glu Ser Gly Thr His Glu Glu Leu Arg Ala Ile Gly

505 510 515

ggc cga tat gaa caa ctg tgg act gcg tgg tct gcg cgc taattagcca 1700
Gly Arg Tyr Glu Gln Leu Trp Thr Ala Trp Ser Ala Arg

520 525 530

cccaagacca cgc 1713

<210> 256

<211> 530

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 256

Val Gly Gly Leu Val Asp Lys Leu Leu Ala Thr Pro Ser Met Arg Asp
1 5 10 15

Val Val Val Phe Ala Leu Leu Ile Val Ala Gly Gly Val Val Ser Ser
20 25 30

Leu Gly Thr Trp Trp Gly Ser Ala Leu Met Ala Arg Ala Leu Glu Pro
35 40 45

Ala Ile Ala Gly Leu Arg Glu Asp Val Leu Arg Ala Ala Val Ser Leu
50 55 60

Asp Ala Asn Thr Ile Glu Thr Ala Gly Arg Gly Asp Val Ile Ser Arg
65 70 75 80

Ile Ala Asp Asp Ser Arg Glu Val Ser Thr Ala Ala Ser Thr Val Val
85 90 95

Pro Leu Met Val Gln Ala Gly Phe Thr Val Val Ile Ser Ala Phe Gly
100 105 110

Met Ala Ala Val Asp Trp Arg Leu Gly Leu Val Gly Leu Val Ala Ile
115 120 125

Pro Leu Tyr Trp Thr Thr Leu Arg Val Tyr Leu Pro Arg Ser Gly Pro
130 135 140

Leu Tyr Thr Arg Glu Arg Glu Ala Phe Gly Val Arg Thr Gln Arg Leu
145 150 155 160

Val Gly Ala Val Glu Gly Ala Glu Thr Leu Arg Ala Phe Arg Ala Glu
165 170 175

Asp Thr Glu Leu Lys Arg Ile Asp Ala Ala Ser Gly Glu Ala Arg Asp
180 185 190

Ile Ser Ile Ser Val Phe Arg Phe Leu Thr Trp Ala Phe Ser Arg Asn
195 200 205

Asn Arg Ala Glu Cys Ile Thr Leu Val Leu Ile Leu Gly Thr Gly Phe
210 215 220

Tyr Leu Val Asn Ile Asp Leu Val Thr Val Gly Ala Val Ser Thr Ala
225 230 235 240

Ala Leu Ile Phe His Arg Leu Phe Gly Pro Ile Gly Thr Leu Val Gly
245 250 255

Met Phe Ser Asp Ile Gln Ser Ala Ser Ala Ser Leu Ile Arg Met Val
260 265 270

Gly Val Ile Asn Ala Ala Ser Asn Gln Val Ser Gly Thr Ser Pro Ala
275 280 285

Ser Ala Ser Thr Ala Leu Thr Leu Phe Asp Val Ser His His Tyr His
290 295 300

Thr Ala Pro Val Ile Lys Asn Ala Ser Val Gln Leu Glu Pro Gly Glu
305 310 315 320

His Ile Ala Ile Val Gly Ala Thr Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ala
325 330 335

Leu Ile Ala Ala Gly Leu Leu Ser Pro Thr Ser Gly Gln Val Ala Leu
340 345 350

Gly Gly Ser Ser Phe Ser Asn Val Glu Pro Glu Ala Leu Arg Gln Lys
355 360 365

Ile Ala Met Val Ser Gln Glu Ile His Cys Phe Arg Gly Ser Val Leu
370 375 380

Asp Asn Leu Arg Ile Ala Arg Pro Glu Ala Thr Asp Ala Asp Ile His
385 390 395 400

Ala Val Leu Ala Asp Ile Gly Asp Ser Trp Leu Glu Arg Leu Pro Gln

405 410 415

Gly Ile Asp Thr Ile Val Gly Asp Gly Ala Phe Arg Leu Thr Ser Val
420 425 430

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

Ile Val Ile Leu Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ser Gly Ser Asp His Ala
450 455 460

Lys Gln Leu Glu Asp Ala Ala Leu Lys Val Thr Glu Asn Arg Ser Ala
465 470 475 480

Ile Ile Val Ala His Arg Leu Asn Gln Ala Lys Thr Ala Asp Arg Ile
485 490 495

Ile Val Met Asp Ser Gly Glu Ile Ile Glu Ser Gly Thr His Glu Glu
500 505 510

Leu Arg Ala Ile Gly Gly Arg Tyr Glu Gln Leu Trp Thr Ala Trp Ser
515 520 525

Ala Arg
530

<210> 257
<211> 1392
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1369)
<223> RXA02646

<400> 257
ttggaataa aacctatgcc aaagtaggtg caattctagg agaagattac actagtcaac 60

catgagtgaacacatacgtgtctgagaaaag tccaggagtg atg gct agc gga gcg 115
Met Ala Ser Gly Ala

1 5

gag ctg att cgt gcc gcc gac att caa acg gcg cag gca cga att tcc	163
Glu Leu Ile Arg Ala Ala Asp Ile Gln Thr Ala Gln Ala Arg Ile Ser	
10 15 20	
tcc gtc att gca cca act cca ttg cag tat tgc cct cgt ctt tct gag	211
Ser Val Ile Ala Pro Thr Pro Leu Gln Tyr Cys Pro Arg Leu Ser Glu	
25 30 35	
gaa acc gga gcg gaa atc tac ctt aag cgt gag gat ctg cag gat gtt	259
Glu Thr Gly Ala Glu Ile Tyr Leu Lys Arg Glu Asp Leu Gln Asp Val	
40 45 50	
cgt tcc tac aag atc cgc ggt gcg ctg aac tct gga gcg cag ctc acc	307
Arg Ser Tyr Lys Ile Arg Gly Ala Leu Asn Ser Gly Ala Gln Leu Thr	
55 60 65	
caa gag cag cgc gat gca ggt atc gtt gcc gca tct gca ggt aac cat	355
Gln Glu Gln Arg Asp Ala Gly Ile Val Ala Ala Ser Ala Gly Asn His	
70 75 80 85	
gcc cag ggc gtg gcc tat gtg tgc aag tcc ttg ggc gtt cag gga cgc	403
Ala Gln Gly Val Ala Tyr Val Cys Lys Ser Leu Gly Val Gln Gly Arg	
90 95 100	
atc tat gtt cct gtg cag act cca aag caa aag cgt gac cgc atc atg	451
Ile Tyr Val Pro Val Gln Thr Pro Lys Gln Lys Arg Asp Arg Ile Met	
105 110 115	
gtt cac ggc gga gag ttt gtc tcc ttg gtg gtc act ggc aat aac ttc	499
Val His Gly Gly Glu Phe Val Ser Leu Val Val Thr Gly Asn Asn Phe	
120 125 130	
gac gaa gca tcg gct gca gcg cat gaa gat gca gag cgc acc ggc gca	547
Asp Glu Ala Ser Ala Ala Ala His Glu Asp Ala Glu Arg Thr Gly Ala	
135 140 145	
acg ctg atc gag cct ttc gat gct cgc aac acc gtc atc ggt cag ggc	595
Thr Leu Ile Glu Pro Phe Asp Ala Arg Asn Thr Val Ile Gly Gln Gly	
150 155 160 165	
acc gtg gct gct gag atc ttg tcg cag ctg act tcc atg ggc aag agt	643

Thr Val Ala Ala Glu Ile Leu Ser Gln Leu Thr Ser Met Gly Lys Ser	
170	175
180	
gca gat cac gtg atg gtt cca gtc ggc ggt ggc gga ctt ctt gca ggt	691
Ala Asp His Val Met Val Pro Val Gly Gly Gly Gly Leu Leu Ala Gly	
185	190
195	
gtg gtc agc tac atg gct gat atg gca cct cgc act gcg atc gtt ggt	739
Val Val Ser Tyr Met Ala Asp Met Ala Pro Arg Thr Ala Ile Val Gly	
200	205
210	
atc gaa cca gcg gga gca gca tcc atg cag gct gca ttg cac aat ggt	787
Ile Glu Pro Ala Gly Ala Ala Ser Met Gln Ala Ala Leu His Asn Gly	
215	220
225	
gga cca atc act ttg gag act gtt gat ccc ttt gtg gac ggc gca gca	835
Gly Pro Ile Thr Leu Glu Thr Val Asp Pro Phe Val Asp Gly Ala Ala	
230	235
240	245
gtc aaa cgt gtc gga gat ctc aac tac acc atc gtg gag aag aac cag	883
Val Lys Arg Val Gly Asp Leu Asn Tyr Thr Ile Val Glu Lys Asn Gln	
250	255
260	
ggt cgc gtg cac atg atg agc gcg acc gag ggc gct gtg tgt act gag	931
Gly Arg Val His Met Met Ser Ala Thr Glu Gly Ala Val Cys Thr Glu	
265	270
275	
atg ctc gat ctt tac caa aac gaa ggc atc atc gcg gag cct gct ggc	979
Met Leu Asp Leu Tyr Gln Asn Glu Gly Ile Ile Ala Glu Pro Ala Gly	
280	285
290	
gcg ctg tct atc gct ggg ttg aag gaa atg tcc ttt gca gct cgc tct	1027
Ala Leu Ser Ile Ala Gly Leu Lys Glu Met Ser Phe Ala Ala Arg Ser	
295	300
305	
gtc gtg gtg tgc atc atc tct ggt ggc aac aac gat gtg ctg cgt tat	1075
Val Val Val Cys Ile Ile Ser Gly Gly Asn Asn Asp Val Leu Arg Tyr	
310	315
320	325
gcg gaa atc gct gag cgc tcc ttg gtg cgc cgc ggt tta aag cac tac	1123

Ala Glu Ile Ala Glu Arg Ser Leu Val Arg Arg Gly Leu Lys His Tyr

330

335

340

ttc ttg gtg aac ttc ccg caa aag cct ggt cag ttg cgt cac ttc ctg 1171
Phe Leu Val Asn Phe Pro Gln Lys Pro Gly Gln Leu Arg His Phe Leu

345

350

355

gaa gat atc ctg gga ccg gat gat gac atc acg ctg ttt gag tac ctc 1219
Glu Asp Ile Leu Gly Pro Asp Asp Asp Ile Thr Leu Phe Glu Tyr Leu

360

365

370

aag cgc aac aac cgt gag acc ggt act gcg ttg gtg ggt att cac ttg 1267
Lys Arg Asn Asn Arg Glu Thr Gly Thr Ala Leu Val Gly Ile His Leu

375

380

385

agt gaa gca tca gga ttg gat tct ttg ctg gaa cgt atg gag gaa tcg 1315
Ser Glu Ala Ser Gly Leu Asp Ser Leu Leu Glu Arg Met Glu Glu Ser

390

395

400

405

gca att gat tcc cgt cgc ctc gag ccg ggc acc cct gag tac gaa tac 1363
Ala Ile Asp Ser Arg Arg Leu Glu Pro Gly Thr Pro Glu Tyr Glu Tyr

410

415

420

ttg acc taaacatagc tgaaggccac ctc 1392
Leu Thr

<210> 258

<211> 423

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 258

Met Ala Ser Gly Ala Glu Leu Ile Arg Ala Ala Asp Ile Gln Thr Ala

1

5

10

15

Gln Ala Arg Ile Ser Ser Val Ile Ala Pro Thr Pro Leu Gln Tyr Cys

20

25

30

Pro Arg Leu Ser Glu Glu Thr Gly Ala Glu Ile Tyr Leu Lys Arg Glu

35	40	45
Asp Leu Gln Asp Val Arg Ser Tyr Lys Ile Arg Gly Ala Leu Asn Ser		
50	55	60
Gly Ala Gln Leu Thr Gln Glu Gln Arg Asp Ala Gly Ile Val Ala Ala		
65	70	75
Ser Ala Gly Asn His Ala Gln Gly Val Ala Tyr Val Cys Lys Ser Leu		
85	90	95
Gly Val Gln Gly Arg Ile Tyr Val Pro Val Gln Thr Pro Lys Gln Lys		
100	105	110
Arg Asp Arg Ile Met Val His Gly Gly Glu Phe Val Ser Leu Val Val		
115	120	125
Thr Gly Asn Asn Phe Asp Glu Ala Ser Ala Ala Ala His Glu Asp Ala		
130	135	140
Glu Arg Thr Gly Ala Thr Leu Ile Glu Pro Phe Asp Ala Arg Asn Thr		
145	150	155
Val Ile Gly Gln Gly Thr Val Ala Ala Glu Ile Leu Ser Gln Leu Thr		
165	170	175
Ser Met Gly Lys Ser Ala Asp His Val Met Val Pro Val Gly Gly Gly		
180	185	190
Gly Leu Leu Ala Gly Val Val Ser Tyr Met Ala Asp Met Ala Pro Arg		
195	200	205
Thr Ala Ile Val Gly Ile Glu Pro Ala Gly Ala Ala Ser Met Gln Ala		
210	215	220
Ala Leu His Asn Gly Gly Pro Ile Thr Leu Glu Thr Val Asp Pro Phe		
225	230	235
Val Asp Gly Ala Ala Val Lys Arg Val Gly Asp Leu Asn Tyr Thr Ile		
245	250	255
Val Glu Lys Asn Gln Gly Arg Val His Met Met Ser Ala Thr Glu Gly		

260 265 270

Ala Val Cys Thr Glu Met Leu Asp Leu Tyr Gln Asn Glu Gly Ile Ile
275 280 285

Ala Glu Pro Ala Gly Ala Leu Ser Ile Ala Gly Leu Lys Glu Met Ser
290 295 300

Phe Ala Ala Arg Ser Val Val Val Cys Ile Ile Ser Gly Gly Asn Asn
305 310 315 320

Asp Val Leu Arg Tyr Ala Glu Ile Ala Glu Arg Ser Leu Val Arg Arg
325 330 335

Gly Leu Lys His Tyr Phe Leu Val Asn Phe Pro Gln Lys Pro Gly Gln
340 345 350

Leu Arg His Phe Leu Glu Asp Ile Leu Gly Pro Asp Asp Asp Ile Thr
355 360 365

Leu Phe Glu Tyr Leu Lys Arg Asn Asn Arg Glu Thr Gly Thr Ala Leu
370 375 380

Val Gly Ile His Leu Ser Glu Ala Ser Gly Leu Asp Ser Leu Leu Glu
385 390 395 400

Arg Met Glu Glu Ser Ala Ile Asp Ser Arg Arg Leu Glu Pro Gly Thr
405 410 415

Pro Glu Tyr Glu Tyr Leu Thr
420

<210> 259
<211> 966
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(943)
<223> RXA00766

<400> 259

tatggcgctt gaaccacaaa taaagtctgc accgacgccg gtgatcttaa ttgtcgaacc 60

ctacggcggg tccatccggc aacaaaaccc caacctacca atg gtt ttt tgg gac 115
Met Val Phe Trp Asp

1 5

gat gca gcc tta acc cga ggc gat ggc atc ttt gaa aca ctc ctc atc 163
Asp Ala Ala Leu Thr Arg Gly Asp Gly Ile Phe Glu Thr Leu Leu Ile

10 15 20

cgc gac gga cat gcc tgc aac gtg cgc cga cac gga gaa cgc ttc aaa 211
Arg Asp Gly His Ala Cys Asn Val Arg Arg His Gly Glu Arg Phe Lys

25 30 35

gca tcg gca gca cta ttg gga ctg cca gag ccg atc ctg gaa gac tgg 259
Ala Ser Ala Ala Leu Leu Gly Leu Pro Glu Pro Ile Leu Glu Asp Trp

40 45 50

gaa aaa gcc acc caa atg ggc atc gaa tcc tgg tac tcc cac ccc aac 307
Glu Lys Ala Thr Gln Met Gly Ile Glu Ser Trp Tyr Ser His Pro Asn

55 60 65

gca ggc gag gcc tca tgc acc tgg acg ctc agc cga ggt cgt tcc tcc 355
Ala Gly Glu Ala Ser Cys Thr Trp Thr Leu Ser Arg Gly Arg Ser Ser

70 75 80 85

acg ggg ctg gcc tca gga tgg tta acc atc acc cca gtc tcc tcc gac 403
Thr Gly Leu Ala Ser Gly Trp Leu Thr Ile Thr Pro Val Ser Ser Asp

90 95 100

aaa ctg gcg caa cgt gaa cac ggt gta tcg gtc atg acc agt tca aga 451
Lys Leu Ala Gln Arg Glu His Gly Val Ser Val Met Thr Ser Ser Arg

105 110 115

gga tat tcc atc gac acc ggc ctc ccc gga atc gga aaa gcc acc cga 499
Gly Tyr Ser Ile Asp Thr Gly Leu Pro Gly Ile Gly Lys Ala Thr Arg

120 125 130

ggc gag cta tct aaa gtg gaa cga acc ccc gca cca tgg ctg aca gtc 547
Gly Glu Leu Ser Lys Val Glu Arg Thr Pro Ala Pro Trp Leu Thr Val

135	140	145	
ggc gcc aaa aca cta gcc tac gca gca aac atg gca gcc ctg cgc tac			595
Gly Ala Lys Thr Leu Ala Tyr Ala Ala Asn Met Ala Ala Leu Arg Tyr			
150	155	160	165
gcc aaa tca aac gga ttc gac gat gtg atc ttc acc gat ggc gac cgc			643
Ala Lys Ser Asn Gly Phe Asp Asp Val Ile Phe Thr Asp Gly Asp Arg			
	170	175	180
gtt cta gaa ggc gcc acc tcc acc gta gtg agt ttc aaa ggc gac aaa			691
Val Leu Glu Gly Ala Thr Ser Thr Val Val Ser Phe Lys Gly Asp Lys			
	185	190	195
atc cgc acc cct tca ccc ggt ggc gac att ctc ccc gga acc acc caa			739
Ile Arg Thr Pro Ser Pro Gly Gly Asp Ile Leu Pro Gly Thr Thr Gln			
200	205	210	
gca gca ctc ttt gca cac gca acc gaa aaa gga tgg cga tgt aaa gaa			787
Ala Ala Leu Phe Ala His Ala Thr Glu Lys Gly Trp Arg Cys Lys Glu			
215	220	225	
aaa gac tta agc att gac gat ctt ttc gga gcc gac agc gtg tgg cta			835
Lys Asp Leu Ser Ile Asp Asp Leu Phe Gly Ala Asp Ser Val Trp Leu			
230	235	240	245
gtg tcc tcc gtc cgc gga cca gtt cgg gtg acc agg ctc gat gga cac			883
Val Ser Ser Val Arg Gly Pro Val Arg Val Thr Arg Leu Asp Gly His			
	250	255	260
aaa tta cgg aaa cca gac aat gaa aaa gaa atc aag gcg ctg att acc			931
Lys Leu Arg Lys Pro Asp Asn Glu Lys Glu Ile Lys Ala Leu Ile Thr			
	265	270	275
aaa gct ctg ggg tagaggctgg cgctgggact tgc			966
Lys Ala Leu Gly			

280

<210> 260
 <211> 281
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 260

Met Val Phe Trp Asp Asp Ala Ala Leu Thr Arg Gly Asp Gly Ile Phe
1 5 10 15

Glu Thr Leu Leu Ile Arg Asp Gly His Ala Cys Asn Val Arg Arg His
20 25 30

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

Ile Leu Glu Asp Trp Glu Lys Ala Thr Gln Met Gly Ile Glu Ser Trp
50 55 60

Tyr Ser His Pro Asn Ala Gly Glu Ala Ser Cys Thr Trp Thr Leu Ser
65 70 75 80

Arg Gly Arg Ser Ser Thr Gly Leu Ala Ser Gly Trp Leu Thr Ile Thr
85 90 95

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

Met Thr Ser Ser Arg Gly Tyr Ser Ile Asp Thr Gly Leu Pro Gly Ile
115 120 125

Gly Lys Ala Thr Arg Gly Glu Leu Ser Lys Val Glu Arg Thr Pro Ala
130 135 140

Pro Trp Leu Thr Val Gly Ala Lys Thr Leu Ala Tyr Ala Ala Asn Met
145 150 155 160

Ala Ala Leu Arg Tyr Ala Lys Ser Asn Gly Phe Asp Asp Val Ile Phe
165 170 175

Thr Asp Gly Asp Arg Val Leu Glu Gly Ala Thr Ser Thr Val Val Ser
180 185 190

Phe Lys Gly Asp Lys Ile Arg Thr Pro Ser Pro Gly Gly Asp Ile Leu
195 200 205

Pro Gly Thr Thr Gln Ala Ala Leu Phe Ala His Ala Thr Glu Lys Gly
210 215 220

Trp Arg Cys Lys Glu Lys Asp Leu Ser Ile Asp Asp Leu Phe Gly Ala
225 230 235 240

Asp Ser Val Trp Leu Val Ser Ser Val Arg Gly Pro Val Arg Val Thr
245 250 255

Arg Leu Asp Gly His Lys Leu Arg Lys Pro Asp Asn Glu Lys Glu Ile
260 265 270

Lys Ala Leu Ile Thr Lys Ala Leu Gly
275 280

<210> 261
<211> 1224
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1201)
<223> RXN01690

<400> 261
cctagccatt cctcaaaacc gtgagacgaa attggctatt catccataa aatggggctg 60

actagtgtat ctgtcaggta gcaggtgtac cttaaaatcc atg acg tca tta gag 115
Met Thr Ser Leu Glu

1 5

ttc aca gta acc cgt acc gaa aat ccg acg tca ccc gat cgt ctg aag 163
Phe Thr Val Thr Arg Thr Glu Asn Pro Thr Ser Pro Asp Arg Leu Lys

10 15 20

gaa att ctt gcc gca ccg aag ttc ggt aag ttc ttc acc gac cac atg 211
Glu Ile Leu Ala Ala Pro Lys Phe Gly Lys Phe Phe Thr Asp His Met

25 30 35

gtg acc att gac tgg aac gag tcg gaa ggc tgg cac aac gcc caa tta 259

Val Thr Ile Asp Trp Asn Glu Ser Glu Gly Trp His Asn Ala Gln Leu	
40 45 50	
gtg cca tac gcg ccg att cct atg gat cct gcc acc acc gta ttc cac	307
Val Pro Tyr Ala Pro Ile Pro Met Asp Pro Ala Thr Thr Val Phe His	
55 60 65	
tac gga cag gca att ttt gag gga att aag gcc tac cgc cat tcg gac	355
Tyr Gly Gln Ala Ile Phe Glu Gly Ile Lys Ala Tyr Arg His Ser Asp	
70 75 80 85	
gaa acc atc aag act ttc cgt cct gat gaa aac gcc gag cgt atg cag	403
Glu Thr Ile Lys Thr Phe Arg Pro Asp Glu Asn Ala Glu Arg Met Gln	
90 95 100	
cgt tca gca gct cga atg gca atg cca cag ttg cca acc gag gac ttt	451
Arg Ser Ala Ala Arg Met Ala Met Pro Gln Leu Pro Thr Glu Asp Phe	
105 110 115	
att aaa gca ctt gaa ctg ctg gta gac gcg gat cag gat tgg gtt cct	499
Ile Lys Ala Leu Glu Leu Leu Val Asp Ala Asp Gln Asp Trp Val Pro	
120 125 130	
gag tac ggc gga gaa gct tcc ctc tac ctg cgc cca ttc atg atc tcc	547
Glu Tyr Gly Gly Glu Ala Ser Leu Tyr Leu Arg Pro Phe Met Ile Ser	
135 140 145	
acc gaa att ggc ttg ggt gtc agc cca gct gat gcc tac aag ttc ctg	595
Thr Glu Ile Gly Leu Gly Val Ser Pro Ala Asp Ala Tyr Lys Phe Leu	
150 155 160 165	
gtc atc gca tcc cca gtc ggc gct tac ttc acc ggt gga atc aag cct	643
Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr Gly Gly Ile Lys Pro	
170 175 180	
gtt tcc gtc tgg ctg agc gaa gat tac gtc cgc gct gca ccc ggc gga	691
Val Ser Val Trp Leu Ser Glu Asp Tyr Val Arg Ala Ala Pro Gly Gly	
185 190 195	
act ggt gac gcc aaa ttt gct ggc aac tac gcg gct tct ttg ctt gcc	739

Thr Gly Asp Ala Lys Phe Ala Gly Asn Tyr Ala Ala Ser Leu Leu Ala	
200	205
210	
cag tcc cag gct gcg gaa aag ggc tgt gac cag gtc gta tgg ttg gat	787
Gln Ser Gln Ala Ala Glu Lys Gly Cys Asp Gln Val Val Trp Leu Asp	
215	220
225	
gcc atc gag cac aag tac atc gaa gaa atg ggt ggc atg aac ctt ggg	835
Ala Ile Glu His Lys Tyr Ile Glu Glu Met Gly Gly Met Asn Leu Gly	
230	235
240	245
ttc atc tac cgc aac ggc gac caa gtc aag cta gtc acc cct gaa ctt	883
Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu Val Thr Pro Glu Leu	
250	255
260	
tcc ggc tca cta ctt cca ggc atc acc cgc aag tca ctt cta caa gta	931
Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys Ser Leu Leu Gln Val	
265	270
275	
gca cgc gac ttg gga tac gaa gta gaa gag cga aag atc acc acc acc	979
Ala Arg Asp Leu Gly Tyr Glu Val Glu Glu Arg Lys Ile Thr Thr Thr	
280	285
290	
gag tgg gaa gaa gac gca aag tct ggc gcc atg acc gag gca ttt gct	1027
Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met Thr Glu Ala Phe Ala	
295	300
305	
tgc ggt act gca gct gtt atc acc cct gtt ggc acc gtg aaa tca gct	1075
Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly Thr Val Lys Ser Ala	
310	315
320	325
cac ggc acc ttc gaa gtg aac aac aat gaa gtc gga gaa atc acg atg	1123
His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val Gly Glu Ile Thr Met	
330	335
340	
aag ctt cgt gaa acc ctc acc gga att cag caa gga aac gtt gaa gac	1171
Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln Gly Asn Val Glu Asp	
345	350
355	
caa aac gga tgg ctt tac cca ctg gtt ggc taaatcaacc ggttttaaga	1221

Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly

360

365

ccc

1224

<210> 262

<211> 367

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 262

Met	Thr	Ser	Leu	Glu	Phe	Thr	Val	Thr	Arg	Thr	Glu	Asn	Pro	Thr	Ser
1				5					10					15	

Pro	Asp	Arg	Leu	Lys	Glu	Ile	Leu	Ala	Ala	Pro	Lys	Phe	Gly	Lys	Phe
			20					25					30		

Phe	Thr	Asp	His	Met	Val	Thr	Ile	Asp	Trp	Asn	Glu	Ser	Glu	Gly	Trp
		35					40					45			

His	Asn	Ala	Gln	Leu	Val	Pro	Tyr	Ala	Pro	Ile	Pro	Met	Asp	Pro	Ala
	50					55				60					

Thr	Thr	Val	Phe	His	Tyr	Gly	Gln	Ala	Ile	Phe	Glu	Gly	Ile	Lys	Ala
65					70				75					80	

Tyr	Arg	His	Ser	Asp	Glu	Thr	Ile	Lys	Thr	Phe	Arg	Pro	Asp	Glu	Asn
			85						90					95	

Ala	Glu	Arg	Met	Gln	Arg	Ser	Ala	Ala	Arg	Met	Ala	Met	Pro	Gln	Leu
		100					105						110		

Pro	Thr	Glu	Asp	Phe	Ile	Lys	Ala	Leu	Glu	Leu	Leu	Val	Asp	Ala	Asp
		115				120						125			

Gln	Asp	Trp	Val	Pro	Glu	Tyr	Gly	Gly	Glu	Ala	Ser	Leu	Tyr	Leu	Arg
	130					135					140				

Pro	Phe	Met	Ile	Ser	Thr	Glu	Ile	Gly	Leu	Gly	Val	Ser	Pro	Ala	Asp
145					150				155					160	

Ala Tyr Lys Phe Leu Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr
165 170 175

Gly Gly Ile Lys Pro Val Ser Val Trp Leu Ser Glu Asp Tyr Val Arg
180 185 190

Ala Ala Pro Gly Gly Thr Gly Asp Ala Lys Phe Ala Gly Asn Tyr Ala
195 200 205

Ala Ser Leu Leu Ala Gln Ser Gln Ala Ala Glu Lys Gly Cys Asp Gln
210 215 220

Val Val Trp Leu Asp Ala Ile Glu His Lys Tyr Ile Glu Glu Met Gly
225 230 235 240

Gly Met Asn Leu Gly Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu
245 250 255

Val Thr Pro Glu Leu Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys
260 265 270

Ser Leu Leu Gln Val Ala Arg Asp Leu Gly Tyr Glu Val Glu Glu Arg
275 280 285

Lys Ile Thr Thr Thr Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met
290 295 300

Thr Glu Ala Phe Ala Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly
305 310 315 320

Thr Val Lys Ser Ala His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val
325 330 335

Gly Glu Ile Thr Met Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln
340 345 350

Gly Asn Val Glu Asp Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly
355 360 365

<210> 263
<211> 1076
<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1053)

<223> FRXA01690

<400> 263

ccc gat cgt ctg aag gaa att ctt gcc gca ccg aag ttc ggt aag ttc 48
Pro Asp Arg Leu Lys Glu Ile Leu Ala Ala Pro Lys Phe Gly Lys Phe

1 5 10 15

ttc acc gac cac atg gtg acc att gac tgg aac gag tcg gaa ggc tgg 96
Phe Thr Asp His Met Val Thr Ile Asp Trp Asn Glu Ser Glu Gly Trp

20 25 30

cac aac gcc caa tta gtg cca tac gcg ccg att cct atg gat cct gcc 144
His Asn Ala Gln Leu Val Pro Tyr Ala Pro Ile Pro Met Asp Pro Ala

35 40 45

acc acc gta ttc cac tac gga cag gca att ttt gag gga att aag gcc 192
Thr Thr Val Phe His Tyr Gly Gln Ala Ile Phe Glu Gly Ile Lys Ala

50 55 60

tac cgc cat tcg gac gaa acc atc aag act ttc cgt cct gat gaa aac 240
Tyr Arg His Ser Asp Glu Thr Ile Lys Thr Phe Arg Pro Asp Glu Asn

65 70 75 80

gcc gag cgt atg cag cgt tca gca gct cga atg gca atg cca cag ttg 288
Ala Glu Arg Met Gln Arg Ser Ala Ala Arg Met Ala Met Pro Gln Leu

85 90 95

cca acc gag gac ttt att aaa gca ctt gaa ctg ctg gta gac gcg gat 336
Pro Thr Glu Asp Phe Ile Lys Ala Leu Glu Leu Leu Val Asp Ala Asp

100 105 110

cag gat tgg gtt cct gag tac ggc gga gaa gct tcc ctc tac ctg cgc 384
Gln Asp Trp Val Pro Glu Tyr Gly Gly Glu Ala Ser Leu Tyr Leu Arg

115 120 125

cca ttc atg atc tcc acc gaa att ggc ttg ggt gtc agc cca gct gat 432

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

gcc tac aag ttc ctg gtc atc gca tcc cca gtc ggc gct tac ttc acc 480
Ala Tyr Lys Phe Leu Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr

145 150 155 160

ggc gga atc aag cct gtt tcc gtc tgg ctg agc gaa gat tac gtc cgc 528
Gly Gly Ile Lys Pro Val Ser Val Trp Leu Ser Glu Asp Tyr Val Arg

165 170 175

gct gca ccc ggc gga act ggt gac gcc aaa ttt gct ggc aac tac gcg 576
Ala Ala Pro Gly Gly Thr Gly Asp Ala Lys Phe Ala Gly Asn Tyr Ala

180 185 190

gct tct ttg ctt gcc cag tcc cag gct gcg gaa aag ggc tgt gac cag 624
Ala Ser Leu Leu Ala Gln Ser Gln Ala Ala Glu Lys Gly Cys Asp Gln

195 200 205

gtc gta tgg ttg gat gcc atc gag cac aag tac atc gaa gaa atg ggt 672
Val Val Trp Leu Asp Ala Ile Glu His Lys Tyr Ile Glu Glu Met Gly

210 215 220

ggc atg aac ctt ggg ttc atc tac cgc aac ggc gac caa gtc aag cta 720
Gly Met Asn Leu Gly Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu

225 230 235 240

gtc acc cct gaa ctt tcc ggc tca cta ctt cca ggc atc acc cgc aag 768
Val Thr Pro Glu Leu Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys

245 250 255

tca ctt cta caa gta gca cgc gac ttg gga tac gaa gta gaa gag cga 816
Ser Leu Leu Gln Val Ala Arg Asp Leu Gly Tyr Glu Val Glu Glu Arg

260 265 270

aag atc acc acc acc gag tgg gaa gaa gac gca aag tct ggc gcc atg 864
Lys Ile Thr Thr Thr Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met

275 280 285

acc gag gca ttt gct tgc ggt act gca gct gtt atc acc cct gtt ggc 912

Thr Glu Ala Phe Ala Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly
290 295 300

acc gtg aaa tca gct cac ggc acc ttc gaa gtg aac aac aat gaa gtc 960
Thr Val Lys Ser Ala His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val

305 310 315 320

gga gaa atc acg atg aag ctt cgt gaa acc ctc acc gga att cag caa 1008
Gly Glu Ile Thr Met Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln

325 330 335

gga aac gtt gaa gac caa aac gga tgg ctt tac cca ctg gtt ggc 1053
Gly Asn Val Glu Asp Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly

340 345 350

taaatcaacc ggttttaaga ccc 1076

<210> 264
<211> 351
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 264
Pro Asp Arg Leu Lys Glu Ile Leu Ala Ala Pro Lys Phe Gly Lys Phe
1 5 10 15

Phe Thr Asp His Met Val Thr Ile Asp Trp Asn Glu Ser Glu Gly Trp
20 25 30

His Asn Ala Gln Leu Val Pro Tyr Ala Pro Ile Pro Met Asp Pro Ala
35 40 45

Thr Thr Val Phe His Tyr Gly Gln Ala Ile Phe Glu Gly Ile Lys Ala
50 55 60

Tyr Arg His Ser Asp Glu Thr Ile Lys Thr Phe Arg Pro Asp Glu Asn
65 70 75 80

Ala Glu Arg Met Gln Arg Ser Ala Ala Arg Met Ala Met Pro Gln Leu
85 90 95

Pro Thr Glu Asp Phe Ile Lys Ala Leu Glu Leu Leu Val Asp Ala Asp
100 105 110

Gln Asp Trp Val Pro Glu Tyr Gly Gly Glu Ala Ser Leu Tyr Leu Arg
115 120 125

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

Ala Tyr Lys Phe Leu Val Ile Ala Ser Pro Val Gly Ala Tyr Phe Thr
145 150 155 160

Gly Gly Ile Lys Pro Val Ser Val Trp Leu Ser Glu Asp Tyr Val Arg
165 170 175

Ala Ala Pro Gly Gly Thr Gly Asp Ala Lys Phe Ala Gly Asn Tyr Ala
180 185 190

Ala Ser Leu Leu Ala Gln Ser Gln Ala Ala Glu Lys Gly Cys Asp Gln
195 200 205

Val Val Trp Leu Asp Ala Ile Glu His Lys Tyr Ile Glu Glu Met Gly
210 215 220

Gly Met Asn Leu Gly Phe Ile Tyr Arg Asn Gly Asp Gln Val Lys Leu
225 230 235 240

Val Thr Pro Glu Leu Ser Gly Ser Leu Leu Pro Gly Ile Thr Arg Lys
245 250 255

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

Lys Ile Thr Thr Thr Glu Trp Glu Glu Asp Ala Lys Ser Gly Ala Met
275 280 285

Thr Glu Ala Phe Ala Cys Gly Thr Ala Ala Val Ile Thr Pro Val Gly
290 295 300

Thr Val Lys Ser Ala His Gly Thr Phe Glu Val Asn Asn Asn Glu Val
305 310 315 320

Gly Glu Ile Thr Met Lys Leu Arg Glu Thr Leu Thr Gly Ile Gln Gln
325 330 335

Gly Asn Val Glu Asp Gln Asn Gly Trp Leu Tyr Pro Leu Val Gly
340 345 350

<210> 265
<211> 1782
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1759)
<223> RXN01026

<400> 265
gaggtgacat ttatgcctct taatagctat actgtcccat gaaacgatat tttaatctca 60

tatagtgaga ttacagatt tttaaaggac ggtgagttcc atg acc agc ccc gtg 115
Met Thr Ser Pro Val

1 5

gag aac agc acc tca act gag aag ctg acc ctg gca gag aag gtg tgg 163
Glu Asn Ser Thr Ser Thr Glu Lys Leu Thr Leu Ala Glu Lys Val Trp

10 15 20

cgc gac cat gtc gtg tcc aag gga gaa aac ggc gag ccc gac ctc ctc 211
Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly Glu Pro Asp Leu Leu

25 30 35

tac atc gac ctg cag ctg ctg cat gaa gtg acc tca cca cag gca ttt 259
Tyr Ile Asp Leu Gln Leu Leu His Glu Val Thr Ser Pro Gln Ala Phe

40 45 50

gac ggc ctg cgc atg acc ggc cgt aaa ctg cgc cac cca gaa ctg cac 307
Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg His Pro Glu Leu His

55 60 65

ctg gcc acc gaa gac cac aac gtg cca acc gaa ggc atc aag act ggc 355
Leu Ala Thr Glu Asp His Asn Val Pro Thr Glu Gly Ile Lys Thr Gly

70	75	80	85	
tca ctg ctg gaa atc aac gac aag att tcc cgc ctg cag gta tct act				403
Ser Leu Leu Glu Ile Asn Asp Lys Ile Ser Arg Leu Gln Val Ser Thr				
	90	95	100	
ctg cgc gac aac tgt gaa gaa ttc ggc gtg cgc ctg cac cca atg ggt				451
Leu Arg Asp Asn Cys Glu Glu Phe Gly Val Arg Leu His Pro Met Gly				
	105	110	115	
gat gtc cga cag ggc atc gtg cac acc gtc ggc cca cag ctc ggc gca				499
Asp Val Arg Gln Gly Ile Val His Thr Val Gly Pro Gln Leu Gly Ala				
	120	125	130	
acc cag cca ggc atg acc att gtg tgc ggt gac tcc cac acc tcc acc				547
Thr Gln Pro Gly Met Thr Ile Val Cys Gly Asp Ser His Thr Ser Thr				
	135	140	145	
cac ggt gct ttt ggc tcc atg gca ttc ggc atc ggt acc tca gag gtt				595
His Gly Ala Phe Gly Ser Met Ala Phe Gly Ile Gly Thr Ser Glu Val				
150	155	160	165	
gag cac gtc atg gct act caa acc ctg cca ctg aag cct ttc aag acc				643
Glu His Val Met Ala Thr Gln Thr Leu Pro Leu Lys Pro Phe Lys Thr				
	170	175	180	
atg gcc att gaa gtt act ggt gaa ctg cag cca ggt gtt tcc tcc aag				691
Met Ala Ile Glu Val Thr Gly Glu Leu Gln Pro Gly Val Ser Ser Lys				
	185	190	195	
gac ctg att ctg gcg att atc gcc aag atc ggc acc ggc ggc gga cag				739
Asp Leu Ile Leu Ala Ile Ile Ala Lys Ile Gly Thr Gly Gly Gly Gln				
	200	205	210	
ggc tac gtt ctg gaa tac cgc ggc gaa gca atc cgt aag atg tcc atg				787
Gly Tyr Val Leu Glu Tyr Arg Gly Glu Ala Ile Arg Lys Met Ser Met				
	215	220	225	
gat gca cgc atg acc atg tgc aac atg tcc atc gaa gct ggc gca cgt				835
Asp Ala Arg Met Thr Met Cys Asn Met Ser Ile Glu Ala Gly Ala Arg				

230	235	240	245	
gcc ggc atg atc gcc cca gac caa acc acc ttc gac tac gtt gaa ggc				883
Ala Gly Met Ile Ala Pro Asp Gln Thr Thr Phe Asp Tyr Val Glu Gly				
	250	255	260	
cgc gaa atg gca cca aag ggc gcc gac tgg gac gaa gca gtt gct tac				931
Arg Glu Met Ala Pro Lys Gly Ala Asp Trp Asp Glu Ala Val Ala Tyr				
	265	270	275	
tgg aag acc ctg cca acc gac gaa ggc gca acc ttt gac aag gtc gta				979
Trp Lys Thr Leu Pro Thr Asp Glu Gly Ala Thr Phe Asp Lys Val Val				
	280	285	290	
gaa atc gat ggc tcg gca ctg acc cca ttc atc acc tgg ggc acc aac				1027
Glu Ile Asp Gly Ser Ala Leu Thr Pro Phe Ile Thr Trp Gly Thr Asn				
	295	300	305	
cca ggc cag ggc ctg cca ctg ggc gaa tcc gta cca agc cca gaa gac				1075
Pro Gly Gln Gly Leu Pro Leu Gly Glu Ser Val Pro Ser Pro Glu Asp				
	310	315	320	325
ttc acc aac gac aac gac aag gca gca gcc gaa aag gca ctg cag tac				1123
Phe Thr Asn Asp Asn Asp Lys Ala Ala Ala Glu Lys Ala Leu Gln Tyr				
	330	335	340	
atg gac ctg gta cca gga acc cca ctg cgc gac atc aag atc gac acc				1171
Met Asp Leu Val Pro Gly Thr Pro Leu Arg Asp Ile Lys Ile Asp Thr				
	345	350	355	
gtc ttc ctg gga tcc tgc acc aac gcc cgc atc gaa gac ctg cag atc				1219
Val Phe Leu Gly Ser Cys Thr Asn Ala Arg Ile Glu Asp Leu Gln Ile				
	360	365	370	
gcc gct gac atc ctc aag ggc cac aaa atc gcc gac ggc atg cgc atg				1267
Ala Ala Asp Ile Leu Lys Gly His Lys Ile Ala Asp Gly Met Arg Met				
	375	380	385	
atg gtc gtg cct tcc tcc acc tgg atc aag caa gag gca gaa gcg ctc				1315
Met Val Val Pro Ser Ser Thr Trp Ile Lys Gln Glu Ala Glu Ala Leu				

390	395	400	405	
gga ctg gac aaa atc ttc acc gac gct ggc gct gaa tgg cgt acc gca				1363
Gly Leu Asp Lys Ile Phe Thr Asp Ala Gly Ala Glu Trp Arg Thr Ala				
	410	415	420	
ggc tgc tcc atg tgc ctg ggc atg aac cca gac caa ctg aag cca ggc				1411
Gly Cys Ser Met Cys Leu Gly Met Asn Pro Asp Gln Leu Lys Pro Gly				
	425	430	435	
gag cgc tcc gca ttc acc tcc aac cga aac ttc gaa gga cgc caa gga				1459
Glu Arg Ser Ala Phe Thr Ser Asn Arg Asn Phe Glu Gly Arg Gln Gly				
	440	445	450	
cca gga ggc cgc acc cac ctg gta tcc cca gca gtc gca gcc gcc acc				1507
Pro Gly Gly Arg Thr His Leu Val Ser Pro Ala Val Ala Ala Ala Thr				
	455	460	465	
gaa tcc gcg gac cct gtc ctc acc tgc aga tat cta agg aag gct aga				1555
Glu Ser Ala Asp Pro Val Leu Thr Cys Arg Tyr Leu Arg Lys Ala Arg				
470	475	480	485	
aaa caa tgg aaa aat tta cca cct aca ccg gcg ttg gcg ttc cac tgc				1603
Lys Gln Trp Lys Asn Leu Pro Pro Thr Pro Ala Leu Ala Phe His Cys				
	490	495	500	
agc gat cca acg tgg aca ccg acc aga tca tcc cag ccg tct acc tca				1651
Ser Asp Pro Thr Trp Thr Pro Thr Arg Ser Ser Gln Pro Ser Thr Ser				
	505	510	515	
agc gcg tca ccc gga ccg gct tcg aag acg gac tgt ttt cca act ggc				1699
Ser Ala Ser Pro Gly Pro Ala Ser Lys Thr Asp Cys Phe Pro Thr Gly				
	520	525	530	
gcc aaa acg acc cca act ttg tcc tca aca ccg aca cct aca aga acg				1747
Ala Lys Thr Thr Pro Thr Leu Ser Ser Thr Pro Thr Pro Thr Arg Thr				
	535	540	545	
gct ccg ttc tcg tagcaggccc tgactttggc acc				1782
Ala Pro Phe Ser				

550

<210> 266

<211> 553

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 266

Met Thr Ser Pro Val Glu Asn Ser Thr Ser Thr Glu Lys Leu Thr Leu
1 5 10 15

Ala Glu Lys Val Trp Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly
20 25 30

Glu Pro Asp Leu Leu Tyr Ile Asp Leu Gln Leu Leu His Glu Val Thr
35 40 45

Ser Pro Gln Ala Phe Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg
50 55 60

His Pro Glu Leu His Leu Ala Thr Glu Asp His Asn Val Pro Thr Glu
65 70 75 80

Gly Ile Lys Thr Gly Ser Leu Leu Glu Ile Asn Asp Lys Ile Ser Arg
85 90 95

Leu Gln Val Ser Thr Leu Arg Asp Asn Cys Glu Glu Phe Gly Val Arg
100 105 110

Leu His Pro Met Gly Asp Val Arg Gln Gly Ile Val His Thr Val Gly
115 120 125

Pro Gln Leu Gly Ala Thr Gln Pro Gly Met Thr Ile Val Cys Gly Asp
130 135 140

Ser His Thr Ser Thr His Gly Ala Phe Gly Ser Met Ala Phe Gly Ile
145 150 155 160

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

Lys Pro Phe Lys Thr Met Ala Ile Glu Val Thr Gly Glu Leu Gln Pro

180	185	190
Gly Val Ser Ser Lys Asp Leu Ile Leu Ala Ile Ile Ala Lys Ile Gly		
195	200	205
Thr Gly Gly Gly Gln Gly Tyr Val Leu Glu Tyr Arg Gly Glu Ala Ile		
210	215	220
Arg Lys Met Ser Met Asp Ala Arg Met Thr Met Cys Asn Met Ser Ile		
225	230	235
Glu Ala Gly Ala Arg Ala Gly Met Ile Ala Pro Asp Gln Thr Thr Phe		
245	250	255
Asp Tyr Val Glu Gly Arg Glu Met Ala Pro Lys Gly Ala Asp Trp Asp		
260	265	270
Glu Ala Val Ala Tyr Trp Lys Thr Leu Pro Thr Asp Glu Gly Ala Thr		
275	280	285
Phe Asp Lys Val Val Glu Ile Asp Gly Ser Ala Leu Thr Pro Phe Ile		
290	295	300
Thr Trp Gly Thr Asn Pro Gly Gln Gly Leu Pro Leu Gly Glu Ser Val		
305	310	315
Pro Ser Pro Glu Asp Phe Thr Asn Asp Asn Asp Lys Ala Ala Ala Glu		
325	330	335
Lys Ala Leu Gln Tyr Met Asp Leu Val Pro Gly Thr Pro Leu Arg Asp		
340	345	350
Ile Lys Ile Asp Thr Val Phe Leu Gly Ser Cys Thr Asn Ala Arg Ile		
355	360	365
Glu Asp Leu Gln Ile Ala Ala Asp Ile Leu Lys Gly His Lys Ile Ala		
370	375	380
Asp Gly Met Arg Met Met Val Val Pro Ser Ser Thr Trp Ile Lys Gln		
385	390	395
Glu Ala Glu Ala Leu Gly Leu Asp Lys Ile Phe Thr Asp Ala Gly Ala		

405

410

415

Glu Trp Arg Thr Ala Gly Cys Ser Met Cys Leu Gly Met Asn Pro Asp
420 425 430

Gln Leu Lys Pro Gly Glu Arg Ser Ala Phe Thr Ser Asn Arg Asn Phe
435 440 445

Glu Gly Arg Gln Gly Pro Gly Gly Arg Thr His Leu Val Ser Pro Ala
450 455 460

Val Ala Ala Ala Thr Glu Ser Ala Asp Pro Val Leu Thr Cys Arg Tyr
465 470 475 480

Leu Arg Lys Ala Arg Lys Gln Trp Lys Asn Leu Pro Pro Thr Pro Ala
485 490 495

Leu Ala Phe His Cys Ser Asp Pro Thr Trp Thr Pro Thr Arg Ser Ser
500 505 510

Gln Pro Ser Thr Ser Ser Ala Ser Pro Gly Pro Ala Ser Lys Thr Asp
515 520 525

Cys Phe Pro Thr Gly Ala Lys Thr Thr Pro Thr Leu Ser Ser Thr Pro
530 535 540

Thr Pro Thr Arg Thr Ala Pro Phe Ser
545 550

<210> 267

<211> 1625

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1602)

<223> FRXA01026

<400> 267

gtg tgg cgc gac cat gtc gtg tcc aag gga gaa aac ggc gag ccc gac 48
Val Trp Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly Glu Pro Asp

1	5	10	15	
ctc ctc tac atc gac ctg cag ctg ctg cat gaa gtg acc tca cca cag				96
Leu Leu Tyr Ile Asp Leu Gln Leu Leu His Glu Val Thr Ser Pro Gln				
	20	25	30	
gca ttt gac ggc ctg cgc atg acc ggc cgt aaa ctg cgc cac cca gaa				144
Ala Phe Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg His Pro Glu				
	35	40	45	
ctg cac ctg gcc acc gaa gac cac aac gtg cca acc gaa ggc atc aag				192
Leu His Leu Ala Thr Glu Asp His Asn Val Pro Thr Glu Gly Ile Lys				
	50	55	60	
act ggc tca ctg ctg gaa atc aac gac aag att tcc cgc ctg cag gta				240
Thr Gly Ser Leu Leu Glu Ile Asn Asp Lys Ile Ser Arg Leu Gln Val				
	65	70	75	80
tct act ctg cgc gac aac tgt gaa gaa ttc ggc gtg cgc ctg cac cca				288
Ser Thr Leu Arg Asp Asn Cys Glu Glu Phe Gly Val Arg Leu His Pro				
	85	90	95	
atg ggt gat gtc cga cag ggc atc gtg cac acc gtc ggc cca cag etc				336
Met Gly Asp Val Arg Gln Gly Ile Val His Thr Val Gly Pro Gln Leu				
	100	105	110	
ggc gca acc cag cca ggc atg acc att gtg tgc ggt gac tcc cac acc				384
Gly Ala Thr Gln Pro Gly Met Thr Ile Val Cys Gly Asp Ser His Thr				
	115	120	125	
tcc acc cac ggt gct ttt ggc tcc atg gca ttc ggc atc ggt acc tca				432
Ser Thr His Gly Ala Phe Gly Ser Met Ala Phe Gly Ile Gly Thr Ser				
	130	135	140	
gag gtt gag cac gtc atg gct act caa acc ctg cca ctg aag cct ttc				480
Glu Val Glu His Val Met Ala Thr Gln Thr Leu Pro Leu Lys Pro Phe				
	145	150	155	160
aag acc atg gcc att gaa gtt act ggt gaa ctg cag cca ggt gtt tcc				528
Lys Thr Met Ala Ile Glu Val Thr Gly Glu Leu Gln Pro Gly Val Ser				

165	170	175	
tcc aag gac ctg att ctg gcg att atc gcc aag atc ggc acc ggc ggc			576
Ser Lys Asp Leu Ile Leu Ala Ile Ile Ala Lys Ile Gly Thr Gly Gly			
180	185	190	
gga cag ggc tac gtt ctg gaa tac cgc ggc gaa gca atc cgt aag atg			624
Gly Gln Gly Tyr Val Leu Glu Tyr Arg Gly Glu Ala Ile Arg Lys Met			
195	200	205	
tcc atg gat gca cgc atg acc atg tgc aac atg tcc atc gaa gct ggc			672
Ser Met Asp Ala Arg Met Thr Met Cys Asn Met Ser Ile Glu Ala Gly			
210	215	220	
gca cgt gcc ggc atg atc gcc cca gac caa acc acc ttc gac tac gtt			720
Ala Arg Ala Gly Met Ile Ala Pro Asp Gln Thr Thr Phe Asp Tyr Val			
225	230	235	240
gaa ggc cgc gaa atg gca cca aag ggc gcc gac tgg gac gaa gca gtt			768
Glu Gly Arg Glu Met Ala Pro Lys Gly Ala Asp Trp Asp Glu Ala Val			
245	250	255	
gct tac tgg aag acc ctg cca acc gac gaa ggc gca acc ttt gac aag			816
Ala Tyr Trp Lys Thr Leu Pro Thr Asp Glu Gly Ala Thr Phe Asp Lys			
260	265	270	
gtc gta gaa atc gat ggc tcg gca ctg acc cca ttc atc acc tgg ggc			864
Val Val Glu Ile Asp Gly Ser Ala Leu Thr Pro Phe Ile Thr Trp Gly			
275	280	285	
acc aac cca ggc cag ggc ctg cca ctg ggc gaa tcc gta cca agc cca			912
Thr Asn Pro Gly Gln Gly Leu Pro Leu Gly Glu Ser Val Pro Ser Pro			
290	295	300	
gaa gac ttc acc aac gac aac gac aag gca gca gcc gaa aag gca ctg			960
Glu Asp Phe Thr Asn Asp Asn Asp Lys Ala Ala Ala Glu Lys Ala Leu			
305	310	315	320
cag tac atg gac ctg gta cca gga acc cca ctg cgc gac atc aag atc			1008
Gln Tyr Met Asp Leu Val Pro Gly Thr Pro Leu Arg Asp Ile Lys Ile			

325	330	335	
gac acc gtc ttc ctg gga tcc tgc acc aac gcc cgc atc gaa gac ctg 1056			
Asp Thr Val Phe Leu Gly Ser Cys Thr Asn Ala Arg Ile Glu Asp Leu			
340	345	350	
cag atc gcc gct gac atc ctc aag ggc cac aaa atc gcc gac ggc atg 1104			
Gln Ile Ala Ala Asp Ile Leu Lys Gly His Lys Ile Ala Asp Gly Met			
355	360	365	
cgc atg atg gtc gtg cct tcc tcc acc tgg atc aag caa gag gca gaa 1152			
Arg Met Met Val Val Pro Ser Ser Thr Trp Ile Lys Gln Glu Ala Glu			
370	375	380	
gcg ctc gga ctg gac aaa atc ttc acc gac gct ggc gct gaa tgg cgt 1200			
Ala Leu Gly Leu Asp Lys Ile Phe Thr Asp Ala Gly Ala Glu Trp Arg			
385	390	395	400
acc gca ggc tgc tcc atg tgc ctg ggc atg aac cca gac caa ctg aag 1248			
Thr Ala Gly Cys Ser Met Cys Leu Gly Met Asn Pro Asp Gln Leu Lys			
405	410	415	
cca ggc gag cgc tcc gca ttc acc tcc aac cga aac ttc gaa gga cgc 1296			
Pro Gly Glu Arg Ser Ala Phe Thr Ser Asn Arg Asn Phe Glu Gly Arg			
420	425	430	
caa gga cca gga ggc cgc acc cac ctg gta tcc cca gca gtc gca gcc 1344			
Gln Gly Pro Gly Gly Arg Thr His Leu Val Ser Pro Ala Val Ala Ala			
435	440	445	
gcc acc gaa tcc gcg gac cct gtc ctc acc tgc aga tat cta agg aag 1392			
Ala Thr Glu Ser Ala Asp Pro Val Leu Thr Cys Arg Tyr Leu Arg Lys			
450	455	460	
gct aga aaa caa tgg aaa aat tta cca cct aca ccg gcg ttg gcg ttc 1440			
Ala Arg Lys Gln Trp Lys Asn Leu Pro Pro Thr Pro Ala Leu Ala Phe			
465	470	475	480
cac tgc agc gat cca acg tgg aca ccg acc aga tca tcc cag ccg tct 1488			
His Cys Ser Asp Pro Thr Trp Thr Pro Thr Arg Ser Ser Gln Pro Ser			

485 490 495
acc tca agc gcg tca ccc gga ccg gct tcg aag acg gac tgt ttt cca 1536
Thr Ser Ser Ala Ser Pro Gly Pro Ala Ser Lys Thr Asp Cys Phe Pro

500 505 510
act ggc gcc aaa acg acc cca act ttg tcc tca aca ccg aca cct aca 1584
Thr Gly Ala Lys Thr Thr Pro Thr Leu Ser Ser Thr Pro Thr Pro Thr

515 520 525
aga acg gct ccg ttc tcg tagcaggccc tgactttggc acc 1625
Arg Thr Ala Pro Phe Ser

530

<210> 268
<211> 534
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 268
Val Trp Arg Asp His Val Val Ser Lys Gly Glu Asn Gly Glu Pro Asp
1 5 10 15

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

Ala Phe Asp Gly Leu Arg Met Thr Gly Arg Lys Leu Arg His Pro Glu
35 40 45

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

Thr Gly Ser Leu Leu Glu Ile Asn Asp Lys Ile Ser Arg Leu Gln Val
65 70 75 80

Ser Thr Leu Arg Asp Asn Cys Glu Glu Phe Gly Val Arg Leu His Pro
85 90 95

Met Gly Asp Val Arg Gln Gly Ile Val His Thr Val Gly Pro Gln Leu
100 105 110

Gly Ala Thr Gln Pro Gly Met Thr Ile Val Cys Gly Asp Ser His Thr
115 120 125

Ser Thr His Gly Ala Phe Gly Ser Met Ala Phe Gly Ile Gly Thr Ser
130 135 140

Glu Val Glu His Val Met Ala Thr Gln Thr Leu Pro Leu Lys Pro Phe
145 150 155 160

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

Ser Lys Asp Leu Ile Leu Ala Ile Ile Ala Lys Ile Gly Thr Gly Gly
180 185 190

Gly Gln Gly Tyr Val Leu Glu Tyr Arg Gly Glu Ala Ile Arg Lys Met
195 200 205

Ser Met Asp Ala Arg Met Thr Met Cys Asn Met Ser Ile Glu Ala Gly
210 215 220

Ala Arg Ala Gly Met Ile Ala Pro Asp Gln Thr Thr Phe Asp Tyr Val
225 230 235 240

Glu Gly Arg Glu Met Ala Pro Lys Gly Ala Asp Trp Asp Glu Ala Val
245 250 255

Ala Tyr Trp Lys Thr Leu Pro Thr Asp Glu Gly Ala Thr Phe Asp Lys
260 265 270

Val Val Glu Ile Asp Gly Ser Ala Leu Thr Pro Phe Ile Thr Trp Gly
275 280 285

Thr Asn Pro Gly Gln Gly Leu Pro Leu Gly Glu Ser Val Pro Ser Pro
290 295 300

Glu Asp Phe Thr Asn Asp Asn Asp Lys Ala Ala Ala Glu Lys Ala Leu
305 310 315 320

Gln Tyr Met Asp Leu Val Pro Gly Thr Pro Leu Arg Asp Ile Lys Ile
325 330 335

Asp Thr Val Phe Leu Gly Ser Cys Thr Asn Ala Arg Ile Glu Asp Leu
340 345 350

Gln Ile Ala Ala Asp Ile Leu Lys Gly His Lys Ile Ala Asp Gly Met
355 360 365

Arg Met Met Val Val Pro Ser Ser Thr Trp Ile Lys Gln Glu Ala Glu
370 375 380

Ala Leu Gly Leu Asp Lys Ile Phe Thr Asp Ala Gly Ala Glu Trp Arg
385 390 395 400

Thr Ala Gly Cys Ser Met Cys Leu Gly Met Asn Pro Asp Gln Leu Lys
405 410 415

Pro Gly Glu Arg Ser Ala Phe Thr Ser Asn Arg Asn Phe Glu Gly Arg
420 425 430

Gln Gly Pro Gly Gly Arg Thr His Leu Val Ser Pro Ala Val Ala Ala
435 440 445

Ala Thr Glu Ser Ala Asp Pro Val Leu Thr Cys Arg Tyr Leu Arg Lys
450 455 460

Ala Arg Lys Gln Trp Lys Asn Leu Pro Pro Thr Pro Ala Leu Ala Phe
465 470 475 480

His Cys Ser Asp Pro Thr Trp Thr Pro Thr Arg Ser Ser Gln Pro Ser
485 490 495

Thr Ser Ser Ala Ser Pro Gly Pro Ala Ser Lys Thr Asp Cys Phe Pro
500 505 510

Thr Gly Ala Lys Thr Thr Pro Thr Leu Ser Ser Thr Pro Thr Pro Thr
515 520 525

Arg Thr Ala Pro Phe Ser
530

<210> 269
<211> 1143
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1120)

<223> RXN01127

<400> 269

gccctgcatg atgggtagt ggggttggtt gggcaggtac gagctgtgat caatcagcta 60

cactagtga gtcatatag tgagaaggga atcccacaac atg aaa ctt gct gtt 115
Met Lys Leu Ala Val

1 5

att ggt gga gat ggt atc ggc cca gag gtt act gca gaa gcc ctc aag 163
Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr Ala Glu Ala Leu Lys

10 15 20

gtt cta aac gct gtc cgc gac gac atc gag acc acc gat tat gac ctt 211
Val Leu Asn Ala Val Arg Asp Asp Ile Glu Thr Thr Asp Tyr Asp Leu

25 30 35

ggc gca cgc cgt tac ctc aaa aat ggc gag ctg ctc acc gac gag gat 259
Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu Leu Thr Asp Glu Asp

40 45 50

ctg gca tcc ctg cgc gag cat gac gcg atc ctt ctt ggc gct atc ggt 307
Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu Leu Gly Ala Ile Gly

55 60 65

gca cca ggt tcc gtc cct cca gga att ctc gag cgt ggt ttg ctg ctg 355
Ala Pro Gly Ser Val Pro Pro Gly Ile Leu Glu Arg Gly Leu Leu Leu

70 75 80 85

aag atg cga ttc gca ctg gat cac cac gtg aac ctg cgc cca tcc aag 403
Lys Met Arg Phe Ala Leu Asp His His Val Asn Leu Arg Pro Ser Lys

90 95 100

ctg tac gac ggc gtg gag tcc cca ctg cgt aac cca ggc aag att gat 451
Leu Tyr Asp Gly Val Glu Ser Pro Leu Arg Asn Pro Gly Lys Ile Asp

105 110 115

ttc gtt gtg gtc cgc gaa ggt acc gaa ggc gcc tac act ggc aac ggt 499
Phe Val Val Val Arg Glu Gly Thr Glu Gly Ala Tyr Thr Gly Asn Gly

120 125 130

gga gca atc cgc gtg gga acc cct cac gag att gcc aat gaa acc tcc 547
Gly Ala Ile Arg Val Gly Thr Pro His Glu Ile Ala Asn Glu Thr Ser

135 140 145

gtg aac act cgc tac ggc gct gag cgc gtt att cgc tac gca ttc gag 595
Val Asn Thr Arg Tyr Gly Ala Glu Arg Val Ile Arg Tyr Ala Phe Glu

150 155 160 165

ctg gca cag agc cgc cgc aag aag ctc acc ctc gtg cac aag acc aac 643
Leu Ala Gln Ser Arg Arg Lys Lys Leu Thr Leu Val His Lys Thr Asn

170 175 180

gtc ctg gtt cac ggt ggt ggc ctg tgg cag cgc acc gta gat gag gtt 691
Val Leu Val His Gly Gly Gly Leu Trp Gln Arg Thr Val Asp Glu Val

185 190 195

gca aag gaa tac cca gag gta gcc gtc gat tac aac cac atc gat gca 739
Ala Lys Glu Tyr Pro Glu Val Ala Val Asp Tyr Asn His Ile Asp Ala

200 205 210

gca acc atc tat ctg gtc act gat cct tcc cgc ttc gat gtg att gtt 787
Ala Thr Ile Tyr Leu Val Thr Asp Pro Ser Arg Phe Asp Val Ile Val

215 220 225

acc gat aac ctc ttc ggc gac atc ctc acc gat gag gca ggc gca gtc 835
Thr Asp Asn Leu Phe Gly Asp Ile Leu Thr Asp Glu Ala Gly Ala Val

230 235 240 245

tct ggc gga att ggc ctc gca gca tcc ggc aac atc gat gcc acg ggc 883
Ser Gly Gly Ile Gly Leu Ala Ala Ser Gly Asn Ile Asp Ala Thr Gly

250 255 260

acc aac cct tcc atg ttc gag cca gtc cac ggc tct gca cca gat atc 931
Thr Asn Pro Ser Met Phe Glu Pro Val His Gly Ser Ala Pro Asp Ile

265 270 275

gca ggc cag gga atc gca gac cca acg gca gca atc cta tcc gct gcg 979
Ala Gly Gln Gly Ile Ala Asp Pro Thr Ala Ala Ile Leu Ser Ala Ala

280 285 290

atg ctg ctg cgt cac tta ggt gat gaa gac aac gca gta cgt att gaa 1027
Met Leu Leu Arg His Leu Gly Asp Glu Asp Asn Ala Val Arg Ile Glu

295 300 305

aca gcc atc gca gct gat gtg gct ggc cga gat aac tct cag ccg att 1075
Thr Ala Ile Ala Ala Asp Val Ala Gly Arg Asp Asn Ser Gln Pro Ile

310 315 320 325

tct acc act gag gtg gga gac cgc atc gtc aag gcg ctg caa agc 1120
Ser Thr Thr Glu Val Gly Asp Arg Ile Val Lys Ala Leu Gln Ser

330 335 340

taaatttcaa cgccgacccc ctt 1143

<210> 270

<211> 340

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 270

Met Lys Leu Ala Val Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr
1 5 10 15

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

Thr Asp Tyr Asp Leu Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu
35 40 45

Leu Thr Asp Glu Asp Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu
50 55 60

Leu Gly Ala Ile Gly Ala Pro Gly Ser Val Pro Pro Gly Ile Leu Glu
65 70 75 80

Arg Gly Leu Leu Leu Lys Met Arg Phe Ala Leu Asp His His Val Asn

85

90

95

Leu Arg Pro Ser Lys Leu Tyr Asp Gly Val Glu Ser Pro Leu Arg Asn
100 105 110

Pro Gly Lys Ile Asp Phe Val Val Val Arg Glu Gly Thr Glu Gly Ala
115 120 125

Tyr Thr Gly Asn Gly Gly Ala Ile Arg Val Gly Thr Pro His Glu Ile
130 135 140

Ala Asn Glu Thr Ser Val Asn Thr Arg Tyr Gly Ala Glu Arg Val Ile
145 150 155 160

Arg Tyr Ala Phe Glu Leu Ala Gln Ser Arg Arg Lys Lys Leu Thr Leu
165 170 175

Val His Lys Thr Asn Val Leu Val His Gly Gly Gly Leu Trp Gln Arg
180 185 190

Thr Val Asp Glu Val Ala Lys Glu Tyr Pro Glu Val Ala Val Asp Tyr
195 200 205

Asn His Ile Asp Ala Ala Thr Ile Tyr Leu Val Thr Asp Pro Ser Arg
210 215 220

Phe Asp Val Ile Val Thr Asp Asn Leu Phe Gly Asp Ile Leu Thr Asp
225 230 235 240

Glu Ala Gly Ala Val Ser Gly Gly Ile Gly Leu Ala Ala Ser Gly Asn
245 250 255

Ile Asp Ala Thr Gly Thr Asn Pro Ser Met Phe Glu Pro Val His Gly
260 265 270

Ser Ala Pro Asp Ile Ala Gly Gln Gly Ile Ala Asp Pro Thr Ala Ala
275 280 285

Ile Leu Ser Ala Ala Met Leu Leu Arg His Leu Gly Asp Glu Asp Asn
290 295 300

Ala Val Arg Ile Glu Thr Ala Ile Ala Ala Asp Val Ala Gly Arg Asp
305 310 315 320

Asn Ser Gln Pro Ile Ser Thr Thr Glu Val Gly Asp Arg Ile Val Lys
325 330 335

Ala Leu Gln Ser
340

<210> 271
<211> 403
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(403)
<223> FRXA01132

<400> 271
gccctgcatg atgggtagt gggggttgtt gggcaggtac gagctgtgat caatcagcta 60

cactagttaa gtccatatag tgagaaggga atcccacaac atg aaa ctt gct gtt 115
Met Lys Leu Ala Val

1 5

att ggt gga gat ggt atc ggc cca gag gtt act gca gaa gcc ctc aag 163
Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr Ala Glu Ala Leu Lys

10 15 20

gtt cta aac gct gtc cgc gac gac atc gag acc acc gat tat gac ctt 211
Val Leu Asn Ala Val Arg Asp Asp Ile Glu Thr Thr Asp Tyr Asp Leu

25 30 35

ggc gca cgc cgt tac ctc aaa aat ggc gag ctg ctc acc gac gag gat 259
Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu Leu Thr Asp Glu Asp

40 45 50

ctg gca tcc ctg cgc gag cat gac gcg atc ctt ctt ggc gct atc ggt 307
Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu Leu Gly Ala Ile Gly

55 60 65

gca cca ggt tcc gtc cct cca gga att ctc gag cgt ggt ttg ctg ctg 355

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

70 75 80 85

aag atg cga ttc gca ctg gat cac cac gtg aac ctg cgc cca tcc aag 403

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

90 95 100

<210> 272

<211> 101

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 272

Met Lys Leu Ala Val Ile Gly Gly Asp Gly Ile Gly Pro Glu Val Thr

1 5 10 15

Ala Glu Ala Leu Lys Val Leu Asn Ala Val Arg Asp Asp Ile Glu Thr

20 25 30

Thr Asp Tyr Asp Leu Gly Ala Arg Arg Tyr Leu Lys Asn Gly Glu Leu

35 40 45

Leu Thr Asp Glu Asp Leu Ala Ser Leu Arg Glu His Asp Ala Ile Leu

50 55 60

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

65 70 75 80

Arg Gly Leu Leu Leu Lys Met Arg Phe Ala Leu Asp His His Val Asn

85 90 95

Leu Arg Pro Ser Lys

100

<210> 273

<211> 1494

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1471)

<223> RXN00536

<400> 273

cggcgggtcc cagaggtctt aacacgaccg gcatcccgtc gcggagtttg gtgttgccgg 60

tcgtggaccc acccaaaact ttttaagaag gttgaacaca atg tct cct aac gat 115
Met Ser Pro Asn Asp

1 5

gca ttc atc tcc gca cct gcc aag atc gaa acc cca gtt ggg cct cgc 163
Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr Pro Val Gly Pro Arg

10 15 20

aac gaa ggc cag cca gca tgg aat aag cag cgt ggc tcc tca atg cca 211
Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg Gly Ser Ser Met Pro

25 30 35

gtt aac cgc tac atg cct ttc gag gtt gag gta gaa gat att tct ctg 259
Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val Glu Asp Ile Ser Leu

40 45 50

ccg gac cgc act tgg cca gat aaa aaa atc acc gtt gca cct cag tgg 307
Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr Val Ala Pro Gln Trp

55 60 65

tgt gct gtt gac ctg cgt gac ggc aac cag gct ctg att gat ccg atg 355
Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala Leu Ile Asp Pro Met

70 75 80 85

tct cct gag cgt aag cgc cgc atg ttt gag ctg ctg gtt cag atg ggc 403
Ser Pro Glu Arg Lys Arg Arg Met Phe Glu Leu Leu Val Gln Met Gly

90 95 100

ttc aaa gaa atc gag gtc ggt ttc cct tca gct tcc cag act gat ttt 451
Phe Lys Glu Ile Glu Val Gly Phe Pro Ser Ala Ser Gln Thr Asp Phe

105 110 115

gat ttc gtt cgt gag atc atc gaa aag ggc atg atc cct gac gat gtc 499
Asp Phe Val Arg Glu Ile Ile Glu Lys Gly Met Ile Pro Asp Asp Val

120 125 130

acc att cag gtt ctg gtt cag gct cgt gag cac ctg att cgc cgt act 547
Thr Ile Gln Val Leu Val Gln Ala Arg Glu His Leu Ile Arg Arg Thr

135 140 145

ttt gaa gct tgc gaa ggc gca aaa aac gtt atc gtg cac ttc tac aac 595
Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile Val His Phe Tyr Asn

150 155 160 165

tcc acc tcc atc ctg cag cgc aac gtg gtg ttc cgc atg gac aag gtg 643
Ser Thr Ser Ile Leu Gln Arg Asn Val Val Phe Arg Met Asp Lys Val

170 175 180

cag gtg aag aag ctg gct acc gat gcc gct gaa cta atc aag acc atc 691
Gln Val Lys Lys Leu Ala Thr Asp Ala Ala Glu Leu Ile Lys Thr Ile

185 190 195

gct cag gat tac cca gac acc aac tgg cgc tgg cag tac tcc cct gag 739
Ala Gln Asp Tyr Pro Asp Thr Asn Trp Arg Trp Gln Tyr Ser Pro Glu

200 205 210

tcc ttc acc ggc act gag gtt gag tac gcc aag gaa gtt gtg gac gca 787
Ser Phe Thr Gly Thr Glu Val Glu Tyr Ala Lys Glu Val Val Asp Ala

215 220 225

gtt gtt gag gtc atg gat cca act cct gag aac cca atg atc atc aac 835
Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn Pro Met Ile Ile Asn

230 235 240 245

ctg cct tcc acc gtt gag atg atc acc cct aac gtt tac gca gac tcc 883
Leu Pro Ser Thr Val Glu Met Ile Thr Pro Asn Val Tyr Ala Asp Ser

250 255 260

att gaa tgg atg cac cgc aat cta aac cgt cgt gat tcc att atc ctg 931
Ile Glu Trp Met His Arg Asn Leu Asn Arg Arg Asp Ser Ile Ile Leu

265 270 275

tcc ctg cac ccg cac aat gac cgt ggc acc ggc gtt ggc gca gct gag 979
Ser Leu His Pro His Asn Asp Arg Gly Thr Gly Val Gly Ala Ala Glu

280 285 290

ctg ggc tac atg gct ggc gct gac cgc atc gaa ggc tgc ctg ttc ggc 1027
Leu Gly Tyr Met Ala Gly Ala Asp Arg Ile Glu Gly Cys Leu Phe Gly

295 300 305

aac ggc gag cgc acc ggc aac gtc tgc ctg gtc acc ctg gca ctg aac 1075
Asn Gly Glu Arg Thr Gly Asn Val Cys Leu Val Thr Leu Ala Leu Asn

310 315 320 325

atg ctg acc cag ggc gtt gac cct cag ctg gac ttc acc gat ata cgc 1123
Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp Phe Thr Asp Ile Arg

330 335 340

cag atc cgc agc acc gtt gaa tac tgc aac cag ctg cgc gtt cct gag 1171
Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln Leu Arg Val Pro Glu

345 350 355

cgc cac cca tac ggc ggt gac ctg gtc ttc acc gct ttc tcc ggt tcc 1219
Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr Ala Phe Ser Gly Ser

360 365 370

cac cag gac gct gtg aac aag ggt ctg gac gcc atg gct gcc aag gtt 1267
His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala Met Ala Ala Lys Val

375 380 385

cag cca ggt gct agc tcc act gaa gtt tct tgg gag cag ctg cgc gac 1315
Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp Glu Gln Leu Arg Asp

390 395 400 405

acc cga atg gga ggt tcc tta cct gcc tat cga tcc aaa gga tgt cgg 1363
Thr Arg Met Gly Gly Ser Leu Pro Ala Tyr Arg Ser Lys Gly Cys Arg

410 415 420

tcg cga cta cga ggc tgt tat ccg cgt gaa ctc cca gtc cgg caa ggg 1411
Ser Arg Leu Arg Gly Cys Tyr Pro Arg Glu Leu Pro Val Arg Gln Gly

425 430 435

cgg cgt tgc tta cat cat gaa gac cga tca cgg tct gca gat ccc tcg 1459
Arg Arg Cys Leu His His Glu Asp Arg Ser Arg Ser Ala Asp Pro Ser

440 445 450

ctc cat gca ggt tgagttctcc accgttgtcc aga 1494
Leu His Ala Gly

455

<210> 274

<211> 457

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 274

Met Ser Pro Asn Asp Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr
1 5 10 15

Pro Val Gly Pro Arg Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg
20 25 30

Gly Ser Ser Met Pro Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val
35 40 45

Glu Asp Ile Ser Leu Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr
50 55 60

Val Ala Pro Gln Trp Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala
65 70 75 80

Leu Ile Asp Pro Met Ser Pro Glu Arg Lys Arg Arg Met Phe Glu Leu
85 90 95

Leu Val Gln Met Gly Phe Lys Glu Ile Glu Val Gly Phe Pro Ser Ala
100 105 110

Ser Gln Thr Asp Phe Asp Phe Val Arg Glu Ile Ile Glu Lys Gly Met
115 120 125

Ile Pro Asp Asp Val Thr Ile Gln Val Leu Val Gln Ala Arg Glu His
130 135 140

Leu Ile Arg Arg Thr Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile
145 150 155 160

Val His Phe Tyr Asn Ser Thr Ser Ile Leu Gln Arg Asn Val Val Phe
165 170 175

Arg Met Asp Lys Val Gln Val Lys Lys Leu Ala Thr Asp Ala Ala Glu
180 185 190

Leu Ile Lys Thr Ile Ala Gln Asp Tyr Pro Asp Thr Asn Trp Arg Trp
195 200 205

Gln Tyr Ser Pro Glu Ser Phe Thr Gly Thr Glu Val Glu Tyr Ala Lys
210 215 220

Glu Val Val Asp Ala Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn
225 230 235 240

Pro Met Ile Ile Asn Leu Pro Ser Thr Val Glu Met Ile Thr Pro Asn
245 250 255

Val Tyr Ala Asp Ser Ile Glu Trp Met His Arg Asn Leu Asn Arg Arg
260 265 270

Asp Ser Ile Ile Leu Ser Leu His Pro His Asn Asp Arg Gly Thr Gly
275 280 285

Val Gly Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Met Ala Gly Ala Asp Arg Ile Glu
290 295 300

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

Thr Leu Ala Leu Asn Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp
325 330 335

Phe Thr Asp Ile Arg Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln
340 345 350

Leu Arg Val Pro Glu Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr
355 360 365

Ala Phe Ser Gly Ser His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala
370 375 380

Met Ala Ala Lys Val Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp
385 390 395 400

Glu Gln Leu Arg Asp Thr Arg Met Gly Gly Ser Leu Pro Ala Tyr Arg
405 410 415

Ser Lys Gly Cys Arg Ser Arg Leu Arg Gly Cys Tyr Pro Arg Glu Leu
420 425 430

Pro Val Arg Gln Gly Arg Arg Cys Leu His His Glu Asp Arg Ser Arg
435 440 445

Ser Ala Asp Pro Ser Leu His Ala Gly
450 455

<210> 275
<211> 1333
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1333)
<223> FRXA00536

<400> 275
cggcgggtcc cagaggtctt aacacgaccg gcatcccgtc gcggagtttg gtgttgccgg 60

tcgtggaccc acccaaaact ttttaagaag gttgaacaca atg tct cct aac gat 115
Met Ser Pro Asn Asp

1 5

gca ttc atc tcc gca cct gcc aag atc gaa acc cca gtt ggg cct cgc 163
Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr Pro Val Gly Pro Arg

10 15 20

aac gaa ggc cag cca gca tgg aat aag cag cgt ggc tcc tca atg cca 211
Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg Gly Ser Ser Met Pro

25 30 35

gtt aac cgc tac atg cct ttc gag gtt gag gta gaa gat att tct ctg 259

Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val Glu Asp Ile Ser Leu	
40	45
50	
ccg gac cgc act tgg cca gat aaa aaa atc acc gtt gca cct cag tgg	307
Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr Val Ala Pro Gln Trp	
55	60
65	
tgt gct gtt gac ctg cgt gac ggc aac cag gct ctg att gat ccg atg	355
Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala Leu Ile Asp Pro Met	
70	75
80	85
tct cct gag cgt aag cgc cgc atg ttt gag ctg ctg gtt cag atg ggc	403
Ser Pro Glu Arg Lys Arg Arg Met Phe Glu Leu Leu Val Gln Met Gly	
90	95
100	
ttc aaa gaa atc gag gtc ggt ttc cct tca gct tcc cag act gat ttt	451
Phe Lys Glu Ile Glu Val Gly Phe Pro Ser Ala Ser Gln Thr Asp Phe	
105	110
115	
gat ttc gtt cgt gag atc atc gaa aag ggc atg atc cct gac gat gtc	499
Asp Phe Val Arg Glu Ile Ile Glu Lys Gly Met Ile Pro Asp Asp Val	
120	125
130	
acc att cag gtt ctg gtt cag gct cgt gag cac ctg att cgc cgt act	547
Thr Ile Gln Val Leu Val Gln Ala Arg Glu His Leu Ile Arg Arg Thr	
135	140
145	
ttt gaa gct tgc gaa ggc gca aaa aac gtt atc gtg cac ttc tac aac	595
Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile Val His Phe Tyr Asn	
150	155
160	165
tcc acc tcc atc ctg cag cgc aac gtg gtg ttc cgc atg gac aag gtg	643
Ser Thr Ser Ile Leu Gln Arg Asn Val Val Phe Arg Met Asp Lys Val	
170	175
180	
cag gtg aag aag ctg gct acc gat gcc gct gaa cta atc aag acc atc	691
Gln Val Lys Lys Leu Ala Thr Asp Ala Ala Glu Leu Ile Lys Thr Ile	
185	190
195	
gct cag gat tac cca gac acc aac tgg cgc tgg cag tac tcc cct gag	739

Ala Gln Asp Tyr Pro Asp Thr Asn Trp Arg Trp Gln Tyr Ser Pro Glu	
200	205
210	
tcc ttc acc ggc act gag gtt gag tac gcc aag gaa gtt gtg gac gca	787
Ser Phe Thr Gly Thr Glu Val Glu Tyr Ala Lys Glu Val Val Asp Ala	
215	220
225	
gtt gtt gag gtc atg gat cca act cct gag aac cca atg atc atc aac	835
Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn Pro Met Ile Ile Asn	
230	235
240	245
ctg cct tcc acc gtt gag atg atc acc cct aac gtt tac gca gac tcc	883
Leu Pro Ser Thr Val Glu Met Ile Thr Pro Asn Val Tyr Ala Asp Ser	
250	255
260	
att gaa tgg atg cac cgc aat cta aac cgt cgt gat tcc att atc ctg	931
Ile Glu Trp Met His Arg Asn Leu Asn Arg Arg Asp Ser Ile Ile Leu	
265	270
275	
tcc ctg cac ccg cac aat gac cgt ggc acc ggc gtt ggc gca gct gag	979
Ser Leu His Pro His Asn Asp Arg Gly Thr Gly Val Gly Ala Ala Glu	
280	285
290	
ctg ggc tac atg gct ggc gct gac cgc atc gaa ggc tgc ctg ttc ggc	1027
Leu Gly Tyr Met Ala Gly Ala Asp Arg Ile Glu Gly Cys Leu Phe Gly	
295	300
305	
aac ggc gag cgc acc ggc aac gtc tgc ctg gtc acc ctg gca ctg aac	1075
Asn Gly Glu Arg Thr Gly Asn Val Cys Leu Val Thr Leu Ala Leu Asn	
310	315
320	325
atg ctg acc cag ggc gtt gac cct cag ctg gac ttc acc gat ata cgc	1123
Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp Phe Thr Asp Ile Arg	
330	335
340	
cag atc cgc agc acc gtt gaa tac tgc aac cag ctg cgc gtt cct gag	1171
Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln Leu Arg Val Pro Glu	
345	350
355	
cgc cac cca tac ggc ggt gac ctg gtc ttc acc gct ttc tcc ggt tcc	1219

Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr Ala Phe Ser Gly Ser

360

365

370

cac cag gac gct gtg aac aag ggt ctg gac gcc atg gct gcc aag gtt 1267
His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala Met Ala Ala Lys Val

375

380

385

cag cca ggt gct agc tcc act gaa gtt tct tgg gag cag ctg cgc gac 1315
Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp Glu Gln Leu Arg Asp

390

395

400

405

acc gaa tgg gag gtt cct 1333
Thr Glu Trp Glu Val Pro

410

<210> 276

<211> 411

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 276

Met Ser Pro Asn Asp Ala Phe Ile Ser Ala Pro Ala Lys Ile Glu Thr
1 5 10 15

Pro Val Gly Pro Arg Asn Glu Gly Gln Pro Ala Trp Asn Lys Gln Arg
20 25 30

Gly Ser Ser Met Pro Val Asn Arg Tyr Met Pro Phe Glu Val Glu Val
35 40 45

Glu Asp Ile Ser Leu Pro Asp Arg Thr Trp Pro Asp Lys Lys Ile Thr
50 55 60

Val Ala Pro Gln Trp Cys Ala Val Asp Leu Arg Asp Gly Asn Gln Ala
65 70 75 80

Leu Ile Asp Pro Met Ser Pro Glu Arg Lys Arg Arg Met Phe Glu Leu
85 90 95

Leu Val Gln Met Gly Phe Lys Glu Ile Glu Val Gly Phe Pro Ser Ala
100 105 110

Ser Gln Thr Asp Phe Asp Phe Val Arg Glu Ile Ile Glu Lys Gly Met
115 120 125

Ile Pro Asp Asp Val Thr Ile Gln Val Leu Val Gln Ala Arg Glu His
130 135 140

Leu Ile Arg Arg Thr Phe Glu Ala Cys Glu Gly Ala Lys Asn Val Ile
145 150 155 160

Val His Phe Tyr Asn Ser Thr Ser Ile Leu Gln Arg Asn Val Val Phe
165 170 175

Arg Met Asp Lys Val Gln Val Lys Lys Leu Ala Thr Asp Ala Ala Glu
180 185 190

Leu Ile Lys Thr Ile Ala Gln Asp Tyr Pro Asp Thr Asn Trp Arg Trp
195 200 205

Gln Tyr Ser Pro Glu Ser Phe Thr Gly Thr Glu Val Glu Tyr Ala Lys
210 215 220

Glu Val Val Asp Ala Val Val Glu Val Met Asp Pro Thr Pro Glu Asn
225 230 235 240

Pro Met Ile Ile Asn Leu Pro Ser Thr Val Glu Met Ile Thr Pro Asn
245 250 255

Val Tyr Ala Asp Ser Ile Glu Trp Met His Arg Asn Leu Asn Arg Arg
260 265 270

Asp Ser Ile Ile Leu Ser Leu His Pro His Asn Asp Arg Gly Thr Gly
275 280 285

Val Gly Ala Ala Glu Leu Gly Tyr Met Ala Gly Ala Asp Arg Ile Glu
290 295 300

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

Thr Leu Ala Leu Asn Met Leu Thr Gln Gly Val Asp Pro Gln Leu Asp

325 330 335

Phe Thr Asp Ile Arg Gln Ile Arg Ser Thr Val Glu Tyr Cys Asn Gln
340 345 350

Leu Arg Val Pro Glu Arg His Pro Tyr Gly Gly Asp Leu Val Phe Thr
355 360 365

Ala Phe Ser Gly Ser His Gln Asp Ala Val Asn Lys Gly Leu Asp Ala
370 375 380

Met Ala Ala Lys Val Gln Pro Gly Ala Ser Ser Thr Glu Val Ser Trp
385 390 395 400

Glu Gln Leu Arg Asp Thr Glu Trp Glu Val Pro
405 410

<210> 277

<211> 714

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(691)

<223> RXN02965

<400> 277

caggaggcgc caccacctg gtatcccag cagtcgcagc cgccaccgaa tccgcggacc 60

ctgtcctcac ctgcagatat ctaaggaagg ctagaaaaca atg gaa aaa ttt acc 115
Met Glu Lys Phe Thr

1 5

acc tac acc ggc gtt ggc gtt cca ctg cag cga tcc aac gtg gac acc 163
Thr Tyr Thr Gly Val Gly Val Pro Leu Gln Arg Ser Asn Val Asp Thr

10 15 20

gac cag atc atc cca gcc gtc tac ctc aag cgc gtc acc cgg acc ggc 211
Asp Gln Ile Ile Pro Ala Val Tyr Leu Lys Arg Val Thr Arg Thr Gly

25 30 35

ttc gaa gac gga ctg ttt tcc aac tgg cgc caa aac gac ccc aac ttt	259
Phe Glu Asp Gly Leu Phe Ser Asn Trp Arg Gln Asn Asp Pro Asn Phe	
40 45 50	
gtc ctc aac acc gac acc tac aag aac ggc tcc gtt ctc gta gca ggc	307
Val Leu Asn Thr Asp Thr Tyr Lys Asn Gly Ser Val Leu Val Ala Gly	
55 60 65	
cct gac ttt ggc acc ggc tcc tcc cgc gag cac gcc gtc tgg gca ctc	355
Pro Asp Phe Gly Thr Gly Ser Ser Arg Glu His Ala Val Trp Ala Leu	
70 75 80 85	
atg gac tac ggc ttc cgc gct gtc ttc tcc tca cga ttc gcc gac atc	403
Met Asp Tyr Gly Phe Arg Ala Val Phe Ser Ser Arg Phe Ala Asp Ile	
90 95 100	
ttc cgc ggc aac tcc gga aaa gcg ggc atg ctc acc ggc atc atg gaa	451
Phe Arg Gly Asn Ser Gly Lys Ala Gly Met Leu Thr Gly Ile Met Glu	
105 110 115	
cag tcc gac atc gaa ctt ctg tgg aag ctc atg gaa caa acc cca ggc	499
Gln Ser Asp Ile Glu Leu Leu Trp Lys Leu Met Glu Gln Thr Pro Gly	
120 125 130	
ctc gaa ctg acc gtg aac ctg gaa aag cag atc gtc acc gca ggc gac	547
Leu Glu Leu Thr Val Asn Leu Glu Lys Gln Ile Val Thr Ala Gly Asp	
135 140 145	
gta gtg atc agc ttc gaa gtt gac ccc tac atc cgc tgg cgt ttg atg	595
Val Val Ile Ser Phe Glu Val Asp Pro Tyr Ile Arg Trp Arg Leu Met	
150 155 160 165	
gaa ggc ctc gac gac gct ggc ctg acc ctg cgc aag ctc gat gaa att	643
Glu Gly Leu Asp Asp Ala Gly Leu Thr Leu Arg Lys Leu Asp Glu Ile	
170 175 180	
gaa gac tac gag gct aag cgc cct gcg ttt aag cca cgc act aac gct	691
Glu Asp Tyr Glu Ala Lys Arg Pro Ala Phe Lys Pro Arg Thr Asn Ala	
185 190 195	

taagtttcag tctgatagcg aaa

714

<210> 278

<211> 197

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 278

Met	Glu	Lys	Phe	Thr	Thr	Tyr	Thr	Gly	Val	Gly	Val	Pro	Leu	Gln	Arg
1				5					10					15	

Ser	Asn	Val	Asp	Thr	Asp	Gln	Ile	Ile	Pro	Ala	Val	Tyr	Leu	Lys	Arg
			20				25						30		

Val	Thr	Arg	Thr	Gly	Phe	Glu	Asp	Gly	Leu	Phe	Ser	Asn	Trp	Arg	Gln
		35					40					45			

Asn	Asp	Pro	Asn	Phe	Val	Leu	Asn	Thr	Asp	Thr	Tyr	Lys	Asn	Gly	Ser
	50					55					60				

Val	Leu	Val	Ala	Gly	Pro	Asp	Phe	Gly	Thr	Gly	Ser	Ser	Arg	Glu	His
65					70					75					80

Ala	Val	Trp	Ala	Leu	Met	Asp	Tyr	Gly	Phe	Arg	Ala	Val	Phe	Ser	Ser
			85						90					95	

Arg	Phe	Ala	Asp	Ile	Phe	Arg	Gly	Asn	Ser	Gly	Lys	Ala	Gly	Met	Leu
		100						105					110		

Thr	Gly	Ile	Met	Glu	Gln	Ser	Asp	Ile	Glu	Leu	Leu	Trp	Lys	Leu	Met
		115						120					125		

Glu	Gln	Thr	Pro	Gly	Leu	Glu	Leu	Thr	Val	Asn	Leu	Glu	Lys	Gln	Ile
	130					135						140			

Val	Thr	Ala	Gly	Asp	Val	Val	Ile	Ser	Phe	Glu	Val	Asp	Pro	Tyr	Ile
145					150					155					160

Arg	Trp	Arg	Leu	Met	Glu	Gly	Leu	Asp	Asp	Ala	Gly	Leu	Thr	Leu	Arg
			165					170						175	

Lys Leu Asp Glu Ile Glu Asp Tyr Glu Ala Lys Arg Pro Ala Phe Lys

180 185 190

Pro Arg Thr Asn Ala
195

<210> 279
<211> 936
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(913)
<223> RXN01929

<400> 279
aaaatttgac tccataacga gaacttaatc gagcaacacc cctgaacagt gaatcaaac 60

ggaatttatt tattctgagc tggatcatcac atctatactc atg ccc atg tca ggc 115
Met Pro Met Ser Gly
1 5

att gat gca aag aaa atc cgc acc cgt cat ttc cgc gaa gct aaa gta 163
Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu Ala Lys Val
10 15 20

aac ggc cag aaa gtt tcg gtt ctc acc agc tat gat gcg ctt tcg gcg 211
Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala Leu Ser Ala
25 30 35

cgc att ttt gat gag gct ggc gtc gat atg ctc ctt gtt ggt gat tcc 259
Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val Gly Asp Ser
40 45 50

gct gcc aac gtt gtg ctg ggt cgc gat acc acc ttg tcg atc acc ttg 307
Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser Ile Thr Leu
55 60 65

gat gag atg att gtg ctg gcc aag gcg gtg acg atc gct acg aag cgt 355
Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala Thr Lys Arg
70 75 80 85

gcg ctt gtg gtg gtt gat ctg ccg ttt ggt acc tat gag gtg agc cca	403
Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu Val Ser Pro	
90 95 100	
aat cag gcg gtg gag tcc gcg atc cgg gtc atg cgt gaa acg ggt gcg	451
Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu Thr Gly Ala	
105 110 115	
gct gcg gtg aag atc gag ggt ggc gtg gag atc gcg cag acg att cga	499
Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln Thr Ile Arg	
120 125 130	
cgc att gtt gat gct gga att ccg gtt gtc ggc cac atc ggg tac acc	547
Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile Gly Tyr Thr	
135 140 145	
ccg cag tcc gag cat tcc ttg ggc ggc cac gtg gtt cag ggt cgt ggc	595
Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln Gly Arg Gly	
150 155 160 165	
gcg agt tct gga aag ctc atc gcc gat gcc cgc gcg ttg gag cag gcg	643
Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu Glu Gln Ala	
170 175 180	
ggt gcg ttt gcg gtt gtg ttg gag atg gtt cca gca gag gca gcg cgc	691
Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu Ala Ala Arg	
185 190 195	
gag gtt acc gag gat ctt tcc atc acc act atc gga atc ggt gcc ggc	739
Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile Gly Ala Gly	
200 205 210	
aat ggc aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc	787
Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu	
215 220 225	
aac cgc ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc	835
Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly	
230 235 240 245	
gat tcc ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg	883

Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala

250 255 260

ggt acc ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca 933
Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

265 270

aag 936

<210> 280

<211> 271

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 280

Met Pro Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe
1 5 10 15

Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr
20 25 30

Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu
35 40 45

Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr
50 55 60

Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr
65 70 75 80

Ile Ala Thr Lys Arg Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr
85 90 95

Tyr Glu Val Ser Pro Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met
100 105 110

Arg Glu Thr Gly Ala Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile
115 120 125

Ala Gln Thr Ile Arg Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly
130 135 140

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

Val Gln Gly Arg Gly Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg
165 170 175

Ala Leu Glu Gln Ala Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro
180 185 190

Ala Glu Ala Ala Arg Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile
195 200 205

Gly Ile Gly Ala Gly Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln
210 215 220

Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu
225 230 235 240

Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile
245 250 255

Ala Asp Ile His Ala Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe
260 265 270

<210> 281
<211> 930
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(907)
<223> FRXA01929

<400> 281
tgactccata acgagaactt aatcgagcaa caccctgaa cagtgaatca aatcggaatt 60

tattttattct gagctggtea tcacatctat actcatgccc atg tca ggc att gat 115
Met Ser Gly Ile Asp

1 5

gca aag aaa atc cgc acc cgt cat ttc cgc gaa gct aaa gta aac ggc	163
Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly	
10 15 20	
cag aaa gtt tcg gtt ctc acc agc tat gat gcg ctt tcg gcg cgc att	211
Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile	
25 30 35	
ttt gat gag gct ggc gtc gat atg ctc ctt gtt ggt gat tcc gct gcc	259
Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala	
40 45 50	
aac gtt gtg ctg ggt cgc gat acc acc ttg tcg atc acc ttg gat gag	307
Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu	
55 60 65	
atg att gtg ctg gcc aag gcg gtg acg atc gct acg aag cgt gcg ctt	355
Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala Thr Lys Arg Ala Leu	
70 75 80 85	
gtg gtg gtt gat ctg ccg ttt ggt acc tat gag gtg agc cca aat cag	403
Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu Val Ser Pro Asn Gln	
90 95 100	
gcg gtg gag tcc gcg atc cgg gtc atg cgt gaa acg ggt gcg gct gcg	451
Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu Thr Gly Ala Ala Ala	
105 110 115	
gtg aag atc gag ggt ggc gtg gag atc gcg cag acg att cga cgc att	499
Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln Thr Ile Arg Arg Ile	
120 125 130	
gtt gat gct gga att ccg gtt gtc ggc cac atc ggg tac acc ccg cag	547
Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile Gly Tyr Thr Pro Gln	
135 140 145	
tcc gag cat tcc ttg ggc ggc cac gtg gtt cag ggt cgt ggc gcg agt	595
Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln Gly Arg Gly Ala Ser	
150 155 160 165	
tct gga aag ctc atc gcc gat gcc cgc gcg ttg gag cag gcg ggt gcg	643

Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu Glu Gln Ala Gly Ala

170

175

180

ttt gcg gtt gtg ttg gag atg gtt cca gca gag gca gcg cgc gag gtt 691
Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu Ala Ala Arg Glu Val

185

190

195

acc gag gat ctt tcc atc acc act atc gga atc ggt gcc ggc aat ggc 739
Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile Gly Ala Gly Asn Gly

200

205

210

aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc aac cgc 787
Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg

215

220

225

ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc gat tcc 835
Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser

230

235

240

245

ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg ggt acc 883
Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala Gly Thr

250

255

260

ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca aag 930
Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

265

<210> 282

<211> 269

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 282

Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu
1 5 10 15

Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala
20 25 30

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

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

260

265

<210> 283
 <211> 1065
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1042)
 <223> RXN01420

<400> 283
 cgaagttcac gactacaggc attacctggg tgctgatttt gcgcgagtaa agctgtggct 60

gcggaatgcg ctgctcatcc acacgtggaa tcctgattgg gtg acg ctg ggt gga 115
 Val Thr Leu Gly Gly

1 5

ttg aat gta cca tcg tgg tcg ctg ggc gcg gaa atg ctg ttc tac ctg 163
 Leu Asn Val Pro Ser Trp Ser Leu Gly Ala Glu Met Leu Phe Tyr Leu

10 15 20

acg ttc ccg ctg ttt att ccg tta gtg cgc aaa gtg aag ggc gtg ggc 211
 Thr Phe Pro Leu Phe Ile Pro Leu Val Arg Lys Val Lys Gly Val Gly

25 30 35

aac tgg tgg gca ttt ggc atc acc ttt gcc gtg agc ctg gcg ctg att 259
 Asn Trp Trp Ala Phe Gly Ile Thr Phe Ala Val Ser Leu Ala Leu Ile

40 45 50

aca gtg att cac ttt tat gcg gac gga cca aag ggg att gag aac ttc 307
 Thr Val Ile His Phe Tyr Ala Asp Gly Pro Lys Gly Ile Glu Asn Phe

55 60 65

ttt gtt cct cgc ctg tgg gac acc aat gtg tca ccg gtc gcg gaa gtt 355
 Phe Val Pro Arg Leu Trp Asp Thr Asn Val Ser Pro Val Ala Glu Val

70 75 80 85

cac gcc gat cca gtg tgg ttt atg cag gaa gaa att ccc gtg ctg gaa 403
 His Ala Asp Pro Val Trp Phe Met Gln Glu Glu Ile Pro Val Leu Glu

90	95	100	
tct tac tgg ctg tct tac tac ttc ccg ctg acc aga ctc atc gag ttc			451
Ser Tyr Trp Leu Ser Tyr Tyr Phe Pro Leu Thr Arg Leu Ile Glu Phe			
105	110	115	
tac ctc ggt gtg ttt ggc gcg aag ctg gtt gct gaa ggc atg ttt aaa			499
Tyr Leu Gly Val Phe Gly Ala Lys Leu Val Ala Glu Gly Met Phe Lys			
120	125	130	
aac acc aac atc acc atc ccg ctg atc gca ctg gct gtt tct ttt gtt			547
Asn Thr Asn Ile Thr Ile Pro Leu Ile Ala Leu Ala Val Ser Phe Val			
135	140	145	
gct act tgg ttt gtg cca ctg gca ttc aag atg tct gtc atc atg tcc			595
Ala Thr Trp Phe Val Pro Leu Ala Phe Lys Met Ser Val Ile Met Ser			
150	155	160	165
ctg cca atg gct ttt gtt gtg gca acg ctt gcg gtg aga gac att gaa			643
Leu Pro Met Ala Phe Val Val Ala Thr Leu Ala Val Arg Asp Ile Glu			
170	175	180	
ggc aag agt ggg gaa atc gcc tcg cct cgc gca gtt ttg ttg ggt aat			691
Gly Lys Ser Gly Glu Ile Ala Ser Pro Arg Ala Val Leu Leu Gly Asn			
185	190	195	
att tcc ttt gcc ttc tac atg gtg caa ttc ccc gtc atg gtg ttt gtg			739
Ile Ser Phe Ala Phe Tyr Met Val Gln Phe Pro Val Met Val Phe Val			
200	205	210	
cag cgc tat ttc att gct ggc aaa gaa tac ggc ttc ctt ggc tgg gca			787
Gln Arg Tyr Phe Ile Ala Gly Lys Glu Tyr Gly Phe Leu Gly Trp Ala			
215	220	225	
ttc tat gca gtg gtg tgt ttc atc gtg tcg gtc att ctc gcg tgg gtg			835
Phe Tyr Ala Val Val Cys Phe Ile Val Ser Val Ile Leu Ala Trp Val			
230	235	240	245
ctg ttt acc ttc gtt gat gat cct ttg atg aag gcc acg gcg cgc aag			883
Leu Phe Thr Phe Val Asp Asp Pro Leu Met Lys Ala Thr Ala Arg Lys			

250 255 260

aag ggg agt agg cgc ttg aag cag tcc aat att ttg gtc cgt gac ctg 931
Lys Gly Ser Arg Arg Leu Lys Gln Ser Asn Ile Leu Val Arg Asp Leu

265 270 275

aaa gtt ctc ttc ggc aaa agc ccc gaa aag ccg tta aaa gtt gag act 979
Lys Val Leu Phe Gly Lys Ser Pro Glu Lys Pro Leu Lys Val Glu Thr

280 285 290

cgc gct gag aat ctc aca gaa aac tcc gaa gct ccc gct aag gta gct 1027
Arg Ala Glu Asn Leu Thr Glu Asn Ser Glu Ala Pro Ala Lys Val Ala

295 300 305

acc gga atc aaa tct tagggaagga aaacatatgg cta 1065
Thr Gly Ile Lys Ser

310

<210> 284
<211> 314
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 284
Val Thr Leu Gly Gly Leu Asn Val Pro Ser Trp Ser Leu Gly Ala Glu
1 5 10 15

Met Leu Phe Tyr Leu Thr Phe Pro Leu Phe Ile Pro Leu Val Arg Lys
20 25 30

Val Lys Gly Val Gly Asn Trp Trp Ala Phe Gly Ile Thr Phe Ala Val
35 40 45

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

Gly Ile Glu Asn Phe Phe Val Pro Arg Leu Trp Asp Thr Asn Val Ser
65 70 75 80

Pro Val Ala Glu Val His Ala Asp Pro Val Trp Phe Met Gln Glu Glu

85

90

95

Ile Pro Val Leu Glu Ser Tyr Trp Leu Ser Tyr Tyr Phe Pro Leu Thr
100 105 110

Arg Leu Ile Glu Phe Tyr Leu Gly Val Phe Gly Ala Lys Leu Val Ala
115 120 125

Glu Gly Met Phe Lys Asn Thr Asn Ile Thr Ile Pro Leu Ile Ala Leu
130 135 140

Ala Val Ser Phe Val Ala Thr Trp Phe Val Pro Leu Ala Phe Lys Met
145 150 155 160

Ser Val Ile Met Ser Leu Pro Met Ala Phe Val Val Ala Thr Leu Ala
165 170 175

Val Arg Asp Ile Glu Gly Lys Ser Gly Glu Ile Ala Ser Pro Arg Ala
180 185 190

Val Leu Leu Gly Asn Ile Ser Phe Ala Phe Tyr Met Val Gln Phe Pro
195 200 205

Val Met Val Phe Val Gln Arg Tyr Phe Ile Ala Gly Lys Glu Tyr Gly
210 215 220

Phe Leu Gly Trp Ala Phe Tyr Ala Val Val Cys Phe Ile Val Ser Val
225 230 235 240

Ile Leu Ala Trp Val Leu Phe Thr Phe Val Asp Asp Pro Leu Met Lys
245 250 255

Ala Thr Ala Arg Lys Lys Gly Ser Arg Arg Leu Lys Gln Ser Asn Ile
260 265 270

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

Leu Lys Val Glu Thr Arg Ala Glu Asn Leu Thr Glu Asn Ser Glu Ala
290 295 300

Pro Ala Lys Val Ala Thr Gly Ile Lys Ser
305 310

<210> 285
<211> 1137
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1114)
<223> RXS01145

<400> 285
taatgtagtt gtctgcccaa gcgagttaaa ctcccacgat ttacagtggg gggcagacat 60

ctttcacca aaatttttac gaaaggcgag attttctccc atg gct att gaa ctg 115
Met Ala Ile Glu Leu

1 5

ctt tat gat gct gac gct gac ctc tcc ttg atc cag ggc cgt aag gtt 163
Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile Gln Gly Arg Lys Val

10 15 20

gcc atc gtt ggc tac ggc tcc cag ggc cac gca cac tcc cag aac ctc 211
Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala His Ser Gln Asn Leu

25 30 35

cgc gat tct ggc gtt gag gtt gtc att ggt ctg cgc gag ggc tcc aag 259
Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu Arg Glu Gly Ser Lys

40 45 50

tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct 307
Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala

55 60 65

gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc 355
Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr

70 75 80 85

tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca 403
Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala

90	95	100	
ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg			451
Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu			
105	110	115	
atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc			499
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly			
120	125	130	
cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct			547
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro			
135	140	145	
tgc ctc atc gca gtc gac cag gac cca acc gga acc gca cag gct ctg			595
Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly Thr Ala Gln Ala Leu			
150	155	160	165
acc ctg tcc tac gca gca gca atc ggt ggc gca cgc gca ggc gtt atc			643
Thr Leu Ser Tyr Ala Ala Ala Ile Gly Gly Ala Arg Ala Gly Val Ile			
170	175	180	
cca acc acc ttc gaa gct gag acc gtc acc gac ctc ttc ggc gag cag			691
Pro Thr Thr Phe Glu Ala Glu Thr Val Thr Asp Leu Phe Gly Glu Gln			
185	190	195	
gct gtt ctc tgc ggt ggc acc gag gaa ctg gtc aag gtt ggc ttc gag			739
Ala Val Leu Cys Gly Gly Thr Glu Glu Leu Val Lys Val Gly Phe Glu			
200	205	210	
gtt ctc acc gaa gct ggc tac gag cca gag atg gca tac ttc gag gtt			787
Val Leu Thr Glu Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Ala Tyr Phe Glu Val			
215	220	225	
ctt cac gag ctc aag ctc atc gtt gac ctc atg ttc gaa ggt ggc atc			835
Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met Phe Glu Gly Gly Ile			
230	235	240	245
agc aac atg aac tac tct gtt tct gac acc gct gag ttc ggt ggc tac			883
Ser Asn Met Asn Tyr Ser Val Ser Asp Thr Ala Glu Phe Gly Gly Tyr			

250	255	260	
ctc tcc ggc cca cgc gtc atc gat gca gac acc aag tcc cgc atg aag			931
Leu Ser Gly Pro Arg Val Ile Asp Ala Asp Thr Lys Ser Arg Met Lys			
265	270	275	
gac atc ctg acc gat atc cag gac ggc acc ttc acc aag cgc ctc atc			979
Asp Ile Leu Thr Asp Ile Gln Asp Gly Thr Phe Thr Lys Arg Leu Ile			
280	285	290	
gca aac gtt gag aac ggc aac acc gag ctt gag ggc ctt cgt gct tcc			1027
Ala Asn Val Glu Asn Gly Asn Thr Glu Leu Glu Gly Leu Arg Ala Ser			
295	300	305	
tac aac aac cac cca atc gag gag acc ggc gct aag ctc cgc gac ctc			1075
Tyr Asn Asn His Pro Ile Glu Glu Thr Gly Ala Lys Leu Arg Asp Leu			
310	315	320	325
atg agc tgg gtc aag gtt gac gct cgc gca gaa acc gct taagtttcac			1124
Met Ser Trp Val Lys Val Asp Ala Arg Ala Glu Thr Ala			
330	335		
ccctttgacg gct			1137

<210> 286
 <211> 338
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 286
 Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile
 1 5 10 15
 Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala
 20 25 30
 His Ser Gln Asn Leu Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu
 35 40 45
 Arg Glu Gly Ser Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
 50 55 60

Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
65 70 75 80

Leu Ala Pro Asp Thr Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu
85 90 95

Pro Asn Leu Asn Ala Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn
100 105 110

Ile His Phe Asp Leu Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met
115 120 125

Val Ala Pro Lys Gly Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp
130 135 140

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly
145 150 155 160

Thr Ala Gln Ala Leu Thr Leu Ser Tyr Ala Ala Ala Ile Gly Gly Ala
165 170 175

Arg Ala Gly Val Ile Pro Thr Thr Phe Glu Ala Glu Thr Val Thr Asp
180 185 190

Leu Phe Gly Glu Gln Ala Val Leu Cys Gly Gly Thr Glu Glu Leu Val
195 200 205

Lys Val Gly Phe Glu Val Leu Thr Glu Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met
210 215 220

Ala Tyr Phe Glu Val Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met
225 230 235 240

Phe Glu Gly Gly Ile Ser Asn Met Asn Tyr Ser Val Ser Asp Thr Ala
245 250 255

Glu Phe Gly Gly Tyr Leu Ser Gly Pro Arg Val Ile Asp Ala Asp Thr
260 265 270

Lys Ser Arg Met Lys Asp Ile Leu Thr Asp Ile Gln Asp Gly Thr Phe

40	45	50	
tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct			307
Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala			
55	60	65	
gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc			355
Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr			
70	75	80	85
tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca			403
Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala			
90	95	100	
ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg			451
Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu			
105	110	115	
atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc			499
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly			
120	125	130	
cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct			547
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro			
135	140	145	
tgc ctc atc			556
Cys Leu Ile			
150			
<210> 288			
<211> 152			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 288			
Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile			
1	5	10	15
Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala			

20 25 30

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

Arg Glu Gly Ser Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
50 55 60

Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
65 70 75 80

Leu Ala Pro Asp Thr Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu
85 90 95

Pro Asn Leu Asn Ala Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn
100 105 110

Ile His Phe Asp Leu Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met
115 120 125

Val Ala Pro Lys Gly Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp
130 135 140

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile
145 150

<210> 289
<211> 1350
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1327)
<223> RXA02375

<400> 289
cttttcagggt ctacgtgtat acgatggtaa cgctatgaat gatacgcaga acacacctga 60

aagcgttcga ttacgggata atctcccaac gccaacccaa atg gcg ccg gtg aca 115
Met Ala Pro Val Thr

	1	5	
ggg ctt cct gtc acc ccc tac agc cag gaa gca agc atc ggt gcg agc			163
Gly Leu Pro Val Thr Pro Tyr Ser Gln Glu Ala Ser Ile Gly Ala Ser			
	10	15	20
ttc ccg gca gtg gat ccg gac acc aaa gac agc gcc gca tac gga cat			211
Phe Pro Ala Val Asp Pro Asp Thr Lys Asp Ser Ala Ala Tyr Gly His			
	25	30	35
gaa tcc gga atg cgt gag cgc atc tcc aac gct aag cga gtg gtg gtg			259
Glu Ser Gly Met Arg Glu Arg Ile Ser Asn Ala Lys Arg Val Val Val			
	40	45	50
aaa att ggt tcg tcc tca ttg act aac gat gag gac gga cac acc gtc			307
Lys Ile Gly Ser Ser Ser Leu Thr Asn Asp Glu Asp Gly His Thr Val			
	55	60	65
gat ccc aac cgc atc aac act att gtc aat gcc ttg caa gca cgc atg			355
Asp Pro Asn Arg Ile Asn Thr Ile Val Asn Ala Leu Gln Ala Arg Met			
	70	75	80
	85		
gaa gct ggc tcg gac ctc atc gtt gtg tcc tct ggc gca gtg gcc gcg			403
Glu Ala Gly Ser Asp Leu Ile Val Val Ser Ser Gly Ala Val Ala Ala			
	90	95	100
gga atg gcc ccg ctt gga ttg agc acc cgg ccc acg gaa ttg gca gtc			451
Gly Met Ala Pro Leu Gly Leu Ser Thr Arg Pro Thr Glu Leu Ala Val			
	105	110	115
aag cag gct gca gca gca gtg ggg caa gtt cac ctc atg cac cag tgg			499
Lys Gln Ala Ala Ala Ala Val Gly Gln Val His Leu Met His Gln Trp			
	120	125	130
gga cgt tct ttt gcc cgg tat ggt cgc ccc atc ggc cag gtg ctt ctt			547
Gly Arg Ser Phe Ala Arg Tyr Gly Arg Pro Ile Gly Gln Val Leu Leu			
	135	140	145
acc gca gct gat gca gga aag cgt gat cgt gcg agg aat gcg cag cgt			595
Thr Ala Ala Asp Ala Gly Lys Arg Asp Arg Ala Arg Asn Ala Gln Arg			

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

310	315	320	325	
gcg gtg gaa gca gtg acc tcc ggt ggt aaa tct ttg ctg gct gtg ggc	1123			
Ala Val Glu Ala Val Thr Ser Gly Gly Lys Ser Leu Leu Ala Val Gly				
	330	335	340	
att act gaa atc att ggt gat ttc cag cag ggt gag atc gtg gag atc	1171			
Ile Thr Glu Ile Ile Gly Asp Phe Gln Gln Gly Glu Ile Val Glu Ile				
	345	350	355	
ttg gga cct gcc ggc caa atc atc ggg cga ggc gag gtg tcc tac gat	1219			
Leu Gly Pro Ala Gly Gln Ile Ile Gly Arg Gly Glu Val Ser Tyr Asp				
	360	365	370	
tct gat acc ttg caa tca atg gtt ggt atg caa acg cag gac ctt cca	1267			
Ser Asp Thr Leu Gln Ser Met Val Gly Met Gln Thr Gln Asp Leu Pro				
	375	380	385	
gat ggc atg cag cgc ccg gta gtg cat gca gat tat ctg tcc aac tac	1315			
Asp Gly Met Gln Arg Pro Val Val His Ala Asp Tyr Leu Ser Asn Tyr				
390	395	400	405	
gcc agc cgc gcg taaagcgagg gcctgctggt ggc	1350			
Ala Ser Arg Ala				

<210> 290
 <211> 409
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 290
 Met Ala Pro Val Thr Gly Leu Pro Val Thr Pro Tyr Ser Gln Glu Ala
 1 5 10 15

Ser Ile Gly Ala Ser Phe Pro Ala Val Asp Pro Asp Thr Lys Asp Ser
 20 25 30

Ala Ala Tyr Gly His Glu Ser Gly Met Arg Glu Arg Ile Ser Asn Ala
 35 40 45

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

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

275 280 285

Asp Ala Gln Val Gly Thr Val Phe His Pro Lys Asp Asn Arg Leu Ser
 290 295 300

Ala Trp Lys Phe Trp Ala Leu Tyr Ala Ala Asp Thr Ala Gly Lys Ile
 305 310 315 320

Arg Leu Asp Asp Gly Ala Val Glu Ala Val Thr Ser Gly Gly Lys Ser
 325 330 335

Leu Leu Ala Val Gly Ile Thr Glu Ile Ile Gly Asp Phe Gln Gln Gly
 340 345 350

Glu Ile Val Glu Ile Leu Gly Pro Ala Gly Gln Ile Ile Gly Arg Gly
 355 360 365

Glu Val Ser Tyr Asp Ser Asp Thr Leu Gln Ser Met Val Gly Met Gln
 370 375 380

Thr Gln Asp Leu Pro Asp Gly Met Gln Arg Pro Val Val His Ala Asp
 385 390 395 400

Tyr Leu Ser Asn Tyr Ala Ser Arg Ala
 405

<210> 291
 <211> 1419
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1396)
 <223> RXN02382

<400> 291
 gagcagatgg ccaccgaggt cgatgtgggtg gctggctact aggcctttta tgggtgatc 60

cgacactgtt gcttcttaag ggtctgtata gtgggcaacc atg agt tca acg acc 115
 Met Ser Ser Thr Thr

	1	5	
cta act gat gac caa att cgc gac aat gag cgg acc gaa gtt cta gct			163
Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg Thr Glu Val Leu Ala			
	10	15	20
aaa gca act gca gct aag aac atc gtc ccg gat att gca gtg ttg ggc			211
Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp Ile Ala Val Leu Gly			
	25	30	35
acc gga ccg aag aac gca atc ctg cgt gcg gcg gca gat gaa ctc gtt			259
Thr Gly Pro Lys Asn Ala Ile Leu Arg Ala Ala Ala Asp Glu Leu Val			
	40	45	50
gca cgc agc gca gaa atc atc gaa gcc aac gct tcc gat atc gaa gcg			307
Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala Ser Asp Ile Glu Ala			
	55	60	65
ggc cgc gca aac ggc atg gaa gaa tcc atg att gat cgc ctt gcc ctt			355
Gly Arg Ala Asn Gly Met Glu Glu Ser Met Ile Asp Arg Leu Ala Leu			
	70	75	80
			85
gat gaa tct cgc att gag ggc atc gct ggc ggt ttg cgc cag gtt gct			403
Asp Glu Ser Arg Ile Glu Gly Ile Ala Gly Gly Leu Arg Gln Val Ala			
	90	95	100
ggc ctg acc gac cca gtg ggt gaa gta ctg cgc gga cat gtc atg gaa			451
Gly Leu Thr Asp Pro Val Gly Glu Val Leu Arg Gly His Val Met Glu			
	105	110	115
aac ggc att cag atg aag cag gtc cgt gtg cct ttg ggc gtg atg ggc			499
Asn Gly Ile Gln Met Lys Gln Val Arg Val Pro Leu Gly Val Met Gly			
	120	125	130
atg gtc tat gaa gcc cgc cct aac gtc acc gtc gac gcc ttc ggc ctg			547
Met Val Tyr Glu Ala Arg Pro Asn Val Thr Val Asp Ala Phe Gly Leu			
	135	140	145
gca ctc aag tcc gga aac gta gct ttg ctg cgc ggt tcc tcc aca gct			595
Ala Leu Lys Ser Gly Asn Val Ala Leu Leu Arg Gly Ser Ser Thr Ala			

150	155	160	165	
gtg cat tcc aac acc aag ctc gtg gaa atc ctg cag gac gtc ctc gag				643
Val His Ser Asn Thr Lys Leu Val Glu Ile Leu Gln Asp Val Leu Glu				
	170	175	180	
cgt ttc gag ctg cca cgc gaa acc gtg cag ttg ctg cct tgc caa acc				691
Arg Phe Glu Leu Pro Arg Glu Thr Val Gln Leu Leu Pro Cys Gln Thr				
	185	190	195	
cgc gga tcc gtc caa gat ttg atc acc gca cgc ggc ctc gtt gac gtg				739
Arg Gly Ser Val Gln Asp Leu Ile Thr Ala Arg Gly Leu Val Asp Val				
	200	205	210	
gtc atc cca cgc ggc ggc gca gga cta atc aac gca gtg gtc acc ggt				787
Val Ile Pro Arg Gly Gly Ala Gly Leu Ile Asn Ala Val Val Thr Gly				
	215	220	225	
gcg acc gtg ccc acc att gaa acc ggc acc ggc aac tgc cac ttc tac				835
Ala Thr Val Pro Thr Ile Glu Thr Gly Thr Gly Asn Cys His Phe Tyr				
230	235	240	245	
atc gat gcc gaa gcc aag ctt gat cag gca atc gcc atg gtc atc aac				883
Ile Asp Ala Glu Ala Lys Leu Asp Gln Ala Ile Ala Met Val Ile Asn				
	250	255	260	
ggc aag acc cgc cgc tgc agc gtg tgc aac gct act gaa acc gcg ctt				931
Gly Lys Thr Arg Arg Cys Ser Val Cys Asn Ala Thr Glu Thr Ala Leu				
	265	270	275	
ctc gac gcc gcc ctc agc gac tca gac aag ctt gca gtc gtc cag gcg				979
Leu Asp Ala Ala Leu Ser Asp Ser Asp Lys Leu Ala Val Val Gln Ala				
	280	285	290	
ctc cag gaa gca gga gtc aca att cat gga cgg gtg gcc gaa ttg gaa				1027
Leu Gln Glu Ala Gly Val Thr Ile His Gly Arg Val Ala Glu Leu Glu				
	295	300	305	
gca ttc ggt gca acc gac gtg gtg gaa gca act gaa act gac tgg gat				1075
Ala Phe Gly Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr Glu Thr Asp Trp Asp				

310	315	320	325	
tct gag tac ctg tcc ttc gat atc gct gtc gct gtg gtt gac ggt gtg				1123
Ser Glu Tyr Leu Ser Phe Asp Ile Ala Val Ala Val Val Asp Gly Val				
	330	335	340	
gat gga gct ctg gca cac atc gct aag tac agc acc aag cac acc gaa				1171
Asp Gly Ala Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser Thr Lys His Thr Glu				
	345	350	355	
gcg atc gcc acc caa aac att gaa acc gct cag cgc ttt gca gat cgc				1219
Ala Ile Ala Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln Arg Phe Ala Asp Arg				
	360	365	370	
gtc gat gca gca gcg gtg atg ata aac gca tcc acc gcc tac acc gat				1267
Val Asp Ala Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser Thr Ala Tyr Thr Asp				
	375	380	385	
ggg gag cag tac ggc atg ggc gcg gag atc ggc att tcc acc cag aaa				1315
Gly Glu Gln Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly Ile Ser Thr Gln Lys				
390	395	400	405	
ctg cat gca cgt gga cca atg gcc ctg cca gag ctg acc tcc acc aag				1363
Leu His Ala Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu Leu Thr Ser Thr Lys				
	410	415	420	
tgg att ctg cag ggc aca gga caa att agg cct taagtttgaa gaagtaatca				1416
Trp Ile Leu Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro				
	425	430		
agc				1419
 <210> 292 <211> 432 <212> PRT <213> Corynebacterium glutamicum				
 <400> 292 Met Ser Ser Thr Thr Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg 1 5 10 15				

Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp
20 25 30

Ile Ala Val Leu Gly Thr Gly Pro Lys Asn Ala Ile Leu Arg Ala Ala
35 40 45

Ala Asp Glu Leu Val Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala
50 55 60

Ser Asp Ile Glu Ala Gly Arg Ala Asn Gly Met Glu Glu Ser Met Ile
65 70 75 80

Asp Arg Leu Ala Leu Asp Glu Ser Arg Ile Glu Gly Ile Ala Gly Gly
85 90 95

Leu Arg Gln Val Ala Gly Leu Thr Asp Pro Val Gly Glu Val Leu Arg
100 105 110

Gly His Val Met Glu Asn Gly Ile Gln Met Lys Gln Val Arg Val Pro
115 120 125

Leu Gly Val Met Gly Met Val Tyr Glu Ala Arg Pro Asn Val Thr Val
130 135 140

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

Gly Ser Ser Thr Ala Val His Ser Asn Thr Lys Leu Val Glu Ile Leu
165 170 175

Gln Asp Val Leu Glu Arg Phe Glu Leu Pro Arg Glu Thr Val Gln Leu
180 185 190

Leu Pro Cys Gln Thr Arg Gly Ser Val Gln Asp Leu Ile Thr Ala Arg
195 200 205

Gly Leu Val Asp Val Val Ile Pro Arg Gly Gly Ala Gly Leu Ile Asn
210 215 220

Ala Val Val Thr Gly Ala Thr Val Pro Thr Ile Glu Thr Gly Thr Gly
225 230 235 240

Asn Cys His Phe Tyr Ile Asp Ala Glu Ala Lys Leu Asp Gln Ala Ile
245 250 255

Ala Met Val Ile Asn Gly Lys Thr Arg Arg Cys Ser Val Cys Asn Ala
260 265 270

Thr Glu Thr Ala Leu Leu Asp Ala Ala Leu Ser Asp Ser Asp Lys Leu
275 280 285

Ala Val Val Gln Ala Leu Gln Glu Ala Gly Val Thr Ile His Gly Arg
290 295 300

Val Ala Glu Leu Glu Ala Phe Gly Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr
305 310 315 320

Glu Thr Asp Trp Asp Ser Glu Tyr Leu Ser Phe Asp Ile Ala Val Ala
325 330 335

Val Val Asp Gly Val Asp Gly Ala Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser
340 345 350

Thr Lys His Thr Glu Ala Ile Ala Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln
355 360 365

Arg Phe Ala Asp Arg Val Asp Ala Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser
370 375 380

Thr Ala Tyr Thr Asp Gly Glu Gln Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly
385 390 395 400

Ile Ser Thr Gln Lys Leu His Ala Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu
405 410 415

Leu Thr Ser Thr Lys Trp Ile Leu Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro
420 425 430

<210> 293

<211> 724

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(709)

<223> FRXA02378

<400> 293

gagcagatgg ccaccgaggt cgatgtgggtg gctggctact aggcctttta tgggtgatc 60

cgacactgtt gcttcttaag ggtctgtata gtgggcaacc atg agt tca acg acc 115
Met Ser Ser Thr Thr

1 5

cta act gat gac caa att cgc gac aat gag cgg acc gaa gtt cta gct 163
Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg Thr Glu Val Leu Ala

10 15 20

aaa gca act gca gct aag aac atc gtc ccg gat att gca gtg ttg ggc 211
Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp Ile Ala Val Leu Gly

25 30 35

acc gga ccg aag aac gca atc ctg cgt gcg gcg gca gat gaa ctc gtt 259
Thr Gly Pro Lys Asn Ala Ile Leu Arg Ala Ala Ala Asp Glu Leu Val

40 45 50

gca cgc agc gca gaa atc atc gaa gcc aac gct tcc gat atc gaa gcg 307
Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala Ser Asp Ile Glu Ala

55 60 65

ggt cgc gca aac ggc atg gaa gaa tcc atg att gat cgc ctt gcc ctt 355
Gly Arg Ala Asn Gly Met Glu Glu Ser Met Ile Asp Arg Leu Ala Leu

70 75 80 85

gat gaa tct cgc att gag ggc atc gct ggc ggt ttg cgc cag gtt gct 403
Asp Glu Ser Arg Ile Glu Gly Ile Ala Gly Gly Leu Arg Gln Val Ala

90 95 100

ggc ctg acc gac cca gtg ggt gaa gta ctg cgc gga cat gtc atg gaa 451
Gly Leu Thr Asp Pro Val Gly Glu Val Leu Arg Gly His Val Met Glu

105 110 115

aac ggc att cag atg aag cag gtc cgt gtg cct ttg ggc gtg atg ggc 499
Asn Gly Ile Gln Met Lys Gln Val Arg Val Pro Leu Gly Val Met Gly

120 125 130

atg gtc tat gaa gcc cgc cct aac gtc acc gtc gac gcc ttc ggc ctg 547
Met Val Tyr Glu Ala Arg Pro Asn Val Thr Val Asp Ala Phe Gly Leu

135 140 145

gca ctc aag tcc gga aac gta gct ttg ctg cgc ggt tcc tcc aca gct 595
Ala Leu Lys Ser Gly Asn Val Ala Leu Leu Arg Gly Ser Ser Thr Ala

150 155 160 165

gtg cat tcc aac acc aag ctc gtg gaa atc ctg cag gac gta ctc gag 643
Val His Ser Asn Thr Lys Leu Val Glu Ile Leu Gln Asp Val Leu Glu

170 175 180

cgt ttc gag ctg cca cgc gaa acc gtg cag ttg ctg ctt gcc aaa ccc 691
Arg Phe Glu Leu Pro Arg Glu Thr Val Gln Leu Leu Leu Ala Lys Pro

185 190 195

gcg gat ccg tcc aag att tgatcacgg acgcg 724
Ala Asp Pro Ser Lys Ile

200

<210> 294

<211> 203

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 294

Met Ser Ser Thr Thr Leu Thr Asp Asp Gln Ile Arg Asp Asn Glu Arg
1 5 10 15

Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala Thr Ala Ala Lys Asn Ile Val Pro Asp
20 25 30

Ile Ala Val Leu Gly Thr Gly Pro Lys Asn Ala Ile Leu Arg Ala Ala
35 40 45

Ala Asp Glu Leu Val Ala Arg Ser Ala Glu Ile Ile Glu Ala Asn Ala

1	5	10	15	
gaa gcc aag ctt gat cag gca atc gcc atg gtc atc aac ggc aag acc				96
Glu Ala Lys Leu Asp Gln Ala Ile Ala Met Val Ile Asn Gly Lys Thr				
	20	25	30	
cgc cgc tgc agc gtg tgc aac gct act gaa acc gcg ctt ctc gac gcc				144
Arg Arg Cys Ser Val Cys Asn Ala Thr Glu Thr Ala Leu Leu Asp Ala				
	35	40	45	
gcc ctc agc gac tca gac aag ctt gca gtc gtc cag gcg ctc cag gaa				192
Ala Leu Ser Asp Ser Asp Lys Leu Ala Val Val Gln Ala Leu Gln Glu				
	50	55	60	
gca gga gtc aca att cat gga cgg gtg gcc gaa ttg gaa gca ttc ggt				240
Ala Gly Val Thr Ile His Gly Arg Val Ala Glu Leu Glu Ala Phe Gly				
	65	70	75	80
gca acc gac gtg gtg gaa gca act gaa act gac tgg gat tct gag tac				288
Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr Glu Thr Asp Trp Asp Ser Glu Tyr				
	85	90	95	
ctg tcc ttc gat atc gct gtc gct gtg gtt gac ggt gtg gat gga gct				336
Leu Ser Phe Asp Ile Ala Val Ala Val Val Asp Gly Val Asp Gly Ala				
	100	105	110	
ctg gca cac atc gct aag tac agc acc aag cac acc gaa gcg atc gcc				384
Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser Thr Lys His Thr Glu Ala Ile Ala				
	115	120	125	
acc caa aac att gaa acc gct cag cgc ttt gca gat cgc gtc gat gca				432
Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln Arg Phe Ala Asp Arg Val Asp Ala				
	130	135	140	
gca gcg gtg atg ata aac gca tcc acc gcc tac acc gat ggg gag cag				480
Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser Thr Ala Tyr Thr Asp Gly Glu Gln				
	145	150	155	160
tac ggc atg ggc gcg gag atc ggc att tcc acc cag aaa ctg cat gca				528
Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly Ile Ser Thr Gln Lys Leu His Ala				

165 170 175
cgt gga cca atg gcc ctg cca gag ctg acc tcc acc aag tgg att ctg 576
Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu Leu Thr Ser Thr Lys Trp Ile Leu

180 185 190
cag ggc aca gga caa att agg cct taagtttgaa gaagtaatca agc 623
Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro

195 200
<210> 296
<211> 200
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 296
Pro Thr Ile Glu Thr Gly Thr Gly Asn Cys His Phe Tyr Ile Asp Ala
1 5 10 15

Glu Ala Lys Leu Asp Gln Ala Ile Ala Met Val Ile Asn Gly Lys Thr
20 25 30

Arg Arg Cys Ser Val Cys Asn Ala Thr Glu Thr Ala Leu Leu Asp Ala
35 40 45

Ala Leu Ser Asp Ser Asp Lys Leu Ala Val Val Gln Ala Leu Gln Glu
50 55 60

Ala Gly Val Thr Ile His Gly Arg Val Ala Glu Leu Glu Ala Phe Gly
65 70 75 80

Ala Thr Asp Val Val Glu Ala Thr Glu Thr Asp Trp Asp Ser Glu Tyr
85 90 95

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

Leu Ala His Ile Ala Lys Tyr Ser Thr Lys His Thr Glu Ala Ile Ala
115 120 125

Thr Gln Asn Ile Glu Thr Ala Gln Arg Phe Ala Asp Arg Val Asp Ala
130 135 140

Ala Ala Val Met Ile Asn Ala Ser Thr Ala Tyr Thr Asp Gly Glu Gln
145 150 155 160

Tyr Gly Met Gly Ala Glu Ile Gly Ile Ser Thr Gln Lys Leu His Ala
165 170 175

Arg Gly Pro Met Ala Leu Pro Glu Leu Thr Ser Thr Lys Trp Ile Leu
180 185 190

Gln Gly Thr Gly Gln Ile Arg Pro
195 200

<210> 297
<211> 933
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(910)
<223> RXA02499

<400> 297
cctggtcatg acgttcgggc cgctggcaat cgtcatgtaa ttgtcgttt tgggcccccg 60

ctgctgcaaa acaggggtgg ttagtggcag tgtgggaacc atg aca aca att gct 115
Met Thr Thr Ile Ala
1 5

gta atc ggc ggc gga caa atc ggc gag gct tta gtc tca ggt ttg atc 163
Val Ile Gly Gly Gly Gln Ile Gly Glu Ala Leu Val Ser Gly Leu Ile
10 15 20

gcg gcc aac atg aat cca caa aat att cgc gtc acc aac cgt tcg gaa 211
Ala Ala Asn Met Asn Pro Gln Asn Ile Arg Val Thr Asn Arg Ser Glu
25 30 35

gag cgc ggc caa gag ctg cgt gac cgc tac ggc atc ctc aac atg acg 259
Glu Arg Gly Gln Glu Leu Arg Asp Arg Tyr Gly Ile Leu Asn Met Thr
40 45 50

gat aat tcc caa gcc gca gac gaa gcc gac gtg gtg ttc ctg tgc gtg	307
Asp Asn Ser Gln Ala Ala Asp Glu Ala Asp Val Val Phe Leu Cys Val	
55 60 65	
aag ccg aaa ttt atc gtc gaa gtg ctc tcc gaa atc acc ggc act ttg	355
Lys Pro Lys Phe Ile Val Glu Val Leu Ser Glu Ile Thr Gly Thr Leu	
70 75 80 85	
gat aac aac tcc gca caa agt gtt gtg gtc agc atg gcc gca ggc atc	403
Asp Asn Asn Ser Ala Gln Ser Val Val Val Ser Met Ala Ala Gly Ile	
90 95 100	
agc atc gct gcc atg gaa gaa agc gcc tct gcg ggg ctc ccc gtc gtg	451
Ser Ile Ala Ala Met Glu Glu Ser Ala Ser Ala Gly Leu Pro Val Val	
105 110 115	
cgc gtc atg ccg aac act cca atg ctc gtg ggc aag ggc atg tcg act	499
Arg Val Met Pro Asn Thr Pro Met Leu Val Gly Lys Gly Met Ser Thr	
120 125 130	
gtc acc aaa ggc cgc tac gtt gac gcg gaa cag ttg gaa caa gtc aag	547
Val Thr Lys Gly Arg Tyr Val Asp Ala Glu Gln Leu Glu Gln Val Lys	
135 140 145	
gac ttg ttg agc acc gtt gga gac gtc ctc gaa gtc gcg gaa tca gac	595
Asp Leu Leu Ser Thr Val Gly Asp Val Leu Glu Val Ala Glu Ser Asp	
150 155 160 165	
atc gac gca gtc acc gcg atg tcc gga tcc tcc cct gca tac ctg ttc	643
Ile Asp Ala Val Thr Ala Met Ser Gly Ser Ser Pro Ala Tyr Leu Phe	
170 175 180	
ctt gtg acc gaa gcg ctc att gag gca gga gtt aat cta ggc ctg ccc	691
Leu Val Thr Glu Ala Leu Ile Glu Ala Gly Val Asn Leu Gly Leu Pro	
185 190 195	
cgc gcg acc gct aaa aag ctc gct gtg gcc tca ttc gaa ggt gct gca	739
Arg Ala Thr Ala Lys Lys Leu Ala Val Ala Ser Phe Glu Gly Ala Ala	
200 205 210	
acc atg atg aag gaa acc ggc aaa gaa ccc tca gaa ttg cgc gca ggc	787

Thr Met Met Lys Glu Thr Gly Lys Glu Pro Ser Glu Leu Arg Ala Gly
215 220 225

gtt tcc tca ccc gca ggc acc acc gtc gca gcc atc cga gaa ctc gaa 835
Val Ser Ser Pro Ala Gly Thr Thr Val Ala Ala Ile Arg Glu Leu Glu

230 235 240 245

gaa agc gga atc cga ggc gct ttc tac cgc gca gcc caa gct tgc gcc 883
Glu Ser Gly Ile Arg Gly Ala Phe Tyr Arg Ala Ala Gln Ala Cys Ala

250 255 260

gac cga tct gaa gaa ctc gga aag cgc tagaaaccgt tatttccccg 930
Asp Arg Ser Glu Glu Leu Gly Lys Arg

265 270

tta 933

<210> 298
<211> 270
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 298
Met Thr Thr Ile Ala Val Ile Gly Gly Gly Gln Ile Gly Glu Ala Leu
1 5 10 15

Val Ser Gly Leu Ile Ala Ala Asn Met Asn Pro Gln Asn Ile Arg Val
20 25 30

Thr Asn Arg Ser Glu Glu Arg Gly Gln Glu Leu Arg Asp Arg Tyr Gly
35 40 45

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

Val Phe Leu Cys Val Lys Pro Lys Phe Ile Val Glu Val Leu Ser Glu
65 70 75 80

Ile Thr Gly Thr Leu Asp Asn Asn Ser Ala Gln Ser Val Val Val Ser
85 90 95

Met Ala Ala Gly Ile Ser Ile Ala Ala Met Glu Glu Ser Ala Ser Ala

100	105	110
Gly Leu Pro Val Val Arg Val Met Pro Asn Thr Pro Met Leu Val Gly		
115	120	125
Lys Gly Met Ser Thr Val Thr Lys Gly Arg Tyr Val Asp Ala Glu Gln		
130	135	140
Leu Glu Gln Val Lys Asp Leu Leu Ser Thr Val Gly Asp Val Leu Glu		
145	150	155
Val Ala Glu Ser Asp Ile Asp Ala Val Thr Ala Met Ser Gly Ser Ser		
165	170	175
Pro Ala Tyr Leu Phe Leu Val Thr Glu Ala Leu Ile Glu Ala Gly Val		
180	185	190
Asn Leu Gly Leu Pro Arg Ala Thr Ala Lys Lys Leu Ala Val Ala Ser		
195	200	205
Phe Glu Gly Ala Ala Thr Met Met Lys Glu Thr Gly Lys Glu Pro Ser		
210	215	220
Glu Leu Arg Ala Gly Val Ser Ser Pro Ala Gly Thr Thr Val Ala Ala		
225	230	235
Ile Arg Glu Leu Glu Glu Ser Gly Ile Arg Gly Ala Phe Tyr Arg Ala		
245	250	255
Ala Gln Ala Cys Ala Asp Arg Ser Glu Glu Leu Gly Lys Arg		
260	265	270

<210> 299
 <211> 1296
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1273)
 <223> RXS02157

<400> 299

gggtggaatt ggcacgatgg tgctgccgga tgttttgat cgggagaatt atcctgaagg 60

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

1 5

act tgg cca cag gtc att att aat acg tac ggc acc cca cca gtt gag 163
Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly Thr Pro Pro Val Glu

10 15 20

ctg gtg tcc ggc aag ggc gca acc gtc act gat gac cag ggc aat gtc 211
Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp Asp Gln Gly Asn Val

25 30 35

tac atc gac ttg ctc gcg ggc atc gca gtc aac gcg ttg ggc cac gcc 259
Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn Ala Leu Gly His Ala

40 45 50

cac ccg gcg atc atc gag gcg gtc acc aac cag atc ggc caa ctt ggt 307
His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln Ile Gly Gln Leu Gly

55 60 65

cac gtc tca aac ttg ttc gca tcc agg ccc gtc gtc gag gtc gcc gag 355
His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val Val Glu Val Ala Glu

70 75 80 85

gag ctc atc aag cgt ttt tcg ctt gac gac gcc acc ctc gcc gcg caa 403
Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala Thr Leu Ala Ala Gln

90 95 100

acc cgg gtt ttc ttc tgc aac tcg ggc gcc gaa gca aac gag gct gct 451
Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu Ala Asn Glu Ala Ala

105 110 115

ttc aag att gca cgc ttg act ggt cgt tcc cgg att ctg gct gca gtt 499
Phe Lys Ile Ala Arg Leu Thr Gly Arg Ser Arg Ile Leu Ala Ala Val

120 125 130

cat ggt ttc cac ggc cgc acc atg ggt tcc ctc gcg ctg act ggc cag 547
His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu Ala Leu Thr Gly Gln

135	140	145	
cca gac aag cgt gaa gcg ttc ctg cca atg cca agc ggt gtg gag ttc	595		
Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro Ser Gly Val Glu Phe			
150	155	160	165
tac cct tac ggc gac acc gat tac ttg cgc aaa atg gta gaa acc aac	643		
Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys Met Val Glu Thr Asn			
	170	175	180
cca acg gat gtg gct gct atc ttc ctc gag cca atc cag ggt gaa acg	691		
Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro Ile Gln Gly Glu Thr			
	185	190	195
ggc gtt gtt cca gca cct gaa gga ttc ctc aag gca gtg cgc gag ctg	739		
Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys Ala Val Arg Glu Leu			
	200	205	210
tgc gat gag tac ggc atc ttg atg atc acc gat gaa gtc cag act ggc	787		
Cys Asp Glu Tyr Gly Ile Leu Met Ile Thr Asp Glu Val Gln Thr Gly			
	215	220	225
gtt ggc cgt acc ggc gat ttc ttt gca cat cag cac gat ggc gtt gtt	835		
Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln His Asp Gly Val Val			
230	235	240	245
ccc gat gtg gtg acc atg gcc aag gga ctt ggc ggc ggt ctt ccc atc	883		
Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly Gly Gly Leu Pro Ile			
	250	255	260
ggc gct tgt ttg gcc act ggc cgt gca gct gaa ttg atg acc cca ggc	931		
Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu Leu Met Thr Pro Gly			
	265	270	275
aag cac ggc acc act ttc ggt ggc aac cca gtt gct tgt gca gct gcc	979		
Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala			
	280	285	290
aag gca gtg ctg tct gtt gtc gat gac gct ttc tgc gca gaa gtt gcc	1027		
Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe Cys Ala Glu Val Ala			

295 300 305

cgc aag ggc gag ctg ttc aag gaa ctt ctt gcc aag gtt gac ggc gtt 1075
 Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala Lys Val Asp Gly Val

310 315 320 325

gta gac gtc cgt ggc agg ggc ttg atg ttg ggc gtg gtg ctg gag cgc 1123
 Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly Val Val Leu Glu Arg

330 335 340

gac gtc gca aag caa gct gtt ctt gat ggt ttt aag cac ggc gtt att 1171
 Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe Lys His Gly Val Ile

345 350 355

ttg aat gca ccg gcg gac aac att atc cgt ttg acc ccg ccg ctg gtg 1219
 Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu Thr Pro Pro Leu Val

360 365 370

atc acc gac gaa gaa atc gca gac gca gtc aag gct att gcc gag aca 1267
 Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys Ala Ile Ala Glu Thr

375 380 385

atc gca taaaggactc aaacttatga ctt 1296
 Ile Ala

390

<210> 300
 <211> 391
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 300
 Met Ser Thr Leu Glu Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly
 1 5 10 15

Thr Pro Pro Val Glu Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp
 20 25 30

Asp Gln Gly Asn Val Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn
 35 40 45

Ala Leu Gly His Ala His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln
50 55 60

Ile Gly Gln Leu Gly His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val
65 70 75 80

Val Glu Val Ala Glu Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala
85 90 95

Thr Leu Ala Ala Gln Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu
100 105 110

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

Ile Leu Ala Ala Val His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu
130 135 140

Ala Leu Thr Gly Gln Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro
145 150 155 160

Ser Gly Val Glu Phe Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys
165 170 175

Met Val Glu Thr Asn Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro
180 185 190

Ile Gln Gly Glu Thr Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys
195 200 205

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

Glu Val Gln Thr Gly Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln
225 230 235 240

His Asp Gly Val Val Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly
245 250 255

Gly Gly Leu Pro Ile Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu
260 265 270

Leu Met Thr Pro Gly Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val
275 280 285

Ala Cys Ala Ala Ala Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe
290 295 300

Cys Ala Glu Val Ala Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala
305 310 315 320

Lys Val Asp Gly Val Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly
325 330 335

Val Val Leu Glu Arg Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe
340 345 350

Lys His Gly Val Ile Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu
355 360 365

Thr Pro Pro Leu Val Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys
370 375 380

Ala Ile Ala Glu Thr Ile Ala
385 390

<210> 301
<211> 1269
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1246)
<223> RXS02262

<400> 301
gcaccaattt cggacctgaa atccccgagg aaaccgtgcc cgacgccgtg caggtgggcg 60

tcgataagca aaaaatcgct gatactcgaa aggcctcaaa atg acc gca acc tac 115
Met Thr Ala Thr Tyr

1 5

acc act gaa acc gcc atc aat ttc ttg ttc ttg agc gaa ccg gac atg 163

Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu Ser Glu Pro Asp Met	
10 15 20	
atc gcg gcc gga gtc aaa gac gtc gcg caa tgc gtc gat gtc atg gag	211
Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys Val Asp Val Met Glu	
25 30 35	
gaa acg ctc gtg ctc ttg gcg cag ggc gac tac aaa atg gcc ggt ttg	259
Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln Gly Asp Tyr Lys Met Ala Gly Leu	
40 45 50	
aac tcc aac tcg cat ggc gcg atg atc acc ttc ccg gaa aac cca gaa	307
Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe Pro Glu Asn Pro Glu	
55 60 65	
ttt gaa ggc atg ccc aag gac ggc ccc gac cgc cga ttc atg gcg atg	355
Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg Arg Phe Met Ala Met	
70 75 80 85	
ccc gca tac ctc ggc ggg cga ttc aaa aac acc ggc gtg aag tgg tac	403
Pro Ala Tyr Leu Gly Gly Arg Phe Lys Asn Thr Gly Val Lys Trp Tyr	
90 95 100	
gga tcc aac gcg gaa aac aag gcc tca ggc ttg cct cgc tcg atc cac	451
Gly Ser Asn Ala Glu Asn Lys Ala Ser Gly Leu Pro Arg Ser Ile His	
105 110 115	
acc ttc gtc ctc aac gac acg gtc acc ggt gca ccg aag gcc atc atg	499
Thr Phe Val Leu Asn Asp Thr Val Thr Gly Ala Pro Lys Ala Ile Met	
120 125 130	
tcc gcg aac ctg ctg tcc gcc tac cgc acc ggc gcg gtt ccc ggc gtg	547
Ser Ala Asn Leu Leu Ser Ala Tyr Arg Thr Gly Ala Val Pro Gly Val	
135 140 145	
ggc gtg aag cac tta gcg gtc gcc gac gcg aca acc ttg gct gtc gtc	595
Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr Thr Leu Ala Val Val	
150 155 160 165	
gga cct ggt gtc atg gcg aaa acc atc acc gaa gcg tgc atc gca gag	643

Gly Pro Gly Val Met Ala Lys Thr Ile Thr Glu Ala Cys Ile Ala Glu	
170	175
180	
cgc cca gga atc acc acc atc aag atc aag gga cgc agc gaa cgc ggc	691
Arg Pro Gly Ile Thr Thr Ile Lys Ile Lys Gly Arg Ser Glu Arg Gly	
185	190
195	
atc aac gcc ttt gca aca tgg gcg ttg gaa aaa ttc ccc gag atc gaa	739
Ile Asn Ala Phe Ala Thr Trp Ala Leu Glu Lys Phe Pro Glu Ile Glu	
200	205
210	
gtg gtc gcc gtc gga tct gaa gaa gac gtg gtc aaa gac gcc gac atc	787
Val Val Ala Val Gly Ser Glu Glu Asp Val Val Lys Asp Ala Asp Ile	
215	220
225	
gtc atc gcc gcc acc acc acg gac gcc gcc ggc tcc tcc gcc ttc cca	835
Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly Ser Ser Ala Phe Pro	
230	235
240	245
tac ttc aaa aaa gaa tgg ctc aag ccg ggc gca ttg ctg ctg ctt cca	883
Tyr Phe Lys Lys Glu Trp Leu Lys Pro Gly Ala Leu Leu Leu Leu Pro	
250	255
260	
gcc gcc ggt cgc ttc gac gac gct tat ttg ctt gac gac gcc cgc ctc	931
Ala Ala Gly Arg Phe Asp Asp Ala Tyr Leu Leu Asp Asp Ala Arg Leu	
265	270
275	
gtt gtt gac tac atg ggg ctc tac gaa gcc tgg gca gaa gaa tac ggc	979
Val Val Asp Tyr Met Gly Leu Tyr Glu Ala Trp Ala Glu Glu Tyr Gly	
280	285
290	
cca cag gcc tac caa cta ctc ggc att cca gga acc cac tgg tac gac	1027
Pro Gln Ala Tyr Gln Leu Leu Gly Ile Pro Gly Thr His Trp Tyr Asp	
295	300
305	
ctg gcg ctg caa gga aaa ctc gac ctt gca aag att tcc cag att ggc	1075
Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys Ile Ser Gln Ile Gly	
310	315
320	325
gat atc tgc tcc ggc aag cta ccc gga cgc acc aac gat gag gaa atc	1123

Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr Asn Asp Glu Glu Ile

330

335

340

atc ctc tat tcc gtc ggc ggc atg cca gta gaa gac gtc gcc tgg gca 1171
Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu Asp Val Ala Trp Ala

345

350

355

acc caa gtg tat gaa aac gcc ctg gaa aaa ggc gtc ggc acc aca ttg 1219
Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly Val Gly Thr Thr Leu

360

365

370

aac ctg tgg gaa tca ccc gca ctg gct tgagagaaga aacaacaatg 1266
Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala

375

380

aaa 1269

<210> 302

<211> 382

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 302

Met Thr Ala Thr Tyr Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu
1 5 10 15

Ser Glu Pro Asp Met Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys
20 25 30

Val Asp Val Met Glu Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln Gly Asp Tyr
35 40 45

Lys Met Ala Gly Leu Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe
50 55 60

Pro Glu Asn Pro Glu Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg
65 70 75 80

Arg Phe Met Ala Met Pro Ala Tyr Leu Gly Gly Arg Phe Lys Asn Thr
85 90 95

Gly Val Lys Trp Tyr Gly Ser Asn Ala Glu Asn Lys Ala Ser Gly Leu
100 105 110

Pro Arg Ser Ile His Thr Phe Val Leu Asn Asp Thr Val Thr Gly Ala
115 120 125

Pro Lys Ala Ile Met Ser Ala Asn Leu Leu Ser Ala Tyr Arg Thr Gly
130 135 140

Ala Val Pro Gly Val Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr
145 150 155 160

Thr Leu Ala Val Val Gly Pro Gly Val Met Ala Lys Thr Ile Thr Glu
165 170 175

Ala Cys Ile Ala Glu Arg Pro Gly Ile Thr Thr Ile Lys Ile Lys Gly
180 185 190

Arg Ser Glu Arg Gly Ile Asn Ala Phe Ala Thr Trp Ala Leu Glu Lys
195 200 205

Phe Pro Glu Ile Glu Val Val Ala Val Gly Ser Glu Glu Asp Val Val
210 215 220

Lys Asp Ala Asp Ile Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly
225 230 235 240

Ser Ser Ala Phe Pro Tyr Phe Lys Lys Glu Trp Leu Lys Pro Gly Ala
245 250 255

Leu Leu Leu Leu Pro Ala Ala Gly Arg Phe Asp Asp Ala Tyr Leu Leu
260 265 270

Asp Asp Ala Arg Leu Val Val Asp Tyr Met Gly Leu Tyr Glu Ala Trp
275 280 285

Ala Glu Glu Tyr Gly Pro Gln Ala Tyr Gln Leu Leu Gly Ile Pro Gly
290 295 300

Thr His Trp Tyr Asp Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys

305 310 315 320

Ile Ser Gln Ile Gly Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr
325 330 335

Asn Asp Glu Glu Ile Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu
340 345 350

Asp Val Ala Trp Ala Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly
355 360 365

Val Gly Thr Thr Leu Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala
370 375 380

<210> 303

<211> 1491

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1468)

<223> RXS02970

<400> 303

aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
Leu Ala Leu Lys Gly

1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala

10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211
Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe

25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40	45	50	
gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac			307
Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp			
55	60	65	
atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga			355
Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg			
70	75	80	85
tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac			403
Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn			
90	95	100	
ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg			451
Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val			
105	110	115	
tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc			499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly			
120	125	130	
gcc gac gcc atc gag cac tcc atc cgc atg gct cgc ctg cac acc gga			547
Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala Arg Leu His Thr Gly			
135	140	145	
cgc aac aaa att ctg tcc gca tac cgc agc tac cac ggc gca acc gga			595
Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr His Gly Ala Thr Gly			
150	155	160	165
tcc gcg atg atg ctc acc ggc gaa cac cgc cgc ctg ggc aac ccc acc			643
Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg Leu Gly Asn Pro Thr			
170	175	180	
acc gac cca gat atc tac cac ttc tgg gca cca ttc ctg cac cac tcc			691
Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro Phe Leu His His Ser			
185	190	195	
tca ttc ttt gcc acc acc caa gaa gaa gaa tgc gaa cgc gca ctc aag			739
Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys Glu Arg Ala Leu Lys			

200	205	210	
cac ttg gaa gat gtc atc gcg ttt gaa ggt gct ggc atg atc gca gcg 787			
His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala Gly Met Ile Ala Ala			
215	220	225	
atc gtc ctg gag cca gtg gtg gga tca tca gga atc atc ctg cca cca 835			
Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly Ile Ile Leu Pro Pro			
230	235	240	245
gca ggt tac tta aat ggc gtg cgc gaa ctt tgc aac aag cac ggc atc 883			
Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys Asn Lys His Gly Ile			
	250	255	260
ctc ttc atc gcc gac gaa gtc atg gtc gga ttc gga cgc acc gga aaa 931			
Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe Gly Arg Thr Gly Lys			
	265	270	275
ctg ttt gct tac gag cat gct ggc gac gat ttc cag cca gac atg atc 979			
Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe Gln Pro Asp Met Ile			
280	285	290	
acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc 1027			
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile			
295	300	305	
gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc 1075			
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser			
310	315	320	325
ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag 1123			
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys			
	330	335	340
gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct 1171			
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala			
345	350	355	
cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa 1219			
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu			

360	365	370	
gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca			1267
Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala			
375	380	385	
gtg gag ttc aat gca gac gcc act gcc atg gct gcc ggt gct gca gaa			1315
Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala Ala Gly Ala Ala Glu			
390	395	400	405
ttc aag gaa cgc ggc gtg tgg cgg atg atc tcc ggc aac cga ttc cac			1363
Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser Gly Asn Arg Phe His			
	410	415	420
atc gcg ccg ccg ctg acc acc act gat gac gaa ttg gta gca ctg ctg			1411
Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu Leu Val Ala Leu Leu			
	425	430	435
gac gcg gtg gaa gct gca gcc caa gct gtc gag ctg acc ttc gct ggg			1459
Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu Leu Thr Phe Ala Gly			
	440	445	450
gcg ttg ttc taagttttct agataacaag gcc			1491
Ala Leu Phe			
	455		
<210> 304			
<211> 456			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 304			
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe			
1	5	10	15
Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp			
	20	25	30
Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro			
	35	40	45

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly
225 230 235 240

Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
245 250 255

Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
260 265 270

Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
275 280 285

Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
290 295 300

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

Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
325 330 335

Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
340 345 350

Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
355 360 365

Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
370 375 380

Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
385 390 395 400

Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser
405 410 415

Gly Asn Arg Phe His Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu
420 425 430

Leu Val Ala Leu Leu Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu
435 440 445

Leu Thr Phe Ala Gly Ala Leu Phe
450 455

<210> 305

<211> 1330

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1330)
 <223> FRXA01009

<400> 305

aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
 Leu Ala Leu Lys Gly

1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
 Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala

10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211
 Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe

25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
 His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40 45 50

gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac 307
 Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

55 60 65

atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga 355
 Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg

70 75 80 85

tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac 403
 Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn

90 95 100

ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg 451
 Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val

105 110 115

tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc 499
 Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly

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

280	285	290	
acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc			1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile			
295	300	305	
gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc			1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser			
310	315	320	325
ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag			1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys			
330	335	340	
gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct			1171
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala			
345	350	355	
cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa			1219
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu			
360	365	370	
gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca			1267
Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala			
375	380	385	
gtg gag ttc aat gca gac gcc act gcc atg gct gcc ggt gct gca gaa			1315
Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala Ala Gly Ala Ala Glu			
390	395	400	405
ttc aag gaa cgc ggc			1330
Phe Lys Glu Arg Gly			
410			
<210> 306			
<211> 410			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 306			
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe			
1	5	10	15

Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
20 25 30

Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
35 40 45

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly

225 230 235 240
 Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
 245 250 255
 Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
 260 265 270
 Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
 275 280 285
 Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
 290 295 300
 Pro Leu Gly Gly Ile Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
 325 330 335
 Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
 340 345 350
 Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
 355 360 365
 Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
 370 375 380
 Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
 385 390 395 400
 Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly
 405 410

<210> 307

<211> 3579

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(3556)

<223> RXN00023

<400> 307

gggattatgt tgggggccac atctgaaaat agttgctggg atccatcaca cctacgatgc 60

gaaacggcac ccacaccgct gatcttgaag gagaaccacc atg acg tcg atg aat 115
Met Thr Ser Met Asn

1 5

ctg cct att gag ttg gct acg ctg tct gac cag gct gtg gac aag gtg 163
Leu Pro Ile Glu Leu Ala Thr Leu Ser Asp Gln Ala Val Asp Lys Val

10 15 20

cgc tcc tgg ctg gag tac agc aaa aag gaa agc gtg ccc aat gcc gat 211
Arg Ser Trp Leu Glu Tyr Ser Lys Lys Glu Ser Val Pro Asn Ala Asp

25 30 35

gcg aag cgt cta gct gca gtg ttg cag gat cct aat ggt ttg gaa ttc 259
Ala Lys Arg Leu Ala Ala Val Leu Gln Asp Pro Asn Gly Leu Glu Phe

40 45 50

acg gtt ggt ttc gtg gat cga gtg gtt cga act gag gat cgt gaa gcg 307
Thr Val Gly Phe Val Asp Arg Val Val Arg Thr Glu Asp Arg Glu Ala

55 60 65

gca gcg cat gcg ttg tat gag ttg ggc aag att gct ccg tcg acg atg 355
Ala Ala His Ala Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Ile Ala Pro Ser Thr Met

70 75 80 85

tcc ttt ttg gat cgg gcg cag att cag gcc ggt tct ttg gtg ggg cgg 403
Ser Phe Leu Asp Arg Ala Gln Ile Gln Ala Gly Ser Leu Val Gly Arg

90 95 100

gcg ttg ccg cag gtt gtg gtt cct gcg gcg cgg gct cga atc cgg cag 451
Ala Leu Pro Gln Val Val Val Pro Ala Ala Arg Ala Arg Ile Arg Gln

105 110 115

atg gtt ggg cac atg att gtg gat gcc cgc gac aag cag ttc gcc aag 499
Met Val Gly His Met Ile Val Asp Ala Arg Asp Lys Gln Phe Ala Lys

120 125 130

gct gtc gct gag att cag tcg gat ggg cac cgc ctg aac atc aat ttg 547
Ala Val Ala Glu Ile Gln Ser Asp Gly His Arg Leu Asn Ile Asn Leu

135 140 145

cta ggt gaa gcg gtg ttg ggc cga aag gag gca gcg aag cat ttg gat 595
Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala Ala Lys His Leu Asp

150 155 160 165

gac acg gtg cgg ttg ttg cgc cgt ccg gat gtg gaa tat gtg tcc atc 643
Asp Thr Val Arg Leu Leu Arg Arg Pro Asp Val Glu Tyr Val Ser Ile

170 175 180

aag gtc tct tcg gtg gca tcg cag att tcg atg tgg ggt ttc gaa gac 691
Lys Val Ser Ser Val Ala Ser Gln Ile Ser Met Trp Gly Phe Glu Asp

185 190 195

acc gtt aat tat gtt gtg gaa cag ctg aca cct tta tat ata gag gcc 739
Thr Val Asn Tyr Val Val Glu Gln Leu Thr Pro Leu Tyr Ile Glu Ala

200 205 210

gcg cgg gcg ccg aaa ggc acg aag ttc atc aac ctg gac atg gag gaa 787
Ala Arg Ala Pro Lys Gly Thr Lys Phe Ile Asn Leu Asp Met Glu Glu

215 220 225

tac cgc gat ctg cgc ctg act atg gag gtg ttc aag cgg ctg ctc tcc 835
Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe Lys Arg Leu Leu Ser

230 235 240 245

aat cca gag ctg cat gaa cta gaa gcc gga att gtg ttg cag gcg tac 883
Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile Val Leu Gln Ala Tyr

250 255 260

ctt ccc gat gcc ctc ggt gca atc cag gac ttg gcg cag ttc ggc cgc 931
Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu Ala Gln Phe Gly Arg

265 270 275

gag cgc gtc aac aca ggc ggg gcg ggc gtt aag gtt cgc ctg gtc aag 979
Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys Val Arg Leu Val Lys

280 285 290

ggt gct aat ttg cct atg gag cac gtc cac gcg cag atc acc ggc tgg 1027
Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala Gln Ile Thr Gly Trp

295 300 305

cca gtt gcc aca gaa cct tcc aaa caa gcc acc gat gcc aat tac aag 1075
Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr Asp Ala Asn Tyr Lys

310 315 320 325

cgc gtc ctc tat tgg acg atg cgc aaa gaa aac atg gag ggc ctg cgc 1123
Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn Met Glu Gly Leu Arg

330 335 340

ctg ggc gtt gcc ggc cac aac ctt ttc gac ata gca ttc gca cat ttg 1171
Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile Ala Phe Ala His Leu

345 350 355

ctc tct gtg gag cgt ggg gta gcg gac cgt gtg gag ttc gaa atg ctg 1219
Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val Glu Phe Glu Met Leu

360 365 370

cag ggc atg gcg tcc gat cag gcg cgc gcc gtc agc gtt gac gtc ggt 1267
Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val Ser Val Asp Val Gly

375 380 385

gag ctg ctg ctt tac gta cca gcc gtg cgc cca caa gaa ttc gac gtg 1315
Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro Gln Glu Phe Asp Val

390 395 400 405

gcc att tct tac ctc gtg cgc cgc ctc gag gaa aac gcc gcg agc gaa 1363
Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu Asn Ala Ala Ser Glu

410 415 420

aac ttc atg tcc gcc atc ttc gac ctc gac gcc gac aac ccg tcc ttc 1411
Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala Asp Asn Pro Ser Phe

425 430 435

aag cga gag gag agc cgc ttc cgc gcc tcc ata tct gac ctc gcc acg 1459
Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile Ser Asp Leu Ala Thr

440 445 450

ctc atc gac gtg ccc gcg ccc ggc ccc aac cac aca caa gac cgc agc 1507
Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His Thr Gln Asp Arg Ser

455 460 465

aaa gag acg ctt ctc gac gcc ccc ctc gtc cca ttt atc aac gag ccc 1555
Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro Phe Ile Asn Glu Pro

470 475 480 485

gac acc aac cca gcg ctc atc caa aac caa cag tgg gcc aca aaa gcc 1603
Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln Trp Ala Thr Lys Ala

490 495 500

gtc gcc acc gca gca gag ccc ggt tgg ttg gaa aaa caa aca aag ccg 1651
Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu Lys Gln Thr Lys Pro

505 510 515

gag gtg ttg gaa gag ggg gac gtc gac aag cta att aac gat gtg cgc 1699
Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu Ile Asn Asp Val Arg

520 525 530

gac gct gct gaa gcg tgg gca gcg cgc cca gcc cgt gaa cgc gct gag 1747
Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala Arg Glu Arg Ala Glu

535 540 545

att ttg tac aag acc gcc gag att ttg cgc gtg cga cgc gga cac ctg 1795
Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val Arg Arg Gly His Leu

550 555 560 565

atc tca gtg acg gcc gcg gag gtg ggc aaa gct gtg gaa caa acc gac 1843
Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala Val Glu Gln Thr Asp

570 575 580

ccg gaa atc tct gaa gcc att gat ttc gcc cgc tac tac gcg cat ttg 1891
Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg Tyr Tyr Ala His Leu

585 590 595

gcc ctg gaa ttg gac gac gta gac aat gcg gaa ttc acc cca gat cgc 1939
Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu Phe Thr Pro Asp Arg

600 605 610

gtc gtt gtg gtg acc ccg ccc tgg aat ttc ccc atc gcg atc ccc gct 1987
Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro Ile Ala Ile Pro Ala

615 620 625

gga tcg act ttc gca gca ctc gcg gcg ggc gct ggc gtg atc cac aaa 2035
Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile His Lys

630 635 640 645

ccc tca aag cct agc caa cat tgc tcc gct gca gtg gtc gaa gcc ctc 2083
Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala Val Val Glu Ala Leu

650 655 660

tgg gaa gcc ggc gtt ccc cgc gag gtt ctg cat tgc att tac cca gct 2131
Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His Cys Ile Tyr Pro Ala

665 670 675

aat cgc gat gtt gga tgt gcg ttg atc agc cat gaa cac gtc gac cgc 2179
Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His Glu His Val Asp Arg

680 685 690

gtc att ttg acc ggc tcc tcc gag acc gcc gcg atg ttc tcc tcc tgg 2227
Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala Met Phe Ser Ser Trp

695 700 705

cga cca gaa ctc acc atc aac ggc gaa acc tcc ggc aaa aac gcc atc 2275
Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser Gly Lys Asn Ala Ile

710 715 720 725

gtg gtc acc cca tct gcc gac cgc gac ctc gcc gtc gcc gac ctg gtg 2323
Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala Val Ala Asp Leu Val

730 735 740

aaa tcc gcc ttc ggc cat gca gga caa aaa tgt tcc gca gcc tcc ctc 2371
Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys Ser Ala Ala Ser Leu

745 750 755

ggc atc ttg gta ggc agc gtc tac gaa tca gaa cgc ttc cgg aaa cag 2419
Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu Arg Phe Arg Lys Gln

760 765 770

ctg gta gac gcc gca tcc tca ctc atc gtc gac tgg cct acc aac ccc 2467
Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp Trp Pro Thr Asn Pro

775 780 785

tcc gca acc gtc gga cca ctc acc gaa ctc ccc agc gat aaa ctc cac 2515
Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro Ser Asp Lys Leu His

790 795 800 805

cac gcc cta acc acc ctc gaa gaa gga gaa agc tgg ctg ctg aaa ccc 2563
His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser Trp Leu Leu Lys Pro

810 815 820

cga caa ctc gac gac acc ggc cga ctc tgg tca ccc ggc atc aaa gaa 2611
Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser Pro Gly Ile Lys Glu

825 830 835

ggc gtc aaa cca gga acc ttc ttc cac ctc aca gaa gta ttc gga cca 2659
Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr Glu Val Phe Gly Pro

840 845 850

gtc ctc ggc ctg atg aaa gcc acc gac ctc aat gaa gcc atc gaa ttc 2707
Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu Phe

855 860 865

caa aac ggc aac gac ttc gga ctc acc ggc gga ctc caa tcc ctc gac 2755
Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly Leu Gln Ser Leu Asp

870 875 880 885

gcc gac gaa gtc cgc acc tgg ctt gac cac gtc gat gtc gga aac gcc 2803
Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val Asp Val Gly Asn Ala

890 895 900

tac gtc aac cgc ggc atc acc ggc gcc att gtc caa cgc caa tcc ttc 2851
Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val Gln Arg Gln Ser Phe

905 910 915

gga ggc tgg aaa aaa tcc tcc gtc ggc ctc gga tcc aaa gcc gga gga 2899
Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly Ser Lys Ala Gly Gly

920 925 930

ccc aac tat gtc atg ctc atg gga acc tgg gcc gac gcg cca agc cac 2947
Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala Asp Ala Pro Ser His

935 940 945

cac gcc cca cgc gaa aca aac ccg ctg atc agc aaa ctg gat ctc ccc 2995
His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser Lys Leu Asp Leu Pro

950 955 960 965

gga gaa gag ctc gaa tgg ctc gaa aaa gcc aac gcc agc gat gaa aca 3043
Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn Ala Ser Asp Glu Thr

970 975 980

gca tgg aac acg gaa ttc ggc agc cca cgc gac ccc tcc ggc ctc gat 3091
Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp Pro Ser Gly Leu Asp

985 990 995

gta gaa gcc aac att ttc cgc tac cga cca gca gag gta gta ctc cga 3139
Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala Glu Val Val Leu Arg

1000 1005 1010

ctc gac gat tcc gcc aca ccc cga gaa act gcc cgc gca ttg ttg gca 3187
Leu Asp Asp Ser Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala Arg Ala Leu Leu Ala

1015 1020 1025

gcc cgt cgc gcc ggg gtt act ccg cga gtt ctt caa aca cca ggt gtt 3235
Ala Arg Arg Ala Gly Val Thr Pro Arg Val Leu Gln Thr Pro Gly Val

1030 1035 1040 1045

tca gag caa gtc cgc gaa gta ttg tcc gct gct gga gtg agt gca gaa 3283
Ser Glu Gln Val Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala Gly Val Ser Ala Glu

1050 1055 1060

aca gtc gat gat tcg gta ttt att tcc aac gtg ttg cgc ggc gaa tac 3331
Thr Val Asp Asp Ser Val Phe Ile Ser Asn Val Leu Arg Gly Glu Tyr

1065 1070 1075

gac gag aac tcc agc gtc cga gtc cgc tac ctg ggc aaa gtt agc gac 3379
Asp Glu Asn Ser Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu Gly Lys Val Ser Asp

1080 1085 1090

act gtc cgt gaa cgc cta tct gta cgg ccc gaa gtt gtt ctg ctt gac 3427
Thr Val Arg Glu Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu Val Val Leu Leu Asp

1095

1100

1105

gat gca gta act gcc tcc ggt cga gtt gaa tta cgt tac tgg ctc aaa 3475
Asp Ala Val Thr Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu Arg Tyr Trp Leu Lys

1110

1115

1120

1125

gaa caa gca att tcc atg acg ttg cac cgt ttt gga aac cca gtt gcg 3523
Glu Gln Ala Ile Ser Met Thr Leu His Arg Phe Gly Asn Pro Val Ala

1130

1135

1140

gcc ttc cac gag ttg gcg gag gaa ctt aaa cgt tgatcggttt gcgcatgggt 3576
Ala Phe His Glu Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg

1145

1150

cgc

3579

<210> 308

<211> 1152

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 308

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

Ala Val Asp Lys Val Arg Ser Trp Leu Glu Tyr Ser Lys Lys Glu Ser
20 25 30

Val Pro Asn Ala Asp Ala Lys Arg Leu Ala Ala Val Leu Gln Asp Pro
35 40 45

Asn Gly Leu Glu Phe Thr Val Gly Phe Val Asp Arg Val Val Arg Thr
50 55 60

Glu Asp Arg Glu Ala Ala Ala His Ala Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Ile
65 70 75 80

Ala Pro Ser Thr Met Ser Phe Leu Asp Arg Ala Gln Ile Gln Ala Gly

85

90

95

Ser Leu Val Gly Arg Ala Leu Pro Gln Val Val Val Pro Ala Ala Arg
100 105 110

Ala Arg Ile Arg Gln Met Val Gly His Met Ile Val Asp Ala Arg Asp
115 120 125

Lys Gln Phe Ala Lys Ala Val Ala Glu Ile Gln Ser Asp Gly His Arg
130 135 140

Leu Asn Ile Asn Leu Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala
145 150 155 160

Ala Lys His Leu Asp Asp Thr Val Arg Leu Leu Arg Arg Pro Asp Val
165 170 175

Glu Tyr Val Ser Ile Lys Val Ser Ser Val Ala Ser Gln Ile Ser Met
180 185 190

Trp Gly Phe Glu Asp Thr Val Asn Tyr Val Val Glu Gln Leu Thr Pro
195 200 205

Leu Tyr Ile Glu Ala Ala Arg Ala Pro Lys Gly Thr Lys Phe Ile Asn
210 215 220

Leu Asp Met Glu Glu Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe
225 230 235 240

Lys Arg Leu Leu Ser Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile
245 250 255

Val Leu Gln Ala Tyr Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu
260 265 270

Ala Gln Phe Gly Arg Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys
275 280 285

Val Arg Leu Val Lys Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala
290 295 300

Gln Ile Thr Gly Trp Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr
305 310 315 320

Asp Ala Asn Tyr Lys Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn
325 330 335

Met Glu Gly Leu Arg Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile
340 345 350

Ala Phe Ala His Leu Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val
355 360 365

Glu Phe Glu Met Leu Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val
370 375 380

Ser Val Asp Val Gly Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro
385 390 395 400

Gln Glu Phe Asp Val Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu
405 410 415

Asn Ala Ala Ser Glu Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala
420 425 430

Asp Asn Pro Ser Phe Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile
435 440 445

Ser Asp Leu Ala Thr Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His
450 455 460

Thr Gln Asp Arg Ser Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro
465 470 475 480

Phe Ile Asn Glu Pro Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln
485 490 495

Trp Ala Thr Lys Ala Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu
500 505 510

Lys Gln Thr Lys Pro Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu
515 520 525

Ile Asn Asp Val Arg Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala
530 535 540

Arg Glu Arg Ala Glu Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val
545 550 555 560

Arg Arg Gly His Leu Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala
565 570 575

Val Glu Gln Thr Asp Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg
580 585 590

Tyr Tyr Ala His Leu Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu
595 600 605

Phe Thr Pro Asp Arg Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro
610 615 620

Ile Ala Ile Pro Ala Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala
625 630 635 640

Gly Val Ile His Lys Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala
645 650 655

Val Val Glu Ala Leu Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His
660 665 670

Cys Ile Tyr Pro Ala Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His
675 680 685

Glu His Val Asp Arg Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala
690 695 700

Met Phe Ser Ser Trp Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser
705 710 715 720

Gly Lys Asn Ala Ile Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala
725 730 735

Val Ala Asp Leu Val Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys
740 745 750

Ser Ala Ala Ser Leu Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu
755 760 765

Arg Phe Arg Lys Gln Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp
770 775 780

Trp Pro Thr Asn Pro Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro
785 790 795 800

Ser Asp Lys Leu His His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser
805 810 815

Trp Leu Leu Lys Pro Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser
820 825 830

Pro Gly Ile Lys Glu Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr
835 840 845

Glu Val Phe Gly Pro Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn
850 855 860

Glu Ala Ile Glu Phe Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly
865 870 875 880

Leu Gln Ser Leu Asp Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val
885 890 895

Asp Val Gly Asn Ala Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val
900 905 910

Gln Arg Gln Ser Phe Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly
915 920 925

Ser Lys Ala Gly Gly Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala
930 935 940

Asp Ala Pro Ser His His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser
945 950 955 960

Lys Leu Asp Leu Pro Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn
965 970 975

Ala Ser Asp Glu Thr Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp
980 985 990

Pro Ser Gly Leu Asp Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala
995 1000 1005

Glu Val Val Leu Arg Leu Asp Asp Ser Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala
1010 1015 1020

Arg Ala Leu Leu Ala Ala Arg Arg Ala Gly Val Thr Pro Arg Val Leu
1025 1030 1035 1040

Gln Thr Pro Gly Val Ser Glu Gln Val Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala
1045 1050 1055

Gly Val Ser Ala Glu Thr Val Asp Asp Ser Val Phe Ile Ser Asn Val
1060 1065 1070

Leu Arg Gly Glu Tyr Asp Glu Asn Ser Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu
1075 1080 1085

Gly Lys Val Ser Asp Thr Val Arg Glu Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu
1090 1095 1100

Val Val Leu Leu Asp Asp Ala Val Thr Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu
1105 1110 1115 1120

Arg Tyr Trp Leu Lys Glu Gln Ala Ile Ser Met Thr Leu His Arg Phe
1125 1130 1135

Gly Asn Pro Val Ala Ala Phe His Glu Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg
1140 1145 1150

<210> 309
<211> 476
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(453)
<223> FRXA00023

<400> 309

cat ttt ccg ctc cga cca gca gag gta gta ctc cga ctc gac gat tcc 48
His Phe Pro Leu Arg Pro Ala Glu Val Val Leu Arg Leu Asp Asp Ser

1 5 10 15

gcc aca ccc cga gaa act gcc cgc gca ttg ttg gca gcc cgt cgc gcc 96
Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala Arg Ala Leu Leu Ala Ala Arg Arg Ala

20 25 30

ggg gtt act ccg cga gtt ctt caa aca cca ggt gtt tca gag caa gtc 144
Gly Val Thr Pro Arg Val Leu Gln Thr Pro Gly Val Ser Glu Gln Val

35 40 45

cgc gaa gta ttg tcc gct gct gga gtg agt gca gaa aca gtc gat gat 192
Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala Gly Val Ser Ala Glu Thr Val Asp Asp

50 55 60

tcg gta ttt att tcc aac gtg ttg cgc ggc gaa tac gac gag aac tcc 240
Ser Val Phe Ile Ser Asn Val Leu Arg Gly Glu Tyr Asp Glu Asn Ser

65 70 75 80

agc gtc cga gtc cgc tac ctg ggc aaa gtt agc gac act gtc cgt gaa 288
Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu Gly Lys Val Ser Asp Thr Val Arg Glu

85 90 95

cgc cta tct gta cgg ccc gaa gtt gtt ctg ctt gac gat gca gta act 336
Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu Val Val Leu Leu Asp Asp Ala Val Thr

100 105 110

gcc tcc ggt cga gtt gaa tta cgt tac tgg ctc aaa gaa caa gca att 384
Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu Arg Tyr Trp Leu Lys Glu Gln Ala Ile

115 120 125

tcc atg acg ttg cac cgt ttt gga aac cca gtt gcg gcc ttc cac gag 432
Ser Met Thr Leu His Arg Phe Gly Asn Pro Val Ala Ala Phe His Glu

130 135 140

ttg gcg gag gaa ctt aaa cgt tgatcgtttt gcgcattgggt cgc 476

Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg

145 150

<210> 310

<211> 151

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 310

His Phe Pro Leu Arg Pro Ala Glu Val Val Leu Arg Leu Asp Asp Ser
1 5 10 15

Ala Thr Pro Arg Glu Thr Ala Arg Ala Leu Leu Ala Ala Arg Arg Ala
20 25 30

Gly Val Thr Pro Arg Val Leu Gln Thr Pro Gly Val Ser Glu Gln Val
35 40 45

Arg Glu Val Leu Ser Ala Ala Gly Val Ser Ala Glu Thr Val Asp Asp
50 55 60

Ser Val Phe Ile Ser Asn Val Leu Arg Gly Glu Tyr Asp Glu Asn Ser
65 70 75 80

Ser Val Arg Val Arg Tyr Leu Gly Lys Val Ser Asp Thr Val Arg Glu
85 90 95

Arg Leu Ser Val Arg Pro Glu Val Val Leu Leu Asp Asp Ala Val Thr
100 105 110

Ala Ser Gly Arg Val Glu Leu Arg Tyr Trp Leu Lys Glu Gln Ala Ile
115 120 125

Ser Met Thr Leu His Arg Phe Gly Asn Pro Val Ala Ala Phe His Glu
130 135 140

Leu Ala Glu Glu Leu Lys Arg

145 150

<210> 311

<211> 3124

<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(3124)
<223> FRXA02284

<220>
<221> misc_feature
<222> 641 - 647
<223> n = a, c, g, or t

<220>
<221> VARIANT
<222> 181, 182
<223> Xaa = any amino acid

<220>
<221> VARIANT
<222> 183
<223> Xaa = Phe, Ser, Tyr, or Cys

<400> 311
gggattatgt tgggggccac atctgaaaat agttgctggg atccatcaca cctacgatgc 60

gaaacggcac ccacaccgct gatcttgaag gagaaccacc atg acg tcg atg aat 115
Met Thr Ser Met Asn

1 5

ctg cct att gag ttg gct acg ctg tct gac cag gct gtg gac aag gtg 163
Leu Pro Ile Glu Leu Ala Thr Leu Ser Asp Gln Ala Val Asp Lys Val

10 15 20

cgc tcc tgg ctg gag tac agc aaa aag gaa agc gtg ccc aat gcc gat 211
Arg Ser Trp Leu Glu Tyr Ser Lys Lys Glu Ser Val Pro Asn Ala Asp

25 30 35

gcg aag cgt cta gct gca gtg ttg cag gat cct aat ggt ttg gaa ttc 259
Ala Lys Arg Leu Ala Ala Val Leu Gln Asp Pro Asn Gly Leu Glu Phe

40 45 50

acg gtt ggt ttc gtg gat cga gtg gtt cga act gag gat cgt gaa gcg 307

Thr Val Gly Phe Val Asp Arg Val Val Arg Thr Glu Asp Arg Glu Ala	
55 60 65	
gca gcg cat gcg ttg tat gag ttg ggc aag att gct ccg tcg acg atg	355
Ala Ala His Ala Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Ile Ala Pro Ser Thr Met	
70 75 80 85	
tcc ttt ttg gat cgg gcg cag att cag gcc ggt tct ttg gtg ggg cgg	403
Ser Phe Leu Asp Arg Ala Gln Ile Gln Ala Gly Ser Leu Val Gly Arg	
90 95 100	
gcg ttg ccg cag gtt gtg gtt cct gcg gcg cgg gct cga atc cgg cag	451
Ala Leu Pro Gln Val Val Val Pro Ala Ala Arg Ala Arg Ile Arg Gln	
105 110 115	
atg gtt ggg cac atg att gtg gat gcc cgc gac aag cag ttc gcc aag	499
Met Val Gly His Met Ile Val Asp Ala Arg Asp Lys Gln Phe Ala Lys	
120 125 130	
gct gtc gct gag att cag tcg gat ggg cac cgc ctg aac atc aat ttg	547
Ala Val Ala Glu Ile Gln Ser Asp Gly His Arg Leu Asn Ile Asn Leu	
135 140 145	
cta ggt gaa gcg gtg ttg ggc cga aag gaa gca gcg aag cat ttg gat	595
Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala Ala Lys His Leu Asp	
150 155 160 165	
gac acg gtg cgg ttg ttg cgc cgt ccg gat gtg gaa tat gtg tcn nnn	643
Asp Thr Val Arg Leu Leu Arg Arg Pro Asp Val Glu Tyr Val Ser Xaa	
170 175 180	
nnn ntc tct tcg gtg gca tcg cag att tcg atg tgg ggt ttc gaa gac	691
Xaa Xaa Ser Ser Val Ala Ser Gln Ile Ser Met Trp Gly Phe Glu Asp	
185 190 195	
acc gtt aat tat gtt gtg gaa cag ctg aca cct tta tat ata gag ccc	739
Thr Val Asn Tyr Val Val Glu Gln Leu Thr Pro Leu Tyr Ile Glu Pro	
200 205 210	
gcg cgg gcg ccg aaa ggc acg aag ttc atc aac ctg gac atg gag gaa	787

Ala Arg Ala Pro Lys Gly Thr Lys Phe Ile Asn Leu Asp Met Glu Glu

215 220 225

tac cgc gat ctg cgc ctg act atg gag gtg ttc aag cgg ctg ctc tcc 835
Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe Lys Arg Leu Leu Ser

230 235 240 245

aat cca gag ctg cat gaa cta gaa gcc gga att gtg ttg cag gcg tac 883
Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile Val Leu Gln Ala Tyr

250 255 260

ctt ccc gat gcc ctc ggt gca atc cag gac ttg gcg cag ttc ggc cgc 931
Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu Ala Gln Phe Gly Arg

265 270 275

gag cgc gtc aac aca ggc ggg gcg ggc gtt aag gtt cgc ctg gtc aag 979
Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys Val Arg Leu Val Lys

280 285 290

ggt gct aat ttg cct atg gag cac gtc cac gcg cag atc acc ggc tgg 1027
Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala Gln Ile Thr Gly Trp

295 300 305

cca gtt gcc aca gaa cct tcc aaa caa gcc acc gat gcc aat tac aag 1075
Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr Asp Ala Asn Tyr Lys

310 315 320 325

cgc gtc ctc tat tgg acg atg cgc aaa gaa aac atg gag ggc ctg cgc 1123
Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn Met Glu Gly Leu Arg

330 335 340

ctg ggc gtt gcc ggc cac aac ctt ttc gac ata gca ttc gca cat ttg 1171
Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile Ala Phe Ala His Leu

345 350 355

ctc tct gtg gag cgt ggg gta gcg gac cgt gtg gag ttc gaa atg ctg 1219
Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val Glu Phe Glu Met Leu

360 365 370

cag ggc atg gcg tcc gat cag gcg cgc gcc gtc agc gtt gac gtc ggt 1267

Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val Ser Val Asp Val Gly
375 380 385

gag ctg ctg ctt tac gta cca gcc gtg cgc cca caa gaa ttc gac gtg 1315
Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro Gln Glu Phe Asp Val

390 395 400 405

gcc att tct tac ctc gtg cgc cgc ctc gag gaa aac gcc gcg agc gaa 1363
Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu Asn Ala Ala Ser Glu

410 415 420

aac ttc atg tcc gcc atc ttc gac ctc gac gcc gac aac ccg tcc ttc 1411
Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala Asp Asn Pro Ser Phe

425 430 435

aag cga gag gag agc cgc ttc cgc gcc tcc ata tct gac ctc gcc acg 1459
Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile Ser Asp Leu Ala Thr

440 445 450

ctc atc gac gtg ccc gcg ccc ggc ccc aac cac aca caa gac cgc agc 1507
Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His Thr Gln Asp Arg Ser

455 460 465

aaa gag acg ctt ctc gac gcc ccc ctc gtc cca ttt atc aac gag ccc 1555
Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro Phe Ile Asn Glu Pro

470 475 480 485

gac acc aac cca gcg ctc atc caa aac caa cag tgg gcc aca aaa gcc 1603
Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln Trp Ala Thr Lys Ala

490 495 500

gtc gcc acc gca gca gag ccc ggt tgg ttg gaa aaa caa aca aag ccg 1651
Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu Lys Gln Thr Lys Pro

505 510 515

gag gtg ttg gaa gag ggg gac gtc gac aag cta att aac gat gtg cgc 1699
Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu Ile Asn Asp Val Arg

520 525 530

gac gct gct gaa gcg tgg gca gcg cgc cca gcc cgt gaa cgc gct gag 1747

Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala Arg Glu Arg Ala Glu
535 540 545

att ttg tac aag acc gcc gag att ttg cgc gtg cga cgc gga cac ctg 1795
Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val Arg Arg Gly His Leu
550 555 560 565

atc tca gtg acg gcc gcg gag gtg ggc aaa gct gtg gaa caa acc gac 1843
Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala Val Glu Gln Thr Asp
570 575 580

ccg gaa atc tct gaa gcc att gat ttc gcc cgc tac tac gcg cat ttg 1891
Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg Tyr Tyr Ala His Leu
585 590 595

gcc ctg gaa ttg gac gac gta gac aat gcg gaa ttc acc cca gat cgc 1939
Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu Phe Thr Pro Asp Arg
600 605 610

gtc gtt gtg gtg acc ccg ccc tgg aat ttc ccc atc gcg atc ccc gct 1987
Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro Ile Ala Ile Pro Ala
615 620 625

gga tcg act ttc gca gca ctc gcg gcg ggc gct ggc gtg atc cac aaa 2035
Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala Gly Val Ile His Lys
630 635 640 645

ccc tca aag cct agc caa cat tgc tcc gct gca gtg gtc gaa gcc ctc 2083
Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala Val Val Glu Ala Leu
650 655 660

tgg gaa gcc ggc gtt ccc cgc gag gtt ctg cat tgc att tac cca gct 2131
Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His Cys Ile Tyr Pro Ala
665 670 675

aat cgc gat gtt gga tgt gcg ttg atc agc cat gaa cac gtc gac cgc 2179
Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His Glu His Val Asp Arg
680 685 690

gtc att ttg acc ggc tcc tcc gag acc gcc gcg atg ttc tcc tcc tgg 2227

Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala Met Phe Ser Ser Trp
695 700 705

cga cca gaa ctc acc atc aac ggc gaa acc tcc ggc aaa aac gcc atc 2275
Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser Gly Lys Asn Ala Ile

710 715 720 725

gtg gtc acc cca tct gcc gac cgc gac ctc gcc gtc gcc gac ctg gtg 2323
Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala Val Ala Asp Leu Val

730 735 740

aaa tcc gcc ttc ggc cat gca gga caa aaa tgt tcc gca gcc tcc ctc 2371
Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys Ser Ala Ala Ser Leu

745 750 755

ggc atc ttg gta ggc agc gtc tac gaa tca gaa cgc ttc cgg aaa cag 2419
Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu Arg Phe Arg Lys Gln

760 765 770

ctg gta gac gcc gca tcc tca ctc atc gtc gac tgg cct acc aac ccc 2467
Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp Trp Pro Thr Asn Pro

775 780 785

tcc gca acc gtc gga cca ctc acc gaa ctc ccc agc gat aaa ctc cac 2515
Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro Ser Asp Lys Leu His

790 795 800 805

cac gcc cta acc acc ctc gaa gaa gga gaa agc tgg ctg ctg aaa ccc 2563
His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser Trp Leu Leu Lys Pro

810 815 820

cga caa ctc gac gac acc ggc cga ctc tgg tca ccc ggc atc aaa gaa 2611
Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser Pro Gly Ile Lys Glu

825 830 835

ggc gtc aaa cca gga acc ttc ttc cac ctc aca gaa gta ttc gga cca 2659
Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr Glu Val Phe Gly Pro

840 845 850

gtc ctc ggc ctg atg aaa gcc acc gac ctc aat gaa gcc atc gaa ttc 2707

Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn Glu Ala Ile Glu Phe
855 860 865

caa aac ggc aac gac ttc gga ctc acc ggc gga ctc caa tcc ctc gac 2755
Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly Leu Gln Ser Leu Asp

870 875 880 885

gcc gac gaa gtc cgc acc tgg ctt gac cac gtc gat gtc gga aac gcc 2803
Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val Asp Val Gly Asn Ala

890 895 900

tac gtc aac cgc ggc atc acc ggc gcc att gtc caa cgc caa tcc ttc 2851
Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val Gln Arg Gln Ser Phe

905 910 915

gga ggc tgg aaa aaa tcc tcc gtc ggc ctc gga tcc aaa gcc gga gga 2899
Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly Ser Lys Ala Gly Gly

920 925 930

ccc aac tat gtc atg ctc atg gga acc tgg gcc gac gcg cca agc cac 2947
Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala Asp Ala Pro Ser His

935 940 945

cac gcc cca cgc gaa aca aac ccg ctg atc agc aaa ctg gat ctc ccc 2995
His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser Lys Leu Asp Leu Pro

950 955 960 965

gga gaa gag ctc gaa tgg ctc gaa aaa gcc aac gcc agc gat gaa aca 3043
Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn Ala Ser Asp Glu Thr

970 975 980

gca tgg aac acg gaa ttc ggc agc cca cgc gac ccc tcc ggc ctc gat 3091
Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp Pro Ser Gly Leu Asp

985 990 995

gta gaa gcc aac att ttc cgc tac cga cca gca 3124
Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala

1000 1005

<210> 312

<211> 1008
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 181, 182
 <223> Xaa = any amino acid

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 183
 <223> Xaa = Phe, Ser, Tyr, or Cys

<400> 312
 Met Thr Ser Met Asn Leu Pro Ile Glu Leu Ala Thr Leu Ser Asp Gln
 1 5 10 15

Ala Val Asp Lys Val Arg Ser Trp Leu Glu Tyr Ser Lys Lys Glu Ser
 20 25 30

Val Pro Asn Ala Asp Ala Lys Arg Leu Ala Ala Val Leu Gln Asp Pro
 35 40 45

Asn Gly Leu Glu Phe Thr Val Gly Phe Val Asp Arg Val Val Arg Thr
 50 55 60

Glu Asp Arg Glu Ala Ala Ala His Ala Leu Tyr Glu Leu Gly Lys Ile
 65 70 75 80

Ala Pro Ser Thr Met Ser Phe Leu Asp Arg Ala Gln Ile Gln Ala Gly
 85 90 95

Ser Leu Val Gly Arg Ala Leu Pro Gln Val Val Val Pro Ala Ala Arg
 100 105 110

Ala Arg Ile Arg Gln Met Val Gly His Met Ile Val Asp Ala Arg Asp
 115 120 125

Lys Gln Phe Ala Lys Ala Val Ala Glu Ile Gln Ser Asp Gly His Arg
 130 135 140

Leu Asn Ile Asn Leu Leu Gly Glu Ala Val Leu Gly Arg Lys Glu Ala

145	150	155	160
Ala Lys His Leu Asp Asp Thr Val Arg Leu Leu Arg Arg Pro Asp Val	165	170	175
Glu Tyr Val Ser Xaa Xaa Xaa Ser Ser Val Ala Ser Gln Ile Ser Met	180	185	190
Trp Gly Phe Glu Asp Thr Val Asn Tyr Val Val Glu Gln Leu Thr Pro	195	200	205
Leu Tyr Ile Glu Pro Ala Arg Ala Pro Lys Gly Thr Lys Phe Ile Asn	210	215	220
Leu Asp Met Glu Glu Tyr Arg Asp Leu Arg Leu Thr Met Glu Val Phe	225	230	235
Lys Arg Leu Leu Ser Asn Pro Glu Leu His Glu Leu Glu Ala Gly Ile	245	250	255
Val Leu Gln Ala Tyr Leu Pro Asp Ala Leu Gly Ala Ile Gln Asp Leu	260	265	270
Ala Gln Phe Gly Arg Glu Arg Val Asn Thr Gly Gly Ala Gly Val Lys	275	280	285
Val Arg Leu Val Lys Gly Ala Asn Leu Pro Met Glu His Val His Ala	290	295	300
Gln Ile Thr Gly Trp Pro Val Ala Thr Glu Pro Ser Lys Gln Ala Thr	305	310	315
Asp Ala Asn Tyr Lys Arg Val Leu Tyr Trp Thr Met Arg Lys Glu Asn	325	330	335
Met Glu Gly Leu Arg Leu Gly Val Ala Gly His Asn Leu Phe Asp Ile	340	345	350
Ala Phe Ala His Leu Leu Ser Val Glu Arg Gly Val Ala Asp Arg Val	355	360	365
Glu Phe Glu Met Leu Gln Gly Met Ala Ser Asp Gln Ala Arg Ala Val			

370

375

380

Ser Val Asp Val Gly Glu Leu Leu Leu Tyr Val Pro Ala Val Arg Pro
385 390 395 400

Gln Glu Phe Asp Val Ala Ile Ser Tyr Leu Val Arg Arg Leu Glu Glu
405 410 415

Asn Ala Ala Ser Glu Asn Phe Met Ser Ala Ile Phe Asp Leu Asp Ala
420 425 430

Asp Asn Pro Ser Phe Lys Arg Glu Glu Ser Arg Phe Arg Ala Ser Ile
435 440 445

Ser Asp Leu Ala Thr Leu Ile Asp Val Pro Ala Pro Gly Pro Asn His
450 455 460

Thr Gln Asp Arg Ser Lys Glu Thr Leu Leu Asp Ala Pro Leu Val Pro
465 470 475 480

Phe Ile Asn Glu Pro Asp Thr Asn Pro Ala Leu Ile Gln Asn Gln Gln
485 490 495

Trp Ala Thr Lys Ala Val Ala Thr Ala Ala Glu Pro Gly Trp Leu Glu
500 505 510

Lys Gln Thr Lys Pro Glu Val Leu Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu
515 520 525

Ile Asn Asp Val Arg Asp Ala Ala Glu Ala Trp Ala Ala Arg Pro Ala
530 535 540

Arg Glu Arg Ala Glu Ile Leu Tyr Lys Thr Ala Glu Ile Leu Arg Val
545 550 555 560

Arg Arg Gly His Leu Ile Ser Val Thr Ala Ala Glu Val Gly Lys Ala
565 570 575

Val Glu Gln Thr Asp Pro Glu Ile Ser Glu Ala Ile Asp Phe Ala Arg
580 585 590

Tyr Tyr Ala His Leu Ala Leu Glu Leu Asp Asp Val Asp Asn Ala Glu

595	600	605
Phe Thr Pro Asp Arg Val Val Val Val Thr Pro Pro Trp Asn Phe Pro		
610	615	620
Ile Ala Ile Pro Ala Gly Ser Thr Phe Ala Ala Leu Ala Ala Gly Ala		
625	630	635
Gly Val Ile His Lys Pro Ser Lys Pro Ser Gln His Cys Ser Ala Ala		
	645	650
Val Val Glu Ala Leu Trp Glu Ala Gly Val Pro Arg Glu Val Leu His		
	660	665
Cys Ile Tyr Pro Ala Asn Arg Asp Val Gly Cys Ala Leu Ile Ser His		
	675	680
Glu His Val Asp Arg Val Ile Leu Thr Gly Ser Ser Glu Thr Ala Ala		
	690	700
Met Phe Ser Ser Trp Arg Pro Glu Leu Thr Ile Asn Gly Glu Thr Ser		
705	710	715
Gly Lys Asn Ala Ile Val Val Thr Pro Ser Ala Asp Arg Asp Leu Ala		
	725	730
Val Ala Asp Leu Val Lys Ser Ala Phe Gly His Ala Gly Gln Lys Cys		
	740	745
Ser Ala Ala Ser Leu Gly Ile Leu Val Gly Ser Val Tyr Glu Ser Glu		
	755	760
Arg Phe Arg Lys Gln Leu Val Asp Ala Ala Ser Ser Leu Ile Val Asp		
	770	775
Trp Pro Thr Asn Pro Ser Ala Thr Val Gly Pro Leu Thr Glu Leu Pro		
785	790	795
Ser Asp Lys Leu His His Ala Leu Thr Thr Leu Glu Glu Gly Glu Ser		
	805	810
Trp Leu Leu Lys Pro Arg Gln Leu Asp Asp Thr Gly Arg Leu Trp Ser		

820 825 830
 Pro Gly Ile Lys Glu Gly Val Lys Pro Gly Thr Phe Phe His Leu Thr
 835 840 845
 Glu Val Phe Gly Pro Val Leu Gly Leu Met Lys Ala Thr Asp Leu Asn
 850 855 860
 Glu Ala Ile Glu Phe Gln Asn Gly Asn Asp Phe Gly Leu Thr Gly Gly
 865 870 875 880
 Leu Gln Ser Leu Asp Ala Asp Glu Val Arg Thr Trp Leu Asp His Val
 885 890 895
 Asp Val Gly Asn Ala Tyr Val Asn Arg Gly Ile Thr Gly Ala Ile Val
 900 905 910
 Gln Arg Gln Ser Phe Gly Gly Trp Lys Lys Ser Ser Val Gly Leu Gly
 915 920 925
 Ser Lys Ala Gly Gly Pro Asn Tyr Val Met Leu Met Gly Thr Trp Ala
 930 935 940
 Asp Ala Pro Ser His His Ala Pro Arg Glu Thr Asn Pro Leu Ile Ser
 945 950 955 960
 Lys Leu Asp Leu Pro Gly Glu Glu Leu Glu Trp Leu Glu Lys Ala Asn
 965 970 975
 Ala Ser Asp Glu Thr Ala Trp Asn Thr Glu Phe Gly Ser Pro Arg Asp
 980 985 990
 Pro Ser Gly Leu Asp Val Glu Ala Asn Ile Phe Arg Tyr Arg Pro Ala
 995 1000 1005

<210> 313

<211> 927

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(904)

<223> RXC02498

<400> 313

caaggtagaa atttgtccgt gggcacttcg tgaaggtgtg atcctcacca ggatcgacaa 60

aggactcgag taacatttac ccggaagga gttggcgaaa atg agt gaa gag aaa 115
Met Ser Glu Glu Lys

1 5

ctc aca gtc gct gag ctg atg gcg cgt gcc gcg aaa gag gga cgc tcc 163
Leu Thr Val Ala Glu Leu Met Ala Arg Ala Ala Lys Glu Gly Arg Ser

10 15 20

acc gat gct ccc cga cga cgc agg cgc cgc agc atc gaa gac ggt ggc 211
Thr Asp Ala Pro Arg Arg Arg Arg Arg Ser Ile Glu Asp Gly Gly

25 30 35

gta tcc gtt gct gag ctg acc ggc tcc att cct gcc gtt aag gaa aag 259
Val Ser Val Ala Glu Leu Thr Gly Ser Ile Pro Ala Val Lys Glu Lys

40 45 50

ccc gcg gag tcc aag cac tcc agc gtg ccc atc gat gca cca gca gaa 307
Pro Ala Glu Ser Lys His Ser Ser Val Pro Ile Asp Ala Pro Ala Glu

55 60 65

cct gag gtt gtt gag gcc ccc aag cct gag ccc gcc gaa gaa gta gaa 355
Pro Glu Val Val Glu Ala Pro Lys Pro Glu Pro Ala Glu Glu Val Glu

70 75 80 85

gtg gct tcg gtg gag ggc gac gtc gat aag cag gaa acc cct gag cgt 403
Val Ala Ser Val Glu Gly Asp Val Asp Lys Gln Glu Thr Pro Glu Arg

90 95 100

ccg gcg ccg agc aac gaa gaa acc atg gtg ctg cgc atc gtg gat gaa 451
Pro Ala Pro Ser Asn Glu Glu Thr Met Val Leu Arg Ile Val Asp Glu

105 110 115

aaa gat cca att agc ttg acg acg ggc gcg ttc ccc gtg gtt ccg gca 499
Lys Asp Pro Ile Ser Leu Thr Thr Gly Ala Phe Pro Val Val Pro Ala

120	125	130	
gtt gcc gcc aag ccg gcg ccc gta gtg cgc gcg gag aag gac gcc gat 547			
Val Ala Ala Lys Pro Ala Pro Val Val Arg Ala Glu Lys Asp Ala Asp			
135	140	145	
gtg gag act gcc gta aag gca gat ttc gca gag gtg gaa gtc gat aac 595			
Val Glu Thr Ala Val Lys Ala Asp Phe Ala Glu Val Glu Val Asp Asn			
150	155	160	165
act gac acc acg cag atg gct gtg gtg gaa gaa gtt gac gag gag cca 643			
Thr Asp Thr Thr Gln Met Ala Val Val Glu Glu Val Asp Glu Glu Pro			
	170	175	180
gag caa gaa aac aaa atg tcc gta ttc gcg atc atc atg atg gcg atc 691			
Glu Gln Glu Asn Lys Met Ser Val Phe Ala Ile Ile Met Met Ala Ile			
	185	190	195
gtc gga gtt gtt ctc ggt gtc gtt gta ttc ctc ggc ttt gaa atg ctg 739			
Val Gly Val Val Leu Gly Val Val Val Phe Leu Gly Phe Glu Met Leu			
200	205	210	
tgg gag cgc ctg aac aag tgg atc gtc gct gtt ctg gca gtc ggc gtg 787			
Trp Glu Arg Leu Asn Lys Trp Ile Val Ala Val Leu Ala Val Gly Val			
215	220	225	
acc ttg gga atg gtg ggc atc atc cac gct ttg cgc acc tca cgt gat 835			
Thr Leu Gly Met Val Gly Ile Ile His Ala Leu Arg Thr Ser Arg Asp			
230	235	240	245
ggc ttc agc atg gtt ctc gca gga atc gtg ggc ctg gtc atg acg ttc 883			
Gly Phe Ser Met Val Leu Ala Gly Ile Val Gly Leu Val Met Thr Phe			
	250	255	260
ggg ccg ctg gca atc gtc atg taatttgcg ttttgggcc ccg 927			
Gly Pro Leu Ala Ile Val Met			

265

<210> 314
<211> 268
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 314

Met Ser Glu Glu Lys Leu Thr Val Ala Glu Leu Met Ala Arg Ala Ala
1 5 10 15

Lys Glu Gly Arg Ser Thr Asp Ala Pro Arg Arg Arg Arg Arg Arg Ser
20 25 30

Ile Glu Asp Gly Gly Val Ser Val Ala Glu Leu Thr Gly Ser Ile Pro
35 40 45

Ala Val Lys Glu Lys Pro Ala Glu Ser Lys His Ser Ser Val Pro Ile
50 55 60

Asp Ala Pro Ala Glu Pro Glu Val Val Glu Ala Pro Lys Pro Glu Pro
65 70 75 80

Ala Glu Glu Val Glu Val Ala Ser Val Glu Gly Asp Val Asp Lys Gln
85 90 95

Glu Thr Pro Glu Arg Pro Ala Pro Ser Asn Glu Glu Thr Met Val Leu
100 105 110

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

Pro Val Val Pro Ala Val Ala Ala Lys Pro Ala Pro Val Val Arg Ala
130 135 140

Glu Lys Asp Ala Asp Val Glu Thr Ala Val Lys Ala Asp Phe Ala Glu
145 150 155 160

Val Glu Val Asp Asn Thr Asp Thr Thr Gln Met Ala Val Val Glu Glu
165 170 175

Val Asp Glu Glu Pro Glu Gln Glu Asn Lys Met Ser Val Phe Ala Ile
180 185 190

Ile Met Met Ala Ile Val Gly Val Val Leu Gly Val Val Val Phe Leu
195 200 205

Gly Phe Glu Met Leu Trp Glu Arg Leu Asn Lys Trp Ile Val Ala Val
210 215 220

Leu Ala Val Gly Val Thr Leu Gly Met Val Gly Ile Ile His Ala Leu
225 230 235 240

Arg Thr Ser Arg Asp Gly Phe Ser Met Val Leu Ala Gly Ile Val Gly
245 250 255

Leu Val Met Thr Phe Gly Pro Leu Ala Ile Val Met
260 265

<210> 315

<211> 774

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(751)

<223> RXA01491

<400> 315

aacgggtgtga aacacattga agtgtcgttg ggttatccgc gcgaatggga gcattggtct 60

gggcagcatg tgtggccata tccagtgatg gaggtggaca atg ctg gat gag tct 115
Met Leu Asp Glu Ser

1 5

ttg ttt cca aat tcg gca aag ttt tct ttc att aaa act ggc gat gct 163
Leu Phe Pro Asn Ser Ala Lys Phe Ser Phe Ile Lys Thr Gly Asp Ala

10 15 20

gtt aat tta gac cat ttc cat cag ttg cat ccg ttg gaa aag gca ctg 211
Val Asn Leu Asp His Phe His Gln Leu His Pro Leu Glu Lys Ala Leu

25 30 35

gta gcg cac tcg gtt gat att aga aaa gca gag ttt gga gat gcc agg 259
Val Ala His Ser Val Asp Ile Arg Lys Ala Glu Phe Gly Asp Ala Arg

40 45 50

tgg tgt gca cat cag gca ctc caa gct ttg gga cga gat agc ggt gat 307
Trp Cys Ala His Gln Ala Leu Gln Ala Leu Gly Arg Asp Ser Gly Asp

55 60 65

ccc att ttg cgt ggg gaa cga gga atg cca ttg tgg cct tct tcg gtg 355
Pro Ile Leu Arg Gly Glu Arg Gly Met Pro Leu Trp Pro Ser Ser Val

70 75 80 85

tct ggt tca ttg acc cac act gac gga ttc cga gct gct gtt gtg gcg 403
Ser Gly Ser Leu Thr His Thr Asp Gly Phe Arg Ala Ala Val Val Ala

90 95 100

cca cga ttg ttg gtg cgt tct atg gga ttg gat gcc gaa cct gcg gag 451
Pro Arg Leu Leu Val Arg Ser Met Gly Leu Asp Ala Glu Pro Ala Glu

105 110 115

ccg ttg ccc aag gat gtt ttg ggt tca atc gct cgg gtg ggg gag att 499
Pro Leu Pro Lys Asp Val Leu Gly Ser Ile Ala Arg Val Gly Glu Ile

120 125 130

cct caa ctt aag cgc ttg gag gaa caa ggt gtg cac tgc gcg gat cgc 547
Pro Gln Leu Lys Arg Leu Glu Glu Gln Gly Val His Cys Ala Asp Arg

135 140 145

ctg ctg ttt tgt gcc aag gaa gca aca tac aaa gcg tgg ttc ccg ctg 595
Leu Leu Phe Cys Ala Lys Glu Ala Thr Tyr Lys Ala Trp Phe Pro Leu

150 155 160 165

acg cat agg tgg ctt ggt ttt gaa caa gct gag atc gac ttg cgt gat 643
Thr His Arg Trp Leu Gly Phe Glu Gln Ala Glu Ile Asp Leu Arg Asp

170 175 180

gat ggc act ttt gtg tcc tat ttg ctg gtt cga cca act cca gtg ccg 691
Asp Gly Thr Phe Val Ser Tyr Leu Leu Val Arg Pro Thr Pro Val Pro

185 190 195

ttt att tca ggt aaa tgg gta ctg cgt gat ggt tat gtc ata gct gcg 739
Phe Ile Ser Gly Lys Trp Val Leu Arg Asp Gly Tyr Val Ile Ala Ala

200 205 210

act gca gtg act tgaactggat ggagaggata cct 774
Thr Ala Val Thr

215

<210> 316

<211> 217

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 316

Met Leu Asp Glu Ser Leu Phe Pro Asn Ser Ala Lys Phe Ser Phe Ile
1 5 10 15

Lys Thr Gly Asp Ala Val Asn Leu Asp His Phe His Gln Leu His Pro
20 25 30

Leu Glu Lys Ala Leu Val Ala His Ser Val Asp Ile Arg Lys Ala Glu
35 40 45

Phe Gly Asp Ala Arg Trp Cys Ala His Gln Ala Leu Gln Ala Leu Gly
50 55 60

Arg Asp Ser Gly Asp Pro Ile Leu Arg Gly Glu Arg Gly Met Pro Leu
65 70 75 80

Trp Pro Ser Ser Val Ser Gly Ser Leu Thr His Thr Asp Gly Phe Arg
85 90 95

Ala Ala Val Val Ala Pro Arg Leu Leu Val Arg Ser Met Gly Leu Asp
100 105 110

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

Arg Val Gly Glu Ile Pro Gln Leu Lys Arg Leu Glu Glu Gln Gly Val
130 135 140

His Cys Ala Asp Arg Leu Leu Phe Cys Ala Lys Glu Ala Thr Tyr Lys
145 150 155 160

Ala Trp Phe Pro Leu Thr His Arg Trp Leu Gly Phe Glu Gln Ala Glu
165 170 175

Ile Asp Leu Arg Asp Asp Gly Thr Phe Val Ser Tyr Leu Leu Val Arg
180 185 190

Pro Thr Pro Val Pro Phe Ile Ser Gly Lys Trp Val Leu Arg Asp Gly
195 200 205

Tyr Val Ile Ala Ala Thr Ala Val Thr
210 215

<210> 317

<211> 1287

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1264)

<223> RXA02155

<400> 317

tcggcgtcgc accttaaagt agcgcccttaa agcggcgctt caaaccaagc gccctaacca 60

gcaaacacaa caaacacatc taattcagta ggagttccac atg gca gaa aaa ggc 115
Met Ala Glu Lys Gly

1 5

att acc gcg ccg aaa ggc ttc gtt gct tct gca acg acc gcg ggt att 163
Ile Thr Ala Pro Lys Gly Phe Val Ala Ser Ala Thr Thr Ala Gly Ile

10 15 20

aaa gct tct ggc aat cct gac atg gcg ttg gtg gtt aac cag ggt cca 211
Lys Ala Ser Gly Asn Pro Asp Met Ala Leu Val Val Asn Gln Gly Pro

25 30 35

gag ttt tcc gca gcg gcc gtg ttt aca cgt aac cga gtt ttc gca gcg 259
Glu Phe Ser Ala Ala Ala Val Phe Thr Arg Asn Arg Val Phe Ala Ala

40 45 50

cct gtg aag gtg agc cga gag aac gtt gct gat ggc cag atc agg gct 307

Pro Val Lys Val Ser Arg Glu Asn Val Ala Asp Gly Gln Ile Arg Ala	
55	60
65	
gtt ttg tac aac gct ggt aat gct aat gcg tgt aat ggt ctg cag ggt	355
Val Leu Tyr Asn Ala Gly Asn Ala Asn Ala Cys Asn Gly Leu Gln Gly	
70	75
80	85
gag aag gat gct cgt gag tct gtt tct cat cta gct caa aat ttg ggc	403
Glu Lys Asp Ala Arg Glu Ser Val Ser His Leu Ala Gln Asn Leu Gly	
90	95
100	
ttg gag gat tcc gat att ggt gtg tgt tcc act ggt ctt att ggt gag	451
Leu Glu Asp Ser Asp Ile Gly Val Cys Ser Thr Gly Leu Ile Gly Glu	
105	110
115	
ttg ctt ccg atg gat aag ctc aat gca ggt att gat cag ctg acc gct	499
Leu Leu Pro Met Asp Lys Leu Asn Ala Gly Ile Asp Gln Leu Thr Ala	
120	125
130	
gag ggc gct ttg ggt gac aat ggt gca gct gct gcc aag gcg atc atg	547
Glu Gly Ala Leu Gly Asp Asn Gly Ala Ala Ala Ala Lys Ala Ile Met	
135	140
145	
acc act gac acg gtg gat aag gaa acc gtc gtg ttt gct gat ggt tgg	595
Thr Thr Asp Thr Val Asp Lys Glu Thr Val Val Phe Ala Asp Gly Trp	
150	155
160	165
act gtc ggc gga atg ggc aag ggc gtg ggc atg atg gcg ccg tct ctt	643
Thr Val Gly Gly Met Gly Lys Gly Val Gly Met Met Ala Pro Ser Leu	
170	175
180	
gcc acc atg ctg gtc tgc ttg acc act gat gca tcc gtt act cag gaa	691
Ala Thr Met Leu Val Cys Leu Thr Thr Asp Ala Ser Val Thr Gln Glu	
185	190
195	
atg gct cag atc gcg ctg gct aat gct acg gcc gtt acg ttt gac acc	739
Met Ala Gln Ile Ala Leu Ala Asn Ala Thr Ala Val Thr Phe Asp Thr	
200	205
210	
ctg gat att gat gga tca acc tcc acc aat gac acc gtg ttc ctg ctg	787

Leu Asp Ile Asp Gly Ser Thr Ser Thr Asn Asp Thr Val Phe Leu Leu
215 220 225

gca tct ggc gct agc gga atc acc cca act cag gat gaa ctc aac gat 835
Ala Ser Gly Ala Ser Gly Ile Thr Pro Thr Gln Asp Glu Leu Asn Asp

230 235 240 245

gcg gtg tac gca gct tgt tct gat atc gca gcg aag ctt cag gct gat 883
Ala Val Tyr Ala Ala Cys Ser Asp Ile Ala Ala Lys Leu Gln Ala Asp

250 255 260

gca gag ggt gtg acc aag cgc gtt gct gtg aca gtg gtg gga acc acc 931
Ala Glu Gly Val Thr Lys Arg Val Ala Val Thr Val Val Gly Thr Thr

265 270 275

aac aac gag cag gcg att aat gcg gct cgc act gtt gct cgt gac aat 979
Asn Asn Glu Gln Ala Ile Asn Ala Ala Arg Thr Val Ala Arg Asp Asn

280 285 290

ttg ttc aag tgc gca atg ttt gga tct gat cca aac tgg ggt cgc gtg 1027
Leu Phe Lys Cys Ala Met Phe Gly Ser Asp Pro Asn Trp Gly Arg Val

295 300 305

ttg gct gca gtc ggc atg gct gat gct gat atg gaa cca gag aag att 1075
Leu Ala Ala Val Gly Met Ala Asp Ala Asp Met Glu Pro Glu Lys Ile

310 315 320 325

tct gtg ttc ttc aat ggt caa gca gta tgc ctt gat tcc act ggc gct 1123
Ser Val Phe Phe Asn Gly Gln Ala Val Cys Leu Asp Ser Thr Gly Ala

330 335 340

cct ggt gct cgt gag gtg gat ctt tcc ggc gct gac att gat gtc cga 1171
Pro Gly Ala Arg Glu Val Asp Leu Ser Gly Ala Asp Ile Asp Val Arg

345 350 355

att gat ttg ggc acc agt ggg gaa ggc cag gca aca gtt cga acc act 1219
Ile Asp Leu Gly Thr Ser Gly Glu Gly Gln Ala Thr Val Arg Thr Thr

360 365 370

gac ctg agc ttc tcc tac gtg gag atc aac tcc gcg tac agc tct 1264

Asp Leu Ser Phe Ser Tyr Val Glu Ile Asn Ser Ala Tyr Ser Ser

375

380

385

taaaaagaaa cagcactcca act

1287

<210> 318

<211> 388

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 318

Met Ala Glu Lys Gly Ile Thr Ala Pro Lys Gly Phe Val Ala Ser Ala
1 5 10 15

Thr Thr Ala Gly Ile Lys Ala Ser Gly Asn Pro Asp Met Ala Leu Val
20 25 30

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

Arg Val Phe Ala Ala Pro Val Lys Val Ser Arg Glu Asn Val Ala Asp
50 55 60

Gly Gln Ile Arg Ala Val Leu Tyr Asn Ala Gly Asn Ala Asn Ala Cys
65 70 75 80

Asn Gly Leu Gln Gly Glu Lys Asp Ala Arg Glu Ser Val Ser His Leu
85 90 95

Ala Gln Asn Leu Gly Leu Glu Asp Ser Asp Ile Gly Val Cys Ser Thr
100 105 110

Gly Leu Ile Gly Glu Leu Leu Pro Met Asp Lys Leu Asn Ala Gly Ile
115 120 125

Asp Gln Leu Thr Ala Glu Gly Ala Leu Gly Asp Asn Gly Ala Ala Ala
130 135 140

Ala Lys Ala Ile Met Thr Thr Asp Thr Val Asp Lys Glu Thr Val Val
145 150 155 160

Phe Ala Asp Gly Trp Thr Val Gly Gly Met Gly Lys Gly Val Gly Met
165 170 175

Met Ala Pro Ser Leu Ala Thr Met Leu Val Cys Leu Thr Thr Asp Ala
180 185 190

Ser Val Thr Gln Glu Met Ala Gln Ile Ala Leu Ala Asn Ala Thr Ala
195 200 205

Val Thr Phe Asp Thr Leu Asp Ile Asp Gly Ser Thr Ser Thr Asn Asp
210 215 220

Thr Val Phe Leu Leu Ala Ser Gly Ala Ser Gly Ile Thr Pro Thr Gln
225 230 235 240

Asp Glu Leu Asn Asp Ala Val Tyr Ala Ala Cys Ser Asp Ile Ala Ala
245 250 255

Lys Leu Gln Ala Asp Ala Glu Gly Val Thr Lys Arg Val Ala Val Thr
260 265 270

Val Val Gly Thr Thr Asn Asn Glu Gln Ala Ile Asn Ala Ala Arg Thr
275 280 285

Val Ala Arg Asp Asn Leu Phe Lys Cys Ala Met Phe Gly Ser Asp Pro
290 295 300

Asn Trp Gly Arg Val Leu Ala Ala Val Gly Met Ala Asp Ala Asp Met
305 310 315 320

Glu Pro Glu Lys Ile Ser Val Phe Phe Asn Gly Gln Ala Val Cys Leu
325 330 335

Asp Ser Thr Gly Ala Pro Gly Ala Arg Glu Val Asp Leu Ser Gly Ala
340 345 350

Asp Ile Asp Val Arg Ile Asp Leu Gly Thr Ser Gly Glu Gly Gln Ala
355 360 365

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

Ala Tyr Ser Ser
385

<210> 319
<211> 1074
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1051)
<223> RXA02156

<400> 319
aaccactgac ctgagcttct cctacgtgga gatcaactcc gcgtacagct cttaaaaaga 60

aacagcactc caactaaca gcagggaaaa gggcacaggc atg aat gac ttg atc 115
Met Asn Asp Leu Ile

1 5

aaa gat tta ggc tct gag gtg cgc gca aat gtc ctc gct gag gcg ttg 163
Lys Asp Leu Gly Ser Glu Val Arg Ala Asn Val Leu Ala Glu Ala Leu

10 15 20

cca tgg ttg cag cac ttc cgc gac aag att gtt gtc gtg aaa tat ggc 211
Pro Trp Leu Gln His Phe Arg Asp Lys Ile Val Val Val Lys Tyr Gly

25 30 35

gga aac gcc atg gtg gat gat gat ctc aag gct gct ttt gct gcc gac 259
Gly Asn Ala Met Val Asp Asp Asp Leu Lys Ala Ala Phe Ala Ala Asp

40 45 50

atg gtc ttc ttg cgc acc gtg ggc gca aaa cca gtg gtg gtg cac ggt 307
Met Val Phe Leu Arg Thr Val Gly Ala Lys Pro Val Val Val His Gly

55 60 65

ggg gga cct cag att tct gag atg cta aac cgt gtg ggt ctc cag ggc 355
Gly Gly Pro Gln Ile Ser Glu Met Leu Asn Arg Val Gly Leu Gln Gly

70 75 80 85

gag ttc aag ggt ggt ttc cgt gtg acc act cct gag gtc atg gac att 403

Glu Phe Lys Gly Gly Phe Arg Val Thr Thr Pro Glu Val Met Asp Ile	
90	95
100	
gtg cgc atg gtg ctc ttt ggt cag gtc ggt cgc gat tta gtt ggt ttg	451
Val Arg Met Val Leu Phe Gly Gln Val Gly Arg Asp Leu Val Gly Leu	
105	110
115	
atc aac tct cat ggc cct tac gct gtg gga acc tcc ggt gag gat gcc	499
Ile Asn Ser His Gly Pro Tyr Ala Val Gly Thr Ser Gly Glu Asp Ala	
120	125
130	
ggc ctg ttt acc gcg cag aag cgc atg gtc aac atc gat ggc gta ccc	547
Gly Leu Phe Thr Ala Gln Lys Arg Met Val Asn Ile Asp Gly Val Pro	
135	140
145	
act gat att ggt ttg gtc gga gac atc att aat gtc gat gcc tct tcc	595
Thr Asp Ile Gly Leu Val Gly Asp Ile Ile Asn Val Asp Ala Ser Ser	
150	155
160	165
ttg atg gat atc atc gag gcc ggt cgc att cct gtg gtc tct acg att	643
Leu Met Asp Ile Ile Glu Ala Gly Arg Ile Pro Val Val Ser Thr Ile	
170	175
180	
gct cca ggc gaa gac ggc cag att tac aac att aac gcc gat acc gca	691
Ala Pro Gly Glu Asp Gly Gln Ile Tyr Asn Ile Asn Ala Asp Thr Ala	
185	190
195	
gca ggt gct ttg gct gca gcg att ggt gca gaa cgc ctg ctg gtt ctc	739
Ala Gly Ala Leu Ala Ala Ala Ile Gly Ala Glu Arg Leu Leu Val Leu	
200	205
210	
acc aat gtg gaa ggt ctg tac acc gat tgg cct gat aag agc tca ctg	787
Thr Asn Val Glu Gly Leu Tyr Thr Asp Trp Pro Asp Lys Ser Ser Leu	
215	220
225	
gtg tcc aag atc aag gcc acc gag ctg gag gcc att ctt ccg gga ctt	835
Val Ser Lys Ile Lys Ala Thr Glu Leu Glu Ala Ile Leu Pro Gly Leu	
230	235
240	245
gat tcc ggc atg att cca aag atg gag tct tgc ttg aac gcg gtg cgt	883

Asp Ser Gly Met Ile Pro Lys Met Glu Ser Cys Leu Asn Ala Val Arg

250 255 260

ggg gga gta agc gct gct cat gtc att gac ggc cgc atc gcg cac tcg 931
Gly Gly Val Ser Ala Ala His Val Ile Asp Gly Arg Ile Ala His Ser

265 270 275

gtg ttg ctg gag ctt ttg acc atg ggt gga att ggc acg atg gtg ctg 979
Val Leu Leu Glu Leu Leu Thr Met Gly Gly Ile Gly Thr Met Val Leu

280 285 290

ccg gat gtt ttt gat cgg gag aat tat cct gaa ggc acc gtt ttt aga 1027
Pro Asp Val Phe Asp Arg Glu Asn Tyr Pro Glu Gly Thr Val Phe Arg

295 300 305

aaa gac gac aag gat ggg gaa ctg taaatgagca cgctggaaac ttg 1074
Lys Asp Asp Lys Asp Gly Glu Leu

310 315

<210> 320

<211> 317

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 320

Met Asn Asp Leu Ile Lys Asp Leu Gly Ser Glu Val Arg Ala Asn Val
1 5 10 15

Leu Ala Glu Ala Leu Pro Trp Leu Gln His Phe Arg Asp Lys Ile Val
20 25 30

Val Val Lys Tyr Gly Gly Asn Ala Met Val Asp Asp Asp Leu Lys Ala
35 40 45

Ala Phe Ala Ala Asp Met Val Phe Leu Arg Thr Val Gly Ala Lys Pro
50 55 60

Val Val Val His Gly Gly Gly Pro Gln Ile Ser Glu Met Leu Asn Arg
65 70 75 80

Val Gly Leu Gln Gly Glu Phe Lys Gly Gly Phe Arg Val Thr Thr Pro
85 90 95

Glu Val Met Asp Ile Val Arg Met Val Leu Phe Gly Gln Val Gly Arg
100 105 110

Asp Leu Val Gly Leu Ile Asn Ser His Gly Pro Tyr Ala Val Gly Thr
115 120 125

Ser Gly Glu Asp Ala Gly Leu Phe Thr Ala Gln Lys Arg Met Val Asn
130 135 140

Ile Asp Gly Val Pro Thr Asp Ile Gly Leu Val Gly Asp Ile Ile Asn
145 150 155 160

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

Val Val Ser Thr Ile Ala Pro Gly Glu Asp Gly Gln Ile Tyr Asn Ile
180 185 190

Asn Ala Asp Thr Ala Ala Gly Ala Leu Ala Ala Ala Ile Gly Ala Glu
195 200 205

Arg Leu Leu Val Leu Thr Asn Val Glu Gly Leu Tyr Thr Asp Trp Pro
210 215 220

Asp Lys Ser Ser Leu Val Ser Lys Ile Lys Ala Thr Glu Leu Glu Ala
225 230 235 240

Ile Leu Pro Gly Leu Asp Ser Gly Met Ile Pro Lys Met Glu Ser Cys
245 250 255

Leu Asn Ala Val Arg Gly Gly Val Ser Ala Ala His Val Ile Asp Gly
260 265 270

Arg Ile Ala His Ser Val Leu Leu Glu Leu Leu Thr Met Gly Gly Ile
275 280 285

Gly Thr Met Val Leu Pro Asp Val Phe Asp Arg Glu Asn Tyr Pro Glu
290 295 300

Gly Thr Val Phe Arg Lys Asp Asp Lys Asp Gly Glu Leu
305 310 315

<210> 321
<211> 903
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(880)
<223> RXN02153

<400> 321
cccacttgca gtttagctg taggtgggtt ttgcatgtc taaccctct tttatgcaca 60

cccccgcaat gaatcaaaaa tttatgcatg aataatttgc atg atc atg cat aac 115
Met Ile Met His Asn

1 5

gtg tat ggt gia act atg aca atc aag gtt gca atc gca gga gcc agt 163
Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala Ile Ala Gly Ala Ser

10 15 20

gga tat gcc ggc gga gaa atc ctt cgt ctc ctt tta ggc cat cca gct 211
Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu Leu Gly His Pro Ala

25 30 35

tat gca tct ggt gaa cta gaa atc gga gca ctc acc gcg gca tca acc 259
Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu Thr Ala Ala Ser Thr

40 45 50

gca ggc agc acg ctc ggt gaa ttg atg cca cac att ccg cag ttg gcg 307
Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His Ile Pro Gln Leu Ala

55 60 65

gat cgt gtt att caa gac acc aca gct gaa act cta gcc ggt cat gat 355
Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr Leu Ala Gly His Asp

70 75 80 85

gtc gta ttt cta gga ctt cca cac gga ttc tct gca gaa att gca ctt 403

Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser Ala Glu Ile Ala Leu	
90 95 100	
cag ctc gga cca gat gtc aca gtg att gac tgt gca gct gac ttt cgt 451	
Gln Leu Gly Pro Asp Val Thr Val Ile Asp Cys Ala Ala Asp Phe Arg	
105 110 115	
ctg caa aat gct gca gat tgg gag aag ttc tac ggc tca gag cac cag 499	
Leu Gln Asn Ala Ala Asp Trp Glu Lys Phe Tyr Gly Ser Glu His Gln	
120 125 130	
gga aca tgg cct tat ggc att cca gaa atg cca gga cac cgc gag gct 547	
Gly Thr Trp Pro Tyr Gly Ile Pro Glu Met Pro Gly His Arg Glu Ala	
135 140 145	
ctt cgt ggt gct aag cgt gta gca gtg cca gga tgt ttc cca acc ggt 595	
Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly Cys Phe Pro Thr Gly	
150 155 160 165	
gca acc ttg gct ctt ctt cct gcg gtt caa gcg gga ctt atc gag cca 643	
Ala Thr Leu Ala Leu Leu Pro Ala Val Gln Ala Gly Leu Ile Glu Pro	
170 175 180	
gat gtt tcc gta gtg tcc atc acc ggc gta tca ggt gca ggt aag aaa 691	
Asp Val Ser Val Val Ser Ile Thr Gly Val Ser Gly Ala Gly Lys Lys	
185 190 195	
gca tct gtt gca cta ctt ggc tcg gaa acc atg ggt tca ctc aag gcg 739	
Ala Ser Val Ala Leu Leu Gly Ser Glu Thr Met Gly Ser Leu Lys Ala	
200 205 210	
tac aac acc tcc gga aag cac cgc cac acc ccg gaa att gcc cag aac 787	
Tyr Asn Thr Ser Gly Lys His Arg His Thr Pro Glu Ile Ala Gln Asn	
215 220 225	
ctc ggc gaa gtc agc gac aag cca gtc aag gtg agc ttc acc cca gtg 835	
Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val Ser Phe Thr Pro Val	
230 235 240 245	
ctt gca ccg tta cct cgc gaa ttc tca cca ctg caa ccg cac ctt 880	

Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu Gln Pro His Leu

250 255 260

tgaagaagg cgttaccgca gaa 903

<210> 322

<211> 260

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 322

Met Ile Met His Asn Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala
1 5 10 15

Ile Ala Gly Ala Ser Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu
20 25 30

Leu Gly His Pro Ala Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu
35 40 45

Thr Ala Ala Ser Thr Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His
50 55 60

Ile Pro Gln Leu Ala Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr
65 70 75 80

Leu Ala Gly His Asp Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser
85 90 95

Ala Glu Ile Ala Leu Gln Leu Gly Pro Asp Val Thr Val Ile Asp Cys
100 105 110

Ala Ala Asp Phe Arg Leu Gln Asn Ala Ala Asp Trp Glu Lys Phe Tyr
115 120 125

Gly Ser Glu His Gln Gly Thr Trp Pro Tyr Gly Ile Pro Glu Met Pro
130 135 140

Gly His Arg Glu Ala Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly
145 150 155 160

Cys Phe Pro Thr Gly Ala Thr Leu Ala Leu Leu Pro Ala Val Gln Ala

165 170 175

Gly Leu Ile Glu Pro Asp Val Ser Val Val Ser Ile Thr Gly Val Ser
180 185 190

Gly Ala Gly Lys Lys Ala Ser Val Ala Leu Leu Gly Ser Glu Thr Met
195 200 205

Gly Ser Leu Lys Ala Tyr Asn Thr Ser Gly Lys His Arg His Thr Pro
210 215 220

Glu Ile Ala Gln Asn Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val
225 230 235 240

Ser Phe Thr Pro Val Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu
245 250 255

Gln Pro His Leu
260

<210> 323
<211> 903
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(880)
<223> FRXA02153

<400> 323
cccacttgca gttttagctg taggtgggtt tttgcatgtc taaccgtct tttatgcaca 60

cccccgcaat gaatcaaaaa tttatgcatg aataatttgc atg atc atg cat aac 115
Met Ile Met His Asn

1 5

gtg tat ggt gta act atg aca atc aag gtt gca atc gca gga gcc agt 163
Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala Ile Ala Gly Ala Ser

10 15 20

gga tat gcc ggc gga gaa atc ctt cgt ctc ctt tta ggc cat cca gct 211
Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu Leu Gly His Pro Ala

25	30	35	
tat gca tct ggt gaa cta gaa atc gga gca ctc acc gcg gca tca acc			259
Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu Thr Ala Ala Ser Thr			
40	45	50	
gca ggc agc acg ctc ggt gaa ttg atg cca cac att ccg cag ttg gcg			307
Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His Ile Pro Gln Leu Ala			
55	60	65	
gat cgt gtt att caa gac acc aca gct gaa act cta gcc ggt cat gat			355
Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr Leu Ala Gly His Asp			
70	75	80	85
gtc gta ttt cta gga ctt cca cac gga ttc tct gca gaa att gca ctt			403
Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser Ala Glu Ile Ala Leu			
90	95	100	
cag ctc gga cca gat gtc aca gtg att gac tgt gca gct gac ttt cgt			451
Gln Leu Gly Pro Asp Val Thr Val Ile Asp Cys Ala Ala Asp Phe Arg			
105	110	115	
ctg caa aat gct gca gat tgg gag aag ttc tac ggc tca gag cac cag			499
Leu Gln Asn Ala Ala Asp Trp Glu Lys Phe Tyr Gly Ser Glu His Gln			
120	125	130	
gga aca tgg cct tat ggc att cca gaa atg cca gga cac cgc gag gct			547
Gly Thr Trp Pro Tyr Gly Ile Pro Glu Met Pro Gly His Arg Glu Ala			
135	140	145	
ctt cgt ggt gct aag cgt gta gca gtg cca gga tgt ttc cca acc ggt			595
Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly Cys Phe Pro Thr Gly			
150	155	160	165
gca acc ttg gct ctt ctt cct gcg gtt caa gcg gga ctt atc gag cca			643
Ala Thr Leu Ala Leu Leu Pro Ala Val Gln Ala Gly Leu Ile Glu Pro			
170	175	180	
gat gtt tcc gta gtg tcc atc acc ggc gta tca ggt gca ggt aag aaa			691
Asp Val Ser Val Val Ser Ile Thr Gly Val Ser Gly Ala Gly Lys Lys			

185	190	195	
gca tct gtt gca cta ctt ggc tgc gaa acc atg ggt tca ctc aag gcg			739
Ala Ser Val Ala Leu Leu Gly Ser Glu Thr Met Gly Ser Leu Lys Ala			
200	205	210	
tac aac acc tcc gga aag cac cgc cac acc ccg gaa att gcc cag aac			787
Tyr Asn Thr Ser Gly Lys His Arg His Thr Pro Glu Ile Ala Gln Asn			
215	220	225	
ctc ggc gaa gtc agc gac aag cca gtc aag gtg agc ttc acc cca gtg			835
Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val Ser Phe Thr Pro Val			
230	235	240	245
ctt gca ccg tta cct cgc gaa ttc tca cca ctg caa ccg cac ctt			880
Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu Gln Pro His Leu			
250	255	260	
tgaaagaagg cgttaccgca gaa			903

<210> 324
 <211> 260
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 324
 Met Ile Met His Asn Val Tyr Gly Val Thr Met Thr Ile Lys Val Ala
 1 5 10 15

Ile Ala Gly Ala Ser Gly Tyr Ala Gly Gly Glu Ile Leu Arg Leu Leu
 20 25 30

Leu Gly His Pro Ala Tyr Ala Ser Gly Glu Leu Glu Ile Gly Ala Leu
 35 40 45

Thr Ala Ala Ser Thr Ala Gly Ser Thr Leu Gly Glu Leu Met Pro His
 50 55 60

Ile Pro Gln Leu Ala Asp Arg Val Ile Gln Asp Thr Thr Ala Glu Thr
 65 70 75 80

Leu Ala Gly His Asp Val Val Phe Leu Gly Leu Pro His Gly Phe Ser

85

90

95

Ala Glu Ile Ala Leu Gln Leu Gly Pro Asp Val Thr Val Ile Asp Cys
100 105 110

Ala Ala Asp Phe Arg Leu Gln Asn Ala Ala Asp Trp Glu Lys Phe Tyr
115 120 125

Gly Ser Glu His Gln Gly Thr Trp Pro Tyr Gly Ile Pro Glu Met Pro
130 135 140

Gly His Arg Glu Ala Leu Arg Gly Ala Lys Arg Val Ala Val Pro Gly
145 150 155 160

Cys Phe Pro Thr Gly Ala Thr Leu Ala Leu Leu Pro Ala Val Gln Ala
165 170 175

Gly Leu Ile Glu Pro Asp Val Ser Val Val Ser Ile Thr Gly Val Ser
180 185 190

Gly Ala Gly Lys Lys Ala Ser Val Ala Leu Leu Gly Ser Glu Thr Met
195 200 205

Gly Ser Leu Lys Ala Tyr Asn Thr Ser Gly Lys His Arg His Thr Pro
210 215 220

Glu Ile Ala Gln Asn Leu Gly Glu Val Ser Asp Lys Pro Val Lys Val
225 230 235 240

Ser Phe Thr Pro Val Leu Ala Pro Leu Pro Arg Glu Phe Ser Pro Leu
245 250 255

Gln Pro His Leu
260

<210> 325

<211> 414

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(391)

<223> RXA02154

<400> 325

cccagaacct cggcgaagtc agcgacaagc cagtcaaggt gagcttcacc ccagtgccttg 60

caccgttacc tcgcgaattc tcaccactgc aaccgcacct ttg aaa gaa ggc gtt 115
Leu Lys Glu Gly Val

1 5

acc gca gaa cag gct cgc gca gta tat gaa gag ttc tat gca cag gaa 163
Thr Ala Glu Gln Ala Arg Ala Val Tyr Glu Glu Phe Tyr Ala Gln Glu

10 15 20

acc ttc gtg cat gtt ctt cca gaa ggt gca cag cca caa acc caa gca 211
Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln Pro Gln Thr Gln Ala

25 30 35

gtt ctt ggc tcc aac atg tgc cac gtg cag gta gaa att gat gag gaa 259
Val Leu Gly Ser Asn Met Cys His Val Gln Val Glu Ile Asp Glu Glu

40 45 50

gca ggc aaa gtc ctt gtt acc tcc gca atc gat aac ctc acc aag gga 307
Ala Gly Lys Val Leu Val Thr Ser Ala Ile Asp Asn Leu Thr Lys Gly

55 60 65

act gcc ggc gcc gct gtt cag tgc atg aac tta agc gtt ggt ttt gat 355
Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu Ser Val Gly Phe Asp

70 75 80 85

gag gca gca ggc ctg cca cag gtc ggc gtc gca cct taaagtagcg 401
Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala Pro

90 95

ccttaaagcg gcg 414

<210> 326

<211> 97

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 326

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

Phe Tyr Ala Gln Glu Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln
20 25 30

Pro Gln Thr Gln Ala Val Leu Gly Ser Asn Met Cys His Val Gln Val
35 40 45

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

Asn Leu Thr Lys Gly Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu
65 70 75 80

Ser Val Gly Phe Asp Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala
85 90 95

Pro

<210> 327
<211> 1296
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1273)
<223> RXA02157

<400> 327
gggtggaatt ggcacgatgg tgctgccgga tgtttttgat cgggagaatt atcctgaagg 60

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

act tgg cca cag gtc att att aat acg tac ggc acc cca cca gtt gag 163
Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly Thr Pro Pro Val Glu
10 15 20

ctg gtg tcc ggc aag ggc gca acc gtc act gat gac cag ggc aat gtc 211

Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp Asp Gln Gly Asn Val	
25 30 35	
tac atc gac ttg ctc gcg ggc atc gca gtc aac gcg ttg ggc cac gcc	259
Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn Ala Leu Gly His Ala	
40 45 50	
cac ccg gcg atc atc gag gcg gtc acc aac cag atc ggc caa ctt ggt	307
His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln Ile Gly Gln Leu Gly	
55 60 65	
cac gtc tca aac ttg ttc gca tcc agg ccc gtc gtc gag gtc gcc gag	355
His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val Val Glu Val Ala Glu	
70 75 80 85	
gag ctc atc aag cgt ttt tcg ctt gac gac gcc acc ctc gcc gcg caa	403
Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala Thr Leu Ala Ala Gln	
90 95 100	
acc cgg gtt ttc ttc tgc aac tcg ggc gcc gaa gca aac gag gct gct	451
Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu Ala Asn Glu Ala Ala	
105 110 115	
ttc aag att gca cgc ttg act ggt cgt tcc cgg att ctg gct gca gtt	499
Phe Lys Ile Ala Arg Leu Thr Gly Arg Ser Arg Ile Leu Ala Ala Val	
120 125 130	
cat ggt ttc cac ggc cgc acc atg ggt tcc ctc gcg ctg act ggc cag	547
His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu Ala Leu Thr Gly Gln	
135 140 145	
cca gac aag cgt gaa gcg ttc ctg cca atg cca agc ggt gtg gag ttc	595
Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro Ser Gly Val Glu Phe	
150 155 160 165	
tac cct tac ggc gac acc gat tac ttg cgc aaa atg gta gaa acc aac	643
Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys Met Val Glu Thr Asn	
170 175 180	
cca acg gat gtg gct gct atc ttc ctc gag cca atc cag ggt gaa acg	691

Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro Ile Gln Gly Glu Thr	
185	190
195	
ggc gtt gtt cca gca cct gaa gga ttc ctc aag gca gtg cgc gag ctg	739
Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys Ala Val Arg Glu Leu	
200	205
210	
tgc gat gag tac ggc atc ttg atg atc acc gat gaa gtc cag act ggc	787
Cys Asp Glu Tyr Gly Ile Leu Met Ile Thr Asp Glu Val Gln Thr Gly	
215	220
225	
gtt ggc cgt acc ggc gat ttc ttt gca cat cag cac gat ggc gtt gtt	835
Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln His Asp Gly Val Val	
230	235
240	245
ccc gat gtg gtg acc atg gcc aag gga ctt ggc ggc ggt ctt ccc atc	883
Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly Gly Gly Leu Pro Ile	
250	255
260	
ggg gct tgt ttg gcc act ggc cgt gca gct gaa ttg atg acc cca ggc	931
Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu Leu Met Thr Pro Gly	
265	270
275	
aag cac ggc acc act ttc ggt ggc aac cca gtt gct tgt gca gct gcc	979
Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala	
280	285
290	
aag gca gtg ctg tct gtt gtc gat gac gct ttc tgc gca gaa gtt gcc	1027
Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe Cys Ala Glu Val Ala	
295	300
305	
cgc aag ggc gag ctg ttc aag gaa ctt ctt gcc aag gtt gac ggc gtt	1075
Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala Lys Val Asp Gly Val	
310	315
320	325
gta gac gtc cgt ggc agg ggc ttg atg ttg ggc gtg gtg ctg gag cgc	1123
Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly Val Val Leu Glu Arg	
330	335
340	
gac gtc gca aag caa gct gtt ctt gat ggt ttt aag cac ggc gtt att	1171

Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe Lys His Gly Val Ile

345

350

355

ttg aat gca ccg gcg gac aac att atc cgt ttg acc ccg ccg ctg gtg 1219
Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu Thr Pro Pro Leu Val

360

365

370

atc acc gac gaa gaa atc gca gac gca gtc aag gct att gcc gag aca 1267
Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys Ala Ile Ala Glu Thr

375

380

385

atc gca taaaggactc aaacttatga ctt 1296
Ile Ala

390

<210> 328

<211> 391

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 328

Met Ser Thr Leu Glu Thr Trp Pro Gln Val Ile Ile Asn Thr Tyr Gly
1 5 10 15

Thr Pro Pro Val Glu Leu Val Ser Gly Lys Gly Ala Thr Val Thr Asp
20 25 30

Asp Gln Gly Asn Val Tyr Ile Asp Leu Leu Ala Gly Ile Ala Val Asn
35 40 45

Ala Leu Gly His Ala His Pro Ala Ile Ile Glu Ala Val Thr Asn Gln
50 55 60

Ile Gly Gln Leu Gly His Val Ser Asn Leu Phe Ala Ser Arg Pro Val
65 70 75 80

Val Glu Val Ala Glu Glu Leu Ile Lys Arg Phe Ser Leu Asp Asp Ala
85 90 95

Thr Leu Ala Ala Gln Thr Arg Val Phe Phe Cys Asn Ser Gly Ala Glu

100	105	110
Ala Asn Glu Ala Ala Phe Lys	Ile Ala Arg Leu Thr	Gly Arg Ser Arg
115	120	125
Ile Leu Ala Ala Val His Gly Phe His Gly Arg Thr Met Gly Ser Leu		
130	135	140
Ala Leu Thr Gly Gln Pro Asp Lys Arg Glu Ala Phe Leu Pro Met Pro		
145	150	155
		160
Ser Gly Val Glu Phe Tyr Pro Tyr Gly Asp Thr Asp Tyr Leu Arg Lys		
165	170	175
Met Val Glu Thr Asn Pro Thr Asp Val Ala Ala Ile Phe Leu Glu Pro		
180	185	190
Ile Gln Gly Glu Thr Gly Val Val Pro Ala Pro Glu Gly Phe Leu Lys		
195	200	205
Ala Val Arg Glu Leu Cys Asp Glu Tyr Gly Ile Leu Met Ile Thr Asp		
210	215	220
Glu Val Gln Thr Gly Val Gly Arg Thr Gly Asp Phe Phe Ala His Gln		
225	230	235
		240
His Asp Gly Val Val Pro Asp Val Val Thr Met Ala Lys Gly Leu Gly		
245	250	255
Gly Gly Leu Pro Ile Gly Ala Cys Leu Ala Thr Gly Arg Ala Ala Glu		
260	265	270
Leu Met Thr Pro Gly Lys His Gly Thr Thr Phe Gly Gly Asn Pro Val		
275	280	285
Ala Cys Ala Ala Ala Lys Ala Val Leu Ser Val Val Asp Asp Ala Phe		
290	295	300
Cys Ala Glu Val Ala Arg Lys Gly Glu Leu Phe Lys Glu Leu Leu Ala		
305	310	315
		320
Lys Val Asp Gly Val Val Asp Val Arg Gly Arg Gly Leu Met Leu Gly		

325 330 335

Val Val Leu Glu Arg Asp Val Ala Lys Gln Ala Val Leu Asp Gly Phe
340 345 350

Lys His Gly Val Ile Leu Asn Ala Pro Ala Asp Asn Ile Ile Arg Leu
355 360 365

Thr Pro Pro Leu Val Ile Thr Asp Glu Glu Ile Ala Asp Ala Val Lys
370 375 380

Ala Ile Ala Glu Thr Ile Ala
385 390

<210> 329
<211> 1491
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

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

<400> 329
aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
Leu Ala Leu Lys Gly

1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala

10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211
Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe

25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40	45	50	
gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac			307
Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp			
55	60	65	
atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga			355
Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg			
70	75	80	85
tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac			403
Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn			
90	95	100	
ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg			451
Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val			
105	110	115	
tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc			499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly			
120	125	130	
gcc gac gcc atc gag cac tcc atc cgc atg gct cgc ctg cac acc gga			547
Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala Arg Leu His Thr Gly			
135	140	145	
cgc aac aaa att ctg tcc gca tac cgc agc tac cac ggc gca acc gga			595
Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr His Gly Ala Thr Gly			
150	155	160	165
tcc gcg atg atg ctc acc ggc gaa cac cgc cgc ctg ggc aac ccc acc			643
Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg Leu Gly Asn Pro Thr			
170	175	180	
acc gac cca gat atc tac cac ttc tgg gca cca ttc ctg cac cac tcc			691
Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro Phe Leu His His Ser			
185	190	195	
tca ttc ttt gcc acc acc caa gaa gaa gaa tgc gaa cgc gca ctc aag			739
Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys Glu Arg Ala Leu Lys			

200	205	210	
cac ttg gaa gat gtc atc gcg ttt gaa ggt gct ggc atg atc gca gcg 787			
His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala Gly Met Ile Ala Ala			
215	220	225	
atc gtc ctg gag cca gtg gtg gga tca tca gga atc atc ctg cca cca 835			
Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly Ile Ile Leu Pro Pro			
230	235	240	245
gca ggt tac tta aat ggc gtg cgc gaa ctt tgc aac aag cac ggc atc 883			
Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys Asn Lys His Gly Ile			
	250	255	260
ctc ttc atc gcc gac gaa gtc atg gtc gga ttc gga cgc acc gga aaa 931			
Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe Gly Arg Thr Gly Lys			
	265	270	275
ctg ttt gct tac gag cat gct ggc gac gat ttc cag cca gac atg atc 979			
Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe Gln Pro Asp Met Ile			
280	285	290	
acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc 1027			
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile			
295	300	305	
gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc 1075			
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser			
310	315	320	325
ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag 1123			
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys			
	330	335	340
gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct 1171			
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala			
345	350	355	
cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa 1219			
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu			

360	365	370	
gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca			1267
Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala			
375	380	385	
gtg gag ttc aat gca gac gcc act gcc atg gct gcc ggt gct gca gaa			1315
Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala Ala Gly Ala Ala Glu			
390	395	400	405
ttc aag gaa cgc ggc gtg tgg cgg 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 cgg cgg ctg acc acc act gat gac gaa ttg gta gca ctg ctg			1411
Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu Leu Val Ala Leu Leu			
	425	430	435
gac gcg gtg gaa gct gca gcc caa gct gtc gag ctg acc ttc gct ggg			1459
Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu Leu Thr Phe Ala Gly			
	440	445	450
gcg ttg ttc taagttttct agataacaag gcc			1491
Ala Leu Phe			
	455		
<210> 330			
<211> 456			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 330			
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe			
1	5	10	15
Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp			
20	25	30	
Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro			
35	40	45	

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly
225 230 235 240

Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
245 250 255

Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
260 265 270

Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
275 280 285

Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
290 295 300

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

Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
325 330 335

Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
340 345 350

Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
355 360 365

Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
370 375 380

Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
385 390 395 400

Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser
405 410 415

Gly Asn Arg Phe His Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu
420 425 430

Leu Val Ala Leu Leu Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu
435 440 445

Leu Thr Phe Ala Gly Ala Leu Phe
450 455

<210> 331

<211> 1330

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1330)
 <223> FRXA01009

<400> 331

aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
 Leu Ala Leu Lys Gly

1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
 Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala

10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211
 Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe

25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
 His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40 45 50

gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac 307
 Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

55 60 65

atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga 355
 Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg

70 75 80 85

tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac 403
 Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn

90 95 100

ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg 451
 Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val

105 110 115

tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc 499
 Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly

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

280 285 290

acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc 1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile

295 300 305

gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc 1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser

310 315 320 325

ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag 1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys

330 335 340

gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct 1171
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala

345 350 355

cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa 1219
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu

360 365 370

gaa aac gta gcg atc gct gac gtg cgg ggc atc gga ttc ttc tgg gca 1267
Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile Gly Phe Phe Trp Ala

375 380 385

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

390 395 400 405

ttc aag gaa cgc ggc 1330
Phe Lys Glu Arg Gly

410

<210> 332
<211> 410
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 332
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
1 5 10 15

Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
20 25 30

Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
35 40 45

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly

225 230 235 240
 Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
 245 250 255
 Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
 260 265 270
 Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
 275 280 285
 Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
 290 295 300
 Pro Leu Gly Gly Ile Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly
 305 310 315 320
 Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
 325 330 335
 Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
 340 345 350
 Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
 355 360 365
 Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
 370 375 380
 Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
 385 390 395 400
 Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly
 405 410

<210> 333

<211> 1080

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1057)

<223> RXA02158

<400> 333

aacattatcc gtttgacccc gccgctggtg atcaccgacg aagaaatcgc agacgcagtc 60

aaggctattg ccgagacaat cgcataaagg actcaaactt atg act tca caa cca 115
Met Thr Ser Gln Pro

1 5

cag gtt cgc cat ttt ctg gct gat gat gat ctc acc cct gca gag cag 163
Gln Val Arg His Phe Leu Ala Asp Asp Asp Leu Thr Pro Ala Glu Gln

10 15 20

gca gag gtt ttg acc cta gcc gca aag ctc aag gca gcg ccg ttt tcg 211
Ala Glu Val Leu Thr Leu Ala Ala Lys Leu Lys Ala Ala Pro Phe Ser

25 30 35

gag cgt cca ctc gag gga cca aag tcc gtt gca gtt ctt ttt gat aag 259
Glu Arg Pro Leu Glu Gly Pro Lys Ser Val Ala Val Leu Phe Asp Lys

40 45 50

act tca act cgt act cgc ttc tcc ttc gac gcg ggc atc gct cat ttg 307
Thr Ser Thr Arg Thr Arg Phe Ser Phe Asp Ala Gly Ile Ala His Leu

55 60 65

ggt gga cac gcc atc gtc gtg gat tcc ggt agc tca cag atg ggt aag 355
Gly Gly His Ala Ile Val Val Asp Ser Gly Ser Ser Gln Met Gly Lys

70 75 80 85

ggc gag tcc ctg cag gac acc gca gct gta ttg tcc cgc tac gtg gaa 403
Gly Glu Ser Leu Gln Asp Thr Ala Ala Val Leu Ser Arg Tyr Val Glu

90 95 100

gca att gtg tgg cgc acc tac gca cac agc aat ttc cac gcc atg gcg 451
Ala Ile Val Trp Arg Thr Tyr Ala His Ser Asn Phe His Ala Met Ala

105 110 115

gag acg tcc act gtg ccg ctg gtg aac tcc ttg tcc gat gat ctg cac 499
Glu Thr Ser Thr Val Pro Leu Val Asn Ser Leu Ser Asp Asp Leu His

120 125 130

cca tgc cag att ctg gct gat ctg cag act atc gtg gaa aac ctc agc 547
Pro Cys Gln Ile Leu Ala Asp Leu Gln Thr Ile Val Glu Asn Leu Ser

135 140 145

cct gaa gaa ggc cca gca ggc ctt aag ggt aag aag gct gtg tac ctg 595
Pro Glu Glu Gly Pro Ala Gly Leu Lys Gly Lys Lys Ala Val Tyr Leu

150 155 160 165

ggc gat ggc gac aac aac atg gcc aac tcc tac atg att ggc ttt gcc 643
Gly Asp Gly Asp Asn Asn Met Ala Asn Ser Tyr Met Ile Gly Phe Ala

170 175 180

acc gcg ggc atg gat att tcc atc atc gct cct gaa ggg ttc cag cct 691
Thr Ala Gly Met Asp Ile Ser Ile Ile Ala Pro Glu Gly Phe Gln Pro

185 190 195

cgt gcg gaa ttc gtg gag cgc gcg gaa aag cgt ggc cag gaa acc ggc 739
Arg Ala Glu Phe Val Glu Arg Ala Glu Lys Arg Gly Gln Glu Thr Gly

200 205 210

gcg aag gtt gtt gtc acc gac agc ctc gac gag gtt gcc ggc gcc gat 787
Ala Lys Val Val Val Thr Asp Ser Leu Asp Glu Val Ala Gly Ala Asp

215 220 225

gtt gtc atc acc gat acc tgg gta tcc atg ggt atg gaa aac gac ggc 835
Val Val Ile Thr Asp Thr Trp Val Ser Met Gly Met Glu Asn Asp Gly

230 235 240 245

atc gat cgc acc aca cct ttc gtt cct tac cag gtc aac gat gag gtc 883
Ile Asp Arg Thr Thr Pro Phe Val Pro Tyr Gln Val Asn Asp Glu Val

250 255 260

atg gcg aaa gct aac gac ggc gcc atc ttc ctg cac tgc ctt cct gcc 931
Met Ala Lys Ala Asn Asp Gly Ala Ile Phe Leu His Cys Leu Pro Ala

265 270 275

tac cgt ggc aaa gaa gtg gca gcc tcc gtg att gat gga cca gcg tcc 979
Tyr Arg Gly Lys Glu Val Ala Ala Ser Val Ile Asp Gly Pro Ala Ser

280 285 290

aaa gtt ttc gat gaa gca gaa aac cgc ctc cac gct cag aaa gca ctg 1027
Lys Val Phe Asp Glu Ala Glu Asn Arg Leu His Ala Gln Lys Ala Leu

295 300 305

ctg gtg tgg ctg ctg gcc aac cag ccg agg taagacatgt cccttggtc 1077
Leu Val Trp Leu Leu Ala Asn Gln Pro Arg

310 315

aac 1080

<210> 334

<211> 319

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 334

Met Thr Ser Gln Pro Gln Val Arg His Phe Leu Ala Asp Asp Asp Leu
1 5 10 15

Thr Pro Ala Glu Gln Ala Glu Val Leu Thr Leu Ala Ala Lys Leu Lys
20 25 30

Ala Ala Pro Phe Ser Glu Arg Pro Leu Glu Gly Pro Lys Ser Val Ala
35 40 45

Val Leu Phe Asp Lys Thr Ser Thr Arg Thr Arg Phe Ser Phe Asp Ala
50 55 60

Gly Ile Ala His Leu Gly Gly His Ala Ile Val Val Asp Ser Gly Ser
65 70 75 80

Ser Gln Met Gly Lys Gly Glu Ser Leu Gln Asp Thr Ala Ala Val Leu
85 90 95

Ser Arg Tyr Val Glu Ala Ile Val Trp Arg Thr Tyr Ala His Ser Asn
100 105 110

Phe His Ala Met Ala Glu Thr Ser Thr Val Pro Leu Val Asn Ser Leu
115 120 125

Ser Asp Asp Leu His Pro Cys Gln Ile Leu Ala Asp Leu Gln Thr Ile
130 135 140

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

Lys Ala Val Tyr Leu Gly Asp Gly Asp Asn Asn Met Ala Asn Ser Tyr
165 170 175

Met Ile Gly Phe Ala Thr Ala Gly Met Asp Ile Ser Ile Ile Ala Pro
180 185 190

Glu Gly Phe Gln Pro Arg Ala Glu Phe Val Glu Arg Ala Glu Lys Arg
195 200 205

Gly Gln Glu Thr Gly Ala Lys Val Val Val Thr Asp Ser Leu Asp Glu
210 215 220

Val Ala Gly Ala Asp Val Val Ile Thr Asp Thr Trp Val Ser Met Gly
225 230 235 240

Met Glu Asn Asp Gly Ile Asp Arg Thr Thr Pro Phe Val Pro Tyr Gln
245 250 255

Val Asn Asp Glu Val Met Ala Lys Ala Asn Asp Gly Ala Ile Phe Leu
260 265 270

His Cys Leu Pro Ala Tyr Arg Gly Lys Glu Val Ala Ala Ser Val Ile
275 280 285

Asp Gly Pro Ala Ser Lys Val Phe Asp Glu Ala Glu Asn Arg Leu His
290 295 300

Ala Gln Lys Ala Leu Leu Val Trp Leu Leu Ala Asn Gln Pro Arg
305 310 315

<210> 335

<211> 1326

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1303)
<223> RXA02160

<400> 335

ttttcgagga ataccaaccc ttccaacaca ataattttct ttaaacaatcc ttgctgtcca 60

ccacggctgg caaggaactt aaaatgaagg agcacacctc atg act aac cgc atc 115
Met Thr Asn Arg Ile

1 5

gtt ctt gca tac tcc ggc ggt ctg gac acc act gtg gca att cca tac 163
Val Leu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Asp Thr Thr Val Ala Ile Pro Tyr

10 15 20

ctg aag aag atg att gat ggt gaa gtc atc gca gtt tcc ctc gac ctg 211
Leu Lys Lys Met Ile Asp Gly Glu Val Ile Ala Val Ser Leu Asp Leu

25 30 35

ggc cag ggt gga gag aac atg gac aac gtt cgc cag cgt gca ttg gat 259
Gly Gln Gly Gly Glu Asn Met Asp Asn Val Arg Gln Arg Ala Leu Asp

40 45 50

gcc ggt gca gct gag tcc atc gtt gtt gat gca aag gat gag ttc gct 307
Ala Gly Ala Ala Glu Ser Ile Val Val Asp Ala Lys Asp Glu Phe Ala

55 60 65

gag gag tac tgc ctg cca acc atc aag gca aac ggc atg tac atg aag 355
Glu Glu Tyr Cys Leu Pro Thr Ile Lys Ala Asn Gly Met Tyr Met Lys

70 75 80 85

cag tac cca ctg gtt tct gca atc tcc cgc cca ctg atc gtc aag cac 403
Gln Tyr Pro Leu Val Ser Ala Ile Ser Arg Pro Leu Ile Val Lys His

90 95 100

ctc gtt gag gct ggc aag cag ttc aac ggt acc cac gtt gca cac ggc 451
Leu Val Glu Ala Gly Lys Gln Phe Asn Gly Thr His Val Ala His Gly

105 110 115

tgc act ggt aag ggc aac gac cag gtt cgt ttc gag gtc ggc ttc atg 499
Cys Thr Gly Lys Gly Asn Asp Gln Val Arg Phe Glu Val Gly Phe Met

120	125	130	
gac acc gat cca aac ctg gag atc att gca cct gct cgt gac ttc gca 547			
Asp Thr Asp Pro Asn Leu Glu Ile Ile Ala Pro Ala Arg Asp Phe Ala			
135	140	145	
tgg acc cgc gac aag gct atc gcc ttc gcc gag gag aac aac gtt cca 595			
Trp Thr Arg Asp Lys Ala Ile Ala Phe Ala Glu Glu Asn Asn Val Pro			
150	155	160	165
atc gag cag tcc gtg aag tcc cca ttc tcc atc gac cag aac gtc tgg 643			
Ile Glu Gln Ser Val Lys Ser Pro Phe Ser Ile Asp Gln Asn Val Trp			
170	175	180	
ggc cgc gct att gag acc ggt tac ctg gaa gat ctg tgg aat gct cca 691			
Gly Arg Ala Ile Glu Thr Gly Tyr Leu Glu Asp Leu Trp Asn Ala Pro			
185	190	195	
acc aag gac atc tac gca tac acc gag gat cca gct ctg ggt aac gct 739			
Thr Lys Asp Ile Tyr Ala Tyr Thr Glu Asp Pro Ala Leu Gly Asn Ala			
200	205	210	
cca gat gag gtc atc atc tcc ttc gag ggt ggc aag cca gtc tcc atc 787			
Pro Asp Glu Val Ile Ile Ser Phe Glu Gly Gly Lys Pro Val Ser Ile			
215	220	225	
gat ggc cgt cca gtc tcc gta ctg cag gct att gaa gag ctg aac cgt 835			
Asp Gly Arg Pro Val Ser Val Leu Gln Ala Ile Glu Glu Leu Asn Arg			
230	235	240	245
cgt gca ggc gca cag ggc gtt ggc cgc ctt gac atg gtt gag gac cgt 883			
Arg Ala Gly Ala Gln Gly Val Gly Arg Leu Asp Met Val Glu Asp Arg			
250	255	260	
ctc gtg ggc atc aag tcc cgc gaa atc tac gaa gca cca ggc gca atc 931			
Leu Val Gly Ile Lys Ser Arg Glu Ile Tyr Glu Ala Pro Gly Ala Ile			
265	270	275	
gca ctg att aag gct cac gag gct ttg gaa gat gtc acc atc gag cgc 979			
Ala Leu Ile Lys Ala His Glu Ala Leu Glu Asp Val Thr Ile Glu Arg			

280	285	290	
gaa ctg gct cgc tac aag cgc ggc gtt gac gca cgt tgg gct gag gaa			1027
Glu Leu Ala Arg Tyr Lys Arg Gly Val Asp Ala Arg Trp Ala Glu Glu			
295	300	305	
gta tac gac ggc ctg tgg ttc gga cct ctg aag cgc tcc ctg gac gcg			1075
Val Tyr Asp Gly Leu Trp Phe Gly Pro Leu Lys Arg Ser Leu Asp Ala			
310	315	320	325
ttc att gat tcc acc cag gag cac gtc acc ggc gat atc cgc atg gtt			1123
Phe Ile Asp Ser Thr Gln Glu His Val Thr Gly Asp Ile Arg Met Val			
330	335	340	
ctg cac gca ggt tcc atc acc atc aat ggt cgt cgt tcc agc cac tcc			1171
Leu His Ala Gly Ser Ile Thr Ile Asn Gly Arg Arg Ser Ser His Ser			
345	350	355	
ctg tac gac ttc aac ctg gct acc tac gac acc ggc gac acc ttc gac			1219
Leu Tyr Asp Phe Asn Leu Ala Thr Tyr Asp Thr Gly Asp Thr Phe Asp			
360	365	370	
cag acc ctg gct aag ggc ttt gtc cag ctg cac ggt ctg tcc tcc aag			1267
Gln Thr Leu Ala Lys Gly Phe Val Gln Leu His Gly Leu Ser Ser Lys			
375	380	385	
atc gct aac aag cgc gat cgc gaa gct ggc aac aac taagccacct			1313
Ile Ala Asn Lys Arg Asp Arg Glu Ala Gly Asn Asn			
390	395	400	
tttcaagcat cca			1326
<210> 336			
<211> 401			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 336			
Met Thr Asn Arg Ile Val Leu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Asp Thr Thr			
1	5	10	15

Val Ala Ile Pro Tyr Leu Lys Lys Met Ile Asp Gly Glu Val Ile Ala
20 25 30

Val Ser Leu Asp Leu Gly Gln Gly Gly Glu Asn Met Asp Asn Val Arg
35 40 45

Gln Arg Ala Leu Asp Ala Gly Ala Ala Glu Ser Ile Val Val Asp Ala
50 55 60

Lys Asp Glu Phe Ala Glu Glu Tyr Cys Leu Pro Thr Ile Lys Ala Asn
65 70 75 80

Gly Met Tyr Met Lys Gln Tyr Pro Leu Val Ser Ala Ile Ser Arg Pro
85 90 95

Leu Ile Val Lys His Leu Val Glu Ala Gly Lys Gln Phe Asn Gly Thr
100 105 110

His Val Ala His Gly Cys Thr Gly Lys Gly Asn Asp Gln Val Arg Phe
115 120 125

Glu Val Gly Phe Met Asp Thr Asp Pro Asn Leu Glu Ile Ile Ala Pro
130 135 140

Ala Arg Asp Phe Ala Trp Thr Arg Asp Lys Ala Ile Ala Phe Ala Glu
145 150 155 160

Glu Asn Asn Val Pro Ile Glu Gln Ser Val Lys Ser Pro Phe Ser Ile
165 170 175

Asp Gln Asn Val Trp Gly Arg Ala Ile Glu Thr Gly Tyr Leu Glu Asp
180 185 190

Leu Trp Asn Ala Pro Thr Lys Asp Ile Tyr Ala Tyr Thr Glu Asp Pro
195 200 205

Ala Leu Gly Asn Ala Pro Asp Glu Val Ile Ile Ser Phe Glu Gly Gly
210 215 220

Lys Pro Val Ser Ile Asp Gly Arg Pro Val Ser Val Leu Gln Ala Ile

225 230 235 240

Glu Glu Leu Asn Arg Arg Ala Gly Ala Gln Gly Val Gly Arg Leu Asp
245 250 255

Met Val Glu Asp Arg Leu Val Gly Ile Lys Ser Arg Glu Ile Tyr Glu
260 265 270

Ala Pro Gly Ala Ile Ala Leu Ile Lys Ala His Glu Ala Leu Glu Asp
275 280 285

Val Thr Ile Glu Arg Glu Leu Ala Arg Tyr Lys Arg Gly Val Asp Ala
290 295 300

Arg Trp Ala Glu Glu Val Tyr Asp Gly Leu Trp Phe Gly Pro Leu Lys
305 310 315 320

Arg Ser Leu Asp Ala Phe Ile Asp Ser Thr Gln Glu His Val Thr Gly
325 330 335

Asp Ile Arg Met Val Leu His Ala Gly Ser Ile Thr Ile Asn Gly Arg
340 345 350

Arg Ser Ser His Ser Leu Tyr Asp Phe Asn Leu Ala Thr Tyr Asp Thr
355 360 365

Gly Asp Thr Phe Asp Gln Thr Leu Ala Lys Gly Phe Val Gln Leu His
370 375 380

Gly Leu Ser Ser Lys Ile Ala Asn Lys Arg Asp Arg Glu Ala Gly Asn
385 390 395 400

Asn

<210> 337

<211> 1554

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1531)

<223> RXN02162

<400> 337

gacgcgtaac aagcgcgata gcgaagctgg caacaactaa gccacctttt caagcatcca 60

gactagaact tcaagtattt agaaagtaga agaacaccac atg gaa cag cac gga 115
Met Glu Gln His Gly

1 5

acc aat gaa ggt gcg ctg tgg ggc ggc cgc ttc tcc ggt gga ccc tcc 163
Thr Asn Glu Gly Ala Leu Trp Gly Gly Arg Phe Ser Gly Gly Pro Ser

10 15 20

gag gcc atg ttc gcc ttg agt gtc tcc act cat ttc gac tgg gtt ttg 211
Glu Ala Met Phe Ala Leu Ser Val Ser Thr His Phe Asp Trp Val Leu

25 30 35

gcc cct tat gat gtg ttg gcc tcc aag gca cac gcc aag gtt ttg cac 259
Ala Pro Tyr Asp Val Leu Ala Ser Lys Ala His Ala Lys Val Leu His

40 45 50

caa gca gat cta ctt tct gat gaa gat cta gcc acc atg ctg gct ggg 307
Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala Thr Met Leu Ala Gly

55 60 65

ctt gat cag ctg ggc aag gat gtc gcc gac gga acc ttc ggt ccg ctg 355
Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly Thr Phe Gly Pro Leu

70 75 80 85

cct tct gat gag gat gtg cac ggc gcg atg gaa cgc ggt gtg att gac 403
Pro Ser Asp Glu Asp Val His Gly Ala Met Glu Arg Gly Val Ile Asp

90 95 100

cgc gtt ggt cct gag gtg ggc ggc cgt ctg cgc gct ggt cgt tcc cgc 451
Arg Val Gly Pro Glu Val Gly Gly Arg Leu Arg Ala Gly Arg Ser Arg

105 110 115

aac gac cag gtg gca acc ctg ttc cgc atg tgg gtc cgc gac gca gtg 499
Asn Asp Gln Val Ala Thr Leu Phe Arg Met Trp Val Arg Asp Ala Val

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

280	285	290	
cct gac gtg gca gag ctg acc cgt ggc aag tct ggt cgc ttg atc ggt	1027		
Pro Asp Val Ala Glu Leu Thr Arg Gly Lys Ser Gly Arg Leu Ile Gly			
295	300	305	
aac ctc acc ggt ctg ctg gct acc ctg aag gca cag cct tta gcg tac	1075		
Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala Gln Pro Leu Ala Tyr			
310	315	320	325
aac cgc gac ctg cag gaa gat aag gaa cca atc gta gat tcc gtg gcg	1123		
Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile Val Asp Ser Val Ala			
330	335	340	
cag ctc aac ctg ctg ctc cct gca atg act ggt ttg gtt tcc acc ttg	1171		
Gln Leu Asn Leu Leu Leu Pro Ala Met Thr Gly Leu Val Ser Thr Leu			
345	350	355	
acc ttc aac acc gag cgc atg cgt gaa ctt gca cca gca ggt ttc acc	1219		
Thr Phe Asn Thr Glu Arg Met Arg Glu Leu Ala Pro Ala Gly Phe Thr			
360	365	370	
ctt gcc acc gac ttg gct gag tgg atg gtg cgc cag ggc gtt cca ttc	1267		
Leu Ala Thr Asp Leu Ala Glu Trp Met Val Arg Gln Gly Val Pro Phe			
375	380	385	
cgt gag gca cac gaa gca tcc ggc gct tgc gtg cgg atc gcg gag tcc	1315		
Arg Glu Ala His Glu Ala Ser Gly Ala Cys Val Arg Ile Ala Glu Ser			
390	395	400	405
agg gga gtg gac ctt atc gat ctc act gat gaa gaa ctc agt ggc gtt	1363		
Arg Gly Val Asp Leu Ile Asp Leu Thr Asp Glu Glu Leu Ser Gly Val			
410	415	420	
gat gca cgt ctg acc cca gag gta cgg gaa gtg ctc acc att gat ggt	1411		
Asp Ala Arg Leu Thr Pro Glu Val Arg Glu Val Leu Thr Ile Asp Gly			
425	430	435	
gca gtg gct tcc cgt gca acg cgc ggt gga acc gcg ggc gtg cgg gtt	1459		
Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr Ala Gly Val Arg Val			

440 445 450
gcg gag caa cgc gca cgt gtc gat gcc gca agt acc gct cac gcg gag 1507
Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser Thr Ala His Ala Glu

455 460 465
tgg gca cgt gcg ggg gta cgt cga taagcattag tttatggcct gtg 1554
Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg

470 475

<210> 338
<211> 477
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 338
Met Glu Gln His Gly Thr Asn Glu Gly Ala Leu Trp Gly Gly Arg Phe
1 5 10 15

Ser Gly Gly Pro Ser Glu Ala Met Phe Ala Leu Ser Val Ser Thr His
20 25 30

Phe Asp Trp Val Leu Ala Pro Tyr Asp Val Leu Ala Ser Lys Ala His
35 40 45

Ala Lys Val Leu His Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala
50 55 60

Thr Met Leu Ala Gly Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly
65 70 75 80

Thr Phe Gly Pro Leu Pro Ser Asp Glu Asp Val His Gly Ala Met Glu
85 90 95

Arg Gly Val Ile Asp Arg Val Gly Pro Glu Val Gly Gly Arg Leu Arg
100 105 110

Ala Gly Arg Ser Arg Asn Asp Gln Val Ala Thr Leu Phe Arg Met Trp
115 120 125

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

130	135	140
Asp Ala Leu Ser Ala Gln Ala Lys Ala His Ala Gly Ala Ile Met Pro		
145	150	155 160
Gly Lys Thr His Phe Gln Ala Ala Gln Pro Val Leu Leu Ala His Gln		
	165	170 175
Leu Leu Ala His Ala Gln Pro Leu Leu Arg Asp Ile Asp Arg Ile Arg		
	180	185 190
Asp Leu Asp Lys Arg Leu Ala Val Ser Pro Tyr Gly Ser Gly Ala Leu		
	195	200 205
Ala Gly Ser Ser Leu Lys Leu Asn Pro Glu Ala Ile Ala Glu Glu Leu		
	210	215 220
Gly Phe Asp Ser Ala Ala Asp Asn Ser Ile Asp Ala Thr Ser Ser Arg		
225	230	235 240
Asp Phe Ala Ser Glu Thr Ala Phe Val Leu Ala Gln Leu Ala Val Asp		
	245	250 255
Met Ser Arg Leu Ala Glu Glu Ile Ile Ala Trp Cys Thr Pro Glu Phe		
	260	265 270
Gly Tyr Ile Thr Leu Ser Asp Ser Trp Ser Thr Gly Ser Ser Ile Met		
	275	280 285
Pro Gln Lys Lys Asn Pro Asp Val Ala Glu Leu Thr Arg Gly Lys Ser		
	290	295 300
Gly Arg Leu Ile Gly Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala		
305	310	315 320
Gln Pro Leu Ala Tyr Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile		
	325	330 335
Val Asp Ser Val Ala Gln Leu Asn Leu Leu Leu Pro Ala Met Thr Gly		
	340	345 350
Leu Val Ser Thr Leu Thr Phe Asn Thr Glu Arg Met Arg Glu Leu Ala		

355	360	365
Pro Ala Gly Phe Thr Leu Ala Thr Asp Leu Ala Glu Trp Met Val Arg		
370	375	380
Gln Gly Val Pro Phe Arg Glu Ala His Glu Ala Ser Gly Ala Cys Val		
385	390	395 400
Arg Ile Ala Glu Ser Arg Gly Val Asp Leu Ile Asp Leu Thr Asp Glu		
405	410	415
Glu Leu Ser Gly Val Asp Ala Arg Leu Thr Pro Glu Val Arg Glu Val		
420	425	430
Leu Thr Ile Asp Gly Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr		
435	440	445
Ala Gly Val Arg Val Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser		
450	455	460
Thr Ala His Ala Glu Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg		
465	470	475

<210> 339
 <211> 906
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(883)
 <223> FRXA02161

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 863
 <223> n = a, c, g, or t

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 255
 <223> Xaa = Cys, Arg, Ser, or Gly

<400> 339

gatacgctaac aagcgcgatac gcgaagctgg caacaactaa gccacctttt caagcatcca 60

gactagaact tcaagtattt agaaagtaga agaacaccac atg gaa cag cac gga 115
Met Glu Gln His Gly

1 5

acc aat gaa ggt gcg ctg tgg ggc ggc cgc ttc tcc ggt gga ccc tcc 163
Thr Asn Glu Gly Ala Leu Trp Gly Gly Arg Phe Ser Gly Gly Pro Ser

10 15 20

gag gcc atg ttc gcc ttg agt gtc tcc act cat ttc gac tgg gtt ttg 211
Glu Ala Met Phe Ala Leu Ser Val Ser Thr His Phe Asp Trp Val Leu

25 30 35

gcc cct tat gat gtg ttg gcc tcc aag gca cac gcc aag gtt ttg cac 259
Ala Pro Tyr Asp Val Leu Ala Ser Lys Ala His Ala Lys Val Leu His

40 45 50

caa gca gat cta ctt tct gat gaa gat cta gcc acc atg ctg gct ggg 307
Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala Thr Met Leu Ala Gly

55 60 65

ctt gat cag ctg ggc aag gat gtc gcc gac gga acc ttc ggt ccg ctg 355
Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly Thr Phe Gly Pro Leu

70 75 80 85

cct tct gat gag gat gtg cac ggc gcg atg gaa cgc ggt gtg att gac 403
Pro Ser Asp Glu Asp Val His Gly Ala Met Glu Arg Gly Val Ile Asp

90 95 100

cgc gtt ggt cct gag gtg ggc ggc cgt ctg cgc gct ggt cgt tcc cgc 451
Arg Val Gly Pro Glu Val Gly Gly Arg Leu Arg Ala Gly Arg Ser Arg

105 110 115

aac gac cag gtg gca acc ctg ttc cgc atg tgg gtc cgc gac gca gtg 499
Asn Asp Gln Val Ala Thr Leu Phe Arg Met Trp Val Arg Asp Ala Val

120 125 130

cgc gac atc gcg ctg gga aca acc gag ctt gtc gac gcc ctc agc gcc 547
Arg Asp Ile Ala Leu Gly Thr Thr Glu Leu Val Asp Ala Leu Ser Ala

135	140	145	
caa gct aag gca cat gca ggc gcg atc atg cca ggc aag acc cac ttc			595
Gln Ala Lys Ala His Ala Gly Ala Ile Met Pro Gly Lys Thr His Phe			
150	155	160	165
cag gca gct cag ccg gtc ctt ctg gca cac cag ctg ctg gca cac gca			643
Gln Ala Ala Gln Pro Val Leu Leu Ala His Gln Leu Leu Ala His Ala			
	170	175	180
cag cct ttg ctg cgc gat att gat cgt atc cgt gac ctg gac aag cgt			691
Gln Pro Leu Leu Arg Asp Ile Asp Arg Ile Arg Asp Leu Asp Lys Arg			
	185	190	195
ctt gcg gtg tct cct tac ggt tcc ggc gca ctt gct ggt tcc tct ttg			739
Leu Ala Val Ser Pro Tyr Gly Ser Gly Ala Leu Ala Gly Ser Ser Leu			
200	205	210	
aag ctc aac cct gaa gca atc gct gaa gaa ctc ggc ttt gat tcc gca			787
Lys Leu Asn Pro Glu Ala Ile Ala Glu Glu Leu Gly Phe Asp Ser Ala			
215	220	225	
gca gat aac tcc att gat gcc acc agc tcc cgc gat ttc gca tct gaa			835
Ala Asp Asn Ser Ile Asp Ala Thr Ser Ser Arg Asp Phe Ala Ser Glu			
230	235	240	245
acc gcc ttc gtg ctg gcg cag ctt gca ngc gga tat gtc ccg ctt ggc			883
Thr Ala Phe Val Leu Ala Gln Leu Ala Xaa Gly Tyr Val Pro Leu Gly			
	250	255	260
tgaagaaatc atcgcatggt gca			906

<210> 340
 <211> 261
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 255
 <223> Xaa = Cys, Arg, Ser, or Gly

<400> 340

Met Glu Gln His Gly Thr Asn Glu Gly Ala Leu Trp Gly Gly Arg Phe
1 5 10 15

Ser Gly Gly Pro Ser Glu Ala Met Phe Ala Leu Ser Val Ser Thr His
20 25 30

Phe Asp Trp Val Leu Ala Pro Tyr Asp Val Leu Ala Ser Lys Ala His
35 40 45

Ala Lys Val Leu His Gln Ala Asp Leu Leu Ser Asp Glu Asp Leu Ala
50 55 60

Thr Met Leu Ala Gly Leu Asp Gln Leu Gly Lys Asp Val Ala Asp Gly
65 70 75 80

Thr Phe Gly Pro Leu Pro Ser Asp Glu Asp Val His Gly Ala Met Glu
85 90 95

Arg Gly Val Ile Asp Arg Val Gly Pro Glu Val Gly Gly Arg Leu Arg
100 105 110

Ala Gly Arg Ser Arg Asn Asp Gln Val Ala Thr Leu Phe Arg Met Trp
115 120 125

Val Arg Asp Ala Val Arg Asp Ile Ala Leu Gly Thr Thr Glu Leu Val
130 135 140

Asp Ala Leu Ser Ala Gln Ala Lys Ala His Ala Gly Ala Ile Met Pro
145 150 155 160

Gly Lys Thr His Phe Gln Ala Ala Gln Pro Val Leu Leu Ala His Gln
165 170 175

Leu Leu Ala His Ala Gln Pro Leu Leu Arg Asp Ile Asp Arg Ile Arg
180 185 190

Asp Leu Asp Lys Arg Leu Ala Val Ser Pro Tyr Gly Ser Gly Ala Leu
195 200 205

Ala Gly Ser Ser Leu Lys Leu Asn Pro Glu Ala Ile Ala Glu Glu Leu
210 215 220

Gly Phe Asp Ser Ala Ala Asp Asn Ser Ile Asp Ala Thr Ser Ser Arg
225 230 235 240

Asp Phe Ala Ser Glu Thr Ala Phe Val Leu Ala Gln Leu Ala Xaa Gly
245 250 255

Tyr Val Pro Leu Gly
260

<210> 341
<211> 786
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(763)
<223> FRXA02162

<220>
<221> misc_feature
<222> 94
<223> n = a, c, g, or t

<400> 341
ctcggctttg attccgcagc agataactcc attgatgccca ccagctcccg cgatttcgca 60

tctgaaaccg ccttcgtgct ggccgcagctt gcangtggat atg tcc cgc ttg gct 115
Met Ser Arg Leu Ala

1 5

gaa gaa atc atc gca tgg tgc acc cca gaa ttt ggt tac atc acc ttg 163
Glu Glu Ile Ile Ala Trp Cys Thr Pro Glu Phe Gly Tyr Ile Thr Leu

10 15 20

tct gat tcc tgg tcc aca ggc agc tca atc atg ccg cag aag aag aac 211
Ser Asp Ser Trp Ser Thr Gly Ser Ser Ile Met Pro Gln Lys Lys Asn

25 30 35

cct gac gtg gca gag ctg acc cgt ggc aag tct ggt cgc ttg atc ggt 259

Pro Asp Val Ala Glu Leu Thr Arg Gly Lys Ser Gly Arg Leu Ile Gly
40 45 50

aac ctc acc ggt ctg ctg gct acc ctg aag gca cag cct tta gcg tac 307
Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala Gln Pro Leu Ala Tyr

55 60 65

aac cgc gac ctg cag gaa gat aag gaa cca atc gta gat tcc gtg gcg 355
Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile Val Asp Ser Val Ala

70 75 80 85

cag ctc aac ctg ctg ctg cct gca atg act ggt ttg gtt tcc acc ttg 403
Gln Leu Asn Leu Leu Leu Pro Ala Met Thr Gly Leu Val Ser Thr Leu

90 95 100

acc ttc aac acc gag cgc atg cgt gaa ctt gca cca gca ggt ttc acc 451
Thr Phe Asn Thr Glu Arg Met Arg Glu Leu Ala Pro Ala Gly Phe Thr

105 110 115

ctt gcc acc gac ttg gct gag tgg atg gtg cgc cag ggc gtt cca ttc 499
Leu Ala Thr Asp Leu Ala Glu Trp Met Val Arg Gln Gly Val Pro Phe

120 125 130

cgt gag gca cac gaa gca tcc ggc gct tgc gtg cgg atc gcg gag tcc 547
Arg Glu Ala His Glu Ala Ser Gly Ala Cys Val Arg Ile Ala Glu Ser

135 140 145

agg gga gtg gac ctt atc gat ctc act gat gaa gaa ctc agt ggc gtt 595
Arg Gly Val Asp Leu Ile Asp Leu Thr Asp Glu Glu Leu Ser Gly Val

150 155 160 165

gat gca cgt ctg acc cca gag gta cgg gaa gtg ctc acc att gat ggt 643
Asp Ala Arg Leu Thr Pro Glu Val Arg Glu Val Leu Thr Ile Asp Gly

170 175 180

gca gtg gct tcc cgt gca acg cgc ggt gga acc gcg ggc gtg cgg gtt 691
Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr Ala Gly Val Arg Val

185 190 195

gcg gag caa cgc gca cgt gtc gat gcc gca agt acc gct cac gcg gag 739

Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser Thr Ala His Ala Glu

200 205 210

tgg gca cgt gcg ggg gta cgt cga taagcattag tttatggcct gtg 786
Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg

215 220

<210> 342

<211> 221

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 342

Met Ser Arg Leu Ala Glu Glu Ile Ile Ala Trp Cys Thr Pro Glu Phe
1 5 10 15

Gly Tyr Ile Thr Leu Ser Asp Ser Trp Ser Thr Gly Ser Ser Ile Met
20 25 30

Pro Gln Lys Lys Asn Pro Asp Val Ala Glu Leu Thr Arg Gly Lys Ser
35 40 45

Gly Arg Leu Ile Gly Asn Leu Thr Gly Leu Leu Ala Thr Leu Lys Ala
50 55 60

Gln Pro Leu Ala Tyr Asn Arg Asp Leu Gln Glu Asp Lys Glu Pro Ile
65 70 75 80

Val Asp Ser Val Ala Gln Leu Asn Leu Leu Leu Pro Ala Met Thr Gly
85 90 95

Leu Val Ser Thr Leu Thr Phe Asn Thr Glu Arg Met Arg Glu Leu Ala
100 105 110

Pro Ala Gly Phe Thr Leu Ala Thr Asp Leu Ala Glu Trp Met Val Arg
115 120 125

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

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

145 150 155 160

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

Leu Thr Ile Asp Gly Ala Val Ala Ser Arg Ala Thr Arg Gly Gly Thr
180 185 190

Ala Gly Val Arg Val Ala Glu Gln Arg Ala Arg Val Asp Ala Ala Ser
195 200 205

Thr Ala His Ala Glu Trp Ala Arg Ala Gly Val Arg Arg
210 215 220

<210> 343

<211> 1269

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1246)

<223> RXA02262

<400> 343

gcaccaattt cggacctgaa atccccgagg aaaccgtgcc cgacgccgtg caggtgggcg 60

tcgataagca aaaaatcgct gatactcgaa aggcctcaaa atg acc gca acc tac 115
Met Thr Ala Thr Tyr

1 5

acc act gaa acc gcc atc aat ttc ttg ttc ttg agc gaa ccg gac atg 163
Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu Ser Glu Pro Asp Met

10 15 20

atc gcg gcc gga gtc aaa gac gtc gcg caa tgc gtc gat gtc atg gag 211
Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys Val Asp Val Met Glu

25 30 35

gaa acg ctc gtg ctc ttg gcg cag ggc gac tac aaa atg gcc ggt ttg 259
Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln Gly Asp Tyr Lys Met Ala Gly Leu

40	45	50	
aac tcc aac tcg cat ggc gcg atg atc acc ttc ccg gaa aac cca gaa			307
Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe Pro Glu Asn Pro Glu			
55	60	65	
ttt gaa ggc atg ccc aag gac ggc ccc gac cgc cga ttc atg gcg atg			355
Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg Arg Phe Met Ala Met			
70	75	80	85
ccc gca tac ctc ggc ggg cga ttc aaa aac acc ggc gtg aag tgg tac			403
Pro Ala Tyr Leu Gly Gly Arg Phe Lys Asn Thr Gly Val Lys Trp Tyr			
90	95	100	
gga tcc aac gcg gaa aac aag gcc tca ggc ttg cct cgc tcg atc cac			451
Gly Ser Asn Ala Glu Asn Lys Ala Ser Gly Leu Pro Arg Ser Ile His			
105	110	115	
acc ttc gtc ctc aac gac acg gtc acc ggt gca ccg aag gcc atc atg			499
Thr Phe Val Leu Asn Asp Thr Val Thr Gly Ala Pro Lys Ala Ile Met			
120	125	130	
tcc gcg aac ctg ctg tcc gcc tac cgc acc ggc gcg gtt ccc ggc gtg			547
Ser Ala Asn Leu Leu Ser Ala Tyr Arg Thr Gly Ala Val Pro Gly Val			
135	140	145	
ggc gtg aag cac tta gcg gtc gcc gac gcg aca acc ttg gct gtc gtc			595
Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr Thr Leu Ala Val Val			
150	155	160	165
gga cct ggt gtc atg gcg aaa acc atc acc gaa gcg tgc atc gca gag			643
Gly Pro Gly Val Met Ala Lys Thr Ile Thr Glu Ala Cys Ile Ala Glu			
170	175	180	
cgc cca gga atc acc acc atc aag atc aag gga cgc agc gaa cgc ggc			691
Arg Pro Gly Ile Thr Thr Ile Lys Ile Lys Gly Arg Ser Glu Arg Gly			
185	190	195	
atc aac gcc ttt gca aca tgg gcg ttg gaa aaa ttc ccc gag atc gaa			739
Ile Asn Ala Phe Ala Thr Trp Ala Leu Glu Lys Phe Pro Glu Ile Glu			

200	205	210	
gtg gtc gcc gtc gga tct gaa gaa gac gtg gtc aaa gac gcc gac atc 787			
Val Val Ala Val Gly Ser Glu Glu Asp Val Val Lys Asp Ala Asp Ile			
215	220	225	
gtc atc gcc gcc acc acc acg gac gcc gcc ggc tcc tcc gcc ttc cca 835			
Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly Ser Ser Ala Phe Pro			
230	235	240	245
tac ttc aaa aaa gaa tgg ctc aag ccg ggc gca ttg ctg ctg ctt cca 883			
Tyr Phe Lys Lys Glu Trp Leu Lys Pro Gly Ala Leu Leu Leu Leu Pro			
	250	255	260
gcc gcc ggt cgc ttc gac gac gct tat ttg ctt gac gac gcc cgc ctc 931			
Ala Ala Gly Arg Phe Asp Asp Ala Tyr Leu Leu Asp Asp Ala Arg Leu			
	265	270	275
gtt gtt gac tac atg ggg ctc tac gaa gcc tgg gca gaa gaa tac ggc 979			
Val Val Asp Tyr Met Gly Leu Tyr Glu Ala Trp Ala Glu Glu Tyr Gly			
280	285	290	
cca cag gcc tac caa cta ctc ggc att cca gga acc cac tgg tac gac 1027			
Pro Gln Ala Tyr Gln Leu Leu Gly Ile Pro Gly Thr His Trp Tyr Asp			
295	300	305	
ctg gcg ctg caa gga aaa ctc gac ctt gca aag att tcc cag att ggc 1075			
Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys Ile Ser Gln Ile Gly			
310	315	320	325
gat atc tgc tcc ggc aag cta ccc gga cgc acc aac gat gag gaa atc 1123			
Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr Asn Asp Glu Glu Ile			
	330	335	340
atc ctc tat tcc gtc ggc ggc atg cca gta gaa gac gtc gcc tgg gca 1171			
Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu Asp Val Ala Trp Ala			
345	350	355	
acc caa gtg tat gaa aac gcc ctg gaa aaa ggc gtc ggc acc aca ttg 1219			
Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly Val Gly Thr Thr Leu			

360 365 370

aac ctg tgg gaa tca ccc gca ctg gct tgagagaaga aacaacaatg 1266
 Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala

375 380

aaa 1269

<210> 344
 <211> 382
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 344
 Met Thr Ala Thr Tyr Thr Thr Glu Thr Ala Ile Asn Phe Leu Phe Leu
 1 5 10 15

Ser Glu Pro Asp Met Ile Ala Ala Gly Val Lys Asp Val Ala Gln Cys
 20 25 30

Val Asp Val Met Glu Glu Thr Leu Val Leu Leu Ala Gln Gly Asp Tyr
 35 40 45

Lys Met Ala Gly Leu Asn Ser Asn Ser His Gly Ala Met Ile Thr Phe
 50 55 60

Pro Glu Asn Pro Glu Phe Glu Gly Met Pro Lys Asp Gly Pro Asp Arg
 65 70 75 80

Arg Phe Met Ala Met Pro Ala Tyr Leu Gly Gly Arg Phe Lys Asn Thr
 85 90 95

Gly Val Lys Trp Tyr Gly Ser Asn Ala Glu Asn Lys Ala Ser Gly Leu
 100 105 110

Pro Arg Ser Ile His Thr Phe Val Leu Asn Asp Thr Val Thr Gly Ala
 115 120 125

Pro Lys Ala Ile Met Ser Ala Asn Leu Leu Ser Ala Tyr Arg Thr Gly
 130 135 140

Ala Val Pro Gly Val Gly Val Lys His Leu Ala Val Ala Asp Ala Thr
145 150 155 160

Thr Leu Ala Val Val Gly Pro Gly Val Met Ala Lys Thr Ile Thr Glu
165 170 175

Ala Cys Ile Ala Glu Arg Pro Gly Ile Thr Thr Ile Lys Ile Lys Gly
180 185 190

Arg Ser Glu Arg Gly Ile Asn Ala Phe Ala Thr Trp Ala Leu Glu Lys
195 200 205

Phe Pro Glu Ile Glu Val Val Ala Val Gly Ser Glu Glu Asp Val Val
210 215 220

Lys Asp Ala Asp Ile Val Ile Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Ala Gly
225 230 235 240

Ser Ser Ala Phe Pro Tyr Phe Lys Lys Glu Trp Leu Lys Pro Gly Ala
245 250 255

Leu Leu Leu Leu Pro Ala Ala Gly Arg Phe Asp Asp Ala Tyr Leu Leu
260 265 270

Asp Asp Ala Arg Leu Val Val Asp Tyr Met Gly Leu Tyr Glu Ala Trp
275 280 285

Ala Glu Glu Tyr Gly Pro Gln Ala Tyr Gln Leu Leu Gly Ile Pro Gly
290 295 300

Thr His Trp Tyr Asp Leu Ala Leu Gln Gly Lys Leu Asp Leu Ala Lys
305 310 315 320

Ile Ser Gln Ile Gly Asp Ile Cys Ser Gly Lys Leu Pro Gly Arg Thr
325 330 335

Asn Asp Glu Glu Ile Ile Leu Tyr Ser Val Gly Gly Met Pro Val Glu
340 345 350

Asp Val Ala Trp Ala Thr Gln Val Tyr Glu Asn Ala Leu Glu Lys Gly
355 360 365

Val Gly Thr Thr Leu Asn Leu Trp Glu Ser Pro Ala Leu Ala
370 375 380

<210> 345

<211> 1065

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1042)

<223> RXA00219

<400> 345

tttgccgtac atgcgcgagc acctctctcaa cagcccgcac caccgaccaa tcacataaga 60

cacaagcact aaaacagcat taaagaaaga aagctttttc gtg gcc cgt aag aaa 115
Val Ala Arg Lys Lys

1 5

aac acg tcc gat caa tcc cgc tcc caa gct gcc aac acg ccc att gct 163
Asn Thr Ser Asp Gln Ser Arg Ser Gln Ala Ala Asn Thr Pro Ile Ala

10 15 20

ggc acc tat gag ggt gaa tat tcc gtc atc gag ttg gag gcc gat tcc 211
Gly Thr Tyr Glu Gly Glu Tyr Ser Val Ile Glu Leu Glu Ala Asp Ser

25 30 35

tac acc acc gat ggc tgg ttg atc agc att aat ggc gtg ccc agc tct 259
Tyr Thr Thr Asp Gly Trp Leu Ile Ser Ile Asn Gly Val Pro Ser Ser

40 45 50

cat att gtc ctg ggg caa ccg cag gca ctg gaa ttt gag tac atg cgg 307
His Ile Val Leu Gly Gln Pro Gln Ala Leu Glu Phe Glu Tyr Met Arg

55 60 65

tgg atc gct acc ggc gct cgg gcg ttc atc gat gcg cat cag gat gca 355
Trp Ile Ala Thr Gly Ala Arg Ala Phe Ile Asp Ala His Gln Asp Ala

70 75 80 85

tcc aag ctg cgg att act cac ctc ggc ggc ggt gcg tgc acg atg gcc 403
Ser Lys Leu Arg Ile Thr His Leu Gly Gly Gly Ala Cys Thr Met Ala

90	95	100	
agg tat ttc gcg gat gtt tac ccg cag tca cgc aac act gtc gtg gaa			451
Arg Tyr Phe Ala Asp Val Tyr Pro Gln Ser Arg Asn Thr Val Val Glu			
105	110	115	
ttg gat gca gag ctt gcc cgc ctg tcg cgt gaa tgg ttc gac att ccg			499
Leu Asp Ala Glu Leu Ala Arg Leu Ser Arg Glu Trp Phe Asp Ile Pro			
120	125	130	
cgc gcg cca cgg gta aag att cgt gtg gat gat gcc cga atg gtg gca			547
Arg Ala Pro Arg Val Lys Ile Arg Val Asp Asp Ala Arg Met Val Ala			
135	140	145	
gaa tct ttc act ccc gca agc cgc gat gtg atc atc cgt gac gtt ttt			595
Glu Ser Phe Thr Pro Ala Ser Arg Asp Val Ile Ile Arg Asp Val Phe			
150	155	160	165
gcc gga gct atc acg ccg cag aac ttc acc acc gtg gag ttc ttt gag			643
Ala Gly Ala Ile Thr Pro Gln Asn Phe Thr Thr Val Glu Phe Phe Glu			
170	175	180	
cac tgt cac cgt ggc ctt gct ccc ggc gga ttg tac gtt gcc aac tgt			691
His Cys His Arg Gly Leu Ala Pro Gly Gly Leu Tyr Val Ala Asn Cys			
185	190	195	
ggc gat cat tcg gat ctg cgc gga gct aaa tct gag ctc gcg gga atg			739
Gly Asp His Ser Asp Leu Arg Gly Ala Lys Ser Glu Leu Ala Gly Met			
200	205	210	
atg gag gtg ttc gag cac gtc gcg gtc atc gcc gat ccc ccg atg ctt			787
Met Glu Val Phe Glu His Val Ala Val Ile Ala Asp Pro Pro Met Leu			
215	220	225	
aaa ggg cgc cgt tac ggc aac atc att ttg atg ggt tca gac acc gag			835
Lys Gly Arg Arg Tyr Gly Asn Ile Ile Leu Met Gly Ser Asp Thr Glu			
230	235	240	245
ttc ttt agc tcc aac agc acg gaa gcg tcc gcg att acc cgt gag ctt			883
Phe Phe Ser Ser Asn Ser Thr Glu Ala Ser Ala Ile Thr Arg Glu Leu			

250 255 260
 ctt ggc ggc ggc gtt cca gcg cag tac aag gat gaa tcc tgg gtg cgg 931
 Leu Gly Gly Gly Val Pro Ala Gln Tyr Lys Asp Glu Ser Trp Val Arg

265 270 275
 aaa ttc gcc tcg gga gcc cag gcc cgc cac gat ggg gtc tct acc ctc 979
 Lys Phe Ala Ser Gly Ala Gln Ala Arg His Asp Gly Val Ser Thr Leu

280 285 290
 caa atg ccg agt gat act cca caa cac cct gcg gaa acg ccg gag cat 1027
 Gln Met Pro Ser Asp Thr Pro Gln His Pro Ala Glu Thr Pro Glu His

295 300 305
 tca aac aca cag cca taaaaaatc cgctggcgcg tcc 1065
 Ser Asn Thr Gln Pro

310

<210> 346
 <211> 314
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 346
 Val Ala Arg Lys Lys Asn Thr Ser Asp Gln Ser Arg Ser Gln Ala Ala
 1 5 10 15

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

Leu Glu Ala Asp Ser Tyr Thr Thr Asp Gly Trp Leu Ile Ser Ile Asn
 35 40 45

Gly Val Pro Ser Ser His Ile Val Leu Gly Gln Pro Gln Ala Leu Glu
 50 55 60

Phe Glu Tyr Met Arg Trp Ile Ala Thr Gly Ala Arg Ala Phe Ile Asp
 65 70 75 80

Ala His Gln Asp Ala Ser Lys Leu Arg Ile Thr His Leu Gly Gly Gly

85

90

95

Ala Cys Thr Met Ala Arg Tyr Phe Ala Asp Val Tyr Pro Gln Ser Arg
100 105 110

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

Trp Phe Asp Ile Pro Arg Ala Pro Arg Val Lys Ile Arg Val Asp Asp
130 135 140

Ala Arg Met Val Ala Glu Ser Phe Thr Pro Ala Ser Arg Asp Val Ile
145 150 155 160

Ile Arg Asp Val Phe Ala Gly Ala Ile Thr Pro Gln Asn Phe Thr Thr
165 170 175

Val Glu Phe Phe Glu His Cys His Arg Gly Leu Ala Pro Gly Gly Leu
180 185 190

Tyr Val Ala Asn Cys Gly Asp His Ser Asp Leu Arg Gly Ala Lys Ser
195 200 205

Glu Leu Ala Gly Met Met Glu Val Phe Glu His Val Ala Val Ile Ala
210 215 220

Asp Pro Pro Met Leu Lys Gly Arg Arg Tyr Gly Asn Ile Ile Leu Met
225 230 235 240

Gly Ser Asp Thr Glu Phe Phe Ser Ser Asn Ser Thr Glu Ala Ser Ala
245 250 255

Ile Thr Arg Glu Leu Leu Gly Gly Gly Val Pro Ala Gln Tyr Lys Asp
260 265 270

Glu Ser Trp Val Arg Lys Phe Ala Ser Gly Ala Gln Ala Arg His Asp
275 280 285

Gly Val Ser Thr Leu Gln Met Pro Ser Asp Thr Pro Gln His Pro Ala
290 295 300

Glu Thr Pro Glu His Ser Asn Thr Gln Pro
305 310

<210> 347
<211> 1662
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1639)
<223> RXA01508

<400> 347
ttccgggacg tttccgtgat ctccgtggaag atcccaaact ccgttccggt gccgtcgtgg 60

ccgccgtcat ctgatcgtg gtgggaaccg taaacgtgc atg tct gat tta gga 115
Met Ser Asp Leu Gly

1 5

ccc atc tgg cgc tgg ctg tta tta gtt tcc gtc tcc att tgt gcg gca 163
Pro Ile Trp Arg Trp Leu Leu Leu Val Ser Val Ser Ile Cys Ala Ala

10 15 20

tgc ggg ctg gtc tat gag cta gcc ctg gta tgc ctt tcc acc agc ttg 211
Ser Gly Leu Val Tyr Glu Leu Ala Leu Val Ser Leu Ser Thr Ser Leu

25 30 35

aac ggt ggc gga att gta gaa acc tcc ctc atc gtc gca ggt tat gta 259
Asn Gly Gly Gly Ile Val Glu Thr Ser Leu Ile Val Ala Gly Tyr Val

40 45 50

gct gcc ctt gga ctt ggt gca ctg ctg gtc aag ccg ttt ctc aac tgg 307
Ala Ala Leu Gly Leu Gly Ala Leu Leu Val Lys Pro Phe Leu Asn Trp

55 60 65

cct gcg caa acc ttc ctc ggt gtg gaa acc ctc ctt gga ctt att ggt 355
Pro Ala Gln Thr Phe Leu Gly Val Glu Thr Leu Leu Gly Leu Ile Gly

70 75 80 85

ggt tgt tcc gcg ctg gtg ctg tat ttc acc ttc gcg acc atc ggc caa 403
Gly Cys Ser Ala Leu Val Leu Tyr Phe Thr Phe Ala Thr Ile Gly Gln

90	95	100	
tcc ctg tgg att ctg gtg att gcc acc gct gca att ggc atc ctg gtc			451
Ser Leu Trp Ile Leu Val Ile Ala Thr Ala Ala Ile Gly Ile Leu Val			
105	110	115	
ggc gct gaa ctt cca ctg ctg atg acc atg atc cag caa ggc cgc ctc			499
Gly Ala Glu Leu Pro Leu Leu Met Thr Met Ile Gln Gln Gly Arg Leu			
120	125	130	
gcc gac gcc aaa acc aca gga tct ctg gtt gcc acc ttg aat gct gct			547
Ala Asp Ala Lys Thr Thr Gly Ser Leu Val Ala Thr Leu Asn Ala Ala			
135	140	145	
gat tac ctt ggc gca ctt tta ggt ggc ctg gcc tgg cct ttt gtg ttg			595
Asp Tyr Leu Gly Ala Leu Leu Gly Gly Leu Ala Trp Pro Phe Val Leu			
150	155	160	165
ctg ccg tgg ctt ggc atg atg cgc ggt gcc gca gca gcc gga atg atc			643
Leu Pro Trp Leu Gly Met Met Arg Gly Ala Ala Ala Ala Gly Met Ile			
170	175	180	
aac ctc gtt gca gca cta ttc gtg ggc tgt gtg ctg ctg cga cat ttg			691
Asn Leu Val Ala Ala Leu Phe Val Gly Cys Val Leu Leu Arg His Leu			
185	190	195	
ctt ccg cgc acc cac ttc ttc gta tcc gtg gtg gcg ctt ctt ctc gcg			739
Leu Pro Arg Thr His Phe Phe Val Ser Val Val Ala Leu Leu Leu Ala			
200	205	210	
atc gca gcg cta gcc acc gtg ttg gtg aaa tcc gac ggg atc gtt gcc			787
Ile Ala Ala Leu Ala Thr Val Leu Val Lys Ser Asp Gly Ile Val Ala			
215	220	225	
acc gcc cgc gca cag ctc tac cgc gac ccc gtg atc tat tca cac caa			835
Thr Ala Arg Ala Gln Leu Tyr Arg Asp Pro Val Ile Tyr Ser His Gln			
230	235	240	245
tct gac tac caa gac atc gta gtg aca gaa cga ggc aaa gac cga cgc			883
Ser Asp Tyr Gln Asp Ile Val Val Thr Glu Arg Gly Lys Asp Arg Arg			

250	255	260	
ctc tac ctc aat ggc ggt ttg cag tat tcc act cgt gac cag cat aga			931
Leu Tyr Leu Asn Gly Gly Leu Gln Tyr Ser Thr Arg Asp Gln His Arg			
265	270	275	
tat aca gaa tca ctg gtg tat cca agc ctt aat cca gag gca gaa tcg			979
Tyr Thr Glu Ser Leu Val Tyr Pro Ser Leu Asn Pro Glu Ala Glu Ser			
280	285	290	
gtg tta atc atc ggc ggt ggc gat ggc ctc gca gca cgg gaa ctc ctc			1027
Val Leu Ile Ile Gly Gly Gly Asp Gly Leu Ala Ala Arg Glu Leu Leu			
295	300	305	
cga ttc cca tca atg cag atc acc caa gtt gaa tta gac cca gaa gtc			1075
Arg Phe Pro Ser Met Gln Ile Thr Gln Val Glu Leu Asp Pro Glu Val			
310	315	320	325
atc gaa gta gcc aac aca gtg ctg cgc tct gac aat ggg gga gcg atg			1123
Ile Glu Val Ala Asn Thr Val Leu Arg Ser Asp Asn Gly Gly Ala Met			
330	335	340	
gaa gat ccc cgc gtc tcc atc atc gtt gac gac gct ttc acc tgg ctg			1171
Glu Asp Pro Arg Val Ser Ile Ile Val Asp Asp Ala Phe Thr Trp Leu			
345	350	355	
cgc tcc ggc gga aat aat ggc gaa act tac gat tcc atc atc atc gat			1219
Arg Ser Gly Gly Asn Asn Gly Glu Thr Tyr Asp Ser Ile Ile Ile Asp			
360	365	370	
ctt ccc gac cca aac aac gac acc atg gcc agg ctg tat tca gaa gag			1267
Leu Pro Asp Pro Asn Asn Asp Thr Met Ala Arg Leu Tyr Ser Glu Glu			
375	380	385	
ttc tac acc ttg gcc cga gca cga ctg aac gaa caa ggc cgc atg gtg			1315
Phe Tyr Thr Leu Ala Arg Ala Arg Leu Asn Glu Gln Gly Arg Met Val			
390	395	400	405
gtg caa tcc tcc agc gcc tac acc act cca gat gtg ttc tgg cga gtt			1363
Val Gln Ser Ser Ser Ala Tyr Thr Thr Pro Asp Val Phe Trp Arg Val			

410	415	420	
gga gca acc ttg aaa tcg gcg ggc tgt gaa caa gtc atc cca tat cac 1411			
Gly Ala Thr Leu Lys Ser Ala Gly Cys Glu Gln Val Ile Pro Tyr His			
425	430	435	
gtg cat gtt ccc aca ttt ggc gac tgg ggc ttc caa ctg tgt ggc cct 1459			
Val His Val Pro Thr Phe Gly Asp Trp Gly Phe Gln Leu Cys Gly Pro			
440	445	450	
gcc gac atg gaa tta gag ctt cgg gaa gac acc ccg cca ctg act ttc 1507			
Ala Asp Met Glu Leu Glu Leu Arg Glu Asp Thr Pro Pro Leu Thr Phe			
455	460	465	
ctt aat gat gaa gtt ctg gtg gct gct ggg gtg ttt ggg ttg gat aat 1555			
Leu Asn Asp Glu Val Leu Val Ala Ala Gly Val Phe Gly Leu Asp Asn			
470	475	480	485
cag cct cgt gaa ttg gaa cct tcc acg ctg gat cat ccc cgc gtg gtg 1603			
Gln Pro Arg Glu Leu Glu Pro Ser Thr Leu Asp His Pro Arg Val Val			
490	495	500	
gag gat ctg cgc aag gga tac cgc gaa tca ggc gac tagctgcaac 1649			
Glu Asp Leu Arg Lys Gly Tyr Arg Glu Ser Gly Asp			
505	510		
gatgcgctgt gtg 1662			

<210> 348

<211> 513

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 348

Met	Ser	Asp	Leu	Gly	Pro	Ile	Trp	Arg	Trp	Leu	Leu	Leu	Val	Ser	Val
1			5				10						15		

Ser	Ile	Cys	Ala	Ala	Ser	Gly	Leu	Val	Tyr	Glu	Leu	Ala	Leu	Val	Ser
			20				25						30		

Leu Ser Thr Ser Leu Asn Gly Gly Gly Ile Val Glu Thr Ser Leu Ile

35	40	45
Val Ala Gly Tyr Val Ala Ala Leu Gly Leu Gly Ala Leu Leu Val Lys		
50	55	60
Pro Phe Leu Asn Trp Pro Ala Gln Thr Phe Leu Gly Val Glu Thr Leu		
65	70	75
Leu Gly Leu Ile Gly Gly Cys Ser Ala Leu Val Leu Tyr Phe Thr Phe		
85	90	95
Ala Thr Ile Gly Gln Ser Leu Trp Ile Leu Val Ile Ala Thr Ala Ala		
100	105	110
Ile Gly Ile Leu Val Gly Ala Glu Leu Pro Leu Leu Met Thr Met Ile		
115	120	125
Gln Gln Gly Arg Leu Ala Asp Ala Lys Thr Thr Gly Ser Leu Val Ala		
130	135	140
Thr Leu Asn Ala Ala Asp Tyr Leu Gly Ala Leu Leu Gly Gly Leu Ala		
145	150	155
Trp Pro Phe Val Leu Leu Pro Trp Leu Gly Met Met Arg Gly Ala Ala		
165	170	175
Ala Ala Gly Met Ile Asn Leu Val Ala Ala Leu Phe Val Gly Cys Val		
180	185	190
Leu Leu Arg His Leu Leu Pro Arg Thr His Phe Phe Val Ser Val Val		
195	200	205
Ala Leu Leu Leu Ala Ile Ala Ala Leu Ala Thr Val Leu Val Lys Ser		
210	215	220
Asp Gly Ile Val Ala Thr Ala Arg Ala Gln Leu Tyr Arg Asp Pro Val		
225	230	235
Ile Tyr Ser His Gln Ser Asp Tyr Gln Asp Ile Val Val Thr Glu Arg		
245	250	255
Gly Lys Asp Arg Arg Leu Tyr Leu Asn Gly Gly Leu Gln Tyr Ser Thr		

260	265	270
Arg Asp Gln His Arg Tyr Thr Glu Ser Leu Val Tyr Pro Ser Leu Asn		
275	280	285
Pro Glu Ala Glu Ser Val Leu Ile Ile Gly Gly Gly Asp Gly Leu Ala		
290	295	300
Ala Arg Glu Leu Leu Arg Phe Pro Ser Met Gln Ile Thr Gln Val Glu		
305	310	315
Leu Asp Pro Glu Val Ile Glu Val Ala Asn Thr Val Leu Arg Ser Asp		
325	330	335
Asn Gly Gly Ala Met Glu Asp Pro Arg Val Ser Ile Ile Val Asp Asp		
340	345	350
Ala Phe Thr Trp Leu Arg Ser Gly Gly Asn Asn Gly Glu Thr Tyr Asp		
355	360	365
Ser Ile Ile Ile Asp Leu Pro Asp Pro Asn Asn Asp Thr Met Ala Arg		
370	375	380
Leu Tyr Ser Glu Glu Phe Tyr Thr Leu Ala Arg Ala Arg Leu Asn Glu		
385	390	395
Gln Gly Arg Met Val Val Gln Ser Ser Ser Ala Tyr Thr Thr Pro Asp		
405	410	415
Val Phe Trp Arg Val Gly Ala Thr Leu Lys Ser Ala Gly Cys Glu Gln		
420	425	430
Val Ile Pro Tyr His Val His Val Pro Thr Phe Gly Asp Trp Gly Phe		
435	440	445
Gln Leu Cys Gly Pro Ala Asp Met Glu Leu Glu Leu Arg Glu Asp Thr		
450	455	460
Pro Pro Leu Thr Phe Leu Asn Asp Glu Val Leu Val Ala Ala Gly Val		
465	470	475
Phe Gly Leu Asp Asn Gln Pro Arg Glu Leu Glu Pro Ser Thr Leu Asp		

485 490 495

His Pro Arg Val Val Glu Asp Leu Arg Lys Gly Tyr Arg Glu Ser Gly
500 505 510

Asp

<210> 349
<211> 924
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(901)
<223> RXA01757

<400> 349
cgcttattga acggatgcct ctcatcaag ccaacgagc tattgcacgt atttcagctg 60

gtaaaccacg tttccgtatt gtcttggagc cgaattcata atg cca aca gca agc 115
Met Pro Thr Ala Ser

1 5

cca att tat gat gtc gtt gtc gtc gga gcc ggc att tct ggc ctc atc 163
Pro Ile Tyr Asp Val Val Val Val Gly Ala Gly Ile Ser Gly Leu Ile

10 15 20

gcc acg caa ctg ttg gac cgc gca ggt cta aac atc aaa tgc ttc gaa 211
Ala Thr Gln Leu Leu Asp Arg Ala Gly Leu Asn Ile Lys Cys Phe Glu

25 30 35

gcc tgc tca aga gtt ggc ggc cga gca gtg tct gtc caa cag tcc gat 259
Ala Cys Ser Arg Val Gly Gly Arg Ala Val Ser Val Gln Gln Ser Asp

40 45 50

ttg ttc ctg gac ctc ggc gca aca tgg ttc tgg ctc aac gaa cca ctt 307
Leu Phe Leu Asp Leu Gly Ala Thr Trp Phe Trp Leu Asn Glu Pro Leu

55 60 65

gtg cag caa ctc gtc aat aat ctc ggc ctc ggc aca ttc cct cag gcc	355
Val Gln Gln Leu Val Asn Asn Leu Gly Leu Gly Thr Phe Pro Gln Ala	
70 75 80 85	
atc gag ggt gat gcg ctt ttt gag acg ctt gtc gac gcc ccg agc cgc	403
Ile Glu Gly Asp Ala Leu Phe Glu Thr Leu Val Asp Ala Pro Ser Arg	
90 95 100	
ctg cgg ggt aac ccc ata gac gct gct tca ggc agg ttc caa gca ggg	451
Leu Arg Gly Asn Pro Ile Asp Ala Ala Ser Gly Arg Phe Gln Ala Gly	
105 110 115	
gcc tcc tcg ctt gcg ctc ggg ctt gca gcc cag ctc aag cca gga gtt	499
Ala Ser Ser Leu Ala Leu Gly Leu Ala Ala Gln Leu Lys Pro Gly Val	
120 125 130	
tta gaa ctc ggg gac ccc gtc cat tct ctc agt gag gaa gat ggg gaa	547
Leu Glu Leu Gly Asp Pro Val His Ser Leu Ser Glu Glu Asp Gly Glu	
135 140 145	
atc gtt gtg aag tct tcc aaa cag att gtg agg gca aag cac gtc atc	595
Ile Val Val Lys Ser Ser Lys Gln Ile Val Arg Ala Lys His Val Ile	
150 155 160 165	
att gcg gtt cca ccg gca ctc gct gcc gag ttg att ggt ttc acc cta	643
Ile Ala Val Pro Pro Ala Leu Ala Ala Glu Leu Ile Gly Phe Thr Leu	
170 175 180	
gat tta cca gct gac gtg cga aaa gca gcg cat cca caa cat ata gct	691
Asp Leu Pro Ala Asp Val Arg Lys Ala Ala His Pro Gln His Ile Ala	
185 190 195	
gtg atg aat tgg gca aag gag aaa tac acc tta ccc aca caa gcc gca	739
Val Met Asn Trp Ala Lys Glu Lys Tyr Thr Leu Pro Thr Gln Ala Ala	
200 205 210	
tcg gct ggg ggt ttt ggg cat gag ctg ttc caa caa cca ctc gga cat	787
Ser Ala Gly Gly Phe Gly His Glu Leu Phe Gln Gln Pro Leu Gly His	
215 220 225	
ggg cga att cat tgg gca tca acg gaa gtt gcc act gag ttt ggt gga	835

Gly Arg Ile His Trp Ala Ser Thr Glu Val Ala Thr Glu Phe Gly Gly
230 235 240 245
cac ctt gaa ggc gca gtt cgt gca gga att cag gct gcg ctt caa aca 883
His Leu Glu Gly Ala Val Arg Ala Gly Ile Gln Ala Ala Leu Gln Thr
250 255 260
gga ttt aat cta aaa tct taaacctcgt attttccctg ata 924
Gly Phe Asn Leu Lys Ser
265
<210> 350
<211> 267
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 350
Met Pro Thr Ala Ser Pro Ile Tyr Asp Val Val Val Val Gly Ala Gly
1 5 10 15
Ile Ser Gly Leu Ile Ala Thr Gln Leu Leu Asp Arg Ala Gly Leu Asn
20 25 30
Ile Lys Cys Phe Glu Ala Cys Ser Arg Val Gly Gly Arg Ala Val Ser
35 40 45
Val Gln Gln Ser Asp Leu Phe Leu Asp Leu Gly Ala Thr Trp Phe Trp
50 55 60
Leu Asn Glu Pro Leu Val Gln Gln Leu Val Asn Asn Leu Gly Leu Gly
65 70 75 80
Thr Phe Pro Gln Ala Ile Glu Gly Asp Ala Leu Phe Glu Thr Leu Val
85 90 95
Asp Ala Pro Ser Arg Leu Arg Gly Asn Pro Ile Asp Ala Ala Ser Gly
100 105 110
Arg Phe Gln Ala Gly Ala Ser Ser Leu Ala Leu Gly Leu Ala Ala Gln
115 120 125
Leu Lys Pro Gly Val Leu Glu Leu Gly Asp Pro Val His Ser Leu Ser

130 135 140
 Glu Glu Asp Gly Glu Ile Val Val Lys Ser Ser Lys Gln Ile Val Arg
 145 150 155 160
 Ala Lys His Val Ile Ile Ala Val Pro Pro Ala Leu Ala Ala Glu Leu
 165 170 175
 Ile Gly Phe Thr Leu Asp Leu Pro Ala Asp Val Arg Lys Ala Ala His
 180 185 190
 Pro Gln His Ile Ala Val Met Asn Trp Ala Lys Glu Lys Tyr Thr Leu
 195 200 205
 Pro Thr Gln Ala Ala Ser Ala Gly Gly Phe Gly His Glu Leu Phe Gln
 210 215 220
 Gln Pro Leu Gly His Gly Arg Ile His Trp Ala Ser Thr Glu Val Ala
 225 230 235 240
 Thr Glu Phe Gly Gly His Leu Glu Gly Ala Val Arg Ala Gly Ile Gln
 245 250 255
 Ala Ala Leu Gln Thr Gly Phe Asn Leu Lys Ser
 260 265
 <210> 351
 <211> 636
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(613)
 <223> RXA02159
 <400> 351
 tgatggacca gcgctccaaag ttttcgatga agcagaaaac cgcctccacg ctcagaaagc 60
 actgctggtg tggtgctggtg ccaaccagcc gaggtgaagac atg tcc ctt ggc tca 115
 Met Ser Leu Gly Ser

	1	5	
acc ccg tca aca ccg gaa aac tta aat ccc gtg act cgc act gca cgc			163
Thr Pro Ser Thr Pro Glu Asn Leu Asn Pro Val Thr Arg Thr Ala Arg			
	10	15	20
caa gct ctc att ttg cag att ttg gac aaa caa aaa gtc acc agc cag			211
Gln Ala Leu Ile Leu Gln Ile Leu Asp Lys Gln Lys Val Thr Ser Gln			
	25	30	35
gta caa ctg tct gaa ttg ctg ctg gat gaa ggc atc gat atc acc cag			259
Val Gln Leu Ser Glu Leu Leu Leu Asp Glu Gly Ile Asp Ile Thr Gln			
	40	45	50
gcc acc ttg tcc cga gat ctc gat gaa ctc ggt gca cgc aag gtt cgc			307
Ala Thr Leu Ser Arg Asp Leu Asp Glu Leu Gly Ala Arg Lys Val Arg			
	55	60	65
ccc gat ggg gga cgc gcc tac tac gcg gtc ggc cca gta gat agc atc			355
Pro Asp Gly Gly Arg Ala Tyr Tyr Ala Val Gly Pro Val Asp Ser Ile			
70	75	80	85
gcc cgc gaa gat ctc cgg ggt ccg tcg gag aag ctg cgc cgc atg ctt			403
Ala Arg Glu Asp Leu Arg Gly Pro Ser Glu Lys Leu Arg Arg Met Leu			
	90	95	100
gat gaa ctg ctg gtt tct aca gat cat tcc ggc aac atc gcg atg ctg			451
Asp Glu Leu Leu Val Ser Thr Asp His Ser Gly Asn Ile Ala Met Leu			
	105	110	115
cgc acc ccg ccg gga gct gcc cag tac ctg gca agt ttc atc gat agg			499
Arg Thr Pro Pro Gly Ala Ala Gln Tyr Leu Ala Ser Phe Ile Asp Arg			
	120	125	130
gtg ggg ctg aaa gaa gtc gtt ggc acc atc gct ggt gat gac acc gtt			547
Val Gly Leu Lys Glu Val Val Gly Thr Ile Ala Gly Asp Asp Thr Val			
	135	140	145
ttc gtt ctc gcc cgt gat ccg ctc aca ggt aaa gaa cta ggt gaa tta			595
Phe Val Leu Ala Arg Asp Pro Leu Thr Gly Lys Glu Leu Gly Glu Leu			

150 155 160 165

ctc agc ggg cgc acc act taaagcgccc ctagttcaag gct 636

Leu Ser Gly Arg Thr Thr

170

<210> 352

<211> 171

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 352

Met Ser Leu Gly Ser Thr Pro Ser Thr Pro Glu Asn Leu Asn Pro Val
1 5 10 15

Thr Arg Thr Ala Arg Gln Ala Leu Ile Leu Gln Ile Leu Asp Lys Gln
20 25 30

Lys Val Thr Ser Gln Val Gln Leu Ser Glu Leu Leu Leu Asp Glu Gly
35 40 45

Ile Asp Ile Thr Gln Ala Thr Leu Ser Arg Asp Leu Asp Glu Leu Gly
50 55 60

Ala Arg Lys Val Arg Pro Asp Gly Gly Arg Ala Tyr Tyr Ala Val Gly
65 70 75 80

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

Leu Arg Arg Met Leu Asp Glu Leu Leu Val Ser Thr Asp His Ser Gly
100 105 110

Asn Ile Ala Met Leu Arg Thr Pro Pro Gly Ala Ala Gln Tyr Leu Ala
115 120 125

Ser Phe Ile Asp Arg Val Gly Leu Lys Glu Val Val Gly Thr Ile Ala
130 135 140

Gly Asp Asp Thr Val Phe Val Leu Ala Arg Asp Pro Leu Thr Gly Lys
145 150 155 160

Glu Leu Gly Glu Leu Leu Ser Gly Arg Thr Thr
165 170

<210> 353
<211> 414
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(391)
<223> RXN02154

<400> 353
cccagaacct cggcgaagtc agcgacaagc cagtcaaggt gagcttcacc ccagtgcttg 60

caccgttacc tcgcgaattc tcaccactgc aaccgcacct ttg aaa gaa ggc gtt 115
Leu Lys Glu Gly Val

1 5

acc gca gaa cag gct cgc gca gta tat gaa gag ttc tat gca cag gaa 163
Thr Ala Glu Gln Ala Arg Ala Val Tyr Glu Glu Phe Tyr Ala Gln Glu

10 15 20

acc ttc gtg cat gtt ctt cca gaa ggt gca cag cca caa acc caa gca 211
Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln Pro Gln Thr Gln Ala

25 30 35

gtt ctt ggc tcc aac atg tgc cac gtg cag gta gaa att gat gag gaa 259
Val Leu Gly Ser Asn Met Cys His Val Gln Val Glu Ile Asp Glu Glu

40 45 50

gca ggc aaa gtc ctt gtt acc tcc gca atc gat aac ctc acc aag gga 307
Ala Gly Lys Val Leu Val Thr Ser Ala Ile Asp Asn Leu Thr Lys Gly

55 60 65

act gcc ggc gcc gct gtt cag tgc atg aac tta agc gtt ggt ttt gat 355
Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu Ser Val Gly Phe Asp

70 75 80 85

gag gca gca ggc ctg cca cag gtc ggc gtc gca cct taaagtagcg 401
Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala Pro

90

95

ccttaaagcg gcg

414

<210> 354

<211> 97

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 354

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

Phe Tyr Ala Gln Glu Thr Phe Val His Val Leu Pro Glu Gly Ala Gln
20 25 30

Pro Gln Thr Gln Ala Val Leu Gly Ser Asn Met Cys His Val Gln Val
35 40 45

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

Asn Leu Thr Lys Gly Thr Ala Gly Ala Ala Val Gln Cys Met Asn Leu
65 70 75 80

Ser Val Gly Phe Asp Glu Ala Ala Gly Leu Pro Gln Val Gly Val Ala
85 90 95

Pro

<210> 355

<211> 1302

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1279)

<223> RXS00147

<400> 355

attgcatata atgcaatgaa ttgaataaac tacattcagg gttatcaacc agccaatttc 60

ttttaaaaag gcagacacac gaaaggcgac aacagtcacc gtg agt aaa gac acc 115
Val Ser Lys Asp Thr

1 5

acc acc tac cag gga gtc acc gag atc gga tcc gtt ccg gca tac ctg 163
Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser Val Pro Ala Tyr Leu

10 15 20

gtt ctt gca gac gga cgt acc ttc acc gga ttt ggc ttt gga gct atc 211
Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe Gly Phe Gly Ala Ile

25 30 35

ggc acc acc ctt ggt gag gca gtg ttc act acc gcc atg acc ggt tac 259
Gly Thr Thr Leu Gly Glu Ala Val Phe Thr Thr Ala Met Thr Gly Tyr

40 45 50

caa gaa acc atg acc gat cct tcc tat cac cgc cag att gtt gtg gct 307
Gln Glu Thr Met Thr Asp Pro Ser Tyr His Arg Gln Ile Val Val Ala

55 60 65

acc gca cca cag atc ggc aac acc ggc tgg aac gat gag gac aac gag 355
Thr Ala Pro Gln Ile Gly Asn Thr Gly Trp Asn Asp Glu Asp Asn Glu

70 75 80 85

tcc cgc gac ggc aag att tgg gtt gca ggc ctt gtt atc cgc gac ctc 403
Ser Arg Asp Gly Lys Ile Trp Val Ala Gly Leu Val Ile Arg Asp Leu

90 95 100

gca gca cgt gtg tcc aac tgg cgc gcc acc acc tcc ttg cag cag gaa 451
Ala Ala Arg Val Ser Asn Trp Arg Ala Thr Thr Ser Leu Gln Gln Glu

105 110 115

atg gca ggc cag ggc atc gtc ggc atc ggc gga atc gac acc cgc gca 499
Met Ala Gly Gln Gly Ile Val Gly Ile Gly Gly Ile Asp Thr Arg Ala

120 125 130

ctg gtt cgc cac ctg cgc aat gaa ggt tcc att gca gcg ggc atc ttc 547
Leu Val Arg His Leu Arg Asn Glu Gly Ser Ile Ala Ala Gly Ile Phe

135	140	145	
tcc ggc gct gac gca cag cgc cca gtt gaa gaa ctc gta gag atc gtc	595		
Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu Leu Val Glu Ile Val			
150	155	160	165
aag aat cag cca gca atg acc ggc gca aac ctc tcc gtt gag gtc tct	643		
Lys Asn Gln Pro Ala Met Thr Gly Ala Asn Leu Ser Val Glu Val Ser			
	170	175	180
gct gat gaa acc tac gtc atc gaa gct gaa ggc gaa gag cgc cac acc	691		
Ala Asp Glu Thr Tyr Val Ile Glu Ala Glu Gly Glu Glu Arg His Thr			
	185	190	195
gtc gtg gcc tac gac ctg ggc att aag caa aac acc cca cgt cgt ttc	739		
Val Val Ala Tyr Asp Leu Gly Ile Lys Gln Asn Thr Pro Arg Arg Phe			
	200	205	210
tct gca cgc ggt gtt cgc acc gtc atc gtg cct gct gaa acc cca ttc	787		
Ser Ala Arg Gly Val Arg Thr Val Ile Val Pro Ala Glu Thr Pro Phe			
	215	220	225
gag gat atc aag cag tac aac cca tca ggc gtg ttc atc tcc aac ggc	835		
Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val Phe Ile Ser Asn Gly			
230	235	240	245
cct ggc gat cct gca gca gca gac gtc atg gtt gat atc gtc cgc gaa	883		
Pro Gly Asp Pro Ala Ala Ala Asp Val Met Val Asp Ile Val Arg Glu			
	250	255	260
gtt ctt gaa gcc gac att cca ttc ttt ggc atc tgc ttc ggc aac cag	931		
Val Leu Glu Ala Asp Ile Pro Phe Phe Gly Ile Cys Phe Gly Asn Gln			
	265	270	275
att ctt ggc cgc gca ttc ggc atg gag acc tac aag ctg aag ttc ggc	979		
Ile Leu Gly Arg Ala Phe Gly Met Glu Thr Tyr Lys Leu Lys Phe Gly			
	280	285	290
cac cgc ggc atc aac gtt cca gtg aag aac cac atc acc ggc aag atc	1027		
His Arg Gly Ile Asn Val Pro Val Lys Asn His Ile Thr Gly Lys Ile			

295 300 305

gac atc acc gcc cag aac cac ggc ttc gca ctc aag ggt gaa gca ggc 1075
Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu Lys Gly Glu Ala Gly

310 315 320 325

cag gaa ttc gag acc gat ttc ggc act gca att gtc acc cac acc tgc 1123
Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile Val Thr His Thr Cys

330 335 340

ctc aac gac ggc gtc gtt gaa ggt att gcg ctg aag tcc gga cgc gca 1171
Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu Lys Ser Gly Arg Ala

345 350 355

tac tcc gtt cag tac cac cca gag gcc gct gcc ggc cca aat gat gca 1219
Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala Gly Pro Asn Asp Ala

360 365 370

agc ccc ctg ttt gac cag ttt gtt gag ctg atg gat gca gac gct cag 1267
Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met Asp Ala Asp Ala Gln

375 380 385

aag aaa ggc gca taaataacat gccaaagcgt tca 1302
Lys Lys Gly Ala

390

<210> 356
<211> 393
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 356
Val Ser Lys Asp Thr Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser
1 5 10 15

Val Pro Ala Tyr Leu Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe
20 25 30

Gly Phe Gly Ala Ile Gly Thr Thr Leu Gly Glu Ala Val Phe Thr Thr
35 40 45

Ala Met Thr Gly Tyr Gln Glu Thr Met Thr Asp Pro Ser Tyr His Arg
50 55 60

Gln Ile Val Val Ala Thr Ala Pro Gln Ile Gly Asn Thr Gly Trp Asn
65 70 75 80

Asp Glu Asp Asn Glu Ser Arg Asp Gly Lys Ile Trp Val Ala Gly Leu
85 90 95

Val Ile Arg Asp Leu Ala Ala Arg Val Ser Asn Trp Arg Ala Thr Thr
100 105 110

Ser Leu Gln Gln Glu Met Ala Gly Gln Gly Ile Val Gly Ile Gly Gly
115 120 125

Ile Asp Thr Arg Ala Leu Val Arg His Leu Arg Asn Glu Gly Ser Ile
130 135 140

Ala Ala Gly Ile Phe Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu
145 150 155 160

Leu Val Glu Ile Val Lys Asn Gln Pro Ala Met Thr Gly Ala Asn Leu
165 170 175

Ser Val Glu Val Ser Ala Asp Glu Thr Tyr Val Ile Glu Ala Glu Gly
180 185 190

Glu Glu Arg His Thr Val Val Ala Tyr Asp Leu Gly Ile Lys Gln Asn
195 200 205

Thr Pro Arg Arg Phe Ser Ala Arg Gly Val Arg Thr Val Ile Val Pro
210 215 220

Ala Glu Thr Pro Phe Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val
225 230 235 240

Phe Ile Ser Asn Gly Pro Gly Asp Pro Ala Ala Ala Asp Val Met Val
245 250 255

Asp Ile Val Arg Glu Val Leu Glu Ala Asp Ile Pro Phe Phe Gly Ile
260 265 270

Cys Phe Gly Asn Gln Ile Leu Gly Arg Ala Phe Gly Met Glu Thr Tyr
275 280 285

Lys Leu Lys Phe Gly His Arg Gly Ile Asn Val Pro Val Lys Asn His
290 295 300

Ile Thr Gly Lys Ile Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu
305 310 315 320

Lys Gly Glu Ala Gly Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile
325 330 335

Val Thr His Thr Cys Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu
340 345 350

Lys Ser Gly Arg Ala Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala
355 360 365

Gly Pro Asn Asp Ala Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met
370 375 380

Asp Ala Asp Ala Gln Lys Lys Gly Ala
385 390

<210> 357
<211> 924
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(901)
<223> RXS00905

<400> 357
cgctgcccct ctatgctgct cctagttacc cctgcacaaa tagcgggtttt tctcagcat 60

tctgcatcga gtcgggtcga cgtatataag gtggaaaggc atg acc caa ttc gaa 115
Met Thr Gln Phe Glu

1 5

aac gcg caa gta ctt aaa gag aac atc gaa aac caa cgc gag cag atc 163

Asn Ala Gln Val Leu Lys Glu Asn Ile Glu Asn Gln Arg Glu Gln Ile	
10 15 20	
ttt acc cag ttg aaa gaa att gtg tct ttc aac tcc gtg cac agc gat	211
Phe Thr Gln Leu Lys Glu Ile Val Ser Phe Asn Ser Val His Ser Asp	
25 30 35	
cca aac cta ctg gag gac tac gcc ggc gcg aaa gaa tgg gta aaa gaa	259
Pro Asn Leu Leu Glu Asp Tyr Ala Gly Ala Lys Glu Trp Val Lys Glu	
40 45 50	
aca ctg acc aac gca ggt ctc acc gtc agc gaa ttc gct gcc gaa gat	307
Thr Leu Thr Asn Ala Gly Leu Thr Val Ser Glu Phe Ala Ala Glu Asp	
55 60 65	
gga acc acc aac ttc atc ggc acc cgc aag ggc tcc gaa ggt gca cca	355
Gly Thr Thr Asn Phe Ile Gly Thr Arg Lys Gly Ser Glu Gly Ala Pro	
70 75 80 85	
aag gta ctg ctg tac agc cac ttc gac gtt gtc cca tcc ggc cct ttg	403
Lys Val Leu Leu Tyr Ser His Phe Asp Val Val Pro Ser Gly Pro Leu	
90 95 100	
gat ctc tgg gac acc aat cct ttt gaa ctc acc gag cgc gac gct ggc	451
Asp Leu Trp Asp Thr Asn Pro Phe Glu Leu Thr Glu Arg Asp Ala Gly	
105 110 115	
cac ggc acc cgc tgg tac ggc cgc ggc gcc gct gac tgc aag ggc aac	499
His Gly Thr Arg Trp Tyr Gly Arg Gly Ala Ala Asp Cys Lys Gly Asn	
120 125 130	
ctg gtc atg cac ctc gca gca ctg cgc gcc gtc gaa gcc agc ggc gac	547
Leu Val Met His Leu Ala Ala Leu Arg Ala Val Glu Ala Ser Gly Asp	
135 140 145	
acc aca ctc aac ctc acc tac gtg gtc gag ggc tcc gag gaa atg gga	595
Thr Thr Leu Asn Leu Thr Tyr Val Val Glu Gly Ser Glu Glu Met Gly	
150 155 160 165	
ggc gga gcg ctc agc gcg ctc atc aag gac aag cct gag ctt ttc gac	643

Gly Gly Ala Leu Ser Ala Leu Ile Lys Asp Lys Pro Glu Leu Phe Asp

170 175 180

gca gat gtc atc ttg att gca gac agc gga aac gct tcc gtg ggc acc 691
Ala Asp Val Ile Leu Ile Ala Asp Ser Gly Asn Ala Ser Val Gly Thr

185 190 195

cca acc ttg acc act acc ctg cgc ggt ggc gga cag gtc acc gtc acc 739
Pro Thr Leu Thr Thr Thr Leu Arg Gly Gly Gly Gln Val Thr Val Thr

200 205 210

gtg gac acc ctt gaa ggc gct gtt cac tcc ggc cag aac ggt ggc gct 787
Val Asp Thr Leu Glu Gly Ala Val His Ser Gly Gln Asn Gly Gly Ala

215 220 225

gcc cca gat gct gtt gct gct ctc gtg cgc gtt ctg gat act ttg cgc 835
Ala Pro Asp Ala Val Ala Ala Leu Val Arg Val Leu Asp Thr Leu Arg

230 235 240 245

gat gaa cac gga cgc acc gtt atc gac ggc tgt caa cac cac cgc aaa 883
Asp Glu His Gly Arg Thr Val Ile Asp Gly Cys Gln His His Arg Lys

250 255 260

ctg gaa ggg cga gcc tta tgatccagag actttccgca gcg 924
Leu Glu Gly Arg Ala Leu

265

<210> 358

<211> 267

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 358

Met Thr Gln Phe Glu Asn Ala Gln Val Leu Lys Glu Asn Ile Glu Asn

1 5 10 15

Gln Arg Glu Gln Ile Phe Thr Gln Leu Lys Glu Ile Val Ser Phe Asn

20 25 30

Ser Val His Ser Asp Pro Asn Leu Leu Glu Asp Tyr Ala Gly Ala Lys

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

260

265

<210> 359

<211> 627

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(604)

<223> RXS00906

<400> 359

accgtggaca cccttgaagg cgctgttcac tccggccaga acggtggcgc tgccccagat 60

gctgttgctg ctctcgtgcg cggttctggat actttgcgcg atg aac acg gac gca 115
Met Asn Thr Asp Ala

1 5

ccg tta tcg acg gct gtc aac acc acc gca aac tgg aag ggc gag cct 163
Pro Leu Ser Thr Ala Val Asn Thr Thr Ala Asn Trp Lys Gly Glu Pro

10 15 20

tat gat cca gag act ttc cgc agc gat gcc ggc atc ctc gac ggt gta 211
Tyr Asp Pro Glu Thr Phe Arg Ser Asp Ala Gly Ile Leu Asp Gly Val

25 30 35

gac atc atg ggc gac ggc gac aac cca gca agc atg ctg tgg tcc agg 259
Asp Ile Met Gly Asp Gly Asp Asn Pro Ala Ser Met Leu Trp Ser Arg

40 45 50

cct gca atc tcc atc acc gga ttc act tcc acc cca gtg gca gaa gca 307
Pro Ala Ile Ser Ile Thr Gly Phe Thr Ser Thr Pro Val Ala Glu Ala

55 60 65

ctc aac gca gtg ccc gca acg gcg tcc gcc aag cta aac ctt cgc gtg 355
Leu Asn Ala Val Pro Ala Thr Ala Ser Ala Lys Leu Asn Leu Arg Val

70 75 80 85

cca gca ggc ctg gaa gca aac gat gtg gcc gag aag ctg aag cag cac 403
Pro Ala Gly Leu Glu Ala Asn Asp Val Ala Glu Lys Leu Lys Gln His

90	95	100	
ctg atc aat cac aca cct tgg ggc gca aag atc acg gtg gag atc gat			451
Leu Ile Asn His Thr Pro Trp Gly Ala Lys Ile Thr Val Glu Ile Asp			
105	110	115	
gac att aac caa ccg ttc tcc acc gat att acc ggc cct gca atg tcc			499
Asp Ile Asn Gln Pro Phe Ser Thr Asp Ile Thr Gly Pro Ala Met Ser			
120	125	130	
acc ctg gcg tcc tgc ctg agc gct gcg tac gag ggc aag gat ctt gtc			547
Thr Leu Ala Ser Cys Leu Ser Ala Ala Tyr Glu Gly Lys Asp Leu Val			
135	140	145	
acc gaa ggc agc ggc gga tcc att cca ctg tgt acc gaa ctg att gag			595
Thr Glu Gly Ser Gly Gly Ser Ile Pro Leu Cys Thr Glu Leu Ile Glu			
150	155	160	165
gtc aac cca taagcagaat tggcactcta cgg			627
Val Asn Pro			

<210> 360
 <211> 168
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 360
 Met Asn Thr Asp Ala Pro Leu Ser Thr Ala Val Asn Thr Thr Ala Asn
 1 5 10 15

Trp Lys Gly Glu Pro Tyr Asp Pro Glu Thr Phe Arg Ser Asp Ala Gly
 20 25 30

Ile Leu Asp Gly Val Asp Ile Met Gly Asp Gly Asp Asn Pro Ala Ser
 35 40 45

Met Leu Trp Ser Arg Pro Ala Ile Ser Ile Thr Gly Phe Thr Ser Thr
 50 55 60

Pro Val Ala Glu Ala Leu Asn Ala Val Pro Ala Thr Ala Ser Ala Lys

Pro Asn Glu Ile Arg Asp Ile Ala Thr Ala Glu Ala Leu Phe Leu Leu

25 30 35

aac tac acc aag tagaccctaa agcaggcggtt aac 246
Asn Tyr Thr Lys

40

<210> 362

<211> 41

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 362

Leu Ala Leu Tyr Gly Val Glu Glu Pro Leu Thr Val Ile His Ser Ala
1 5 10 15

Asn Glu Ser Val Asp Pro Asn Glu Ile Arg Asp Ile Ala Thr Ala Glu
20 25 30

Ala Leu Phe Leu Leu Asn Tyr Thr Lys
35 40

<210> 363

<211> 1281

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1258)

<223> RXS02001

<400> 363

gcggtttcgt catggataag gactgtgttc gggaccattg cgatactcgt gtcaaaaggc 60

gatagtccag catagaccgt gctttatcga aggtgaaccc atg ccc gtt atc aat 115
Met Pro Val Ile Asn

1 5

agt atc gcc agt ttt tcc gac gag atg acc cgc tgg cgg cgt cac ctg 163
Ser Ile Ala Ser Phe Ser Asp Glu Met Thr Arg Trp Arg Arg His Leu

10	15	20	
cat caa aac ccc gaa atc agc ttt gat tgt gtg gaa act gcg gcc ttc			211
His Gln Asn Pro Glu Ile Ser Phe Asp Cys Val Glu Thr Ala Ala Phe			
25	30	35	
gtg gcc gag cag ctg cgc agc ttc ggg gtg gat gaa att cac acc ggc			259
Val Ala Glu Gln Leu Arg Ser Phe Gly Val Asp Glu Ile His Thr Gly			
40	45	50	
atc gcg aaa acc ggt atc atc gcc ctg att cac ggg cgc gag gct ggc			307
Ile Ala Lys Thr Gly Ile Ile Ala Leu Ile His Gly Arg Glu Ala Gly			
55	60	65	
ccc gtc gtc ggc ctg cgc gcc gat atg gac gcg ctg ccg ctg acc gag			355
Pro Val Val Gly Leu Arg Ala Asp Met Asp Ala Leu Pro Leu Thr Glu			
70	75	80	85
att acc ggc gtc gac tat gcc tcg acc acc ccc gga aaa atg cac gcc			403
Ile Thr Gly Val Asp Tyr Ala Ser Thr Thr Pro Gly Lys Met His Ala			
90	95	100	
tgc ggc cac gac ggc cac acg acc atg ctg ctg ggc gcc gcc aaa tat			451
Cys Gly His Asp Gly His Thr Thr Met Leu Leu Gly Ala Ala Lys Tyr			
105	110	115	
ctg gcc gag acg cgc aat ttc gca ggt acc gtc gcg ctg atc ttc cag			499
Leu Ala Glu Thr Arg Asn Phe Ala Gly Thr Val Ala Leu Ile Phe Gln			
120	125	130	
cct gcg gaa gaa aac ggc ggc ggc gcg ggc gtt atg gtc gat gaa ggc			547
Pro Ala Glu Glu Asn Gly Gly Gly Ala Gly Val Met Val Asp Glu Gly			
135	140	145	
gtc ctc gac cgc ttt gcc atc gcc gaa gtc tac gcc ctg cac aac cag			595
Val Leu Asp Arg Phe Ala Ile Ala Glu Val Tyr Ala Leu His Asn Gln			
150	155	160	165
ccc ggc ctg ccg ctt ggc cat ttt atg acg aca gcc ggc ccg atc atg			643
Pro Gly Leu Pro Leu Gly His Phe Met Thr Thr Ala Gly Pro Ile Met			

170	175	180	
gcc gct gtc gac acg ttc gac atc aac att acc gga cgc ggc ggc cac			691
Ala Ala Val Asp Thr Phe Asp Ile Asn Ile Thr Gly Arg Gly Gly His			
185	190	195	
ggc gcc aaa ccg cac caa acc cgc gac ccc atc gtc gca gcc gtc gga			739
Gly Ala Lys Pro His Gln Thr Arg Asp Pro Ile Val Ala Ala Val Gly			
200	205	210	
att gtc caa gcg ttt caa acg ata gtc agc cgg aat cac aat ccg gtc			787
Ile Val Gln Ala Phe Gln Thr Ile Val Ser Arg Asn His Asn Pro Val			
215	220	225	
gag gac ctt gtc gtg tcg gtc acg caa atc cac acc ggc agc gcc gat			835
Glu Asp Leu Val Val Ser Val Thr Gln Ile His Thr Gly Ser Ala Asp			
230	235	240	245
aat atc atc ccc gaa acc gcc tat atc aac ggc act gtc cgc acc ttc			883
Asn Ile Ile Pro Glu Thr Ala Tyr Ile Asn Gly Thr Val Arg Thr Phe			
250	255	260	
aac aaa gac gtg cag gcc atg gtc atc acg cgg atg gaa gaa atc gtc			931
Asn Lys Asp Val Gln Ala Met Val Ile Thr Arg Met Glu Glu Ile Val			
265	270	275	
gcg ggc caa gct gca gcc tat ggg gtc gag gcg acg ctg acc tac aac			979
Ala Gly Gln Ala Ala Ala Tyr Gly Val Glu Ala Thr Leu Thr Tyr Asn			
280	285	290	
cgc aac tat ccc gcc acc att aac gac gcc gcc aaa gcc gcc atc gct			1027
Arg Asn Tyr Pro Ala Thr Ile Asn Asp Ala Ala Lys Ala Ala Ile Ala			
295	300	305	
gcc gaa gtc gcg ggc gag gtc ggc ctc ggg gtc aac ccg aac ggc tcg			1075
Ala Glu Val Ala Gly Glu Val Gly Leu Gly Val Asn Pro Asn Gly Ser			
310	315	320	325
cgc ggg atg ggg gcc gag gat ttc tcg tat ttc ctc gaa aag cgc ccg			1123
Arg Gly Met Gly Ala Glu Asp Phe Ser Tyr Phe Leu Glu Lys Arg Pro			

330 335 340
 ggt gcc tac ctg ttc gtc ggt aat ggc gac agc gcg ggc ctt cac aac 1171
 Gly Ala Tyr Leu Phe Val Gly Asn Gly Asp Ser Ala Gly Leu His Asn

345 350 355
 ccc gcc tat aat ttc aac gac gag gcc gcg ccc tac ggc gca tcg ttc 1219
 Pro Ala Tyr Asn Phe Asn Asp Glu Ala Ala Pro Tyr Gly Ala Ser Phe

360 365 370
 ttg gcc cgc atg gca gaa cgc ccc ttg ccg tta aag ggc tgatccatgg 1268
 Leu Ala Arg Met Ala Glu Arg Pro Leu Pro Leu Lys Gly

375 380 385
 cgctcgaaga tgc 1281

<210> 364
 <211> 386
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 364
 Met Pro Val Ile Asn Ser Ile Ala Ser Phe Ser Asp Glu Met Thr Arg
 1 5 10 15

Trp Arg Arg His Leu His Gln Asn Pro Glu Ile Ser Phe Asp Cys Val
 20 25 30

Glu Thr Ala Ala Phe Val Ala Glu Gln Leu Arg Ser Phe Gly Val Asp
 35 40 45

Glu Ile His Thr Gly Ile Ala Lys Thr Gly Ile Ile Ala Leu Ile His
 50 55 60

Gly Arg Glu Ala Gly Pro Val Val Gly Leu Arg Ala Asp Met Asp Ala
 65 70 75 80

Leu Pro Leu Thr Glu Ile Thr Gly Val Asp Tyr Ala Ser Thr Thr Pro
 85 90 95

Gly Lys Met His Ala Cys Gly His Asp Gly His Thr Thr Met Leu Leu

100	105	110
Gly Ala Ala Lys Tyr Leu Ala Glu Thr Arg Asn Phe Ala Gly Thr Val		
115	120	125
Ala Leu Ile Phe Gln Pro Ala Glu Glu Asn Gly Gly Gly Ala Gly Val		
130	135	140
Met Val Asp Glu Gly Val Leu Asp Arg Phe Ala Ile Ala Glu Val Tyr		
145	150	155
Ala Leu His Asn Gln Pro Gly Leu Pro Leu Gly His Phe Met Thr Thr		
165	170	175
Ala Gly Pro Ile Met Ala Ala Val Asp Thr Phe Asp Ile Asn Ile Thr		
180	185	190
Gly Arg Gly Gly His Gly Ala Lys Pro His Gln Thr Arg Asp Pro Ile		
195	200	205
Val Ala Ala Val Gly Ile Val Gln Ala Phe Gln Thr Ile Val Ser Arg		
210	215	220
Asn His Asn Pro Val Glu Asp Leu Val Val Ser Val Thr Gln Ile His		
225	230	235
Thr Gly Ser Ala Asp Asn Ile Ile Pro Glu Thr Ala Tyr Ile Asn Gly		
245	250	255
Thr Val Arg Thr Phe Asn Lys Asp Val Gln Ala Met Val Ile Thr Arg		
260	265	270
Met Glu Glu Ile Val Ala Gly Gln Ala Ala Ala Tyr Gly Val Glu Ala		
275	280	285
Thr Leu Thr Tyr Asn Arg Asn Tyr Pro Ala Thr Ile Asn Asp Ala Ala		
290	295	300
Lys Ala Ala Ile Ala Ala Glu Val Ala Gly Glu Val Gly Leu Gly Val		
305	310	315
Asn Pro Asn Gly Ser Arg Gly Met Gly Ala Glu Asp Phe Ser Tyr Phe		

325 330 335

Leu Glu Lys Arg Pro Gly Ala Tyr Leu Phe Val Gly Asn Gly Asp Ser
340 345 350

Ala Gly Leu His Asn Pro Ala Tyr Asn Phe Asn Asp Glu Ala Ala Pro
355 360 365

Tyr Gly Ala Ser Phe Leu Ala Arg Met Ala Glu Arg Pro Leu Pro Leu
370 375 380

Lys Gly
385

<210> 365
<211> 1386
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1363)
<223> RXS02101

<400> 365
gccatggaat gctccgttga acgcaacagc cttaaataca atccctcct ataagccaag 60

agtttttagtg tcgctgcgca ggtactctac tatctaatacc atg agc cgc att tca 115
Met Ser Arg Ile Ser

1 5

gaa ctt cta aac aat cat ggt gtt gat ctg tcg tgg caa gag gcc gca 163
Glu Leu Leu Asn Asn His Gly Val Asp Leu Ser Trp Gln Glu Ala Ala

10 15 20

tat cag gat ttc cac gaa cat cct gag ctc tcc ggc ttc gaa tca gag 211
Tyr Gln Asp Phe His Glu His Pro Glu Leu Ser Gly Phe Glu Ser Glu

25 30 35

acc gca gat cgc att cag aaa tac ctc gag cgt ttt gat tgt gag gtg 259
Thr Ala Asp Arg Ile Gln Lys Tyr Leu Glu Arg Phe Asp Cys Glu Val

40	45	50	
att cca aat gtt ggc ggt tac ggc att ctg gcc gtg ttc cga aat ggg			307
Ile Pro Asn Val Gly Gly Tyr Gly Ile Leu Ala Val Phe Arg Asn Gly			
55	60	65	
tcg aca gat cct ggt gcc cct gtt gcg tta atg cgc gca gat ttc gat			355
Ser Thr Asp Pro Gly Ala Pro Val Ala Leu Met Arg Ala Asp Phe Asp			
70	75	80	85
ggc ctt ccc gtc aag gaa atc acc gga gtt ccg ttt gct tcc act cgt			403
Gly Leu Pro Val Lys Glu Ile Thr Gly Val Pro Phe Ala Ser Thr Arg			
90	95	100	
atg cgt ccg cat gat ggg gca aat gtc cat gtc atg cac gca tgc ggc			451
Met Arg Pro His Asp Gly Ala Asn Val His Val Met His Ala Cys Gly			
105	110	115	
cac gat gtc cac gtc acc gcg ctg ctt ggt gcg tgt gcc att tta gat			499
His Asp Val His Val Thr Ala Leu Leu Gly Ala Cys Ala Ile Leu Asp			
120	125	130	
gag cgt cgc gat gca tgg gaa ggc acg ttc atc gcg ttg ttc cag cca			547
Glu Arg Arg Asp Ala Trp Glu Gly Thr Phe Ile Ala Leu Phe Gln Pro			
135	140	145	
tcg gag gaa aac tcc caa ggc gct aac aag atg gtc gcc ggc ggt tta			595
Ser Glu Glu Asn Ser Gln Gly Ala Asn Lys Met Val Ala Gly Gly Leu			
150	155	160	165
gtt gat ctg atc cca cgc cct gat gtg tgc ttt ggc cag cat gta gtc			643
Val Asp Leu Ile Pro Arg Pro Asp Val Cys Phe Gly Gln His Val Val			
170	175	180	
ccc ggt gct gca gga acc gtg atg agc atg cct ggc ggt gct ctc gct			691
Pro Gly Ala Ala Gly Thr Val Met Ser Met Pro Gly Gly Ala Leu Ala			
185	190	195	
gcc tgc gat tcc att gaa atc cgc att cag ggt cgc agc gcc cat ggt			739
Ala Cys Asp Ser Ile Glu Ile Arg Ile Gln Gly Arg Ser Ala His Gly			

200	205	210	
tcc atg cct cat aat tcc atc gat ccc act tat gtt gca gcg atg att			787
Ser Met Pro His Asn Ser Ile Asp Pro Thr Tyr Val Ala Ala Met Ile			
215	220	225	
gtc gtg cga ctc caa gga atc gtg ggc cgc gag gtt tct cca gag gat			835
Val Val Arg Leu Gln Gly Ile Val Gly Arg Glu Val Ser Pro Glu Asp			
230	235	240	245
ttc gcc gtt att tct gtg ggc acc ctc cag tcg ggc aac acc aac aac			883
Phe Ala Val Ile Ser Val Gly Thr Leu Gln Ser Gly Asn Thr Asn Asn			
250	255	260	
acc att cca gca agt gct cgt ttg gtg ttg aac tgc cgt ttc tac aac			931
Thr Ile Pro Ala Ser Ala Arg Leu Val Leu Asn Cys Arg Phe Tyr Asn			
265	270	275	
gac aaa gtc aag cac aag gtc tac cga gcc atc gaa cgt gtt gtc cgt			979
Asp Lys Val Lys His Lys Val Tyr Arg Ala Ile Glu Arg Val Val Arg			
280	285	290	
ggc gaa tgc ctt gct tcc ggt att gag gaa gaa cct gtc att gag tac			1027
Gly Glu Cys Leu Ala Ser Gly Ile Glu Glu Glu Pro Val Ile Glu Tyr			
295	300	305	
ttc gcc cac ggt gat ctc acc aac aac acc cct gtt gtc ttc gat act			1075
Phe Ala His Gly Asp Leu Thr Asn Asn Thr Pro Val Val Phe Asp Thr			
310	315	320	325
gtg cgc cct gtc ttc gac gat gtt ttc ggc gag gat tct att gac gct			1123
Val Arg Pro Val Phe Asp Asp Val Phe Gly Glu Asp Ser Ile Asp Ala			
330	335	340	
tac cgg tgg act gcg tcg gag gat ttc ccc tcc att cct aag gca ttc			1171
Tyr Arg Trp Thr Ala Ser Glu Asp Phe Pro Ser Ile Pro Lys Ala Phe			
345	350	355	
aac agc cct tac ctg tac tgg acg att ggt gtc acg ccg cgc gat cag			1219
Asn Ser Pro Tyr Leu Tyr Trp Thr Ile Gly Val Thr Pro Arg Asp Gln			

360 365 370
 tgg aca gaa gcc gta gaa aga gac cgc gtg gca tcg gat gtg cca gcc 1267
 Trp Thr Glu Ala Val Glu Arg Asp Arg Val Ala Ser Asp Val Pro Ala

375 380 385
 aat cac atg gga gat ttc ctc cct gat tat gcg ccg acg atg tcc gct 1315
 Asn His Met Gly Asp Phe Leu Pro Asp Tyr Ala Pro Thr Met Ser Ala

390 395 400 405
 gcc acc cgc gca gcc gca gcc gcg ctg ctg acc tac ttg gga act aac 1363
 Ala Thr Arg Ala Ala Ala Ala Leu Leu Thr Tyr Leu Gly Thr Asn

410 415 420
 taatcatcta gttttctgcg acg 1386

<210> 366
 <211> 421
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 366
 Met Ser Arg Ile Ser Glu Leu Leu Asn Asn His Gly Val Asp Leu Ser
 1 5 10 15

Trp Gln Glu Ala Ala Tyr Gln Asp Phe His Glu His Pro Glu Leu Ser
 20 25 30

Gly Phe Glu Ser Glu Thr Ala Asp Arg Ile Gln Lys Tyr Leu Glu Arg
 35 40 45

Phe Asp Cys Glu Val Ile Pro Asn Val Gly Gly Tyr Gly Ile Leu Ala
 50 55 60

Val Phe Arg Asn Gly Ser Thr Asp Pro Gly Ala Pro Val Ala Leu Met
 65 70 75 80

Arg Ala Asp Phe Asp Gly Leu Pro Val Lys Glu Ile Thr Gly Val Pro
 85 90 95

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

100	105	110
Met His Ala Cys Gly His Asp Val His Val Thr Ala Leu Leu Gly Ala		
115	120	125
Cys Ala Ile Leu Asp Glu Arg Arg Asp Ala Trp Glu Gly Thr Phe Ile		
130	135	140
Ala Leu Phe Gln Pro Ser Glu Glu Asn Ser Gln Gly Ala Asn Lys Met		
145	150	155
Val Ala Gly Gly Leu Val Asp Leu Ile Pro Arg Pro Asp Val Cys Phe		
165	170	175
Gly Gln His Val Val Pro Gly Ala Ala Gly Thr Val Met Ser Met Pro		
180	185	190
Gly Gly Ala Leu Ala Ala Cys Asp Ser Ile Glu Ile Arg Ile Gln Gly		
195	200	205
Arg Ser Ala His Gly Ser Met Pro His Asn Ser Ile Asp Pro Thr Tyr		
210	215	220
Val Ala Ala Met Ile Val Val Arg Leu Gln Gly Ile Val Gly Arg Glu		
225	230	235
Val Ser Pro Glu Asp Phe Ala Val Ile Ser Val Gly Thr Leu Gln Ser		
245	250	255
Gly Asn Thr Asn Asn Thr Ile Pro Ala Ser Ala Arg Leu Val Leu Asn		
260	265	270
Cys Arg Phe Tyr Asn Asp Lys Val Lys His Lys Val Tyr Arg Ala Ile		
275	280	285
Glu Arg Val Val Arg Gly Glu Cys Leu Ala Ser Gly Ile Glu Glu Glu		
290	295	300
Pro Val Ile Glu Tyr Phe Ala His Gly Asp Leu Thr Asn Asn Thr Pro		
305	310	315
Val Val Phe Asp Thr Val Arg Pro Val Phe Asp Asp Val Phe Gly Glu		

325 330 335

Asp Ser Ile Asp Ala Tyr Arg Trp Thr Ala Ser Glu Asp Phe Pro Ser
340 345 350

Ile Pro Lys Ala Phe Asn Ser Pro Tyr Leu Tyr Trp Thr Ile Gly Val
355 360 365

Thr Pro Arg Asp Gln Trp Thr Glu Ala Val Glu Arg Asp Arg Val Ala
370 375 380

Ser Asp Val Pro Ala Asn His Met Gly Asp Phe Leu Pro Asp Tyr Ala
385 390 395 400

Pro Thr Met Ser Ala Ala Thr Arg Ala Ala Ala Ala Leu Leu Thr
405 410 415

Tyr Leu Gly Thr Asn
420

<210> 367
<211> 3462
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(3439)
<223> RXS02234

<400> 367
accagaggc cgctgccggc ccaaatgatg caagcccct gtttgaccag tttgttgagc 60

tgatggatgc agacgctcag aagaaaggcg cataaataac atg cca aag cgt tca 115
Met Pro Lys Arg Ser

1 5

gat att aac cac gtc ctc gtc atc ggt tcc ggc ccc atc gtc att ggc 163
Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly Pro Ile Val Ile Gly

10 15 20

cag gca tgt gaa ttc gac tac tcc ggc acc cag gct tgc cgc gtg ctg 211

Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln Ala Cys Arg Val Leu	
25 30 35	
aag gaa gag gga ctg cgc gtc acc ctc atc aac tcc aac cca gca acg	259
Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn Ser Asn Pro Ala Thr	
40 45 50	
atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac acc tac gtg gag cca atc	307
Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr Tyr Val Glu Pro Ile	
55 60 65	
gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct aag gaa atc gag cag ggc	355
Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala Lys Glu Ile Glu Gln Gly	
70 75 80 85	
cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt ggt ggc cag act gca ctt	403
His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu Gly Gly Gln Thr Ala Leu	
90 95 100	
aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctc ggc atc ctg gaa aag tac ggc	451
Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly Ile Leu Glu Lys Tyr Gly	
105 110 115	
gtt gaa ctc atc ggt gca gac atc gat gcc att gag cgc ggc gaa gat	499
Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala Ile Glu Arg Gly Glu Asp	
120 125 130	
cgc cag aag ttc aag gat att gtc acc acc atc ggt ggc gaa tcc gcg	547
Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr Ile Gly Gly Glu Ser Ala	
135 140 145	
cgt tcc cgc gtc tgc cac aac atg gaa gaa gtc cac gag act gtc gca	595
Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val His Glu Thr Val Ala	
150 155 160 165	
gaa ctc ggc ctt cca gta gtc gtg cgt cca tcc ttc act atg ggt ggc	643
Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro Ser Phe Thr Met Gly Gly	
170 175 180	
ctg ggc tcc ggt ctt gca tac aac acc gaa gac ctt gag cgc atc gct	691

Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu Asp Leu Glu Arg Ile Ala	
185	190
195	
ggc ggc gga ctt gct gca tct cct gaa gca aac gtc ttg atc gaa gaa	739
Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala Asn Val Leu Ile Glu Glu	
200	205
210	
tcc atc ctt ggt tgg aag gaa ttc gag ctc gag ctc atg cgc gat acc	787
Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu Glu Leu Met Arg Asp Thr	
215	220
225	
gca gac aac gtt gtg gtt atc tgc tcc att gaa aac gtc gac gca ctg	835
Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu Asn Val Asp Ala Leu	
230	235
240	245
ggc gtg cac acc ggc gac tct gtc acc gtg gca cct gcc ctg acc ctg	883
Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val Ala Pro Ala Leu Thr Leu	
250	255
260	
act gac cgt gaa ttc cag aag atg cgc gat cag ggt atc gcc atc atc	931
Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp Gln Gly Ile Ala Ile Ile	
265	270
275	
cgc gag gtc ggc gtg gac acc ggt gga tgt aac atc cag ttc gcc atc	979
Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys Asn Ile Gln Phe Ala Ile	
280	285
290	
aac cca gtt gat ggc cgc atc atc acc att gag atg aac cca cgt gtg	1027
Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile Glu Met Asn Pro Arg Val	
295	300
305	
tct cgt tcc tcc gct ctg gca tcc aag gca acg ggc ttc cca att gcc	1075
Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr Gly Phe Pro Ile Ala	
310	315
320	325
aag atg gct gcc aag ctg gct atc gga tac acc ctg gat gag atc acc	1123
Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr Leu Asp Glu Ile Thr	
330	335
340	
aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg ttt gag ccc acc atc gac	1171

Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe Glu Pro Thr Ile Asp	
345	350
355	
tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct ttc gag aag ttt gtc ggc	1219
Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe Glu Lys Phe Val Gly	
360	365
370	
gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag tcc gtc ggt gag gtc atg	1267
Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser Val Gly Glu Val Met	
375	380
385	
tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg aac aag gca ctg cgt tcc	1315
Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn Lys Ala Leu Arg Ser	
390	395
400	405
ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc aag cct gat gag ttc ttc	1363
Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys Pro Asp Glu Phe Phe	
410	415
420	
gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct gtt ctg gaa gat ctc aag	1411
Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val Leu Glu Asp Leu Lys	
425	430
435	
cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt gag ctg gca atg cgc ctt	1459
Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu Leu Ala Met Arg Leu	
440	445
450	
ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca tct tct att gat cct tgg	1507
Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser Ser Ile Asp Pro Trp	
455	460
465	
ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag ttc cgc cag aag ctc gtt	1555
Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe Arg Gln Lys Leu Val	
470	475
480	485
gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg cgc gaa gca aag ttc atg	1603
Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu Arg Glu Ala Lys Phe Met	
490	495
500	
ggc ctg tcc gag ctg cag atc gca gcc ctt cgc cca gag ttc gct ggc	1651

Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu Arg Pro Glu Phe Ala Gly	
505	510
515	
gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc cta ggc atc cgc cca gta	1699
Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser Leu Gly Ile Arg Pro Val	
520	525
530	
ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag ttt gaa gct aag act ccg	1747
Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu Phe Glu Ala Lys Thr Pro	
535	540
545	
tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca gca gct gag tct gag gtc	1795
Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala Ala Glu Ser Glu Val	
550	555
560	565
gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg atc ttg ggc tcc ggt cca	1843
Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile Leu Gly Ser Gly Pro	
570	575
580	
aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac tac tcc tgt gtt cac gca	1891
Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr Ser Cys Val His Ala	
585	590
595	
gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa act gtc atg gtc aac tgc	1939
Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr Val Met Val Asn Cys	
600	605
610	
aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac acc gct gac cgc ctg tac	1987
Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr Ala Asp Arg Leu Tyr	
615	620
625	
ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg gag gtc tac cac gct gag	2035
Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu Val Tyr His Ala Glu	
630	635
640	645
gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc gtc cag ctt ggt ggc cag	2083
Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val Gln Leu Gly Gly Gln	
650	655
660	
act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag aag gct ggc gtc cct gtc	2131

Thr	Pro	Leu	Gly	Leu	Ala	Asp	Arg	Leu	Lys	Lys	Ala	Gly	Val	Pro	Val	
				665				670					675			
att	ggt	acc	tcc	cca	gag	gca	atc	gac	atg	gct	gag	gac	cgt	ggc	gag	2179
Ile	Gly	Thr	Ser	Pro	Glu	Ala	Ile	Asp	Met	Ala	Glu	Asp	Arg	Gly	Glu	
				680				685					690			
ttc	ggt	gca	ctg	ctg	aac	cgc	gag	cag	ctt	cct	gct	cca	gca	ttc	ggc	2227
Phe	Gly	Ala	Leu	Leu	Asn	Arg	Glu	Gln	Leu	Pro	Ala	Pro	Ala	Phe	Gly	
				695				700					705			
acc	gca	acc	tct	ttc	gaa	gag	gct	cgc	aca	gta	gcc	gat	gag	atc	agc	2275
Thr	Ala	Thr	Ser	Phe	Glu	Glu	Ala	Arg	Thr	Val	Ala	Asp	Glu	Ile	Ser	
710					715					720					725	
tac	cca	gtg	ctg	gtt	cgc	cct	tcc	tac	gtc	ttg	ggt	ggc	cgt	ggc	atg	2323
Tyr	Pro	Val	Leu	Val	Arg	Pro	Ser	Tyr	Val	Leu	Gly	Gly	Arg	Gly	Met	
					730					735					740	
gag	att	gtc	tac	gat	gag	gct	tcc	ctc	gag	gat	tac	atc	aac	cgc	gca	2371
Glu	Ile	Val	Tyr	Asp	Glu	Ala	Ser	Leu	Glu	Asp	Tyr	Ile	Asn	Arg	Ala	
					745					750					755	
act	gag	ttg	tct	tct	gac	cac	cca	gtg	ctg	gtt	gac	cgc	ttc	cta	gac	2419
Thr	Glu	Leu	Ser	Ser	Asp	His	Pro	Val	Leu	Val	Asp	Arg	Phe	Leu	Asp	
					760					765					770	
aac	gct	att	gag	atc	gac	gtc	gac	gca	ctg	tgc	gac	ggc	gac	gag	gtc	2467
Asn	Ala	Ile	Glu	Ile	Asp	Val	Asp	Ala	Leu	Cys	Asp	Gly	Asp	Glu	Val	
					775					780					785	
tac	ctg	gca	ggc	gtc	atg	gag	cac	atc	gag	gaa	gcc	ggc	att	cac	tcc	2515
Tyr	Leu	Ala	Gly	Val	Met	Glu	His	Ile	Glu	Glu	Ala	Gly	Ile	His	Ser	
790					795					800					805	
ggt	gac	tcc	gca	tgt	gca	ctt	cct	cca	atg	act	ttg	ggc	gca	cag	gac	2563
Gly	Asp	Ser	Ala	Cys	Ala	Leu	Pro	Pro	Met	Thr	Leu	Gly	Ala	Gln	Asp	
					810					815					820	
atc	gag	aag	gtc	cgc	gaa	gca	acc	aag	aag	ctg	gct	ctg	ggc	atc	ggt	2611

Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu Ala Leu Gly Ile Gly	
825	830
835	
gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca ctc aag gac gac atc etc	2659
Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu Lys Asp Asp Ile Leu	
840	845
850	
tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc cgc acc gtg ccg ttc gtc	2707
Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg Thr Val Pro Phe Val	
855	860
865	
tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag gca gca tcc cgt atc gca	2755
Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala Ala Ser Arg Ile Ala	
870	875
880	885
gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat gag ggc atg att cct acc	2803
Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu Gly Met Ile Pro Thr	
890	895
900	
gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac gct cca atc gct gtg aag	2851
Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala Pro Ile Ala Val Lys	
905	910
915	
gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt cgc cca gat gga aag acc	2899
Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg Pro Asp Gly Lys Thr	
920	925
930	
ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag tcc act ggc gag gtc atg	2947
Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser Thr Gly Glu Val Met	
935	940
945	
ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat gca aag gct gaa gct ggc	2995
Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala Lys Ala Glu Ala Gly	
950	955
960	965
gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc gtc ttc gtg acc gtg gct	3043
Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val Phe Val Thr Val Ala	
970	975
980	
aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca atc cag cgc ctg gcg ttg	3091

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

985

990

995

atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc acc gca ggc atg ctg cgc 3139
Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr Ala Gly Met Leu Arg

1000

1005

1010

cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc aag gct tcc gac atc cgc 3187
Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys Ala Ser Asp Ile Arg

1015

1020

1025

gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat cgt atc cgc gaa ggc gaa 3235
Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg Ile Arg Glu Gly Glu

1030

1035

1040

1045

gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt tct gct ggc gct cgc cac 3283
Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser Ala Gly Ala Arg His

1050

1055

1060

gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg acc gtg ggt gtt ccg ctg 3331
Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val Thr Val Gly Val Pro Leu

1065

1070

1075

atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct gtc cag ggc ata gag gcc 3379
Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val Gln Gly Ile Glu Ala

1080

1085

1090

ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg ctg cag gaa ctc gac cac 3427
Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu Gln Glu Leu Asp His

1095

1100

1105

gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc gag 3462
Ala Val Lys Ala

1110

<210> 368

<211> 1113

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 368

Met Pro Lys Arg Ser Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly
1 5 10 15

Pro Ile Val Ile Gly Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln
20 25 30

Ala Cys Arg Val Leu Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn
35 40 45

Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr
50 55 60

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

Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu Gly
85 90 95

Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly Ile
100 105 110

Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala Ile
115 120 125

Glu Arg Gly Glu Asp Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr Ile
130 135 140

Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val
145 150 155 160

His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro Ser
165 170 175

Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu Asp
180 185 190

Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala Asn
195 200 205

Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu Glu
210 215 220

Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu
225 230 235 240

Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val Ala
245 250 255

Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp Gln
260 265 270

Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys Asn
275 280 285

Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile Glu
290 295 300

Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr
305 310 315 320

Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr
325 330 335

Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe
340 345 350

Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe
355 360 365

Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser
370 375 380

Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn
385 390 395 400

Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys
405 410 415

Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val
420 425 430

Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu

435 440 445
 Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser
 450 455 460
 Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe
 465 470 475 480
 Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu Arg
 485 490 495
 Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu Arg
 500 505 510
 Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser Leu
 515 520 525
 Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu Phe
 530 535 540
 Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala
 545 550 555 560
 Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile
 565 570 575
 Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr
 580 585 590
 Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr
 595 600 605
 Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr
 610 615 620
 Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu
 625 630 635 640
 Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val
 645 650 655
 Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys Lys

660	665	670
Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met Ala		
675	680	685
Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu Pro		
690	695	700
Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr Val		
705	710	715
Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val Leu		
725	730	735
Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu Asp		
740	745	750
Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu Val		
755	760	765
Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu Cys		
770	775	780
Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu Glu		
785	790	795
Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met Thr		
805	810	815
Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu		
820	825	830
Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu		
835	840	845
Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg		
850	855	860
Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala		
865	870	875
Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu		

885

890

895

Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala
900 905 910

Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg
915 920 925

Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser
930 935 940

Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala
945 950 955 960

Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val
965 970 975

Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro Ile
980 985 990

Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr
995 1000 1005

Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys
1010 1015 1020

Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg
1025 1030 1035 1040

Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser
1045 1050 1055

Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val Thr
1060 1065 1070

Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val
1075 1080 1085

Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu
1090 1095 1100

Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala
1105 1110

<210> 369
<211> 3221
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3198)
<223> FRXA02234

<400> 369
ggc tcc aac cca gca acg atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac 48
Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His

1 5 10 15

acc tac gtg gag cca atc gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct 96
Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala

20 25 30

aag gaa atc gag cag ggc cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt 144
Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu

35 40 45

ggt ggc cag act gca ctt aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctc ggc 192
Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly

50 55 60

atc ctg gaa aag tac ggc gtt gaa ctc atc ggt gca gac atc gat gcc 240
Ile Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala

65 70 75 80

att gag cgc ggc gaa gat cgc cag aag ttc aag gat att gtc acc acc 288
Ile Glu Arg Gly Glu Asp Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr

85 90 95

atc ggt ggc gaa tcc gcg cgt tcc cgc gtc tgc cac aac atg gaa gaa 336
Ile Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu

100 105 110

gtc cac gag act gtc gca gaa ctc ggc ctt cca gta gtc gtg cgt cca 384
Val His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro

115 120 125

tcc ttc act atg ggt ggc ctg ggc tcc ggt ctt gca tac aac acc gaa 432
Ser Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu

130 135 140

gac ctt gag cgc atc gct ggt ggc gga ctt gct gca tct cct gaa gca 480
Asp Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala

145 150 155 160

aac gtc ttg atc gaa gaa tcc atc ctt ggt tgg aag gaa ttc gag ctc 528
Asn Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu

165 170 175

gag ctc atg cgc gat acc gca gac aac gtt gtg gtt atc tgc tcc att 576
Glu Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile

180 185 190

gaa aac gtc gac gca ctg ggc gtg cac acc ggc gac tct gtc acc gtg 624
Glu Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val

195 200 205

gca cct gcc ctg acc ctg act gac cgt gaa ttc cag aag atg cgc gat 672
Ala Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp

210 215 220

cag ggt atc gcc atc atc cgc gag gtc ggc gtg gac acc ggt gga tgt 720
Gln Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys

225 230 235 240

aac atc cag ttc gcc atc aac cca gtt gat ggc cgc atc atc acc att 768
Asn Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile

245 250 255

gag atg aac cca cgt gtg tct cgt tcc tcc gct ctg gca tcc aag gca 816
Glu Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala

260 265 270

acg ggc ttc cca att gcc aag atg gct gcc aag ctg gct atc gga tac 864
Thr Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr

275 280 285

acc ctg gat gag atc acc aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg 912
Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala

290 295 300

ttt gag ccc acc atc gac tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct 960
Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala

305 310 315 320

ttc gag aag ttt gtc ggc gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag 1008
Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys

325 330 335

tcc gtc ggt gag gtc atg tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg 1056
Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu

340 345 350

aac aag gca ctg cgt tcc ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc 1104
Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr

355 360 365

aag cct gat gag ttc ttc gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct 1152
Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala

370 375 380

gtt ctg gaa gat ctc aag cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt 1200
Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val

385 390 395 400

gag ctg gca atg cgc ctt ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca 1248
Glu Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala

405 410 415

tct tct att gat cct tgg ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag 1296
Ser Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln

420 425 430

ttc cgc cag aag ctc gtt gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg 1344
Phe Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu

435 440 445

cgc gaa gca aag ttc atg ggt ctg tcc gac ctg cag atc gca gcc ctt 1392
Arg Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu

450 455 460

cgc cca gag ttc gct ggc gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc 1440
Arg Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser

465 470 475 480

cta ggc atc cgc cca gta ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag 1488
Leu Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu

485 490 495

ttt gaa gct aag act ccg tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca 1536
Phe Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro

500 505 510

gca gct gag tct gag gtc gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg 1584
Ala Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu

515 520 525

atc ttg ggc tcc ggt cca aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac 1632
Ile Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp

530 535 540

tac tcc tgt gtt cac gca gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa 1680
Tyr Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu

545 550 555 560

act gtc atg gtc aac tgc aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac 1728
Thr Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp

565 570 575

acc gct gac cgc ctg tac ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg 1776
Thr Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met

580 585 590

gag gtc tac cac gct gag gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc 1824
Glu Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile

595 600 605

gtc cag ctt ggt ggc cag act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag 1872
Val Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys

610 615 620

aag gct ggc gtc cct gtc att ggt acc tcc cca gag gca atc gac atg 1920
Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met

625 630 635 640

gct gag gac cgt ggc gag ttc ggt gca ctg ctg aac cgc gag cag ctt 1968
Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu

645 650 655

cct gct cca gca ttc ggc acc gca acc tct ttc gaa gag gct cgc aca 2016
Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr

660 665 670

gta gcc gat gag atc agc tac cca gtg ctg gtt cgc cct tcc tac gtc 2064
Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val

675 680 685

ttg ggt ggc cgt ggc atg gag att gtc tac gat gag gct tcc ctc gag 2112
Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu

690 695 700

gat tac atc aac cgc gca act gag ttg tct tct gac cac cca gtg ctg 2160
Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu

705 710 715 720

gtt gac cgc ttc cta gac aac gct att gag atc gac gtc gac gca ctg 2208
Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu

725 730 735

tgc gac ggc gac gag gtc tac ctg gca ggc gtc atg gag cac atc gag 2256
Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu

740 745 750

gaa gcc ggc att cac tcc ggt gac tcc gca tgt gca ctt cct cca atg 2304
Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met

755 760 765

act ttg ggc gca cag gac atc gag aag gtc cgc gaa gca acc aag aag 2352
Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys

770 775 780

ctg gct ctg ggc atc ggt gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca 2400
Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala

785 790 795 800

ctc aag gac gac atc ctc tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc 2448
Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser

805 810 815

cgc acc gtg ccg ttc gtc tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag 2496
Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys

820 825 830

gca gca tcc cgt atc gca gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat 2544
Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp

835 840 845

gag ggc atg att cct acc gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac 2592
Glu Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp

850 855 860

gct cca atc gct gtg aag gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt 2640
Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg

865 870 875 880

cgc cca gat gga aag acc ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag 2688
Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys

885 890 895

tcc act ggc gag gtc atg ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat 2736
Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr

900 905 910

gca aag gct gaa gct ggc gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc 2784
Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr

915 920 925

gtc ttc gtg acc gtg gct aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca 2832
Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro

930 935 940

atc cag cgc ctg gcg ttg atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc 2880
Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly

945 950 955 960

acc gca ggc atg ctg cgc cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc 2928
Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu

965 970 975

aag gct tcc gac atc cgc gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat 2976
Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp

980 985 990

cgt atc cgc gaa ggc gaa gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt 3024
Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly

995 1000 1005

tct gct ggc gct cgc cac gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg 3072
Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val

1010 1015 1020

acc gtg ggt gtt ccg ctg atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct 3120
Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala

1025 1030 1035 1040

gtc cag ggc ata gag gcc ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg 3168
Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala

1045 1050 1055

ctg cag gaa ctc gac cac gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc 3218
Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala

1060 1065

gag

3221

<210> 370

<211> 1066

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 370

Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His
1 5 10 15

Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala
20 25 30

Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu
35 40 45

Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly
50 55 60

Ile Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala
65 70 75 80

Ile Glu Arg Gly Glu Asp Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr
85 90 95

Ile Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu
100 105 110

Val His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro
115 120 125

Ser Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu
130 135 140

Asp Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala
145 150 155 160

Asn Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu
165 170 175

Glu Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile
180 185 190

Glu Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val
195 200 205

Ala Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp
210 215 220

Gln Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys
225 230 235 240

Asn Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile
245 250 255

Glu Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala
260 265 270

Thr Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr
275 280 285

Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala
290 295 300

Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala
305 310 315 320

Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys
325 330 335

Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu
340 345 350

Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr
355 360 365

Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala
370 375 380

Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val

385						390						395					400
Glu	Leu	Ala	Met	Arg	Leu	Gly	Ala	Ser	Val	Glu	Glu	Leu	Tyr	Glu	Ala		
			405						410						415		
Ser	Ser	Ile	Asp	Pro	Trp	Phe	Leu	Ala	Glu	Leu	Glu	Ala	Leu	Val	Gln		
			420					425						430			
Phe	Arg	Gln	Lys	Leu	Val	Asp	Ala	Pro	Phe	Leu	Asn	Glu	Asp	Leu	Leu		
			435				440						445				
Arg	Glu	Ala	Lys	Phe	Met	Gly	Leu	Ser	Asp	Leu	Gln	Ile	Ala	Ala	Leu		
			450				455					460					
Arg	Pro	Glu	Phe	Ala	Gly	Glu	Asp	Gly	Val	Arg	Thr	Leu	Arg	Leu	Ser		
465						470					475				480		
Leu	Gly	Ile	Arg	Pro	Val	Phe	Lys	Thr	Val	Asp	Thr	Cys	Ala	Ala	Glu		
				485						490					495		
Phe	Glu	Ala	Lys	Thr	Pro	Tyr	His	Tyr	Ser	Ala	Tyr	Glu	Leu	Asp	Pro		
			500					505						510			
Ala	Ala	Glu	Ser	Glu	Val	Ala	Pro	Gln	Thr	Glu	Arg	Glu	Lys	Val	Leu		
			515				520					525					
Ile	Leu	Gly	Ser	Gly	Pro	Asn	Arg	Ile	Gly	Gln	Gly	Ile	Glu	Phe	Asp		
			530				535					540					
Tyr	Ser	Cys	Val	His	Ala	Ala	Leu	Glu	Leu	Ser	Arg	Val	Gly	Tyr	Glu		
545						550					555				560		
Thr	Val	Met	Val	Asn	Cys	Asn	Pro	Glu	Thr	Val	Ser	Thr	Asp	Tyr	Asp		
				565					570						575		
Thr	Ala	Asp	Arg	Leu	Tyr	Phe	Glu	Pro	Leu	Thr	Phe	Glu	Asp	Val	Met		
			580					585					590				
Glu	Val	Tyr	His	Ala	Glu	Ala	Gln	Ser	Gly	Thr	Val	Ala	Gly	Val	Ile		
			595				600						605				
Val	Gln	Leu	Gly	Gly	Gln	Thr	Pro	Leu	Gly	Leu	Ala	Asp	Arg	Leu	Lys		

610	615	620
Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met		
625	630	635 640
Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu		
	645	650 655
Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr		
	660	665 670
Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val		
	675	680 685
Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu		
	690	695 700
Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu		
	705	710 715 720
Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu		
	725	730 735
Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu		
	740	745 750
Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met		
	755	760 765
Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys		
	770	775 780
Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala		
	785	790 795 800
Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser		
	805	810 815
Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys		
	820	825 830
Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp		

835	840	845
Glu Gly Met Ile Pro Thr	Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp	
850	855	860
Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg		
865	870	875
Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys		
885	890	895
Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr		
900	905	910
Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr		
915	920	925
Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro		
930	935	940
Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly		
945	950	955
Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu		
965	970	975
Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp		
980	985	990
Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly		
995	1000	1005
Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val		
1010	1015	1020
Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala		
1025	1030	1035
Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala		
1045	1050	1055
Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala		

1060

1065

<210> 371
<211> 1389
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1366)
<223> RXS02565

<400> 371
ggaaattcga tacagtgcga tgacgcgata ttagaaagaa aaagatgcgc tttagcacga 60

aaccctcacc ctccttcagg aacttatccg caacgcctgc gtg aat gat cta acc 115
Val Asn Asp Leu Thr

1 5

cca gat tca ggt cag gaa att aga aac gcg gaa agc cta gaa cgt ttc 163
Pro Asp Ser Gly Gln Glu Ile Arg Asn Ala Glu Ser Leu Glu Arg Phe

10 15 20

ttt gaa gga acc ccc aac gtt aaa atc acc aag ctg gaa ccg cat ccg 211
Phe Glu Gly Thr Pro Asn Val Lys Ile Thr Lys Leu Glu Pro His Pro

25 30 35

ggc cgg acc tca att atc gtg act gtt cca ggc agc gat cca gat gct 259
Gly Arg Thr Ser Ile Ile Val Thr Val Pro Gly Ser Asp Pro Asp Ala

40 45 50

gag cct tta aca ctg ctt gga cat act gat gtt gtg cct gtt gat ctg 307
Glu Pro Leu Thr Leu Leu Gly His Thr Asp Val Val Pro Val Asp Leu

55 60 65

cct aaa tgg act aaa gat cca ttc ggt gcg gag att tcg gat gga cag 355
Pro Lys Trp Thr Lys Asp Pro Phe Gly Ala Glu Ile Ser Asp Gly Gln

70 75 80 85

att tgg ggt aga ggg tcc gtc gat atg ctc ttt att acc gca acc caa 403
Ile Trp Gly Arg Gly Ser Val Asp Met Leu Phe Ile Thr Ala Thr Gln

90	95	100	
gcg gcc gtc acc cgt caa gta gcc cgt gaa ggc ggc ctg cgt ggc acg			451
Ala Ala Val Thr Arg Gln Val Ala Arg Glu Gly Gly Leu Arg Gly Thr			
105	110	115	
ctg aca ttc gtt ggc gtt gct gat gag gaa gcc cgc ggc gga ctc gga			499
Leu Thr Phe Val Gly Val Ala Asp Glu Glu Ala Arg Gly Gly Leu Gly			
120	125	130	
gcg aag tgg ctt tcc gaa gaa cac caa aac ctc ttc agc tgg aaa aac			547
Ala Lys Trp Leu Ser Glu Glu His Gln Asn Leu Phe Ser Trp Lys Asn			
135	140	145	
tgc ctc tcc gaa tcc ggt gga tgc cac ctt cca gtc cac gac ggc agc			595
Cys Leu Ser Glu Ser Gly Gly Ser His Leu Pro Val His Asp Gly Ser			
150	155	160	165
gac gca gta gta att aac gtt gga gaa aaa ggt gca gct caa cgt cgt			643
Asp Ala Val Val Ile Asn Val Gly Glu Lys Gly Ala Ala Gln Arg Arg			
170	175	180	
att cac gtc aat ggc gat gct ggt cat ggt tcc att cct ttc gac cgt			691
Ile His Val Asn Gly Asp Ala Gly His Gly Ser Ile Pro Phe Asp Arg			
185	190	195	
gac agc gct att gtc aag atc ggt gaa gtc gcc cgc cga atc gct gcc			739
Asp Ser Ala Ile Val Lys Ile Gly Glu Val Ala Arg Arg Ile Ala Ala			
200	205	210	
gcc gat ctg aag gta gcc aag gac gat atc tgg caa ggc ttc gtc caa			787
Ala Asp Leu Lys Val Ala Lys Asp Asp Ile Trp Gln Gly Phe Val Gln			
215	220	225	
gcg cac cgt ttc gac cca gaa acg gag cag gcg ctt ctt agc ggg acc			835
Ala His Arg Phe Asp Pro Glu Thr Glu Gln Ala Leu Leu Ser Gly Thr			
230	235	240	245
tcc cct gag gcc tac gca gag ttc ggc gga ctc tcc cgc ttc gcc cac			883
Ser Pro Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Gly Gly Leu Ser Arg Phe Ala His			

250	255	260	
gcg gtg tct cat ctc acg atc gcc caa act gtg gtt cgt gca ggt caa			931
Ala Val Ser His Leu Thr Ile Ala Gln Thr Val Val Arg Ala Gly Gln			
265	270	275	
gcc atc aat gta ttg cca tcg cat gcg tac ttg gaa ctg gat atc cgt			979
Ala Ile Asn Val Leu Pro Ser His Ala Tyr Leu Glu Leu Asp Ile Arg			
280	285	290	
acc ctt cca ggc caa acc aat gac tat gtt gat gac acc ctg cgt gct			1027
Thr Leu Pro Gly Gln Thr Asn Asp Tyr Val Asp Asp Thr Leu Arg Ala			
295	300	305	
gct ctg ggc gat ctt gcc gat gaa gta gaa atc gaa cac ctc atc tct			1075
Ala Leu Gly Asp Leu Ala Asp Glu Val Glu Ile Glu His Leu Ile Ser			
310	315	320	325
gaa gaa gca acg gtg agc cca act gat tcc agg ttg tat aac acc ttg			1123
Glu Glu Ala Thr Val Ser Pro Thr Asp Ser Arg Leu Tyr Asn Thr Leu			
330	335	340	
gaa aaa gtt ctt ggt gat ttc ttc ccc gat gcg cct gtg gtc cca att			1171
Glu Lys Val Leu Gly Asp Phe Phe Pro Asp Ala Pro Val Val Pro Ile			
345	350	355	
att tcc tct ggt ggc tct gac ctg cgc ttt ggt cgt cga cta ggc ggt			1219
Ile Ser Ser Gly Gly Ser Asp Leu Arg Phe Gly Arg Arg Leu Gly Gly			
360	365	370	
gtt ggt tat ggt ttt gca gtt cat gca cgt gaa cga act ttg gcg gaa			1267
Val Gly Tyr Gly Phe Ala Val His Ala Arg Glu Arg Thr Leu Ala Glu			
375	380	385	
gca atg ggg caa ctt cac tcc cat gac gag gcg ctg tac ctg gaa gat			1315
Ala Met Gly Gln Leu His Ser His Asp Glu Ala Leu Tyr Leu Glu Asp			
390	395	400	405
ctt gaa ctg act gtt cgg ggt tat gac tcc gtc gtg cgt gaa ttc cta			1363
Leu Glu Leu Thr Val Arg Gly Tyr Asp Ser Val Val Arg Glu Phe Leu			

410

415

420

ggc taaaaacatg aagcaggagt ctt
Gly

1389

<210> 372

<211> 422

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 372

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

Ser Leu Glu Arg Phe Phe Glu Gly Thr Pro Asn Val Lys Ile Thr Lys
20 25 30

Leu Glu Pro His Pro Gly Arg Thr Ser Ile Ile Val Thr Val Pro Gly
35 40 45

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

Val Pro Val Asp Leu Pro Lys Trp Thr Lys Asp Pro Phe Gly Ala Glu
65 70 75 80

Ile Ser Asp Gly Gln Ile Trp Gly Arg Gly Ser Val Asp Met Leu Phe
85 90 95

Ile Thr Ala Thr Gln Ala Ala Val Thr Arg Gln Val Ala Arg Glu Gly
100 105 110

Gly Leu Arg Gly Thr Leu Thr Phe Val Gly Val Ala Asp Glu Glu Ala
115 120 125

Arg Gly Gly Leu Gly Ala Lys Trp Leu Ser Glu Glu His Gln Asn Leu
130 135 140

Phe Ser Trp Lys Asn Cys Leu Ser Glu Ser Gly Gly Ser His Leu Pro
145 150 155 160

Val His Asp Gly Ser Asp Ala Val Val Ile Asn Val Gly Glu Lys Gly
165 170 175

Ala Ala Gln Arg Arg Ile His Val Asn Gly Asp Ala Gly His Gly Ser
180 185 190

Ile Pro Phe Asp Arg Asp Ser Ala Ile Val Lys Ile Gly Glu Val Ala
195 200 205

Arg Arg Ile Ala Ala Ala Asp Leu Lys Val Ala Lys Asp Asp Ile Trp
210 215 220

Gln Gly Phe Val Gln Ala His Arg Phe Asp Pro Glu Thr Glu Gln Ala
225 230 235 240

Leu Leu Ser Gly Thr Ser Pro Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Gly Gly Leu
245 250 255

Ser Arg Phe Ala His Ala Val Ser His Leu Thr Ile Ala Gln Thr Val
260 265 270

Val Arg Ala Gly Gln Ala Ile Asn Val Leu Pro Ser His Ala Tyr Leu
275 280 285

Glu Leu Asp Ile Arg Thr Leu Pro Gly Gln Thr Asn Asp Tyr Val Asp
290 295 300

Asp Thr Leu Arg Ala Ala Leu Gly Asp Leu Ala Asp Glu Val Glu Ile
305 310 315 320

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

Leu Tyr Asn Thr Leu Glu Lys Val Leu Gly Asp Phe Phe Pro Asp Ala
340 345 350

Pro Val Val Pro Ile Ile Ser Ser Gly Gly Ser Asp Leu Arg Phe Gly
355 360 365

Arg Arg Leu Gly Gly Val Gly Tyr Gly Phe Ala Val His Ala Arg Glu

370

375

380

Arg Thr Leu Ala Glu Ala Met Gly Gln Leu His Ser His Asp Glu Ala
385 390 395 400

Leu Tyr Leu Glu Asp Leu Glu Leu Thr Val Arg Gly Tyr Asp Ser Val
405 410 415

Val Arg Glu Phe Leu Gly
420

<210> 373

<211> 525

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(502)

<223> RXS02937

<400> 373

gtaccgcga agaactgtac tagttcttcc atcagcaccc gcagttgtct ttgcaagagt 60

tcgaaacatc caacgcattg gtgacaccgg tgttgtcgcg gtg atc agc aat ggg 115
Val Ile Ser Asn Gly

1 5

gaa ggt ccg gtt gtt gcg ctt cgt ggc gac att gat gcg ttg ccc atg 163
Glu Gly Pro Val Val Ala Leu Arg Gly Asp Ile Asp Ala Leu Pro Met

10 15 20

gcg gag cga tcc ggc aaa gaa tac gca gca acc gga gtg aca cag gtg 211
Ala Glu Arg Ser Gly Lys Glu Tyr Ala Ala Thr Gly Val Thr Gln Val

25 30 35

gat aac acc acc ggt caa gaa act ccg gtg gcg cat acc tgt ggc cac 259
Asp Asn Thr Thr Gly Gln Glu Thr Pro Val Ala His Thr Cys Gly His

40 45 50

gat gtg cat att tca tca ctg ttg ggt gcg gtg cag gcg ttc aat tct 307

Asp Val His Ile Ser Ser Leu Leu Gly Ala Val Gln Ala Phe Asn Ser

55

60

65

cat cgg gaa ttg tgg aac gga acg ttg atg gcc gtt ttc cag cca gcg 355
His Arg Glu Leu Trp Asn Gly Thr Leu Met Ala Val Phe Gln Pro Ala

70

75

80

85

gaa gag acg gca gct ggt gcg agg atg atg gcg gat cag gac aac gcg 403
Glu Glu Thr Ala Ala Gly Ala Arg Met Met Ala Asp Gln Asp Asn Ala

90

95

100

ccg gga aat cac tct cca gcg ttc gcg cca gat atg cag cca act ctt 451
Pro Gly Asn His Ser Pro Ala Phe Ala Pro Asp Met Gln Pro Thr Leu

105

110

115

gat cgt ggt gtg gaa gcg ctg gtt gta gct gct tct gcg tgg cta gta 499
Asp Arg Gly Val Glu Ala Leu Val Val Ala Ala Ser Ala Trp Leu Val

120

125

130

aaa taattggcta atgaatcctt ttc 525
Lys

<210> 374

<211> 134

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 374

Val Ile Ser Asn Gly Glu Gly Pro Val Val Ala Leu Arg Gly Asp Ile
1 5 10 15

Asp Ala Leu Pro Met Ala Glu Arg Ser Gly Lys Glu Tyr Ala Ala Thr
20 25 30

Gly Val Thr Gln Val Asp Asn Thr Thr Gly Gln Glu Thr Pro Val Ala
35 40 45

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

Gln Ala Phe Asn Ser His Arg Glu Leu Trp Asn Gly Thr Leu Met Ala
65 70 75 80

Val Phe Gln Pro Ala Glu Glu Thr Ala Ala Gly Ala Arg Met Met Ala
85 90 95

Asp Gln Asp Asn Ala Pro Gly Asn His Ser Pro Ala Phe Ala Pro Asp
100 105 110

Met Gln Pro Thr Leu Asp Arg Gly Val Glu Ala Leu Val Val Ala Ala
115 120 125

Ser Ala Trp Leu Val Lys
130

<210> 375

<211> 966

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(943)

<223> RXA02194

<400> 375

gaaatctccc agctcattta ttggaccacag gtcacatcatgg ttgctcgcgg cctgaagcca 60

gaagatatct acaagaacct gtaggagttt taaagcaatc atg ttg aaa atc gct 115
Met Leu Lys Ile Ala

1 5

gtc cca aac aaa ggc tcg ctg tcc gag cgc gcc atg gaa atc ctc gcc 163
Val Pro Asn Lys Gly Ser Leu Ser Glu Arg Ala Met Glu Ile Leu Ala

10 15 20

gaa gca ggc tac gca ggc cgt gga gat tcc aaa tcc ctc aac gtt ttt 211
Glu Ala Gly Tyr Ala Gly Arg Gly Asp Ser Lys Ser Leu Asn Val Phe

25 30 35

gat gaa gca aac aac gtt gaa ttc ttc ttc ctt cgc cct aaa gat atc 259

Asp Glu Ala Asn Asn Val Glu Phe Phe Phe Leu Arg Pro Lys Asp Ile
40 45 50

gcc atc tac gtt gct ggt ggc cag ctc gat ttg ggt atc acc ggc cgc 307
Ala Ile Tyr Val Ala Gly Gly Gln Leu Asp Leu Gly Ile Thr Gly Arg

55 60 65

gac ctt gct cgc gat tcc cag gct gat gtc cac gaa gtt ctt tcc ctc 355
Asp Leu Ala Arg Asp Ser Gln Ala Asp Val His Glu Val Leu Ser Leu

70 75 80 85

ggc ttc ggt tcc tcc act ttc cgt tac gca gca cca gct gat gaa gag 403
Gly Phe Gly Ser Ser Thr Phe Arg Tyr Ala Ala Pro Ala Asp Glu Glu

90 95 100

tgg agc atc gaa aag ctc gac ggc aag cgc atc gct acc tct tac ccc 451
Trp Ser Ile Glu Lys Leu Asp Gly Lys Arg Ile Ala Thr Ser Tyr Pro

105 110 115

aac ctt gtt cgc gat gac ctc gca gca cgt ggg ctt tcc gct gag gtg 499
Asn Leu Val Arg Asp Asp Leu Ala Ala Arg Gly Leu Ser Ala Glu Val

120 125 130

ctc cgc ctc gac ggt gca gta gag gta tcc atc aag ctt ggt gtc gca 547
Leu Arg Leu Asp Gly Ala Val Glu Val Ser Ile Lys Leu Gly Val Ala

135 140 145

gat gcc atc gcc gat gtt gta tcc acc ggc cgc acg ctg cgt cag caa 595
Asp Ala Ile Ala Asp Val Val Ser Thr Gly Arg Thr Leu Arg Gln Gln

150 155 160 165

ggt ctt gca cct ttc ggc gag gtt ctg tgc acc tct gag gct gtc att 643
Gly Leu Ala Pro Phe Gly Glu Val Leu Cys Thr Ser Glu Ala Val Ile

170 175 180

gtt ggc cgc aag gat gaa aag gtc acc cca gag cag cag atc ctg ctt 691
Val Gly Arg Lys Asp Glu Lys Val Thr Pro Glu Gln Gln Ile Leu Leu

185 190 195

cgc cgc atc cag gga att ttg cac gcg cag aac ttc ctc atg ctg gat 739

Arg Arg Ile Gln Gly Ile Leu His Ala Gln Asn Phe Leu Met Leu Asp
200 205 210

tac aac gtc gac cgc gac aac ctg gac gct gcc act gca gta acc cca 787
Tyr Asn Val Asp Arg Asp Asn Leu Asp Ala Ala Thr Ala Val Thr Pro

215 220 225

ggc tta tcc ggc cca acg gta tcc cca ctg gca cgc gac aac tgg gtt 835
Gly Leu Ser Gly Pro Thr Val Ser Pro Leu Ala Arg Asp Asn Trp Val

230 235 240 245

gct gta cgc gcc atg gtg cca cgc agg tca gct aac gcc atc atg gat 883
Ala Val Arg Ala Met Val Pro Arg Arg Ser Ala Asn Ala Ile Met Asp

250 255 260

aag ctt gct gga ctc ggc gct gaa gcc atc ctg gct tct gaa atc cgc 931
Lys Leu Ala Gly Leu Gly Ala Glu Ala Ile Leu Ala Ser Glu Ile Arg

265 270 275

atc gcc cgc atc tagttttaac taccgccgaa aat 966
Ile Ala Arg Ile

280

<210> 376
<211> 281
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 376
Met Leu Lys Ile Ala Val Pro Asn Lys Gly Ser Leu Ser Glu Arg Ala
1 5 10 15

Met Glu Ile Leu Ala Glu Ala Gly Tyr Ala Gly Arg Gly Asp Ser Lys
20 25 30

Ser Leu Asn Val Phe Asp Glu Ala Asn Asn Val Glu Phe Phe Phe Leu
35 40 45

Arg Pro Lys Asp Ile Ala Ile Tyr Val Ala Gly Gly Gln Leu Asp Leu
50 55 60

Gly Ile Thr Gly Arg Asp Leu Ala Arg Asp Ser Gln Ala Asp Val His
65 70 75 80

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

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

Ala Thr Ser Tyr Pro Asn Leu Val Arg Asp Asp Leu Ala Ala Arg Gly
115 120 125

Leu Ser Ala Glu Val Leu Arg Leu Asp Gly Ala Val Glu Val Ser Ile
130 135 140

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

Thr Leu Arg Gln Gln Gly Leu Ala Pro Phe Gly Glu Val Leu Cys Thr
165 170 175

Ser Glu Ala Val Ile Val Gly Arg Lys Asp Glu Lys Val Thr Pro Glu
180 185 190

Gln Gln Ile Leu Leu Arg Arg Ile Gln Gly Ile Leu His Ala Gln Asn
195 200 205

Phe Leu Met Leu Asp Tyr Asn Val Asp Arg Asp Asn Leu Asp Ala Ala
210 215 220

Thr Ala Val Thr Pro Gly Leu Ser Gly Pro Thr Val Ser Pro Leu Ala
225 230 235 240

Arg Asp Asn Trp Val Ala Val Arg Ala Met Val Pro Arg Arg Ser Ala
245 250 255

Asn Ala Ile Met Asp Lys Leu Ala Gly Leu Gly Ala Glu Ala Ile Leu
260 265 270

Ala Ser Glu Ile Arg Ile Ala Arg Ile

275

280

<210> 377

<211> 393

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(370)

<223> RXA02195

<400> 377

tcgagccggc aggtgtcgca aaataaaacc aggtggggga gtgaaattat tcgactaata 60

tcctccccc aacacacatt gataactgtt gtgtggaaga atg tac cga gtg aag 115
Met Tyr Arg Val Lys

1 5

aca ttt gac tcg ctg tac gaa gaa ctt ctt aac cgt gct cag acc cgc 163
Thr Phe Asp Ser Leu Tyr Glu Glu Leu Leu Asn Arg Ala Gln Thr Arg

10 15 20

cct gaa ggg tct gga acc gtg gcc gcc ttg gat aaa ggc atc cat cat 211
Pro Glu Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Leu Asp Lys Gly Ile His His

25 30 35

cta ggt aag aag gtc atc gaa gaa gcc gga gag gtc tgg att gca gcc 259
Leu Gly Lys Lys Val Ile Glu Glu Ala Gly Glu Val Trp Ile Ala Ala

40 45 50

gag tat gag acc gat gaa gag cta gcc gga gaa atc tcc cag ctc att 307
Glu Tyr Glu Thr Asp Glu Glu Leu Ala Gly Glu Ile Ser Gln Leu Ile

55 60 65

tat tgg acc cag gtc atc atg gtt gct cgc ggc ctg aag cca gaa gat 355
Tyr Trp Thr Gln Val Ile Met Val Ala Arg Gly Leu Lys Pro Glu Asp

70 75 80 85

atc tac aag aac ctg taggagtttt aaagcaatca tgt 393
Ile Tyr Lys Asn Leu

90

<210> 378
 <211> 90
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 378
 Met Tyr Arg Val Lys Thr Phe Asp Ser Leu Tyr Glu Glu Leu Leu Asn
 1 5 10 15

Arg Ala Gln Thr Arg Pro Glu Gly Ser Gly Thr Val Ala Ala Leu Asp
 20 25 30

Lys Gly Ile His His Leu Gly Lys Lys Val Ile Glu Glu Ala Gly Glu
 35 40 45

Val Trp Ile Ala Ala Glu Tyr Glu Thr Asp Glu Glu Leu Ala Gly Glu
 50 55 60

Ile Ser Gln Leu Ile Tyr Trp Thr Gln Val Ile Met Val Ala Arg Gly
 65 70 75 80

Leu Lys Pro Glu Asp Ile Tyr Lys Asn Leu
 85 90

<210> 379
 <211> 477
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(454)
 <223> RXA01097

<400> 379
 gcgccaacgc agtgcttgcc gcgaccattt tccacttcgc cgaagtaacc atcgccgaag 60

taaaggagc cattaaagat gcaggatttg aggtgcggaa atg agt gac aat cca 115
 Met Ser Asp Asn Pro

1 5

caa gag tat gag ctg gat tgg gac gtc gaa aag cga tta aag ctt aac 163

Gln Glu Tyr Glu Leu Asp Trp Asp Val Glu Lys Arg Leu Lys Leu Asn

10

15

20

gac gcc ggc ctg gtg ccg gca atc gtc cag gcc gac ggg acc aac gag 211
Asp Ala Gly Leu Val Pro Ala Ile Val Gln Ala Asp Gly Thr Asn Glu

25

30

35

gtc ctc atg atg gcc tgg atg gat acc cac gcg cta gcc tat act ttg 259
Val Leu Met Met Ala Trp Met Asp Thr His Ala Leu Ala Tyr Thr Leu

40

45

50

gcg acc cgc cgt gga acc tat ttt tct agg tcc cgc aac gag tac tgg 307
Ala Thr Arg Arg Gly Thr Tyr Phe Ser Arg Ser Arg Asn Glu Tyr Trp

55

60

65

atc aag ggc ctg acc tct gga aac gtc caa gaa gtc acc gga ctt gcc 355
Ile Lys Gly Leu Thr Ser Gly Asn Val Gln Glu Val Thr Gly Leu Ala

70

75

80

85

ctc gac tgc gac ggc gac acc gtc ctt ctg acc gtg aaa caa acc ggc 403
Leu Asp Cys Asp Gly Asp Thr Val Leu Leu Thr Val Lys Gln Thr Gly

90

95

100

ggc ggc tgc cac act ggt gcc cac aca tgt ttc gac aat gac gtt ttg 451
Gly Ala Cys His Thr Gly Ala His Thr Cys Phe Asp Asn Asp Val Leu

105

110

115

ctg taaaagcaac aacgattaag gaa 477
Leu

<210> 380

<211> 118

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 380

Met Ser Asp Asn Pro Gln Glu Tyr Glu Leu Asp Trp Asp Val Glu Lys

1

5

10

15

Arg Leu Lys Leu Asn Asp Ala Gly Leu Val Pro Ala Ile Val Gln Ala
20 25 30

Asp Gly Thr Asn Glu Val Leu Met Met Ala Trp Met Asp Thr His Ala
35 40 45

Leu Ala Tyr Thr Leu Ala Thr Arg Arg Gly Thr Tyr Phe Ser Arg Ser
50 55 60

Arg Asn Glu Tyr Trp Ile Lys Gly Leu Thr Ser Gly Asn Val Gln Glu
65 70 75 80

Val Thr Gly Leu Ala Leu Asp Cys Asp Gly Asp Thr Val Leu Leu Thr
85 90 95

Val Lys Gln Thr Gly Gly Ala Cys His Thr Gly Ala His Thr Cys Phe
100 105 110

Asp Asn Asp Val Leu Leu
115

<210> 381
<211> 861
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(838)
<223> RXA01100

<400> 381
gctgtgggct actcaattcc acccagaaaa atcaggtgac gcaggcgcac agctactgcg 60

aaactggatc aactacatct aacagatagg atcaatatcc atg acc ttc act att 115
Met Thr Phe Thr Ile

1 5

ctt cct gca gtc gat gta gtt aac gga caa gca gtt cgc cta gat cag 163
Leu Pro Ala Val Asp Val Val Asn Gly Gln Ala Val Arg Leu Asp Gln

10 15 20

ggc gag gcc ggc act gaa aag tct tat ggc acc cct ttg gaa tcc gca 211

Gly Glu Ala Gly Thr Glu Lys Ser Tyr Gly Thr Pro Leu Glu Ser Ala
25 30 35

ctg aag tgg cag gag cag ggt gca aag tgg ttg cac ttt gtg gac ctg 259
Leu Lys Trp Gln Glu Gln Gly Ala Lys Trp Leu His Phe Val Asp Leu

40 45 50

gac gca gcg ttc aac cgt ggt tcc aac cat gag atg atg gcg gaa att 307
Asp Ala Ala Phe Asn Arg Gly Ser Asn His Glu Met Met Ala Glu Ile

55 60 65

gtc ggc aag ctc gat gtt gat gtg gag ctc act ggc ggt atc cgt gat 355
Val Gly Lys Leu Asp Val Asp Val Glu Leu Thr Gly Gly Ile Arg Asp

70 75 80 85

gat gag tct ctg gag cgc gcg ctg gca acc ggt gca cgt cgt gta aac 403
Asp Glu Ser Leu Glu Arg Ala Leu Ala Thr Gly Ala Arg Arg Val Asn

90 95 100

att ggt acc gct gct ctg gag aag cca gag tgg att gct tct gcg att 451
Ile Gly Thr Ala Ala Leu Glu Lys Pro Glu Trp Ile Ala Ser Ala Ile

105 110 115

caa cgc tat ggc gag aag att gct gtc gat atc gct gtg cgt ttg gaa 499
Gln Arg Tyr Gly Glu Lys Ile Ala Val Asp Ile Ala Val Arg Leu Glu

120 125 130

gat ggt gaa tgg cgc acc cgt gga aac ggt tgg gtc tcc gat ggt ggc 547
Asp Gly Glu Trp Arg Thr Arg Gly Asn Gly Trp Val Ser Asp Gly Gly

135 140 145

gat ctg tgg gaa gtt ctc gag cgt ttg gat tcc caa ggt tgt gca cgt 595
Asp Leu Trp Glu Val Leu Glu Arg Leu Asp Ser Gln Gly Cys Ala Arg

150 155 160 165

ttc gtg gtt acc gat gtg tcc aag gac ggc acc ttg agt ggt cca aat 643
Phe Val Val Thr Asp Val Ser Lys Asp Gly Thr Leu Ser Gly Pro Asn

170 175 180

gtt gag ctg ctg cgt gag gtt gct gca gct aca gac gca cct atc gtg 691

Val Glu Leu Leu Arg Glu Val Ala Ala Ala Thr Asp Ala Pro Ile Val

185

190

195

gca tct ggt gga att tct gtt ttg gaa gat gtt ttg gaa cta gcc aag 739
Ala Ser Gly Gly Ile Ser Val Leu Glu Asp Val Leu Glu Leu Ala Lys

200

205

210

tac cag gat gag ggc att gat tcc gtc atc att ggc aag gca ctt tat 787
Tyr Gln Asp Glu Gly Ile Asp Ser Val Ile Ile Gly Lys Ala Leu Tyr

215

220

225

gag cac aag ttc acc ctc gaa gag gct ttg gct gca gta gaa aag ctc 835
Glu His Lys Phe Thr Leu Glu Glu Ala Leu Ala Ala Val Glu Lys Leu

230

235

240

245

ggt taatacatgg atgctcgtgg gat 861
Gly

<210> 382

<211> 246

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 382

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

Val Arg Leu Asp Gln Gly Glu Ala Gly Thr Glu Lys Ser Tyr Gly Thr
20 25 30

Pro Leu Glu Ser Ala Leu Lys Trp Gln Glu Gln Gly Ala Lys Trp Leu
35 40 45

His Phe Val Asp Leu Asp Ala Ala Phe Asn Arg Gly Ser Asn His Glu
50 55 60

Met Met Ala Glu Ile Val Gly Lys Leu Asp Val Asp Val Glu Leu Thr
65 70 75 80

Gly Gly Ile Arg Asp Asp Glu Ser Leu Glu Arg Ala Leu Ala Thr Gly

85

90

95

Ala Arg Arg Val Asn Ile Gly Thr Ala Ala Leu Glu Lys Pro Glu Trp
100 105 110

Ile Ala Ser Ala Ile Gln Arg Tyr Gly Glu Lys Ile Ala Val Asp Ile
115 120 125

Ala Val Arg Leu Glu Asp Gly Glu Trp Arg Thr Arg Gly Asn Gly Trp
130 135 140

Val Ser Asp Gly Gly Asp Leu Trp Glu Val Leu Glu Arg Leu Asp Ser
145 150 155 160

Gln Gly Cys Ala Arg Phe Val Val Thr Asp Val Ser Lys Asp Gly Thr
165 170 175

Leu Ser Gly Pro Asn Val Glu Leu Leu Arg Glu Val Ala Ala Ala Thr
180 185 190

Asp Ala Pro Ile Val Ala Ser Gly Gly Ile Ser Val Leu Glu Asp Val
195 200 205

Leu Glu Leu Ala Lys Tyr Gln Asp Glu Gly Ile Asp Ser Val Ile Ile
210 215 220

Gly Lys Ala Leu Tyr Glu His Lys Phe Thr Leu Glu Glu Ala Leu Ala
225 230 235 240

Ala Val Glu Lys Leu Gly
245

<210> 383

<211> 756

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(733)

<223> RXA01101

<400> 383

atgcgagcta ggccagtgtg gtggatataa aacccttttg gggagaaaga aactcgactg 60

cggttcttga tcctgaaagc acgtgacata aactatcggc atg acc aaa act gtc 115
Met Thr Lys Thr Val

1 5

gcc ctt ctc gac tac gga tct gga aac ctt cgt tct gct caa cgc gca 163
Ala Leu Leu Asp Tyr Gly Ser Gly Asn Leu Arg Ser Ala Gln Arg Ala

10 15 20

cta gag cgt gcc ggt gca gaa gtt atc gtg agc tcc gat cca gaa gtt 211
Leu Glu Arg Ala Gly Ala Glu Val Ile Val Ser Ser Asp Pro Glu Val

25 30 35

tgc acc aac gct gat ggc ctc cta gtt cct gga gtg ggc gca ttt gat 259
Cys Thr Asn Ala Asp Gly Leu Leu Val Pro Gly Val Gly Ala Phe Asp

40 45 50

gcc tgc atg aag ggt ttg aaa aac gtc ttc gga cat cgc att atc gga 307
Ala Cys Met Lys Gly Leu Lys Asn Val Phe Gly His Arg Ile Ile Gly

55 60 65

cag cgt ctt gct ggt gga cgt cca gtg atg ggt att tgt gtg ggc atg 355
Gln Arg Leu Ala Gly Gly Arg Pro Val Met Gly Ile Cys Val Gly Met

70 75 80 85

cag atc ctg ttc gat gaa ggc gat gag cac ggc att aag tca gct ggt 403
Gln Ile Leu Phe Asp Glu Gly Asp Glu His Gly Ile Lys Ser Ala Gly

90 95 100

tgc ggc gag tgg cct ggc aaa gtg gaa cgc ctc caa gcg gag atc ctg 451
Cys Gly Glu Trp Pro Gly Lys Val Glu Arg Leu Gln Ala Glu Ile Leu

105 110 115

cct cac atg ggg tgg aac aca ctt gaa atg cct acc aac tca cca atg 499
Pro His Met Gly Trp Asn Thr Leu Glu Met Pro Thr Asn Ser Pro Met

120 125 130

ttt gag gga att tca cct gat gag cgt ttc tac ttc gtg cac tcc tat 547
Phe Glu Gly Ile Ser Pro Asp Glu Arg Phe Tyr Phe Val His Ser Tyr

135 140 145

ggt gtg cgc aag tgg acg ttg gaa acc gac gat ctg acc acg cct cca 595
Gly Val Arg Lys Trp Thr Leu Glu Thr Asp Asp Leu Thr Thr Pro Pro

150 155 160 165

gag gtt gtg tgg gcg aag cac gaa aat gat cgt ttt gtg gca gct gtg 643
Glu Val Val Trp Ala Lys His Glu Asn Asp Arg Phe Val Ala Ala Val

170 175 180

gaa aac ggc acg ctg tgg gct act caa ttc cac cca gaa aaa tca ggt 691
Glu Asn Gly Thr Leu Trp Ala Thr Gln Phe His Pro Glu Lys Ser Gly

185 190 195

gac gca ggc gca cag cta ctg cga aac tgg atc aac tac atc 733
Asp Ala Gly Ala Gln Leu Leu Arg Asn Trp Ile Asn Tyr Ile

200 205 210

taacagatag gatcaatatt cat 756

<210> 384
<211> 211
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 384
Met Thr Lys Thr Val Ala Leu Leu Asp Tyr Gly Ser Gly Asn Leu Arg
1 5 10 15

Ser Ala Gln Arg Ala Leu Glu Arg Ala Gly Ala Glu Val Ile Val Ser
20 25 30

Ser Asp Pro Glu Val Cys Thr Asn Ala Asp Gly Leu Leu Val Pro Gly
35 40 45

Val Gly Ala Phe Asp Ala Cys Met Lys Gly Leu Lys Asn Val Phe Gly
50 55 60

His Arg Ile Ile Gly Gln Arg Leu Ala Gly Gly Arg Pro Val Met Gly
65 70 75 80

Ile Cys Val Gly Met Gln Ile Leu Phe Asp Glu Gly Asp Glu His Gly
85 90 95

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

Gln Ala Glu Ile Leu Pro His Met Gly Trp Asn Thr Leu Glu Met Pro
115 120 125

Thr Asn Ser Pro Met Phe Glu Gly Ile Ser Pro Asp Glu Arg Phe Tyr
130 135 140

Phe Val His Ser Tyr Gly Val Arg Lys Trp Thr Leu Glu Thr Asp Asp
145 150 155 160

Leu Thr Thr Pro Pro Glu Val Val Trp Ala Lys His Glu Asn Asp Arg
165 170 175

Phe Val Ala Ala Val Glu Asn Gly Thr Leu Trp Ala Thr Gln Phe His
180 185 190

Pro Glu Lys Ser Gly Asp Ala Gly Ala Gln Leu Leu Arg Asn Trp Ile
195 200 205

Asn Tyr Ile
210

<210> 385
<211> 723
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(700)
<223> RXN01657

<400> 385
cctccgtcat tgccgacgta tcccgcggcc tgggtgaagc catggtgggc atcaacgtat 60

ccgacgttcc agcaccacac cgactcgccg agcgcggctg gtg atc gtt gga gtt 115
Val Ile Val Gly Val

	1	5	
tta gct ctc cag ggc ggg gtg gaa gaa cac ctc acc gcc ttg gaa gct			163
Leu Ala Leu Gln Gly Gly Val Glu Glu His Leu Thr Ala Leu Glu Ala			
	10	15	20
ctc gga gcg acg acc cga aaa gta cgt gtg cca aag gac ctt gat ggt			211
Leu Gly Ala Thr Thr Arg Lys Val Arg Val Pro Lys Asp Leu Asp Gly			
	25	30	35
ctc gaa ggc atc gtc atc ccc ggc ggg gaa tcc acc gtg ttg gac aaa			259
Leu Glu Gly Ile Val Ile Pro Gly Gly Glu Ser Thr Val Leu Asp Lys			
	40	45	50
ctg gct cgg aca ttc gac gtg gta gaa cct cta gcg aat ctc att cgc			307
Leu Ala Arg Thr Phe Asp Val Val Glu Pro Leu Ala Asn Leu Ile Arg			
	55	60	65
gac ggc cta ccc gtt ttc gct acc tgc gct ggc ctg atc tat ctg gcg			355
Asp Gly Leu Pro Val Phe Ala Thr Cys Ala Gly Leu Ile Tyr Leu Ala			
	70	75	80
aaa cac ctc gac aac cca gca agg gga caa caa acc ttg gcg gta gtg			403
Lys His Leu Asp Asn Pro Ala Arg Gly Gln Gln Thr Leu Ala Val Val			
	90	95	100
gac gtg gtg gtg cgt cga aac gca ttt ggc gcc caa cgc gaa tcc ttc			451
Asp Val Val Val Arg Arg Asn Ala Phe Gly Ala Gln Arg Glu Ser Phe			
	105	110	115
gac acc acc gtg gat gtt tcc ttc gac ggt gca aca ttc ccc gga gtg			499
Asp Thr Thr Val Asp Val Ser Phe Asp Gly Ala Thr Phe Pro Gly Val			
	120	125	130
cag gcc tcg ttt atc cga gct ccc atc gtc act gct ttt ggt cct acg			547
Gln Ala Ser Phe Ile Arg Ala Pro Ile Val Thr Ala Phe Gly Pro Thr			
	135	140	145
gta gaa gcg atc gct gct ctc aac ggt ggg gag gtg gtt ggt gta cgc			595
Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu Val Val Gly Val Arg			

150	155	160	165	
caa ggc aac atc atc gcg ctg tct ttc cat ccc gaa gaa acc ggc gat				643
Gln Gly Asn Ile Ile Ala Leu Ser Phe His Pro Glu Glu Thr Gly Asp				
	170	175	180	
tac cgc atc cac caa gcc tgg ctg gac ctg gtg aga aaa cac gct gaa				691
Tyr Arg Ile His Gln Ala Trp Leu Asp Leu Val Arg Lys His Ala Glu				
	185	190	195	
ctg gcg att tgatgttttc ggtagcgctc tgt				723
Leu Ala Ile				
	200			
<210> 386				
<211> 200				
<212> PRT				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<400> 386				
Val	Ile	Val	Gly	Val
1		5		10
				15
Thr	Ala	Leu	Glu	Ala
		20		25
				30
Lys	Asp	Leu	Asp	Gly
	35		40	45
Thr	Val	Leu	Asp	Lys
	50		55	60
Ala	Asn	Leu	Ile	Arg
65		70		75
				80
Leu	Ile	Tyr	Leu	Ala
	85		90	95
Thr	Leu	Ala	Val	Val
	100		105	110
Gln	Arg	Glu	Ser	Phe

115 120 125

Thr Phe Pro Gly Val Gln Ala Ser Phe Ile Arg Ala Pro Ile Val Thr
130 135 140

Ala Phe Gly Pro Thr Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu
145 150 155 160

Val Val Gly Val Arg Gln Gly Asn Ile Ile Ala Leu Ser Phe His Pro
165 170 175

Glu Glu Thr Gly Asp Tyr Arg Ile His Gln Ala Trp Leu Asp Leu Val
180 185 190

Arg Lys His Ala Glu Leu Ala Ile
195 200

<210> 387
<211> 601
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(601)
<223> FRXA01657

<400> 387
cctccgtcat tgccgacgta tcccgcggcc tgggtgaagc catggtgggc atcaacgtat 60

ccgacgttcc agcaccacac cgactcgccg agcgcggctg gtg atc gtt gga gtt 115
Val Ile Val Gly Val
1 5

tta gct ctc cag ggc ggg gtg gaa gaa cac ctc acc gcc ttg gaa gct 163
Leu Ala Leu Gln Gly Gly Val Glu Glu His Leu Thr Ala Leu Glu Ala
10 15 20

ctc gga gcg acg acc cga aaa gta cgt gtg cca aag gac ctt gat ggt 211
Leu Gly Ala Thr Thr Arg Lys Val Arg Val Pro Lys Asp Leu Asp Gly
25 30 35

ctc gaa ggc atc gtc atc ccc ggc ggg gaa tcc acc gtg ttg gac aaa 259

Leu Glu Gly Ile Val Ile Pro Gly Gly Glu Ser Thr Val Leu Asp Lys

40

45

50

ctg gct cgg aca ttc gac gtg gta gaa cct cta gcg aat ctc att cgc 307
Leu Ala Arg Thr Phe Asp Val Val Glu Pro Leu Ala Asn Leu Ile Arg

55

60

65

gac ggc cta ccc gtt ttc gct acc tgc gct ggc ctg atc tat ctg gcg 355
Asp Gly Leu Pro Val Phe Ala Thr Cys Ala Gly Leu Ile Tyr Leu Ala

70

75

80

85

aaa cac ctc gac aac cca gca agg gga caa caa acc ttg gcg gta gtg 403
Lys His Leu Asp Asn Pro Ala Arg Gly Gln Gln Thr Leu Ala Val Val

90

95

100

gac gtg gtg gtg cgt cga aac gca ttt ggc gcc caa cgc gaa tcc ttc 451
Asp Val Val Val Arg Arg Asn Ala Phe Gly Ala Gln Arg Glu Ser Phe

105

110

115

gac acc acc gtg gat gtt tcc ttc gac ggt gca aca ttc ccc gga gtg 499
Asp Thr Thr Val Asp Val Ser Phe Asp Gly Ala Thr Phe Pro Gly Val

120

125

130

cag gcc tcg ttt atc cga gct ccc atc gtc act gct ttt ggt cct acg 547
Gln Ala Ser Phe Ile Arg Ala Pro Ile Val Thr Ala Phe Gly Pro Thr

135

140

145

gta gaa gcg atc gct gct ctc aac ggt ggg gag gtg gtt ggt gta cgc 595
Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu Val Val Gly Val Arg

150

155

160

165

caa ggc 601
Gln Gly

<210> 388

<211> 167

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 388

Val Ile Val Gly Val Leu Ala Leu Gln Gly Gly Val Glu Glu His Leu
1 5 10 15

Thr Ala Leu Glu Ala Leu Gly Ala Thr Thr Arg Lys Val Arg Val Pro
20 25 30

Lys Asp Leu Asp Gly Leu Glu Gly Ile Val Ile Pro Gly Gly Glu Ser
35 40 45

Thr Val Leu Asp Lys Leu Ala Arg Thr Phe Asp Val Val Glu Pro Leu
50 55 60

Ala Asn Leu Ile Arg Asp Gly Leu Pro Val Phe Ala Thr Cys Ala Gly
65 70 75 80

Leu Ile Tyr Leu Ala Lys His Leu Asp Asn Pro Ala Arg Gly Gln Gln
85 90 95

Thr Leu Ala Val Val Asp Val Val Val Arg Arg Asn Ala Phe Gly Ala
100 105 110

Gln Arg Glu Ser Phe Asp Thr Thr Val Asp Val Ser Phe Asp Gly Ala
115 120 125

Thr Phe Pro Gly Val Gln Ala Ser Phe Ile Arg Ala Pro Ile Val Thr
130 135 140

Ala Phe Gly Pro Thr Val Glu Ala Ile Ala Ala Leu Asn Gly Gly Glu
145 150 155 160

Val Val Gly Val Arg Gln Gly
165

<210> 389

<211> 897

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(874)

<223> RXA01098

<400> 389

aaaagggtc acgatgtgct gttaagtaag attgaaaaag ttcggttgat gcatgcagat 60

gcaggtaatg accagtcgtt aaatgaggag tacaagtaaa atg ggc gtg gca att 115
Met Gly Val Ala Ile

1 5

cga gtt att cct tgc ctg gac gtg gac aac ggc cgg gtt gtt aaa ggc 163
Arg Val Ile Pro Cys Leu Asp Val Asp Asn Gly Arg Val Val Lys Gly

10 15 20

gtg aac ttt gaa aac ctc cgc gat gct ggc gat cct gtg gag ttg gca 211
Val Asn Phe Glu Asn Leu Arg Asp Ala Gly Asp Pro Val Glu Leu Ala

25 30 35

aag cgc tat gac gag gaa ggg gca gat gag ctg acc ttc ctg gat gtc 259
Lys Arg Tyr Asp Glu Glu Gly Ala Asp Glu Leu Thr Phe Leu Asp Val

40 45 50

acc gcc tcg aag cat ggt cgc ggc acc atg ctg gat gtt gtt cga cgc 307
Thr Ala Ser Lys His Gly Arg Gly Thr Met Leu Asp Val Val Arg Arg

55 60 65

acc gct gat cag gtg ttc atc cct ctg act gtc ggt ggc ggc gtg cgc 355
Thr Ala Asp Gln Val Phe Ile Pro Leu Thr Val Gly Gly Gly Val Arg

70 75 80 85

agc gaa gaa gat gtt gat caa ttg ctg cgc gct ggc gcc gac aag gtt 403
Ser Glu Glu Asp Val Asp Gln Leu Leu Arg Ala Gly Ala Asp Lys Val

90 95 100

tcg gtg aac acg tct gcg att gcc cgt cca gaa ctg ctg tca gag ctg 451
Ser Val Asn Thr Ser Ala Ile Ala Arg Pro Glu Leu Leu Ser Glu Leu

105 110 115

tcc aag cgt ttt ggt gct cag tgc atc gtg ttg tct gtg gat gcc agg 499
Ser Lys Arg Phe Gly Ala Gln Cys Ile Val Leu Ser Val Asp Ala Arg

120 125 130

cgc gtt cct gaa ggt gga act cct cag cca tct ggt ttt gaa gtc acc 547
Arg Val Pro Glu Gly Gly Thr Pro Gln Pro Ser Gly Phe Glu Val Thr

135

140

145

acc cac ggc ggt tcc aag tcc gca gaa ctt gat gca atc gag tgg gca 595
Thr His Gly Gly Ser Lys Ser Ala Glu Leu Asp Ala Ile Glu Trp Ala

150

155

160

165

aag cgc ggc gaa gag ctg ggc gtt ggc gaa att ctg ctc aac tcc atg 643
Lys Arg Gly Glu Glu Leu Gly Val Gly Glu Ile Leu Leu Asn Ser Met

170

175

180

gac ggc gac ggc acc aaa aac ggc ttt gac cta gag ctg ctg gaa aaa 691
Asp Gly Asp Gly Thr Lys Asn Gly Phe Asp Leu Glu Leu Leu Glu Lys

185

190

195

gtt cgc gca gcc gta tcc att cct gta atc gcc tcc ggc ggc gct ggc 739
Val Arg Ala Ala Val Ser Ile Pro Val Ile Ala Ser Gly Gly Ala Gly

200

205

210

aag gcg gag cat ttc cca cca gct gtt gca gct ggc gcc aac gca gtg 787
Lys Ala Glu His Phe Pro Pro Ala Val Ala Ala Gly Ala Asn Ala Val

215

220

225

ctt gcc gcg acc att ttc cac ttc cgc gaa gta acc atc gcc gaa gta 835
Leu Ala Ala Thr Ile Phe His Phe Arg Glu Val Thr Ile Ala Glu Val

230

235

240

245

aag gga gcc att aaa gat gca gga ttt gag gtg cgg aaa tgagtgacaa 884
Lys Gly Ala Ile Lys Asp Ala Gly Phe Glu Val Arg Lys

250

255

tccacaagag tat 897

<210> 390

<211> 258

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 390

Met Gly Val Ala Ile Arg Val Ile Pro Cys Leu Asp Val Asp Asn Gly

1	5	10	15
Arg Val Val Lys Gly Val Asn Phe Glu Asn Leu Arg Asp Ala Gly Asp			
	20	25	30
Pro Val Glu Leu Ala Lys Arg Tyr Asp Glu Glu Gly Ala Asp Glu Leu			
	35	40	45
Thr Phe Leu Asp Val Thr Ala Ser Lys His Gly Arg Gly Thr Met Leu			
	50	55	60
Asp Val Val Arg Arg Thr Ala Asp Gln Val Phe Ile Pro Leu Thr Val			
	65	70	75
Gly Gly Gly Val Arg Ser Glu Glu Asp Val Asp Gln Leu Leu Arg Ala			
	85	90	95
Gly Ala Asp Lys Val Ser Val Asn Thr Ser Ala Ile Ala Arg Pro Glu			
	100	105	110
Leu Leu Ser Glu Leu Ser Lys Arg Phe Gly Ala Gln Cys Ile Val Leu			
	115	120	125
Ser Val Asp Ala Arg Arg Val Pro Glu Gly Gly Thr Pro Gln Pro Ser			
	130	135	140
Gly Phe Glu Val Thr Thr His Gly Gly Ser Lys Ser Ala Glu Leu Asp			
	145	150	155
Ala Ile Glu Trp Ala Lys Arg Gly Glu Glu Leu Gly Val Gly Glu Ile			
	165	170	175
Leu Leu Asn Ser Met Asp Gly Asp Gly Thr Lys Asn Gly Phe Asp Leu			
	180	185	190
Glu Leu Leu Glu Lys Val Arg Ala Ala Val Ser Ile Pro Val Ile Ala			
	195	200	205
Ser Gly Gly Ala Gly Lys Ala Glu His Phe Pro Pro Ala Val Ala Ala			
	210	215	220

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

Thr Ile Ala Glu Val Lys Gly Ala Ile Lys Asp Ala Gly Phe Glu Val
245 250 255

Arg Lys

<210> 391

<211> 729

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(706)

<223> RXN01104

<400> 391

cacttgcgca ctaccattgg tgtgcctgag gaaaatgatg cgtttttgga cgcagctgca 60

gagatcatca agctgaacct gtaagagaga agaatttttc atg act gtc gca cca 115
Met Thr Val Ala Pro

1 5

aga att ggt acc gca acc cgc acc acc agc gaa tcc gac atc acc gtc 163
Arg Ile Gly Thr Ala Thr Arg Thr Thr Ser Glu Ser Asp Ile Thr Val

10 15 20

gag atc aac ctg gac ggc acc ggc aaa gta gat atc gat acc ggc ctg 211
Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp Ile Asp Thr Gly Leu

25 30 35

cca ttt ttc gac cac atg ctc act gca ttc ggc gtg cac ggc agt ttt 259
Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly Val His Gly Ser Phe

40 45 50

gat ctg aaa gtc cat gcc aag ggc gac atc gag atc gac gca cac cac 307
Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu Ile Asp Ala His His

55 60 65

acc gtg gaa gat acc gcc atc gtg ctc ggc caa gca ctc ctt gac gct 355
Thr Val Glu Asp Thr Ala Ile Val Leu Gly Gln Ala Leu Leu Asp Ala

70 75 80 85

att ggc gac aag aaa ggc atc cgc cgt ttc gca tcc tgc cag ctg ccc 403
Ile Gly Asp Lys Lys Gly Ile Arg Arg Phe Ala Ser Cys Gln Leu Pro

90 95 100

atg gat gag gca tta gtg gag tcc gtg gtg gat atc tcc ggt cgc cca 451
Met Asp Glu Ala Leu Val Glu Ser Val Val Asp Ile Ser Gly Arg Pro

105 110 115

tac ttc gtg atc tcc ggc gaa cca gac cac atg atc acc tcc gtg atc 499
Tyr Phe Val Ile Ser Gly Glu Pro Asp His Met Ile Thr Ser Val Ile

120 125 130

ggt gga cac tac gca acc gtg atc aac gag cac ttc ttt gaa acc ctc 547
Gly Gly His Tyr Ala Thr Val Ile Asn Glu His Phe Phe Glu Thr Leu

135 140 145

gcg ctc aac tcc cga atc acc ctc cac gtg atc tgc cac tac ggc cgc 595
Ala Leu Asn Ser Arg Ile Thr Leu His Val Ile Cys His Tyr Gly Arg

150 155 160 165

gac cct cac cac atc acc gaa gca gag tac aag gct gtt gcc cgt gcg 643
Asp Pro His His Ile Thr Glu Ala Glu Tyr Lys Ala Val Ala Arg Ala

170 175 180

ctg cgc ggt gcc gta gag atg gat cct cgt caa aca gga atc cca tcc 691
Leu Arg Gly Ala Val Glu Met Asp Pro Arg Gln Thr Gly Ile Pro Ser

185 190 195

act aag gga gcg ctc tagacatgaa ctcttctccc atc 729
Thr Lys Gly Ala Leu

200

<210> 392

<211> 202

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 392

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

Ser Asp Ile Thr Val Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp
20 25 30

Ile Asp Thr Gly Leu Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly
35 40 45

Val His Gly Ser Phe Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu
50 55 60

Ile Asp Ala His His Thr Val Glu Asp Thr Ala Ile Val Leu Gly Gln
65 70 75 80

Ala Leu Leu Asp Ala Ile Gly Asp Lys Lys Gly Ile Arg Arg Phe Ala
85 90 95

Ser Cys Gln Leu Pro Met Asp Glu Ala Leu Val Glu Ser Val Val Asp
100 105 110

Ile Ser Gly Arg Pro Tyr Phe Val Ile Ser Gly Glu Pro Asp His Met
115 120 125

Ile Thr Ser Val Ile Gly Gly His Tyr Ala Thr Val Ile Asn Glu His
130 135 140

Phe Phe Glu Thr Leu Ala Leu Asn Ser Arg Ile Thr Leu His Val Ile
145 150 155 160

Cys His Tyr Gly Arg Asp Pro His His Ile Thr Glu Ala Glu Tyr Lys
165 170 175

Ala Val Ala Arg Ala Leu Arg Gly Ala Val Glu Met Asp Pro Arg Gln
180 185 190

Thr Gly Ile Pro Ser Thr Lys Gly Ala Leu
195 200

<210> 393

<211> 729

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(706)

<223> FRXA01104

<400> 393

cacttgcgca ctaccattgg tgtgcctgag gaaaatgatg cgtttttgga cgcagctgca 60

gagatcatca agctgaacct gtaagagaga agaatttttc atg act gtc gca cca 115
Met Thr Val Ala Pro

1 5

aga att ggt acc gca acc cgc acc acc agc gaa tcc gac atc acc gtc 163
Arg Ile Gly Thr Ala Thr Arg Thr Thr Ser Glu Ser Asp Ile Thr Val

10 15 20

gag atc aac ctg gac ggc acc ggc aaa gta gat atc gat acc ggc ctg 211
Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp Ile Asp Thr Gly Leu

25 30 35

cca ttt ttc gac cac atg ctc act gca ttc ggc gtg cac ggc agt ttt 259
Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly Val His Gly Ser Phe

40 45 50

gat ctg aaa gtc cat gcc aag ggc gac atc gag atc gac gca cac cac 307
Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu Ile Asp Ala His His

55 60 65

acc gtg gaa gat acc gcc atc gtg ctc ggc caa gca ctc ctt gac gct 355
Thr Val Glu Asp Thr Ala Ile Val Leu Gly Gln Ala Leu Leu Asp Ala

70 75 80 85

att ggc gac aag aaa ggc atc cgc cgt ttc gca tcc tgc cag ctg ccc 403
Ile Gly Asp Lys Lys Gly Ile Arg Arg Phe Ala Ser Cys Gln Leu Pro

90 95 100

atg gat gag gca tta gtg gag tcc gtg gtg gat atc tcc ggt cgc cca 451
Met Asp Glu Ala Leu Val Glu Ser Val Val Asp Ile Ser Gly Arg Pro

105	110	115	
tac ttc gtg atc tcc ggc gaa cca gac cac atg atc acc tcc gtg atc 499			
Tyr Phe Val Ile Ser Gly Glu Pro Asp His Met Ile Thr Ser Val Ile			
120	125	130	
ggc gga cac tac gca acc gtg atc aac gag cac ttc ttt gaa acc ctc 547			
Gly Gly His Tyr Ala Thr Val Ile Asn Glu His Phe Phe Glu Thr Leu			
135	140	145	
gcg ctc aac tcc cga atc acc ctc cac gtg atc tgc cac tac ggc cgc 595			
Ala Leu Asn Ser Arg Ile Thr Leu His Val Ile Cys His Tyr Gly Arg			
150	155	160	165
gac cct cac cac atc acc gaa gca gag tac aag gct gtt gcc cgt gcg 643			
Asp Pro His His Ile Thr Glu Ala Glu Tyr Lys Ala Val Ala Arg Ala			
170	175	180	
ctg cgc ggt gcc gta gag atg gat cct cgt caa aca gga atc cca tcc 691			
Leu Arg Gly Ala Val Glu Met Asp Pro Arg Gln Thr Gly Ile Pro Ser			
185	190	195	
act aag gga gcg ctc tagacatgaa ctcttctccc atc 729			
Thr Lys Gly Ala Leu			

200

<210> 394
 <211> 202
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 394
 Met Thr Val Ala Pro Arg Ile Gly Thr Ala Thr Arg Thr Thr Ser Glu
 1 5 10 15

Ser Asp Ile Thr Val Glu Ile Asn Leu Asp Gly Thr Gly Lys Val Asp
 20 25 30

Ile Asp Thr Gly Leu Pro Phe Phe Asp His Met Leu Thr Ala Phe Gly
 35 40 45

Val His Gly Ser Phe Asp Leu Lys Val His Ala Lys Gly Asp Ile Glu
50 55 60

Ile Asp Ala His His Thr Val Glu Asp Thr Ala Ile Val Leu Gly Gln
65 70 75 80

Ala Leu Leu Asp Ala Ile Gly Asp Lys Lys Gly Ile Arg Arg Phe Ala
85 90 95

Ser Cys Gln Leu Pro Met Asp Glu Ala Leu Val Glu Ser Val Val Asp
100 105 110

Ile Ser Gly Arg Pro Tyr Phe Val Ile Ser Gly Glu Pro Asp His Met
115 120 125

Ile Thr Ser Val Ile Gly Gly His Tyr Ala Thr Val Ile Asn Glu His
130 135 140

Phe Phe Glu Thr Leu Ala Leu Asn Ser Arg Ile Thr Leu His Val Ile
145 150 155 160

Cys His Tyr Gly Arg Asp Pro His His Ile Thr Glu Ala Glu Tyr Lys
165 170 175

Ala Val Ala Arg Ala Leu Arg Gly Ala Val Glu Met Asp Pro Arg Gln
180 185 190

Thr Gly Ile Pro Ser Thr Lys Gly Ala Leu
195 200

<210> 395

<211> 987

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(964)

<223> RXN00446

<400> 395

tgctacgaag ttatctagta atgaagttag tttttccct ctcccggcag cagttgatgc 60

ggtgacggag gctacttggg gggctaatacg gtacccggat atg ggt gcg gtt gag 115
Met Gly Ala Val Glu

1 5

ctc cgt gag gct ctt gca gag cat tta gag gtt gag ttt gac cag gtc 163
Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu His Leu Glu Val Glu Phe Asp Gln Val

10 15 20

acg gta ggt tgc ggc tcg tct gcg ctg tgt caa cag ctg gtt cag gca 211
Thr Val Gly Cys Gly Ser Ser Ala Leu Cys Gln Gln Leu Val Gln Ala

25 30 35

acg tgc gct cag ggc gat gag gtc att ttt cca tgg cgc agc ttt gag 259
Thr Cys Ala Gln Gly Asp Glu Val Ile Phe Pro Trp Arg Ser Phe Glu

40 45 50

gct tat cca att ttc gcg cag gtc gcg ggc gcc act cct gtt gcc att 307
Ala Tyr Pro Ile Phe Ala Gln Val Ala Gly Ala Thr Pro Val Ala Ile

55 60 65

ccg ctg act gct gat cag aat cat gat ctt gat gcg atg gca gcc gcg 355
Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp Ala Met Ala Ala Ala

70 75 80 85

atc act gat aag acc cgc ctc att ttc atc tgc aac ccc aac aat cct 403
Ile Thr Asp Lys Thr Arg Leu Ile Phe Ile Cys Asn Pro Asn Asn Pro

90 95 100

tcg ggc acc acc atc acc cag gcg cag ttt gat aat ttc atg gaa aag 451
Ser Gly Thr Thr Ile Thr Gln Ala Gln Phe Asp Asn Phe Met Glu Lys

105 110 115

gtt cca aac gat gtc gtt gtt ggg ctg gat gag gct tat ttt gag ttc 499
Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr Phe Glu Phe

120 125 130

aac cgc gcg gac gac acc cca gtt gcc act gag gaa atc cac cgc cac 547
Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile His Arg His

135 140 145

gac aac gtg att ggt ttg cgc acg ttc tcc aag gcg tat ggc ctg gcg 595
Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr Gly Leu Ala

150 155 160 165

ggc ttg cgt gtt ggt tac gcc ttc gga aac gca gag atc atc gca gcg 643
Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile Ile Ala Ala

170 175 180

atg aat aag gtg gct att cct ttc gcg gtg aat tca gca gct cag gcg 691
Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala Ala Gln Ala

185 190 195

gca gcg ctt gcg agt ttg aat tct gcc gat gag ttg atg gaa cgg gtg 739
Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met Glu Arg Val

200 205 210

gag gaa acc gtc gaa aag cgt gat gct gtg gtg tca gcg ctt ggt gct 787
Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala Leu Gly Ala

215 220 225

gcg ccg acg cag gcc aat ttc gtc tgg ctg ccg ggc gag ggc gcc gct 835
Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu Gly Ala Ala

230 235 240 245

gag ttg gcg gct aaa ttg gcc gag cac ggc atc gtg att cgc gcg ttc 883
Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile Arg Ala Phe

250 255 260

ccc gag ggt gcg cgc att tcg gtg acc aac gcc gag gaa act gac aag 931
Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu Thr Asp Lys

265 270 275

ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg tagtctttgg cgttttgccg 984
Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly

280 285

tgc 987

<210> 396

<211> 288

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 396

Met Gly Ala Val Glu Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu His Leu Glu Val
1 5 10 15

Glu Phe Asp Gln Val Thr Val Gly Cys Gly Ser Ser Ala Leu Cys Gln
20 25 30

Gln Leu Val Gln Ala Thr Cys Ala Gln Gly Asp Glu Val Ile Phe Pro
35 40 45

Trp Arg Ser Phe Glu Ala Tyr Pro Ile Phe Ala Gln Val Ala Gly Ala
50 55 60

Thr Pro Val Ala Ile Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp
65 70 75 80

Ala Met Ala Ala Ala Ile Thr Asp Lys Thr Arg Leu Ile Phe Ile Cys
85 90 95

Asn Pro Asn Asn Pro Ser Gly Thr Thr Ile Thr Gln Ala Gln Phe Asp
100 105 110

Asn Phe Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu
115 120 125

Ala Tyr Phe Glu Phe Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu
130 135 140

Glu Ile His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys
145 150 155 160

Ala Tyr Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala
165 170 175

Glu Ile Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn
180 185 190

Ser Ala Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu

ggc ctg gcg ggc ttg cgt gtt ggt tac gcc ttc gga aac gca gag atc 192
Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile

50 55 60

atc gca gcg atg aat aag gtg gct att cct ttc gcg gtg aat tca gca 240
Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala

65 70 75 80

gct cag gcg gca gcg ctt gcg agt ttg aat tct gcc gat gag ttg atg 288
Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met

85 90 95

gaa cgg gtg gag gaa acc gtc gaa aag cgt gat gct gtg gtg tca gcg 336
Glu Arg Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala

100 105 110

ctt ggt gct gcg ccg acg cag gcc aat ttc gtc tgg ctg ccg ggc gag 384
Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu

115 120 125

ggc gcc gct gag ttg gcg gct aaa ttg gcc gag cac ggc atc gtg att 432
Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile

130 135 140

cgc gcg ttc ccc gag ggt gcg cgc att tcg gtg acc aac gcc gag gaa 480
Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu

145 150 155 160

act gac aag ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg 522
Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly

165 170

tagtcttttg cgttttgcgg tgc 545

<210> 398

<211> 174

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 398

Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr
1 5 10 15

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

His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr
35 40 45

Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile
50 55 60

Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala
65 70 75 80

Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met
85 90 95

Glu Arg Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala
100 105 110

Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu
115 120 125

Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile
130 135 140

Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu
145 150 155 160

Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly
165 170

<210> 399

<211> 1221

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1198)

<223> RXA01105

<400> 399

ttgtcatcaa ctttgccaac gccgaagatc ttccagcgca cggcgaagca atccgtgcac 60

gctttgaaaa cctccccacc accgacgagg cctaagaaaa atg acc aaa att act 115
Met Thr Lys Ile Thr

1 5

ttg agc gat ttg cca ttg cgt gaa gaa ctg cgc ggt gag cac gct tac 163
Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg Gly Glu His Ala Tyr

10 15 20

ggc gca ccc cag ctc aac gtt gat att cgc ctc aac acc aac gaa aac 211
Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu Asn Thr Asn Glu Asn

25 30 35

cct tac cca ccg tca gag gca ttg gtc gct gac ttg gtt gcc acc gtg 259
Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu Val Ala Asp Leu Val Ala Thr Val

40 45 50

gat aag atc gcc acc gag ctg aac cgc tac cca gag cgc gat gct gtg 307
Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro Glu Arg Asp Ala Val

55 60 65

gaa ctg cgt gat gag ttg gct gcg tac atc acc aag caa acc ggc gtg 355
Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr Lys Gln Thr Gly Val

70 75 80 85

gct gtc acc agg gat aac ctg tgg gct gcc aat ggt tcc aat gaa att 403
Ala Val Thr Arg Asp Asn Leu Trp Ala Ala Asn Gly Ser Asn Glu Ile

90 95 100

ctg cag cag ctg ctg cag gct ttt ggt gga cct gga cgc acc gcg ttg 451
Leu Gln Gln Leu Leu Gln Ala Phe Gly Gly Pro Gly Arg Thr Ala Leu

105 110 115

gga ttc caa ccc agc tat tcc atg cac cca att ttg gct aaa ggc acc 499
Gly Phe Gln Pro Ser Tyr Ser Met His Pro Ile Leu Ala Lys Gly Thr

120 125 130

cac act gaa ttc att gcg gtg tcc cga ggt gct gat ttc cgc atc gat	547
His Thr Glu Phe Ile Ala Val Ser Arg Gly Ala Asp Phe Arg Ile Asp	
135	140
145	
atg gat gtg gcg ctg gaa gaa att cgt gca aag cag cct gac att gtt	595
Met Asp Val Ala Leu Glu Glu Ile Arg Ala Lys Gln Pro Asp Ile Val	
150	155
160	165
ttt gtc acc acc ccg aac aac ccg acc ggt gat gtg acc tcg ctg gac	643
Phe Val Thr Thr Pro Asn Asn Pro Thr Gly Asp Val Thr Ser Leu Asp	
170	175
180	
gat gtt gag cgc atc atc aac gtt gcc cca ggc atc gtg atc gtg gat	691
Asp Val Glu Arg Ile Ile Asn Val Ala Pro Gly Ile Val Ile Val Asp	
185	190
195	
gaa gct tat gcg gaa ttc tcc cca tca cct tca gca acc act ctt ctg	739
Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Ser Pro Ser Pro Ser Ala Thr Thr Leu Leu	
200	205
210	
gag aag tac cca acc aag ctg gtg gtg tcc cgc acc atg agt aag gct	787
Glu Lys Tyr Pro Thr Lys Leu Val Val Ser Arg Thr Met Ser Lys Ala	
215	220
225	
ttt gat ttc gca ggt gga cgc ctc ggc tac ttc gtg gcc aac cca gcg	835
Phe Asp Phe Ala Gly Gly Arg Leu Gly Tyr Phe Val Ala Asn Pro Ala	
230	235
240	245
ttt atc gac gcc gtg atg cta gtc cgc ctt ccg tat cat ctt tca gcg	883
Phe Ile Asp Ala Val Met Leu Val Arg Leu Pro Tyr His Leu Ser Ala	
250	255
260	
ctg agc caa gca gcc gca atc gta gcg ctg cgt cac tcc gct gac acg	931
Leu Ser Gln Ala Ala Ala Ile Val Ala Leu Arg His Ser Ala Asp Thr	
265	270
275	
ctg gga acc gtc gaa aag ctc tct gta gag cgt gtt cgc gtg gca gca	979
Leu Gly Thr Val Glu Lys Leu Ser Val Glu Arg Val Arg Val Ala Ala	
280	285
290	
cgc ttg gag gaa ctg ggc tac gct gtg gtt cca agt gag tcc aac ttt	1027

Arg Leu Glu Glu Leu Gly Tyr Ala Val Val Pro Ser Glu Ser Asn Phe

295 300 305

gtg ttc ttt gga gat ttc tcc gat cag cac gcg gca tgg cag gca ttt 1075
Val Phe Phe Gly Asp Phe Ser Asp Gln His Ala Ala Trp Gln Ala Phe

310 315 320 325

ttg gat agg gga gtg ctc atc cgc gat gtg gga atc gct ggg cac ttg 1123
Leu Asp Arg Gly Val Leu Ile Arg Asp Val Gly Ile Ala Gly His Leu

330 335 340

cgc act acc att ggt gtg cct gag gaa aat gat gcg ttt ttg gac gca 1171
Arg Thr Thr Ile Gly Val Pro Glu Glu Asn Asp Ala Phe Leu Asp Ala

345 350 355

gct gca gag atc atc aag ctg aac ctg taagagagaa gaatttttca 1218
Ala Ala Glu Ile Ile Lys Leu Asn Leu

360 365

tga 1221

<210> 400
<211> 366
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 400
Met Thr Lys Ile Thr Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg
1 5 10 15

Gly Glu His Ala Tyr Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu
20 25 30

Asn Thr Asn Glu Asn Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu Val Ala Asp
35 40 45

Leu Val Ala Thr Val Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro
50 55 60

Glu Arg Asp Ala Val Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr

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

290 295 300

Ser Glu Ser Asn Phe Val Phe Phe Gly Asp Phe Ser Asp Gln His Ala
 305 310 315 320

Ala Trp Gln Ala Phe Leu Asp Arg Gly Val Leu Ile Arg Asp Val Gly
 325 330 335

Ile Ala Gly His Leu Arg Thr Thr Ile Gly Val Pro Glu Glu Asn Asp
 340 345 350

Ala Phe Leu Asp Ala Ala Ala Glu Ile Ile Lys Leu Asn Leu
 355 360 365

<210> 401
 <211> 1449
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1426)
 <223> RXA01106

<400> 401
 ggtaaacatg cgggcttaag aacttgtgtt gaggccgctt ggattcgggc accgagctcg 60

aagaatttcg attcaacctt ttaagggaga acttttcgcc atg ttg aat gtc act 115
 Met Leu Asn Val Thr

1 5

gac ctg cga ggt caa aca cca tcc aag agc gac atc cga cgt gct ttg 163
 Asp Leu Arg Gly Gln Thr Pro Ser Lys Ser Asp Ile Arg Arg Ala Leu

10 15 20

cca cgt ggt ggc act gac gtg tgg tct gtg ctt ccc ata gtg cag cct 211
 Pro Arg Gly Gly Thr Asp Val Trp Ser Val Leu Pro Ile Val Gln Pro

25 30 35

gtt gta gaa gat gtc caa aac cgc ggc gct gaa gct gct ttg gat tac 259
 Val Val Glu Asp Val Gln Asn Arg Gly Ala Glu Ala Ala Leu Asp Tyr

40	45	50	
ggc gag aag ttc gac cat att cgc ccc gcc tcg gtg cgg gtg cca gct			307
Gly Glu Lys Phe Asp His Ile Arg Pro Ala Ser Val Arg Val Pro Ala			
55	60	65	
gag gtt att gct gca gca gaa aac acc tta gat ccg ttg gtg cgt gaa			355
Glu Val Ile Ala Ala Ala Glu Asn Thr Leu Asp Pro Leu Val Arg Glu			
70	75	80	85
tcg att gaa gag tcg att cgt cgc gtc cgc aag gtt cac gct gag caa			403
Ser Ile Glu Glu Ser Ile Arg Arg Val Arg Lys Val His Ala Glu Gln			
90	95	100	
aag cca tcc gag cac acc act gaa ctt tca cca ggt ggc acc gtc act			451
Lys Pro Ser Glu His Thr Thr Glu Leu Ser Pro Gly Gly Thr Val Thr			
105	110	115	
gag cgt ttc atg ccg att gat cgc gtg gga ctg tac gtt cca ggc ggc			499
Glu Arg Phe Met Pro Ile Asp Arg Val Gly Leu Tyr Val Pro Gly Gly			
120	125	130	
aat gcg gtg tac cca tca agc gtg att atg aat act gtc cca gct caa			547
Asn Ala Val Tyr Pro Ser Ser Val Ile Met Asn Thr Val Pro Ala Gln			
135	140	145	
gag gct ggt gtg aac tcc ctt gtg gtt gcg tcg cct cct cag gct gag			595
Glu Ala Gly Val Asn Ser Leu Val Val Ala Ser Pro Pro Gln Ala Glu			
150	155	160	165
cac ggt ggc tgg cct cac ccc acc att ttg gcg gcg tgt tcc atc ttg			643
His Gly Gly Trp Pro His Pro Thr Ile Leu Ala Ala Cys Ser Ile Leu			
170	175	180	
ggt gtt gat gag gtg tgg gct gtc ggc ggc ggt cag gcc gtg gcg ttg			691
Gly Val Asp Glu Val Trp Ala Val Gly Gly Gly Gln Ala Val Ala Leu			
185	190	195	
ctg gct tat ggt gat gac gct gca ggt ctc gag cct gtg gat atg atc			739
Leu Ala Tyr Gly Asp Asp Ala Ala Gly Leu Glu Pro Val Asp Met Ile			

200	205	210	
act gga cct ggc aat atc ttt gtc acc gct gcg aag cgc ctg gtc agg 787			
Thr Gly Pro Gly Asn Ile Phe Val Thr Ala Ala Lys Arg Leu Val Arg			
215	220	225	
gga gtg gta ggt act gat tct gag gct ggc cct aca gaa atc gct gtg 835			
Gly Val Val Gly Thr Asp Ser Glu Ala Gly Pro Thr Glu Ile Ala Val			
230	235	240	245
ctt gct gat gcc tct gcc aac gcc gtc aac gtt gcc tac gat ctg atc 883			
Leu Ala Asp Ala Ser Ala Asn Ala Val Asn Val Ala Tyr Asp Leu Ile			
	250	255	260
agc caa gca gaa cac gat gtc atg gct gcg tcc gtg ctc atc act gac 931			
Ser Gln Ala Glu His Asp Val Met Ala Ala Ser Val Leu Ile Thr Asp			
	265	270	275
tcc gag cag ctt gcc aag gac gta aac agg gaa atc gag gcg cgt tac 979			
Ser Glu Gln Leu Ala Lys Asp Val Asn Arg Glu Ile Glu Ala Arg Tyr			
280	285	290	
tca atc acg cgc aac gcc gag cgc gtc gca gaa gct ttg cgc ggg gcc 1027			
Ser Ile Thr Arg Asn Ala Glu Arg Val Ala Glu Ala Leu Arg Gly Ala			
295	300	305	
cag agt ggc atc gtg ctt gtc gac gac att tcc gtg ggt atc caa gta 1075			
Gln Ser Gly Ile Val Leu Val Asp Asp Ile Ser Val Gly Ile Gln Val			
310	315	320	325
gcc gat caa tac gca gcg gaa cac ctg gaa atc cac act gag aac gcg 1123			
Ala Asp Gln Tyr Ala Ala Glu His Leu Glu Ile His Thr Glu Asn Ala			
	330	335	340
cgc gcc gta gca gag cag atc acc aac gcg ggt gcg atc ttc gtg ggc 1171			
Arg Ala Val Ala Glu Gln Ile Thr Asn Ala Gly Ala Ile Phe Val Gly			
345	350	355	
gat ttc tca cca gta cca ctg ggt gat tac tcc gca gga tcc aac cac 1219			
Asp Phe Ser Pro Val Pro Leu Gly Asp Tyr Ser Ala Gly Ser Asn His			

360 365 370

gtg ctg cca acc tct gga tcc gct cgt ttc tcc gca ggt cta tcc acg 1267
Val Leu Pro Thr Ser Gly Ser Ala Arg Phe Ser Ala Gly Leu Ser Thr

375 380 385

cac acg ttc ctt cgc cca gtc aac ctc att gaa tac gat gag gct gct 1315
His Thr Phe Leu Arg Pro Val Asn Leu Ile Glu Tyr Asp Glu Ala Ala

390 395 400 405

ctg aag gac gtc tcg cag gtt gtc atc aac ttt gcc aac gcc gaa gat 1363
Leu Lys Asp Val Ser Gln Val Val Ile Asn Phe Ala Asn Ala Glu Asp

410 415 420

ctt cca gcg cac ggc gaa gca atc cgt gca cgc ttt gaa aac ctc ccc 1411
Leu Pro Ala His Gly Glu Ala Ile Arg Ala Arg Phe Glu Asn Leu Pro

425 430 435

acc acc gac gag gcc taagaaaaat gaccaaaatt act 1449
Thr Thr Asp Glu Ala

440

<210> 402
<211> 442
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 402
Met Leu Asn Val Thr Asp Leu Arg Gly Gln Thr Pro Ser Lys Ser Asp
1 5 10 15

Ile Arg Arg Ala Leu Pro Arg Gly Gly Thr Asp Val Trp Ser Val Leu
20 25 30

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

Ala Ala Leu Asp Tyr Gly Glu Lys Phe Asp His Ile Arg Pro Ala Ser
50 55 60

Val Arg Val Pro Ala Glu Val Ile Ala Ala Ala Glu Asn Thr Leu Asp

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

290 295 300

Ala Leu Arg Gly Ala Gln Ser Gly Ile Val Leu Val Asp Asp Ile Ser
305 310 315 320

Val Gly Ile Gln Val Ala Asp Gln Tyr Ala Ala Glu His Leu Glu Ile
325 330 335

His Thr Glu Asn Ala Arg Ala Val Ala Glu Gln Ile Thr Asn Ala Gly
340 345 350

Ala Ile Phe Val Gly Asp Phe Ser Pro Val Pro Leu Gly Asp Tyr Ser
355 360 365

Ala Gly Ser Asn His Val Leu Pro Thr Ser Gly Ser Ala Arg Phe Ser
370 375 380

Ala Gly Leu Ser Thr His Thr Phe Leu Arg Pro Val Asn Leu Ile Glu
385 390 395 400

Tyr Asp Glu Ala Ala Leu Lys Asp Val Ser Gln Val Val Ile Asn Phe
405 410 415

Ala Asn Ala Glu Asp Leu Pro Ala His Gly Glu Ala Ile Arg Ala Arg
420 425 430

Phe Glu Asn Leu Pro Thr Thr Asp Glu Ala
435 440

<210> 403
<211> 876
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(853)
<223> RXC00930

<400> 403
acggcgcacc acacatttgg tgggtgtattg agctatctct gggtcgcgtg agaaaccatt 60

ttccggtgga tgatggaagc tagacgacga aaggagcat atg tct ggc cac tca	115
Met Ser Gly His Ser	
1 5	
aaa tgg gcg act acc aag cac aag aag gct gct aac gac gcc aag cga	163
Lys Trp Ala Thr Thr Lys His Lys Lys Ala Ala Asn Asp Ala Lys Arg	
10 15 20	
ggc aag gaa ttt gcc aag ctg atc aag aac atc gaa gtt gcg gca cgt	211
Gly Lys Glu Phe Ala Lys Leu Ile Lys Asn Ile Glu Val Ala Ala Arg	
25 30 35	
aca ggc ggt gga gat ccg tct gcg aac cca acg ctt gat gac atg atc	259
Thr Gly Gly Gly Asp Pro Ser Ala Asn Pro Thr Leu Asp Asp Met Ile	
40 45 50	
aag aaa gcc aag aag gct tct gtg ccg aac gat aac atc gaa cgt gca	307
Lys Lys Ala Lys Lys Ala Ser Val Pro Asn Asp Asn Ile Glu Arg Ala	
55 60 65	
cgc aag cgt ggc tcc ggc gaa gaa gct ggt ggc gct gac tgg atg aac	355
Arg Lys Arg Gly Ser Gly Glu Glu Ala Gly Gly Ala Asp Trp Met Asn	
70 75 80 85	
atc atg tac gag gga tac ggc ccc aac ggc gtt gcc atg ctt atc gag	403
Ile Met Tyr Glu Gly Tyr Gly Pro Asn Gly Val Ala Met Leu Ile Glu	
90 95 100	
tgt ctg acc gac aac cgt aac cgc gca gct acc gaa gtt cgc acc gca	451
Cys Leu Thr Asp Asn Arg Asn Arg Ala Ala Thr Glu Val Arg Thr Ala	
105 110 115	
atg acc aaa aac ggt ggc aac ttg ggc gag tcc ggt tcc gtg tcc tac	499
Met Thr Lys Asn Gly Gly Asn Leu Gly Glu Ser Gly Ser Val Ser Tyr	
120 125 130	
atg ttc acc cgc acc ggt gtc gtc acc gta caa aag ggc gat ctt agt	547
Met Phe Thr Arg Thr Gly Val Val Thr Val Gln Lys Gly Asp Leu Ser	
135 140 145	
gaa gat gac gtg ctc atg gct gtt ctt gaa gct ggt gct gaa gaa gtc	595

Glu Asp Asp Val Leu Met Ala Val Leu Glu Ala Gly Ala Glu Glu Val
150 155 160 165
aac gac aac ggc gat ctg ttc gag gtt acc tgc gca cca act gac att 643
Asn Asp Asn Gly Asp Leu Phe Glu Val Thr Cys Ala Pro Thr Asp Ile
170 175 180
cag gct gtt cgc gac gca ctc gtg gaa gct ggc att gaa gta gaa gat 691
Gln Ala Val Arg Asp Ala Leu Val Glu Ala Gly Ile Glu Val Glu Asp
185 190 195
tct gaa tca gac ttc cgg gca tct gtt cag gtc ccc ctg gac gct gac 739
Ser Glu Ser Asp Phe Arg Ala Ser Val Gln Val Pro Leu Asp Ala Asp
200 205 210
ggc gca cgc aag atc ttc aag ctt gtg gac gcg ttg gaa gat tcc gac 787
Gly Ala Arg Lys Ile Phe Lys Leu Val Asp Ala Leu Glu Asp Ser Asp
215 220 225
gat gtg caa aac gtc tac acc aac atc gac ttg agc gat gag gtt ttg 835
Asp Val Gln Asn Val Tyr Thr Asn Ile Asp Leu Ser Asp Glu Val Leu
230 235 240 245
aca gag ctg gaa aac gac tagttcgtat tttccgcact ccg 876
Thr Glu Leu Glu Asn Asp
250

<210> 404
<211> 251
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 404
Met Ser Gly His Ser Lys Trp Ala Thr Thr Lys His Lys Lys Ala Ala
1 5 10 15

Asn Asp Ala Lys Arg Gly Lys Glu Phe Ala Lys Leu Ile Lys Asn Ile
20 25 30

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

Leu Asp Asp Met Ile Lys Lys Ala Lys Lys Ala Ser Val Pro Asn Asp
50 55 60

Asn Ile Glu Arg Ala Arg Lys Arg Gly Ser Gly Glu Glu Ala Gly Gly
65 70 75 80

Ala Asp Trp Met Asn Ile Met Tyr Glu Gly Tyr Gly Pro Asn Gly Val
85 90 95

Ala Met Leu Ile Glu Cys Leu Thr Asp Asn Arg Asn Arg Ala Ala Thr
100 105 110

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

Gly Ser Val Ser Tyr Met Phe Thr Arg Thr Gly Val Val Thr Val Gln
130 135 140

Lys Gly Asp Leu Ser Glu Asp Asp Val Leu Met Ala Val Leu Glu Ala
145 150 155 160

Gly Ala Glu Glu Val Asn Asp Asn Gly Asp Leu Phe Glu Val Thr Cys
165 170 175

Ala Pro Thr Asp Ile Gln Ala Val Arg Asp Ala Leu Val Glu Ala Gly
180 185 190

Ile Glu Val Glu Asp Ser Glu Ser Asp Phe Arg Ala Ser Val Gln Val
195 200 205

Pro Leu Asp Ala Asp Gly Ala Arg Lys Ile Phe Lys Leu Val Asp Ala
210 215 220

Leu Glu Asp Ser Asp Asp Val Gln Asn Val Tyr Thr Asn Ile Asp Leu
225 230 235 240

Ser Asp Glu Val Leu Thr Glu Leu Glu Asn Asp
245 250

<210> 405

<211> 547
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(547)
 <223> RXC01096

<400> 405
 accgtgaaac aaaccggcgg tgcgtgccac actggtgccc acacatgttt cgacaatgac 60

gttttgctgt aaaagcaaca acgattaagg aagaaatctt atg aag cca cgc gtg 115
 Met Lys Pro Arg Val

1 5

ctg tca gca tta ggc att gga gct ggc gcc ctg gtt gtc tgg atc agc 163
 Leu Ser Ala Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ala Leu Val Val Trp Ile Ser

10 15 20

tca cgc atg aac tgg gta acc atc gag gct ttc gac gat aaa tca ggt 211
 Ser Arg Met Asn Trp Val Thr Ile Glu Ala Phe Asp Asp Lys Ser Gly

25 30 35

agt gtc acc caa tct att gtg ggt gca acc tgg tct aca gaa atc atg 259
 Ser Val Thr Gln Ser Ile Val Gly Ala Thr Trp Ser Thr Glu Ile Met

40 45 50

gcg ctt gca ctt gct ttg ctc gct gcc ttc gcc gcc gcg ttg gtg ctc 307
 Ala Leu Ala Leu Ala Leu Leu Ala Ala Phe Ala Ala Ala Leu Val Leu

55 60 65

aag cgc atg ggt cgg cgc atc att ggt ggt att tcg gcg ctg atc gcg 355
 Lys Arg Met Gly Arg Arg Ile Ile Gly Gly Ile Ser Ala Leu Ile Ala

70 75 80 85

gtg ggt gcc agc ctg tct cca ctc gcg ctt ctc acc caa gac cca gac 403
 Val Gly Ala Ser Leu Ser Pro Leu Ala Leu Leu Thr Gln Asp Pro Asp

90 95 100

gca gaa cgg gcc cga acc ctg ctg acc tcc ggt gtg gcc tca cag aag 451
 Ala Glu Arg Ala Arg Thr Leu Leu Thr Ser Gly Val Ala Ser Gln Lys

105 110 115
 gct aat tcc gga acc ctg ctg tct gat tgg gcg gag atc atc aat acc 499
 Ala Asn Ser Gly Thr Leu Leu Ser Asp Trp Ala Glu Ile Ile Asn Thr

120 125 130
 acc acc cat cca ctg gcg gca gtg gta gcc atg att ggc tgc gcg cta 547
 Thr Thr His Pro Leu Ala Ala Val Val Ala Met Ile Gly Cys Ala Leu

135 140 145

<210> 406
 <211> 149
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 406
 Met Lys Pro Arg Val Leu Ser Ala Leu Gly Ile Gly Ala Gly Ala Leu
 1 5 10 15

Val Val Trp Ile Ser Ser Arg Met Asn Trp Val Thr Ile Glu Ala Phe
 20 25 30

Asp Asp Lys Ser Gly Ser Val Thr Gln Ser Ile Val Gly Ala Thr Trp
 35 40 45

Ser Thr Glu Ile Met Ala Leu Ala Leu Ala Leu Leu Ala Ala Phe Ala
 50 55 60

Ala Ala Leu Val Leu Lys Arg Met Gly Arg Arg Ile Ile Gly Gly Ile
 65 70 75 80

Ser Ala Leu Ile Ala Val Gly Ala Ser Leu Ser Pro Leu Ala Leu Leu
 85 90 95

Thr Gln Asp Pro Asp Ala Glu Arg Ala Arg Thr Leu Leu Thr Ser Gly
 100 105 110

Val Ala Ser Gln Lys Ala Asn Ser Gly Thr Leu Leu Ser Asp Trp Ala
 115 120 125

Glu Ile Ile Asn Thr Thr Thr His Pro Leu Ala Ala Val Val Ala Met

130 135 140

Ile Gly Cys Ala Leu
145

<210> 407
<211> 1020
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(997)
<223> RXC01656

<400> 407
tcggcaagca tggcttcacg gtcctcaaaa aagtgggtcta atgcaagtga ctgaaagtgg 60

atctaccgct agtccacttt gtggcggttg atcatctgtc atg acc gaa act caa 115
Met Thr Glu Thr Gln
1 5

gaa act tac caa gca acc act cgt gtg aag cgc ggc ctt gcc gac atg 163
Glu Thr Tyr Gln Ala Thr Thr Arg Val Lys Arg Gly Leu Ala Asp Met
10 15 20

ctc aag ggt ggt gtg atc atg gat gtg gtc acc cct gaa caa gcg cgc 211
Leu Lys Gly Gly Val Ile Met Asp Val Val Thr Pro Glu Gln Ala Arg
25 30 35

atc gcc gaa gat gca ggt gcc agc gca gtt atg gca ctc gag cgc gtt 259
Ile Ala Glu Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Met Ala Leu Glu Arg Val
40 45 50

ccc gcc gat atc cgt tct cag ggc ggc gtt gct cgc atg agt gat cct 307
Pro Ala Asp Ile Arg Ser Gln Gly Gly Val Ala Arg Met Ser Asp Pro
55 60 65

gac ctg atc gaa gga atc gtc aat gcg gtc tcc atc ccg gtc atg gcg 355
Asp Leu Ile Glu Gly Ile Val Asn Ala Val Ser Ile Pro Val Met Ala
70 75 80 85

aaa gct cgc atc ggt cac ttc gtg gaa gct cag gtt ctg gaa gct ctc	403
Lys Ala Arg Ile Gly His Phe Val Glu Ala Gln Val Leu Glu Ala Leu	
90 95 100	
ggt gtt gat ttc atc gac gag tcc gaa gtt ctc agc cct gcc gac tac	451
Gly Val Asp Phe Ile Asp Glu Ser Glu Val Leu Ser Pro Ala Asp Tyr	
105 110 115	
acg cac cac atc aac aag tgg aag ttc gac gtt cct ttc gtc tgt ggc	499
Thr His His Ile Asn Lys Trp Lys Phe Asp Val Pro Phe Val Cys Gly	
120 125 130	
gcg acc aac ctc ggc gaa gct ttg cga cgc atc acc gaa ggc gct gca	547
Ala Thr Asn Leu Gly Glu Ala Leu Arg Arg Ile Thr Glu Gly Ala Ala	
135 140 145	
atg atc cgt tcc aag ggc gaa gcc ggc acc ggc gat gtc tct gaa gct	595
Met Ile Arg Ser Lys Gly Glu Ala Gly Thr Gly Asp Val Ser Glu Ala	
150 155 160 165	
gtc cgt cac ctg cgc acc atc cgc ggc gac atc aat cgc ctg cgc tcc	643
Val Arg His Leu Arg Thr Ile Arg Gly Asp Ile Asn Arg Leu Arg Ser	
170 175 180	
ctg gat gag gat gaa ctc ttc gtc gcc gcc aag gaa ttc cag gca cca	691
Leu Asp Glu Asp Glu Leu Phe Val Ala Ala Lys Glu Phe Gln Ala Pro	
185 190 195	
tac gac ctg gtc cgc gaa gtc gcc tcc acc ggc aag ctc cct gtg gtc	739
Tyr Asp Leu Val Arg Glu Val Ala Ser Thr Gly Lys Leu Pro Val Val	
200 205 210	
acc ttc gtt gca ggt ggc gtc gca acc cca gcc gac gct gca ctc gtg	787
Thr Phe Val Ala Gly Gly Val Ala Thr Pro Ala Asp Ala Ala Leu Val	
215 220 225	
cgc caa atg ggc gcc gaa ggc gtc ttt gtc ggc tcc ggc atc ttc aaa	835
Arg Gln Met Gly Ala Glu Gly Val Phe Val Gly Ser Gly Ile Phe Lys	
230 235 240 245	
tcc ggc aat cca gcc gcc cgc gcc gca gcg atc gtc aag gct gca acg	883

Ser Gly Asn Pro Ala Ala Arg Ala Ala Ala Ile Val Lys Ala Ala Thr

250

255

260

ctt ttc gac gac ccc tcc gtc att gcc gac gta tcc cgc ggc ctg ggt 931
Leu Phe Asp Asp Pro Ser Val Ile Ala Asp Val Ser Arg Gly Leu Gly

265

270

275

gaa gcc atg gtg ggc atc aac gta tcc gac gtt cca gca cca cac cga 979
Glu Ala Met Val Gly Ile Asn Val Ser Asp Val Pro Ala Pro His Arg

280

285

290

ctc gcc gag cgc ggc tgg tgatcgttgg agtttttagct ctc 1020
Leu Ala Glu Arg Gly Trp

295

<210> 408

<211> 299

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 408

Met Thr Glu Thr Gln Glu Thr Tyr Gln Ala Thr Thr Arg Val Lys Arg
1 5 10 15

Gly Leu Ala Asp Met Leu Lys Gly Gly Val Ile Met Asp Val Val Thr
20 25 30

Pro Glu Gln Ala Arg Ile Ala Glu Asp Ala Gly Ala Ser Ala Val Met
35 40 45

Ala Leu Glu Arg Val Pro Ala Asp Ile Arg Ser Gln Gly Gly Val Ala
50 55 60

Arg Met Ser Asp Pro Asp Leu Ile Glu Gly Ile Val Asn Ala Val Ser
65 70 75 80

Ile Pro Val Met Ala Lys Ala Arg Ile Gly His Phe Val Glu Ala Gln
85 90 95

Val Leu Glu Ala Leu Gly Val Asp Phe Ile Asp Glu Ser Glu Val Leu

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

<210> 409
 <211> 1065
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1042)

<223> RXC01158

<400> 409

taggacgttc aaggaattgg ctgaatcaac aagcgccaag gtggttaagc gccctcggcg 60

agttatctca aaaaagaaga agaagtctcc tacgggagag atg tcc att gtt gag 115
Met Ser Ile Val Glu

1 5

cac atc aaa gag ttt cga cgc cga ctt ctt atc gct ctg gcg ggc atc 163
His Ile Lys Glu Phe Arg Arg Arg Leu Leu Ile Ala Leu Ala Gly Ile

10 15 20

ctc gtg ggc acc att atc ggc ttt att tgg tac gat ttc tca ttt tgg 211
Leu Val Gly Thr Ile Ile Gly Phe Ile Trp Tyr Asp Phe Ser Phe Trp

25 30 35

cag atc ccc act ttg ggc gag ctg ctg agg gat ccg tac tgt tct ctg 259
Gln Ile Pro Thr Leu Gly Glu Leu Leu Arg Asp Pro Tyr Cys Ser Leu

40 45 50

cct gct gaa tcc cgc tgg gcc atg agc gac tca gag gaa tgt cga ctg 307
Pro Ala Glu Ser Arg Trp Ala Met Ser Asp Ser Glu Glu Cys Arg Leu

55 60 65

ctc gca acc ggc ccg ttt gat cca ttc atg ctt cgc ctt aaa gta gcg 355
Leu Ala Thr Gly Pro Phe Asp Pro Phe Met Leu Arg Leu Lys Val Ala

70 75 80 85

gcg ttg gtg ggt atg gtt ctt ggc tca ccc gtg tgg ctg agc cag ctg 403
Ala Leu Val Gly Met Val Leu Gly Ser Pro Val Trp Leu Ser Gln Leu

90 95 100

tgg ggc ttt atc acc cca ggt ttg atg aag aat gag cgc cgt tac acc 451
Trp Gly Phe Ile Thr Pro Gly Leu Met Lys Asn Glu Arg Arg Tyr Thr

105 110 115

gca atc ttc gtc acg att gct gtt gtg ctg ttt gtc ggc ggt gct gtt 499
Ala Ile Phe Val Thr Ile Ala Val Val Leu Phe Val Gly Gly Ala Val

120 125 130

ctt gcg tac ttc gtc gtt gca tat ggt ttg gag ttc ctc ctt acc att 547
Leu Ala Tyr Phe Val Val Ala Tyr Gly Leu Glu Phe Leu Leu Thr Ile

135 140 145

ggt gga gac acc cag gca gcg gcc ctg act ggt gat aag tac ttc gga 595
Gly Gly Asp Thr Gln Ala Ala Ala Leu Thr Gly Asp Lys Tyr Phe Gly

150 155 160 165

ttc ttg ctc gcg ttg ttg gcg att ttc ggc gtg agc ttc gaa gtt cca 643
Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ala Ile Phe Gly Val Ser Phe Glu Val Pro

170 175 180

ctg gtg atc ggc atg ctc aac att gtg ggt atc ttg cct tac gat gcc 691
Leu Val Ile Gly Met Leu Asn Ile Val Gly Ile Leu Pro Tyr Asp Ala

185 190 195

att aaa gat aag cga cgc atg atc atc atg att ttg ttc gtg ttc gct 739
Ile Lys Asp Lys Arg Arg Met Ile Ile Met Ile Leu Phe Val Phe Ala

200 205 210

gct ttc atg aca ccc ggc cag gat cct ttc acc atg ttg gtg ttg gcg 787
Ala Phe Met Thr Pro Gly Gln Asp Pro Phe Thr Met Leu Val Leu Ala

215 220 225

ctt tca ctc acc gtt ctg gta gag ctt gcc ctg cag ttc tgt cgc ttc 835
Leu Ser Leu Thr Val Leu Val Glu Leu Ala Leu Gln Phe Cys Arg Phe

230 235 240 245

aac gac aaa cgc cgg gac aag aag cgc cca gaa tgg ctt gat ggc gat 883
Asn Asp Lys Arg Arg Asp Lys Lys Arg Pro Glu Trp Leu Asp Gly Asp

250 255 260

gac ctc tct gca tca cca ctg gat act tct gct ggt gga gaa gat gct 931
Asp Leu Ser Ala Ser Pro Leu Asp Thr Ser Ala Gly Gly Glu Asp Ala

265 270 275

cca agc cca gtc gaa acc cca gag gcg gtg gag cct tcg cgg atg ctg 979
Pro Ser Pro Val Glu Thr Pro Glu Ala Val Glu Pro Ser Arg Met Leu

280 285 290

aac cca agt ggg gag gcg tcg ata agc tat aaa ccc ggg cgc gcc gac 1027
Asn Pro Ser Gly Glu Ala Ser Ile Ser Tyr Lys Pro Gly Arg Ala Asp

295 300 305

ttc ggt gac gtg ctc tagggcctag ccaggtaccc tta 1065
Phe Gly Asp Val Leu

310

<210> 410

<211> 314

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 410

Met Ser Ile Val Glu His Ile Lys Glu Phe Arg Arg Arg Leu Leu Ile
1 5 10 15

Ala Leu Ala Gly Ile Leu Val Gly Thr Ile Ile Gly Phe Ile Trp Tyr
20 25 30

Asp Phe Ser Phe Trp Gln Ile Pro Thr Leu Gly Glu Leu Leu Arg Asp
35 40 45

Pro Tyr Cys Ser Leu Pro Ala Glu Ser Arg Trp Ala Met Ser Asp Ser
50 55 60

Glu Glu Cys Arg Leu Leu Ala Thr Gly Pro Phe Asp Pro Phe Met Leu
65 70 75 80

Arg Leu Lys Val Ala Ala Leu Val Gly Met Val Leu Gly Ser Pro Val
85 90 95

Trp Leu Ser Gln Leu Trp Gly Phe Ile Thr Pro Gly Leu Met Lys Asn
100 105 110

Glu Arg Arg Tyr Thr Ala Ile Phe Val Thr Ile Ala Val Val Leu Phe

115	120	125
Val Gly Gly Ala Val Leu Ala Tyr Phe Val Val Ala Tyr Gly Leu Glu		
130	135	140
Phe Leu Leu Thr Ile Gly Gly Asp Thr Gln Ala Ala Ala Leu Thr Gly		
145	150	155
160		
Asp Lys Tyr Phe Gly Phe Leu Leu Ala Leu Leu Ala Ile Phe Gly Val		
165	170	175
Ser Phe Glu Val Pro Leu Val Ile Gly Met Leu Asn Ile Val Gly Ile		
180	185	190
Leu Pro Tyr Asp Ala Ile Lys Asp Lys Arg Arg Met Ile Ile Met Ile		
195	200	205
Leu Phe Val Phe Ala Ala Phe Met Thr Pro Gly Gln Asp Pro Phe Thr		
210	215	220
Met Leu Val Leu Ala Leu Ser Leu Thr Val Leu Val Glu Leu Ala Leu		
225	230	235
240		
Gln Phe Cys Arg Phe Asn Asp Lys Arg Arg Asp Lys Lys Arg Pro Glu		
245	250	255
Trp Leu Asp Gly Asp Asp Leu Ser Ala Ser Pro Leu Asp Thr Ser Ala		
260	265	270
Gly Gly Glu Asp Ala Pro Ser Pro Val Glu Thr Pro Glu Ala Val Glu		
275	280	285
Pro Ser Arg Met Leu Asn Pro Ser Gly Glu Ala Ser Ile Ser Tyr Lys		
290	295	300
Pro Gly Arg Ala Asp Phe Gly Asp Val Leu		
305	310	

<210> 411
 <211> 1413
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1390)

<223> RXA02458

<400> 411

ttgcggagcc acgactgac ggtcaagtgc tatctcggtt gcatcaataa gcgaatcacc 60

ggtgggtgaac aaaacaaatc ttccacacat aacatctatt atg gtc ttt gtg tct 115
Met Val Phe Val Ser

1 5

gat tcg tct atc tct ttg ccc att tgg gat gct ccg cgc gct cgc ggc 163
Asp Ser Ser Ile Ser Leu Pro Ile Trp Asp Ala Pro Arg Ala Arg Gly

10 15 20

ccc ata gtc tcg gac ctg gct atc cct ggt tcc aag tcg atc acc aac 211
Pro Ile Val Ser Asp Leu Ala Ile Pro Gly Ser Lys Ser Ile Thr Asn

25 30 35

cgc gcc ctc atc ttg gct gcg ctc gca tca act cca tcc acc atc att 259
Arg Ala Leu Ile Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr Pro Ser Thr Ile Ile

40 45 50

gat gtc ctt cgt agt cgt gat acc gat ctc atg act gat ggt cta cgc 307
Asp Val Leu Arg Ser Arg Asp Thr Asp Leu Met Thr Asp Gly Leu Arg

55 60 65

agc ctc gga atc acc att act gaa gag gca gtc gat cgc tac cgc gtt 355
Ser Leu Gly Ile Thr Ile Thr Glu Glu Ala Val Asp Arg Tyr Arg Val

70 75 80 85

gag ccc gga cag ttg tct gct ggc tcc gtt gag tgt ggt ctt gct ggt 403
Glu Pro Gly Gln Leu Ser Ala Gly Ser Val Glu Cys Gly Leu Ala Gly

90 95 100

acg gtc atg cgc ttt ttg cct cct gtt gct gct ttc gct gat ggt cct 451
Thr Val Met Arg Phe Leu Pro Pro Val Ala Ala Phe Ala Asp Gly Pro

105 110 115

gtt cat ttt gat ggc gat cct caa gct cgt gtt cgt ccg atg acc agc 499
Val His Phe Asp Gly Asp Pro Gln Ala Arg Val Arg Pro Met Thr Ser

120 125 130

att ttg gat gcg ctg cgt tgc ctt ggt gtg gag gta gac aac aac aat 547
Ile Leu Asp Ala Leu Arg Ser Leu Gly Val Glu Val Asp Asn Asn Asn

135 140 145

ctg cct ttc act gtt aat gct ggt gag gtc cct gag ggt ggc gtg gtt 595
Leu Pro Phe Thr Val Asn Ala Gly Glu Val Pro Glu Gly Gly Val Val

150 155 160 165

gag att gat gct tcc ggc tca tct cag ttt gtt tct ggt ctt ttg ctt 643
Glu Ile Asp Ala Ser Gly Ser Ser Gln Phe Val Ser Gly Leu Leu Leu

170 175 180

tca gcg cct cgt ttt aaa aat ggc gtc acc gtt aag cac gtc ggt ggt 691
Ser Ala Pro Arg Phe Lys Asn Gly Val Thr Val Lys His Val Gly Gly

185 190 195

cgt ctg ccg agc atg ccg cat att gag atg acc gtc gat atg ctt cgt 739
Arg Leu Pro Ser Met Pro His Ile Glu Met Thr Val Asp Met Leu Arg

200 205 210

tcc gca ggc att gag atc gaa gag tca gaa aat cag tgg gtt gtt cat 787
Ser Ala Gly Ile Glu Ile Glu Glu Ser Glu Asn Gln Trp Val Val His

215 220 225

cct ggt gag atc ttg ggt cgg acc tgg cgc att gag ccg gat ctt tct 835
Pro Gly Glu Ile Leu Gly Arg Thr Trp Arg Ile Glu Pro Asp Leu Ser

230 235 240 245

aat gcg act ccg ttc cta gct gcc gct gcg gtc act ggt gga acc atc 883
Asn Ala Thr Pro Phe Leu Ala Ala Ala Ala Val Thr Gly Gly Thr Ile

250 255 260

aag att aac cac tgg cca atc aaa act act cag cct ggc gat gct att 931
Lys Ile Asn His Trp Pro Ile Lys Thr Thr Gln Pro Gly Asp Ala Ile

265 270 275

cgt tgc att ctt gag cgc atg ggc tgc gaa gtt gag ctg gtt gct cag 979
Arg Ser Ile Leu Glu Arg Met Gly Cys Glu Val Glu Leu Val Ala Gln

280 285 290

ggc gaa ggt tac gat ctg tgc gtg act ggt ccg gtt gct ctc aag ggc 1027
Gly Glu Gly Tyr Asp Leu Ser Val Thr Gly Pro Val Ala Leu Lys Gly

295 300 305

att gag atc gat atg tcc gat atc ggt gag ttg acc cct acc gtg gcg 1075
Ile Glu Ile Asp Met Ser Asp Ile Gly Glu Leu Thr Pro Thr Val Ala

310 315 320 325

gcg ttg gct gcg ttg gcg tgc aca gag tct cgt ttg acc ggt att gct 1123
Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr Glu Ser Arg Leu Thr Gly Ile Ala

330 335 340

cat ctt cgt ggc cat gag acg gat cgt ttg gct gcg ttg act gcg gag 1171
His Leu Arg Gly His Glu Thr Asp Arg Leu Ala Ala Leu Thr Ala Glu

345 350 355

atc aac aaa ctt ggt gga aag tgc act gag ctt aag gat ggt ctg ttg 1219
Ile Asn Lys Leu Gly Gly Lys Cys Thr Glu Leu Lys Asp Gly Leu Leu

360 365 370

att gag cct gcg tgc ctg cac ggt ggt gtg tgg cat tca tat gct gat 1267
Ile Glu Pro Ala Ser Leu His Gly Gly Val Trp His Ser Tyr Ala Asp

375 380 385

cac cgt atg gct act gct ggt gcg atc att ggc ctc gcg gtt gat ggc 1315
His Arg Met Ala Thr Ala Gly Ala Ile Ile Gly Leu Ala Val Asp Gly

390 395 400 405

gtt cag gtt gaa gac att aag acc act tcc aaa act ttc cct ggt ttt 1363
Val Gln Val Glu Asp Ile Lys Thr Thr Ser Lys Thr Phe Pro Gly Phe

410 415 420

gaa aat gtt tgg gag gag atg gtt ggc tagacgcagc tatgacgaat 1410
Glu Asn Val Trp Glu Glu Met Val Gly

425 430

ccg

1413

<210> 412

<211> 430

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 412

Met Val Phe Val Ser Asp Ser Ser Ile Ser Leu Pro Ile Trp Asp Ala
1 5 10 15

Pro Arg Ala Arg Gly Pro Ile Val Ser Asp Leu Ala Ile Pro Gly Ser
20 25 30

Lys Ser Ile Thr Asn Arg Ala Leu Ile Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr
35 40 45

Pro Ser Thr Ile Ile Asp Val Leu Arg Ser Arg Asp Thr Asp Leu Met
50 55 60

Thr Asp Gly Leu Arg Ser Leu Gly Ile Thr Ile Thr Glu Glu Ala Val
65 70 75 80

Asp Arg Tyr Arg Val Glu Pro Gly Gln Leu Ser Ala Gly Ser Val Glu
85 90 95

Cys Gly Leu Ala Gly Thr Val Met Arg Phe Leu Pro Pro Val Ala Ala
100 105 110

Phe Ala Asp Gly Pro Val His Phe Asp Gly Asp Pro Gln Ala Arg Val
115 120 125

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

Val Asp Asn Asn Asn Leu Pro Phe Thr Val Asn Ala Gly Glu Val Pro
145 150 155 160

Glu Gly Gly Val Val Glu Ile Asp Ala Ser Gly Ser Ser Gln Phe Val
165 170 175

Ser Gly Leu Leu Leu Ser Ala Pro Arg Phe Lys Asn Gly Val Thr Val

180	185	190
Lys His Val Gly Gly Arg Leu Pro Ser Met Pro His Ile Glu Met Thr		
195	200	205
Val Asp Met Leu Arg Ser Ala Gly Ile Glu Ile Glu Glu Ser Glu Asn		
210	215	220
Gln Trp Val Val His Pro Gly Glu Ile Leu Gly Arg Thr Trp Arg Ile		
225	230	235
		240
Glu Pro Asp Leu Ser Asn Ala Thr Pro Phe Leu Ala Ala Ala Ala Val		
	245	250
		255
Thr Gly Gly Thr Ile Lys Ile Asn His Trp Pro Ile Lys Thr Thr Gln		
	260	265
		270
Pro Gly Asp Ala Ile Arg Ser Ile Leu Glu Arg Met Gly Cys Glu Val		
	275	280
		285
Glu Leu Val Ala Gln Gly Glu Gly Tyr Asp Leu Ser Val Thr Gly Pro		
290	295	300
Val Ala Leu Lys Gly Ile Glu Ile Asp Met Ser Asp Ile Gly Glu Leu		
305	310	315
		320
Thr Pro Thr Val Ala Ala Leu Ala Ala Leu Ala Ser Thr Glu Ser Arg		
	325	330
		335
Leu Thr Gly Ile Ala His Leu Arg Gly His Glu Thr Asp Arg Leu Ala		
	340	345
		350
Ala Leu Thr Ala Glu Ile Asn Lys Leu Gly Gly Lys Cys Thr Glu Leu		
	355	360
		365
Lys Asp Gly Leu Leu Ile Glu Pro Ala Ser Leu His Gly Gly Val Trp		
370	375	380
His Ser Tyr Ala Asp His Arg Met Ala Thr Ala Gly Ala Ile Ile Gly		
385	390	395
		400
Leu Ala Val Asp Gly Val Gln Val Glu Asp Ile Lys Thr Thr Ser Lys		

405 410 415

Thr Phe Pro Gly Phe Glu Asn Val Trp Glu Glu Met Val Gly
420 425 430

<210> 413
<211> 1266
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1243)
<223> RXA02790

<400> 413
tggatgctcg caccgagcc cttgaaccac aatccacaga cacccaagat ttcgacgaga 60

agggaaattt cccaggatga accaaatccg aaaccgccgg atg gag ccc gtc tac 115
Met Glu Pro Val Tyr

1 5

gta aag cgc cgc caa cgg ttt att gcc gtg acg atc gct tca ctc atc 163
Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr Ile Ala Ser Leu Ile

10 15 20

ctc att atc ggt gcc atc atc tat atc ggt gta gcc acc tca aac cgg 211
Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val Ala Thr Ser Asn Arg

25 30 35

acg cca cat gac tat gaa ggc tcc gga aac ggt gtg gtt cag ctg gtc 259
Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly Val Val Gln Leu Val

40 45 50

gaa atc cct gaa ggt tcc tcc ata tca gag ctc ggc cca gag ttg gaa 307
Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu Gly Pro Glu Leu Glu

55 60 65

gaa cga gat atc gtg gcc acc aac tca gcg ttc caa aca gcg gcc agc 355
Glu Arg Asp Ile Val Ala Thr Asn Ser Ala Phe Gln Thr Ala Ala Ser

70 75 80 85

aac aac ccc aac gcg ggt agt gta cag cca ggt ttc tac cgt ctg cag 403

Asn Asn Pro Asn Ala Gly Ser Val Gln Pro Gly Phe Tyr Arg Leu Gln	
90 95 100	
gaa caa atg aac gca gca gct gca gtg tgc gct ctg ctt gat cca gac 451	
Glu Gln Met Asn Ala Ala Ala Ala Val Ser Ala Leu Leu Asp Pro Asp	
105 110 115	
aac cag gtt gat ctc ctc gac att cac ggc ggc gcc acc ttg atg gac 499	
Asn Gln Val Asp Leu Leu Asp Ile His Gly Gly Ala Thr Leu Met Asp	
120 125 130	
gtc act gtt gtc ggc gga aac acc cgc gcg gga atc tac tcc cag atc 547	
Val Thr Val Val Gly Gly Asn Thr Arg Ala Gly Ile Tyr Ser Gln Ile	
135 140 145	
gca gcc gtg acc tgc acc gaa ggc tcc gcc aac tgc atc acc gct gag 595	
Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn Cys Ile Thr Ala Glu	
150 155 160 165	
gat ttg cag cag gtt gcc tcc acc gtg tgc cct gca gaa ttg ggt gtc 643	
Asp Leu Gln Gln Val Ala Ser Thr Val Ser Pro Ala Glu Leu Gly Val	
170 175 180	
cca gat tgg gca atc gct gct gtg gaa gct cgc gga act gat cca aag 691	
Pro Asp Trp Ala Ile Ala Ala Val Glu Ala Arg Gly Thr Asp Pro Lys	
185 190 195	
cgc ctc gaa ggc ctg atc atg cct ggc caa tac gtg gtg gat cca tcc 739	
Arg Leu Glu Gly Leu Ile Met Pro Gly Gln Tyr Val Val Asp Pro Ser	
200 205 210	
aac gac gcc cag gga atc ctc acc gat ctg atc acg cga tca gca aac 787	
Asn Asp Ala Gln Gly Ile Leu Thr Asp Leu Ile Thr Arg Ser Ala Asn	
215 220 225	
cat ttc caa gaa acc gac atc acg ggc cgt gca gat gcc atc gga ctt 835	
His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala Asp Ala Ile Gly Leu	
230 235 240 245	
act cca tat gag ctg gtc acc gca gca tct tta atc gag cgc gaa gca 883	

Thr Pro Tyr Glu Leu Val Thr Ala Ala Ser Leu Ile Glu Arg Glu Ala
250 255 260

cca gca gga gat ttt gat aag gtc gcc cgc gtc atc ttg aac cgt etc 931
Pro Ala Gly Asp Phe Asp Lys Val Ala Arg Val Ile Leu Asn Arg Leu
265 270 275

gcc gag cca atg cag ctg caa ttc gac tcc acc gtc aac tac ggt ctg 979
Ala Glu Pro Met Gln Leu Gln Phe Asp Ser Thr Val Asn Tyr Gly Leu
280 285 290

tct gaa caa gaa gta gca acc acc gac gaa gac cgt cag acc gtc acc 1027
Ser Glu Gln Glu Val Ala Thr Thr Asp Glu Asp Arg Gln Thr Val Thr
295 300 305

cca tgg aac act tac gcc atg gac ggc ctg cca caa acc ccc atc gcc 1075
Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro Gln Thr Pro Ile Ala
310 315 320 325

gca gta tcc acc gaa gca ctc caa gcc atg gaa aac cct gca gaa gga 1123
Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu Asn Pro Ala Glu Gly
330 335 340

aac tgg ctg tac ttt gtc acc atc gac acc gat gga acc acc gtg ttc 1171
Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp Gly Thr Thr Val Phe
345 350 355

aac gac acc ttc gaa gag cac gaa gcc gac att gag caa gct ttg aac 1219
Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile Glu Gln Ala Leu Asn
360 365 370

agt ggc gtt cta gac agc aac cga taaggatcag cgaataaaat tgg 1266
Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg
375 380

<210> 414
<211> 381
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 414

Met Glu Pro Val Tyr Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr
1 5 10 15

Ile Ala Ser Leu Ile Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val
20 25 30

Ala Thr Ser Asn Arg Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly
35 40 45

Val Val Gln Leu Val Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu
50 55 60

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

Gln Thr Ala Ala Ser Asn Asn Pro Asn Ala Gly Ser Val Gln Pro Gly
85 90 95

Phe Tyr Arg Leu Gln Glu Gln Met Asn Ala Ala Ala Ala Val Ser Ala
100 105 110

Leu Leu Asp Pro Asp Asn Gln Val Asp Leu Leu Asp Ile His Gly Gly
115 120 125

Ala Thr Leu Met Asp Val Thr Val Val Gly Gly Asn Thr Arg Ala Gly
130 135 140

Ile Tyr Ser Gln Ile Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn
145 150 155 160

Cys Ile Thr Ala Glu Asp Leu Gln Gln Val Ala Ser Thr Val Ser Pro
165 170 175

Ala Glu Leu Gly Val Pro Asp Trp Ala Ile Ala Ala Val Glu Ala Arg
180 185 190

Gly Thr Asp Pro Lys Arg Leu Glu Gly Leu Ile Met Pro Gly Gln Tyr
195 200 205

Val Val Asp Pro Ser Asn Asp Ala Gln Gly Ile Leu Thr Asp Leu Ile
210 215 220

Thr Arg Ser Ala Asn His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala
225 230 235 240

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

Ile Glu Arg Glu Ala Pro Ala Gly Asp Phe Asp Lys Val Ala Arg Val
260 265 270

Ile Leu Asn Arg Leu Ala Glu Pro Met Gln Leu Gln Phe Asp Ser Thr
275 280 285

Val Asn Tyr Gly Leu Ser Glu Gln Glu Val Ala Thr Thr Asp Glu Asp
290 295 300

Arg Gln Thr Val Thr Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro
305 310 315 320

Gln Thr Pro Ile Ala Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu
325 330 335

Asn Pro Ala Glu Gly Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp
340 345 350

Gly Thr Thr Val Phe Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile
355 360 365

Glu Gln Ala Leu Asn Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg
370 375 380

<210> 415

<211> 644

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(621)

<223> RXN00954

<400> 415

gct gtg aag tgg ttc gaa gcg tcc aac ttc acc ttc ctg ttc gca cct 48
Ala Val Lys Trp Phe Glu Ala Ser Asn Phe Thr Phe Leu Phe Ala Pro

1 5 10 15

gcg tac aac cct gcg att gcg cat gtg cag ccg gtt cgc cag gcg ctg 96
Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro Val Arg Gln Ala Leu

20 25 30

aaa ttc ccc acc atc ttc aac acg ctt gga cca ttg ctg tcc ccg gcg 144
Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr Leu Gly Pro Leu Leu Ser Pro Ala

35 40 45

cgc ccg gag cgt cag atc atg ggc gtg gcc aat gcc aat cat gga cag 192
Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn Ala Asn His Gly Gln

50 55 60

ctc atc gcc gag gtc ttc cgc gag ttg ggc cgt aca cgc gcg ctt gtt 240
Leu Ile Ala Glu Val Phe Arg Glu Leu Gly Arg Thr Arg Ala Leu Val

65 70 75 80

gtg cat ggc gca ggc acc gat gag atc gca gtc cac ggc acc acc ttg 288
Val His Gly Ala Gly Thr Asp Glu Ile Ala Val His Gly Thr Thr Leu

85 90 95

gtg tgg gag ctt aaa gaa gac ggc acc atc gag cat tac acc atc gag 336
Val Trp Glu Leu Lys Glu Asp Gly Thr Ile Glu His Tyr Thr Ile Glu

100 105 110

cct gag gac ctt ggc ctt ggc cgc tac acc ctt gag gat ctc gta ggt 384
Pro Glu Asp Leu Gly Leu Gly Arg Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Val Gly

115 120 125

ggc ctc ggc act gag aac gcc gaa gct atg cgc gct act ttc gcg ggc 432
Gly Leu Gly Thr Glu Asn Ala Glu Ala Met Arg Ala Thr Phe Ala Gly

130 135 140

acc ggc cct gat gca cac cgt gat gcg ttg gct gcg tcc gca ggt gcg 480
Thr Gly Pro Asp Ala His Arg Asp Ala Leu Ala Ala Ser Ala Gly Ala

145 150 155 160

atg ttc tac ctc aac ggc gat gtc gac tcc ttg aaa gat ggt gca caa 528

Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu Lys Asp Gly Ala Gln

165 170 175

aag gcg ctt tcc ttg ctt gcc gac ggc acc acc cag gca tgg ttg gcc 576
Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr Gln Ala Trp Leu Ala

180 185 190

aag cac gaa gag atc gat tac tca gaa aag gag tct tcc aat gac 621
Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu Ser Ser Asn Asp

195 200 205

tagtaataat ctgcccacag tgt 644

<210> 416

<211> 207

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 416

Ala Val Lys Trp Phe Glu Ala Ser Asn Phe Thr Phe Leu Phe Ala Pro
1 5 10 15

Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro Val Arg Gln Ala Leu
20 25 30

Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr Leu Gly Pro Leu Leu Ser Pro Ala
35 40 45

Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn Ala Asn His Gly Gln
50 55 60

Leu Ile Ala Glu Val Phe Arg Glu Leu Gly Arg Thr Arg Ala Leu Val
65 70 75 80

Val His Gly Ala Gly Thr Asp Glu Ile Ala Val His Gly Thr Thr Leu
85 90 95

Val Trp Glu Leu Lys Glu Asp Gly Thr Ile Glu His Tyr Thr Ile Glu
100 105 110

Pro Glu Asp Leu Gly Leu Gly Arg Tyr Thr Leu Glu Asp Leu Val Gly

115 120 125

Gly Leu Gly Thr Glu Asn Ala Glu Ala Met Arg Ala Thr Phe Ala Gly
130 135 140

Thr Gly Pro Asp Ala His Arg Asp Ala Leu Ala Ala Ser Ala Gly Ala
145 150 155 160

Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu Lys Asp Gly Ala Gln
165 170 175

Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr Gln Ala Trp Leu Ala
180 185 190

Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu Ser Ser Asn Asp
195 200 205

<210> 417
<211> 611
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(588)
<223> FRXA00954

<400> 417
ttc ctg ttc gca cct gcg tac aac cct gcg att gcg cat gtg cag ccg 48
Phe Leu Phe Ala Pro Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro

1 5 10 15

gtt cgc cag gcg ctg aaa ttc ccc acc atc ttc aac acg ctt gga cca 96
Val Arg Gln Ala Leu Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr Leu Gly Pro

20 25 30

ttg ctg tcc ccg gcg cgc ccg gag cgt cag atc atg ggc gtg gcc aat 144
Leu Leu Ser Pro Ala Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn

35 40 45

gcc aat cat gga cag ctc atc gcc gag gtc ttc cgc gag ttg ggc cgt 192

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

aca cgc gcg ctt gtt gtg cat ggc gca ggc acc gat gag atc gca gtc 240
Thr Arg Ala Leu Val Val His Gly Ala Gly Thr Asp Glu Ile Ala Val

65 70 75 80

cac ggc acc acc ttg gtg tgg gag ctt aaa gaa gac ggc acc atc gag 288
His Gly Thr Thr Leu Val Trp Glu Leu Lys Glu Asp Gly Thr Ile Glu

85 90 95

cat tac acc atc gag cct gag gac ctt ggc ctt ggc cgc tac acc ctt 336
His Tyr Thr Ile Glu Pro Glu Asp Leu Gly Leu Gly Arg Tyr Thr Leu

100 105 110

gag gat ctc gta ggt ggc ctc ggc act gag aac gcc gaa gct atg cgc 384
Glu Asp Leu Val Gly Gly Leu Gly Thr Glu Asn Ala Glu Ala Met Arg

115 120 125

gct act ttc gcg ggc acc ggc cct gat gca cac cgt gat gcg ttg gct 432
Ala Thr Phe Ala Gly Thr Gly Pro Asp Ala His Arg Asp Ala Leu Ala

130 135 140

gcg tcc gca ggt gcg atg ttc tac ctc aac ggc gat gtc gac tcc ttg 480
Ala Ser Ala Gly Ala Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu

145 150 155 160

aaa gat ggt gca caa aag gcg ctt tcc ttg ctt gcc gac ggc acc acc 528
Lys Asp Gly Ala Gln Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr

165 170 175

cag gca tgg ttg gcc aag cac gaa gag atc gat tac tca gaa aag gag 576
Gln Ala Trp Leu Ala Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu

180 185 190

tct tcc aat gac tagtaataat ctgcccacag tgt 611
Ser Ser Asn Asp

195

<210> 418

<211> 196

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 418

Phe Leu Phe Ala Pro Ala Tyr Asn Pro Ala Ile Ala His Val Gln Pro
1 5 10 15

Val Arg Gln Ala Leu Lys Phe Pro Thr Ile Phe Asn Thr Leu Gly Pro
20 25 30

Leu Leu Ser Pro Ala Arg Pro Glu Arg Gln Ile Met Gly Val Ala Asn
35 40 45

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

Thr Arg Ala Leu Val Val His Gly Ala Gly Thr Asp Glu Ile Ala Val
65 70 75 80

His Gly Thr Thr Leu Val Trp Glu Leu Lys Glu Asp Gly Thr Ile Glu
85 90 95

His Tyr Thr Ile Glu Pro Glu Asp Leu Gly Leu Gly Arg Tyr Thr Leu
100 105 110

Glu Asp Leu Val Gly Gly Leu Gly Thr Glu Asn Ala Glu Ala Met Arg
115 120 125

Ala Thr Phe Ala Gly Thr Gly Pro Asp Ala His Arg Asp Ala Leu Ala
130 135 140

Ala Ser Ala Gly Ala Met Phe Tyr Leu Asn Gly Asp Val Asp Ser Leu
145 150 155 160

Lys Asp Gly Ala Gln Lys Ala Leu Ser Leu Leu Ala Asp Gly Thr Thr
165 170 175

Gln Ala Trp Leu Ala Lys His Glu Glu Ile Asp Tyr Ser Glu Lys Glu
180 185 190

Ser Ser Asn Asp

195

<210> 419
 <211> 1677
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1654)
 <223> RXN00957

<400> 419
 aaccggcaag ccctggatcg aatgaagctc gcagcgagta attatttgat gtttccaga 60

aaggcttcag ccccaaatg atttcctcgg taggtgcccc atg agc acg aat ccc 115
 Met Ser Thr Asn Pro

1 5

cat gtt ttc tcc cta gat gtc cgc tat cac gag gat gct tct gca ttg 163
 His Val Phe Ser Leu Asp Val Arg Tyr His Glu Asp Ala Ser Ala Leu

10 15 20

ttt gcc cac ttg ggt ggc aca acc gca gat gat gca gcc ctg ttg gaa 211
 Phe Ala His Leu Gly Gly Thr Thr Ala Asp Asp Ala Ala Leu Leu Glu

25 30 35

agc get gat atc acc acc aag aat ggt att tct tcc ctc gcg gtg ttg 259
 Ser Ala Asp Ile Thr Thr Lys Asn Gly Ile Ser Ser Leu Ala Val Leu

40 45 50

aag agt tcg gtg cgc att acg tgc acg ggc aac acg gtg gta acg cag 307
 Lys Ser Ser Val Arg Ile Thr Cys Thr Gly Asn Thr Val Val Thr Gln

55 60 65

ccg ctg acg gac tcg ggt agg gca gtg gtt gcg cgc cta acg cag cag 355
 Pro Leu Thr Asp Ser Gly Arg Ala Val Val Ala Arg Leu Thr Gln Gln

70 75 80 85

ctt ggc cag tac aac acc gca gag aac acc ttt agc ttc ccc gcc tca 403
 Leu Gly Gln Tyr Asn Thr Ala Glu Asn Thr Phe Ser Phe Pro Ala Ser

90	95	100	
gat gcg gtt gat gag cgc gag cgc ctc acc gca cca agc acc atc gaa			451
Asp Ala Val Asp Glu Arg Glu Arg Leu Thr Ala Pro Ser Thr Ile Glu			
105	110	115	
gtg ctg cgc aag ttg cag ttc gag tcc ggt tac agc gac gcg tcc ctg			499
Val Leu Arg Lys Leu Gln Phe Glu Ser Gly Tyr Ser Asp Ala Ser Leu			
120	125	130	
cca ctg ctc atg ggc ggt ttc gcg ttt gat ttc tta gaa acc ttt gaa			547
Pro Leu Leu Met Gly Gly Phe Ala Phe Asp Phe Leu Glu Thr Phe Glu			
135	140	145	
acg ctc ccc gct gtc gag gag agc gtc aac act tac ccc gat tac cag			595
Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val Asn Thr Tyr Pro Asp Tyr Gln			
150	155	160	165
ttc gtc ctc gcg gaa atc gtc ctg gac atc aat cac cag gac cag acc			643
Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp Ile Asn His Gln Asp Gln Thr			
170	175	180	
gcc aaa ctc gcc ggc gtc tcc aac gcc cca ggc gag ctc gag gcc gag			691
Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala Pro Gly Glu Leu Glu Ala Glu			
185	190	195	
ctc aac aag ctt tca ttg ctt atc gac gcc gcc ctc ccc gca acc gaa			739
Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp Ala Ala Leu Pro Ala Thr Glu			
200	205	210	
cac gcc tac caa acc acc cct cac gac ggc gac act ctt cgc gtt gtg			787
His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp Gly Asp Thr Leu Arg Val Val			
215	220	225	
gct gat att ccc gat gct cag ttc cgc acc cag atc aat gag ctg aaa			835
Ala Asp Ile Pro Asp Ala Gln Phe Arg Thr Gln Ile Asn Glu Leu Lys			
230	235	240	245
gaa aac att tac aac ggt gac atc tac caa gtt gtc ccg gcg cgc act			883
Glu Asn Ile Tyr Asn Gly Asp Ile Tyr Gln Val Val Pro Ala Arg Thr			

250	255	260	
ttc acc gca cca tgt cct gat gca ttc gct gct tat ctg cag ctg cgt			931
Phe Thr Ala Pro Cys Pro Asp Ala Phe Ala Ala Tyr Leu Gln Leu Arg			
265	270	275	
gcc acc aac ccg tcg ccg tac atg ttc tat atc cgt ggc ctc aac gaa			979
Ala Thr Asn Pro Ser Pro Tyr Met Phe Tyr Ile Arg Gly Leu Asn Glu			
280	285	290	
ggc cgc tcc tat gaa ctt ttt ggc gca tcc cct gag tcc aac ctc aag			1027
Gly Arg Ser Tyr Glu Leu Phe Gly Ala Ser Pro Glu Ser Asn Leu Lys			
295	300	305	
ttc acc gct gct aac cgt gag ctg cag ctg tac cca atc gca ggt acc			1075
Phe Thr Ala Ala Asn Arg Glu Leu Gln Leu Tyr Pro Ile Ala Gly Thr			
310	315	320	325
cgc ccc cgt gga ctc aac cca gat ggc tcc atc aac gat gag cta gat			1123
Arg Pro Arg Gly Leu Asn Pro Asp Gly Ser Ile Asn Asp Glu Leu Asp			
330	335	340	
atc cgc aat gag ttg gat atg cgc act gat gcc aaa gag atc gcg gag			1171
Ile Arg Asn Glu Leu Asp Met Arg Thr Asp Ala Lys Glu Ile Ala Glu			
345	350	355	
cac acc atg ctt gtc gat ctc gcc cgc aac gac ctg gcc cgc gtc tcg			1219
His Thr Met Leu Val Asp Leu Ala Arg Asn Asp Leu Ala Arg Val Ser			
360	365	370	
gtc cca gcg tcg cgc cgg gtt gcg gat ctt ttg cag gtg gat cgc tat			1267
Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp Leu Leu Gln Val Asp Arg Tyr			
375	380	385	
tcc cgc gtg atg cac ttg gtg tcc cgt gtg acg gcg acg ttg gac cca			1315
Ser Arg Val Met His Leu Val Ser Arg Val Thr Ala Thr Leu Asp Pro			
390	395	400	405
gag ctt gat gct ttg gac gcc tat cgg gcg tgc atg aat atg ggc acg			1363
Glu Leu Asp Ala Leu Asp Ala Tyr Arg Ala Cys Met Asn Met Gly Thr			

410	415	420	
ttg acc ggc gct ccg aag ttg cgc gct atg gag ctg ttg cgc ggc gtc			1411
Leu Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Ala Met Glu Leu Leu Arg Gly Val			
425	430	435	
gaa aag cgc agg cgt ggt tct tat ggt ggg gca gtg ggg tac ctg cgc			1459
Glu Lys Arg Arg Arg Gly Ser Tyr Gly Gly Ala Val Gly Tyr Leu Arg			
440	445	450	
ggc aat ggc gat atg gat aat tgc att gtt att cgt tcg gcg ttt gtc			1507
Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile Val Ile Arg Ser Ala Phe Val			
455	460	465	
cag gat ggt gtg gct gct gtg cag gct ggt gct ggt gtg gtc cgc gat			1555
Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gln Ala Gly Ala Gly Val Val Arg Asp			
470	475	480	485
tct aat cct caa tct gaa gcc gat gag acg ttg cac aag gcg tat gcc			1603
Ser Asn Pro Gln Ser Glu Ala Asp Glu Thr Leu His Lys Ala Tyr Ala			
490	495	500	
gtg ttg aat gcc att gcg ctt gct gct ggt tcc act ttg gag gtc atc			1651
Val Leu Asn Ala Ile Ala Leu Ala Ala Gly Ser Thr Leu Glu Val Ile			
505	510	515	
cga tgacacacgt tgttctcatt gat			1677
Arg			

<210> 420
 <211> 518
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 420
 Met Ser Thr Asn Pro His Val Phe Ser Leu Asp Val Arg Tyr His Glu
 1 5 10 15

Asp Ala Ser Ala Leu Phe Ala His Leu Gly Gly Thr Thr Ala Asp Asp

20 25 30

Ala Ala Leu Leu Glu Ser Ala Asp Ile Thr Thr Lys Asn Gly Ile Ser
35 40 45

Ser Leu Ala Val Leu Lys Ser Ser Val Arg Ile Thr Cys Thr Gly Asn
50 55 60

Thr Val Val Thr Gln Pro Leu Thr Asp Ser Gly Arg Ala Val Val Ala
65 70 75 80

Arg Leu Thr Gln Gln Leu Gly Gln Tyr Asn Thr Ala Glu Asn Thr Phe
85 90 95

Ser Phe Pro Ala Ser Asp Ala Val Asp Glu Arg Glu Arg Leu Thr Ala
100 105 110

Pro Ser Thr Ile Glu Val Leu Arg Lys Leu Gln Phe Glu Ser Gly Tyr
115 120 125

Ser Asp Ala Ser Leu Pro Leu Leu Met Gly Gly Phe Ala Phe Asp Phe
130 135 140

Leu Glu Thr Phe Glu Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val Asn Thr
145 150 155 160

Tyr Pro Asp Tyr Gln Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp Ile Asn
165 170 175

His Gln Asp Gln Thr Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala Pro Gly
180 185 190

Glu Leu Glu Ala Glu Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp Ala Ala
195 200 205

Leu Pro Ala Thr Glu His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp Gly Asp
210 215 220

Thr Leu Arg Val Val Ala Asp Ile Pro Asp Ala Gln Phe Arg Thr Gln
225 230 235 240

Ile Asn Glu Leu Lys Glu Asn Ile Tyr Asn Gly Asp Ile Tyr Gln Val

245

250

255

Val Pro Ala Arg Thr Phe Thr Ala Pro Cys Pro Asp Ala Phe Ala Ala
260 265 270

Tyr Leu Gln Leu Arg Ala Thr Asn Pro Ser Pro Tyr Met Phe Tyr Ile
275 280 285

Arg Gly Leu Asn Glu Gly Arg Ser Tyr Glu Leu Phe Gly Ala Ser Pro
290 295 300

Glu Ser Asn Leu Lys Phe Thr Ala Ala Asn Arg Glu Leu Gln Leu Tyr
305 310 315 320

Pro Ile Ala Gly Thr Arg Pro Arg Gly Leu Asn Pro Asp Gly Ser Ile
325 330 335

Asn Asp Glu Leu Asp Ile Arg Asn Glu Leu Asp Met Arg Thr Asp Ala
340 345 350

Lys Glu Ile Ala Glu His Thr Met Leu Val Asp Leu Ala Arg Asn Asp
355 360 365

Leu Ala Arg Val Ser Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp Leu Leu
370 375 380

Gln Val Asp Arg Tyr Ser Arg Val Met His Leu Val Ser Arg Val Thr
385 390 395 400

Ala Thr Leu Asp Pro Glu Leu Asp Ala Leu Asp Ala Tyr Arg Ala Cys
405 410 415

Met Asn Met Gly Thr Leu Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Ala Met Glu
420 425 430

Leu Leu Arg Gly Val Glu Lys Arg Arg Arg Gly Ser Tyr Gly Gly Ala
435 440 445

Val Gly Tyr Leu Arg Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile Val Ile
450 455 460

Arg Ser Ala Phe Val Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gln Ala Gly Ala
465 470 475 480

Gly Val Val Arg Asp Ser Asn Pro Gln Ser Glu Ala Asp Glu Thr Leu
485 490 495

His Lys Ala Tyr Ala Val Leu Asn Ala Ile Ala Leu Ala Ala Gly Ser
500 505 510

Thr Leu Glu Val Ile Arg
515

<210> 421
<211> 1151
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1128)
<223> FRXA00957

<400> 421
gat ttc tta gaa acc ttt gaa acg ctc ccc gct gtc gag gag agc gtc 48
Asp Phe Leu Glu Thr Phe Glu Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val

1 5 10 15

aac act tac ccc gat tac cag ttc gtc ctc gcg gaa atc gtc ctg gac 96
Asn Thr Tyr Pro Asp Tyr Gln Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp

20 25 30

atc aat cac cag gac cag acc gcc aaa ctc gcc ggc gtc tcc aac gcc 144
Ile Asn His Gln Asp Gln Thr Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala

35 40 45

cca ggc gag ctc gag gcc gag ctc aac aag ctt tca ttg ctt atc gac 192
Pro Gly Glu Leu Glu Ala Glu Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp

50 55 60

gcc gcc ctc ccc gca acc gaa cac gcc tac caa acc acc cct cac gac 240
Ala Ala Leu Pro Ala Thr Glu His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp

65	70	75	80	
ggc gac act ctt cgc gtt gtg gct gat att ccc gat gct cag ttc cgc				288
Gly Asp Thr Leu Arg Val Val Ala Asp Ile Pro Asp Ala Gln Phe Arg				
	85	90	95	
acc cag atc aat gag ctg aaa gaa aac att tac aac ggt gac atc tac				336
Thr Gln Ile Asn Glu Leu Lys Glu Asn Ile Tyr Asn Gly Asp Ile Tyr				
	100	105	110	
caa gtt gtc ccg gcg cgc act ttc acc gca cca tgt cct gat gca ttc				384
Gln Val Val Pro Ala Arg Thr Phe Thr Ala Pro Cys Pro Asp Ala Phe				
	115	120	125	
gct gct tat ctg cag ctg cgt gcc acc aac ccg tcg ccg tac atg ttc				432
Ala Ala Tyr Leu Gln Leu Arg Ala Thr Asn Pro Ser Pro Tyr Met Phe				
	130	135	140	
tat atc cgt ggc ctc aac gaa ggc cgc tcc tat gaa ctt ttt ggc gca				480
Tyr Ile Arg Gly Leu Asn Glu Gly Arg Ser Tyr Glu Leu Phe Gly Ala				
145	150	155	160	
tcc cct gag tcc aac ctc aag ttc acc gct gct aac cgt gag ctg cag				528
Ser Pro Glu Ser Asn Leu Lys Phe Thr Ala Ala Asn Arg Glu Leu Gln				
	165	170	175	
ctg tac cca atc gca ggt acc cgc ccc cgt gga ctc aac cca gat ggc				576
Leu Tyr Pro Ile Ala Gly Thr Arg Pro Arg Gly Leu Asn Pro Asp Gly				
	180	185	190	
tcc atc aac gat gag cta gat atc cgc aat gag ttg gat atg cgc act				624
Ser Ile Asn Asp Glu Leu Asp Ile Arg Asn Glu Leu Asp Met Arg Thr				
	195	200	205	
gat gcc aaa gag atc gcg gag cac acc atg ctt gtc gat ctc gcc cgc				672
Asp Ala Lys Glu Ile Ala Glu His Thr Met Leu Val Asp Leu Ala Arg				
	210	215	220	
aac gac ctg gcc cgc gtc tcg gtc cca gcg tcg cgc cgg gtt gcg gat				720
Asn Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp				

225	230	235	240	
ctt ttg cag gtg gat cgc tat tcc cgc gtg atg cac ttg gtg tcc cgt				768
Leu Leu Gln Val Asp Arg Tyr Ser Arg Val Met His Leu Val Ser Arg				
	245	250	255	
gtg acg gcg acg ttg gac cca gag ctt gat gct ttg gac gcc tat cgg				816
Val Thr Ala Thr Leu Asp Pro Glu Leu Asp Ala Leu Asp Ala Tyr Arg				
	260	265	270	
gcg tgc atg aat atg ggc acg ttg acc ggc gct ccg aag ttg cgc gct				864
Ala Cys Met Asn Met Gly Thr Leu Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Ala				
	275	280	285	
atg gag ctg ttg cgc ggc gtc gaa aag cgc agg cgt ggt tct tat ggt				912
Met Glu Leu Leu Arg Gly Val Glu Lys Arg Arg Arg Gly Ser Tyr Gly				
	290	295	300	
ggg gca gtg ggg tac ctg cgc ggc aat ggc gat atg gat aat tgc att				960
Gly Ala Val Gly Tyr Leu Arg Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile				
305	310	315	320	
gtt att cgt tgc gcg ttt gtc cag gat ggt gtg gct gct gtg cag gct				1008
Val Ile Arg Ser Ala Phe Val Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gln Ala				
	325	330	335	
ggt gct ggt gtg gtc cgc gat tct aat cct caa tct gaa gcc gat gag				1056
Gly Ala Gly Val Val Arg Asp Ser Asn Pro Gln Ser Glu Ala Asp Glu				
	340	345	350	
acg ttg cac aag gcg tat gcc gtg ttg aat gcc att gcg ctt gct gct				1104
Thr Leu His Lys Ala Tyr Ala Val Leu Asn Ala Ile Ala Leu Ala Ala				
	355	360	365	
ggt tcc act ttg gag gtc atc cga tgacacacgt tgtttctcatt gat				1151
Gly Ser Thr Leu Glu Val Ile Arg				
	370	375		

<210> 422
 <211> 376
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 422

Asp Phe Leu Glu Thr Phe Glu Thr Leu Pro Ala Val Glu Glu Ser Val
1 5 10 15

Asn Thr Tyr Pro Asp Tyr Gln Phe Val Leu Ala Glu Ile Val Leu Asp
20 25 30

Ile Asn His Gln Asp Gln Thr Ala Lys Leu Ala Gly Val Ser Asn Ala
35 40 45

Pro Gly Glu Leu Glu Ala Glu Leu Asn Lys Leu Ser Leu Leu Ile Asp
50 55 60

Ala Ala Leu Pro Ala Thr Glu His Ala Tyr Gln Thr Thr Pro His Asp
65 70 75 80

Gly Asp Thr Leu Arg Val Val Ala Asp Ile Pro Asp Ala Gln Phe Arg
85 90 95

Thr Gln Ile Asn Glu Leu Lys Glu Asn Ile Tyr Asn Gly Asp Ile Tyr
100 105 110

Gln Val Val Pro Ala Arg Thr Phe Thr Ala Pro Cys Pro Asp Ala Phe
115 120 125

Ala Ala Tyr Leu Gln Leu Arg Ala Thr Asn Pro Ser Pro Tyr Met Phe
130 135 140

Tyr Ile Arg Gly Leu Asn Glu Gly Arg Ser Tyr Glu Leu Phe Gly Ala
145 150 155 160

Ser Pro Glu Ser Asn Leu Lys Phe Thr Ala Ala Asn Arg Glu Leu Gln
165 170 175

Leu Tyr Pro Ile Ala Gly Thr Arg Pro Arg Gly Leu Asn Pro Asp Gly
180 185 190

Ser Ile Asn Asp Glu Leu Asp Ile Arg Asn Glu Leu Asp Met Arg Thr
195 200 205

Asp Ala Lys Glu Ile Ala Glu His Thr Met Leu Val Asp Leu Ala Arg
210 215 220

Asn Asp Leu Ala Arg Val Ser Val Pro Ala Ser Arg Arg Val Ala Asp
225 230 235 240

Leu Leu Gln Val Asp Arg Tyr Ser Arg Val Met His Leu Val Ser Arg
245 250 255

Val Thr Ala Thr Leu Asp Pro Glu Leu Asp Ala Leu Asp Ala Tyr Arg
260 265 270

Ala Cys Met Asn Met Gly Thr Leu Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Ala
275 280 285

Met Glu Leu Leu Arg Gly Val Glu Lys Arg Arg Arg Gly Ser Tyr Gly
290 295 300

Gly Ala Val Gly Tyr Leu Arg Gly Asn Gly Asp Met Asp Asn Cys Ile
305 310 315 320

Val Ile Arg Ser Ala Phe Val Gln Asp Gly Val Ala Ala Val Gln Ala
325 330 335

Gly Ala Gly Val Val Arg Asp Ser Asn Pro Gln Ser Glu Ala Asp Glu
340 345 350

Thr Leu His Lys Ala Tyr Ala Val Leu Asn Ala Ile Ala Leu Ala Ala
355 360 365

Gly Ser Thr Leu Glu Val Ile Arg
370 375

<210> 423

<211> 1068

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1045)

<223> RXA02687

<400> 423

caaaaccatg ctccggcggg gagagttggg ccaagcggtt cgctaattga gcaacagaca 60

tggacacca ccttagttcg gcgggttaag ctgtgtaacc atg agc gac gca cca 115
Met Ser Asp Ala Pro

1 5

act gtt gtg gcc tat ttg ggg cct gcc gga acc ttc acc gaa gaa gcc 163
Thr Val Val Ala Tyr Leu Gly Pro Ala Gly Thr Phe Thr Glu Glu Ala

10 15 20

ctc tac aaa ttt gcc gac gcc ggc gta ttc ggc gac ggt gag atc gag 211
Leu Tyr Lys Phe Ala Asp Ala Gly Val Phe Gly Asp Gly Glu Ile Glu

25 30 35

cag cta cca gcc aaa tcg cca caa gaa gct gtc gac gcc gtc cgc cac 259
Gln Leu Pro Ala Lys Ser Pro Gln Glu Ala Val Asp Ala Val Arg His

40 45 50

ggc acc gcc cag ttc gcg gtg gtc gcc atc gaa aac ttc gtc gac ggc 307
Gly Thr Ala Gln Phe Ala Val Val Ala Ile Glu Asn Phe Val Asp Gly

55 60 65

ccc gtc acc ccc acc ttc gac gcc ctt gac cag ggc tcc aac gtg caa 355
Pro Val Thr Pro Thr Phe Asp Ala Leu Asp Gln Gly Ser Asn Val Gln

70 75 80 85

atc atc gcc gaa gaa gaa ctc gac atc gcc ttt tcc atc atg gtc cgg 403
Ile Ile Ala Glu Glu Glu Leu Asp Ile Ala Phe Ser Ile Met Val Arg

90 95 100

cca ggg act tcg ctt gcc gac gtc aaa acc ctc gcc acc cac ccg gtt 451
Pro Gly Thr Ser Leu Ala Asp Val Lys Thr Leu Ala Thr His Pro Val

105 110 115

ggg tac caa caa gtg aaa aac tgg atg gca acc acc att ccg gac gcc 499
Gly Tyr Gln Gln Val Lys Asn Trp Met Ala Thr Thr Ile Pro Asp Ala

120 125 130

atg tat ctt tca gca agc tcc aac ggc gcc ggc gca caa atg gtt gcc 547
Met Tyr Leu Ser Ala Ser Ser Asn Gly Ala Gly Ala Gln Met Val Ala

135 140 145

gaa gga acc gcc gac gca gcc gca gcg ccc tcc cgc gca gcc gaa ctc 595
Glu Gly Thr Ala Asp Ala Ala Ala Pro Ser Arg Ala Ala Glu Leu

150 155 160 165

ttc gga ctg gaa cgc ctt gtt gat gat gtc gcc gac gtc cgt ggc gcc 643
Phe Gly Leu Glu Arg Leu Val Asp Asp Val Ala Asp Val Arg Gly Ala

170 175 180

cgc acc cgc ttc gtt gct gtc caa gcc caa gca gcc gtt tcc gaa ccg 691
Arg Thr Arg Phe Val Ala Val Gln Ala Gln Ala Ala Val Ser Glu Pro

185 190 195

acc ggc cac gac cgc acc tcc gtc att ttc tcc cta ccg aat gtg cca 739
Thr Gly His Asp Arg Thr Ser Val Ile Phe Ser Leu Pro Asn Val Pro

200 205 210

ggc agc ctc gtg cgc gcc ctc aac gaa ttc gcc atc cgc ggc gtt gac 787
Gly Ser Leu Val Arg Ala Leu Asn Glu Phe Ala Ile Arg Gly Val Asp

215 220 225

ctc acc cgc atc gaa tcc cgc ccc acc cgc aaa gtc ttc gga acc tac 835
Leu Thr Arg Ile Glu Ser Arg Pro Thr Arg Lys Val Phe Gly Thr Tyr

230 235 240 245

cgc ttc cac ctg gac ata tcc gga cat atc cgc gat atc ccc gtc gcc 883
Arg Phe His Leu Asp Ile Ser Gly His Ile Arg Asp Ile Pro Val Ala

250 255 260

gaa gcc ctc cgc gca ctc cac ctc caa gcc gaa gaa ctc gtc ttc gtc 931
Glu Ala Leu Arg Ala Leu His Leu Gln Ala Glu Glu Leu Val Phe Val

265 270 275

ggc tcc tgg ccc tcc aac cgt gcg gaa gac agc acg ccc caa acc gac 979
Gly Ser Trp Pro Ser Asn Arg Ala Glu Asp Ser Thr Pro Gln Thr Asp

280 285 290

caa cta get aag cta cac aag gcg gac gaa tgg gtt cgc gca gca agc 1027
Gln Leu Ala Lys Leu His Lys Ala Asp Glu Trp Val Arg Ala Ala Ser

295 300 305

gaa gga agg aaa ctt aac tagccatggc cggccggatt att 1068
Glu Gly Arg Lys Leu Asn

310 315

<210> 424

<211> 315

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 424

Met Ser Asp Ala Pro Thr Val Val Ala Tyr Leu Gly Pro Ala Gly Thr
1 5 10 15

Phe Thr Glu Glu Ala Leu Tyr Lys Phe Ala Asp Ala Gly Val Phe Gly
20 25 30

Asp Gly Glu Ile Glu Gln Leu Pro Ala Lys Ser Pro Gln Glu Ala Val
35 40 45

Asp Ala Val Arg His Gly Thr Ala Gln Phe Ala Val Val Ala Ile Glu
50 55 60

Asn Phe Val Asp Gly Pro Val Thr Pro Thr Phe Asp Ala Leu Asp Gln
65 70 75 80

Gly Ser Asn Val Gln Ile Ile Ala Glu Glu Glu Leu Asp Ile Ala Phe
85 90 95

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

Ala Thr His Pro Val Gly Tyr Gln Gln Val Lys Asn Trp Met Ala Thr
115 120 125

Thr Ile Pro Asp Ala Met Tyr Leu Ser Ala Ser Ser Asn Gly Ala Gly
130 135 140

Ala Gln Met Val Ala Glu Gly Thr Ala Asp Ala Ala Ala Ala Pro Ser
145 150 155 160

Arg Ala Ala Glu Leu Phe Gly Leu Glu Arg Leu Val Asp Asp Val Ala
165 170 175

Asp Val Arg Gly Ala Arg Thr Arg Phe Val Ala Val Gln Ala Gln Ala
180 185 190

Ala Val Ser Glu Pro Thr Gly His Asp Arg Thr Ser Val Ile Phe Ser
195 200 205

Leu Pro Asn Val Pro Gly Ser Leu Val Arg Ala Leu Asn Glu Phe Ala
210 215 220

Ile Arg Gly Val Asp Leu Thr Arg Ile Glu Ser Arg Pro Thr Arg Lys
225 230 235 240

Val Phe Gly Thr Tyr Arg Phe His Leu Asp Ile Ser Gly His Ile Arg
245 250 255

Asp Ile Pro Val Ala Glu Ala Leu Arg Ala Leu His Leu Gln Ala Glu
260 265 270

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

Thr Pro Gln Thr Asp Gln Leu Ala Lys Leu His Lys Ala Asp Glu Trp
290 295 300

Val Arg Ala Ala Ser Glu Gly Arg Lys Leu Asn
305 310 315

<210> 425

<211> 1353

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1330)

<223> RXN01698

<400> 425

cgctagtgcc tgcagttatg tcgctttttg acgtcgaaaa gcaattttta aaagcccttg 60

gggtgggctg gatacgtctt ctgcggcctt tcgtgcgata atg cta ggc atg ctt 115
Met Leu Gly Met Leu

1 5

cga tgg act aca gca ggt gaa tcc cac ggc cag gcg ctt atc gcc acg 163
Arg Trp Thr Thr Ala Gly Glu Ser His Gly Gln Ala Leu Ile Ala Thr

10 15 20

gtt gaa cac atg cca gca ggc gtg ccc gtg act aaa gat gag gtc tcg 211
Val Glu His Met Pro Ala Gly Val Pro Val Thr Lys Asp Glu Val Ser

25 30 35

tat caa ttg gcg cgc cga cgc ctt gga tat ggt cgc ggc gct cgc atg 259
Tyr Gln Leu Ala Arg Arg Arg Leu Gly Tyr Gly Arg Gly Ala Arg Met

40 45 50

aag ttt gag caa gac gcg ttg acc ttc ctc acc ggc atc cgc cac ggc 307
Lys Phe Glu Gln Asp Ala Leu Thr Phe Leu Thr Gly Ile Arg His Gly

55 60 65

ctc act ttg ggt agc ccc atc tca atc atg atc ggc aac act gag tgg 355
Leu Thr Leu Gly Ser Pro Ile Ser Ile Met Ile Gly Asn Thr Glu Trp

70 75 80 85

gat aag tgg acc acc atc atg tcc tct gac gct ttg gac atg gaa gac 403
Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala Leu Asp Met Glu Asp

90 95 100

cca gat aac gtt gcg gcg atg tct tcg ggt cgg ggc gca aaa ctg act 451
Pro Asp Asn Val Ala Ala Met Ser Ser Gly Arg Gly Ala Lys Leu Thr

105 110 115

cgt ccg cgt cca ggc cac gct gat tac gca ggc atg ctc aag tac gga 499
Arg Pro Arg Pro Gly His Ala Asp Tyr Ala Gly Met Leu Lys Tyr Gly

120 125 130

ttc gat gat gcc cgc aac gtg ctg gag cgt tct tca gcc cgt gag acg 547
Phe Asp Asp Ala Arg Asn Val Leu Glu Arg Ser Ser Ala Arg Glu Thr

135 140 145

gca gca cgc gtg gca gca gca acc gtt gcg cgt tcc ttc ctg cgt gaa 595
Ala Ala Arg Val Ala Ala Ala Thr Val Ala Arg Ser Phe Leu Arg Glu

150 155 160 165

acc ttg ggc gtg gaa gtg ctt tcc cac gta att tcc att ggt gcg tcc 643
Thr Leu Gly Val Glu Val Leu Ser His Val Ile Ser Ile Gly Ala Ser

170 175 180

gag cct tac act ggc gcg gag cca acc ttt gca gat att caa gca atc 691
Glu Pro Tyr Thr Gly Ala Glu Pro Thr Phe Ala Asp Ile Gln Ala Ile

185 190 195

gat gat tcc cca gtt cgt gca ttc ggt aaa gac gct gaa gaa tcc atg 739
Asp Asp Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Lys Asp Ala Glu Glu Ser Met

200 205 210

atc gcg gaa atc gag gcc gca aag aaa gcc ggc gat acc ctc ggt ggc 787
Ile Ala Glu Ile Glu Ala Ala Lys Lys Ala Gly Asp Thr Leu Gly Gly

215 220 225

atc gtg gaa gtg att gtt gaa ggc ctg ccc atc ggt ttg ggc tca cac 835
Ile Val Glu Val Ile Val Glu Gly Leu Pro Ile Gly Leu Gly Ser His

230 235 240 245

att tct ggc gaa gat cgc ctc gat gcg cag atc gca gct gca ctc atg 883
Ile Ser Gly Glu Asp Arg Leu Asp Ala Gln Ile Ala Ala Ala Leu Met

250 255 260

ggc att cag gcc atc aag ggc gtg gaa atc ggt gac ggt ttc gaa gaa 931
Gly Ile Gln Ala Ile Lys Gly Val Glu Ile Gly Asp Gly Phe Glu Glu

265 270 275

gct cgt cga cgt ggc tcc gaa gcc cac gat gaa gtg ttc ctg gat gac 979
Ala Arg Arg Arg Gly Ser Glu Ala His Asp Glu Val Phe Leu Asp Asp

280 285 290

aac ggc gta tac cgc aac acc aac cgt gca ggt ggc ctc gaa ggc ggc 1027
Asn Gly Val Tyr Arg Asn Thr Asn Arg Ala Gly Gly Leu Glu Gly Gly

295 300 305

atg acc aac ggt gaa acc ctg cgc gtt cgt gct ggc atg aag cca att 1075
Met Thr Asn Gly Glu Thr Leu Arg Val Arg Ala Gly Met Lys Pro Ile

310 315 320 325

tct act gtg cct cgc gcc ctg aaa acc att gat atg gaa aac ggc aag 1123
Ser Thr Val Pro Arg Ala Leu Lys Thr Ile Asp Met Glu Asn Gly Lys

330 335 340

gca gca acc gga atc cac cag cgt tcc gac gtg tgc gct gtt cca gcc 1171
Ala Ala Thr Gly Ile His Gln Arg Ser Asp Val Cys Ala Val Pro Ala

345 350 355

gcc ggt gtc gtt gca gaa gca atg gtc acc ctg gtt ctc gcc cgc gca 1219
Ala Gly Val Val Ala Glu Ala Met Val Thr Leu Val Leu Ala Arg Ala

360 365 370

gtc ctg cag aaa ttc ggc ggt gac tcc ctg agc gaa acc aag agc aac 1267
Val Leu Gln Lys Phe Gly Gly Asp Ser Leu Ser Glu Thr Lys Ser Asn

375 380 385

att gac acc tac ctc aaa aac att gag gaa cga atg aaa ttc gaa ggt 1315
Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg Met Lys Phe Glu Gly

390 395 400 405

tta gag gat gga gcg taatgaagtg aatgatcaaa ttc 1353
Leu Glu Asp Gly Ala

410

<210> 426

<211> 410

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 426

Met Leu Gly Met Leu Arg Trp Thr Thr Ala Gly Glu Ser His Gly Gln

1

5

10

15

Ala Leu Ile Ala Thr Val Glu His Met Pro Ala Gly Val Pro Val Thr
20 25 30

Lys Asp Glu Val Ser Tyr Gln Leu Ala Arg Arg Arg Leu Gly Tyr Gly
35 40 45

Arg Gly Ala Arg Met Lys Phe Glu Gln Asp Ala Leu Thr Phe Leu Thr
50 55 60

Gly Ile Arg His Gly Leu Thr Leu Gly Ser Pro Ile Ser Ile Met Ile
65 70 75 80

Gly Asn Thr Glu Trp Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala
85 90 95

Leu Asp Met Glu Asp Pro Asp Asn Val Ala Ala Met Ser Ser Gly Arg
100 105 110

Gly Ala Lys Leu Thr Arg Pro Arg Pro Gly His Ala Asp Tyr Ala Gly
115 120 125

Met Leu Lys Tyr Gly Phe Asp Asp Ala Arg Asn Val Leu Glu Arg Ser
130 135 140

Ser Ala Arg Glu Thr Ala Ala Arg Val Ala Ala Ala Thr Val Ala Arg
145 150 155 160

Ser Phe Leu Arg Glu Thr Leu Gly Val Glu Val Leu Ser His Val Ile
165 170 175

Ser Ile Gly Ala Ser Glu Pro Tyr Thr Gly Ala Glu Pro Thr Phe Ala
180 185 190

Asp Ile Gln Ala Ile Asp Asp Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Lys Asp
195 200 205

Ala Glu Glu Ser Met Ile Ala Glu Ile Glu Ala Ala Lys Lys Ala Gly
210 215 220

Asp Thr Leu Gly Gly Ile Val Glu Val Ile Val Glu Gly Leu Pro Ile

225 230 235 240

Gly Leu Gly Ser His Ile Ser Gly Glu Asp Arg Leu Asp Ala Gln Ile
245 250 255

Ala Ala Ala Leu Met Gly Ile Gln Ala Ile Lys Gly Val Glu Ile Gly
260 265 270

Asp Gly Phe Glu Glu Ala Arg Arg Arg Gly Ser Glu Ala His Asp Glu
275 280 285

Val Phe Leu Asp Asp Asn Gly Val Tyr Arg Asn Thr Asn Arg Ala Gly
290 295 300

Gly Leu Glu Gly Gly Met Thr Asn Gly Glu Thr Leu Arg Val Arg Ala
305 310 315 320

Gly Met Lys Pro Ile Ser Thr Val Pro Arg Ala Leu Lys Thr Ile Asp
325 330 335

Met Glu Asn Gly Lys Ala Ala Thr Gly Ile His Gln Arg Ser Asp Val
340 345 350

Cys Ala Val Pro Ala Ala Gly Val Val Ala Glu Ala Met Val Thr Leu
355 360 365

Val Leu Ala Arg Ala Val Leu Gln Lys Phe Gly Gly Asp Ser Leu Ser
370 375 380

Glu Thr Lys Ser Asn Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg
385 390 395 400

Met Lys Phe Glu Gly Leu Glu Asp Gly Ala
405 410

<210> 427

<211> 1013

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(990)

<223> FRXA01698

<400> 427

ggc aac act gag tgg gat aag tgg acc acc atc atg tcc tct gac gct 48
Gly Asn Thr Glu Trp Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala

1 5 10 15

ttg gac atg gaa gac cca gat aac gtt gcg gcg atg tct tcg ggt cgg 96
Leu Asp Met Glu Asp Pro Asp Asn Val Ala Ala Met Ser Ser Gly Arg

20 25 30

ggc gca aaa ctg act cgt ccg cgt cca ggc cac gct gat tac gca ggc 144
Gly Ala Lys Leu Thr Arg Pro Arg Pro Gly His Ala Asp Tyr Ala Gly

35 40 45

atg ctc aag tac gga ttc gat gat gcc cgc aac gtg ctg gag cgt tct 192
Met Leu Lys Tyr Gly Phe Asp Asp Ala Arg Asn Val Leu Glu Arg Ser

50 55 60

tca gcc cgt gag acg gca gca cgc gtg gca gca gca acc gtt gcg cgt 240
Ser Ala Arg Glu Thr Ala Ala Arg Val Ala Ala Ala Thr Val Ala Arg

65 70 75 80

tcc ttc ctg cgt gaa acc ttg ggc gtg gaa gtg ctt tcc cac gta att 288
Ser Phe Leu Arg Glu Thr Leu Gly Val Glu Val Leu Ser His Val Ile

85 90 95

tcc att ggt gcg tcc gag cct tac act ggc gcg gag cca acc ttt gca 336
Ser Ile Gly Ala Ser Glu Pro Tyr Thr Gly Ala Glu Pro Thr Phe Ala

100 105 110

gat att caa gca atc gat gat tcc cca gtt cgt gca ttc ggt aaa gac 384
Asp Ile Gln Ala Ile Asp Asp Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Lys Asp

115 120 125

gct gaa gaa tcc atg atc gcg gaa atc gag gcc gca aag aaa gcc ggc 432
Ala Glu Glu Ser Met Ile Ala Glu Ile Glu Ala Ala Lys Lys Ala Gly

130 135 140

gat acc ctc ggt ggc atc gtg gaa gtg att gtt gaa ggc ctg ccc atc 480

Asp	Thr	Leu	Gly	Gly	Ile	Val	Glu	Val	Ile	Val	Glu	Gly	Leu	Pro	Ile	
145			150			155			160							
ggc	tgc	gac	tca	cac	att	tct	ggc	gaa	gat	cgc	ctc	gat	gag	cag	atc	528
Gly	Leu	Gly	Ser	His	Ile	Ser	Gly	Glu	Asp	Arg	Leu	Asp	Ala	Gln	Ile	
165			170			175										
gca	gct	gca	ctc	atg	ggc	att	cag	gcc	atc	aag	ggc	gtg	gaa	atc	ggc	576
Ala	Ala	Ala	Leu	Met	Gly	Ile	Gln	Ala	Ile	Lys	Gly	Val	Glu	Ile	Gly	
180			185			190										
gac	ggc	ttc	gaa	gaa	gct	cgt	cga	cgt	ggc	tcc	gaa	gcc	cac	gat	gaa	624
Asp	Gly	Phe	Glu	Glu	Ala	Arg	Arg	Arg	Gly	Ser	Glu	Ala	His	Asp	Glu	
195			200			205										
gtg	ttc	ctg	gat	gac	aac	ggc	gta	tac	cgc	aac	acc	aac	cgt	gca	ggc	672
Val	Phe	Leu	Asp	Asp	Asn	Gly	Val	Tyr	Arg	Asn	Thr	Asn	Arg	Ala	Gly	
210			215			220										
ggc	ctc	gaa	ggc	ggc	atg	acc	aac	ggc	gaa	acc	ctg	cgc	gtt	cgt	gct	720
Gly	Leu	Glu	Gly	Gly	Met	Thr	Asn	Gly	Glu	Thr	Leu	Arg	Val	Arg	Ala	
225			230			235			240							
ggc	atg	aag	cca	att	tct	act	gtg	cct	cgc	gcc	ctg	aaa	acc	att	gat	768
Gly	Met	Lys	Pro	Ile	Ser	Thr	Val	Pro	Arg	Ala	Leu	Lys	Thr	Ile	Asp	
245			250			255										
atg	gaa	aac	ggc	aag	gca	gca	acc	gga	atc	cac	cag	cgt	tcc	gac	gtg	816
Met	Glu	Asn	Gly	Lys	Ala	Ala	Thr	Gly	Ile	His	Gln	Arg	Ser	Asp	Val	
260			265			270										
tgc	gct	gtt	cca	gcc	gcc	ggc	gtc	gtt	gca	gaa	gca	atg	gtc	acc	ctg	864
Cys	Ala	Val	Pro	Ala	Ala	Gly	Val	Val	Ala	Glu	Ala	Met	Val	Thr	Leu	
275			280			285										
gtt	ctc	gcc	cgc	gca	gtc	ctg	cag	aaa	ttc	ggc	ggc	gac	tcc	ctg	agc	912
Val	Leu	Ala	Arg	Ala	Val	Leu	Gln	Lys	Phe	Gly	Gly	Asp	Ser	Leu	Ser	
290			295			300										
gaa	acc	aag	agc	aac	att	gac	acc	tac	ctc	aaa	aac	att	gag	gaa	cga	960

Glu Thr Lys Ser Asn Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg
 305 310 315 320
 atg aaa ttc gaa ggt tta gag gat gga gcg taatgaagtg aatgatcaaa 1010
 Met Lys Phe Glu Gly Leu Glu Asp Gly Ala
 325 330
 ttc 1013
 <210> 428
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 428
 Gly Asn Thr Glu Trp Asp Lys Trp Thr Thr Ile Met Ser Ser Asp Ala
 1 5 10 15
 Leu Asp Met Glu Asp Pro Asp Asn Val Ala Ala Met Ser Ser Gly Arg
 20 25 30
 Gly Ala Lys Leu Thr Arg Pro Arg Pro Gly His Ala Asp Tyr Ala Gly
 35 40 45
 Met Leu Lys Tyr Gly Phe Asp Asp Ala Arg Asn Val Leu Glu Arg Ser
 50 55 60
 Ser Ala Arg Glu Thr Ala Ala Arg Val Ala Ala Ala Thr Val Ala Arg
 65 70 75 80
 Ser Phe Leu Arg Glu Thr Leu Gly Val Glu Val Leu Ser His Val Ile
 85 90 95
 Ser Ile Gly Ala Ser Glu Pro Tyr Thr Gly Ala Glu Pro Thr Phe Ala
 100 105 110
 Asp Ile Gln Ala Ile Asp Asp Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Lys Asp
 115 120 125
 Ala Glu Glu Ser Met Ile Ala Glu Ile Glu Ala Ala Lys Lys Ala Gly
 130 135 140

Asp Thr Leu Gly Gly Ile Val Glu Val Ile Val Glu Gly Leu Pro Ile
145 150 155 160

Gly Leu Gly Ser His Ile Ser Gly Glu Asp Arg Leu Asp Ala Gln Ile
165 170 175

Ala Ala Ala Leu Met Gly Ile Gln Ala Ile Lys Gly Val Glu Ile Gly
180 185 190

Asp Gly Phe Glu Glu Ala Arg Arg Arg Gly Ser Glu Ala His Asp Glu
195 200 205

Val Phe Leu Asp Asp Asn Gly Val Tyr Arg Asn Thr Asn Arg Ala Gly
210 215 220

Gly Leu Glu Gly Gly Met Thr Asn Gly Glu Thr Leu Arg Val Arg Ala
225 230 235 240

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

Met Glu Asn Gly Lys Ala Ala Thr Gly Ile His Gln Arg Ser Asp Val
260 265 270

Cys Ala Val Pro Ala Ala Gly Val Val Ala Glu Ala Met Val Thr Leu
275 280 285

Val Leu Ala Arg Ala Val Leu Gln Lys Phe Gly Gly Asp Ser Leu Ser
290 295 300

Glu Thr Lys Ser Asn Ile Asp Thr Tyr Leu Lys Asn Ile Glu Glu Arg
305 310 315 320

Met Lys Phe Glu Gly Leu Glu Asp Gly Ala
325 330

<210> 429

<211> 906

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(883)

<223> RXA01095

<400> 429

gaaaccccag gtcaaagcta ggggtgtggca ccttgatttc tttcgccatg tgtgttcggg 60

ataaccttaa acacagcatt ggttgaagg aggttggggc atg gtt gca aca gag 115
Met Val Ala Thr Glu

1 5

aac cgc atg ttg atg gaa atc gct gcg gaa ata tcg gct cgg gaa gca 163
Asn Arg Met Leu Met Glu Ile Ala Ala Glu Ile Ser Ala Arg Glu Ala

10 15 20

acg ctt ggt ttt caa gaa gtc aaa act aaa tct cga tca gca ggt ctc 211
Thr Leu Gly Phe Gln Glu Val Lys Thr Lys Ser Arg Ser Ala Gly Leu

25 30 35

acg gcg gct ttc gat att gct tca gtc ttt ttt tcg tct gga tgt aat 259
Thr Ala Ala Phe Asp Ile Ala Ser Val Phe Phe Ser Ser Gly Cys Asn

40 45 50

gtc gta gtc gcc ttt gat cgt ttt gca tcc aat tgg tct gat cat tcg 307
Val Val Val Ala Phe Asp Arg Phe Ala Ser Asn Trp Ser Asp His Ser

55 60 65

gat cat gtg gac tac gct gca cag gtt gcg ggt ttt ggc gca tca atg 355
Asp His Val Asp Tyr Ala Ala Gln Val Ala Gly Phe Gly Ala Ser Met

70 75 80 85

ctt gca tat acg gtg cgc agg gga cag ttt gat acc gca gta cgc gat 403
Leu Ala Tyr Thr Val Arg Arg Gly Gln Phe Asp Thr Ala Val Arg Asp

90 95 100

atc agg gac atc aaa tct gaa gta gac att ccc att ctg ctt cat gat 451
Ile Arg Asp Ile Lys Ser Glu Val Asp Ile Pro Ile Leu Leu His Asp

105 110 115

ccc atc atc gat ccg tat caa atc cac gaa gcc cgc gtc atg ggc atc 499
Pro Ile Ile Asp Pro Tyr Gln Ile His Glu Ala Arg Val Met Gly Ile

120	125	130	
gac gct ctt caa ttc ccc gta tgg gcg atg gaa caa gct cga ctg gaa 547			
Asp Ala Leu Gln Phe Pro Val Trp Ala Met Glu Gln Ala Arg Leu Glu			
135	140	145	
tct ttg gtg gac cgc acc gaa tca ttg ggc atg aca gcc atc gtg tct 595			
Ser Leu Val Asp Arg Thr Glu Ser Leu Gly Met Thr Ala Ile Val Ser			
150	155	160	165
gtg cga aac cac gaa gaa gcg cat cgt gca gtg gac gca gga gcg aca 643			
Val Arg Asn His Glu Glu Ala His Arg Ala Val Asp Ala Gly Ala Thr			
170	175	180	
gtg gta gca att gat att act ggt tat acc ggc tca ctc act ttg cct 691			
Val Val Ala Ile Asp Ile Thr Gly Tyr Thr Gly Ser Leu Thr Leu Pro			
185	190	195	
gaa gcg ttt tcg ggt atc acc caa ttc atg ccc aaa gag gta gcc cgc 739			
Glu Ala Phe Ser Gly Ile Thr Gln Phe Met Pro Lys Glu Val Ala Arg			
200	205	210	
att gtg ctc gga ggt tgc agc agc cct aaa gaa ctc atg cgg ttt gca 787			
Ile Val Leu Gly Gly Cys Ser Ser Pro Lys Glu Leu Met Arg Phe Ala			
215	220	225	
cga cat tct gca gac gcc atc ttt gtt cca cat gca gac ctc gcc acc 835			
Arg His Ser Ala Asp Ala Ile Phe Val Pro His Ala Asp Leu Ala Thr			
230	235	240	245
aca aaa tct ctt gtg aca gca ggt atg cat cca gcg tgc cca tcg cgt 883			
Thr Lys Ser Leu Val Thr Ala Gly Met His Pro Ala Cys Pro Ser Arg			
250	255	260	
tgaagaggtg ctctgtggtc agc 906			
<210> 430			
<211> 261			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			

<400> 430

Met Val Ala Thr Glu Asn Arg Met Leu Met Glu Ile Ala Ala Glu Ile
1 5 10 15

Ser Ala Arg Glu Ala Thr Leu Gly Phe Gln Glu Val Lys Thr Lys Ser
20 25 30

Arg Ser Ala Gly Leu Thr Ala Ala Phe Asp Ile Ala Ser Val Phe Phe
35 40 45

Ser Ser Gly Cys Asn Val Val Val Ala Phe Asp Arg Phe Ala Ser Asn
50 55 60

Trp Ser Asp His Ser Asp His Val Asp Tyr Ala Ala Gln Val Ala Gly
65 70 75 80

Phe Gly Ala Ser Met Leu Ala Tyr Thr Val Arg Arg Gly Gln Phe Asp
85 90 95

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

Ile Leu Leu His Asp Pro Ile Ile Asp Pro Tyr Gln Ile His Glu Ala
115 120 125

Arg Val Met Gly Ile Asp Ala Leu Gln Phe Pro Val Trp Ala Met Glu
130 135 140

Gln Ala Arg Leu Glu Ser Leu Val Asp Arg Thr Glu Ser Leu Gly Met
145 150 155 160

Thr Ala Ile Val Ser Val Arg Asn His Glu Glu Ala His Arg Ala Val
165 170 175

Asp Ala Gly Ala Thr Val Val Ala Ile Asp Ile Thr Gly Tyr Thr Gly
180 185 190

Ser Leu Thr Leu Pro Glu Ala Phe Ser Gly Ile Thr Gln Phe Met Pro
195 200 205

Lys Glu Val Ala Arg Ile Val Leu Gly Gly Cys Ser Ser Pro Lys Glu
210 215 220

Leu Met Arg Phe Ala Arg His Ser Ala Asp Ala Ile Phe Val Pro His
225 230 235 240

Ala Asp Leu Ala Thr Thr Lys Ser Leu Val Thr Ala Gly Met His Pro
245 250 255

Ala Cys Pro Ser Arg
260

<210> 431
<211> 1545
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1522)
<223> RXA00955

<400> 431
gatggtgcac aaaaggcgct ttccttgctt gccgacggca ccaccaggc atggttggcc 60

aagcacgaag agatcgatta ctcaaaaaag gagtcttcca atg act agt aat aat 115
Met Thr Ser Asn Asn
1 5

ctg ccc aca gtg ttg gaa agc atc gtc gag ggt cgt cgc gga cac ctg 163
Leu Pro Thr Val Leu Glu Ser Ile Val Glu Gly Arg Arg Gly His Leu
10 15 20

gag gaa att cgc gct cgc atc gct cac gtg gat gtg gat gcg ctt cca 211
Glu Glu Ile Arg Ala Arg Ile Ala His Val Asp Val Asp Ala Leu Pro
25 30 35

aaa tcc acc cgt tct ctg ttt gat tcc ctc aac cag ggt agg gga ggg 259
Lys Ser Thr Arg Ser Leu Phe Asp Ser Leu Asn Gln Gly Arg Gly Gly
40 45 50

gcg cgt ttc atc atg gag tgc aag tcc gca tcg cct tct ttg gga atg 307
Ala Arg Phe Ile Met Glu Cys Lys Ser Ala Ser Pro Ser Leu Gly Met

55	60	65	
att cgt gag cac tac cag ccg ggt gaa atc gct cgc gtg tac tct cgc			355
Ile Arg Glu His Tyr Gln Pro Gly Glu Ile Ala Arg Val Tyr Ser Arg			
70	75	80	85
tac gcc agc ggc att tcc gtg ctg tgc gag ccg gat cgt ttt ggt ggc			403
Tyr Ala Ser Gly Ile Ser Val Leu Cys Glu Pro Asp Arg Phe Gly Gly			
	90	95	100
gat tac gat cac ctc gct acc gtt gcc gct acc tct cat ctt ccg gtg			451
Asp Tyr Asp His Leu Ala Thr Val Ala Ala Thr Ser His Leu Pro Val			
	105	110	115
ctg tgc aaa gac ttc atc att gat cct gtc cag gta cac gcg gcg cgt			499
Leu Cys Lys Asp Phe Ile Ile Asp Pro Val Gln Val His Ala Ala Arg			
	120	125	130
tac ttt ggt gct gat gcc atc ctg ctc atg ctc tct gtg ctt gat gat			547
Tyr Phe Gly Ala Asp Ala Ile Leu Leu Met Leu Ser Val Leu Asp Asp			
	135	140	145
gaa gag tac gca gca ctc gct gcc gag gct gcg cgt ttt gat ctg gat			595
Glu Glu Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Ala Ala Arg Phe Asp Leu Asp			
	150	155	160
atc ctc acc gag gtt att gat gag gag gaa gtc gcc cgc gcc atc aag			643
Ile Leu Thr Glu Val Ile Asp Glu Glu Glu Val Ala Arg Ala Ile Lys			
	170	175	180
ctg ggt gcg aag atc ttt ggc gtc aac cac cgc aac ctg cat gat ctg			691
Leu Gly Ala Lys Ile Phe Gly Val Asn His Arg Asn Leu His Asp Leu			
	185	190	195
tcc att gat ttg gat cgt tca cgt cgc ctg tcc aag ctc att cca gca			739
Ser Ile Asp Leu Asp Arg Ser Arg Arg Leu Ser Lys Leu Ile Pro Ala			
	200	205	210
gat gcc gtg ctc gtg tct gag tct ggc gtg cgc gat acc gaa acc gtc			787
Asp Ala Val Leu Val Ser Glu Ser Gly Val Arg Asp Thr Glu Thr Val			

215	220	225	
cgc cag cta ggt ggg cac tcc aat gca ttc ctc gtt ggc tcc cag ctg	835		
Arg Gln Leu Gly Gly His Ser Asn Ala Phe Leu Val Gly Ser Gln Leu			
230	235	240	245
acc agc cag gaa aac gtc gat ctg gca gcc cgc gaa tta gtc tac ggc	883		
Thr Ser Gln Glu Asn Val Asp Leu Ala Ala Arg Glu Leu Val Tyr Gly			
250	255	260	
ccc aac aaa gtc tgc gga ctc acc tca cca agt gca gca caa acc gct	931		
Pro Asn Lys Val Cys Gly Leu Thr Ser Pro Ser Ala Ala Gln Thr Ala			
265	270	275	
cgc gca gcg ggt gcg gtc tac ggc ggg ctc atc ttc gaa gag gca tcg	979		
Arg Ala Ala Gly Ala Val Tyr Gly Gly Leu Ile Phe Glu Glu Ala Ser			
280	285	290	
cca cgc aat gtt tca cgt gaa aca ttg caa aaa atc atc gcc gca gag	1027		
Pro Arg Asn Val Ser Arg Glu Thr Leu Gln Lys Ile Ile Ala Ala Glu			
295	300	305	
ccc aac ctg cgc tac gtc gcg gtc agc cgt cgc acc tcc ggg tac aag	1075		
Pro Asn Leu Arg Tyr Val Ala Val Ser Arg Arg Thr Ser Gly Tyr Lys			
310	315	320	325
gat ttg ctt gtc gac ggc atc ttc gcc gta caa atc cac gcc cca ctg	1123		
Asp Leu Leu Val Asp Gly Ile Phe Ala Val Gln Ile His Ala Pro Leu			
330	335	340	
cag gac agc gtc gaa gca gaa aag gca ttg atc gcc gcc gtt cgt gaa	1171		
Gln Asp Ser Val Glu Ala Glu Lys Ala Leu Ile Ala Ala Val Arg Glu			
345	350	355	
gag gtt gga ccg cag gtc cag gtc tgg cgc gcg atc tcg atg tcc agc	1219		
Glu Val Gly Pro Gln Val Gln Val Trp Arg Ala Ile Ser Met Ser Ser			
360	365	370	
ccc ttg ggg gct gaa gtg gca gct gcg gtg gag ggt gac gtc gat aag	1267		
Pro Leu Gly Ala Glu Val Ala Ala Ala Val Glu Gly Asp Val Asp Lys			

375 380 385

cta att ctt gat gcc cat gaa ggt ggc agc ggg gaa gta ttc gac tgg 1315
Leu Ile Leu Asp Ala His Glu Gly Gly Ser Gly Glu Val Phe Asp Trp

390 395 400 405

gct acg gtg ccg gcc gct gtg aag gca aag tct ttg ctc gcg gga ggc 1363
Ala Thr Val Pro Ala Ala Val Lys Ala Lys Ser Leu Leu Ala Gly Gly

410 415 420

atc tct ccg gac aac gct gcg cag gca ctc gct gtg ggc tgc gca ggt 1411
Ile Ser Pro Asp Asn Ala Ala Gln Ala Leu Ala Val Gly Cys Ala Gly

425 430 435

ttg gac atc aac tct ggc gtg gaa tac ccc gcc ggt gca ggc acg tgg 1459
Leu Asp Ile Asn Ser Gly Val Glu Tyr Pro Ala Gly Ala Gly Thr Trp

440 445 450

gct ggg gcg aaa gac gcc ggc gcg ctg ctg aaa att tta gcg acc atc 1507
Ala Gly Ala Lys Asp Ala Gly Ala Leu Leu Lys Ile Leu Ala Thr Ile

455 460 465

tcc aca ttc cat tac taaaggttta aataggatca tga 1545
Ser Thr Phe His Tyr

470

<210> 432
<211> 474
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 432
Met Thr Ser Asn Asn Leu Pro Thr Val Leu Glu Ser Ile Val Glu Gly
1 5 10 15

Arg Arg Gly His Leu Glu Glu Ile Arg Ala Arg Ile Ala His Val Asp
20 25 30

Val Asp Ala Leu Pro Lys Ser Thr Arg Ser Leu Phe Asp Ser Leu Asn
35 40 45

Gln Gly Arg Gly Gly Ala Arg Phe Ile Met Glu Cys Lys Ser Ala Ser
50 55 60

Pro Ser Leu Gly Met Ile Arg Glu His Tyr Gln Pro Gly Glu Ile Ala
65 70 75 80

Arg Val Tyr Ser Arg Tyr Ala Ser Gly Ile Ser Val Leu Cys Glu Pro
85 90 95

Asp Arg Phe Gly Gly Asp Tyr Asp His Leu Ala Thr Val Ala Ala Thr
100 105 110

Ser His Leu Pro Val Leu Cys Lys Asp Phe Ile Ile Asp Pro Val Gln
115 120 125

Val His Ala Ala Arg Tyr Phe Gly Ala Asp Ala Ile Leu Leu Met Leu
130 135 140

Ser Val Leu Asp Asp Glu Glu Tyr Ala Ala Leu Ala Ala Glu Ala Ala
145 150 155 160

Arg Phe Asp Leu Asp Ile Leu Thr Glu Val Ile Asp Glu Glu Glu Val
165 170 175

Ala Arg Ala Ile Lys Leu Gly Ala Lys Ile Phe Gly Val Asn His Arg
180 185 190

Asn Leu His Asp Leu Ser Ile Asp Leu Asp Arg Ser Arg Arg Leu Ser
195 200 205

Lys Leu Ile Pro Ala Asp Ala Val Leu Val Ser Glu Ser Gly Val Arg
210 215 220

Asp Thr Glu Thr Val Arg Gln Leu Gly Gly His Ser Asn Ala Phe Leu
225 230 235 240

Val Gly Ser Gln Leu Thr Ser Gln Glu Asn Val Asp Leu Ala Ala Arg
245 250 255

Glu Leu Val Tyr Gly Pro Asn Lys Val Cys Gly Leu Thr Ser Pro Ser
260 265 270

Ala Ala Gln Thr Ala Arg Ala Ala Gly Ala Val Tyr Gly Gly Leu Ile
275 280 285

Phe Glu Glu Ala Ser Pro Arg Asn Val Ser Arg Glu Thr Leu Gln Lys
290 295 300

Ile Ile Ala Ala Glu Pro Asn Leu Arg Tyr Val Ala Val Ser Arg Arg
305 310 315 320

Thr Ser Gly Tyr Lys Asp Leu Leu Val Asp Gly Ile Phe Ala Val Gln
325 330 335

Ile His Ala Pro Leu Gln Asp Ser Val Glu Ala Glu Lys Ala Leu Ile
340 345 350

Ala Ala Val Arg Glu Glu Val Gly Pro Gln Val Gln Val Trp Arg Ala
355 360 365

Ile Ser Met Ser Ser Pro Leu Gly Ala Glu Val Ala Ala Ala Val Glu
370 375 380

Gly Asp Val Asp Lys Leu Ile Leu Asp Ala His Glu Gly Gly Ser Gly
385 390 395 400

Glu Val Phe Asp Trp Ala Thr Val Pro Ala Ala Val Lys Ala Lys Ser
405 410 415

Leu Leu Ala Gly Gly Ile Ser Pro Asp Asn Ala Ala Gln Ala Leu Ala
420 425 430

Val Gly Cys Ala Gly Leu Asp Ile Asn Ser Gly Val Glu Tyr Pro Ala
435 440 445

Gly Ala Gly Thr Trp Ala Gly Ala Lys Asp Ala Gly Ala Leu Leu Lys
450 455 460

Ile Leu Ala Thr Ile Ser Thr Phe His Tyr
465 470

<210> 433

<211> 494

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(471)

<223> RXA02814

<400> 433

gcc aaa aac cta gaa gaa cac tcc tac gtg gtc aac cac ctg cgc acc 48
Ala Lys Asn Leu Glu Glu His Ser Tyr Val Val Asn His Leu Arg Thr

1 5 10 15

atc ctg gaa cca ctg tgc tca caa ttc gac gcc cca aca gtt cct gaa 96
Ile Leu Glu Pro Leu Cys Ser Gln Phe Asp Ala Pro Thr Val Pro Glu

20 25 30

ctg acc aaa acc aac gaa atg tgg cac ctc gca aca ccc atc gtt ggc 144
Leu Thr Lys Thr Asn Glu Met Trp His Leu Ala Thr Pro Ile Val Gly

35 40 45

acc ctc aag tac cca cac atc acc gca cta gaa cta gcc ata cga aca 192
Thr Leu Lys Tyr Pro His Ile Thr Ala Leu Glu Leu Ala Ile Arg Thr

50 55 60

cac ccc acc ccc gcg atc tgt ggc acc ccc acc gac gcc gcc gaa gcc 240
His Pro Thr Pro Ala Ile Cys Gly Thr Pro Thr Asp Ala Ala Glu Ala

65 70 75 80

ctc atc atc gaa gcg gaa tcc ccc cga aac ttc tac gcc gga gca gcc 288
Leu Ile Ile Glu Ala Glu Ser Pro Arg Asn Phe Tyr Ala Gly Ala Ala

85 90 95

ggc tgg tgt gac tcc acc gga gac ggc gaa tac atg gta gcc atc cgc 336
Gly Trp Cys Asp Ser Thr Gly Asp Gly Glu Tyr Met Val Ala Ile Arg

100 105 110

tgc gcc gaa gta tcc gaa gac gga acc tgg gcc aga gca tgg gca ggc 384
Cys Ala Glu Val Ser Glu Asp Gly Thr Trp Ala Arg Ala Trp Ala Gly

115 120 125

gga ggc atc gtc gcc gaa tca gac gcc caa gaa gag ttt gat gaa acc 432

Gly Gly Ile Val Ala Glu Ser Asp Ala Gln Glu Glu Phe Asp Glu Thr

130

135

140

acc gcg aag ctc caa acc atc atg cgc tcg ctt ggt ttg tgagatgtgg 481
Thr Ala Lys Leu Gln Thr Ile Met Arg Ser Leu Gly Leu

145

150

155

tcttaaaaca ccg 494

<210> 434

<211> 157

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 434

Ala Lys Asn Leu Glu Glu His Ser Tyr Val Val Asn His Leu Arg Thr
1 5 10 15

Ile Leu Glu Pro Leu Cys Ser Gln Phe Asp Ala Pro Thr Val Pro Glu
20 25 30

Leu Thr Lys Thr Asn Glu Met Trp His Leu Ala Thr Pro Ile Val Gly
35 40 45

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

His Pro Thr Pro Ala Ile Cys Gly Thr Pro Thr Asp Ala Ala Glu Ala
65 70 75 80

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

Gly Trp Cys Asp Ser Thr Gly Asp Gly Glu Tyr Met Val Ala Ile Arg
100 105 110

Cys Ala Glu Val Ser Glu Asp Gly Thr Trp Ala Arg Ala Trp Ala Gly
115 120 125

Gly Gly Ile Val Ala Glu Ser Asp Ala Gln Glu Glu Phe Asp Glu Thr
130 135 140

Thr Ala Lys Leu Gln Thr Ile Met Arg Ser Leu Gly Leu
145 150 155

<210> 435
<211> 803
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(780)
<223> RXA00229

<400> 435
gag gcg aaa ggc ctc gcg cag gga cgt gcg acg gtg tac agg cgc atc 48
Glu Ala Lys Gly Leu Ala Gln Gly Arg Ala Thr Val Tyr Arg Arg Ile
1 5 10 15

gac acg ctt ggg tcg cgt gct tcc ggg caa gat tta aat acg ctt ctc 96
Asp Thr Leu Gly Ser Arg Ala Ser Gly Gln Asp Leu Asn Thr Leu Leu
20 25 30

gac gcc gcc ctc tac ctt ggc ttc agc ggc ctg aac atc act cac ccg 144
Asp Ala Ala Leu Tyr Leu Gly Phe Ser Gly Leu Asn Ile Thr His Pro
35 40 45

tac aag caa gca gta tta ccc ctg ctt ggc gaa gtc tcc gaa caa gcc 192
Tyr Lys Gln Ala Val Leu Pro Leu Leu Gly Glu Val Ser Glu Gln Ala
50 55 60

acc caa ctc ggc gca gtg aat act gtc gtt atg gac gcc acc ggc cac 240
Thr Gln Leu Gly Ala Val Asn Thr Val Val Met Asp Ala Thr Gly His
65 70 75 80

acc acc ggc cac aac acc gac gtc tcc gga ttt ggc cgc gga atg gaa 288
Thr Thr Gly His Asn Thr Asp Val Ser Gly Phe Gly Arg Gly Met Glu
85 90 95

gaa ggc ctc ccc aac gcc aag ctc gat tcc gtc gtg cag gtc ggc gcc 336
Glu Gly Leu Pro Asn Ala Lys Leu Asp Ser Val Val Gln Val Gly Ala

100	105	110	
ggc ggc gta gaa aac gca gtg gca tac gcc ctg gtc acc cac ggt gtg			384
Gly Gly Val Glu Asn Ala Val Ala Tyr Ala Leu Val Thr His Gly Val			
115	120	125	
cag aaa ctt cag gtc gct gac ctc gac act tcc cgc gcg cag gca ctg			432
Gln Lys Leu Gln Val Ala Asp Leu Asp Thr Ser Arg Ala Gln Ala Leu			
130	135	140	
gca gat gtc atc aac aac gca gtc ggc cgt gaa gcc gtc gtg gga gta			480
Ala Asp Val Ile Asn Asn Ala Val Gly Arg Glu Ala Val Val Gly Val			
145	150	155	160
gac gcc cgc ggc atc gaa gac gtc atc gcc gcc gcc gac gga gta gtc			528
Asp Ala Arg Gly Ile Glu Asp Val Ile Ala Ala Ala Asp Gly Val Val			
165	170	175	
aac gca acc ccc atg gga atg cca gca cac ccc ggc acc gcc ttt gat			576
Asn Ala Thr Pro Met Gly Met Pro Ala His Pro Gly Thr Ala Phe Asp			
180	185	190	
gtc agc tgc ctc acc aag gat cac tgg gtt ggc gac gtc gtg tac atg			624
Val Ser Cys Leu Thr Lys Asp His Trp Val Gly Asp Val Val Tyr Met			
195	200	205	
ccc atc gaa act gaa ctt ctc aaa gcc gcc cgt gcc ctc ggc tgc gaa			672
Pro Ile Glu Thr Glu Leu Leu Lys Ala Ala Arg Ala Leu Gly Cys Glu			
210	215	220	
acc ctc gac gga acc cgc atg gca atc cac caa gcc gtc gat gcc ttc			720
Thr Leu Asp Gly Thr Arg Met Ala Ile His Gln Ala Val Asp Ala Phe			
225	230	235	240
cga ctg ttc acc ggc ctc gaa ccc gac gtc tcc cgc atg cgg gaa act			768
Arg Leu Phe Thr Gly Leu Glu Pro Asp Val Ser Arg Met Arg Glu Thr			
245	250	255	
ttc ctg tcc ctc taaaagagtc agtaaacct cga			803
Phe Leu Ser Leu			

260

<210> 436

<211> 260

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 436

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

Asp Thr Leu Gly Ser Arg Ala Ser Gly Gln Asp Leu Asn Thr Leu Leu
20 25 30

Asp Ala Ala Leu Tyr Leu Gly Phe Ser Gly Leu Asn Ile Thr His Pro
35 40 45

Tyr Lys Gln Ala Val Leu Pro Leu Leu Gly Glu Val Ser Glu Gln Ala
50 55 60

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

Thr Thr Gly His Asn Thr Asp Val Ser Gly Phe Gly Arg Gly Met Glu
85 90 95

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

Gly Gly Val Glu Asn Ala Val Ala Tyr Ala Leu Val Thr His Gly Val
115 120 125

Gln Lys Leu Gln Val Ala Asp Leu Asp Thr Ser Arg Ala Gln Ala Leu
130 135 140

Ala Asp Val Ile Asn Asn Ala Val Gly Arg Glu Ala Val Val Gly Val
145 150 155 160

Asp Ala Arg Gly Ile Glu Asp Val Ile Ala Ala Ala Asp Gly Val Val
165 170 175

Asn Ala Thr Pro Met Gly Met Pro Ala His Pro Gly Thr Ala Phe Asp

180 185 190

Val Ser Cys Leu Thr Lys Asp His Trp Val Gly Asp Val Val Tyr Met
195 200 205

Pro Ile Glu Thr Glu Leu Leu Lys Ala Ala Arg Ala Leu Gly Cys Glu
210 215 220

Thr Leu Asp Gly Thr Arg Met Ala Ile His Gln Ala Val Asp Ala Phe
225 230 235 240

Arg Leu Phe Thr Gly Leu Glu Pro Asp Val Ser Arg Met Arg Glu Thr
245 250 255

Phe Leu Ser Leu
260

<210> 437
<211> 927
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(904)
<223> RXA02093

<400> 437
ggcaggaatt tcccgaaaac ttccaccaat aatcaagcca tatcccacac aatcaggcat 60

ttgctcttcc ttgctccgc atgagtataa aatcactgtc atg gtc aac tac gtc 115
Met Val Asn Tyr Val
1 5

gac agg gaa aca acc ctg tgc atc tct ctc gct gct cgt cca tcc aac 163
Asp Arg Glu Thr Thr Leu Cys Ile Ser Leu Ala Ala Arg Pro Ser Asn
10 15 20

cat ggt gtt cgt ttc cac aac tgg ctt tac gct gaa ctt gga ttg aac 211
His Gly Val Arg Phe His Asn Trp Leu Tyr Ala Glu Leu Gly Leu Asn
25 30 35

tac ctg tac aag gct gtt gcc cca gca gat atc acc gct gca gtc gca 259

Tyr Leu Tyr Lys Ala Val Ala Pro Ala Asp Ile Thr Ala Ala Val Ala
40 45 50

ggc atc cgt ggt ctg aac att cgc ggc gca ggt gtc tcc atg cca tac 307
Gly Ile Arg Gly Leu Asn Ile Arg Gly Ala Gly Val Ser Met Pro Tyr

55 60 65

aag agc gat gtc atc cca ctc atc gat gag ttg cat cct tcc gca gag 355
Lys Ser Asp Val Ile Pro Leu Ile Asp Glu Leu His Pro Ser Ala Glu

70 75 80 85

cgc ata cgt tct gtt aac acc atc gtc aac aat gac gga cac ctt gtc 403
Arg Ile Arg Ser Val Asn Thr Ile Val Asn Asn Asp Gly His Leu Val

90 95 100

gga tac aac acc gac tac act gcg gtg tac cac ctc ctt gaa gaa cac 451
Gly Tyr Asn Thr Asp Tyr Thr Ala Val Tyr His Leu Leu Glu Glu His

105 110 115

cgc gtg aac ccc aat gca cga gta gct atc aag gga tcc ggc ggc atg 499
Arg Val Asn Pro Asn Ala Arg Val Ala Ile Lys Gly Ser Gly Gly Met

120 125 130

gcc aat gct gtt gtt gca gct ctt gct gag tat ggt ctg agt ggc acc 547
Ala Asn Ala Val Val Ala Ala Leu Ala Glu Tyr Gly Leu Ser Gly Thr

135 140 145

gtc gtt gcc cgc aac cac acc acc ggt tct gcg cta gct tcc cgt tac 595
Val Val Ala Arg Asn His Thr Thr Gly Ser Ala Leu Ala Ser Arg Tyr

150 155 160 165

ggc tgg gaa tac tcc gca act gtt ccg gaa gac gca aaa att ttg gtt 643
Gly Trp Glu Tyr Ser Ala Thr Val Pro Glu Asp Ala Lys Ile Leu Val

170 175 180

aat gta acc cca atg gga atg aat gga cct gac caa gac gtt gta tct 691
Asn Val Thr Pro Met Gly Met Asn Gly Pro Asp Gln Asp Val Val Ser

185 190 195

ttt ggt gag gat gaa gta gac cga gcc gac gta atc ttt gac tgc gta 739

Phe Gly Glu Asp Glu Val Asp Arg Ala Asp Val Ile Phe Asp Cys Val

200 205 210

gca ttc ccc gtc gag acc cca ctg att aag ttg gcc aag gaa aag ggt 787
Ala Phe Pro Val Glu Thr Pro Leu Ile Lys Leu Ala Lys Glu Lys Gly

215 220 225

aag caa acc atc gac ggc gga gaa gtt gcc gct ctt cag gca gca gag 835
Lys Gln Thr Ile Asp Gly Gly Glu Val Ala Ala Leu Gln Ala Ala Glu

230 235 240 245

cag ttc cac ctc tac acc gga gtt ctt cca acc aac gac cag atc att 883
Gln Phe His Leu Tyr Thr Gly Val Leu Pro Thr Asn Asp Gln Ile Ile

250 255 260

gct gcg gag gag ttc tcc aag taaatttctc tcccctattt tta 927
Ala Ala Glu Glu Phe Ser Lys

265

<210> 438

<211> 268

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 438

Met Val Asn Tyr Val Asp Arg Glu Thr Thr Leu Cys Ile Ser Leu Ala
1 5 10 15

Ala Arg Pro Ser Asn His Gly Val Arg Phe His Asn Trp Leu Tyr Ala
20 25 30

Glu Leu Gly Leu Asn Tyr Leu Tyr Lys Ala Val Ala Pro Ala Asp Ile
35 40 45

Thr Ala Ala Val Ala Gly Ile Arg Gly Leu Asn Ile Arg Gly Ala Gly
50 55 60

Val Ser Met Pro Tyr Lys Ser Asp Val Ile Pro Leu Ile Asp Glu Leu
65 70 75 80

His Pro Ser Ala Glu Arg Ile Arg Ser Val Asn Thr Ile Val Asn Asn

85

90

95

Asp Gly His Leu Val Gly Tyr Asn Thr Asp Tyr Thr Ala Val Tyr His
100 105 110

Leu Leu Glu Glu His Arg Val Asn Pro Asn Ala Arg Val Ala Ile Lys
115 120 125

Gly Ser Gly Gly Met Ala Asn Ala Val Val Ala Ala Leu Ala Glu Tyr
130 135 140

Gly Leu Ser Gly Thr Val Val Ala Arg Asn His Thr Thr Gly Ser Ala
145 150 155 160

Leu Ala Ser Arg Tyr Gly Trp Glu Tyr Ser Ala Thr Val Pro Glu Asp
165 170 175

Ala Lys Ile Leu Val Asn Val Thr Pro Met Gly Met Asn Gly Pro Asp
180 185 190

Gln Asp Val Val Ser Phe Gly Glu Asp Glu Val Asp Arg Ala Asp Val
195 200 205

Ile Phe Asp Cys Val Ala Phe Pro Val Glu Thr Pro Leu Ile Lys Leu
210 215 220

Ala Lys Glu Lys Gly Lys Gln Thr Ile Asp Gly Gly Glu Val Ala Ala
225 230 235 240

Leu Gln Ala Ala Glu Gln Phe His Leu Tyr Thr Gly Val Leu Pro Thr
245 250 255

Asn Asp Gln Ile Ile Ala Ala Glu Glu Phe Ser Lys
260 265

<210> 439

<211> 951

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(928)

<223> RXA02791

<400> 439

accgtgttca acgacacctt cgaagagcac gaagccgaca ttgagcaagc ttgtaacagt 60

ggcgttctag acagcaaccg ataaggatca gcgaataaaa ttg ggt tct cac atc 115
Leu Gly Ser His Ile

1 5

act cac cgg gcg gcc gta ctc ggc tca ccc atc gag cat tcc aaa tcc 163
Thr His Arg Ala Ala Val Leu Gly Ser Pro Ile Glu His Ser Lys Ser

10 15 20

cca gtc ctc cac aac acc ggc tat aaa gcc ctc gga ctg gac caa tgg 211
Pro Val Leu His Asn Thr Gly Tyr Lys Ala Leu Gly Leu Asp Gln Trp

25 30 35

gaa tac gac cgc ttt gag tgc acc ggc gac atg ctc ccc ggc atc gtc 259
Glu Tyr Asp Arg Phe Glu Cys Thr Gly Asp Met Leu Pro Gly Ile Val

40 45 50

tcc ggc gct gat gaa acc tac tgc gga ttc tcc gtc acc atg ccg tct 307
Ser Gly Ala Asp Glu Thr Tyr Cys Gly Phe Ser Val Thr Met Pro Ser

55 60 65

aaa ttc gca gct ctt gaa ttc gcc gac gaa gta acc gaa cgc gcc tgc 355
Lys Phe Ala Ala Leu Glu Phe Ala Asp Glu Val Thr Glu Arg Ala Cys

70 75 80 85

gcc atc ggc tcc gca aac acc ttg ctg cgc acg gcc acc gga tgg cgc 403
Ala Ile Gly Ser Ala Asn Thr Leu Leu Arg Thr Ala Thr Gly Trp Arg

90 95 100

gcc gac aac acc gac gtc gac ggc atc agg gga gct ctc ggt gaa ctc 451
Ala Asp Asn Thr Asp Val Asp Gly Ile Arg Gly Ala Leu Gly Glu Leu

105 110 115

ctc ggc ggc gca tca ctg gcc ggc aaa cac gcc atc gtc atc ggc tcc 499
Leu Gly Gly Ala Ser Leu Ala Gly Lys His Ala Ile Val Ile Gly Ser

120	125	130	
ggc ggc acc gca cgc ccc gcc atc tgg gca ctc atc gaa gcc ggg gtc			547
Gly Gly Thr Ala Arg Pro Ala Ile Trp Ala Leu Ile Glu Ala Gly Val			
135	140	145	
gcc cgg atc acg gtg ctc aac cgc tcc gat cgc acc gcc gaa ctg caa			595
Ala Arg Ile Thr Val Leu Asn Arg Ser Asp Arg Thr Ala Glu Leu Gln			
150	155	160	165
acg ctt ttc gac gaa acc ccc acc acc ttg gcc tac gcc ccg ctc gag			643
Thr Leu Phe Asp Glu Thr Pro Thr Thr Leu Ala Tyr Ala Pro Leu Glu			
170	175	180	
cat ctc cac atc gaa gcc gac gtc gta gtc tct aca gtg ccc tcc gca			691
His Leu His Ile Glu Ala Asp Val Val Val Ser Thr Val Pro Ser Ala			
185	190	195	
gca atc gca ggc ctc gaa gac acc ctt gcg atc gcc cca gtc ctc gac			739
Ala Ile Ala Gly Leu Glu Asp Thr Leu Ala Ile Ala Pro Val Leu Asp			
200	205	210	
gtc atc tac gac ccc tgg cca aca cca ctc gta gaa gtc aca cga gcc			787
Val Ile Tyr Asp Pro Trp Pro Thr Pro Leu Val Glu Val Thr Arg Ala			
215	220	225	
aaa ggc ctc aaa gct gtc gga ggc cac gtc atg ctg gca cac cag tcc			835
Lys Gly Leu Lys Ala Val Gly Gly His Val Met Leu Ala His Gln Ser			
230	235	240	245
tac gga cag ttt gaa caa ttc acc gga atg gat gca ccc cgc gat gcc			883
Tyr Gly Gln Phe Glu Gln Phe Thr Gly Met Asp Ala Pro Arg Asp Ala			
250	255	260	
atg cgt gag gct ttg gaa gag tct tta ggc atc tca gaa gaa cac			928
Met Arg Glu Ala Leu Glu Glu Ser Leu Gly Ile Ser Glu Glu His			
265	270	275	
taagtcctccg ccacctctc aac			951

<210> 440
 <211> 276
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 440
 Leu Gly Ser His Ile Thr His Arg Ala Ala Val Leu Gly Ser Pro Ile
 1 5 10 15

Glu His Ser Lys Ser Pro Val Leu His Asn Thr Gly Tyr Lys Ala Leu
 20 25 30

Gly Leu Asp Gln Trp Glu Tyr Asp Arg Phe Glu Cys Thr Gly Asp Met
 35 40 45

Leu Pro Gly Ile Val Ser Gly Ala Asp Glu Thr Tyr Cys Gly Phe Ser
 50 55 60

Val Thr Met Pro Ser Lys Phe Ala Ala Leu Glu Phe Ala Asp Glu Val
 65 70 75 80

Thr Glu Arg Ala Cys Ala Ile Gly Ser Ala Asn Thr Leu Leu Arg Thr
 85 90 95

Ala Thr Gly Trp Arg Ala Asp Asn Thr Asp Val Asp Gly Ile Arg Gly
 100 105 110

Ala Leu Gly Glu Leu Leu Gly Gly Ala Ser Leu Ala Gly Lys His Ala
 115 120 125

Ile Val Ile Gly Ser Gly Gly Thr Ala Arg Pro Ala Ile Trp Ala Leu
 130 135 140

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

Thr Ala Glu Leu Gln Thr Leu Phe Asp Glu Thr Pro Thr Thr Leu Ala
 165 170 175

Tyr Ala Pro Leu Glu His Leu His Ile Glu Ala Asp Val Val Val Ser
 180 185 190

Thr Val Pro Ser Ala Ala Ile Ala Gly Leu Glu Asp Thr Leu Ala Ile

tcc acc att gga cgt cga tta gcg cgc gcc tta aac act gaa ctc gtc	259
Ser Thr Ile Gly Arg Arg Leu Ala Arg Ala Leu Asn Thr Glu Leu Val	
40 45 50	
gac tcc gac gaa ctg att gag cgc gcc acc gga aaa gcc tgt ggc gcc	307
Asp Ser Asp Glu Leu Ile Glu Arg Ala Thr Gly Lys Ala Cys Gly Ala	
55 60 65	
gtg ttc agc gag ctc ggc gag cca gcc ttc cgc gag ctc gag gcc atc	355
Val Phe Ser Glu Leu Gly Glu Pro Ala Phe Arg Glu Leu Glu Ala Ile	
70 75 80 85	
cac gtg gcc gaa gca ctg aaa tcc tcc gga gtg gtg agc ttg gga ggc	403
His Val Ala Glu Ala Leu Lys Ser Ser Gly Val Val Ser Leu Gly Gly	
90 95 100	
gga tct gtg ctg aca gaa tcc acc cgt gaa ctg ctc aaa ggc cag gac	451
Gly Ser Val Leu Thr Glu Ser Thr Arg Glu Leu Leu Lys Gly Gln Asp	
105 110 115	
gtg gtc tgg atc gac gtg cca gta gaa gaa ggc atc agg cgc acc gca	499
Val Val Trp Ile Asp Val Pro Val Glu Glu Gly Ile Arg Arg Thr Ala	
120 125 130	
aac gag cgt tcc cgc ccc gtg ctg caa gcc gcc gac ccc gcc gag cac	547
Asn Glu Arg Ser Arg Pro Val Leu Gln Ala Ala Asp Pro Ala Glu His	
135 140 145	
tac cgc aac ctg gtg aaa gtg cgc acc ccg ttg tac gaa gag gtg gca	595
Tyr Arg Asn Leu Val Lys Val Arg Thr Pro Leu Tyr Glu Glu Val Ala	
150 155 160 165	
acc tac cga ctt cgc acc aac aac cgc agc ccc cag caa gtg gtg gca	643
Thr Tyr Arg Leu Arg Thr Asn Asn Arg Ser Pro Gln Gln Val Val Ala	
170 175 180	
gca gtg ttg cat cat cta gaa atc gat taattaaacc gggcacctga	690
Ala Val Leu His His Leu Glu Ile Asp	
185 190	
tta	693

<210> 442

<211> 190

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 442

Met Glu Arg Asn Glu Val Asn Asp Gln Ile His Leu Asp His Gln Ser
1 5 10 15

Asp Asp Thr Ser Glu Cys Ser Cys Pro Ile Val Val Leu Val Gly Leu
20 25 30

Pro Gly Ala Gly Lys Ser Thr Ile Gly Arg Arg Leu Ala Arg Ala Leu
35 40 45

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

Lys Ala Cys Gly Ala Val Phe Ser Glu Leu Gly Glu Pro Ala Phe Arg
65 70 75 80

Glu Leu Glu Ala Ile His Val Ala Glu Ala Leu Lys Ser Ser Gly Val
85 90 95

Val Ser Leu Gly Gly Gly Ser Val Leu Thr Glu Ser Thr Arg Glu Leu
100 105 110

Leu Lys Gly Gln Asp Val Val Trp Ile Asp Val Pro Val Glu Glu Gly
115 120 125

Ile Arg Arg Thr Ala Asn Glu Arg Ser Arg Pro Val Leu Gln Ala Ala
130 135 140

Asp Pro Ala Glu His Tyr Arg Asn Leu Val Lys Val Arg Thr Pro Leu
145 150 155 160

Tyr Glu Glu Val Ala Thr Tyr Arg Leu Arg Thr Asn Asn Arg Ser Pro
165 170 175

Gln Gln Val Val Ala Ala Val Leu His His Leu Glu Ile Asp

180	185	190	
<210> 443			
<211> 959			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (97)..(936)			
<223> RXA00952			
<400> 443			
catcctcgtc tccctatccg gccgtggcga caaggacgtt gaccacgtgc gccgcaccct 60			
cgaagaaaat ccagaactga tcctgaagga caaccg atg agc cgt tac gac gat	114		
Met Ser Arg Tyr Asp Asp			
1	5		
ctt ttt gca cgc ctc gac acg gca ggg gag ggc gcc ttt gtt ccc ttc	162		
Leu Phe Ala Arg Leu Asp Thr Ala Gly Glu Gly Ala Phe Val Pro Phe			
10	15	20	
atc atg ctg agc gac cct tca cca gag gag gct ttc cag atc atc tcc	210		
Ile Met Leu Ser Asp Pro Ser Pro Glu Glu Ala Phe Gln Ile Ile Ser			
25	30	35	
aca gca atc gaa gct ggc gca gat gca ctg gaa ctt ggc gta cct ttc	258		
Thr Ala Ile Glu Ala Gly Ala Asp Ala Leu Glu Leu Gly Val Pro Phe			
40	45	50	
tcc gac cca gtt gcc gat ggc ccc acc gtc gcg gaa tcc cac ctc cgc	306		
Ser Asp Pro Val Ala Asp Gly Pro Thr Val Ala Glu Ser His Leu Arg			
55	60	65	70
gca ctc gac ggc ggc gcc acc gta gac agc gca ctc gag cag atc aag	354		
Ala Leu Asp Gly Gly Ala Thr Val Asp Ser Ala Leu Glu Gln Ile Lys			
75	80	85	
cgc gtg cgc gca gcc tac cca gag gtt ccc atc gga atg ctc atc tac	402		
Arg Val Arg Ala Ala Tyr Pro Glu Val Pro Ile Gly Met Leu Ile Tyr			

90	95	100	
ggc aac gtt cct ttc acc cgt ggc ttg gat cgc ttc tac caa gag ttc			450
Gly Asn Val Pro Phe Thr Arg Gly Leu Asp Arg Phe Tyr Gln Glu Phe			
105	110	115	
gct gaa gct ggc gca gac tcc atc ctc ctg cca gac gtc cca gtc cga			498
Ala Glu Ala Gly Ala Asp Ser Ile Leu Leu Pro Asp Val Pro Val Arg			
120	125	130	
gaa ggc gca ccg ttt tct gca gca gct gca gca gcc gga att gat ccc			546
Glu Gly Ala Pro Phe Ser Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ile Asp Pro			
135	140	145	150
att tac atc gct ccg gcc aac gcc agc gag aaa acc ctc gag ggt gtc			594
Ile Tyr Ile Ala Pro Ala Asn Ala Ser Glu Lys Thr Leu Glu Gly Val			
155	160	165	
tcc gcc gca tca aag ggc tac atc tac gcc atc tcc cgc gac ggc gtc			642
Ser Ala Ala Ser Lys Gly Tyr Ile Tyr Ala Ile Ser Arg Asp Gly Val			
170	175	180	
acc ggc acc gaa cgt gaa tca tcc acc gac ggc ctg tcc gca gtg gtg			690
Thr Gly Thr Glu Arg Glu Ser Ser Thr Asp Gly Leu Ser Ala Val Val			
185	190	195	
gac aac atc aag aaa ttt gat ggc gca ccc atc ctc ttg ggc ttc ggc			738
Asp Asn Ile Lys Lys Phe Asp Gly Ala Pro Ile Leu Leu Gly Phe Gly			
200	205	210	
atc tca tcc cct cag cac gtg gca gac gcg att gca gcg ggt gct tcc			786
Ile Ser Ser Pro Gln His Val Ala Asp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Ser			
215	220	225	230
ggt gcg atc acg ggt tcc gcg atc acc aag atc att gct tcc cac tgc			834
Gly Ala Ile Thr Gly Ser Ala Ile Thr Lys Ile Ile Ala Ser His Cys			
235	240	245	
gaa ggt gag cac ccg aac ccg tcc acc att cga gat atg gac ggt ttg			882
Glu Gly Glu His Pro Asn Pro Ser Thr Ile Arg Asp Met Asp Gly Leu			

250 255 260
aag aag gat ctc act gag ttc atc tct gcg atg aag gca gcg acc aag 930
Lys Lys Asp Leu Thr Glu Phe Ile Ser Ala Met Lys Ala Ala Thr Lys

265 270 275
aag gtt taggccttta aatgtggcaa tgt 959
Lys Val

280

<210> 444
<211> 280
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 444
Met Ser Arg Tyr Asp Asp Leu Phe Ala Arg Leu Asp Thr Ala Gly Glu
1 5 10 15

Gly Ala Phe Val Pro Phe Ile Met Leu Ser Asp Pro Ser Pro Glu Glu
20 25 30

Ala Phe Gln Ile Ile Ser Thr Ala Ile Glu Ala Gly Ala Asp Ala Leu
35 40 45

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

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

Ala Leu Glu Gln Ile Lys Arg Val Arg Ala Ala Tyr Pro Glu Val Pro
85 90 95

Ile Gly Met Leu Ile Tyr Gly Asn Val Pro Phe Thr Arg Gly Leu Asp
100 105 110

Arg Phe Tyr Gln Glu Phe Ala Glu Ala Gly Ala Asp Ser Ile Leu Leu
115 120 125

Pro Asp Val Pro Val Arg Glu Gly Ala Pro Phe Ser Ala Ala Ala Ala
130 135 140

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

Lys Thr Leu Glu Gly Val Ser Ala Ala Ser Lys Gly Tyr Ile Tyr Ala
165 170 175

Ile Ser Arg Asp Gly Val Thr Gly Thr Glu Arg Glu Ser Ser Thr Asp
180 185 190

Gly Leu Ser Ala Val Val Asp Asn Ile Lys Lys Phe Asp Gly Ala Pro
195 200 205

Ile Leu Leu Gly Phe Gly Ile Ser Ser Pro Gln His Val Ala Asp Ala
210 215 220

Ile Ala Ala Gly Ala Ser Gly Ala Ile Thr Gly Ser Ala Ile Thr Lys
225 230 235 240

Ile Ile Ala Ser His Cys Glu Gly Glu His Pro Asn Pro Ser Thr Ile
245 250 255

Arg Asp Met Asp Gly Leu Lys Lys Asp Leu Thr Glu Phe Ile Ser Ala
260 265 270

Met Lys Ala Ala Thr Lys Lys Val
275 280

<210> 445
<211> 1237
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1237)
<223> RXN00956

<400> 445
gccggtgcag gcacgtgggc tggggcgaaa gacgccggcg cgctgctgaa aattttagcg 60

accatctcca cattccatta ctaaaggttt aaataggatc atg act gaa aaa gaa 115

Met Thr Glu Lys Glu																			
15																			
aac ttg ggc ggc tcc acg ctg ctg cct gca tac ttc ggt gaa ttc ggc	163																		
Asn Leu Gly Gly Ser Thr Leu Leu Pro Ala Tyr Phe Gly Glu Phe Gly																			
10					15					20									
ggc cag ttc gtc gcg gaa tcc ctc ctg cct gct ctc gac cag ctg gag	211																		
Gly Gln Phe Val Ala Glu Ser Leu Leu Pro Ala Leu Asp Gln Leu Glu																			
25					30					35									
aag gcc ttc gtt gac gcg acc aac agc cca gag ttc cgc gaa gaa ctc	259																		
Lys Ala Phe Val Asp Ala Thr Asn Ser Pro Glu Phe Arg Glu Glu Leu																			
40					45					50									
ggc ggc tac ctc cgc gat tac ctc ggc cgc cca acc ccg ctg acc gaa	307																		
Gly Gly Tyr Leu Arg Asp Tyr Leu Gly Arg Pro Thr Pro Leu Thr Glu																			
55					60					65									
tgc tcc aac ctg cca ctc gca ggc gaa ggc aaa ggc ttt gcg cgg atc	355																		
Cys Ser Asn Leu Pro Leu Ala Gly Glu Gly Lys Gly Phe Ala Arg Ile																			
70					75					80					85				
ttc ctc aag cgc gaa gac ctc gtc cac ggc ggt gca cac aaa act aac	403																		
Phe Leu Lys Arg Glu Asp Leu Val His Gly Gly Ala His Lys Thr Asn																			
90					95					100									
cag gtg atc ggc cag gtg ctg ctt gcc aag cgc atg ggc aaa acc cgc	451																		
Gln Val Ile Gly Gln Val Leu Leu Ala Lys Arg Met Gly Lys Thr Arg																			
105					110					115									
atc atc gca gag acc ggc gca ggc cag cac ggc acc gcc acc gct ctc	499																		
Ile Ile Ala Glu Thr Gly Ala Gly Gln His Gly Thr Ala Thr Ala Leu																			
120					125					130									
gca tgt gcg ctc atg ggc ctc gag tgc gtt gtc tac atg ggc gcc aag	547																		
Ala Cys Ala Leu Met Gly Leu Glu Cys Val Val Tyr Met Gly Ala Lys																			
135					140					145									
gac gtt gcc cgc cag cag ccc aac gtc tac cgc atg cag ctg cac ggc	595																		

Asp	Val	Ala	Arg	Gln	Gln	Pro	Asn	Val	Tyr	Arg	Met	Gln	Leu	His	Gly	
150				155				160				165				
gcg	aag	gtc	atc	ccc	gtg	gaa	tct	ggg	tcc	ggc	acc	ctg	aag	gac	gcc	643
Ala	Lys	Val	Ile	Pro	Val	Glu	Ser	Gly	Ser	Gly	Thr	Leu	Lys	Asp	Ala	
170				175				180								
gtg	aat	gaa	gcg	ctg	cgc	gat	tgg	acc	gca	acc	ttc	cac	gag	tcc	cac	691
Val	Asn	Glu	Ala	Leu	Arg	Asp	Trp	Thr	Ala	Thr	Phe	His	Glu	Ser	His	
185				190				195								
tac	ctt	ctc	ggc	acc	ccc	gcc	ggc	ccg	cac	cca	ttc	cca	acc	atc	gtg	739
Tyr	Leu	Leu	Gly	Thr	Pro	Ala	Gly	Pro	His	Pro	Phe	Pro	Thr	Ile	Val	
200				205				210								
cgt	gaa	ttc	cac	aag	gtg	atc	tct	gag	gaa	gcc	aag	gca	cag	atg	cta	787
Arg	Glu	Phe	His	Lys	Val	Ile	Ser	Glu	Glu	Ala	Lys	Ala	Gln	Met	Leu	
215				220				225								
gag	cgc	acc	ggc	aag	ctt	ccc	gac	gtt	gtg	gtc	gcc	tgt	gtc	ggg	ggg	835
Glu	Arg	Thr	Gly	Lys	Leu	Pro	Asp	Val	Val	Val	Ala	Cys	Val	Gly	Gly	
230				235				240				245				
ggc	tcc	aac	gcc	atc	ggc	atg	ttc	gca	gac	ttc	att	gac	gat	gaa	ggg	883
Gly	Ser	Asn	Ala	Ile	Gly	Met	Phe	Ala	Asp	Phe	Ile	Asp	Asp	Glu	Gly	
250				255				260								
gta	gag	ctc	gtc	ggc	gct	gag	cca	gcc	ggg	gaa	ggc	ctc	gac	tcc	ggc	931
Val	Glu	Leu	Val	Gly	Ala	Glu	Pro	Ala	Gly	Glu	Gly	Leu	Asp	Ser	Gly	
265				270				275								
aag	cac	ggc	gca	acc	atc	acc	aac	ggg	cag	atc	ggc	atc	ctg	cac	ggc	979
Lys	His	Gly	Ala	Thr	Ile	Thr	Asn	Gly	Gln	Ile	Gly	Ile	Leu	His	Gly	
280				285				290								
acc	cgt	tcc	tac	ctg	atg	cgc	aac	tcc	gac	ggc	caa	gtg	gaa	gag	tcc	1027
Thr	Arg	Ser	Tyr	Leu	Met	Arg	Asn	Ser	Asp	Gly	Gln	Val	Glu	Glu	Ser	
295				300				305								
tac	tcc	atc	tcc	gcc	gga	ctt	gat	tac	cca	ggc	gtc	ggc	cca	cag	cac	1075

Tyr Ser Ile Ser Ala Gly Leu Asp Tyr Pro Gly Val Gly Pro Gln His
 310 315 320 325
 gca cac ctg cac gcc acc ggc cgc gcc acc tac gtt ggt atc acc gac 1123
 Ala His Leu His Ala Thr Gly Arg Ala Thr Tyr Val Gly Ile Thr Asp
 330 335 340
 gcc gaa gcc ctc caa gca ttc cag tac ctc gcc cgc tac gaa ggc atc 1171
 Ala Glu Ala Leu Gln Ala Phe Gln Tyr Leu Ala Arg Tyr Glu Gly Ile
 345 350 355
 atc ccc gca ctg gaa tcc tca cac gcg ttc gcc tac gca ctc aag cgc 1219
 Ile Pro Ala Leu Glu Ser Ser His Ala Phe Ala Tyr Ala Leu Lys Arg
 360 365 370
 gcc aag acc gcc gaa gta 1237
 Ala Lys Thr Ala Glu Val
 375
 <210> 446
 <211> 379
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 446
 Met Thr Glu Lys Glu Asn Leu Gly Gly Ser Thr Leu Leu Pro Ala Tyr
 1 5 10 15
 Phe Gly Glu Phe Gly Gly Gln Phe Val Ala Glu Ser Leu Leu Pro Ala
 20 25 30
 Leu Asp Gln Leu Glu Lys Ala Phe Val Asp Ala Thr Asn Ser Pro Glu
 35 40 45
 Phe Arg Glu Glu Leu Gly Gly Tyr Leu Arg Asp Tyr Leu Gly Arg Pro
 50 55 60
 Thr Pro Leu Thr Glu Cys Ser Asn Leu Pro Leu Ala Gly Glu Gly Lys
 65 70 75 80
 Gly Phe Ala Arg Ile Phe Leu Lys Arg Glu Asp Leu Val His Gly Gly

85

90

95

Ala His Lys Thr Asn Gln Val Ile Gly Gln Val Leu Leu Ala Lys Arg
100 105 110

Met Gly Lys Thr Arg Ile Ile Ala Glu Thr Gly Ala Gly Gln His Gly
115 120 125

Thr Ala Thr Ala Leu Ala Cys Ala Leu Met Gly Leu Glu Cys Val Val
130 135 140

Tyr Met Gly Ala Lys Asp Val Ala Arg Gln Gln Pro Asn Val Tyr Arg
145 150 155 160

Met Gln Leu His Gly Ala Lys Val Ile Pro Val Glu Ser Gly Ser Gly
165 170 175

Thr Leu Lys Asp Ala Val Asn Glu Ala Leu Arg Asp Trp Thr Ala Thr
180 185 190

Phe His Glu Ser His Tyr Leu Leu Gly Thr Pro Ala Gly Pro His Pro
195 200 205

Phe Pro Thr Ile Val Arg Glu Phe His Lys Val Ile Ser Glu Glu Ala
210 215 220

Lys Ala Gln Met Leu Glu Arg Thr Gly Lys Leu Pro Asp Val Val Val
225 230 235 240

Ala Cys Val Gly Gly Gly Ser Asn Ala Ile Gly Met Phe Ala Asp Phe
245 250 255

Ile Asp Asp Glu Gly Val Glu Leu Val Gly Ala Glu Pro Ala Gly Glu
260 265 270

Gly Leu Asp Ser Gly Lys His Gly Ala Thr Ile Thr Asn Gly Gln Ile
275 280 285

Gly Ile Leu His Gly Thr Arg Ser Tyr Leu Met Arg Asn Ser Asp Gly
290 295 300

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

Val Gly Pro Gln His Ala His Leu His Ala Thr Gly Arg Ala Thr Tyr
325 330 335

Val Gly Ile Thr Asp Ala Glu Ala Leu Gln Ala Phe Gln Tyr Leu Ala
340 345 350

Arg Tyr Glu Gly Ile Ile Pro Ala Leu Glu Ser Ser His Ala Phe Ala
355 360 365

Tyr Ala Leu Lys Arg Ala Lys Thr Ala Glu Val
370 375

<210> 447

<211> 1231

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1231)

<223> FRXA00956

<400> 447

gccggtgcag gcacgtgggc tggggcgaaa gacgccggcg cgctgctgaa aattttagcg 60

accatctcca cattccatta ctaaaggttt aaataggatc atg act gaa aaa gaa 115
Met Thr Glu Lys Glu

1 5

aac ttg ggc ggc tcc acg ctg ctg cct gca tac ttc ggt gaa ttc ggc 163
Asn Leu Gly Gly Ser Thr Leu Leu Pro Ala Tyr Phe Gly Glu Phe Gly

10 15 20

ggc cag ttc gtc gcg gaa tcc ctc ctg cct gct ctc gac cag ctg gag 211
Gly Gln Phe Val Ala Glu Ser Leu Leu Pro Ala Leu Asp Gln Leu Glu

25 30 35

aag gcc ttc gtt gac gcg acc aac agc cca gag ttc cgc gaa gaa ctc 259
Lys Ala Phe Val Asp Ala Thr Asn Ser Pro Glu Phe Arg Glu Glu Leu

40	45	50	
ggc ggc tac ctc cgc gat tac ctc ggc cgc cca acc ccg ctg acc gaa			307
Gly Gly Tyr Leu Arg Asp Tyr Leu Gly Arg Pro Thr Pro Leu Thr Glu			
55	60	65	
tgc tcc aac ctg cca ctc gca ggc gaa ggc aaa ggc ttt gcg cgg atc			355
Cys Ser Asn Leu Pro Leu Ala Gly Glu Gly Lys Gly Phe Ala Arg Ile			
70	75	80	85
ttc ctc aag cgc gaa gac ctc gtc cac ggc ggt gca cac aaa act aac			403
Phe Leu Lys Arg Glu Asp Leu Val His Gly Gly Ala His Lys Thr Asn			
90	95	100	
cag gtg atc ggc cag gtg ctg ctt gcc aag cgc atg ggc aaa acc cgc			451
Gln Val Ile Gly Gln Val Leu Leu Ala Lys Arg Met Gly Lys Thr Arg			
105	110	115	
atc atc gca gag acc ggc gca ggc cag cac ggc acc gcc acc gct ctc			499
Ile Ile Ala Glu Thr Gly Ala Gly Gln His Gly Thr Ala Thr Ala Leu			
120	125	130	
gca tgt gcg ctc atg ggc ctc gag tgc gtt gtc tac atg ggc gcc aag			547
Ala Cys Ala Leu Met Gly Leu Glu Cys Val Val Tyr Met Gly Ala Lys			
135	140	145	
gac gtt gcc cgc cag cag ccc aac gtc tac cgc atg cag ctg cac ggc			595
Asp Val Ala Arg Gln Gln Pro Asn Val Tyr Arg Met Gln Leu His Gly			
150	155	160	165
gcg aag gtc atc ccc gtg gaa tct ggt tcc ggc acc ctg aag gac gcc			643
Ala Lys Val Ile Pro Val Glu Ser Gly Ser Gly Thr Leu Lys Asp Ala			
170	175	180	
gtg aat gaa gcg ctg cgc gat tgg acc gca acc ttc cac gag tcc cac			691
Val Asn Glu Ala Leu Arg Asp Trp Thr Ala Thr Phe His Glu Ser His			
185	190	195	
tac ctt ctc ggc acc ccc gcc ggc ccg cac cca ttc cca acc atc gtg			739
Tyr Leu Leu Gly Thr Pro Ala Gly Pro His Pro Phe Pro Thr Ile Val			

200	205	210	
cgt gaa ttc cac aag gtg atc tct gag gaa gcc aag gca cag atg cta			787
Arg Glu Phe His Lys Val Ile Ser Glu Glu Ala Lys Ala Gln Met Leu			
215	220	225	
gag cgc acc ggc aag ctt ccc gac gtt gtg gtc gcc tgt gtc ggt ggt			835
Glu Arg Thr Gly Lys Leu Pro Asp Val Val Val Ala Cys Val Gly Gly			
230	235	240	245
ggc tcc aac gcc atc ggc atg ttc gca gac ttc att gac gat gaa ggt			883
Gly Ser Asn Ala Ile Gly Met Phe Ala Asp Phe Ile Asp Asp Glu Gly			
	250	255	260
gta gag ctc gtc ggc gct gag cca gcc ggt gaa ggc ctc gac tcc ggc			931
Val Glu Leu Val Gly Ala Glu Pro Ala Gly Glu Gly Leu Asp Ser Gly			
	265	270	275
aag cac ggc gca acc atc acc aac ggt cag atc ggc atc ctg cac ggc			979
Lys His Gly Ala Thr Ile Thr Asn Gly Gln Ile Gly Ile Leu His Gly			
	280	285	290
acc cgt tcc tac ctg atg cgc aac tcc gac ggc caa gtg gaa gag tcc			1027
Thr Arg Ser Tyr Leu Met Arg Asn Ser Asp Gly Gln Val Glu Glu Ser			
	295	300	305
tac tcc atc tcc gcc gga ctt gat tac cca ggc gtc ggc cca cag cac			1075
Tyr Ser Ile Ser Ala Gly Leu Asp Tyr Pro Gly Val Gly Pro Gln His			
310	315	320	325
gca cac ctg cac gcc acc ggc cgc gcc acc tac gtt ggt atc acc gac			1123
Ala His Leu His Ala Thr Gly Arg Ala Thr Tyr Val Gly Ile Thr Asp			
	330	335	340
gcc gaa gcc ctc caa gca ttc cag tac ctc gcc cgc tac gaa ggc atc			1171
Ala Glu Ala Leu Gln Ala Phe Gln Tyr Leu Ala Arg Tyr Glu Gly Ile			
	345	350	355
atc ccc gca ctg gaa tcc tca cac gcg ttc gcc tac gca ctc aag cgc			1219
Ile Pro Ala Leu Glu Ser Ser His Ala Phe Ala Tyr Ala Leu Lys Arg			

[illegible]

Met Gln Leu His Gly Ala Lys Val Ile Pro Val Glu Ser Gly Ser Gly
165 170 175

Thr Leu Lys Asp Ala Val Asn Glu Ala Leu Arg Asp Trp Thr Ala Thr
180 185 190

Phe His Glu Ser His Tyr Leu Leu Gly Thr Pro Ala Gly Pro His Pro
195 200 205

Phe Pro Thr Ile Val Arg Glu Phe His Lys Val Ile Ser Glu Glu Ala
210 215 220

Lys Ala Gln Met Leu Glu Arg Thr Gly Lys Leu Pro Asp Val Val Val
225 230 235 240

Ala Cys Val Gly Gly Gly Ser Asn Ala Ile Gly Met Phe Ala Asp Phe
245 250 255

Ile Asp Asp Glu Gly Val Glu Leu Val Gly Ala Glu Pro Ala Gly Glu
260 265 270

Gly Leu Asp Ser Gly Lys His Gly Ala Thr Ile Thr Asn Gly Gln Ile
275 280 285

Gly Ile Leu His Gly Thr Arg Ser Tyr Leu Met Arg Asn Ser Asp Gly
290 295 300

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

Val Gly Pro Gln His Ala His Leu His Ala Thr Gly Arg Ala Thr Tyr
325 330 335

Val Gly Ile Thr Asp Ala Glu Ala Leu Gln Ala Phe Gln Tyr Leu Ala
340 345 350

Arg Tyr Glu Gly Ile Ile Pro Ala Leu Glu Ser Ser His Ala Phe Ala
355 360 365

Tyr Ala Leu Lys Arg Ala Lys Thr Ala

370

375

<210> 449
<211> 1401
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1378)
<223> RXA00064

<400> 449
tcccctaaaa cgtctagagt agtggcttga ggtcactgct ctttttttgt gccctttttt 60

ggtccgtcta tttgccacc acatgcggag gtacgcagtt atg agt tca gtt tcg 115
Met Ser Ser Val Ser

1 5

ctg cag gat ttt gat gca gag cga att ggt ttg ttc cac gag gac att 163
Leu Gln Asp Phe Asp Ala Glu Arg Ile Gly Leu Phe His Glu Asp Ile

10 15 20

aag cgc aag ttt gat gag ctc aag tca aaa aat ctg aag ctg gat ctt 211
Lys Arg Lys Phe Asp Glu Leu Lys Ser Lys Asn Leu Lys Leu Asp Leu

25 30 35

act cgc ggt aag cct tcg tcg gag cag ttg gat ttc gct gat gag ttg 259
Thr Arg Gly Lys Pro Ser Ser Glu Gln Leu Asp Phe Ala Asp Glu Leu

40 45 50

ttg gcg ttg cct ggt aag ggt gat ttc aag gct gcg gat ggt act gat 307
Leu Ala Leu Pro Gly Lys Gly Asp Phe Lys Ala Ala Asp Gly Thr Asp

55 60 65

gtc cgt aac tat ggc ggg ctg gat ggc atc gtt gat att cgc cag att 355
Val Arg Asn Tyr Gly Gly Leu Asp Gly Ile Val Asp Ile Arg Gln Ile

70 75 80 85

tgg gcg gat ttg ctg ggt gtt cct gtg gag cag gtc ttg gcg ggg gat 403
Trp Ala Asp Leu Leu Gly Val Pro Val Glu Gln Val Leu Ala Gly Asp

90	95	100	
gct tcg agc ttg aac atc atg ttt gat gtg atc agc tgg tcg tac att			451
Ala Ser Ser Leu Asn Ile Met Phe Asp Val Ile Ser Trp Ser Tyr Ile			
105	110	115	
ttc ggt aac aat gat tcg gtt cag cct tgg tcg aag gaa gaa acc gtt			499
Phe Gly Asn Asn Asp Ser Val Gln Pro Trp Ser Lys Glu Glu Thr Val			
120	125	130	
aag tgg att tgc cct gtt ccg ggc tat gat cgc cat ttc tcc atc acg			547
Lys Trp Ile Cys Pro Val Pro Gly Tyr Asp Arg His Phe Ser Ile Thr			
135	140	145	
gag cgt ttc ggc ttt gag atg att tct gtg cca atg aat gaa gac ggc			595
Glu Arg Phe Gly Phe Glu Met Ile Ser Val Pro Met Asn Glu Asp Gly			
150	155	160	165
cct gat atg gat gct gtt gag gaa ttg gtg aag aat ccg cag gtt aag			643
Pro Asp Met Asp Ala Val Glu Glu Leu Val Lys Asn Pro Gln Val Lys			
170	175	180	
ggc atg tgg gtt gtt ccg gtg ttt tct aac ccg act ggt ttc acg gtg			691
Gly Met Trp Val Val Pro Val Phe Ser Asn Pro Thr Gly Phe Thr Val			
185	190	195	
aca gaa gac gtc gca aag cgt cta agc gca atg gaa acc gca gct ccg			739
Thr Glu Asp Val Ala Lys Arg Leu Ser Ala Met Glu Thr Ala Ala Pro			
200	205	210	
gac ttc cgc gtt gtg tgg gat aat gcc tac gcc gtt cat acg ctg acc			787
Asp Phe Arg Val Val Trp Asp Asn Ala Tyr Ala Val His Thr Leu Thr			
215	220	225	
gat gaa ttc cct gag gtt atc gat atc gtc ggg ctt ggt gag gcc gct			835
Asp Glu Phe Pro Glu Val Ile Asp Ile Val Gly Leu Gly Glu Ala Ala			
230	235	240	245
ggc aac ccg aac cgt ttc tgg gcg ttc act tct act tcg aag atc act			883
Gly Asn Pro Asn Arg Phe Trp Ala Phe Thr Ser Thr Ser Lys Ile Thr			

250	255	260	
ctc gcg ggt gcg ggc gtg tgc ttc ttc ctc acc tct gcg gag aac cgc			931
Leu Ala Gly Ala Gly Val Ser Phe Phe Leu Thr Ser Ala Glu Asn Arg			
265	270	275	
aag tgg tac acc ggc cat gcg ggt atc cgt ggc att ggc cct aac aag			979
Lys Trp Tyr Thr Gly His Ala Gly Ile Arg Gly Ile Gly Pro Asn Lys			
280	285	290	
gtc aat cag ttg gct cat gcg cgt tac ttt ggc gat gct gag gga gtg			1027
Val Asn Gln Leu Ala His Ala Arg Tyr Phe Gly Asp Ala Glu Gly Val			
295	300	305	
cgc gcg gtg atg cgt aag cat gct gcg tgc ttg gct ccg aag ttc aac			1075
Arg Ala Val Met Arg Lys His Ala Ala Ser Leu Ala Pro Lys Phe Asn			
310	315	320	325
aag gtt ctg gag att ctg gat tct cgc ctt gct gag tac ggt gtc gcg			1123
Lys Val Leu Glu Ile Leu Asp Ser Arg Leu Ala Glu Tyr Gly Val Ala			
330	335	340	
cag tgg act gtc cct gcg ggc ggt tac ttc att tcc ctt gat gtg gtt			1171
Gln Trp Thr Val Pro Ala Gly Gly Tyr Phe Ile Ser Leu Asp Val Val			
345	350	355	
cct ggt acg gcg tct cgc gtg gct gag ttg gct aag gaa gcc ggc atc			1219
Pro Gly Thr Ala Ser Arg Val Ala Glu Leu Ala Lys Glu Ala Gly Ile			
360	365	370	
gcg ttg acg ggt gcg ggt tct tct tac ccg ctg cgt cag gat ccg gag			1267
Ala Leu Thr Gly Ala Gly Ser Ser Tyr Pro Leu Arg Gln Asp Pro Glu			
375	380	385	
aac aaa aat ctc cgt ttg gca ccg tgc ctg cct cca gtt gag gaa ctt			1315
Asn Lys Asn Leu Arg Leu Ala Pro Ser Leu Pro Pro Val Glu Glu Leu			
390	395	400	405
gag gtt gcc atg gat ggc gtg gct acc tgt gtg ctg ttg gca gca gcg			1363
Glu Val Ala Met Asp Gly Val Ala Thr Cys Val Leu Leu Ala Ala Ala			

410

415

420

gag cat tac gct aac taaaagtgaac tacagcggag aca
Glu His Tyr Ala Asn

1401

425

<210> 450

<211> 426

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 450

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

Phe His Glu Asp Ile Lys Arg Lys Phe Asp Glu Leu Lys Ser Lys Asn
20 25 30

Leu Lys Leu Asp Leu Thr Arg Gly Lys Pro Ser Ser Glu Gln Leu Asp
35 40 45

Phe Ala Asp Glu Leu Leu Ala Leu Pro Gly Lys Gly Asp Phe Lys Ala
50 55 60

Ala Asp Gly Thr Asp Val Arg Asn Tyr Gly Gly Leu Asp Gly Ile Val
65 70 75 80

Asp Ile Arg Gln Ile Trp Ala Asp Leu Leu Gly Val Pro Val Glu Gln
85 90 95

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

Ser Trp Ser Tyr Ile Phe Gly Asn Asn Asp Ser Val Gln Pro Trp Ser
115 120 125

Lys Glu Glu Thr Val Lys Trp Ile Cys Pro Val Pro Gly Tyr Asp Arg
130 135 140

His Phe Ser Ile Thr Glu Arg Phe Gly Phe Glu Met Ile Ser Val Pro
145 150 155 160

Met Asn Glu Asp Gly Pro Asp Met Asp Ala Val Glu Glu Leu Val Lys
165 170 175

Asn Pro Gln Val Lys Gly Met Trp Val Val Pro Val Phe Ser Asn Pro
180 185 190

Thr Gly Phe Thr Val Thr Glu Asp Val Ala Lys Arg Leu Ser Ala Met
195 200 205

Glu Thr Ala Ala Pro Asp Phe Arg Val Val Trp Asp Asn Ala Tyr Ala
210 215 220

Val His Thr Leu Thr Asp Glu Phe Pro Glu Val Ile Asp Ile Val Gly
225 230 235 240

Leu Gly Glu Ala Ala Gly Asn Pro Asn Arg Phe Trp Ala Phe Thr Ser
245 250 255

Thr Ser Lys Ile Thr Leu Ala Gly Ala Gly Val Ser Phe Phe Leu Thr
260 265 270

Ser Ala Glu Asn Arg Lys Trp Tyr Thr Gly His Ala Gly Ile Arg Gly
275 280 285

Ile Gly Pro Asn Lys Val Asn Gln Leu Ala His Ala Arg Tyr Phe Gly
290 295 300

Asp Ala Glu Gly Val Arg Ala Val Met Arg Lys His Ala Ala Ser Leu
305 310 315 320

Ala Pro Lys Phe Asn Lys Val Leu Glu Ile Leu Asp Ser Arg Leu Ala
325 330 335

Glu Tyr Gly Val Ala Gln Trp Thr Val Pro Ala Gly Gly Tyr Phe Ile
340 345 350

Ser Leu Asp Val Val Pro Gly Thr Ala Ser Arg Val Ala Glu Leu Ala
355 360 365

Lys Glu Ala Gly Ile Ala Leu Thr Gly Ala Gly Ser Ser Tyr Pro Leu

370

375

380

Arg Gln Asp Pro Glu Asn Lys Asn Leu Arg Leu Ala Pro Ser Leu Pro
385 390 395 400

Pro Val Glu Glu Leu Glu Val Ala Met Asp Gly Val Ala Thr Cys Val
405 410 415

Leu Leu Ala Ala Ala Glu His Tyr Ala Asn
420 425

<210> 451

<211> 1143

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1120)

<223> RXN00448

<400> 451

ccatttacct tcaactaagg tagccgtaac tgcaaagctc aggccatcct cttcagtgtt 60

catagagata accgtagtag gtatgtgcca cacttgtcag gtg act acc aaa gac 115
Val Thr Thr Lys Asp

1 5

att tcc cgc cca gta tgc atc ctg ggc ctc ggc ctc atc ggc gga tcc 163
Ile Ser Arg Pro Val Cys Ile Leu Gly Leu Gly Leu Ile Gly Gly Ser

10 15 20

ctc ctc cgc gac ctc cat gca gcc aac cac tcc gtc ttc ggc tac aac 211
Leu Leu Arg Asp Leu His Ala Ala Asn His Ser Val Phe Gly Tyr Asn

25 30 35

cgc tca cgc tcc ggc gct aaa tca gcc gtc gac gaa ggc ttc gac gtt 259
Arg Ser Arg Ser Gly Ala Lys Ser Ala Val Asp Glu Gly Phe Asp Val

40 45 50

tcc gcc gat ctt gaa gca acc ctc cag cgt gca gcc gcc gaa gat gcg 307

Ser Ala Asp Leu Glu Ala Thr Leu Gln Arg Ala Ala Ala Glu Asp Ala
55 60 65

ctc atc gtc ctc gcg gtc ccc atg acc gca atc gat tcg ctt ctc gac 355
Leu Ile Val Leu Ala Val Pro Met Thr Ala Ile Asp Ser Leu Leu Asp

70 75 80 85

gcc gtc cac acc cac gca cca aac aac ggc ttc acc gac gtc gta tcc 403
Ala Val His Thr His Ala Pro Asn Asn Gly Phe Thr Asp Val Val Ser

90 95 100

gta aaa acc gcc gtc tac gac gca gta aaa gcc cgc aac atg caa cac 451
Val Lys Thr Ala Val Tyr Asp Ala Val Lys Ala Arg Asn Met Gln His

105 110 115

cgt tat gtg gga tcc cac ccc atg gca ggc acc gcc aac tcc ggc tgg 499
Arg Tyr Val Gly Ser His Pro Met Ala Gly Thr Ala Asn Ser Gly Trp

120 125 130

agc gca tcc atg gac gga ctg ttc aaa cga gca gta tgg gtg gtc acc 547
Ser Ala Ser Met Asp Gly Leu Phe Lys Arg Ala Val Trp Val Val Thr

135 140 145

ttc gac cag ctt ttc gac ggc acc gac atc aac tcc acc tgg atc agc 595
Phe Asp Gln Leu Phe Asp Gly Thr Asp Ile Asn Ser Thr Trp Ile Ser

150 155 160 165

atc tgg aaa gac gtc gtc caa atg gca ctc gcc gtg ggc gct gaa gtt 643
Ile Trp Lys Asp Val Val Gln Met Ala Leu Ala Val Gly Ala Glu Val

170 175 180

gtc cca tcc cga gtt ggc cca cac gat gca gca gca gca cga gtg tct 691
Val Pro Ser Arg Val Gly Pro His Asp Ala Ala Ala Arg Val Ser

185 190 195

cat tta aca cac atc ctg gct gaa acc ctc gcc atc gtc ggt gac aac 739
His Leu Thr His Ile Leu Ala Glu Thr Leu Ala Ile Val Gly Asp Asn

200 205 210

ggc ggc gca ctg tct ctc tct tta gcc gct ggc agc tac cgc gac tcc 787

Gly Gly Ala Leu Ser Leu Ser Leu Ala Ala Gly Ser Tyr Arg Asp Ser
215 220 225

acc cgc gtt gca ggc acc gac cca gga ctc gtc cgc gcc atg tgt gaa 835
Thr Arg Val Ala Gly Thr Asp Pro Gly Leu Val Arg Ala Met Cys Glu

230 235 240 245

agc aac gcc ggc cca ctg gtc aaa gcc ctc gac gaa gca ctg gcg atc 883
Ser Asn Ala Gly Pro Leu Val Lys Ala Leu Asp Glu Ala Leu Ala Ile

250 255 260

ctc cac gaa gcc cgc gaa ggc ctc acc gca gaa cag cca aac atc gag 931
Leu His Glu Ala Arg Glu Gly Leu Thr Ala Glu Gln Pro Asn Ile Glu

265 270 275

caa ctt gcc gac aac ggc tac cga tcc cgc atc cgc tac gaa gcc cgc 979
Gln Leu Ala Asp Asn Gly Tyr Arg Ser Arg Ile Arg Tyr Glu Ala Arg

280 285 290

tcc ggc cag cga cgc gcc aaa gaa tcc gtt agc cct acc atc acc tca 1027
Ser Gly Gln Arg Arg Ala Lys Glu Ser Val Ser Pro Thr Ile Thr Ser

295 300 305

tcc agg cca gtg ctc cgt ctc cac ccg ggc aca cca aac tgg gag aag 1075
Ser Arg Pro Val Leu Arg Leu His Pro Gly Thr Pro Asn Trp Glu Lys

310 315 320 325

cag ctc atc cac gct gaa acc ctc ggc gca cgg atc gaa gtg ttc 1120
Gln Leu Ile His Ala Glu Thr Leu Gly Ala Arg Ile Glu Val Phe

330 335 340

tagttttatc ggctgatgat tct 1143

<210> 452
<211> 340
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 452
Val Thr Thr Lys Asp Ile Ser Arg Pro Val Cys Ile Leu Gly Leu Gly
1 5 10 15

Leu Ile Gly Gly Ser Leu Leu Arg Asp Leu His Ala Ala Asn His Ser
20 25 30

Val Phe Gly Tyr Asn Arg Ser Arg Ser Gly Ala Lys Ser Ala Val Asp
35 40 45

Glu Gly Phe Asp Val Ser Ala Asp Leu Glu Ala Thr Leu Gln Arg Ala
50 55 60

Ala Ala Glu Asp Ala Leu Ile Val Leu Ala Val Pro Met Thr Ala Ile
65 70 75 80

Asp Ser Leu Leu Asp Ala Val His Thr His Ala Pro Asn Asn Gly Phe
85 90 95

Thr Asp Val Val Ser Val Lys Thr Ala Val Tyr Asp Ala Val Lys Ala
100 105 110

Arg Asn Met Gln His Arg Tyr Val Gly Ser His Pro Met Ala Gly Thr
115 120 125

Ala Asn Ser Gly Trp Ser Ala Ser Met Asp Gly Leu Phe Lys Arg Ala
130 135 140

Val Trp Val Val Thr Phe Asp Gln Leu Phe Asp Gly Thr Asp Ile Asn
145 150 155 160

Ser Thr Trp Ile Ser Ile Trp Lys Asp Val Val Gln Met Ala Leu Ala
165 170 175

Val Gly Ala Glu Val Val Pro Ser Arg Val Gly Pro His Asp Ala Ala
180 185 190

Ala Ala Arg Val Ser His Leu Thr His Ile Leu Ala Glu Thr Leu Ala
195 200 205

Ile Val Gly Asp Asn Gly Gly Ala Leu Ser Leu Ser Leu Ala Ala Gly
210 215 220

Ser Tyr Arg Asp Ser Thr Arg Val Ala Gly Thr Asp Pro Gly Leu Val

225 230 235 240

Arg Ala Met Cys Glu Ser Asn Ala Gly Pro Leu Val Lys Ala Leu Asp

 245 250 255

Glu Ala Leu Ala Ile Leu His Glu Ala Arg Glu Gly Leu Thr Ala Glu
260 265 270

Gln Pro Asn Ile Glu Gln Leu Ala Asp Asn Gly Tyr Arg Ser Arg Ile
275 280 285

Arg Tyr Glu Ala Arg Ser Gly Gln Arg Arg Ala Lys Glu Ser Val Ser
290 295 300

Pro Thr Ile Thr Ser Ser Arg Pro Val Leu Arg Leu His Pro Gly Thr
305 310 315 320

Pro Asn Trp Glu Lys Gln Leu Ile His Ala Glu Thr Leu Gly Ala Arg
325 330 335

Ile Glu Val Phe
340

<210> 453
<211> 689
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(666)
<223> FRXA00448
```

<400> 453
tat gtg gga tcc cac ccc atg gca ggc acc gcc aac tcc ggc tgg agc 48
Tyr Val Gly Ser His Pro Met Ala Gly Thr Ala Asn Ser Gly Trp Ser

1 5 10 15

gca tcc atg gac gga ctg ttc aaa cga gca gta tgg gtg gtc acc ttc 96
Ala Ser Met Asp Gly Leu Phe Lys Arg Ala Val Trp Val Val Thr Phe

20 25 30

gac cag ctt ttc gac ggc acc gac atc aac tcc acc tgg atc agc atc 144

Asp	Gln	Leu	Phe	Asp	Gly	Thr	Asp	Ile	Asn	Ser	Thr	Trp	Ile	Ser	Ile	
35				40				45								
tgg	aaa	gac	gtc	gtc	caa	atg	gca	ctc	gcc	gtg	ggc	gct	gaa	gtt	gtc	192
Trp	Lys	Asp	Val	Val	Gln	Met	Ala	Leu	Ala	Val	Gly	Ala	Glu	Val	Val	
50				55				60								
cca	tcc	cga	gtt	ggc	cca	cac	gat	gca	gca	gca	gca	cga	gtg	tct	cat	240
Pro	Ser	Arg	Val	Gly	Pro	His	Asp	Ala	Ala	Ala	Ala	Arg	Val	Ser	His	
65				70				75				80				
tta	aca	cac	atc	ctg	gct	gaa	acc	ctc	gcc	atc	gtc	ggc	gac	aac	ggc	288
Leu	Thr	His	Ile	Leu	Ala	Glu	Thr	Leu	Ala	Ile	Val	Gly	Asp	Asn	Gly	
85				90				95								
ggc	gca	ctg	tct	ctc	tct	tta	gcc	gct	ggc	agc	tac	cgc	gac	tcc	acc	336
Gly	Ala	Leu	Ser	Leu	Ser	Leu	Ala	Ala	Gly	Ser	Tyr	Arg	Asp	Ser	Thr	
100				105				110								
cgc	gtt	gca	ggc	acc	gac	cca	gga	ctc	gtc	cgc	gcc	atg	tgt	gaa	agc	384
Arg	Val	Ala	Gly	Thr	Asp	Pro	Gly	Leu	Val	Arg	Ala	Met	Cys	Glu	Ser	
115				120				125								
aac	gcc	ggc	cca	ctg	gtc	aaa	gcc	ctc	gac	gaa	gca	ctg	gcg	atc	ctc	432
Asn	Ala	Gly	Pro	Leu	Val	Lys	Ala	Leu	Asp	Glu	Ala	Leu	Ala	Ile	Leu	
130				135				140								
cac	gaa	gcc	cgc	gaa	ggc	ctc	acc	gca	gaa	cag	cca	aac	atc	gag	caa	480
His	Glu	Ala	Arg	Glu	Gly	Leu	Thr	Ala	Glu	Gln	Pro	Asn	Ile	Glu	Gln	
145				150				155				160				
ctt	gcc	gac	aac	ggc	tac	cga	tcc	cgc	atc	cgc	tac	gaa	gcc	cgc	tcc	528
Leu	Ala	Asp	Asn	Gly	Tyr	Arg	Ser	Arg	Ile	Arg	Tyr	Glu	Ala	Arg	Ser	
165				170				175								
ggc	cag	cga	cgc	gcc	aaa	gaa	tcc	gtt	agc	cct	acc	atc	acc	tca	tcc	576
Gly	Gln	Arg	Arg	Ala	Lys	Glu	Ser	Val	Ser	Pro	Thr	Ile	Thr	Ser	Ser	
180				185				190								
agg	cca	gtg	ctc	cgt	ctc	cac	ccg	ggc	aca	cca	aac	tgg	gag	aag	cag	624

Arg Pro Val Leu Arg Leu His Pro Gly Thr Pro Asn Trp Glu Lys Gln

195

200

205

ctc atc cac gct gaa acc ctc ggc gca cgg atc gaa gtg ttc
Leu Ile His Ala Glu Thr Leu Gly Ala Arg Ile Glu Val Phe

666

210

215

220

tagttttatc ggctgatgat tct

689

<210> 454

<211> 222

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 454

Tyr Val Gly Ser His Pro Met Ala Gly Thr Ala Asn Ser Gly Trp Ser
1 5 10 15

Ala Ser Met Asp Gly Leu Phe Lys Arg Ala Val Trp Val Val Thr Phe
20 25 30

Asp Gln Leu Phe Asp Gly Thr Asp Ile Asn Ser Thr Trp Ile Ser Ile
35 40 45

Trp Lys Asp Val Val Gln Met Ala Leu Ala Val Gly Ala Glu Val Val
50 55 60

Pro Ser Arg Val Gly Pro His Asp Ala Ala Ala Arg Val Ser His
65 70 75 80

Leu Thr His Ile Leu Ala Glu Thr Leu Ala Ile Val Gly Asp Asn Gly
85 90 95

Gly Ala Leu Ser Leu Ser Leu Ala Ala Gly Ser Tyr Arg Asp Ser Thr
100 105 110

Arg Val Ala Gly Thr Asp Pro Gly Leu Val Arg Ala Met Cys Glu Ser
115 120 125

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

His Glu Ala Arg Glu Gly Leu Thr Ala Glu Gln Pro Asn Ile Glu Gln
145 150 155 160

Leu Ala Asp Asn Gly Tyr Arg Ser Arg Ile Arg Tyr Glu Ala Arg Ser
165 170 175

Gly Gln Arg Arg Ala Lys Glu Ser Val Ser Pro Thr Ile Thr Ser Ser
180 185 190

Arg Pro Val Leu Arg Leu His Pro Gly Thr Pro Asn Trp Glu Lys Gln
195 200 205

Leu Ile His Ala Glu Thr Leu Gly Ala Arg Ile Glu Val Phe
210 215 220

<210> 455

<211> 346

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(346)

<223> FRXA00452

<400> 455

ccatttacct tcaactaagg tagccgtaac tgcaaagctc aggccatcct cttcagtgtt 60

catagagata accgtagtag gtatgtgcca cacttgtcag gtg act acc aaa gac 115
Val Thr Thr Lys Asp

1 5

att tcc cgc cca gta tgc atc ctg ggc ctc ggc ctc atc ggc gga tcc 163
Ile Ser Arg Pro Val Cys Ile Leu Gly Leu Gly Leu Ile Gly Gly Ser

10 15 20

ctc ctc cgc gac ctc cat gca gcc aac cac tcc gtc ttc ggc tac aac 211
Leu Leu Arg Asp Leu His Ala Ala Asn His Ser Val Phe Gly Tyr Asn

25 30 35

cgc tca cgc tcc ggc gct aaa tca gcc gtc gac gaa ggc ttc gac gtt 259

Arg Ser Arg Ser Gly Ala Lys Ser Ala Val Asp Glu Gly Phe Asp Val

40

45

50

tcc gcc gat ctt gaa gca acc ctc cag cgt gca gcc gcc gaa gat gcg 307
Ser Ala Asp Leu Glu Ala Thr Leu Gln Arg Ala Ala Ala Glu Asp Ala

55

60

65

ctc atc gtc ctc gcg gtc ccc atg acc gca atc gat tcg 346
Leu Ile Val Leu Ala Val Pro Met Thr Ala Ile Asp Ser

70

75

80

<210> 456

<211> 82

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 456

Val Thr Thr Lys Asp Ile Ser Arg Pro Val Cys Ile Leu Gly Leu Gly
1 5 10 15

Leu Ile Gly Gly Ser Leu Leu Arg Asp Leu His Ala Ala Asn His Ser
20 25 30

Val Phe Gly Tyr Asn Arg Ser Arg Ser Gly Ala Lys Ser Ala Val Asp
35 40 45

Glu Gly Phe Asp Val Ser Ala Asp Leu Glu Ala Thr Leu Gln Arg Ala
50 55 60

Ala Ala Glu Asp Ala Leu Ile Val Leu Ala Val Pro Met Thr Ala Ile
65 70 75 80

Asp Ser

<210> 457

<211> 1248

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1225)
<223> RXA00584

<400> 457

tagttgtgcc acctaaaacg cgaacagaac cggagtcgag cagcacctcc ccgcaagggt 60

agaggggctg cttttttgtt tcttaaattc accccatccc atg cat agc cct gaa 115
Met His Ser Pro Glu

1 5

agg caa gaa aaa atg agt tct cca gtc tca ctc gaa aac gcg gcg tca 163
Arg Gln Glu Lys Met Ser Ser Pro Val Ser Leu Glu Asn Ala Ala Ser

10 15 20

acc agc aac aag cgc gtc gtg gct ttc cac gag ctg cct agc cct aca 211
Thr Ser Asn Lys Arg Val Val Ala Phe His Glu Leu Pro Ser Pro Thr

25 30 35

gat ctc atc gcc gca aac cca ctg aca cca aag cag gct tcc aag gtg 259
Asp Leu Ile Ala Ala Asn Pro Leu Thr Pro Lys Gln Ala Ser Lys Val

40 45 50

gag cag gat cgc cag gac atc gct gat atc ttc gct ggc gac gat gac 307
Glu Gln Asp Arg Gln Asp Ile Ala Asp Ile Phe Ala Gly Asp Asp Asp

55 60 65

cgc ctc gtt gtc gtt gtg gga cct tgc tca gtt cac gat cct gaa gca 355
Arg Leu Val Val Val Val Gly Pro Cys Ser Val His Asp Pro Glu Ala

70 75 80 85

gcc atc gat tac gca aac cgc ctg gct ccg ctg gca aag cgc ctt gat 403
Ala Ile Asp Tyr Ala Asn Arg Leu Ala Pro Leu Ala Lys Arg Leu Asp

90 95 100

cag gac ctc aag att gtc atg cgc gtg tac ttc gag aag cct cgc acc 451
Gln Asp Leu Lys Ile Val Met Arg Val Tyr Phe Glu Lys Pro Arg Thr

105 110 115

atc gtc gga tgg aag gga ttg atc aat gat cct cac ctc aac gaa acc 499
Ile Val Gly Trp Lys Gly Leu Ile Asn Asp Pro His Leu Asn Glu Thr

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

280 285 290

gtt gag gtt gtt cgt gaa atc gca gag cag att tct ggc ggt tct gaa 1027
Val Glu Val Val Arg Glu Ile Ala Glu Gln Ile Ser Gly Gly Ser Glu

295 300 305

gct gtg gct gga atc atg att gag tcc ttc ctc gtt ggt ggc gca cag 1075
Ala Val Ala Gly Ile Met Ile Glu Ser Phe Leu Val Gly Gly Ala Gln

310 315 320 325

aac ctt gat cct gcg aaa ttg cgc atc aat ggc ggt gaa ggc ctg gtg 1123
Asn Leu Asp Pro Ala Lys Leu Arg Ile Asn Gly Gly Glu Gly Leu Val

330 335 340

tac gga cag tct gtg acc gat aag tgc atc gat att gac acc acc atc 1171
Tyr Gly Gln Ser Val Thr Asp Lys Cys Ile Asp Ile Asp Thr Thr Ile

345 350 355

gat ttg ctc gct gag ctg gcc gca gca gta agg gaa cgc cga gca gca 1219
Asp Leu Leu Ala Glu Leu Ala Ala Ala Val Arg Glu Arg Arg Ala Ala

360 365 370

gcc aag taattaaggg cgctagactg tta 1248
Ala Lys

375

<210> 458
<211> 375
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 458
Met His Ser Pro Glu Arg Gln Glu Lys Met Ser Ser Pro Val Ser Leu
1 5 10 15

Glu Asn Ala Ala Ser Thr Ser Asn Lys Arg Val Val Ala Phe His Glu
20 25 30

Leu Pro Ser Pro Thr Asp Leu Ile Ala Ala Asn Pro Leu Thr Pro Lys
35 40 45

Gln Ala Ser Lys Val Glu Gln Asp Arg Gln Asp Ile Ala Asp Ile Phe

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

25	30	35	
gat gag atg ctt ttc gac gcc gtc atc ctc tca cct ggc ccg ggc cac			259
Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser Pro Gly Pro Gly His			
40	45	50	
gcc ggc gtt gcg gct gat ttt ggt atc tgt gca ggc gtc att gag cgt			307
Ala Gly Val Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala Gly Val Ile Glu Arg			
55	60	65	
gca cgc gtt ccg att ttg ggt gtg tgt tta ggc cac cag ggc att gcg			355
Ala Arg Val Pro Ile Leu Gly Val Cys Leu Gly His Gln Gly Ile Ala			
70	75	80	85
ttg gcc tat ggc ggt gat gtt gat ttg gcg ccc agg ccg gtc cac ggt			403
Leu Ala Tyr Gly Gly Asp Val Asp Leu Ala Pro Arg Pro Val His Gly			
90	95	100	
gag gtt tcg cag atc acc cat gat ggt tca ggt tta ttt gca ggc atc			451
Glu Val Ser Gln Ile Thr His Asp Gly Ser Gly Leu Phe Ala Gly Ile			
105	110	115	
cct gaa acg ttt gag gcg gtg cgt tat cac tcg atg gtg gca acc cgc			499
Pro Glu Thr Phe Glu Ala Val Arg Tyr His Ser Met Val Ala Thr Arg			
120	125	130	
ttg ccg gag tca ttg aaa gct aca gct acc agc gat gat ggt ttg atc			547
Leu Pro Glu Ser Leu Lys Ala Thr Ala Thr Ser Asp Asp Gly Leu Ile			
135	140	145	
atg gca ttg gca cat gaa gtg ctt ccg cag tgg ggt gtg caa ttt cat			595
Met Ala Leu Ala His Glu Val Leu Pro Gln Trp Gly Val Gln Phe His			
150	155	160	165
ccg gaa tct att ggt gga caa ttc ggc cat cag atc att aag aac ttc			643
Pro Glu Ser Ile Gly Gly Gln Phe Gly His Gln Ile Ile Lys Asn Phe			
170	175	180	
ctt aat tta gcg cgc aca tat cgc tgg caa ctc acg gag aaa act att			691
Leu Asn Leu Ala Arg Thr Tyr Arg Trp Gln Leu Thr Glu Lys Thr Ile			

185	190	195	
ccg ctc agc gtt gat tca gca gcg gtt ttt gaa aca ttc ttt gcc cat			739
Pro Leu Ser Val Asp Ser Ala Ala Val Phe Glu Thr Phe Phe Ala His			
200	205	210	
tcc tcc cat gct ttt tgg ctc gat gat gcc caa gga acc agc tat ctt			787
Ser Ser His Ala Phe Trp Leu Asp Asp Ala Gln Gly Thr Ser Tyr Leu			
215	220	225	
ggt gat gcc agc ggt cct ctc gca cgc aca aaa acc cat aat gtc ggc			835
Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys Thr His Asn Val Gly			
230	235	240	245
gag ggg gat ttc ttc acc tgg cta aag gag gat ctc gcc gcc aac tca			883
Glu Gly Asp Phe Phe Thr Trp Leu Lys Glu Asp Leu Ala Ala Asn Ser			
250	255	260	
ggt gcg ccc ggt caa ggt ttt cgt ctt ggc tgg gtt ggt tac gtt ggt			931
Val Ala Pro Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Trp Val Gly Tyr Val Gly			
265	270	275	
tat gag ctt aaa gcg gaa gct ggc gca cgg gct gcg cac act tcg agt			979
Tyr Glu Leu Lys Ala Glu Ala Gly Ala Arg Ala Ala His Thr Ser Ser			
280	285	290	
ctt ccg gat gcg cac ctc att ttt gcc gat cgc gcc atc gca gtg gaa			1027
Leu Pro Asp Ala His Leu Ile Phe Ala Asp Arg Ala Ile Ala Val Glu			
295	300	305	
tcg gat cag gtt cgg ttg ctg gcg ttg ggg gag cag gac gag tgg ttt			1075
Ser Asp Gln Val Arg Leu Leu Ala Leu Gly Glu Gln Asp Glu Trp Phe			
310	315	320	325
gaa gaa acc atc aag aag ctg cat aat ctt gtc gcc ccg cgg ata cct			1123
Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val Ala Pro Arg Ile Pro			
330	335	340	
gcg tcc gga cac ctc gct ttg cag gtt cga gat tcc aaa gat gag tat			1171
Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp Ser Lys Asp Glu Tyr			

345	350	355	
ctc gac aaa att cgc aga gcc cag gag ctg att act cgc ggc gaa tcg			1219
Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile Thr Arg Gly Glu Ser			
360	365	370	
tat gaa atc tgc ctg acc aca aaa ctt cag ggc acc act gat gtg gcc			1267
Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly Thr Thr Asp Val Ala			
375	380	385	
cct ctg gct gcc tat cta gca ctg cgt ggg gcc aat ccc acc gca tat			1315
Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala Asn Pro Thr Ala Tyr			
390	395	400	405
ggc ggc tat ctt cag ctg ggg gat acc tct att ttg agt tcc tcg ccg			1363
Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile Leu Ser Ser Ser Pro			
410	415	420	
gag cgg ttc atc acc att gat tcg gca ggg tat gtg gaa tca aag ccc			1411
Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr Val Glu Ser Lys Pro			
425	430	435	
att aaa ggc acc agg ccg cgt ggg cga aca gcg caa gaa gac caa gaa			1459
Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala Gln Glu Asp Gln Glu			
440	445	450	
atc att gct gag ctg cgc agt aat cct aaa gat cgt gca gaa aac ttg			1507
Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp Arg Ala Glu Asn Leu			
455	460	465	
atg atc gtg gat ttg gtc cgc aac gac tta gcc cgc ggc gct ttg ccc			1555
Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala Arg Gly Ala Leu Pro			
470	475	480	485
acc aca gtt aaa aca tcc aag ctt ttc gac gtc gaa acc tac gcc aca			1603
Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val Glu Thr Tyr Ala Thr			
490	495	500	
gtc cac caa ctt gtc agc acc gtc tct gca gag ttg ggg cca cgc agt			1651
Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu Leu Gly Pro Arg Ser			

505 510 515
 ccg att gag tgc gtg cgc gca gca ttc ccc ggt ggt tgc atg act ggt 1699
 Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly Gly Ser Met Thr Gly

520 525 530
 gcc cca aag ctg cgc acc atg gag atc atc gat gag ctg gag gca gct 1747
 Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp Glu Leu Glu Ala Ala

535 540 545
 cct cgc ggt att tac tca ggt ggc ttg gga tat ttt tcc ctc gac ggc 1795
 Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr Phe Ser Leu Asp Gly

550 555 560 565
 gca gtt gat ctc tcc atg gtg atc aga act ctc gtc atc cag aac aat 1843
 Ala Val Asp Leu Ser Met Val Ile Arg Thr Leu Val Ile Gln Asn Asn

570 575 580
 cac gtg gag tac gga gtg ggc ggt gca ctt ctt gct ctg tct gat ccg 1891
 His Val Glu Tyr Gly Val Gly Gly Ala Leu Leu Ala Leu Ser Asp Pro

585 590 595
 gag gct gag tgg gag gaa atc cgc gtt aaa tca cgg cct ctg ctg aat 1939
 Glu Ala Glu Trp Glu Glu Ile Arg Val Lys Ser Arg Pro Leu Leu Asn

600 605 610
 ttg ttt ggg gtt gaa ttc cca tgacgtacct cgtgtgggac ggt 1983
 Leu Phe Gly Val Glu Phe Pro

615 620
 <210> 460
 <211> 620
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 460
 Met Arg Val Leu Ile Ile Asp Asn Tyr Asp Ser Phe Thr Phe Asn Leu
 1 5 10 15

Ala Thr Tyr Val Glu Glu Val Thr Gly Gln Ala Pro Val Val Val Pro
 20 25 30

Asn Asp Gln Glu Ile Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser
35 40 45

Pro Gly Pro Gly His Ala Gly Val Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala
50 55 60

Gly Val Ile Glu Arg Ala Arg Val Pro Ile Leu Gly Val Cys Leu Gly
65 70 75 80

His Gln Gly Ile Ala Leu Ala Tyr Gly Gly Asp Val Asp Leu Ala Pro
85 90 95

Arg Pro Val His Gly Glu Val Ser Gln Ile Thr His Asp Gly Ser Gly
100 105 110

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

Met Val Ala Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu Lys Ala Thr Ala Thr Ser
130 135 140

Asp Asp Gly Leu Ile Met Ala Leu Ala His Glu Val Leu Pro Gln Trp
145 150 155 160

Gly Val Gln Phe His Pro Glu Ser Ile Gly Gly Gln Phe Gly His Gln
165 170 175

Ile Ile Lys Asn Phe Leu Asn Leu Ala Arg Thr Tyr Arg Trp Gln Leu
180 185 190

Thr Glu Lys Thr Ile Pro Leu Ser Val Asp Ser Ala Ala Val Phe Glu
195 200 205

Thr Phe Phe Ala His Ser Ser His Ala Phe Trp Leu Asp Asp Ala Gln
210 215 220

Gly Thr Ser Tyr Leu Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys
225 230 235 240

Thr His Asn Val Gly Glu Gly Asp Phe Phe Thr Trp Leu Lys Glu Asp

245

250

255

Leu Ala Ala Asn Ser Val Ala Pro Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Trp
260 265 270

Val Gly Tyr Val Gly Tyr Glu Leu Lys Ala Glu Ala Gly Ala Arg Ala
275 280 285

Ala His Thr Ser Ser Leu Pro Asp Ala His Leu Ile Phe Ala Asp Arg
290 295 300

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

Gln Asp Glu Trp Phe Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val
325 330 335

Ala Pro Arg Ile Pro Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp
340 345 350

Ser Lys Asp Glu Tyr Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile
355 360 365

Thr Arg Gly Glu Ser Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly
370 375 380

Thr Thr Asp Val Ala Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala
385 390 395 400

Asn Pro Thr Ala Tyr Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile
405 410 415

Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr
420 425 430

Val Glu Ser Lys Pro Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala
435 440 445

Gln Glu Asp Gln Glu Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp
450 455 460

Arg Ala Glu Asn Leu Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala
465 470 475 480

Arg Gly Ala Leu Pro Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val
485 490 495

Glu Thr Tyr Ala Thr Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu
500 505 510

Leu Gly Pro Arg Ser Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly
515 520 525

Gly Ser Met Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp
530 535 540

Glu Leu Glu Ala Ala Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr
545 550 555 560

Phe Ser Leu Asp Gly Ala Val Asp Leu Ser Met Val Ile Arg Thr Leu
565 570 575

Val Ile Gln Asn Asn His Val Glu Tyr Gly Val Gly Gly Ala Leu Leu
580 585 590

Ala Leu Ser Asp Pro Glu Ala Glu Trp Glu Glu Ile Arg Val Lys Ser
595 600 605

Arg Pro Leu Leu Asn Leu Phe Gly Val Glu Phe Pro
610 615 620

<210> 461

<211> 747

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(724)

<223> RXA00958

<400> 461

attctaattcc tcaatctgaa gccgatgaga cgttgacaaa ggcgtatgcc gtgttgaatg 60

ccattgcgct tgcctgctggt tccactttgg aggtcatccg atg aca cac gtt gtt	115
Met Thr His Val Val	
1 5	
ctc att gat aat cac gat tct ttt gtc tac aac ctg gtg gat gcg ttc	163
Leu Ile Asp Asn His Asp Ser Phe Val Tyr Asn Leu Val Asp Ala Phe	
10 15 20	
gcc gtg gcc ggt tat aag tgc acg gtg ttc cgc aat acg gtg cca gtg	211
Ala Val Ala Gly Tyr Lys Cys Thr Val Phe Arg Asn Thr Val Pro Val	
25 30 35	
gaa acc att ttg gca gcc aac ccg gac ctg atc tgc ctt tca cct gga	259
Glu Thr Ile Leu Ala Ala Asn Pro Asp Leu Ile Cys Leu Ser Pro Gly	
40 45 50	
cct ggt tac cct gcc gat gcg ggc aac atg atg gcg ctg atc gag cgc	307
Pro Gly Tyr Pro Ala Asp Ala Gly Asn Met Met Ala Leu Ile Glu Arg	
55 60 65	
aca ctc ggc cag att cct tta ctg ggt att tgc ctc ggc tac cag gca	355
Thr Leu Gly Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ile Cys Leu Gly Tyr Gln Ala	
70 75 80 85	
ctc atc gaa tac cac ggc ggc aag gtt gag cct tgt ggc cct gtg cac	403
Leu Ile Glu Tyr His Gly Gly Lys Val Glu Pro Cys Gly Pro Val His	
90 95 100	
ggc acc acc gac aac atg atc ctt act gat gca ggt gtg cag agc cct	451
Gly Thr Thr Asp Asn Met Ile Leu Thr Asp Ala Gly Val Gln Ser Pro	
105 110 115	
gtt ttt gca ggt ctt gcc act gat gtt gag cct gat cat cca gaa atc	499
Val Phe Ala Gly Leu Ala Thr Asp Val Glu Pro Asp His Pro Glu Ile	
120 125 130	
cca ggc cgc aag gtt cca att ggc cgt tat cac tca ctg ggc tgc gtg	547
Pro Gly Arg Lys Val Pro Ile Gly Arg Tyr His Ser Leu Gly Cys Val	
135 140 145	
gtt gcc cca gac ggt att gaa tca cta ggt acc tgt tcc tcg gag att	595

Val Ala Pro Asp Gly Ile Glu Ser Leu Gly Thr Cys Ser Ser Glu Ile
150 155 160 165
ggg gat gtc atc atg gcg gca cgc acc acc gat gga aag gcc att ggc 643
Gly Asp Val Ile Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp Gly Lys Ala Ile Gly
170 175 180
ctg cag ttt cac cct gag tca gtg cta agc cca acg ggt cct gtc att 691
Leu Gln Phe His Pro Glu Ser Val Leu Ser Pro Thr Gly Pro Val Ile
185 190 195
ttg tcc cgc tgt gtc gaa cag ctt ctc gcg aac taataaaaaa aggatttgat 744
Leu Ser Arg Cys Val Glu Gln Leu Leu Ala Asn
200 205
tca 747
<210> 462
<211> 208
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 462
Met Thr His Val Val Leu Ile Asp Asn His Asp Ser Phe Val Tyr Asn
1 5 10 15
Leu Val Asp Ala Phe Ala Val Ala Gly Tyr Lys Cys Thr Val Phe Arg
20 25 30
Asn Thr Val Pro Val Glu Thr Ile Leu Ala Ala Asn Pro Asp Leu Ile
35 40 45
Cys Leu Ser Pro Gly Pro Gly Tyr Pro Ala Asp Ala Gly Asn Met Met
50 55 60
Ala Leu Ile Glu Arg Thr Leu Gly Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ile Cys
65 70 75 80
Leu Gly Tyr Gln Ala Leu Ile Glu Tyr His Gly Gly Lys Val Glu Pro
85 90 95

Cys Gly Pro Val His Gly Thr Thr Asp Asn Met Ile Leu Thr Asp Ala
100 105 110

Gly Val Gln Ser Pro Val Phe Ala Gly Leu Ala Thr Asp Val Glu Pro
115 120 125

Asp His Pro Glu Ile Pro Gly Arg Lys Val Pro Ile Gly Arg Tyr His
130 135 140

Ser Leu Gly Cys Val Val Ala Pro Asp Gly Ile Glu Ser Leu Gly Thr
145 150 155 160

Cys Ser Ser Glu Ile Gly Asp Val Ile Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp
165 170 175

Gly Lys Ala Ile Gly Leu Gln Phe His Pro Glu Ser Val Leu Ser Pro
180 185 190

Thr Gly Pro Val Ile Leu Ser Arg Cys Val Glu Gln Leu Leu Ala Asn
195 200 205

<210> 463

<211> 469

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(469)

<223> RXN03007

<400> 463

cagtttcacc ctgagtcagt gctaagccca acgggtcctg tcattttgtc ccgctgtgtc 60

gaacagcttc tcgcgaacta ataaaaaag gatttgattc atg act tct cca gca 115
Met Thr Ser Pro Ala

1

5

aca ctg aaa gtt ctc aac gcc tac ttg gat aac ccc act cca acc ctg 163
Thr Leu Lys Val Leu Asn Ala Tyr Leu Asp Asn Pro Thr Pro Thr Leu

10	15	20	
gag gag gca att gag gtg ttc acc ccg ctg acc gtg ggt gaa tac gat			211
Glu Glu Ala Ile Glu Val Phe Thr Pro Leu Thr Val Gly Glu Tyr Asp			
25	30	35	
gac gtg cac atc gca gcg ctg ctt gcc acc atc cgt act cgc ggt gag			259
Asp Val His Ile Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ile Arg Thr Arg Gly Glu			
40	45	50	
cag ttc gct gat att gcc ggc gct gcc aag gcg ttc ctc gcg gcg gct			307
Gln Phe Ala Asp Ile Ala Gly Ala Ala Lys Ala Phe Leu Ala Ala Ala			
55	60	65	
cgt ccg ttc ccg att act ggc gca ggt ttg cta gat tcc gct ggt act			355
Arg Pro Phe Pro Ile Thr Gly Ala Gly Leu Leu Asp Ser Ala Gly Thr			
70	75	80	85
ggc ggc gac ggt gcc aac acc atc aac atc acc acc ggc gca tcc ctg			403
Gly Gly Asp Gly Ala Asn Thr Ile Asn Ile Thr Thr Gly Ala Ser Leu			
90	95	100	
atc gca gca tcc ggt gga gtg aag ctg gtt aag cac ggc aac cgt tcg			451
Ile Ala Ala Ser Gly Gly Val Lys Leu Val Lys His Gly Asn Arg Ser			
105	110	115	
gtg agc tcc aag tcc ggc			469
Val Ser Ser Lys Ser Gly			

120

<210> 464
 <211> 123
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 464
 Met Thr Ser Pro Ala Thr Leu Lys Val Leu Asn Ala Tyr Leu Asp Asn
 1 5 10 15

Pro Thr Pro Thr Leu Glu Glu Ala Ile Glu Val Phe Thr Pro Leu Thr

20 25 30

Val Gly Glu Tyr Asp Asp Val His Ile Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ile
35 40 45

Arg Thr Arg Gly Glu Gln Phe Ala Asp Ile Ala Gly Ala Ala Lys Ala
50 55 60

Phe Leu Ala Ala Ala Arg Pro Phe Pro Ile Thr Gly Ala Gly Leu Leu
65 70 75 80

Asp Ser Ala Gly Thr Gly Gly Asp Gly Ala Asn Thr Ile Asn Ile Thr
85 90 95

Thr Gly Ala Ser Leu Ile Ala Ala Ser Gly Gly Val Lys Leu Val Lys
100 105 110

His Gly Asn Arg Ser Val Ser Ser Lys Ser Gly
115 120

<210> 465

<211> 564

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(541)

<223> RXN02918

<400> 465

agattgtcgc ttttccatt tctccgggtt ttttggaact ttttggcgt atgctgggaa 60

tgattctatt attgccaaat cagaaagcag gagagaccg atg agc gaa atc cta 115
Met Ser Glu Ile Leu

1 5

gaa acc tat tgg gca ccc cac ttt gga aaa acc gaa gaa gcc aca gca 163
Glu Thr Tyr Trp Ala Pro His Phe Gly Lys Thr Glu Glu Ala Thr Ala

10 15 20

ctc gtt tca tac ctg gca caa gct tcc ggc gat ccc att gag gtt cac 211

Leu Val Ser Tyr Leu Ala Gln Ala Ser Gly Asp Pro Ile Glu Val His

25 30 35

acc ctg ttc ggg gat tta ggt tta gac gga ctc tct gga aac tac acc 259
Thr Leu Phe Gly Asp Leu Gly Leu Asp Gly Leu Ser Gly Asn Tyr Thr

40 45 50

gac act gag att gac ggc tac ggc gac gca ttc ctg ctg gtt gca gcg 307
Asp Thr Glu Ile Asp Gly Tyr Gly Asp Ala Phe Leu Leu Val Ala Ala

55 60 65

cta tcc gtg ttg atg gct gaa aac aaa gca aca ggt ggc gtg aat ctg 355
Leu Ser Val Leu Met Ala Glu Asn Lys Ala Thr Gly Gly Val Asn Leu

70 75 80 85

ggt gag ctt ggg gga gct gat aaa tcg atc cgg ctg cat gtt gaa tcc 403
Gly Glu Leu Gly Gly Ala Asp Lys Ser Ile Arg Leu His Val Glu Ser

90 95 100

aag gag aac acc caa atc aac acc gca ttg aag tat ttt gcg ctc tcc 451
Lys Glu Asn Thr Gln Ile Asn Thr Ala Leu Lys Tyr Phe Ala Leu Ser

105 110 115

cca gaa gac cac gca gca gca gat cgc ttc gat gag gat gac ctg tct 499
Pro Glu Asp His Ala Ala Ala Asp Arg Phe Asp Glu Asp Asp Leu Ser

120 125 130

gag ctt gcc aac ttg agt gaa gag ctg cgc gga cag ctg gac 541
Glu Leu Ala Asn Leu Ser Glu Glu Leu Arg Gly Gln Leu Asp

135 140 145

taattgtctc ccatttaagg agt 564

<210> 466

<211> 147

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 466

Met Ser Glu Ile Leu Glu Thr Tyr Trp Ala Pro His Phe Gly Lys Thr

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

<210> 467
 <211> 735
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(712)
 <223> RXN01116

<400> 467
 tgccaggaat ttacgtcaac cgcgtcgtcc acgttggacc gcaggaaacc ggaatcgaaa 60

acaggacggg gtctaaactaa tgacttggga tcataaccaa atg gca gcc cgc gtt 115
Met Ala Ala Arg Val

1 5

gcc cag gaa ctt gaa gac ggc cag tac gtc aac ctc ggc atc ggc atg 163
Ala Gln Glu Leu Glu Asp Gly Gln Tyr Val Asn Leu Gly Ile Gly Met

10 15 20

cct aca ctt atc ccc ggc tac ctg cct gag gga cta gag gtt atc ctt 211
Pro Thr Leu Ile Pro Gly Tyr Leu Pro Glu Gly Leu Glu Val Ile Leu

25 30 35

cac tcc gaa aac ggt gtg ctg ggc gtt gga cct tac cca act gaa gag 259
His Ser Glu Asn Gly Val Leu Gly Val Gly Pro Tyr Pro Thr Glu Glu

40 45 50

gaa ctt gat cct gag ctg atc aac gcc ggc aag gaa acc atc acg gtt 307
Glu Leu Asp Pro Glu Leu Ile Asn Ala Gly Lys Glu Thr Ile Thr Val

55 60 65

gca cct ggc gca tcc tac ttc tcc tct tct gat tct ttc gcc atg atc 355
Ala Pro Gly Ala Ser Tyr Phe Ser Ser Ser Asp Ser Phe Ala Met Ile

70 75 80 85

cgc tcc aag tct gtc gac gtt gca gtc ttg ggc gtt atg gaa gtc tcc 403
Arg Ser Lys Ser Val Asp Val Ala Val Leu Gly Val Met Glu Val Ser

90 95 100

cag tac ggc gac ctg gcc aac tgg atg att ccc ggc aag ctg gtc aag 451
Gln Tyr Gly Asp Leu Ala Asn Trp Met Ile Pro Gly Lys Leu Val Lys

105 110 115

ggt atg ggt ggc gca atg gat ctg gtg cac ggc gca tcc aag atc atc 499
Gly Met Gly Gly Ala Met Asp Leu Val His Gly Ala Ser Lys Ile Ile

120 125 130

gcc atg acc gat cac atc acc aag aag ggc gct ccg aag atc ctt aag 547
Ala Met Thr Asp His Ile Thr Lys Lys Gly Ala Pro Lys Ile Leu Lys

135 140 145

gag tgt cgc ctc cca ctg act ggc gcg aag tgc gtg gac atg att gtc 595

Glu Cys Arg Leu Pro Leu Thr Gly Ala Lys Cys Val Asp Met Ile Val
150 155 160 165
acc acc cac gct gtg ttc tct gtg gac cct gaa gaa ggc ctc acg ctc 643
Thr Thr His Ala Val Phe Ser Val Asp Pro Glu Glu Gly Leu Thr Leu
170 175 180
atc gag tgc gcc gac ggt gtc acc gtt gag gaa ctc cgc gaa atc acc 691
Ile Glu Cys Ala Asp Gly Val Thr Val Glu Glu Leu Arg Glu Ile Thr
185 190 195
gaa gcc gat ttc aaa gtt gct taagcaaacg ctgcgcaatt aag 735
Glu Ala Asp Phe Lys Val Ala
200
<210> 468
<211> 204
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 468
Met Ala Ala Arg Val Ala Gln Glu Leu Glu Asp Gly Gln Tyr Val Asn
1 5 10 15
Leu Gly Ile Gly Met Pro Thr Leu Ile Pro Gly Tyr Leu Pro Glu Gly
20 25 30
Leu Glu Val Ile Leu His Ser Glu Asn Gly Val Leu Gly Val Gly Pro
35 40 45
Tyr Pro Thr Glu Glu Glu Leu Asp Pro Glu Leu Ile Asn Ala Gly Lys
50 55 60
Glu Thr Ile Thr Val Ala Pro Gly Ala Ser Tyr Phe Ser Ser Ser Asp
65 70 75 80
Ser Phe Ala Met Ile Arg Ser Lys Ser Val Asp Val Ala Val Leu Gly
85 90 95
Val Met Glu Val Ser Gln Tyr Gly Asp Leu Ala Asn Trp Met Ile Pro
100 105 110

Gly Lys Leu Val Lys Gly Met Gly Gly Ala Met Asp Leu Val His Gly
115 120 125

Ala Ser Lys Ile Ile Ala Met Thr Asp His Ile Thr Lys Lys Gly Ala
130 135 140

Pro Lys Ile Leu Lys Glu Cys Arg Leu Pro Leu Thr Gly Ala Lys Cys
145 150 155 160

Val Asp Met Ile Val Thr Thr His Ala Val Phe Ser Val Asp Pro Glu
165 170 175

Glu Gly Leu Thr Leu Ile Glu Cys Ala Asp Gly Val Thr Val Glu Glu
180 185 190

Leu Arg Glu Ile Thr Glu Ala Asp Phe Lys Val Ala
195 200

<210> 469
<211> 876
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(853)
<223> RXN01115

<400> 469
ctcaccgcat gcagcgtgaa aacactcagt acggactggc caccatgtgc atcgggtggcg 60

gccagggtct tgcagctgtc tttgaaaagg agaactaaaa atg gct att ttg cac 115
Met Ala Ile Leu His

1 5

agc gtt tcc tac gga act tcc gac aac acc ttg gtg ttc att ggc tcg 163
Ser Val Ser Tyr Gly Thr Ser Asp Asn Thr Leu Val Phe Ile Gly Ser

10 15 20

ttg ggt tcc acc acc gac atg tgg ctg cca cag ctg gat gcc ttg cat 211
Leu Gly Ser Thr Thr Asp Met Trp Leu Pro Gln Leu Asp Ala Leu His

25	30	35	
aag gat ttc cgc gtc atc gct gtt gat cac cgc gga cat ggt ctg tct			259
Lys Asp Phe Arg Val Ile Ala Val Asp His Arg Gly His Gly Leu Ser			
40	45	50	
gaa ctc atc gaa ggc acc ccc act gtg gcg gat ctg gcg cag gat gtg			307
Glu Leu Ile Glu Gly Thr Pro Thr Val Ala Asp Leu Ala Gln Asp Val			
55	60	65	
ctg gat acc ctc gat gac ctg ggt gtc gga aac ttc ggc gtc atc gga			355
Leu Asp Thr Leu Asp Asp Leu Gly Val Gly Asn Phe Gly Val Ile Gly			
70	75	80	85
cta tct ctc ggc gga gcg gtt gca caa tac ttg gcg gcc acc tct gat			403
Leu Ser Leu Gly Gly Ala Val Ala Gln Tyr Leu Ala Ala Thr Ser Asp			
90	95	100	
cgt gtc acc aag gca gca ttc atg tgt acc gct gca aaa ttc ggc gag			451
Arg Val Thr Lys Ala Ala Phe Met Cys Thr Ala Ala Lys Phe Gly Glu			
105	110	115	
ccc cag ggc tgg cta gat cgc gcc gca gcg tgc cgc gaa aac ggc act			499
Pro Gln Gly Trp Leu Asp Arg Ala Ala Ala Cys Arg Glu Asn Gly Thr			
120	125	130	
ggt tct ctg tcc gaa gct gtg atc cag cgc tgg ttc tcc ccc act tgg			547
Gly Ser Leu Ser Glu Ala Val Ile Gln Arg Trp Phe Ser Pro Thr Trp			
135	140	145	
ttg gag aac aac cca gcg tcc cgc gag cac ttc gaa gcc atg gtt gcc			595
Leu Glu Asn Asn Pro Ala Ser Arg Glu His Phe Glu Ala Met Val Ala			
150	155	160	165
ggc acc cca tct gag ggt tac gcg ctg tgc tgc gag gcg ttg gca acc			643
Gly Thr Pro Ser Glu Gly Tyr Ala Leu Cys Cys Glu Ala Leu Ala Thr			
170	175	180	
tgg gat ttc acc gat cgc ctg gga gaa atc acc gtg cca gtg ctc acc			691
Trp Asp Phe Thr Asp Arg Leu Gly Glu Ile Thr Val Pro Val Leu Thr			

185 190 195
 atc gca ggt gcc gat gac ccc tcc act cct cca gca acc gtg cag atc 739
 Ile Ala Gly Ala Asp Asp Pro Ser Thr Pro Pro Ala Thr Val Gln Ile

200 205 210
 att gcc gat ggc gtt ggc ggc gag tcc cgc gca gag gtc cta agc cca 787
 Ile Ala Asp Gly Val Gly Gly Glu Ser Arg Ala Glu Val Leu Ser Pro

215 220 225
 gcc gcg cac gta cca acc gtg gaa cgt cca aac gag gta aat gaa ctg 835
 Ala Ala His Val Pro Thr Val Glu Arg Pro Asn Glu Val Asn Glu Leu

230 235 240 245
 cta gca cag cat ttc gct taatgttgta ggcatgttca caa 876
 Leu Ala Gln His Phe Ala

250

<210> 470
 <211> 251
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 470
 Met Ala Ile Leu His Ser Val Ser Tyr Gly Thr Ser Asp Asn Thr Leu
 1 5 10 15

Val Phe Ile Gly Ser Leu Gly Ser Thr Thr Asp Met Trp Leu Pro Gln
 20 25 30

Leu Asp Ala Leu His Lys Asp Phe Arg Val Ile Ala Val Asp His Arg
 35 40 45

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

Leu Ala Gln Asp Val Leu Asp Thr Leu Asp Asp Leu Gly Val Gly Asn
 65 70 75 80

Phe Gly Val Ile Gly Leu Ser Leu Gly Gly Ala Val Ala Gln Tyr Leu
 85 90 95

Ala Ala Thr Ser Asp Arg Val Thr Lys Ala Ala Phe Met Cys Thr Ala
100 105 110

Ala Lys Phe Gly Glu Pro Gln Gly Trp Leu Asp Arg Ala Ala Ala Cys
115 120 125

Arg Glu Asn Gly Thr Gly Ser Leu Ser Glu Ala Val Ile Gln Arg Trp
130 135 140

Phe Ser Pro Thr Trp Leu Glu Asn Asn Pro Ala Ser Arg Glu His Phe
145 150 155 160

Glu Ala Met Val Ala Gly Thr Pro Ser Glu Gly Tyr Ala Leu Cys Cys
165 170 175

Glu Ala Leu Ala Thr Trp Asp Phe Thr Asp Arg Leu Gly Glu Ile Thr
180 185 190

Val Pro Val Leu Thr Ile Ala Gly Ala Asp Asp Pro Ser Thr Pro Pro
195 200 205

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

Glu Val Leu Ser Pro Ala Ala His Val Pro Thr Val Glu Arg Pro Asn
225 230 235 240

Glu Val Asn Glu Leu Leu Ala Gln His Phe Ala
245 250

<210> 471

<211> 1284

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1261)

<223> RXS00116

<400> 471

cgcggcacgc acgctggggg caagcgtcga caagcacaaa ctttttgctt aattgaatcc 60

tttgcgcacc aatcaatggg ggatcaaata tagtagctgc atg agt aat gac ttc 115
Met Ser Asn Asp Phe

1 5

gtc gtt tct agg ctt aga ccc ttt ggt gaa acg att ttt gca acc atg 163
Val Val Ser Arg Leu Arg Pro Phe Gly Glu Thr Ile Phe Ala Thr Met

10 15 20

acc cag cga gct gtt gag gcg ggt gca atc aat ctt ggt cag ggc ttt 211
Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly Phe

25 30 35

cct gat gag gat ggt cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag 259
Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln

40 45 50

att ctc ggg gga aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg 307
Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser

55 60 65

ttg agg gca gct gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag 355
Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu

70 75 80 85

tac aac cct gat tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg 403
Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala

90 95 100

att acg gcg act gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc 451
Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile

105 110 115

gtt ttg gaa ccg tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg 499
Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala

120 125 130

ggg gcg acg cgg gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg 547
Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp

135	140	145	
gat gtg gat gtc gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg cgg 595			
Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg			
150	155	160	165
atg att atc gtt aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct 643			
Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser			
	170	175	180
aag aag gcg ttg aag cag ttg gcg ggt gtt gct cgt gcg tat gac ttg 691			
Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala Gly Val Ala Arg Ala Tyr Asp Leu			
	185	190	195
ttg gtg ttg tca gat gag gtg tat gag cat ctt gtt ttt gat gat cag 739			
Leu Val Leu Ser Asp Glu Val Tyr Glu His Leu Val Phe Asp Asp Gln			
	200	205	210
aag cat gtg agt gtc gcg aag ctg ccc ggt atg tgg gat cgc acg gtg 787			
Lys His Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Gly Met Trp Asp Arg Thr Val			
	215	220	225
acg gtg tcg tcg gcg gcg aaa acg ttc aat gtg act ggt tgg aag acg 835			
Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val Thr Gly Trp Lys Thr			
230	235	240	245
ggg tgg gcg ttg gca ccg gag ccg ttg ttg gag gcg gtg ttg aag gcg 883			
Gly Trp Ala Leu Ala Pro Glu Pro Leu Leu Glu Ala Val Leu Lys Ala			
	250	255	260
aag cag ttt atg tct tat gtg ggg gct aca cct ttt cag ccg gct gtg 931			
Lys Gln Phe Met Ser Tyr Val Gly Ala Thr Pro Phe Gln Pro Ala Val			
	265	270	275
gcg cat gcg att gaa cat gag cag aag tgg gtg tca aag atg tct aag 979			
Ala His Ala Ile Glu His Glu Gln Lys Trp Val Ser Lys Met Ser Lys			
	280	285	290
ggg ctt gag ctc aag cgg gat att ttg cgt act gcg tta gat aag gcg 1027			
Gly Leu Glu Leu Lys Arg Asp Ile Leu Arg Thr Ala Leu Asp Lys Ala			

295	300	305	
ggg ctg aag act cat gac agt atg ggc acg tat ttc atc gtt gcg gat Gly Leu Lys Thr His Asp Ser Met Gly Thr Tyr Phe Ile Val Ala Asp			1075
310	315	320	325
att ggg gat cgt gat ggt gcg gag ttc tgt ttt gag ttg att gag aag Ile Gly Asp Arg Asp Gly Ala Glu Phe Cys Phe Glu Leu Ile Glu Lys			1123
	330	335	340
gtt ggg gtg gcg gcg att ccg gtg cag gcg ttt gtg gat cat ccg aag Val Gly Val Ala Ala Ile Pro Val Gln Ala Phe Val Asp His Pro Lys			1171
	345	350	355
aag tgg tcg tcg aag gtt cgt ttt gcg ttt tgc aaa aaa gaa gag acg Lys Trp Ser Ser Lys Val Arg Phe Ala Phe Cys Lys Lys Glu Glu Thr			1219
	360	365	370
ctc cgc gaa gct gcg gag cgt ctc aag ggg att aag aaa cta Leu Arg Glu Ala Ala Glu Arg Leu Lys Gly Ile Lys Lys Leu			1261
	375	380	385
tagtttgaac aggttgttgg ggg			1284

<210> 472

<211> 387

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 472

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

Ile	Phe	Ala	Thr	Met	Thr	Gln	Arg	Ala	Val	Glu	Ala	Gly	Ala	Ile	Asn
			20				25					30			

Leu	Gly	Gln	Gly	Phe	Pro	Asp	Glu	Asp	Gly	Pro	Arg	Arg	Met	Leu	Glu
		35					40					45			

Ile	Ala	Ser	Glu	Gln	Ile	Leu	Gly	Gly	Asn	Asn	Gln	Tyr	Ser	Ala	Gly
	50					55					60				

Arg Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu
65 70 75 80

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

Gly Ala Thr Glu Ala Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro
100 105 110

Gly Asp Glu Val Ile Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala
115 120 125

Ala Ile Ala Leu Ala Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu
130 135 140

Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val
145 150 155 160

Thr Lys Lys Thr Arg Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr
165 170 175

Gly Ser Val Phe Ser Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala Gly Val Ala
180 185 190

Arg Ala Tyr Asp Leu Leu Val Leu Ser Asp Glu Val Tyr Glu His Leu
195 200 205

Val Phe Asp Asp Gln Lys His Val Ser Val Ala Lys Leu Pro Gly Met
210 215 220

Trp Asp Arg Thr Val Thr Val Ser Ser Ala Ala Lys Thr Phe Asn Val
225 230 235 240

Thr Gly Trp Lys Thr Gly Trp Ala Leu Ala Pro Glu Pro Leu Leu Glu
245 250 255

Ala Val Leu Lys Ala Lys Gln Phe Met Ser Tyr Val Gly Ala Thr Pro
260 265 270

Phe Gln Pro Ala Val Ala His Ala Ile Glu His Glu Gln Lys Trp Val

10	15	20	
ggt cct cgt cgg atg tta gag atc gcg tcg gag cag att ctc ggg gga Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu Gln Ile Leu Gly Gly			211
25	30	35	
aat aat cag tat tcg gcg ggg cgt ggg gat gct tcg ttg agg gca gct Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala Ser Leu Arg Ala Ala			259
40	45	50	
gtg gct cgt gat cat ttg gag agg ttt gat ctg gag tac aac cct gat Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu Glu Tyr Asn Pro Asp			307
55	60	65	
tcg gag gtg ttg atc acg gtg ggg gcc act gag gcg att acg gcg act Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu Ala Ile Thr Ala Thr			355
70	75	80	85
gtg ttg ggt ttg gtg gag cct ggg gat gaa gtg atc gtt ttg gaa ccg Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val Ile Val Leu Glu Pro			403
90	95	100	
tat tac gat gcg tat gcg gcg gct att gcg ttg gcg ggg gcg acg cgg Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu Ala Gly Ala Thr Arg			451
105	110	115	
gtg gcg gtt cct ttg cag gag gtg gag aac tcg tgg gat gtg gat gtc Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser Trp Asp Val Asp Val			499
120	125	130	
gat aag ttg cat gcg gcg gtg act aag aag acg cgg atg att atc gtt Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr Arg Met Ile Ile Val			547
135	140	145	
aat tcg ccg cat aat ccg acg ggt tcg gtg ttt tct aag aag gcg ttg Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe Ser Lys Lys Ala Leu			595
150	155	160	165
aag cag ttg gcg Lys Gln Leu Ala			607

<210> 474

<211> 169

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 474

Met Thr Gln Arg Ala Val Glu Ala Gly Ala Ile Asn Leu Gly Gln Gly
1 5 10 15

Phe Pro Asp Glu Asp Gly Pro Arg Arg Met Leu Glu Ile Ala Ser Glu
20 25 30

Gln Ile Leu Gly Gly Asn Asn Gln Tyr Ser Ala Gly Arg Gly Asp Ala
35 40 45

Ser Leu Arg Ala Ala Val Ala Arg Asp His Leu Glu Arg Phe Asp Leu
50 55 60

Glu Tyr Asn Pro Asp Ser Glu Val Leu Ile Thr Val Gly Ala Thr Glu
65 70 75 80

Ala Ile Thr Ala Thr Val Leu Gly Leu Val Glu Pro Gly Asp Glu Val
85 90 95

Ile Val Leu Glu Pro Tyr Tyr Asp Ala Tyr Ala Ala Ala Ile Ala Leu
100 105 110

Ala Gly Ala Thr Arg Val Ala Val Pro Leu Gln Glu Val Glu Asn Ser
115 120 125

Trp Asp Val Asp Val Asp Lys Leu His Ala Ala Val Thr Lys Lys Thr
130 135 140

Arg Met Ile Ile Val Asn Ser Pro His Asn Pro Thr Gly Ser Val Phe
145 150 155 160

Ser Lys Lys Ala Leu Lys Gln Leu Ala
165

<210> 475
 <211> 843
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(820)
 <223> RXS00391

<400> 475
 atctttaga tcccaccgca attctgggag atctcgagga cgcaatctct ggaagaaaac 60

tttctctccc atccctgtac aagataaaaac ccgtgcacag ttg ctg cgc gat tct 115
 Leu Leu Arg Asp Ser

1 5

caa cga gtt ggc ctc gcc atc gat cct tcg atc gct ttg gtg atg gcc 163
 Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile Ala Leu Val Met Ala

10 15 20

act tct ggt tct aca ggt acc ccg aag ggc gct cag ctc act ccg ttg 211
 Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala Gln Leu Thr Pro Leu

25 30 35

aat ttg gtg agt tcc gcc gat gct acg cat cag ttt tta ggt ggc gaa 259
 Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln Phe Leu Gly Gly Glu

40 45 50

ggc cag tgg ttg ctt gcc atg cca gca cac cac att gca ggc atg cag 307
 Gly Gln Trp Leu Leu Ala Met Pro Ala His His Ile Ala Gly Met Gln

55 60 65

gtg ctt ctt cga agc ctc att gct gga gtt gag cca cta gct att gat 355
 Val Leu Leu Arg Ser Leu Ile Ala Gly Val Glu Pro Leu Ala Ile Asp

70 75 80 85

ctc agc aca ggt ttt cac att gac gct ttc gca ggc gcc gcg gca gaa 403
 Leu Ser Thr Gly Phe His Ile Asp Ala Phe Ala Gly Ala Ala Ala Glu

90 95 100

ctg aaa aat acc ggc gac cgc gtc tat aca tcc ttg act cca atg cag 451

Leu Lys Asn Thr Gly Asp Arg Val Tyr Thr Ser Leu Thr Pro Met Gln
105 110 115

tta ctt aaa gca atg gac tcc ttg caa ggc att gaa gcc ctg aaa ctt 499
Leu Leu Lys Ala Met Asp Ser Leu Gln Gly Ile Glu Ala Leu Lys Leu

120 125 130

ttt gat gtc att ctt gtt ggc ggt gct gca ttg tct aag cag gcc cga 547
Phe Asp Val Ile Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu Ser Lys Gln Ala Arg

135 140 145

att tct gcg gag cag cta gac atc aac att gtc acc acc tac ggc tcc 595
Ile Ser Ala Glu Gln Leu Asp Ile Asn Ile Val Thr Thr Tyr Gly Ser

150 155 160 165

tca gag act tca ggt ggc tgc gtt tat gat ggc aag ccc att ccc ggc 643
Ser Glu Thr Ser Gly Gly Cys Val Tyr Asp Gly Lys Pro Ile Pro Gly

170 175 180

gcg aaa gtc cgt att tcg gat gag cgc att gag ttg ggt ggc ccg atg 691
Ala Lys Val Arg Ile Ser Asp Glu Arg Ile Glu Leu Gly Gly Pro Met

185 190 195

att gcg cag ggc tac aga aat gca cct gaa cat ccg gat ttc gcc aac 739
Ile Ala Gln Gly Tyr Arg Asn Ala Pro Glu His Pro Asp Phe Ala Asn

200 205 210

gag ggt tgg ttt acc acc tct gat tca ggt gaa ctc cac gac ggg att 787
Glu Gly Trp Phe Thr Thr Ser Asp Ser Gly Glu Leu His Asp Gly Ile

215 220 225

ctc acc gtg act ggt cgc gtg gat acc cgt cat tgattccggt ggattgaagt 840
Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His

230 235 240

tgc 843

<210> 476
<211> 240
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 476

Leu Leu Arg Asp Ser Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile
1 5 10 15

Ala Leu Val Met Ala Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala
20 25 30

Gln Leu Thr Pro Leu Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln
35 40 45

Phe Leu Gly Gly Glu Gly Gln Trp Leu Leu Ala Met Pro Ala His His
50 55 60

Ile Ala Gly Met Gln Val Leu Leu Arg Ser Leu Ile Ala Gly Val Glu
65 70 75 80

Pro Leu Ala Ile Asp Leu Ser Thr Gly Phe His Ile Asp Ala Phe Ala
85 90 95

Gly Ala Ala Ala Glu Leu Lys Asn Thr Gly Asp Arg Val Tyr Thr Ser
100 105 110

Leu Thr Pro Met Gln Leu Leu Lys Ala Met Asp Ser Leu Gln Gly Ile
115 120 125

Glu Ala Leu Lys Leu Phe Asp Val Ile Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu
130 135 140

Ser Lys Gln Ala Arg Ile Ser Ala Glu Gln Leu Asp Ile Asn Ile Val
145 150 155 160

Thr Thr Tyr Gly Ser Ser Glu Thr Ser Gly Gly Cys Val Tyr Asp Gly
165 170 175

Lys Pro Ile Pro Gly Ala Lys Val Arg Ile Ser Asp Glu Arg Ile Glu
180 185 190

Leu Gly Gly Pro Met Ile Ala Gln Gly Tyr Arg Asn Ala Pro Glu His
195 200 205

Pro Asp Phe Ala Asn Glu Gly Trp Phe Thr Thr Ser Asp Ser Gly Glu
210 215 220

Leu His Asp Gly Ile Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His
225 230 235 240

<210> 477
<211> 1017
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(994)
<223> RXS00393

<400> 477
tctattcatt tcacaatagc gtttcacact ccccatagc ctgccgaacg tatttcaagc 60

aattgcgcga tcgagtatgt gatggggaaa gatagaggtt atg tct cac acg gaa 115
Met Ser His Thr Glu
1 5

ccc cag ccg aat tct gta act ttg tcc gat tgg att caa ggc gca cgc 163
Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp Ile Gln Gly Ala Arg
10 15 20

ccg cgt acc tgg gca aat gcg ttc gcg cct gtc att gcc ggt tca ggt 211
Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly
25 30 35

gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg 259
Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala
40 45 50

ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat 307
Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp

55	60	65	
tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac cgc acc ggt cct ctg			355
Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu			
70	75	80	85
cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg			403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala			
	90	95	100
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc ggc acc gcg ctg agc			451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser			
	105	110	115
ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc ggc atc ctg tgt gtg ctg			499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu			
	120	125	130
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg			547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly			
	135	140	145
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg			595
Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met			
150	155	160	165
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc			643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala			
	170	175	180
gcc gca gtt ggc gtg ggg tcg atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac			691
Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn			
	185	190	195
aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc ctc			739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu			
	200	205	210
gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg			787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu			

215	220	225	
att tcc acg ccg ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg			835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp			
230	235	240	245
cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca			883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala			
	250	255	260
ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccc gtc atc			931
Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Val Ile			
	265	270	275
ggc tca aca ggg cgc gcc atg gcg ttg tgg gcc gtg ctc acg ggc ctg			979
Gly Ser Thr Gly Arg Ala Met Ala Leu Trp Ala Val Leu Thr Gly Leu			
	280	285	290
gca tta gcg ttt agc taaaacgctt ttcgacgtc ccc			1017
Ala Leu Ala Phe Ser			

295

<210> 478
<211> 298
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 478
Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp
1 5 10 15

Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
20 25 30

Ile Ala Gly Ser Gly Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp
35 40 45

Lys Ala Leu Leu Ala Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val
50 55 60

Asn Tyr Ala Asn Asp Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp

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

290

295

<210> 479

<211> 1005

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(982)

<223> FRXA00393

<400> 479

tctattcatt tcacaatagc gtttcacact ccccatagc ctgccgaacg tatttcaagc 60

aattgcgcga tcgagtatgt gatggggaaa gatagaggtt atg tct cac acg gaa 115
Met Ser His Thr Glu

1 5

ccc cag ccg aat tct gta act ttg tcc gat tgg att caa ggc gca cgc 163
Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp Ile Gln Gly Ala Arg

10 15 20

ccg cgt acc tgg gca aat gcg ttc gcg cct gtc att gcc ggt tca ggt 211
Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly

25 30 35

gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg 259
Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala

40 45 50

ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat 307
Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp

55 60 65

tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac cgc acc ggt cct ctg 355
Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu

70 75 80 85

cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg 403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala

90	95	100	
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc ggc acc gcg ctg agc			451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser			
105	110	115	
ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc ggc atc ctg tgt gtg ctg			499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu			
120	125	130	
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg			547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly			
135	140	145	
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg			595
Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met			
150	155	160	165
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc			643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala			
170	175	180	
gcc gca gtt ggc gtg ggg tcg atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac			691
Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn			
185	190	195	
aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc ctc			739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu			
200	205	210	
gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg			787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu			
215	220	225	
att tcc acg ccg ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg			835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp			
230	235	240	245
cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca			883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala			

250 255 260
 ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccg tca tcg 931
 Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Ser Ser

265 270 275
 gct caa cag ggc gcg cca tgg cgt tgt ggg ccg tgc tca cgg gcc tgg 979
 Ala Gln Gln Gly Ala Pro Trp Arg Cys Gly Pro Cys Ser Arg Ala Trp

280 285 290
 cat tagcgttttag ctaaaacgct ttt 1005
 His

<210> 480
 <211> 294
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 480
 Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp
 1 5 10 15

Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
 20 25 30

Ile Ala Gly Ser Gly Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp
 35 40 45

Lys Ala Leu Leu Ala Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val
 50 55 60

Asn Tyr Ala Asn Asp Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp
 65 70 75 80

Arg Thr Gly Pro Leu Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys
 85 90 95

Lys Val Lys Ala Ala Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala
 100 105 110

Gly Thr Ala Leu Ser Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly
115 120 125

Ile Leu Cys Val Leu Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro
130 135 140

Tyr Gly Tyr Arg Gly Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly
145 150 155 160

Leu Val Ala Val Met Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser
165 170 175

Trp Ala Gly Leu Ala Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly
180 185 190

Val Asn Leu Ala Asn Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr
195 200 205

Gly Lys Ile Thr Leu Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys
210 215 220

Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu
225 230 235 240

Ala Phe Val Ala Trp Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu
245 250 255

Ala Leu Lys Ala Ala Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp
260 265 270

Leu Ile Pro Ser Ser Ala Gln Gln Gly Ala Pro Trp Arg Cys Gly Pro
275 280 285

Cys Ser Arg Ala Trp His
290

<210> 481

<211> 987

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(964)
 <223> RXS00446

<400> 481

tgctacgaag ttatctagta atgaagttag tttttccct ctcccgagcag cagttgatgc 60

ggtgacggag gctacttggg gggctaactg gtaccggat atg ggt gcg gtt gag 115
 Met Gly Ala Val Glu

1 5

ctc cgt gag gct ctt gca gag cat tta gag gtt gag ttt gac cag gtc 163
 Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu His Leu Glu Val Glu Phe Asp Gln Val

10 15 20

acg gta ggt tgc ggc tcg tct gcg ctg tgt caa cag ctg gtt cag gca 211
 Thr Val Gly Cys Gly Ser Ser Ala Leu Cys Gln Gln Leu Val Gln Ala

25 30 35

acg tgc gct cag ggc gat gag gtc att ttt cca tgg cgc agc ttt gag 259
 Thr Cys Ala Gln Gly Asp Glu Val Ile Phe Pro Trp Arg Ser Phe Glu

40 45 50

gct tat cca att ttc gcg cag gtc gcg ggc gcc act cct gtt gcc att 307
 Ala Tyr Pro Ile Phe Ala Gln Val Ala Gly Ala Thr Pro Val Ala Ile

55 60 65

ccg ctg act gct gat cag aat cat gat ctt gat gcg atg gca gcc gcg 355
 Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp Ala Met Ala Ala Ala

70 75 80 85

atc act gat aag acc cgc ctc att ttc atc tgc aac ccc aac aat cct 403
 Ile Thr Asp Lys Thr Arg Leu Ile Phe Ile Cys Asn Pro Asn Asn Pro

90 95 100

tcg ggc acc acc atc acc cag gcg cag ttt gat aat ttc atg gaa aag 451
 Ser Gly Thr Thr Ile Thr Gln Ala Gln Phe Asp Asn Phe Met Glu Lys

105 110 115

gtt cca aac gat gtc gtt gtt ggg ctg gat gag gct tat ttt gag ttc 499
 Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr Phe Glu Phe

120	125	130	
aac cgc gcg gac gac acc cca gtt gcc act gag gaa atc cac cgc cac			547
Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile His Arg His			
135	140	145	
gac aac gtg att ggt ttg cgc acg ttc tcc aag gcg tat ggc ctg gcg			595
Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr Gly Leu Ala			
150	155	160	165
ggc ttg cgt gtt ggt tac gcc ttc gga aac gca gag atc atc gca gcg			643
Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile Ile Ala Ala			
170	175	180	
atg aat aag gtg gct att cct ttc gcg gtg aat tca gca gct cag gcg			691
Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala Ala Gln Ala			
185	190	195	
gca gcg ctt gcg agt ttg aat tct gcc gat gag ttg atg gaa cgg gtg			739
Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met Glu Arg Val			
200	205	210	
gag gaa acc gtc gaa aag cgt gat gct gtg gtg tca gcg ctt ggt gct			787
Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala Leu Gly Ala			
215	220	225	
gcg ccg acg cag gcc aat ttc gtc tgg ctg ccg ggc gag ggc gcc gct			835
Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu Gly Ala Ala			
230	235	240	245
gag ttg gcg gct aaa ttg gcc gag cac ggc atc gtg att cgc gcg ttc			883
Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile Arg Ala Phe			
250	255	260	
ccc gag ggt gcg cgc att tcg gtg acc aac gcc gag gaa act gac aag			931
Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu Thr Asp Lys			
265	270	275	
ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg tagtcttttgg cgttttgcgg			984
Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly			

280

285

tgc

987

<210> 482

<211> 288

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 482

Met Gly Ala Val Glu Leu Arg Glu Ala Leu Ala Glu His Leu Glu Val
1 5 10 15

Glu Phe Asp Gln Val Thr Val Gly Cys Gly Ser Ser Ala Leu Cys Gln
20 25 30

Gln Leu Val Gln Ala Thr Cys Ala Gln Gly Asp Glu Val Ile Phe Pro
35 40 45

Trp Arg Ser Phe Glu Ala Tyr Pro Ile Phe Ala Gln Val Ala Gly Ala
50 55 60

Thr Pro Val Ala Ile Pro Leu Thr Ala Asp Gln Asn His Asp Leu Asp
65 70 75 80

Ala Met Ala Ala Ala Ile Thr Asp Lys Thr Arg Leu Ile Phe Ile Cys
85 90 95

Asn Pro Asn Asn Pro Ser Gly Thr Thr Ile Thr Gln Ala Gln Phe Asp
100 105 110

Asn Phe Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu
115 120 125

Ala Tyr Phe Glu Phe Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu
130 135 140

Glu Ile His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys
145 150 155 160

Ala Tyr Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala

165 170 175

Glu Ile Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn
180 185 190

Ser Ala Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu
195 200 205

Leu Met Glu Arg Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val
210 215 220

Ser Ala Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro
225 230 235 240

Gly Glu Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile
245 250 255

Val Ile Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala
260 265 270

Glu Glu Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly
275 280 285

<210> 483
<211> 545
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(522)
<223> FRXA00446

<400> 483
atg gaa aag gtt cca aac gat gtc gtt gtt ggg ctg gat gag gct tat 48
Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr

1 5 10 15

ttt gag ttc aac cgc gcg gac gac acc cca gtt gcc act gag gaa atc 96

Phe Glu Phe Asn Arg Ala Asp Asp Thr Pro Val Ala Thr Glu Glu Ile	
20	25
30	
cac cgc cac gac aac gtg att ggt ttg cgc acg ttc tcc aag gcg tat	144
His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr	
35	40
45	
ggc ctg gcg ggc ttg cgt gtt ggt tac gcc ttc gga aac gca gag atc	192
Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile	
50	55
60	
atc gca gcg atg aat aag gtg gct att cct ttc gcg gtg aat tca gca	240
Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala	
65	70
75	80
gct cag gcg gca gcg ctt gcg agt ttg aat tct gcc gat gag ttg atg	288
Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met	
85	90
95	
gaa cgg gtg gag gaa acc gtc gaa aag cgt gat gct gtg gtg tca gcg	336
Glu Arg Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala	
100	105
110	
ctt ggt gct gcg ccg acg cag gcc aat ttc gtc tgg ctg ccg ggc gag	384
Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu	
115	120
125	
ggc gcc gct gag ttg gcg gct aaa ttg gcc gag cac ggc atc gtg att	432
Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile	
130	135
140	
cgc gcg ttc ccc gag ggt gcg cgc att tcg gtg acc aac gcc gag gaa	480
Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu	
145	150
155	160
act gac aag ctg ctg cgc gcg tgg gag gcc atc aat gct ggg	522
Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly	
165	170
tagtctttgg cgttttgcgg tgc	545

<210> 484

<211> 174

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 484

Met Glu Lys Val Pro Asn Asp Val Val Val Gly Leu Asp Glu Ala Tyr
1 5 10 15

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

His Arg His Asp Asn Val Ile Gly Leu Arg Thr Phe Ser Lys Ala Tyr
35 40 45

Gly Leu Ala Gly Leu Arg Val Gly Tyr Ala Phe Gly Asn Ala Glu Ile
50 55 60

Ile Ala Ala Met Asn Lys Val Ala Ile Pro Phe Ala Val Asn Ser Ala
65 70 75 80

Ala Gln Ala Ala Ala Leu Ala Ser Leu Asn Ser Ala Asp Glu Leu Met
85 90 95

Glu Arg Val Glu Glu Thr Val Glu Lys Arg Asp Ala Val Val Ser Ala
100 105 110

Leu Gly Ala Ala Pro Thr Gln Ala Asn Phe Val Trp Leu Pro Gly Glu
115 120 125

Gly Ala Ala Glu Leu Ala Ala Lys Leu Ala Glu His Gly Ile Val Ile
130 135 140

Arg Ala Phe Pro Glu Gly Ala Arg Ile Ser Val Thr Asn Ala Glu Glu
145 150 155 160

Thr Asp Lys Leu Leu Arg Ala Trp Glu Ala Ile Asn Ala Gly
165 170

<210> 485

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

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1207)
 <223> RXS00618

<400> 485
 gctgcattag agggctcgat ctcgatctaa aagcagtacg cagataggct tgtctcttat 60

gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgctc atg cag atg ttg gac 115
 Met Gln Met Leu Asp

1 5

cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163
 Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10 15 20

gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca 211
 Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala

25 30 35

gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt 259
 Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly

40 45 50

gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat 307
 Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr

55 60 65

gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca 355
 Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser

70 75 80 85

ggt gga ttc gtg gca tcg ttt atc gcc acc ttg gat cac ggg gat tat 403
 Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr Leu Asp His Gly Asp Tyr

90 95 100

gtg gca atg cct acc ccg ggg tac ccg gca tat cgc aat att ctg gaa 451
 Val Ala Met Pro Thr Pro Gly Tyr Pro Ala Tyr Arg Asn Ile Leu Glu

105	110	115	
tct ttg ggg gcg aag gtt ctg aac ctg cgc tgt act gca gag act cgt			499
Ser Leu Gly Ala Lys Val Leu Asn Leu Arg Cys Thr Ala Glu Thr Arg			
120	125	130	
ttc cag cca acc gct caa atg ttg gag gaa ctg cca cac aag ccg aag			547
Phe Gln Pro Thr Ala Gln Met Leu Glu Glu Leu Pro His Lys Pro Lys			
135	140	145	
gct gtt att gtc acc agc cca gga aac cca acg ggc acc atc att gat			595
Ala Val Ile Val Thr Ser Pro Gly Asn Pro Thr Gly Thr Ile Ile Asp			
150	155	160	165
ccg gaa gag cta gag cgc atc gcc aag tgg tgc gat gac aat gat gct			643
Pro Glu Glu Leu Glu Arg Ile Ala Lys Trp Cys Asp Asp Asn Asp Ala			
170	175	180	
gtt ctt atc tct gat gag gac tac cac ggc atg agc ttt ggt cgt ccg			691
Val Leu Ile Ser Asp Glu Asp Tyr His Gly Met Ser Phe Gly Arg Pro			
185	190	195	
ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt acc			739
Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly Thr			
200	205	210	
ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc atc			787
Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile Ile			
215	220	225	
gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct ctt			835
Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser Leu			
230	235	240	245
tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc ttc			883
Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala Phe			
250	255	260	
act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat cgc			931
Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr Arg			

265	270	275	
gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt ggc			979
Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu Gly			
280	285	290	
act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt tct			1027
Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val Ser			
295	300	305	
gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat gaa			1075
Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp Glu			
310	315	320	325
gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa ggc			1123
Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu Gly			
330	335	340	
cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc att			1171
His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr Ile			
345	350	355	
gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac			1217
Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys			
360	365		
taggttagtt tcg			1230

<210> 486
 <211> 369
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 486
 Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp
 1 5 10 15

Thr Leu Met Phe Cys Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala
 20 25 30

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

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

260 265 270

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

Glu Ile Gly Leu Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu
290 295 300

Trp Val Asp Val Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu
305 310 315 320

Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe
325 330 335

Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser
340 345 350

Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys
355 360 365

Lys

<210> 487
<211> 657
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(634)
<223> FRXA00618

<400> 487
cccaacgggc accatcattg atccggaaga gctagagcgc atcgccaagt ggtgcgatga 60

caatgatgct gttcttatct ctgatgagga ctaccacggc atg agc ttt ggt cgt 115
Met Ser Phe Gly Arg

1 5

ccg ctg gca act gcg cat cag ttt tcc aag aac gcc atc gtg gtg ggt 163
Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn Ala Ile Val Val Gly

10	15	20	
acc ttg tcc aag tac ttc tcc atg acg ggt tgg cgc gtg ggt tgg atc	211		
Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp Arg Val Gly Trp Ile			
25	30	35	
atc gtt cca gat gag ctg gtc aca ccg att gaa aac ctg cag gct tct	259		
Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu Asn Leu Gln Ala Ser			
40	45	50	
ctt tcc ttg tgt gct cct gcc atc ggg cag gct gcg gga cgc gca gcc	307		
Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala Ala Gly Arg Ala Ala			
55	60	65	
ttc act ttg gag gct ggg gcc gaa ctt gat gcc cac gtt gaa gcg tat	355		
Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala His Val Glu Ala Tyr			
70	75	80	85
cgc gag gcc cgg gag gtg ttc gtc gat aag ctc cct gaa atc ggg ctt	403		
Arg Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu Pro Glu Ile Gly Leu			
90	95	100	
ggc act ttc gcc gac ccg gat ggc ggc ctg tat ttg tgg gtc gat gtt	451		
Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr Leu Trp Val Asp Val			
105	110	115	
tct gca tac acc gat gat tca gag gaa tgg gca ttg cgt ttg ctc gat	499		
Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala Leu Arg Leu Leu Asp			
120	125	130	
gaa gcg ggc gtg gcc gtc gcg ccg ggt gtt gat ttt gat cct gag gaa	547		
Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp Phe Asp Pro Glu Glu			
135	140	145	
ggc cac aag tgg att cgt ttg agc ctg tgc gcg tca aag gaa gac acc	595		
Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala Ser Lys Glu Asp Thr			
150	155	160	165
att gaa ggt gtg cgc aaa atc gga gaa ttc atc aaa aaa tagcagcgac	644		
Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile Lys Lys			

170

175

taggttagtt tcg

657

<210> 488

<211> 178

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 488

Met Ser Phe Gly Arg Pro Leu Ala Thr Ala His Gln Phe Ser Lys Asn
1 5 10 15

Ala Ile Val Val Gly Thr Leu Ser Lys Tyr Phe Ser Met Thr Gly Trp
20 25 30

Arg Val Gly Trp Ile Ile Val Pro Asp Glu Leu Val Thr Pro Ile Glu
35 40 45

Asn Leu Gln Ala Ser Leu Ser Leu Cys Ala Pro Ala Ile Gly Gln Ala
50 55 60

Ala Gly Arg Ala Ala Phe Thr Leu Glu Ala Gly Ala Glu Leu Asp Ala
65 70 75 80

His Val Glu Ala Tyr Arg Glu Ala Arg Glu Val Phe Val Asp Lys Leu
85 90 95

Pro Glu Ile Gly Leu Gly Thr Phe Ala Asp Pro Asp Gly Gly Leu Tyr
100 105 110

Leu Trp Val Asp Val Ser Ala Tyr Thr Asp Asp Ser Glu Glu Trp Ala
115 120 125

Leu Arg Leu Leu Asp Glu Ala Gly Val Ala Val Ala Pro Gly Val Asp
130 135 140

Phe Asp Pro Glu Glu Gly His Lys Trp Ile Arg Leu Ser Leu Cys Ala
145 150 155 160

Ser Lys Glu Asp Thr Ile Glu Gly Val Arg Lys Ile Gly Glu Phe Ile

165

170

175

Lys Lys

<210> 489

<211> 385

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(385)

<223> FRXA00627

<400> 489

gctgcattag agggtcgtat ctcgatctaa aagcagtacg cagataggct tgtctcttat 60

gaagccaagc actagaagca atgttcagcc gtttcgcgtc atg cag atg ttg gac 115
Met Gln Met Leu Asp

1

5

cga gtc cac cgt cgc agg cgc gaa ggc aaa gac acc tta atg ttc tgc 163
Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp Thr Leu Met Phe Cys

10

15

20

gct ggc cag ccg tca act ggt gcg cca gaa gca gtc atc gaa gaa gca 211
Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala Val Ile Glu Glu Ala

25

30

35

gag atc gct ctt cgc tcg ggt cct ttg gga tac acc gag gtg att ggt 259
Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr Thr Glu Val Ile Gly

40

45

50

gat cgt gag ttc cgt gaa cgc atc gcc gat tgg cac tct gct act tat 307
Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp His Ser Ala Thr Tyr

55

60

65

gac gta gac acc aac cct gac aat gtt att gtc acc acc ggt tct tca 355
Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val Thr Thr Gly Ser Ser

70

75

80

85

ggt gga ttc gtg gca tcg ttt atc gcc acc 385
Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr

90 95

<210> 490

<211> 95

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 490

Met Gln Met Leu Asp Arg Val His Arg Arg Arg Arg Glu Gly Lys Asp
1 5 10 15

Thr Leu Met Phe Cys Ala Gly Gln Pro Ser Thr Gly Ala Pro Glu Ala
20 25 30

Val Ile Glu Glu Ala Glu Ile Ala Leu Arg Ser Gly Pro Leu Gly Tyr
35 40 45

Thr Glu Val Ile Gly Asp Arg Glu Phe Arg Glu Arg Ile Ala Asp Trp
50 55 60

His Ser Ala Thr Tyr Asp Val Asp Thr Asn Pro Asp Asn Val Ile Val
65 70 75 80

Thr Thr Gly Ser Ser Gly Gly Phe Val Ala Ser Phe Ile Ala Thr
85 90 95

<210> 491

<211> 1221

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1198)

<223> RXS01105

<400> 491

ttgtcatcaa ctttgccaac gccgaagatc ttccagcgca cggcgaagca atccgtgcac 60

gctttgaaaa cctccccacc accgacgagg cctaagaaaa atg acc aaa att act 115
Met Thr Lys Ile Thr

	1	5	
ttg agc gat ttg cca ttg cgt gaa gaa ctg cgc ggt gag cac gct tac			163
Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg Gly Glu His Ala Tyr			
	10	15	20
ggc gca ccc cag ctc aac gtt gat att cgc ctc aac acc aac gaa aac			211
Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu Asn Thr Asn Glu Asn			
	25	30	35
cct tac cca ccg tca gag gca ttg gtc gct gac ttg gtt gcc acc gtg			259
Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu Val Ala Asp Leu Val Ala Thr Val			
	40	45	50
gat aag atc gcc acc gag ctg aac cgc tac cca gag cgc gat gct gtg			307
Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro Glu Arg Asp Ala Val			
	55	60	65
gaa ctg cgt gat gag ttg gct gcg tac atc acc aag caa acc ggc gtg			355
Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr Lys Gln Thr Gly Val			
	70	75	80
			85
gct gtc acc agg gat aac ctg tgg gct gcc aat ggt tcc aat gaa att			403
Ala Val Thr Arg Asp Asn Leu Trp Ala Ala Asn Gly Ser Asn Glu Ile			
	90	95	100
ctg cag cag ctg ctg cag gct ttt ggt gga cct gga cgc acc gcg ttg			451
Leu Gln Gln Leu Leu Gln Ala Phe Gly Gly Pro Gly Arg Thr Ala Leu			
	105	110	115
gga ttc caa ccc agc tat tcc atg cac cca att ttg gct aaa ggc acc			499
Gly Phe Gln Pro Ser Tyr Ser Met His Pro Ile Leu Ala Lys Gly Thr			
	120	125	130
cac act gaa ttc att gcg gtg tcc cga ggt gct gat ttc cgc atc gat			547
His Thr Glu Phe Ile Ala Val Ser Arg Gly Ala Asp Phe Arg Ile Asp			
	135	140	145
atg gat gtg gcg ctg gaa gaa att cgt gca aag cag cct gac att gtt			595
Met Asp Val Ala Leu Glu Glu Ile Arg Ala Lys Gln Pro Asp Ile Val			

150	155	160	165	
t t t g t c a c c a c c c g a a c a a c c c g a c c g g t g a t g t g a c c t c g c t g g a c				643
P h e V a l T h r T h r P r o A s n A s n P r o T h r G l y A s p V a l T h r S e r L e u A s p				
	170	175	180	
g a t g t t g a g c g c a t c a t c a a c g t t g c c c a g g c a t c g t g a t c g t g g a t				691
A s p V a l G l u A r g I l e I l e A s n V a l A l a P r o G l y I l e V a l I l e V a l A s p				
	185	190	195	
g a a g c t t a t g c g g a a t t c t c c c a t c a c c t t c a g c a a c c a c t c t t c t g				739
G l u A l a T y r A l a G l u P h e S e r P r o S e r P r o S e r A l a T h r T h r L e u L e u				
	200	205	210	
g a g a a g t a c c c a a c c a a g c t g g t g g t g t c c g c a c c a t g a g t a a g g c t				787
G l u L y s T y r P r o T h r L y s L e u V a l V a l S e r A r g T h r M e t S e r L y s A l a				
	215	220	225	
t t t g a t t t c g c a g g t g g a c g c c t c g g c t a c t t c g t g g c c a a c c c a g c g				835
P h e A s p P h e A l a G l y G l y A r g L e u G l y T y r P h e V a l A l a A s n P r o A l a				
230	235	240	245	
t t t a t c g a c g c c g t g a t g c t a g t c c g c g c c t t c c g t a t c a t c t t t c a g c g				883
P h e I l e A s p A l a V a l M e t L e u V a l A r g L e u P r o T y r H i s L e u S e r A l a				
	250	255	260	
c t g a g c c a a g c a g c c g a a t c g t a g c g c t g c g t c a c t c c g c t g a c a c g				931
L e u S e r G l n A l a A l a A l a I l e V a l A l a L e u A r g H i s S e r A l a A s p T h r				
	265	270	275	
c t g g g a a c c g t c g a a a a g c t c t c t g t a g a g c g t g t t c g c g t g g c a g c a				979
L e u G l y T h r V a l G l u L y s L e u S e r V a l G l u A r g V a l A r g V a l A l a A l a				
	280	285	290	
c g c t t g g a g g a a c t g g g c t a c g c t g t g g t t c c a a g t g a g t c c a a c t t t				1027
A r g L e u G l u G l u L e u G l y T y r A l a V a l V a l P r o S e r G l u S e r A s n P h e				
	295	300	305	
g t g t t c t t t g g a g a t t t c t c c g a t c a g c a c g c g g c a t g g c a g g c a t t t				1075
V a l P h e P h e G l y A s p P h e S e r A s p G l n H i s A l a A l a T r p G l n A l a P h e				

310	315	320	325	
ttg gat agg gga gtg ctc atc cgc gat	gtg gga atc gct ggg cac ttg	1123		
Leu Asp Arg Gly Val	Leu Ile Arg Asp Val Gly Ile Ala Gly His Leu			

330 335 340

cgc act acc att ggt gtg cct gag gaa aat gat gcg ttt ttg gac gca 1171
Arg Thr Thr Ile Gly Val Pro Glu Glu Asn Asp Ala Phe Leu Asp Ala

345 350 355

gct gca gag atc atc aag ctg aac ctg taagagagaa gaatttttca 1218
Ala Ala Glu Ile Ile Lys Leu Asn Leu

360 365

t ga 1221

<210> 492
<211> 366
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 492
Met Thr Lys Ile Thr Leu Ser Asp Leu Pro Leu Arg Glu Glu Leu Arg
1 5 10 15

Gly Glu His Ala Tyr Gly Ala Pro Gln Leu Asn Val Asp Ile Arg Leu
20 25 30

Asn Thr Asn Glu Asn Pro Tyr Pro Pro Ser Glu Ala Leu Val Ala Asp
35 40 45

Leu Val Ala Thr Val Asp Lys Ile Ala Thr Glu Leu Asn Arg Tyr Pro
50 55 60

Glu Arg Asp Ala Val Glu Leu Arg Asp Glu Leu Ala Ala Tyr Ile Thr
65 70 75 80

Lys Gln Thr Gly Val Ala Val Thr Arg Asp Asn Leu Trp Ala Ala Asn
85 90 95

Gly Ser Asn Glu Ile Leu Gln Gln Leu Leu Gln Ala Phe Gly Gly Pro

100	105	110
Gly Arg Thr Ala Leu Gly Phe Gln Pro Ser Tyr Ser Met His Pro Ile		
115	120	125
Leu Ala Lys Gly Thr His Thr Glu Phe Ile Ala Val Ser Arg Gly Ala		
130	135	140
Asp Phe Arg Ile Asp Met Asp Val Ala Leu Glu Glu Ile Arg Ala Lys		
145	150	155
Gln Pro Asp Ile Val Phe Val Thr Thr Pro Asn Asn Pro Thr Gly Asp		
165	170	175
Val Thr Ser Leu Asp Asp Val Glu Arg Ile Ile Asn Val Ala Pro Gly		
180	185	190
Ile Val Ile Val Asp Glu Ala Tyr Ala Glu Phe Ser Pro Ser Pro Ser		
195	200	205
Ala Thr Thr Leu Leu Glu Lys Tyr Pro Thr Lys Leu Val Val Ser Arg		
210	215	220
Thr Met Ser Lys Ala Phe Asp Phe Ala Gly Gly Arg Leu Gly Tyr Phe		
225	230	235
Val Ala Asn Pro Ala Phe Ile Asp Ala Val Met Leu Val Arg Leu Pro		
245	250	255
Tyr His Leu Ser Ala Leu Ser Gln Ala Ala Ala Ile Val Ala Leu Arg		
260	265	270
His Ser Ala Asp Thr Leu Gly Thr Val Glu Lys Leu Ser Val Glu Arg		
275	280	285
Val Arg Val Ala Ala Arg Leu Glu Glu Leu Gly Tyr Ala Val Val Pro		
290	295	300
Ser Glu Ser Asn Phe Val Phe Phe Gly Asp Phe Ser Asp Gln His Ala		
305	310	315
Ala Trp Gln Ala Phe Leu Asp Arg Gly Val Leu Ile Arg Asp Val Gly		

325	330	335	
Ile Ala Gly His Leu Arg Thr Thr	Ile Gly Val Pro Glu Glu Asn Asp		
340	345	350	
Ala Phe Leu Asp Ala Ala Ala Glu Ile Ile Lys Leu Asn Leu			
355	360	365	
<210> 493			
<211> 1752			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1729)			
<223> RXS02315			
<400> 493			
cgtttggaaa cgtttgctgc cagcaaagat aggcgtgatt ggtggtttga gcgcgtgcgt 60			
gaatcgtatc cgtacctgga gacgatctag actgttgtgc atg tcc agc acg cca	115		
Met Ser Ser Thr Pro			
1	5		
gct caa gat ctt gcc cgc gcc gtt att gat tcc ctg gca cca cac gtc	163		
Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ala Val Ile Asp Ser Leu Ala Pro His Val			
10	15	20	
act gac gtg gtg tta tgc cca gga tcc agg aac tca ccg ttg tcg ctt	211		
Thr Asp Val Val Leu Cys Pro Gly Ser Arg Asn Ser Pro Leu Ser Leu			
25	30	35	
gag ttg ctg gcg cgg cag gat ctg cgt gtc cat gtg cgt atc gac gag	259		
Glu Leu Leu Ala Arg Gln Asp Leu Arg Val His Val Arg Ile Asp Glu			
40	45	50	
cgc agc gcc tca ttt ttg gcg ctg tcc cta gcg cgt acc cag gcc cgg	307		
Arg Ser Ala Ser Phe Leu Ala Leu Ser Leu Ala Arg Thr Gln Ala Arg			
55	60	65	

ccg gtg gct gtg gtg atg acc tcc ggc acg gct gta gct aac tgc ctg	355
Pro Val Ala Val Val Met Thr Ser Gly Thr Ala Val Ala Asn Cys Leu	
70 75 80 85	
cct gct gtt gct gaa gct gcg cat gcc cat atc ccg ttg att gtg etc	403
Pro Ala Val Ala Glu Ala Ala His Ala His Ile Pro Leu Ile Val Leu	
90 95 100	
tct gct gac cgt cct gca cat ttg gtg gga acg ggg gcg agc caa acg	451
Ser Ala Asp Arg Pro Ala His Leu Val Gly Thr Gly Ala Ser Gln Thr	
105 110 115	
att aac cag acc ggt att ttt ggt gat ctt gca ccg acg gtc ggt atc	499
Ile Asn Gln Thr Gly Ile Phe Gly Asp Leu Ala Pro Thr Val Gly Ile	
120 125 130	
act gag ctg gat cag gta gcg cag att gct gaa agc ctt gct cag ggg	547
Thr Glu Leu Asp Gln Val Ala Gln Ile Ala Glu Ser Leu Ala Gln Gly	
135 140 145	
gct tcc cag att ccg cgt cat ttc aat ctt gca ctt gat gtt cct ttg	595
Ala Ser Gln Ile Pro Arg His Phe Asn Leu Ala Leu Asp Val Pro Leu	
150 155 160 165	
gtt gct cct gaa ctg cca gag ctt cat ggt gag gca gtt gga gca tca	643
Val Ala Pro Glu Leu Pro Glu Leu His Gly Glu Ala Val Gly Ala Ser	
170 175 180	
tgg acg cat cgc tgg atc aac cac ggt gag gtg acc gtg gac ctg ggg	691
Trp Thr His Arg Trp Ile Asn His Gly Glu Val Thr Val Asp Leu Gly	
185 190 195	
gag cac acc ctc gtg att gcc ggt gat gaa gca tgg gaa gtg gaa ggg	739
Glu His Thr Leu Val Ile Ala Gly Asp Glu Ala Trp Glu Val Glu Gly	
200 205 210	
ctg gaa gat gtg ccc acc atc gct gaa cct act gca cca aag cct tat	787
Leu Glu Asp Val Pro Thr Ile Ala Glu Pro Thr Ala Pro Lys Pro Tyr	
215 220 225	
aat ccg gtg cac cca ctg gct gct gaa atc ttg ctg aag gag cag gtc	835

Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu Leu Lys Glu Gln Val

230 235 240 245

tcc gcg gaa ggc tat gtg gta aac acc agg cct gat cat gtg atc gtg 883
Ser Ala Glu Gly Tyr Val Val Asn Thr Arg Pro Asp His Val Ile Val

250 255 260

gtg gga cac ccc acg ctg cac cgc gga gtg ttg aag ttg atg tca gat 931
Val Gly His Pro Thr Leu His Arg Gly Val Leu Lys Leu Met Ser Asp

265 270 275

cct ggc att aaa tta act gtg ctt tca cgc acc gat atc atc act gat 979
Pro Gly Ile Lys Leu Thr Val Leu Ser Arg Thr Asp Ile Ile Thr Asp

280 285 290

ccc ggc cgc cat gcc gat cag gtg ggc agc aca gtg aaa gtc acc ggc 1027
Pro Gly Arg His Ala Asp Gln Val Gly Ser Thr Val Lys Val Thr Gly

295 300 305

acc cag gaa aag cag tgg cta aag atc tgt tcg gca gca tca gaa ctt 1075
Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser Ala Ala Ser Glu Leu

310 315 320 325

gcg gcc gat ggt gtg cgt gac gtc ctg gac aac caa gaa ttc ggt ttc 1123
Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn Gln Glu Phe Gly Phe

330 335 340

acc ggc ctc cat gtt gcc gca gcc gtg gcg gat acc tta ggc acc ggc 1171
Thr Gly Leu His Val Ala Ala Ala Val Ala Asp Thr Leu Gly Thr Gly

345 350 355

gat act ctc ttt gct gca gca tcc aac tca atc cgt gac ctc tcc ctg 1219
Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile Arg Asp Leu Ser Leu

360 365 370

gtg ggt atg cct ttt gat ggc gtg gat acc ttc tcc cca cga ggt gtc 1267
Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe Ser Pro Arg Gly Val

375 380 385

gca ggc att gat ggt tct gtt gct caa gca atc ggc act tca ctt gct 1315

Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile Gly Thr Ser Leu Ala	
390	395
400	405
gtg cag tcc cgc cac ccc gat gaa atc cgc gcg cca cgc act gtg gcc	1363
Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala Pro Arg Thr Val Ala	
410	415
420	
ctt ctg ggc gat ctg tgc ttc ctt cac gat att ggc gga ctg ctc atc	1411
Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile Gly Gly Leu Leu Ile	
425	430
435	
ggc cct gat gaa cca cgc cca gaa aac ctc acc atc gtg gtc tcc aac	1459
Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr Ile Val Val Ser Asn	
440	445
450	
gac aac ggt ggc gga atc ttc gaa ctc cta gaa acc ggc gca gat ggt	1507
Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu Thr Gly Ala Asp Gly	
455	460
465	
ctc cgc ccc aac ttc gag cgt gct ttc ggt acc cca cac gac gcg tcc	1555
Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr Pro His Asp Ala Ser	
470	475
480	485
atc gcg gat ctc tgc gca ggc tac ggc att gaa cac caa gtg gta gac	1603
Ile Ala Asp Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Ile Glu His Gln Val Val Asp	
490	495
500	
aac ctc caa gac ctc atc atc gcg cta gtt gat acc acc gaa gta tcc	1651
Asn Leu Gln Asp Leu Ile Ile Ala Leu Val Asp Thr Thr Glu Val Ser	
505	510
515	
gga ttc acc att att gaa gct tgc acc gtc cga gat acc cgc cgt gca	1699
Gly Phe Thr Ile Ile Glu Ala Ser Thr Val Arg Asp Thr Arg Arg Ala	
520	525
530	
caa cag caa gct ctc atg gac acg gtg cac taaatggagt ggtaccaagt	1749
Gln Gln Gln Ala Leu Met Asp Thr Val His	
535	540
gcg	1752

<210> 494

<211> 543

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 494

Met Ser Ser Thr Pro Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ala Val Ile Asp Ser
1 5 10 15

Leu Ala Pro His Val Thr Asp Val Val Leu Cys Pro Gly Ser Arg Asn
20 25 30

Ser Pro Leu Ser Leu Glu Leu Leu Ala Arg Gln Asp Leu Arg Val His
35 40 45

Val Arg Ile Asp Glu Arg Ser Ala Ser Phe Leu Ala Leu Ser Leu Ala
50 55 60

Arg Thr Gln Ala Arg Pro Val Ala Val Val Met Thr Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Val Ala Asn Cys Leu Pro Ala Val Ala Glu Ala Ala His Ala His Ile
85 90 95

Pro Leu Ile Val Leu Ser Ala Asp Arg Pro Ala His Leu Val Gly Thr
100 105 110

Gly Ala Ser Gln Thr Ile Asn Gln Thr Gly Ile Phe Gly Asp Leu Ala
115 120 125

Pro Thr Val Gly Ile Thr Glu Leu Asp Gln Val Ala Gln Ile Ala Glu
130 135 140

Ser Leu Ala Gln Gly Ala Ser Gln Ile Pro Arg His Phe Asn Leu Ala
145 150 155 160

Leu Asp Val Pro Leu Val Ala Pro Glu Leu Pro Glu Leu His Gly Glu
165 170 175

Ala Val Gly Ala Ser Trp Thr His Arg Trp Ile Asn His Gly Glu Val

180	185	190
Thr Val Asp Leu Gly Glu His	Thr Leu Val Ile Ala Gly Asp Glu Ala	
195	200	205
Trp Glu Val Glu Gly Leu Glu Asp Val Pro Thr	Ile Ala Glu Pro Thr	
210	215	220
Ala Pro Lys Pro Tyr Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu		
225	230	235
240		
Leu Lys Glu Gln Val Ser Ala Glu Gly Tyr Val Val Asn Thr Arg Pro		
245	250	255
Asp His Val Ile Val Val Gly His Pro Thr Leu His Arg Gly Val Leu		
260	265	270
Lys Leu Met Ser Asp Pro Gly Ile Lys Leu Thr Val Leu Ser Arg Thr		
275	280	285
Asp Ile Ile Thr Asp Pro Gly Arg His Ala Asp Gln Val Gly Ser Thr		
290	295	300
Val Lys Val Thr Gly Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser		
305	310	315
320		
Ala Ala Ser Glu Leu Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn		
325	330	335
Gln Glu Phe Gly Phe Thr Gly Leu His Val Ala Ala Ala Val Ala Asp		
340	345	350
Thr Leu Gly Thr Gly Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile		
355	360	365
Arg Asp Leu Ser Leu Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe		
370	375	380
Ser Pro Arg Gly Val Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile		
385	390	395
400		
Gly Thr Ser Leu Ala Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala		

405 410 415

Pro Arg Thr Val Ala Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile
420 425 430

Gly Gly Leu Leu Ile Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr
435 440 445

Ile Val Val Ser Asn Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu
450 455 460

Thr Gly Ala Asp Gly Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr
465 470 475 480

Pro His Asp Ala Ser Ile Ala Asp Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Ile Glu
485 490 495

His Gln Val Val Asp Asn Leu Gln Asp Leu Ile Ile Ala Leu Val Asp
500 505 510

Thr Thr Glu Val Ser Gly Phe Thr Ile Ile Glu Ala Ser Thr Val Arg
515 520 525

Asp Thr Arg Arg Ala Gln Gln Gln Ala Leu Met Asp Thr Val His
530 535 540

<210> 495

<211> 1434

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1411)

<223> RXS02550

<400> 495

gatcttaggc agccgtggga ttacaccctt ttagagctag aacagtaaaa attcacccaa 60

tagctttcaa ctacgcacac aaagtggcaa cattgagcgg gtg act aca gac aag 115
Val Thr Thr Asp Lys

	1	5	
cgc aaa acc tct aag acc acc gac acc gcc aac aag gct gtg ggc gcg			163
Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn Lys Ala Val Gly Ala			
	10	15	20
gat cag gca gcg cgt ccc act cgg cga aca act cgc cgc atc ttc gat			211
Asp Gln Ala Ala Arg Pro Thr Arg Arg Thr Thr Arg Arg Ile Phe Asp			
	25	30	35
cag tcg gag aag atg aag gac gtg ctg tac gag atc cgt ggc ccg gtg			259
Gln Ser Glu Lys Met Lys Asp Val Leu Tyr Glu Ile Arg Gly Pro Val			
	40	45	50
gcc gcg gag gcg gaa cgc atg gag ctt gat ggg cat aac atc tta aag			307
Ala Ala Glu Ala Glu Arg Met Glu Leu Asp Gly His Asn Ile Leu Lys			
	55	60	65
ctc aac acg gga aat cca gcc gtg ttc gga ttc gat gcc ccc gac gtg			355
Leu Asn Thr Gly Asn Pro Ala Val Phe Gly Phe Asp Ala Pro Asp Val			
	70	75	80
			85
att atg cgt gac atg atc gcc aac ctt cca act tcc caa ggg tat tcc			403
Ile Met Arg Asp Met Ile Ala Asn Leu Pro Thr Ser Gln Gly Tyr Ser			
	90	95	100
acc tcc aaa ggc att att ccg gcc cgg cga gca gtg gtc acc cgc tac			451
Thr Ser Lys Gly Ile Ile Pro Ala Arg Arg Ala Val Val Thr Arg Tyr			
	105	110	115
gaa gtt gtg ccc gga ttc ccc cac ttc gat gtt gat gat gtg ttc tta			499
Glu Val Val Pro Gly Phe Pro His Phe Asp Val Asp Asp Val Phe Leu			
	120	125	130
ggc aac ggt gtc tca gaa cta atc acc atg acc acc caa gca ctc ctc			547
Gly Asn Gly Val Ser Glu Leu Ile Thr Met Thr Thr Gln Ala Leu Leu			
	135	140	145
aac gac ggc gat gaa gtt ctt atc ccc gca ccg gac tac cca ctg tgg			595
Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro Asp Tyr Pro Leu Trp			

150	155	160	165	
act gcc gca acc tcc ctg gct ggt ggt aag cct gtg cac tac ctc tgt				643
Thr Ala Ala Thr Ser Leu Ala Gly Gly Lys Pro Val His Tyr Leu Cys				
	170	175	180	
gat gag gaa gat gac tgg aac cca tcc atc gaa gac atc aag tcc aaa				691
Asp Glu Glu Asp Asp Trp Asn Pro Ser Ile Glu Asp Ile Lys Ser Lys				
	185	190	195	
atc tca gag aaa acc aaa gct att gtg gtg atc aac ccc aac aac ccc				739
Ile Ser Glu Lys Thr Lys Ala Ile Val Val Ile Asn Pro Asn Asn Pro				
	200	205	210	
acg gga gct gtc tac ccg cgc cgg gtg ttg gaa caa atc gtc gag att				787
Thr Gly Ala Val Tyr Pro Arg Arg Val Leu Glu Gln Ile Val Glu Ile				
	215	220	225	
gca cgc gag cat gac ctg ctg att ttg gcc gat gaa atc tac gac cgc				835
Ala Arg Glu His Asp Leu Leu Ile Leu Ala Asp Glu Ile Tyr Asp Arg				
	230	235	240	245
att ctc tac gat gat gcc gag cac atc agc ctg gca acc ctt gca cca				883
Ile Leu Tyr Asp Asp Ala Glu His Ile Ser Leu Ala Thr Leu Ala Pro				
	250	255	260	
gat ctc ctt tgc atc aca tac aac ggt cta tcc aag gca tac cgc gtc				931
Asp Leu Leu Cys Ile Thr Tyr Asn Gly Leu Ser Lys Ala Tyr Arg Val				
	265	270	275	
gca gga tac cga gct ggc tgg atg gta ttg act gga cca aag caa tac				979
Ala Gly Tyr Arg Ala Gly Trp Met Val Leu Thr Gly Pro Lys Gln Tyr				
	280	285	290	
gca cgt gga ttt att gag ggc ctc gaa ctc ctc gca ggc act cga ctc				1027
Ala Arg Gly Phe Ile Glu Gly Leu Glu Leu Leu Ala Gly Thr Arg Leu				
	295	300	305	
tgc cca aat gtc cca gct cag cac gct att cag gta gct ctg ggt gga				1075
Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln Val Ala Leu Gly Gly				

310	315	320	325	
cgc cag tcc atc tac gac ctc act ggc gaa cac ggc cga ctc ctg gaa	1123			
Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His Gly Arg Leu Leu Glu				
	330	335	340	
cag cgc aac atg gca tgg acg aaa ctc aac gaa atc cca ggt gtc agc	1171			
Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu Ile Pro Gly Val Ser				
	345	350	355	
tgt gtg aaa cca atg gga gct cta tac gcg ttc ccc aag ctc gac ccc	1219			
Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe Pro Lys Leu Asp Pro				
	360	365	370	
aac gtg tac gaa atc cac gac gac acc caa ctc atg ctg gat ctt ctc	1267			
Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu Met Leu Asp Leu Leu				
	375	380	385	
cgt gcc gag aaa atc ctc atg gtt cag ggc act ggc ttc aac tgg cca	1315			
Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr Gly Phe Asn Trp Pro				
390	395	400	405	
cat cac gat cac ttc cga gtg gtc acc ctg cca tgg gca tcc cag ttg	1363			
His His Asp His Phe Arg Val Val Thr Leu Pro Trp Ala Ser Gln Leu				
	410	415	420	
gaa aac gca att gag cgc ctg ggt aac ttc ctg tcc act tac aag cag	1411			
Glu Asn Ala Ile Glu Arg Leu Gly Asn Phe Leu Ser Thr Tyr Lys Gln				
	425	430	435	
tagtagttgt taggattcac cac	1434			

<210> 496

<211> 437

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 496

Val Thr Thr Asp Lys Arg Lys Thr Ser Lys Thr Thr Asp Thr Ala Asn

1

5

10

15

Lys Ala Val Gly Ala Asp Gln Ala Ala Arg Pro Thr Arg Arg Thr Thr
20 25 30

Arg Arg Ile Phe Asp Gln Ser Glu Lys Met Lys Asp Val Leu Tyr Glu
35 40 45

Ile Arg Gly Pro Val Ala Ala Glu Ala Glu Arg Met Glu Leu Asp Gly
50 55 60

His Asn Ile Leu Lys Leu Asn Thr Gly Asn Pro Ala Val Phe Gly Phe
65 70 75 80

Asp Ala Pro Asp Val Ile Met Arg Asp Met Ile Ala Asn Leu Pro Thr
85 90 95

Ser Gln Gly Tyr Ser Thr Ser Lys Gly Ile Ile Pro Ala Arg Arg Ala
100 105 110

Val Val Thr Arg Tyr Glu Val Val Pro Gly Phe Pro His Phe Asp Val
115 120 125

Asp Asp Val Phe Leu Gly Asn Gly Val Ser Glu Leu Ile Thr Met Thr
130 135 140

Thr Gln Ala Leu Leu Asn Asp Gly Asp Glu Val Leu Ile Pro Ala Pro
145 150 155 160

Asp Tyr Pro Leu Trp Thr Ala Ala Thr Ser Leu Ala Gly Gly Lys Pro
165 170 175

Val His Tyr Leu Cys Asp Glu Glu Asp Asp Trp Asn Pro Ser Ile Glu
180 185 190

Asp Ile Lys Ser Lys Ile Ser Glu Lys Thr Lys Ala Ile Val Val Ile
195 200 205

Asn Pro Asn Asn Pro Thr Gly Ala Val Tyr Pro Arg Arg Val Leu Glu
210 215 220

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

Glu Ile Tyr Asp Arg Ile Leu Tyr Asp Asp Ala Glu His Ile Ser Leu
245 250 255

Ala Thr Leu Ala Pro Asp Leu Leu Cys Ile Thr Tyr Asn Gly Leu Ser
260 265 270

Lys Ala Tyr Arg Val Ala Gly Tyr Arg Ala Gly Trp Met Val Leu Thr
275 280 285

Gly Pro Lys Gln Tyr Ala Arg Gly Phe Ile Glu Gly Leu Glu Leu Leu
290 295 300

Ala Gly Thr Arg Leu Cys Pro Asn Val Pro Ala Gln His Ala Ile Gln
305 310 315 320

Val Ala Leu Gly Gly Arg Gln Ser Ile Tyr Asp Leu Thr Gly Glu His
325 330 335

Gly Arg Leu Leu Glu Gln Arg Asn Met Ala Trp Thr Lys Leu Asn Glu
340 345 350

Ile Pro Gly Val Ser Cys Val Lys Pro Met Gly Ala Leu Tyr Ala Phe
355 360 365

Pro Lys Leu Asp Pro Asn Val Tyr Glu Ile His Asp Asp Thr Gln Leu
370 375 380

Met Leu Asp Leu Leu Arg Ala Glu Lys Ile Leu Met Val Gln Gly Thr
385 390 395 400

Gly Phe Asn Trp Pro His His Asp His Phe Arg Val Val Thr Leu Pro
405 410 415

Trp Ala Ser Gln Leu Glu Asn Ala Ile Glu Arg Leu Gly Asn Phe Leu
420 425 430

Ser Thr Tyr Lys Gln
435

<210> 497
<211> 1080
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1057)

<223> RXS02319

<400> 497

atgtgggtga gataaccgac cgtgatgtcg ccctagcaaa agtcacgac gcccagcca 60

agaccttggc catttcggca gaggccttaag gttaaagatt atg agc aac tac agc 115
Met Ser Asn Tyr Ser

1 5

acc gac aac cct ttt gat ccc acc caa tgg gcc acc gtt cca ggt ttt 163
Thr Asp Asn Pro Phe Asp Pro Thr Gln Trp Ala Thr Val Pro Gly Phe

10 15 20

gaa gaa ttc acc gac atc acc tac cac cgc cac gtg ggc acc acc cgc 211
Glu Glu Phe Thr Asp Ile Thr Tyr His Arg His Val Gly Thr Thr Arg

25 30 35

gcc gat ggc atc gtg cgc atc gcc ttc gac cgc ccc gaa gtt cgc aat 259
Ala Asp Gly Ile Val Arg Ile Ala Phe Asp Arg Pro Glu Val Arg Asn

40 45 50

get ttc cgc ccc cac acc gtc gac gag ctt tac caa gcc ctc gac cac 307
Ala Phe Arg Pro His Thr Val Asp Glu Leu Tyr Gln Ala Leu Asp His

55 60 65

gcg cgc cgg acc cca gat gtt gga acc atc ctg ctc acc ggc aac ggc 355
Ala Arg Arg Thr Pro Asp Val Gly Thr Ile Leu Leu Thr Gly Asn Gly

70 75 80 85

ccc agc gaa aaa gac ggt ggc tgg gcg ttc tgc tcc ggc ggc gac caa 403
Pro Ser Glu Lys Asp Gly Gly Trp Ala Phe Cys Ser Gly Gly Asp Gln

90 95 100

gcg atc cgc ggg cgc tcc ggc tac caa tac gcc acc gaa cac gcg cgc 451
Arg Ile Arg Gly Arg Ser Gly Tyr Gln Tyr Ala Thr Glu His Ala Arg

105 110 115

gac gat gcc acc gct gat gtc ttc acg gta gat att gcc cgc acc aaa 499
Asp Asp Ala Thr Ala Asp Val Phe Thr Val Asp Ile Ala Arg Thr Lys

120 125 130

gtt gaa ggc gga cgc ctc cac att ttg gaa gtc caa cgc ctc atc cgc 547
Val Glu Gly Gly Arg Leu His Ile Leu Glu Val Gln Arg Leu Ile Arg

135 140 145

acc atg cct aaa gtt gtc atc gca gta gtc aac ggc tgg gca gcc ggc 595
Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn Gly Trp Ala Ala Gly

150 155 160 165

ggc ggc cac tcc ctc cat gtc gtt tgc gac ctc acc atc gct tcc cgc 643
Gly Gly His Ser Leu His Val Val Cys Asp Leu Thr Ile Ala Ser Arg

170 175 180

caa gaa gca cgc ttc aag caa acc gac gct gac gtg gga tcc ttc gac 691
Gln Glu Ala Arg Phe Lys Gln Thr Asp Ala Asp Val Gly Ser Phe Asp

185 190 195

gct ggc tac ggc tcc gcc tac cta gcg aaa atg gtc gga cag aaa aac 739
Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Tyr Leu Ala Lys Met Val Gly Gln Lys Asn

200 205 210

gcc cgc gaa atc ttc ttc ctc gga cgc acc tac gac gcc gaa cgc atg 787
Ala Arg Glu Ile Phe Phe Leu Gly Arg Thr Tyr Asp Ala Glu Arg Met

215 220 225

caa caa atg ggc gca gtc aac atc gtg gcc gac cac ggc gac cta gaa 835
Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp His Gly Asp Leu Glu

230 235 240 245

aaa gaa gcc atc caa gca gcc cgc gaa atc aac acc aaa tcc ccc acc 883
Lys Glu Ala Ile Gln Ala Ala Arg Glu Ile Asn Thr Lys Ser Pro Thr

250 255 260

ggg caa cgc atg ctg aaa ttc gcc ttc aat ctc acc gac gat ggc ctc 931
Gly Gln Arg Met Leu Lys Phe Ala Phe Asn Leu Thr Asp Asp Gly Leu

265 270 275

atg gga caa caa gtc ttc gcc ggc gaa gcc acc cgc ctg gcc tac atg 979
Met Gly Gln Gln Val Phe Ala Gly Glu Ala Thr Arg Leu Ala Tyr Met

280 285 290

acg gat gaa gcc gta gag ggt aag gaa gca ttc cta gaa aag cgc gaa 1027
Thr Asp Glu Ala Val Glu Gly Lys Glu Ala Phe Leu Glu Lys Arg Glu

295 300 305

ccc aac tgg aat gaa ttc cct tac tac tac tagtgagtgc atggggtcct 1077
Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr

310 315

aaa 1080

<210> 498

<211> 319

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 498

Met Ser Asn Tyr Ser Thr Asp Asn Pro Phe Asp Pro Thr Gln Trp Ala
1 5 10 15

Thr Val Pro Gly Phe Glu Glu Phe Thr Asp Ile Thr Tyr His Arg His
20 25 30

Val Gly Thr Thr Arg Ala Asp Gly Ile Val Arg Ile Ala Phe Asp Arg
35 40 45

Pro Glu Val Arg Asn Ala Phe Arg Pro His Thr Val Asp Glu Leu Tyr
50 55 60

Gln Ala Leu Asp His Ala Arg Arg Thr Pro Asp Val Gly Thr Ile Leu
65 70 75 80

Leu Thr Gly Asn Gly Pro Ser Glu Lys Asp Gly Gly Trp Ala Phe Cys
85 90 95

Ser Gly Gly Asp Gln Arg Ile Arg Gly Arg Ser Gly Tyr Gln Tyr Ala

100	105	110
Thr Glu His Ala Arg Asp Asp Ala Thr Ala Asp Val Phe Thr Val Asp		
115	120	125
Ile Ala Arg Thr Lys Val Glu Gly Gly Arg Leu His Ile Leu Glu Val		
130	135	140
Gln Arg Leu Ile Arg Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn		
145	150	155
Gly Trp Ala Ala Gly Gly Gly His Ser Leu His Val Val Cys Asp Leu		
165	170	175
Thr Ile Ala Ser Arg Gln Glu Ala Arg Phe Lys Gln Thr Asp Ala Asp		
180	185	190
Val Gly Ser Phe Asp Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Tyr Leu Ala Lys Met		
195	200	205
Val Gly Gln Lys Asn Ala Arg Glu Ile Phe Phe Leu Gly Arg Thr Tyr		
210	215	220
Asp Ala Glu Arg Met Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp		
225	230	235
His Gly Asp Leu Glu Lys Glu Ala Ile Gln Ala Ala Arg Glu Ile Asn		
245	250	255
Thr Lys Ser Pro Thr Gly Gln Arg Met Leu Lys Phe Ala Phe Asn Leu		
260	265	270
Thr Asp Asp Gly Leu Met Gly Gln Gln Val Phe Ala Gly Glu Ala Thr		
275	280	285
Arg Leu Ala Tyr Met Thr Asp Glu Ala Val Glu Gly Lys Glu Ala Phe		
290	295	300
Leu Glu Lys Arg Glu Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr		
305	310	315

<210> 499
 <211> 384
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(361)
 <223> RXS02908

<400> 499
 gccaacgagg gttggtttac cacctctgat tcaggtgaac tccacgacgg gattctcacc 60

gtgactggtc gcgtggatac ccgtcattga ttccggtgga ttg aag ttg cac cca 115
 Leu Lys Leu His Pro

1 5

gag gta ctg gaa cgt gcc atc gca gat att aaa ggt gtc acc gcg gcg 163
 Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys Gly Val Thr Ala Ala

10 15 20

tgt gtt gtg ggt att ccc gat ccc cga tta ggc caa gca att gtg gcc 211
 Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly Gln Ala Ile Val Ala

25 30 35

gcg tac tcc gga tcg atc agt ccg tct gaa gtt att gaa ggc ctc gac 259
 Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val Ile Glu Gly Leu Asp

40 45 50

gat cta cct cgt tgg cag ctt ccc aaa cgg ctg aag cat ctg gaa tct 307
 Asp Leu Pro Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu Lys His Leu Glu Ser

55 60 65

ttg ccc agc att ggt cct gga aaa gct gat cga cgt gct atc gcg aag 355
 Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg Arg Ala Ile Ala Lys

70 75 80 85

ctg ttt tagtcctcat tcttgctggc tgc 384
 Leu Phe

<210> 500

<211> 87
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 500
 Leu Lys Leu His Pro Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys
 1 5 10 15

Gly Val Thr Ala Ala Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly
 20 25 30

Gln Ala Ile Val Ala Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val
 35 40 45

Ile Glu Gly Leu Asp Asp Leu Pro Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu
 50 55 60

Lys His Leu Glu Ser Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg
 65 70 75 80

Arg Ala Ile Ala Lys Leu Phe
 85

<210> 501
 <211> 775
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(775)
 <223> RXS03003

<400> 501
 tcgatgatct ggcctcccca ggtggtgcgg ctaagcttgg accacaagat ttgatcacc 60

caatgatcgc tgcgctgccg cctcaggcat aatctaacgc atg acc tct cgc acc 115
 Met Thr Ser Arg Thr

1 5

ccg ctt gtt tct gtt ctt cct gat ttt ccg tgg gat tcg ctc gct tcc 163
 Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp Asp Ser Leu Ala Ser

10 15 20

gca aaa gcc aaa gct gcg tct cac ccg gat ggg atc gtg aat ctt tct 211
Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly Ile Val Asn Leu Ser

25 30 35

gtt ggc act ccg gtt gat ccg gtc gcg ccc agc att cag atc gcg ttg 259
Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser Ile Gln Ile Ala Leu

40 45 50

gca gaa gca gcg ggg ttt tcg ggt tac cct caa acc atc ggc acc ccg 307
Ala Glu Ala Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln Thr Ile Gly Thr Pro

55 60 65

gaa ctc cgc gca gcc atc agg ggc gcg ctt gag cgg cgc tac aac atg 355
Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu Arg Arg Tyr Asn Met

70 75 80 85

aca aag ctt gtc gac gcc tcc ctc ctc ccc gtc gtg ggt acc aag gag 403
Thr Lys Leu Val Asp Ala Ser Leu Leu Pro Val Val Gly Thr Lys Glu

90 95 100

gca att gcc ctt ctt cca ttc gcg ttg ggt att tcc ggc acc gtt gtc 451
Ala Ile Ala Leu Leu Pro Phe Ala Leu Gly Ile Ser Gly Thr Val Val

105 110 115

atc cca gag att gcg tac cca acc tac gaa gtc gct gtc gtg gcc gca 499
Ile Pro Glu Ile Ala Tyr Pro Thr Tyr Glu Val Ala Val Val Ala Ala

120 125 130

gga tgc acc gtg ttg cgt tct gat tcg ctg ttt aag ctc ggc ccg cag 547
Gly Cys Thr Val Leu Arg Ser Asp Ser Leu Phe Lys Leu Gly Pro Gln

135 140 145

atc ccg tcg atg atg ttt atc aac tca cca tcc aac ccc aca ggc aag 595
Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser Asn Pro Thr Gly Lys

150 155 160 165

gtt ctg ggc atc cca cac ttg cgc aag gtt gtg aag tgg gcg cag gaa 643
Val Leu Gly Ile Pro His Leu Arg Lys Val Val Lys Trp Ala Gln Glu

170 175 180

aac aac gtg atc ctc gca gct gat gaa tgc tac ttg ggt ctt ggc tgg 691
Asn Asn Val Ile Leu Ala Ala Asp Glu Cys Tyr Leu Gly Leu Gly Trp

185 190 195

gac gat gaa aac cca ccg atc tca att ttg gat cca cgt gtc tgc gat 739
Asp Asp Glu Asn Pro Pro Ile Ser Ile Leu Asp Pro Arg Val Cys Asp

200 205 210

ggc gac cac acc aac ttg atc gcc att cac tcg ctg 775
Gly Asp His Thr Asn Leu Ile Ala Ile His Ser Leu

215 220 225

<210> 502
<211> 225
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 502
Met Thr Ser Arg Thr Pro Leu Val Ser Val Leu Pro Asp Phe Pro Trp
1 5 10 15

Asp Ser Leu Ala Ser Ala Lys Ala Lys Ala Ala Ser His Pro Asp Gly
20 25 30

Ile Val Asn Leu Ser Val Gly Thr Pro Val Asp Pro Val Ala Pro Ser
35 40 45

Ile Gln Ile Ala Leu Ala Glu Ala Ala Gly Phe Ser Gly Tyr Pro Gln
50 55 60

Thr Ile Gly Thr Pro Glu Leu Arg Ala Ala Ile Arg Gly Ala Leu Glu
65 70 75 80

Arg Arg Tyr Asn Met Thr Lys Leu Val Asp Ala Ser Leu Leu Pro Val
85 90 95

Val Gly Thr Lys Glu Ala Ile Ala Leu Leu Pro Phe Ala Leu Gly Ile
100 105 110

Ser Gly Thr Val Val Ile Pro Glu Ile Ala Tyr Pro Thr Tyr Glu Val


```

      115              120              125
Ala Val Val Ala Ala Gly Cys Thr Val Leu Arg Ser Asp Ser Leu Phe
    130                135                140

Lys Leu Gly Pro Gln Ile Pro Ser Met Met Phe Ile Asn Ser Pro Ser
   145               150               155               160

Asn Pro Thr Gly Lys Val Leu Gly Ile Pro His Leu Arg Lys Val Val
          165                   170                   175

Lys Trp Ala Gln Glu Asn Asn Val Ile Leu Ala Ala Asp Glu Cys Tyr
        180                 185                 190

Leu Gly Leu Gly Trp Asp Asp Glu Asn Pro Pro Ile Ser Ile Leu Asp
     195             200             205

Pro Arg Val Cys Asp Gly Asp His Thr Asn Leu Ile Ala Ile His Ser
    210           215           220

Leu
225


<210> 503
<211> 390
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum


<220>
<221> CDS
<222> (101)..(367)
<223> RXS03026



<400> 503
gttggcgcgag cagtatcgtag aggtgcggga cctcgagcagg ggaatcccaa actagcatcc 60

cgaactagccc cccaacaac aattagaaat ggaacctaaa atg cct gga aaa att    115
                               Met Pro Gly Lys Ile

                                     1                             5

etc ett etc aac gcc cca aac ctg aac atg ctg gcc aaa cgc gag cct    163
Leu Leu Leu Asn Gly Pro Asn Leu Asn Met Leu Gly Lys Arg Glu Pro
```

10	15	20	
gac att tac gga cac gac acc ttg gaa gac gtc gtc gcg ctg gca acc			211
Asp Ile Tyr Gly His Asp Thr Leu Glu Asp Val Val Ala Leu Ala Thr			
25	30	35	
gct gag gct gcg aaa cac ggc ctt gag gtt gag gcg ctg cag agc aat			259
Ala Glu Ala Ala Lys His Gly Leu Glu Val Glu Ala Leu Gln Ser Asn			
40	45	50	
cac caa ggt gag cta atc gat gcg ctg cac aac gct cgc ggg acc cac			307
His Gln Gly Glu Leu Ile Asp Ala Leu His Asn Ala Arg Gly Thr His			
55	60	65	
atc ggt tgc gtg att aac ccc ggc ggc ctg act aca ctt cgg tgg cgc			355
Ile Gly Cys Val Ile Asn Pro Gly Gly Leu Thr Thr Leu Arg Trp Arg			
70	75	80	85
ttt tgg atg ctg tgaaggcgtc tgagcttcct acc			390
Phe Trp Met Leu			

<210> 504
 <211> 89
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 504
 Met Pro Gly Lys Ile Leu Leu Leu Asn Gly Pro Asn Leu Asn Met Leu
 1 5 10 15

Gly Lys Arg Glu Pro Asp Ile Tyr Gly His Asp Thr Leu Glu Asp Val
 20 25 30

Val Ala Leu Ala Thr Ala Glu Ala Ala Lys His Gly Leu Glu Val Glu
 35 40 45

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

Ala Arg Gly Thr His Ile Gly Cys Val Ile Asn Pro Gly Gly Leu Thr

65	70	75	80
Thr Leu Arg Trp Arg Phe Trp Met Leu			
85			
<210> 505			
<211> 621			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(598)			
<223> RXS03074			
<400> 505			
tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60			
tagcaggaca agcatactgt tttagttcta tgctgtgggc atg act caa agt gct 115			
Met Thr Gln Ser Ala			
1 5			
cca gaa ttc att gcc acc gca gac ctc gta gac atc atc ggc gac aac 163			
Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp Ile Ile Gly Asp Asn			
10 15 20			
gcg caa tca tgc gac act cag ttt caa aac ctt gga ggt gcc aca gaa 211			
Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu Gly Gly Ala Thr Glu			
25 30 35			
ttc cac gga ata ata acc acc gtg aaa tgc ttc caa gac aac gcc ctc 259			
Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe Gln Asp Asn Ala Leu			
40 45 50			
ctg aaa tcc atc ctg agc gag gat aat cct ggg gga gtg ctg gtt atc 307			
Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly Gly Val Leu Val Ile			
55 60 65			
gat ggc gac gca tcc gtg cac acc gcg cta gtt ggc gac atc att gca 355			
Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val Gly Asp Ile Ile Ala			
70 75 80 85			

gga ctt gga aaa gat cat ggt tgg tcc gga gta att gtc aac gga gca 403
Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val Ile Val Asn Gly Ala

90 95 100

att cga gac tcc gca gtc atc ggc acc atg acc ttt ggt tgt aaa gcc 451
Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr Phe Gly Cys Lys Ala

105 110 115

ctt gga acc aac ccg cgg aaa tcc act aaa act ggt tcc ggc gaa cga 499
Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr Gly Ser Gly Glu Arg

120 125 130

gac gta gtg gta tcg att ggt ggc att gac ttc att cct ggt cat tac 547
Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe Ile Pro Gly His Tyr

135 140 145

gtc tac gcg gac tct gac gga att atc gtc acc gag gcg cca att aag 595
Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr Glu Ala Pro Ile Lys

150 155 160 165

cag taatttggtt tgacgacgca gta 621
Gln

<210> 506

<211> 166

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 506

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

Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu
20 25 30

Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
35 40 45

Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
50 55 60

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

Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val
85 90 95

Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
100 105 110

Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
115 120 125

Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
130 135 140

Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr
145 150 155 160

Glu Ala Pro Ile Lys Gln
165

<210> 507
<211> 3075
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(3052)
<223> RXC01434

<400> 507
ggtttcctgc gcaccgtgat gattgggtgcg gcgctgtcgc cggccatcgc ttcggcggttc 60

aacactgcc aacgctgcc caacctgac actggaaatc gtg ttg ggt gcg gtg 115
Val Leu Gly Ala Val

1 5

ctg aca tcg ctg gtt att ccg gtc ctt acc cgc gcg gaa aaa gaa gac 163
Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg Ala Glu Lys Glu Asp

10 15 20

gcc gac ggc ggt tcc ggg ttc ttc agg cgg ctg ctc acc ctg tcg gtg 211
Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu Leu Thr Leu Ser Val

25 30 35

acg ctg ctg ggt ggt gtc acc atc ctg tcg att atc ggc gcg ccg ctg 259
Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile Ile Gly Ala Pro Leu

40 45 50

ctg aca cgg atg atg ctg tcc tct gag gga caa gtc aac gtg gtc atg 307
Leu Thr Arg Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln Val Asn Val Val Met

55 60 65

tcc acg gcc ttt gcg tat tgg ctg ctg cca cag att ttc ttc tac ggc 355
Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln Ile Phe Phe Tyr Gly

70 75 80 85

ctg ttt gcc ctg ttc atg gct gtg ttg aac acc cgt gaa gtg ttc aaa 403
Leu Phe Ala Leu Phe Met Ala Val Leu Asn Thr Arg Glu Val Phe Lys

90 95 100

ccc ggc gcg tgg gca cct gtt gtc aac aat gtg atc acc ttg acc gtg 451
Pro Gly Ala Trp Ala Pro Val Val Asn Asn Val Ile Thr Leu Thr Val

105 110 115

ctg ggc gtg tac atg gtg ctg cct gcg cgt ttg cac ccg cat gag cag 499
Leu Gly Val Tyr Met Val Leu Pro Ala Arg Leu His Pro His Glu Gln

120 125 130

gtg ggc att ttt gat ccg cag atc att ttc ctc ggc gtg ggc acc acc 547
Val Gly Ile Phe Asp Pro Gln Ile Ile Phe Leu Gly Val Gly Thr Thr

135 140 145

ctt ggt gtg gtt gca cag tgt cta atc atg att ccg tac ctg cgt cgc 595
Leu Gly Val Val Ala Gln Cys Leu Ile Met Ile Pro Tyr Leu Arg Arg

150 155 160 165

gcg ggc att gat atg cgc cct ctg tgg ggt atc gat gcg cgt ttg aag 643
Ala Gly Ile Asp Met Arg Pro Leu Trp Gly Ile Asp Ala Arg Leu Lys

170 175 180

caa ttc ggt ggc atg gcg atg gcg atc atc gtg tac gtg gca atc tcc 691
Gln Phe Gly Gly Met Ala Met Ala Ile Ile Val Tyr Val Ala Ile Ser

185 190 195

cag ttc ggt tac atc atc acc act cgc att gcg tcg att gca gac gat 739
Gln Phe Gly Tyr Ile Ile Thr Thr Arg Ile Ala Ser Ile Ala Asp Asp

200 205 210

gct gcg ccg ttt att tat cag cag cac tgg atg ttg ctg caa gtt cct 787
Ala Ala Pro Phe Ile Tyr Gln Gln His Trp Met Leu Leu Gln Val Pro

215 220 225

tat ggc atc atc ggc gtc acc ttg ctc acc gcg att atg ccg cga ctg 835
Tyr Gly Ile Ile Gly Val Thr Leu Leu Thr Ala Ile Met Pro Arg Leu

230 235 240 245

tcc cgc aac gcg gca gac ggc gat gat agg gca gta gtc tct gac ctt 883
Ser Arg Asn Ala Ala Asp Gly Asp Asp Arg Ala Val Val Ser Asp Leu

250 255 260

cag ttg ggt tcc aag cta acc ttc atc gca ctg atc ccc atc gtg gtg 931
Gln Leu Gly Ser Lys Leu Thr Phe Ile Ala Leu Ile Pro Ile Val Val

265 270 275

ttc ttc acc gcc ttc ggt gtc cct att gcc aat ggc ctt ttt gcc tac 979
Phe Phe Thr Ala Phe Gly Val Pro Ile Ala Asn Gly Leu Phe Ala Tyr

280 285 290

ggc caa ttc gat gcc aac gcc gcc aac atc ctt ggt tgg act ctg agc 1027
Gly Gln Phe Asp Ala Asn Ala Ala Asn Ile Leu Gly Trp Thr Leu Ser

295 300 305

ttc tct gct ttc acg ctg att cct tac gct ttg gtg ctg cta cat ctg 1075
Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu Val Leu Leu His Leu

310 315 320 325

cgt gtg ttt tat gcg cgt gaa gag gtc tgg acc cca acc ttc atc atc 1123
Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr Pro Thr Phe Ile Ile

330 335 340

gcc ggc atc acc gcc acc aag gtc gtg ctt tcc ctg ttg gca ccg ctg 1171
Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser Leu Leu Ala Pro Leu

345 350 355

ctg tcg agc tcc ccg gag cgt gtg gtg gtg ctt ctt ggt gcg gcc aac 1219
Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu Leu Gly Ala Ala Asn

360 365 370

ggt ttc agt ttc atc acc ggc gcg gtc atc ggc gcg tat ctg ttg cgc 1267
Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly Ala Tyr Leu Leu Arg

375 380 385

aac aaa ctc ggc ctg ttg ggt atg cgc tct ttg gct aaa acc tcc ctg 1315
Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu Ala Lys Thr Ser Leu

390 395 400 405

tgg gcg ttg ggc tct gcg gcg gtt ggt gca gca gca gca tgg gcg ttg 1363
Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala Ala Ala Trp Ala Leu

410 415 420

ggg tgg ctg att caa gcc gtc gtg ggc gat ttc ttg ctg ggc act cta 1411
Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe Leu Leu Gly Thr Leu

425 430 435

agc tcc gta ggc tac ttg ttg aac ctg gct gtg ttg ggt gtc ttc ttc 1459
Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val Leu Gly Val Phe Phe

440 445 450

atc ttc gtc acc ggc atc gtg ttg tca cgt tct ggt ttg ccg gag gtc 1507
Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser Gly Leu Pro Glu Val

455 460 465

caa aac ttg ggc cag gca ctg acc cgc atc cca ggt ttg agc cgg ttt 1555
Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro Gly Leu Ser Arg Phe

470 475 480 485

att cgc ccg aat acc aag atc tct ttg gat gtc ggc gaa gtc tcc gag 1603
Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val Gly Glu Val Ser Glu

490 495 500

cag gat ttc tcc acc cag ctg gtc gcg cca agc gag ttc gca gca acc 1651
Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser Glu Phe Ala Ala Thr

505 510 515

cct gtg ccg cca ccg atg tcc gcc ggt att gtc cgc gga cct cgc ctg 1699
Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val Arg Gly Pro Arg Leu

520 525 530

gtt ccc ggc gcc cca gtc ggc gac ggt cgt ttc cgt ctg ctc gcc gat 1747
Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe Arg Leu Leu Ala Asp

535 540 545

cac ggc ggc gtc caa ggc gcg cgt ttc tgg cag gcc cgc gag atc gcc 1795
His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln Ala Arg Glu Ile Ala

550 555 560 565

acc ggc aag gaa gtc gcg ctg atc ttt gtg gat act tcc ggc aac gcc 1843
Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp Thr Ser Gly Asn Ala

570 575 580

cca ttt gcg cca ctg tct tcg gca gcc gca gcg ggc atc gcc tac gag 1891
Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ile Ala Tyr Glu

585 590 595

gtg cag cgc cgc acc aag aag ctg gcc agc ttg ggc agc ttg gcg gta 1939
Val Gln Arg Arg Thr Lys Lys Leu Ala Ser Leu Gly Ser Leu Ala Val

600 605 610

gcc ccc aac atc cac tcc gag gcg tac cgc aac ggt tgc ctc att gtg 1987
Ala Pro Asn Ile His Ser Glu Ala Tyr Arg Asn Gly Cys Leu Ile Val

615 620 625

gcc gat tgg gtg cct ggc tcc agc ttg agc gcc gtc gcg gaa tcc ggt 2035
Ala Asp Trp Val Pro Gly Ser Ser Leu Ser Ala Val Ala Glu Ser Gly

630 635 640 645

gcc gat ccc cgc gcc gcc gcg ttc gcg ctc gcg gaa cta act gaa acc 2083
Ala Asp Pro Arg Ala Ala Ala Phe Ala Leu Ala Glu Leu Thr Glu Thr

650 655 660

atc ggc gag gcc cac gag atg ggt atc ccg gcc ggc ttg gac aac aag 2131
Ile Gly Glu Ala His Glu Met Gly Ile Pro Ala Gly Leu Asp Asn Lys

665 670 675

tgc cga att cgt atc aac acc gac ggc cat gcc gtc ctc gcc ttg ccg 2179
Cys Arg Ile Arg Ile Asn Thr Asp Gly His Ala Val Leu Ala Leu Pro

680 685 690

gcg att ttg ccc gat gcc tca gag ctc cgc gac gcc aag tcc ctg gcc 2227
Ala Ile Leu Pro Asp Ala Ser Glu Leu Arg Asp Ala Lys Ser Leu Ala

695 700 705

tcg gcc gcc gag atg ctt atc gac gcg acc ctc gct ccc agc gac gtc 2275
Ser Ala Ala Glu Met Leu Ile Asp Ala Thr Leu Ala Pro Ser Asp Val

710 715 720 725

aag gca atg gtc act gaa gcc cag ggg cta gct aca gaa gac aat ccc 2323
Lys Ala Met Val Thr Glu Ala Gln Gly Leu Ala Thr Glu Asp Asn Pro

730 735 740

gat tac gca tca ctt gcc atg gcg atg cgc acc tgc gga ctg ttc acc 2371
Asp Tyr Ala Ser Leu Ala Met Ala Met Arg Thr Cys Gly Leu Phe Thr

745 750 755

gag gaa cca acc cac ctt gtg gtg aag aag gaa aag aca cca aag cct 2419
Glu Glu Pro Thr His Leu Val Val Lys Lys Glu Lys Thr Pro Lys Pro

760 765 770

gcg aca cgt gat ggt ttc ggt gcc tcc gac tac acc gtc aag ggc atg 2467
Ala Thr Arg Asp Gly Phe Gly Ala Ser Asp Tyr Thr Val Lys Gly Met

775 780 785

gca gcc atc gcc gct gtg gtg atc atc ttg gtt tcc ctg gtg gcc gcc 2515
Ala Ala Ile Ala Ala Val Val Ile Ile Leu Val Ser Leu Val Ala Ala

790 795 800 805

ggt acc gcg ttc ctc acc agc ttc ttc ggc agc agc acc aac gaa caa 2563
Gly Thr Ala Phe Leu Thr Ser Phe Phe Gly Ser Ser Thr Asn Glu Gln

810 815 820

tcc ccg ttg gcc tct gtt gaa gcc acc acc tct gca aca cca gaa cct 2611
Ser Pro Leu Ala Ser Val Glu Ala Thr Thr Ser Ala Thr Pro Glu Pro

825 830 835

gtg ggg cca ccg gtc tac ctg gat ctg gat caa gcc cgc acg tgg gat 2659
Val Gly Pro Pro Val Tyr Leu Asp Leu Asp Gln Ala Arg Thr Trp Asp

840 845 850

gac ggt gca gga aca gat gtc acc gac gtc acc gac ggc aac acc tcc 2707
Asp Gly Ala Gly Thr Asp Val Thr Asp Val Thr Asp Gly Asn Thr Ser

855 860 865

acc gca tgg acc tcc acc ggc ggc gac ggc ctc cta gtt gac ctg tcc 2755
Thr Ala Trp Thr Ser Thr Gly Gly Asp Gly Leu Leu Val Asp Leu Ser

870 875 880 885

acg cct gcc cgc ctc gac cgc gtc atc ttg acc acc ggc acc ggc tcc 2803
Thr Pro Ala Arg Leu Asp Arg Val Ile Leu Thr Thr Gly Thr Gly Ser

890 895 900

gac agc aac gtg acc tcg acc gtg aag atc tac gca ttc aac gac gcc 2851
Asp Ser Asn Val Thr Ser Thr Val Lys Ile Tyr Ala Phe Asn Asp Ala

905 910 915

tca cca cac tcc ctg tcg gaa ggc atc gag atc ggc acc gtg gat tat 2899
Ser Pro His Ser Leu Ser Glu Gly Ile Glu Ile Gly Thr Val Asp Tyr

920 925 930

tcc ggc cgc agt ctc agc cac agc atc cgc gat tcc tcc aag ctt ccg 2947
Ser Gly Arg Ser Leu Ser His Ser Ile Arg Asp Ser Ser Lys Leu Pro

935 940 945

ggc cag gtg gaa tcc gtg gtg att ctg gtc gat gag gtt cgt tcc tca 2995
Gly Gln Val Glu Ser Val Val Ile Leu Val Asp Glu Val Arg Ser Ser

950 955 960 965

caa acc tca gac acc aat cca cag atg cag atc gct gaa gta caa ctt 3043
Gln Thr Ser Asp Thr Asn Pro Gln Met Gln Ile Ala Glu Val Gln Leu

970 975 980

gtt ggt tgg taaattacgc gtttgtgatt gac 3075
Val Gly Trp

<210> 508
<211> 984
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 508
Val Leu Gly Ala Val Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg
1 5 10 15

Ala Glu Lys Glu Asp Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu
20 25 30

Leu Thr Leu Ser Val Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile
35 40 45

Ile Gly Ala Pro Leu Leu Thr Arg Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln
50 55 60

Val Asn Val Val Met Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln
65 70 75 80

Ile Phe Phe Tyr Gly Leu Phe Ala Leu Phe Met Ala Val Leu Asn Thr
85 90 95

Arg Glu Val Phe Lys Pro Gly Ala Trp Ala Pro Val Val Asn Asn Val
100 105 110

Ile Thr Leu Thr Val Leu Gly Val Tyr Met Val Leu Pro Ala Arg Leu
115 120 125

His Pro His Glu Gln Val Gly Ile Phe Asp Pro Gln Ile Ile Phe Leu
130 135 140

Gly Val Gly Thr Thr Leu Gly Val Val Ala Gln Cys Leu Ile Met Ile
145 150 155 160

Pro Tyr Leu Arg Arg Ala Gly Ile Asp Met Arg Pro Leu Trp Gly Ile
165 170 175

Asp Ala Arg Leu Lys Gln Phe Gly Gly Met Ala Met Ala Ile Ile Val
180 185 190

Tyr Val Ala Ile Ser Gln Phe Gly Tyr Ile Ile Thr Thr Arg Ile Ala
195 200 205

Ser Ile Ala Asp Asp Ala Ala Pro Phe Ile Tyr Gln Gln His Trp Met
210 215 220

Leu Leu Gln Val Pro Tyr Gly Ile Ile Gly Val Thr Leu Leu Thr Ala
225 230 235 240

Ile Met Pro Arg Leu Ser Arg Asn Ala Ala Asp Gly Asp Asp Arg Ala
245 250 255

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

Ile Pro Ile Val Val Phe Phe Thr Ala Phe Gly Val Pro Ile Ala Asn
275 280 285

Gly Leu Phe Ala Tyr Gly Gln Phe Asp Ala Asn Ala Ala Asn Ile Leu
290 295 300

Gly Trp Thr Leu Ser Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu
305 310 315 320

Val Leu Leu His Leu Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr
325 330 335

Pro Thr Phe Ile Ile Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser
340 345 350

Leu Leu Ala Pro Leu Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu
355 360 365

Leu Gly Ala Ala Asn Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly
370 375 380

Ala Tyr Leu Leu Arg Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu
385 390 395 400

Ala Lys Thr Ser Leu Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala
405 410 415

Ala Ala Trp Ala Leu Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe
420 425 430

Leu Leu Gly Thr Leu Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val
435 440 445

Leu Gly Val Phe Phe Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser
450 455 460

Gly Leu Pro Glu Val Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro
465 470 475 480

Gly Leu Ser Arg Phe Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val
485 490 495

Gly Glu Val Ser Glu Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser
500 505 510

Glu Phe Ala Ala Thr Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val
515 520 525

Arg Gly Pro Arg Leu Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe
530 535 540

Arg Leu Leu Ala Asp His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln
545 550 555 560

Ala Arg Glu Ile Ala Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp
565 570 575

Thr Ser Gly Asn Ala Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Ala
580 585 590

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

595					600					605						
Gly	Ser	Leu	Ala	Val	Ala	Pro	Asn	Ile	His	Ser	Glu	Ala	Tyr	Arg	Asn	
610					615					620						
Gly	Cys	Leu	Ile	Val	Ala	Asp	Trp	Val	Pro	Gly	Ser	Ser	Leu	Ser	Ala	
625					630					635					640	
Val	Ala	Glu	Ser	Gly	Ala	Asp	Pro	Arg	Ala	Ala	Ala	Phe	Ala	Leu	Ala	
645					650					655						
Glu	Leu	Thr	Glu	Thr	Ile	Gly	Glu	Ala	His	Glu	Met	Gly	Ile	Pro	Ala	
660					665					670						
Gly	Leu	Asp	Asn	Lys	Cys	Arg	Ile	Arg	Ile	Asn	Thr	Asp	Gly	His	Ala	
675					680					685						
Val	Leu	Ala	Leu	Pro	Ala	Ile	Leu	Pro	Asp	Ala	Ser	Glu	Leu	Arg	Asp	
690					695					700						
Ala	Lys	Ser	Leu	Ala	Ser	Ala	Ala	Glu	Met	Leu	Ile	Asp	Ala	Thr	Leu	
705					710					715					720	
Ala	Pro	Ser	Asp	Val	Lys	Ala	Met	Val	Thr	Glu	Ala	Gln	Gly	Leu	Ala	
725					730					735						
Thr	Glu	Asp	Asn	Pro	Asp	Tyr	Ala	Ser	Leu	Ala	Met	Ala	Met	Arg	Thr	
740					745					750						
Cys	Gly	Leu	Phe	Thr	Glu	Glu	Pro	Thr	His	Leu	Val	Val	Lys	Lys	Glu	
755					760					765						
Lys	Thr	Pro	Lys	Pro	Ala	Thr	Arg	Asp	Gly	Phe	Gly	Ala	Ser	Asp	Tyr	
770					775					780						
Thr	Val	Lys	Gly	Met	Ala	Ala	Ile	Ala	Ala	Val	Val	Ile	Ile	Leu	Val	
785					790					795					800	
Ser	Leu	Val	Ala	Ala	Gly	Thr	Ala	Phe	Leu	Thr	Ser	Phe	Phe	Gly	Ser	
805					810					815						
Ser	Thr	Asn	Glu	Gln	Ser	Pro	Leu	Ala	Ser	Val	Glu	Ala	Thr	Thr	Ser	

[illegible]

<210> 509
<211> 930
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(907)
<223> RXC02080

<400> 509

cgtaaattcg aagcgagctt ctaattctag caagcttggt gatggagtat cctgccaaaa 60

tttgtcctgt tgcttattgt gcaggaattc ggaggcggac atg tca atc gag tgg 115
Met Ser Ile Glu Trp

1 5

tta caa att gtt gaa tta gga gcg atc ttt ggt gca ggt ttc ctc gca 163
Leu Gln Ile Val Glu Leu Gly Ala Ile Phe Gly Ala Gly Phe Leu Ala

10 15 20

gga agc atc aat gta att gtc gga gca gga aca tta gtg tcg ttt cct 211
Gly Ser Ile Asn Val Ile Val Gly Ala Gly Thr Leu Val Ser Phe Pro

25 30 35

att ctc gtg ttc ctg ggc ctt cca ccg ttg act gcc acc atc gcc aac 259
Ile Leu Val Phe Leu Gly Leu Pro Pro Leu Thr Ala Thr Ile Ala Asn

40 45 50

acc atc ggc atc gtt cct gga agt att tcg ggt gtg gtt gct tat aga 307
Thr Ile Gly Ile Val Pro Gly Ser Ile Ser Gly Val Val Ala Tyr Arg

55 60 65

cgt gaa cta cac gcc cat gta aaa acc atc aga ttt ctg ctg cca gca 355
Arg Glu Leu His Ala His Val Lys Thr Ile Arg Phe Leu Leu Pro Ala

70 75 80 85

tca atc ctc gga ggg atc acc ggc gcc tcg ctc ttg ctg cat ttc tcc 403
Ser Ile Leu Gly Gly Ile Thr Gly Ala Ser Leu Leu Leu His Phe Ser

90 95 100

gca gat gtt ttt aca gca gta att ccc tgg ctg att gga ttc ggc acg 451
Ala Asp Val Phe Thr Ala Val Ile Pro Trp Leu Ile Gly Phe Gly Thr

105 110 115

ctg ttg gtt atc gca ggt cca tca att aag aag cat gtt ggc gct cat 499
Leu Leu Val Ile Ala Gly Pro Ser Ile Lys Lys His Val Gly Ala His

120 125 130

act tca ggt ggc atc tct gct ggg ttt agg caa ttg cct ttc ccg agc 547
Thr Ser Gly Gly Ile Ser Ala Gly Phe Arg Gln Leu Pro Phe Pro Ser

135	140	145	
cga acc acc ttc atc gtc tca gta tgt ggt gcc ctg ttg ctg ggc atg	595		
Arg Thr Thr Phe Ile Val Ser Val Cys Gly Ala Leu Leu Leu Gly Met			
150	155	160	165
tat gga ggg tac ttc agc gca gct caa ggc att ctt ctc atc gca ttg	643		
Tyr Gly Gly Tyr Phe Ser Ala Ala Gln Gly Ile Leu Leu Ile Ala Leu			
	170	175	180
ctt ggc atc aca tca acg ctg cag atg cag gaa ctc aac gcc atc aaa	691		
Leu Gly Ile Thr Ser Thr Leu Gln Met Gln Glu Leu Asn Ala Ile Lys			
	185	190	195
aac ctc aca gtg gcg gca gtt aat ctc atc gca gcc agt gtt ttt ata	739		
Asn Leu Thr Val Ala Ala Val Asn Leu Ile Ala Ala Ser Val Phe Ile			
	200	205	210
atc atc tcc cct gag ttg atc tcc tgg ccg acc gtt gcc tta atc gcg	787		
Ile Ile Ser Pro Glu Leu Ile Ser Trp Pro Thr Val Ala Leu Ile Ala			
	215	220	225
ctt ggc tca gct tta ggt gga tac atc ggc gga cgg tac gcc cgc cga	835		
Leu Gly Ser Ala Leu Gly Gly Tyr Ile Gly Gly Arg Tyr Ala Arg Arg			
230	235	240	245
ctt cgc ccc agt gtt ttt aga gca ttt gtg gtc atc gtc gga atc acc	883		
Leu Arg Pro Ser Val Phe Arg Ala Phe Val Val Ile Val Gly Ile Thr			
	250	255	260
acg gtc atc gtt atg acg atc ggt taatgcagca gactagtaac ccc	930		
Thr Val Ile Val Met Thr Ile Gly			
	265		

<210> 510

<211> 269

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 510

Met Ser Ile Glu Trp Leu Gln Ile Val Glu Leu Gly Ala Ile Phe Gly

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

Val Ala Leu Ile Ala Leu Gly Ser Ala Leu Gly Gly Tyr Ile Gly Gly
225 230 235 240

Arg Tyr Ala Arg Arg Leu Arg Pro Ser Val Phe Arg Ala Phe Val Val
245 250 255

Ile Val Gly Ile Thr Thr Val Ile Val Met Thr Ile Gly
260 265

<210> 511
<211> 669
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(646)
<223> RXC02789

<400> 511
ttcttcgcta cgctatgct taaaagctaa atttgtcttt gtgccttgca acacattaat 60

ttcttaacac taaacaatgg aaaggttaagc gggtttttct atg aag gtt tcc gcc 115
Met Lys Val Ser Ala

1 5

gat aca ccc ggt cac gat gat cca ggc cca ggc cgg cgc ctt ggc tta 163
Asp Thr Pro Gly His Asp Asp Pro Gly Pro Gly Arg Arg Leu Gly Leu

10 15 20

gat gtc ggc acc gtg cgc atc gga gtg gca gcc tct gac cgc gat gcc 211
Asp Val Gly Thr Val Arg Ile Gly Val Ala Ala Ser Asp Arg Asp Ala

25 30 35

aag ctt gcc atg cct gtg gaa acc gtt ccg cgg gaa act gga ttc aaa 259
Lys Leu Ala Met Pro Val Glu Thr Val Pro Arg Glu Thr Gly Phe Lys

40 45 50

ggg cca gac ctg gcc gat att gat cgg ttg gtc gcc atc gtt gag gaa 307
Gly Pro Asp Leu Ala Asp Ile Asp Arg Leu Val Ala Ile Val Glu Glu

55 60 65

tac aac gcc gtg gaa gtc att gtt ggt cta ccc aca gat ctg cag gga 355
Tyr Asn Ala Val Glu Val Ile Val Gly Leu Pro Thr Asp Leu Gln Gly

70 75 80 85

aat ggc tcc gcc agt gtg aag cat gca aag gaa att gct ttc cgc gtc 403
Asn Gly Ser Ala Ser Val Lys His Ala Lys Glu Ile Ala Phe Arg Val

90 95 100

cgt cgg cgc ctc acc aat gct gga aag aac att ccg gta cgg ctt ggc 451
Arg Arg Arg Leu Thr Asn Ala Gly Lys Asn Ile Pro Val Arg Leu Gly

105 110 115

gac gaa cgc ctc acc acc gtc gtg gcc acc caa gcc ttg cgg gcc tca 499
Asp Glu Arg Leu Thr Thr Val Val Ala Thr Gln Ala Leu Arg Ala Ser

120 125 130

gga gtc agc gaa aaa gcg gga cgt aaa gtt att gat caa gct gcc gca 547
Gly Val Ser Glu Lys Ala Gly Arg Lys Val Ile Asp Gln Ala Ala Ala

135 140 145

gta gaa atc ctt caa acc tgg ttg gat gct cgc acc cga gcc ctt gaa 595
Val Glu Ile Leu Gln Thr Trp Leu Asp Ala Arg Thr Arg Ala Leu Glu

150 155 160 165

cca caa tcc aca gac acc caa gat ttc gac gag aag gga aat ttc cca 643
Pro Gln Ser Thr Asp Thr Gln Asp Phe Asp Glu Lys Gly Asn Phe Pro

170 175 180

gga tgaaccaaatt ccgaaaccgc cgg 669
Gly

<210> 512

<211> 182

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 512

Met Lys Val Ser Ala Asp Thr Pro Gly His Asp Asp Pro Gly Pro Gly

1 5 10 15

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

Ser Asp Arg Asp Ala Lys Leu Ala Met Pro Val Glu Thr Val Pro Arg
35 40 45

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

Ala Ile Val Glu Glu Tyr Asn Ala Val Glu Val Ile Val Gly Leu Pro
65 70 75 80

Thr Asp Leu Gln Gly Asn Gly Ser Ala Ser Val Lys His Ala Lys Glu
85 90 95

Ile Ala Phe Arg Val Arg Arg Arg Leu Thr Asn Ala Gly Lys Asn Ile
100 105 110

Pro Val Arg Leu Gly Asp Glu Arg Leu Thr Thr Val Val Ala Thr Gln
115 120 125

Ala Leu Arg Ala Ser Gly Val Ser Glu Lys Ala Gly Arg Lys Val Ile
130 135 140

Asp Gln Ala Ala Ala Val Glu Ile Leu Gln Thr Trp Leu Asp Ala Arg
145 150 155 160

Thr Arg Ala Leu Glu Pro Gln Ser Thr Asp Thr Gln Asp Phe Asp Glu
165 170 175

Lys Gly Asn Phe Pro Gly
180

<210> 513

<211> 903

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(880)

<223> RXC02295

<400> 513

ttcccatgct aatccgcgaa aatggcactt caacagccat atactttaaa caacacaaat 60

gatgcaagac tgataccggg atgtgatagg agcgcaccac atg ggg ttg gaa tta 115
Met Gly Leu Glu Leu

1 5

gca gct agc ggg tgg ggc atc ctc atc gca ggc gcc gcc gta gcc gga 163
Ala Ala Ser Gly Trp Gly Ile Leu Ile Ala Gly Ala Ala Val Ala Gly

10 15 20

tgg atc gac gca gta atc ggc ggt ggc gga ctc gtc ctc atc ccg ctg 211
Trp Ile Asp Ala Val Ile Gly Gly Gly Gly Leu Val Leu Ile Pro Leu

25 30 35

atc ctc gcg gtc atg ccg caa ctc gca cct gtg aca gcg ctg gcc tcc 259
Ile Leu Ala Val Met Pro Gln Leu Ala Pro Val Thr Ala Leu Ala Ser

40 45 50

aac aaa ctg gca gcc gtc acc ggc acg gca tcg gcg gca ttc acc ctg 307
Asn Lys Leu Ala Ala Val Thr Gly Thr Ala Ser Ala Ala Phe Thr Leu

55 60 65

gtc agg cgc gtc aaa ccc gac aaa aaa ctg ctt gcg ctc tac gtt ctg 355
Val Arg Arg Val Lys Pro Asp Lys Lys Leu Leu Ala Leu Tyr Val Leu

70 75 80 85

gtg gca gct gtg tgc tcc ggt gca ggc gcc ctg gct gcg agt ctc att 403
Val Ala Ala Val Cys Ser Gly Ala Gly Ala Leu Ala Ala Ser Leu Ile

90 95 100

gac aaa caa atc atg cga ccg ctg atc atc gtg ttg atg ctg gtc gtt 451
Asp Lys Gln Ile Met Arg Pro Leu Ile Ile Val Leu Met Leu Val Val

105 110 115

ggc ctg atc gtg gtg ttc aaa cca aac ttc gga acc ggc gaa agc aaa 499
Gly Leu Ile Val Val Phe Lys Pro Asn Phe Gly Thr Gly Glu Ser Lys

120 125 130

gcc ctg ccc acc gga tgg aaa cgc tgg gcc gcc atc gtt gca gtc gga 547
Ala Leu Pro Thr Gly Trp Lys Arg Trp Ala Ala Ile Val Ala Val Gly

135 140 145

ctc atc gca gcc tac gac ggc atc ttc gga ccc gga acc ggc atg ttc 595
Leu Ile Ala Ala Tyr Asp Gly Ile Phe Gly Pro Gly Thr Gly Met Phe

150 155 160 165

ctc atc atg gcg ttc acc gca ctg ctc tcc caa aat ttc ctg tcc tcc 643
Leu Ile Met Ala Phe Thr Ala Leu Leu Ser Gln Asn Phe Leu Ser Ser

170 175 180

gca gcc atg gcg aag gtc gta aac acc gca aca aac ctg ggt gcg cta 691
Ala Ala Met Ala Lys Val Val Asn Thr Ala Thr Asn Leu Gly Ala Leu

185 190 195

att gta ttc atc atc ggc ggc cac atg tgg tgg acc cta gga ctc gtg 739
Ile Val Phe Ile Ile Gly Gly His Met Trp Trp Thr Leu Gly Leu Val

200 205 210

ctg gca gtc gcc aat gtc gca ggc gca caa ctc ggt gcc cga acg gtg 787
Leu Ala Val Ala Asn Val Ala Gly Ala Gln Leu Gly Ala Arg Thr Val

215 220 225

ctt ggt ggc ggt acc agg cta att aga tac gca cta cta acc ctg gtt 835
Leu Gly Gly Gly Thr Arg Leu Ile Arg Tyr Ala Leu Leu Thr Leu Val

230 235 240 245

gtc gtc atg agc gtc tac ctc acc tgg caa caa atc caa gga atg 880
Val Val Met Ser Val Tyr Leu Thr Trp Gln Gln Ile Gln Gly Met

250 255 260

tagataagtc ggggcaaact cta 903

<210> 514

<211> 260

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 514

Met Gly Leu Glu Leu Ala Ala Ser Gly Trp Gly Ile Leu Ile Ala Gly

1 5 10 15

Ala Ala Val Ala Gly Trp Ile Asp Ala Val Ile Gly Gly Gly Gly Leu
20 25 30

Val Leu Ile Pro Leu Ile Leu Ala Val Met Pro Gln Leu Ala Pro Val
35 40 45

Thr Ala Leu Ala Ser Asn Lys Leu Ala Ala Val Thr Gly Thr Ala Ser
50 55 60

Ala Ala Phe Thr Leu Val Arg Arg Val Lys Pro Asp Lys Lys Leu Leu
65 70 75 80

Ala Leu Tyr Val Leu Val Ala Ala Val Cys Ser Gly Ala Gly Ala Leu
85 90 95

Ala Ala Ser Leu Ile Asp Lys Gln Ile Met Arg Pro Leu Ile Ile Val
100 105 110

Leu Met Leu Val Val Gly Leu Ile Val Val Phe Lys Pro Asn Phe Gly
115 120 125

Thr Gly Glu Ser Lys Ala Leu Pro Thr Gly Trp Lys Arg Trp Ala Ala
130 135 140

Ile Val Ala Val Gly Leu Ile Ala Ala Tyr Asp Gly Ile Phe Gly Pro
145 150 155 160

Gly Thr Gly Met Phe Leu Ile Met Ala Phe Thr Ala Leu Leu Ser Gln
165 170 175

Asn Phe Leu Ser Ser Ala Ala Met Ala Lys Val Val Asn Thr Ala Thr
180 185 190

Asn Leu Gly Ala Leu Ile Val Phe Ile Ile Gly Gly His Met Trp Trp
195 200 205

Thr Leu Gly Leu Val Leu Ala Val Ala Asn Val Ala Gly Ala Gln Leu
210 215 220

Gly Ala Arg Thr Val Leu Gly Gly Gly Thr Arg Leu Ile Arg Tyr Ala

225	230	235	240
Leu Leu Thr	Leu Val Val Val Met Ser Val Tyr	Leu Thr Trp Gln Gln	
	245	250	255
Ile Gln Gly Met	260		
<210> 515			
<211> 1132			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1132)			
<223> RXN03063			
<400> 515			
tgtctacaac ttcgcctca tggacatatt aacttcgttg cctcggagag aatactcatc	60		
acctagacaa cagtttgtat ctacctcac aggaggaacc gtg gaa gat ctc tca	115		
	Val Glu Asp Leu Ser		
	1	5	
tac cgc atc ccg cag tcg cgc acc gtg gcc gag cag gtg cca ggg ccg	163		
Tyr Arg Ile Pro Gln Ser Arg Thr Val Ala Glu Gln Val Pro Gly Pro			
	10	15	20
aag tcg aaa gcg ctg gat gag cgt cga caa gca gca gta gca cga gca	211		
Lys Ser Lys Ala Leu Asp Glu Arg Arg Gln Ala Ala Val Ala Arg Ala			
	25	30	35
ctt gca ccg ggt ctg cct gga tac gtg gtg gac gca gac ggt ggc atc	259		
Leu Ala Pro Gly Leu Pro Gly Tyr Val Val Asp Ala Asp Gly Gly Ile			
	40	45	50
ttg gct gac gcg gac ggc aac cgt ttc atc gac ctg gcc tcc ggc atc	307		
Leu Ala Asp Ala Asp Gly Asn Arg Phe Ile Asp Leu Ala Ser Gly Ile			
	55	60	65
gcc gtg acc acg gtc ggc gga tcc aac gcg gcc gtc gcg aaa gcc gtc	355		

Ala Val Thr Thr Val Gly Gly Ser Asn Ala Ala Val Ala Lys Ala Val	
70 75 80 85	
ggc gcc gca gct gcc cgc ttc acc cac acc tgc ttc atg gtc tca cct	403
Gly Ala Ala Ala Ala Arg Phe Thr His Thr Cys Phe Met Val Ser Pro	
90 95 100	
tat gaa act tac gtg gcc atg gcg gag aga ctc aac gcc ttg act cca	451
Tyr Glu Thr Tyr Val Ala Met Ala Glu Arg Leu Asn Ala Leu Thr Pro	
105 110 115	
ggc gat cac gac aag aag agc gcg ctg ttt aac tct ggc gcc gaa gcc	499
Gly Asp His Asp Lys Lys Ser Ala Leu Phe Asn Ser Gly Ala Glu Ala	
120 125 130	
gtg gaa aac gcc gtc aag gtg gca cgc gcc tac acc ggc aag ggc gcg	547
Val Glu Asn Ala Val Lys Val Ala Arg Ala Tyr Thr Gly Lys Gly Ala	
135 140 145	
gtc gtg gtg ttc gac aac gcg tac cac gga cgg acc aac ctc acc atg	595
Val Val Val Phe Asp Asn Ala Tyr His Gly Arg Thr Asn Leu Thr Met	
150 155 160 165	
gcg atg acc gcg aag aac cgc cca tac aag tcc gga ttc gga cca cta	643
Ala Met Thr Ala Lys Asn Arg Pro Tyr Lys Ser Gly Phe Gly Pro Leu	
170 175 180	
gcc gca gac gtc tac cgt gca cca atg tct tac cca ctg cgc gac gga	691
Ala Ala Asp Val Tyr Arg Ala Pro Met Ser Tyr Pro Leu Arg Asp Gly	
185 190 195	
ctg tcc ggc ccg gaa gcc gca gag cgc gcg atc tcc gtg atc gaa tcc	739
Leu Ser Gly Pro Glu Ala Ala Glu Arg Ala Ile Ser Val Ile Glu Ser	
200 205 210	
cag gtc gga gcc gaa aac ctc gcc tgc gtg gtc att gaa ccg atc cag	787
Gln Val Gly Ala Glu Asn Leu Ala Cys Val Val Ile Glu Pro Ile Gln	
215 220 225	
ggc gaa ggc gga ttc atc gtc ccc gca cca gga ttc ctc gca gcc att	835

Gly Glu Gly Gly Phe Ile Val Pro Ala Pro Gly Phe Leu Ala Ala Ile
 230 235 240 245
 tcc acc tgg tgc cgc gag aac gac gtg gtg ttc atc gcc gat gaa atc 883
 Ser Thr Trp Cys Arg Glu Asn Asp Val Val Phe Ile Ala Asp Glu Ile
 250 255 260
 caa tct ggc ttc ctg cgc acc ggc gac tgg ttc gcc agc gac gca gaa 931
 Gln Ser Gly Phe Leu Arg Thr Gly Asp Trp Phe Ala Ser Asp Ala Glu
 265 270 275
 ggt gtg atc ccc gac gtc atc acc acc gca aaa ggc atc gcc ggc ggc 979
 Gly Val Ile Pro Asp Val Ile Thr Thr Ala Lys Gly Ile Ala Gly Gly
 280 285 290
 atg cca cta tcc gca gtg acc ggc cgc gca gaa atc atg gac gca ccc 1027
 Met Pro Leu Ser Ala Val Thr Gly Arg Ala Glu Ile Met Asp Ala Pro
 295 300 305
 ggc ccc ggc gcg ctc ggc gga acc tac ggc gga aac ccc gtt gct tgc 1075
 Gly Pro Gly Ala Leu Gly Gly Thr Tyr Gly Gly Asn Pro Val Ala Cys
 310 315 320 325
 gcc gcg gca ctt gca gcc att gaa gtg atg gaa caa gcc gac ctt aag 1123
 Ala Ala Ala Leu Ala Ala Ile Glu Val Met Glu Gln Ala Asp Leu Lys
 330 335 340
 acc cgc gcg 1132
 Thr Arg Ala

<210> 516
 <211> 344
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 516
 Val Glu Asp Leu Ser Tyr Arg Ile Pro Gln Ser Arg Thr Val Ala Glu
 1 5 10 15

Gln Val Pro Gly Pro Lys Ser Lys Ala Leu Asp Glu Arg Arg Gln Ala

20 25 30

Ala Val Ala Arg Ala Leu Ala Pro Gly Leu Pro Gly Tyr Val Val Asp
35 40 45

Ala Asp Gly Gly Ile Leu Ala Asp Ala Asp Gly Asn Arg Phe Ile Asp
50 55 60

Leu Ala Ser Gly Ile Ala Val Thr Thr Val Gly Gly Ser Asn Ala Ala
65 70 75 80

Val Ala Lys Ala Val Gly Ala Ala Ala Arg Phe Thr His Thr Cys
85 90 95

Phe Met Val Ser Pro Tyr Glu Thr Tyr Val Ala Met Ala Glu Arg Leu
100 105 110

Asn Ala Leu Thr Pro Gly Asp His Asp Lys Lys Ser Ala Leu Phe Asn
115 120 125

Ser Gly Ala Glu Ala Val Glu Asn Ala Val Lys Val Ala Arg Ala Tyr
130 135 140

Thr Gly Lys Gly Ala Val Val Val Phe Asp Asn Ala Tyr His Gly Arg
145 150 155 160

Thr Asn Leu Thr Met Ala Met Thr Ala Lys Asn Arg Pro Tyr Lys Ser
165 170 175

Gly Phe Gly Pro Leu Ala Ala Asp Val Tyr Arg Ala Pro Met Ser Tyr
180 185 190

Pro Leu Arg Asp Gly Leu Ser Gly Pro Glu Ala Ala Glu Arg Ala Ile
195 200 205

Ser Val Ile Glu Ser Gln Val Gly Ala Glu Asn Leu Ala Cys Val Val
210 215 220

Ile Glu Pro Ile Gln Gly Glu Gly Gly Phe Ile Val Pro Ala Pro Gly
225 230 235 240

Phe Leu Ala Ala Ile Ser Thr Trp Cys Arg Glu Asn Asp Val Val Phe

245 250 255

Ile Ala Asp Glu Ile Gln Ser Gly Phe Leu Arg Thr Gly Asp Trp Phe
260 265 270

Ala Ser Asp Ala Glu Gly Val Ile Pro Asp Val Ile Thr Thr Ala Lys
275 280 285

Gly Ile Ala Gly Gly Met Pro Leu Ser Ala Val Thr Gly Arg Ala Glu
290 295 300

Ile Met Asp Ala Pro Gly Pro Gly Ala Leu Gly Gly Thr Tyr Gly Gly
305 310 315 320

Asn Pro Val Ala Cys Ala Ala Ala Leu Ala Ala Ile Glu Val Met Glu
325 330 335

Gln Ala Asp Leu Lys Thr Arg Ala
340

<210> 517
<211> 1491
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1468)
<223> RXN02970

<400> 517
aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
Leu Ala Leu Lys Gly
1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala
10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211

Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe
25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40 45 50

gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac 307
Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

55 60 65

atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga 355
Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg

70 75 80 85

tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac 403
Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn

90 95 100

ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg 451
Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val

105 110 115

tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc 499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly

120 125 130

gcc gac gcc atc gag cac tcc atc cgc atg gct cgc ctg cac acc gga 547
Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala Arg Leu His Thr Gly

135 140 145

cgc aac aaa att ctg tcc gca tac cgc agc tac cac ggc gca acc gga 595
Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr His Gly Ala Thr Gly

150 155 160 165

tcc gcg atg atg ctc acc ggc gaa cac cgc cgc ctg ggc aac ccc acc 643
Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg Leu Gly Asn Pro Thr

170 175 180

acc gac cca gat atc tac cac ttc tgg gca cca ttc ctg cac cac tcc 691

Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro Phe Leu His His Ser	
185	190
195	
tca ttc ttt gcc acc acc caa gaa gaa gaa tgc gaa cgc gca ctc aag	739
Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys Glu Arg Ala Leu Lys	
200	205
210	
cac ttg gaa gat gtc atc gcg ttt gaa ggt gct ggc atg atc gca gcg	787
His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala Gly Met Ile Ala Ala	
215	220
225	
atc gtc ctg gag cca gtg gtg gga tca tca gga atc atc ctg cca cca	835
Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly Ile Ile Leu Pro Pro	
230	235
240	245
gca ggt tac tta aat ggc gtg cgc gaa ctt tgc aac aag cac ggc atc	883
Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys Asn Lys His Gly Ile	
250	255
260	
ctc ttc atc gcc gac gaa gtc atg gtc gga ttc gga cgc acc gga aaa	931
Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe Gly Arg Thr Gly Lys	
265	270
275	
ctg ttt gct tac gag cat gct ggc gac gat ttc cag cca gac atg atc	979
Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe Gln Pro Asp Met Ile	
280	285
290	
acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc	1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile	
295	300
305	
gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc	1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser	
310	315
320	325
ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag	1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys	
330	335
340	
gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct	1171

Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala
345 350 355

cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa 1219
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu
360 365 370

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

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

ttc aag gaa cgc ggc gtg tgg ccg atg atc tcc ggc aac cga ttc cac 1363
Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser Gly Asn Arg Phe His
410 415 420

atc gcg ccg ccg ctg acc acc act gat gac gaa ttg gta gca ctg ctg 1411
Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu Leu Val Ala Leu Leu
425 430 435

gac gcg gtg gaa gct gca gcc caa gct gtc gag ctg acc ttc gct ggg 1459
Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu Leu Thr Phe Ala Gly
440 445 450

gcg ttg ttc taagttttct agataacaag gcc 1491
Ala Leu Phe
455

<210> 518
<211> 456
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 518
Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
1 5 10 15

Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
20 25 30

Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
35 40 45

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly
225 230 235 240

Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
245 250 255

Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
260 265 270

Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
275 280 285

Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
290 295 300

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

Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
325 330 335

Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
340 345 350

Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
355 360 365

Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
370 375 380

Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
385 390 395 400

Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly Val Trp Pro Met Ile Ser
405 410 415

Gly Asn Arg Phe His Ile Ala Pro Pro Leu Thr Thr Thr Asp Asp Glu
420 425 430

Leu Val Ala Leu Leu Asp Ala Val Glu Ala Ala Ala Gln Ala Val Glu
435 440 445

Leu Thr Phe Ala Gly Ala Leu Phe
450 455

<210> 519
 <211> 1330
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1330)
 <223> FRXA01009

<400> 519
 aaccgacaaa acagccgttc acgtgctaaa gcagctcggc ttgatctagg gtgaggtgag 60

ttatttaaag acttcataat attttgggga gtgaactggt ttg gca ttg aag ggt 115
 Leu Ala Leu Lys Gly

1 5

tac acc aac ttt gac ggt gaa ttc atc gaa ttc gga tct gtg caa gca 163
 Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe Gly Ser Val Gln Ala

10 15 20

aaa gaa gag gaa aaa cgg gca ttc gac aac gat cgc gcg cac gtt ttc 211
 Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp Arg Ala His Val Phe

25 30 35

cac tcc tgg tcc gcg cag gac aaa atc agc ccc aaa gta tgg gca gct 259
 His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro Lys Val Trp Ala Ala

40 45 50

gcc gaa ggt tcc acg ctg tac gac ttc gac ggc aac gcc ttc atc gac 307
 Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly Asn Ala Phe Ile Asp

55 60 65

atg ggt tcc caa ctt gtc tcg gca aac tta ggc cac aac aac cct cga 355
 Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly His Asn Asn Pro Arg

70 75 80 85

tta gtt gag gcg atc cag cgc caa gca gcc cgg ttg acc aac atc aac 403
 Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg Leu Thr Asn Ile Asn

90 95 100

ccg gcc ttc ggc aat gat gtg cgc tct gat gtt gct gca aag atc gtg	451
Pro Ala Phe Gly Asn Asp Val Arg Ser Asp Val Ala Ala Lys Ile Val	
105	110
115	
tcg atg gcc cgt ggc gaa ttc tcc cac gtg ttt ttc acc aac ggc ggc	499
Ser Met Ala Arg Gly Glu Phe Ser His Val Phe Phe Thr Asn Gly Gly	
120	125
130	
gcc gac gcc atc gag cac tcc atc cgc atg gct cgc ctg cac acc gga	547
Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala Arg Leu His Thr Gly	
135	140
145	
cgc aac aaa att ctg tcc gca tac cgc agc tac cac ggc gca acc gga	595
Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr His Gly Ala Thr Gly	
150	155
160	165
tcc gcg atg atg ctc acc ggc gaa cac cgc cgc ctg ggc aac ccc acc	643
Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg Leu Gly Asn Pro Thr	
170	175
180	
acc gac cca gat atc tac cac ttc tgg gca cca ttc ctg cac cac tcc	691
Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro Phe Leu His His Ser	
185	190
195	
tca ttc ttt gcc acc acc caa gaa gaa gaa tgc gaa cgc gca ctc aag	739
Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys Glu Arg Ala Leu Lys	
200	205
210	
cac ttg gaa gat gtc atc gcg ttt gaa ggt gct ggc atg atc gca gcg	787
His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala Gly Met Ile Ala Ala	
215	220
225	
atc gtc ctg gag cca gtg gtg gga tca tca gga atc atc ctg cca cca	835
Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly Ile Ile Leu Pro Pro	
230	235
240	245
gca ggt tac tta aat ggc gtg cgc gaa ctt tgc aac aag cac ggc atc	883
Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys Asn Lys His Gly Ile	
250	255
260	
ctc ttc atc gcc gac gaa gtc atg gtc gga ttc gga cgc acc gga aaa	931

Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe Gly Arg Thr Gly Lys
265 270 275

ctg ttt gct tac gag cat gct ggc gac gat ttc cag cca gac atg atc 979
Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe Gln Pro Asp Met Ile
280 285 290

acc ttc gcc aag ggt gtt aac gca ggt tac gcc cca ctc ggt ggc atc 1027
Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala Pro Leu Gly Gly Ile
295 300 305

gtg atg acc caa tca atc cgc gat acc ttc gga tca gag gca tac tcc 1075
Val Met Thr Gln Ser Ile Arg Asp Thr Phe Gly Ser Glu Ala Tyr Ser
310 315 320 325

ggc gga ctc acc tac tcc gga cac cca ctt gca gta gca ccc gcc aag 1123
Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala Val Ala Pro Ala Lys
330 335 340

gca gcg ctg gag att tac gcg gaa gga gag atc att cca cgc gta gct 1171
Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile Ile Pro Arg Val Ala
345 350 355

cga ctt ggc gct gaa ctg atc gaa cct cgc ctt cgt gaa cta gcg gaa 1219
Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu Arg Glu Leu Ala Glu
360 365 370

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

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

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

<210> 520
<211> 410

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 520

Leu Ala Leu Lys Gly Tyr Thr Asn Phe Asp Gly Glu Phe Ile Glu Phe
1 5 10 15

Gly Ser Val Gln Ala Lys Glu Glu Glu Lys Arg Ala Phe Asp Asn Asp
20 25 30

Arg Ala His Val Phe His Ser Trp Ser Ala Gln Asp Lys Ile Ser Pro
35 40 45

Lys Val Trp Ala Ala Ala Glu Gly Ser Thr Leu Tyr Asp Phe Asp Gly
50 55 60

Asn Ala Phe Ile Asp Met Gly Ser Gln Leu Val Ser Ala Asn Leu Gly
65 70 75 80

His Asn Asn Pro Arg Leu Val Glu Ala Ile Gln Arg Gln Ala Ala Arg
85 90 95

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

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

Phe Thr Asn Gly Gly Ala Asp Ala Ile Glu His Ser Ile Arg Met Ala
130 135 140

Arg Leu His Thr Gly Arg Asn Lys Ile Leu Ser Ala Tyr Arg Ser Tyr
145 150 155 160

His Gly Ala Thr Gly Ser Ala Met Met Leu Thr Gly Glu His Arg Arg
165 170 175

Leu Gly Asn Pro Thr Thr Asp Pro Asp Ile Tyr His Phe Trp Ala Pro
180 185 190

Phe Leu His His Ser Ser Phe Phe Ala Thr Thr Gln Glu Glu Glu Cys
195 200 205

Glu Arg Ala Leu Lys His Leu Glu Asp Val Ile Ala Phe Glu Gly Ala
210 215 220

Gly Met Ile Ala Ala Ile Val Leu Glu Pro Val Val Gly Ser Ser Gly
225 230 235 240

Ile Ile Leu Pro Pro Ala Gly Tyr Leu Asn Gly Val Arg Glu Leu Cys
245 250 255

Asn Lys His Gly Ile Leu Phe Ile Ala Asp Glu Val Met Val Gly Phe
260 265 270

Gly Arg Thr Gly Lys Leu Phe Ala Tyr Glu His Ala Gly Asp Asp Phe
275 280 285

Gln Pro Asp Met Ile Thr Phe Ala Lys Gly Val Asn Ala Gly Tyr Ala
290 295 300

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

Ser Glu Ala Tyr Ser Gly Gly Leu Thr Tyr Ser Gly His Pro Leu Ala
325 330 335

Val Ala Pro Ala Lys Ala Ala Leu Glu Ile Tyr Ala Glu Gly Glu Ile
340 345 350

Ile Pro Arg Val Ala Arg Leu Gly Ala Glu Leu Ile Glu Pro Arg Leu
355 360 365

Arg Glu Leu Ala Glu Glu Asn Val Ala Ile Ala Asp Val Arg Gly Ile
370 375 380

Gly Phe Phe Trp Ala Val Glu Phe Asn Ala Asp Ala Thr Ala Met Ala
385 390 395 400

Ala Gly Ala Ala Glu Phe Lys Glu Arg Gly
405 410

<210> 521
<211> 1998

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1975)

<223> RXA01551

<400> 521

cactacgtag gcgtacccca ccatcacgc gtcgaaaagc gccctctctt aacccccgca 60

agggggtaac ttttacgcgc acgcgtgcaa cgcgctagtt ttg aag gca gtc ccc 115
Leu Lys Ala Val Pro

1 5

acg ggc gcc cga gca cgg gct gag atc gcg ctg att gct gcg cga gca 163
Thr Gly Ala Arg Ala Arg Ala Glu Ile Ala Leu Ile Ala Ala Arg Ala

10 15 20

ccg ttt gaa cct gtc cgg tta gca ccg gcg aag gaa gag agg aat ggt 211
Pro Phe Glu Pro Val Arg Leu Ala Pro Ala Lys Glu Glu Arg Asn Gly

25 30 35

gca atg acg cct acc caa aat gag atc cac ccg aaa cat agc tac tcc 259
Ala Met Thr Pro Thr Gln Asn Glu Ile His Pro Lys His Ser Tyr Ser

40 45 50

ccc atc cgc aag gac ggt ctc gag gtc ccg gag acc gaa atc cgc ctc 307
Pro Ile Arg Lys Asp Gly Leu Glu Val Pro Glu Thr Glu Ile Arg Leu

55 60 65

gat gac tcg cca agc ggc ccc aac gaa ccc ttc cgc atc tac cgc acc 355
Asp Asp Ser Pro Ser Gly Pro Asn Glu Pro Phe Arg Ile Tyr Arg Thr

70 75 80 85

cgt ggc cca gaa acc aac ccc aag cag gga ctt ccg cgg ctg cgc gag 403
Arg Gly Pro Glu Thr Asn Pro Lys Gln Gly Leu Pro Arg Leu Arg Glu

90 95 100

tca tgg atc acc gcc cgc ggc gac gtt gcc acc tat cag ggg cgc gag 451
Ser Trp Ile Thr Ala Arg Gly Asp Val Ala Thr Tyr Gln Gly Arg Glu

105	110	115	
cgt ttg ctt atc gac gac ggc cgc tcg gca atg cgt cga ggt caa gct			499
Arg Leu Leu Ile Asp Asp Gly Arg Ser Ala Met Arg Arg Gly Gln Ala			
120	125	130	
tcg gct gag tgg aaa ggc caa aaa cca gct cct ttg aag gcg cta cct			547
Ser Ala Glu Trp Lys Gly Gln Lys Pro Ala Pro Leu Lys Ala Leu Pro			
135	140	145	
ggc aaa aga gtc acc caa atg gcc tat gca cgt gct ggc gtg att act			595
Gly Lys Arg Val Thr Gln Met Ala Tyr Ala Arg Ala Gly Val Ile Thr			
150	155	160	165
cgt gaa atg gag ttt gta gcg ctg cgc gaa cac gtt gat gcg gag ttt			643
Arg Glu Met Glu Phe Val Ala Leu Arg Glu His Val Asp Ala Glu Phe			
170	175	180	
gtg cgc tct gag gtg gcg cgc ggt cgg gcc att att ccc aac aac gtc			691
Val Arg Ser Glu Val Ala Arg Gly Arg Ala Ile Ile Pro Asn Asn Val			
185	190	195	
aac cac ccc gaa tct gaa ccg atg att att ggt cgc aaa ttt ttg acc			739
Asn His Pro Glu Ser Glu Pro Met Ile Ile Gly Arg Lys Phe Leu Thr			
200	205	210	
aaa atc aac gcc aat att ggc aat tct gcg gtc acc tct tca atc gag			787
Lys Ile Asn Ala Asn Ile Gly Asn Ser Ala Val Thr Ser Ser Ile Glu			
215	220	225	
gaa gag gtg tcc aag ctg cag tgg gcc acg cgc tgg ggt gcc gat acc			835
Glu Glu Val Ser Lys Leu Gln Trp Ala Thr Arg Trp Gly Ala Asp Thr			
230	235	240	245
gtg atg gat cta tcc acc ggc gat gat att cac acc acc cgc gaa tgg			883
Val Met Asp Leu Ser Thr Gly Asp Asp Ile His Thr Thr Arg Glu Trp			
250	255	260	
att atc cgc aac tcc ccc gtt cct atc ggc acc gtc ccg atc tac caa			931
Ile Ile Arg Asn Ser Pro Val Pro Ile Gly Thr Val Pro Ile Tyr Gln			

265	270	275	
gcg ctg gaa aaa gta aat ggc gtg gcc gca gac ctt aac tgg gaa gta			979
Ala Leu Glu Lys Val Asn Gly Val Ala Ala Asp Leu Asn Trp Glu Val			
280	285	290	
ttc cgc gat acc atc att gag cag tgt gaa caa ggc gtg gac tat atg			1027
Phe Arg Asp Thr Ile Ile Glu Gln Cys Glu Gln Gly Val Asp Tyr Met			
295	300	305	
acc atc cac gcc ggc gtc ctg ctg gct tat atc cca ctg act acc cgt			1075
Thr Ile His Ala Gly Val Leu Leu Ala Tyr Ile Pro Leu Thr Thr Arg			
310	315	320	325
cgt gtc acc ggc att gtc tcc cgc ggc gga tcc att atg gcc ggt tgg			1123
Arg Val Thr Gly Ile Val Ser Arg Gly Gly Ser Ile Met Ala Gly Trp			
330	335	340	
tgt ctg gcg cat cac cgc gaa tca ttc ctc tac gag cat ttc gac gag			1171
Cys Leu Ala His His Arg Glu Ser Phe Leu Tyr Glu His Phe Asp Glu			
345	350	355	
ctg tgc gaa atc ttt gca caa tat gac gtc gca ttc tcc ctc ggt gat			1219
Leu Cys Glu Ile Phe Ala Gln Tyr Asp Val Ala Phe Ser Leu Gly Asp			
360	365	370	
ggc cta cgc ccc gga tgc ctt gcc gat gcc aac gac gcc gcg caa ttc			1267
Gly Leu Arg Pro Gly Ser Leu Ala Asp Ala Asn Asp Ala Ala Gln Phe			
375	380	385	
gcc gag ctg aaa acc att ggt gag ctc acc caa cgc gcc tgg gaa tac			1315
Ala Glu Leu Lys Thr Ile Gly Glu Leu Thr Gln Arg Ala Trp Glu Tyr			
390	395	400	405
gat gta caa gta atg gtc gaa gga cct gga cac gtg cca cta aac atg			1363
Asp Val Gln Val Met Val Glu Gly Pro Gly His Val Pro Leu Asn Met			
410	415	420	
atc cag gaa aac aac gag ctg gaa caa aag tgg gca gcg gac gca cct			1411
Ile Gln Glu Asn Asn Glu Leu Glu Gln Lys Trp Ala Ala Asp Ala Pro			

425	430	435	
ttt tac act ctt gga cca cta gtt acc gac atc gct cca ggt tat gac			1459
Phe Tyr Thr Leu Gly Pro Leu Val Thr Asp Ile Ala Pro Gly Tyr Asp			
440	445	450	
cac atc act tct gcc att ggt gca gct cac atc gcc atg ggt ggc acc			1507
His Ile Thr Ser Ala Ile Gly Ala Ala His Ile Ala Met Gly Gly Thr			
455	460	465	
gcc atg ctg tgt tat gtc acc ccg aaa gaa cac ctt ggc ctg ccc aac			1555
Ala Met Leu Cys Tyr Val Thr Pro Lys Glu His Leu Gly Leu Pro Asn			
470	475	480	485
cgt gac gac gtc aaa acc ggc gta atc acc tac aag ctc gct gcc cac			1603
Arg Asp Asp Val Lys Thr Gly Val Ile Thr Tyr Lys Leu Ala Ala His			
490	495	500	
gca gca gat gtg gcc aag ggt cat ccc ggc gcg cgt gcc tgg gac gac			1651
Ala Ala Asp Val Ala Lys Gly His Pro Gly Ala Arg Ala Trp Asp Asp			
505	510	515	
gcc atg agt aaa gcg cgt ttt gaa ttc cgt tgg aat gat cag ttt gcg			1699
Ala Met Ser Lys Ala Arg Phe Glu Phe Arg Trp Asn Asp Gln Phe Ala			
520	525	530	
ctc tcc ctc gac ccc gac act gca atc gct tat cac gac gaa acc ctg			1747
Leu Ser Leu Asp Pro Asp Thr Ala Ile Ala Tyr His Asp Glu Thr Leu			
535	540	545	
ccg gca gag cct gcg aaa acc gca cac ttc tgt tca atg tgt ggc ccg			1795
Pro Ala Glu Pro Ala Lys Thr Ala His Phe Cys Ser Met Cys Gly Pro			
550	555	560	565
aag ttc tgc tcc atg cga att agc cag gac att cgc gat atg ttt ggc			1843
Lys Phe Cys Ser Met Arg Ile Ser Gln Asp Ile Arg Asp Met Phe Gly			
570	575	580	
gat caa atc gcg gaa ttg ggg atg cct ggg gtt ggg gat tct tct agt			1891
Asp Gln Ile Ala Glu Leu Gly Met Pro Gly Val Gly Asp Ser Ser Ser			

585 590 595
gct gtt gct tct agt ggg gca cgg gag ggg atg gct gag aaa tcc cgg 1939
Ala Val Ala Ser Ser Gly Ala Arg Glu Gly Met Ala Glu Lys Ser Arg

600 605 610
gaa ttt att gct ggt ggt gcg gag gtt tat cgg cgt tagacagagc 1985
Glu Phe Ile Ala Gly Gly Ala Glu Val Tyr Arg Arg

615 620 625
gatcccagat agc 1998

<210> 522
<211> 625
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 522
Leu Lys Ala Val Pro Thr Gly Ala Arg Ala Arg Ala Glu Ile Ala Leu
1 5 10 15

Ile Ala Ala Arg Ala Pro Phe Glu Pro Val Arg Leu Ala Pro Ala Lys
20 25 30

Glu Glu Arg Asn Gly Ala Met Thr Pro Thr Gln Asn Glu Ile His Pro
35 40 45

Lys His Ser Tyr Ser Pro Ile Arg Lys Asp Gly Leu Glu Val Pro Glu
50 55 60

Thr Glu Ile Arg Leu Asp Asp Ser Pro Ser Gly Pro Asn Glu Pro Phe
65 70 75 80

Arg Ile Tyr Arg Thr Arg Gly Pro Glu Thr Asn Pro Lys Gln Gly Leu
85 90 95

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

Tyr Gln Gly Arg Glu Arg Leu Leu Ile Asp Asp Gly Arg Ser Ala Met
115 120 125

Arg Arg Gly Gln Ala Ser Ala Glu Trp Lys Gly Gln Lys Pro Ala Pro
130 135 140

Leu Lys Ala Leu Pro Gly Lys Arg Val Thr Gln Met Ala Tyr Ala Arg
145 150 155 160

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

Val Asp Ala Glu Phe Val Arg Ser Glu Val Ala Arg Gly Arg Ala Ile
180 185 190

Ile Pro Asn Asn Val Asn His Pro Glu Ser Glu Pro Met Ile Ile Gly
195 200 205

Arg Lys Phe Leu Thr Lys Ile Asn Ala Asn Ile Gly Asn Ser Ala Val
210 215 220

Thr Ser Ser Ile Glu Glu Glu Val Ser Lys Leu Gln Trp Ala Thr Arg
225 230 235 240

Trp Gly Ala Asp Thr Val Met Asp Leu Ser Thr Gly Asp Asp Ile His
245 250 255

Thr Thr Arg Glu Trp Ile Ile Arg Asn Ser Pro Val Pro Ile Gly Thr
260 265 270

Val Pro Ile Tyr Gln Ala Leu Glu Lys Val Asn Gly Val Ala Ala Asp
275 280 285

Leu Asn Trp Glu Val Phe Arg Asp Thr Ile Ile Glu Gln Cys Glu Gln
290 295 300

Gly Val Asp Tyr Met Thr Ile His Ala Gly Val Leu Leu Ala Tyr Ile
305 310 315 320

Pro Leu Thr Thr Arg Arg Val Thr Gly Ile Val Ser Arg Gly Gly Ser
325 330 335

Ile Met Ala Gly Trp Cys Leu Ala His His Arg Glu Ser Phe Leu Tyr
340 345 350

Glu His Phe Asp Glu Leu Cys Glu Ile Phe Ala Gln Tyr Asp Val Ala
355 360 365

Phe Ser Leu Gly Asp Gly Leu Arg Pro Gly Ser Leu Ala Asp Ala Asn
370 375 380

Asp Ala Ala Gln Phe Ala Glu Leu Lys Thr Ile Gly Glu Leu Thr Gln
385 390 395 400

Arg Ala Trp Glu Tyr Asp Val Gln Val Met Val Glu Gly Pro Gly His
405 410 415

Val Pro Leu Asn Met Ile Gln Glu Asn Asn Glu Leu Glu Gln Lys Trp
420 425 430

Ala Ala Asp Ala Pro Phe Tyr Thr Leu Gly Pro Leu Val Thr Asp Ile
435 440 445

Ala Pro Gly Tyr Asp His Ile Thr Ser Ala Ile Gly Ala Ala His Ile
450 455 460

Ala Met Gly Gly Thr Ala Met Leu Cys Tyr Val Thr Pro Lys Glu His
465 470 475 480

Leu Gly Leu Pro Asn Arg Asp Asp Val Lys Thr Gly Val Ile Thr Tyr
485 490 495

Lys Leu Ala Ala His Ala Ala Asp Val Ala Lys Gly His Pro Gly Ala
500 505 510

Arg Ala Trp Asp Asp Ala Met Ser Lys Ala Arg Phe Glu Phe Arg Trp
515 520 525

Asn Asp Gln Phe Ala Leu Ser Leu Asp Pro Asp Thr Ala Ile Ala Tyr
530 535 540

His Asp Glu Thr Leu Pro Ala Glu Pro Ala Lys Thr Ala His Phe Cys
545 550 555 560

Ser Met Cys Gly Pro Lys Phe Cys Ser Met Arg Ile Ser Gln Asp Ile
565 570 575

Arg Asp Met Phe Gly Asp Gln Ile Ala Glu Leu Gly Met Pro Gly Val
580 585 590

Gly Asp Ser Ser Ser Ala Val Ala Ser Ser Gly Ala Arg Glu Gly Met
595 600 605

Ala Glu Lys Ser Arg Glu Phe Ile Ala Gly Gly Ala Glu Val Tyr Arg
610 615 620

Arg
625

<210> 523
<211> 1013
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(990)
<223> RXA01019

<400> 523
act ttg gcg cac tca ctt tca ttc ccg gat tgc ctt cgc gac ggg cca 48
Thr Leu Ala His Ser Leu Ser Phe Pro Asp Ser Leu Arg Asp Gly Pro

1 5 10 15

acc gtt gga gac ctc ggg gaa ttt gaa gtg att cgg gta atc acg gag 96
Thr Val Gly Asp Leu Gly Glu Phe Glu Val Ile Arg Val Ile Thr Glu

20 25 30

caa gct gga tca tct ctc aac ggc gat gac gca gct gtg ctt cgg cat 144
Gln Ala Gly Ser Ser Leu Asn Gly Asp Asp Ala Ala Val Leu Arg His

35 40 45

gca tca ccc aat tcc agg gct gtt gtc acc acc gac atg ttg gtt gcg 192
Ala Ser Pro Asn Ser Arg Ala Val Val Thr Thr Asp Met Leu Val Ala

50 55 60

ggc agg cat ttc caa ttg gat tgg tcc acc ccg gaa caa ata ggg cag 240
Gly Arg His Phe Gln Leu Asp Trp Ser Thr Pro Glu Gln Ile Gly Gln

65	70	75	80	
aag gcg att gtg cag aac ttt gct gat att gag gcg atg ggt gca cgt				288
Lys Ala Ile Val Gln Asn Phe Ala Asp Ile Glu Ala Met Gly Ala Arg				
	85	90	95	
cca gta gcc gca ttg ttg gcg att tcc gcc ccc aca cac acc ccc gtg				336
Pro Val Ala Ala Leu Leu Ala Ile Ser Ala Pro Thr His Thr Pro Val				
	100	105	110	
gag ttt gtc cga ggc tta gcc cgt ggc atg aat caa cgc ttg gag gag				384
Glu Phe Val Arg Gly Leu Ala Arg Gly Met Asn Gln Arg Leu Glu Glu				
	115	120	125	
tac tcc gcg gaa ctt gtt ggc gga gac atc acc agc ggg gac tcc ttg				432
Tyr Ser Ala Glu Leu Val Gly Gly Asp Ile Thr Ser Gly Asp Ser Leu				
	130	135	140	
gtt att gct gta act gca att ggt caa ctg ggt gga tcc ttg cca gag				480
Val Ile Ala Val Thr Ala Ile Gly Gln Leu Gly Gly Ser Leu Pro Glu				
	145	150	155	160
ctg acg ttg gga cgt gcc cga cca gga cag acc ctg gtg gcc cac gga				528
Leu Thr Leu Gly Arg Ala Arg Pro Gly Gln Thr Leu Val Ala His Gly				
	165	170	175	
aag atc ggt tac tcc gca gca ggc ctt gct cta ctg cag cac ttt ggt				576
Lys Ile Gly Tyr Ser Ala Ala Gly Leu Ala Leu Leu Gln His Phe Gly				
	180	185	190	
cca gac aac gtt cca gag cac ctt cgc ccc ttg gtg gat gca cac tgc				624
Pro Asp Asn Val Pro Glu His Leu Arg Pro Leu Val Asp Ala His Cys				
	195	200	205	
gca cca gtt ctc acc cca ggc cga ggc atg gtg gca cgc gct gct gga				672
Ala Pro Val Leu Thr Pro Gly Arg Gly Met Val Ala Arg Ala Ala Gly				
	210	215	220	
gcg acc gcc atg act gat aac tcg gac gga ctg att gtg gat ctt aac				720
Ala Thr Ala Met Thr Asp Asn Ser Asp Gly Leu Ile Val Asp Leu Asn				

225	230	235	240	
caa atg gcc atg aag tct ggt gtg cgc atc gat gtg gat tcc tgt agc				768
Gln Met Ala Met Lys Ser Gly Val Arg Ile Asp Val Asp Ser Cys Ser				
	245	250	255	
atc agc ccc gat gaa ctc ctt agc gaa gcc gct tcc gta ctc gga aca				816
Ile Ser Pro Asp Glu Leu Leu Ser Glu Ala Ala Ser Val Leu Gly Thr				
	260	265	270	
gac gcc tgg cga tgg atc tta agc ggc ggg gaa gac cac acc ctg ctc				864
Asp Ala Trp Arg Trp Ile Leu Ser Gly Gly Glu Asp His Thr Leu Leu				
	275	280	285	
tct acg acg ttt ggc gat gcc ccc tct gga ttc cgc acc atc ggc caa				912
Ser Thr Thr Phe Gly Asp Ala Pro Ser Gly Phe Arg Thr Ile Gly Gln				
	290	295	300	
gtc acc aaa aca cgc cac gaa gac ctc gtc acc gta gat aag aaa acc				960
Val Thr Lys Thr Arg His Glu Asp Leu Val Thr Val Asp Lys Lys Thr				
305	310	315	320	
ccc gca ttt tcc gat gga tgg aga agc ttc taatgaccaa caccctatgg				1010
Pro Ala Phe Ser Asp Gly Trp Arg Ser Phe				
	325	330		
aat				1013

<210> 524
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 524
 Thr Leu Ala His Ser Leu Ser Phe Pro Asp Ser Leu Arg Asp Gly Pro
 1 5 10 15
 Thr Val Gly Asp Leu Gly Glu Phe Glu Val Ile Arg Val Ile Thr Glu
 20 25 30
 Gln Ala Gly Ser Ser Leu Asn Gly Asp Asp Ala Ala Val Leu Arg His
 35 40 45

Ala Ser Pro Asn Ser Arg Ala Val Val Thr Thr Asp Met Leu Val Ala
50 55 60

Gly Arg His Phe Gln Leu Asp Trp Ser Thr Pro Glu Gln Ile Gly Gln
65 70 75 80

Lys Ala Ile Val Gln Asn Phe Ala Asp Ile Glu Ala Met Gly Ala Arg
85 90 95

Pro Val Ala Ala Leu Leu Ala Ile Ser Ala Pro Thr His Thr Pro Val
100 105 110

Glu Phe Val Arg Gly Leu Ala Arg Gly Met Asn Gln Arg Leu Glu Glu
115 120 125

Tyr Ser Ala Glu Leu Val Gly Gly Asp Ile Thr Ser Gly Asp Ser Leu
130 135 140

Val Ile Ala Val Thr Ala Ile Gly Gln Leu Gly Gly Ser Leu Pro Glu
145 150 155 160

Leu Thr Leu Gly Arg Ala Arg Pro Gly Gln Thr Leu Val Ala His Gly
165 170 175

Lys Ile Gly Tyr Ser Ala Ala Gly Leu Ala Leu Leu Gln His Phe Gly
180 185 190

Pro Asp Asn Val Pro Glu His Leu Arg Pro Leu Val Asp Ala His Cys
195 200 205

Ala Pro Val Leu Thr Pro Gly Arg Gly Met Val Ala Arg Ala Ala Gly
210 215 220

Ala Thr Ala Met Thr Asp Asn Ser Asp Gly Leu Ile Val Asp Leu Asn
225 230 235 240

Gln Met Ala Met Lys Ser Gly Val Arg Ile Asp Val Asp Ser Cys Ser
245 250 255

Ile Ser Pro Asp Glu Leu Leu Ser Glu Ala Ala Ser Val Leu Gly Thr

260 265 270

Asp Ala Trp Arg Trp Ile Leu Ser Gly Gly Glu Asp His Thr Leu Leu
275 280 285

Ser Thr Thr Phe Gly Asp Ala Pro Ser Gly Phe Arg Thr Ile Gly Gln
290 295 300

Val Thr Lys Thr Arg His Glu Asp Leu Val Thr Val Asp Lys Lys Thr
305 310 315 320

Pro Ala Phe Ser Asp Gly Trp Arg Ser Phe
325 330

<210> 525
<211> 706
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(706)
<223> RXA01352

<400> 525
gtgcccaatg cattgggctg agattgcgcg ctgttgcctgc gcgggaccgt tcgaacctgt 60

ctggtaaca ccagcgaagg aagcgaggat tgattgtccc gtg ttt gaa aat cgt 115
Val Phe Glu Asn Arg
1 5

ttt gac ctg cgt tgt tat gtt gtg act ggt gcg ggc tcg gtg gat gag 163
Phe Asp Leu Arg Cys Tyr Val Val Thr Gly Ala Gly Ser Val Asp Glu
10 15 20

gtt gtg cac act gcg tct gct gcg gct cgt ggt ggc gcg ggt gtg gtg 211
Val Val His Thr Ala Ser Ala Ala Ala Arg Gly Gly Ala Gly Val Val
25 30 35

cag gtg cgt tca aag cct att tcg cca gaa gcg atg agg gag ttg gca 259
Gln Val Arg Ser Lys Pro Ile Ser Pro Glu Ala Met Arg Glu Leu Ala
40 45 50

tca aag gtt gcg ctt gag gtt gcg cgg tgc agc cca aca acg agg gtg 307
Ser Lys Val Ala Leu Glu Val Ala Arg Cys Ser Pro Thr Thr Arg Val

55 60 65

ctt atc gac gac cac ctc cac gtt gct tct tcc tta atg cgc gaa gga 355
Leu Ile Asp Asp His Leu His Val Ala Ser Ser Leu Met Arg Glu Gly

70 75 80 85

ctc ccg att cac ggt gtg cat ctt ggg cag gat gat atg tcg gtg ctt 403
Leu Pro Ile His Gly Val His Leu Gly Gln Asp Asp Met Ser Val Leu

90 95 100

gag gct cgt gag ttg ttg ggg cct gag gcg atc att ggg ttg act act 451
Glu Ala Arg Glu Leu Leu Gly Pro Glu Ala Ile Ile Gly Leu Thr Thr

105 110 115

gga acc cta gaa ctt gtg gcg gcg gcg aat gag ctg tcc gat gtg ttg 499
Gly Thr Leu Glu Leu Val Ala Ala Ala Asn Glu Leu Ser Asp Val Leu

120 125 130

gat tac atc ggt gct ggg ccg ttt cgg aag act ccc acc aag gat tca 547
Asp Tyr Ile Gly Ala Gly Pro Phe Arg Lys Thr Pro Thr Lys Asp Ser

135 140 145

ggt cgg cca ccg att ggc ctt gcg ggt tat ccc cct ttg gtg gaa ttg 595
Gly Arg Pro Pro Ile Gly Leu Ala Gly Tyr Pro Pro Leu Val Glu Leu

150 155 160 165

tcc aag gtg ccg atc gtt gcg att ggt gat gtc acc cct gcc gat gtg 643
Ser Lys Val Pro Ile Val Ala Ile Gly Asp Val Thr Pro Ala Asp Val

170 175 180

cgc gct ctc agc gca acc ggt gtg gct ggc gtt gcc atg gtg cgg gct 691
Arg Ala Leu Ser Ala Thr Gly Val Ala Gly Val Ala Met Val Arg Ala

185 190 195

ttt tct gaa tct gat 706
Phe Ser Glu Ser Asp

200

<210> 526
 <211> 202
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 526
 Val Phe Glu Asn Arg Phe Asp Leu Arg Cys Tyr Val Val Thr Gly Ala
 1 5 10 15

Gly Ser Val Asp Glu Val Val His Thr Ala Ser Ala Ala Ala Arg Gly
 20 25 30

Gly Ala Gly Val Val Gln Val Arg Ser Lys Pro Ile Ser Pro Glu Ala
 35 40 45

Met Arg Glu Leu Ala Ser Lys Val Ala Leu Glu Val Ala Arg Cys Ser
 50 55 60

Pro Thr Thr Arg Val Leu Ile Asp Asp His Leu His Val Ala Ser Ser
 65 70 75 80

Leu Met Arg Glu Gly Leu Pro Ile His Gly Val His Leu Gly Gln Asp
 85 90 95

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

Ile Gly Leu Thr Thr Gly Thr Leu Glu Leu Val Ala Ala Ala Asn Glu
 115 120 125

Leu Ser Asp Val Leu Asp Tyr Ile Gly Ala Gly Pro Phe Arg Lys Thr
 130 135 140

Pro Thr Lys Asp Ser Gly Arg Pro Pro Ile Gly Leu Ala Gly Tyr Pro
 145 150 155 160

Pro Leu Val Glu Leu Ser Lys Val Pro Ile Val Ala Ile Gly Asp Val
 165 170 175

Thr Pro Ala Asp Val Arg Ala Leu Ser Ala Thr Gly Val Ala Gly Val

180	185	190	
Ala Met Val Arg Ala Phe Ser Glu Ser Asp			
195	200		
<210> 527 <211> 944 <212> DNA <213> <i>Corynebacterium glutamicum</i>			
<220> <221> CDS <222> (1)..(921) <223> RXA01381			
<400> 527			
tcc gca ggc gtt gga acc atc acg gtc atc gat gac gac acc gtc gac			48
Ser Ala Gly Val Gly Thr Ile Thr Val Ile Asp Asp Asp Thr Val Asp			
1	5	10	15
att tcc aac att cac cgc caa atc ctc ttc ggc gca agc gat gtc ggt 96			
Ile Ser Asn Ile His Arg Gln Ile Leu Phe Gly Ala Ser Asp Val Gly			
20	25	30	
cga ccc aag gtc gag gtt gcc gcc gag cgc ctc aaa gaa ctc caa cca 144			
Arg Pro Lys Val Glu Val Ala Ala Glu Arg Leu Lys Glu Leu Gln Pro			
35	40	45	
gac atc acc gtc aac gcg ttg cac gaa cgg atc act cca gaa aac gcc 192			
Asp Ile Thr Val Asn Ala Leu His Glu Arg Ile Thr Pro Glu Asn Ala			
50	55	60	
tgc gag ctg ctc aat tcc gtg gac ctc gtc tta gac ggc tcc gat tct 240			
Cys Glu Leu Leu Asn Ser Val Asp Leu Val Leu Asp Gly Ser Asp Ser			
65	70	75	80
ttc tcc aca aaa tac tta gtg tct gat gcc gcc gaa atc acc gga act 288			
Phe Ser Thr Lys Tyr Leu Val Ser Asp Ala Ala Glu Ile Thr Gly Thr			
85	90	95	
ccc ctc atc tgg gca acg gta ctg cgc ttt cac ggc gaa ctg gca ctc 336			

Pro Leu Ile Trp Ala Thr Val Leu Arg Phe His Gly Glu Leu Ala Leu
100 105 110

ttc aac tct ggc ccc gac cac cgc gga gtc ggc ctg cgc gac gtc ttc 384
Phe Asn Ser Gly Pro Asp His Arg Gly Val Gly Leu Arg Asp Val Phe
115 120 125

ccc gaa caa ccc tcc gcc gat ttc gtc cct gac tgc gcc acc gct ggt 432
Pro Glu Gln Pro Ser Ala Asp Phe Val Pro Asp Cys Ala Thr Ala Gly
130 135 140

gtt ctt ggc gcc acc aca gcc acc atc ggc gca ctc atg gcc act cac 480
Val Leu Gly Ala Thr Thr Ala Thr Ile Gly Ala Leu Met Ala Thr His
145 150 155 160

gcc atc gga ttt ctc aca gaa atc ggc gac gtc caa cca ggc aca atc 528
Ala Ile Gly Phe Leu Thr Glu Ile Gly Asp Val Gln Pro Gly Thr Ile
165 170 175

ctc tcc tac gac gca ttc ccc gcc gcc acg cgc agc ttc cgc gtc tcc 576
Leu Ser Tyr Asp Ala Phe Pro Ala Ala Thr Arg Ser Phe Arg Val Ser
180 185 190

gcc gac ccg gcg cgc cca ctg gtc acc cgc ctc cgc gcc tcc tac gag 624
Ala Asp Pro Ala Arg Pro Leu Val Thr Arg Leu Arg Ala Ser Tyr Glu
195 200 205

gca gcg cgc acc gat aca act tcg ctt atc gac gcc acc ctc aac ggc 672
Ala Ala Arg Thr Asp Thr Thr Ser Leu Ile Asp Ala Thr Leu Asn Gly
210 215 220

tcc ctc acc gcc ctc gat atc cga gag cca cat gaa gtt ctg ctc aaa 720
Ser Leu Thr Ala Leu Asp Ile Arg Glu Pro His Glu Val Leu Leu Lys
225 230 235 240

gac ctc ccc gag ggc gca acg tca ctg aag ctc ccc tta agc cag atc 768
Asp Leu Pro Glu Gly Ala Thr Ser Leu Lys Leu Pro Leu Ser Gln Ile
245 250 255

acc tcg gac agc gac att tta gag gca ctg tct gga atc gac ggc gac 816

Thr Ser Asp Ser Asp Ile Leu Glu Ala Leu Ser Gly Ile Asp Gly Asp

260 265 270

att ttg gtc tac tgc gct tcg gga atc cgc agt tcc gac ttc atc gac 864
Ile Leu Val Tyr Cys Ala Ser Gly Ile Arg Ser Ser Asp Phe Ile Asp

275 280 285

aac tac tcc cac ctc ggc cac aaa ttt gtg aat ctt ccc ggt ggg gtc 912
Asn Tyr Ser His Leu Gly His Lys Phe Val Asn Leu Pro Gly Gly Val

290 295 300

aac gcg ctg tagctgtcaa ttttaagaggc cag 944
Asn Ala Leu

305

<210> 528

<211> 307

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 528

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

Ile Ser Asn Ile His Arg Gln Ile Leu Phe Gly Ala Ser Asp Val Gly
20 25 30

Arg Pro Lys Val Glu Val Ala Ala Glu Arg Leu Lys Glu Leu Gln Pro
35 40 45

Asp Ile Thr Val Asn Ala Leu His Glu Arg Ile Thr Pro Glu Asn Ala
50 55 60

Cys Glu Leu Leu Asn Ser Val Asp Leu Val Leu Asp Gly Ser Asp Ser
65 70 75 80

Phe Ser Thr Lys Tyr Leu Val Ser Asp Ala Ala Glu Ile Thr Gly Thr
85 90 95

Pro Leu Ile Trp Ala Thr Val Leu Arg Phe His Gly Glu Leu Ala Leu

100	105	110
Phe Asn Ser Gly Pro Asp His Arg Gly Val Gly Leu Arg Asp Val Phe		
115	120	125
Pro Glu Gln Pro Ser Ala Asp Phe Val Pro Asp Cys Ala Thr Ala Gly		
130	135	140
Val Leu Gly Ala Thr Thr Ala Thr Ile Gly Ala Leu Met Ala Thr His		
145	150	155
		160
Ala Ile Gly Phe Leu Thr Glu Ile Gly Asp Val Gln Pro Gly Thr Ile		
165	170	175
Leu Ser Tyr Asp Ala Phe Pro Ala Ala Thr Arg Ser Phe Arg Val Ser		
180	185	190
Ala Asp Pro Ala Arg Pro Leu Val Thr Arg Leu Arg Ala Ser Tyr Glu		
195	200	205
Ala Ala Arg Thr Asp Thr Thr Ser Leu Ile Asp Ala Thr Leu Asn Gly		
210	215	220
Ser Leu Thr Ala Leu Asp Ile Arg Glu Pro His Glu Val Leu Leu Lys		
225	230	235
		240
Asp Leu Pro Glu Gly Ala Thr Ser Leu Lys Leu Pro Leu Ser Gln Ile		
245	250	255
Thr Ser Asp Ser Asp Ile Leu Glu Ala Leu Ser Gly Ile Asp Gly Asp		
260	265	270
Ile Leu Val Tyr Cys Ala Ser Gly Ile Arg Ser Ser Asp Phe Ile Asp		
275	280	285
Asn Tyr Ser His Leu Gly His Lys Phe Val Asn Leu Pro Gly Gly Val		
290	295	300
Asn Ala Leu		
305		

<210> 529
 <211> 259
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(259)
 <223> RXA01360

<400> 529
 gttggcaatca acgccgcggt cgtaccaga tcccagtggt cacgcgcat ttgtgacaac 60

gattccgtag aagttctcac cgcaattcag ggaggttaaa atg ctg cat att gct 115
 Met Leu His Ile Ala

1 5

gat aaa act ttc gat tcc cac ctc atc atg ggc acc ggc gga gcc acc 163
 Asp Lys Thr Phe Asp Ser His Leu Ile Met Gly Thr Gly Gly Ala Thr

10 15 20

tct cag gcg ttg ctg gag gaa tcc ctt gtc gcc agt gga act caa ttg 211
 Ser Gln Ala Leu Leu Glu Glu Ser Leu Val Ala Ser Gly Thr Gln Leu

25 30 35

acc acc gtg gcg atg cgt cga cac caa gca acc acc tct agc gga gaa 259
 Thr Thr Val Ala Met Arg Arg His Gln Ala Thr Thr Ser Ser Gly Glu

40 45 50

<210> 530
 <211> 53
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 530
 Met Leu His Ile Ala Asp Lys Thr Phe Asp Ser His Leu Ile Met Gly
 1 5 10 15

Thr Gly Gly Ala Thr Ser Gln Ala Leu Leu Glu Glu Ser Leu Val Ala
 20 25 30

Ser Gly Thr Gln Leu Thr Thr Val Ala Met Arg Arg His Gln Ala Thr

35 40 45

Thr Ser Ser Gly Glu
50

<210> 531
<211> 629
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(606)
<223> RXA01361

<400> 531
gcc gac gct gtg atc tct att gat ggc cac gat ccg tgt ttg acc gtg 48
Ala Asp Ala Val Ile Ser Ile Asp Gly His Asp Pro Cys Leu Thr Val

1 5 10 15

acg atg aat tcg ggg gtg agg gtt gcg tcg aaa agc gtt gtt gtt ttg 96
Thr Met Asn Ser Gly Val Arg Val Ala Ser Lys Ser Val Val Val Leu

20 25 30

gcg gcg ggc ctg ggc gcc gca agc att ccc ggc tgg ttt gag ggc gcg 144
Ala Ala Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ile Pro Gly Trp Phe Glu Gly Ala

35 40 45

aac cca ttg cag ttg agg ccg gtg tac ggc gat att gtg cgc gtg cgc 192
Asn Pro Leu Gln Leu Arg Pro Val Tyr Gly Asp Ile Val Arg Val Arg

50 55 60

gtg ccg gag cga ctg cag ccg atg gtc acc aag gtg gtg cgc ggg ttt 240
Val Pro Glu Arg Leu Gln Pro Met Val Thr Lys Val Val Arg Gly Phe

65 70 75 80

gtg gaa gat cgt cag att tat atc att ccg cgt acc gat ggc acc etc 288
Val Glu Asp Arg Gln Ile Tyr Ile Ile Pro Arg Thr Asp Gly Thr Leu

85 90 95

gcg atc ggc gcg aca agc cgt gag gat cac ccg caa cct cga acg ggc 336

Ala Ile Gly Ala Thr Ser Arg Glu Asp His Pro Gln Pro Arg Thr Gly
100 105 110

gca gtg cat gat ttg cta cgc gat gct atc cgt ttg att ccg ggc att 384
Ala Val His Asp Leu Leu Arg Asp Ala Ile Arg Leu Ile Pro Gly Ile

115 120 125

gaa gaa acc gaa ttt atc gaa gtc acc tgc ggc gcc cgc ccc ggc acc 432
Glu Glu Thr Glu Phe Ile Glu Val Thr Cys Gly Ala Arg Pro Gly Thr

130 135 140

ccg gat gac ctg ccg tac ctg gga tgg gtt gga tcc aat gtg att gcg 480
Pro Asp Asp Leu Pro Tyr Leu Gly Trp Val Gly Ser Asn Val Ile Ala

145 150 155 160

tcc aca gga tat ttc cgc cat gga att ttg ctg tca gcc ctt ggt gca 528
Ser Thr Gly Tyr Phe Arg His Gly Ile Leu Leu Ser Ala Leu Gly Ala

165 170 175

cgc gct gcc gtt gat atg gca acc aac cag cca ctg ttc ccc act ctt 576
Arg Ala Ala Val Asp Met Ala Thr Asn Gln Pro Leu Phe Pro Thr Leu

180 185 190

gat gtg tgc gat ccg ttt cgc cac caa att taaggatttt tcacaagtga 626
Asp Val Cys Asp Pro Phe Arg His Gln Ile

195 200

tta 629

<210> 532
<211> 202
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 532
Ala Asp Ala Val Ile Ser Ile Asp Gly His Asp Pro Cys Leu Thr Val
1 5 10 15

Thr Met Asn Ser Gly Val Arg Val Ala Ser Lys Ser Val Val Val Leu
20 25 30

Ala Ala Gly Leu Gly Ala Ala Ser Ile Pro Gly Trp Phe Glu Gly Ala
35 40 45

Asn Pro Leu Gln Leu Arg Pro Val Tyr Gly Asp Ile Val Arg Val Arg
50 55 60

Val Pro Glu Arg Leu Gln Pro Met Val Thr Lys Val Val Arg Gly Phe
65 70 75 80

Val Glu Asp Arg Gln Ile Tyr Ile Ile Pro Arg Thr Asp Gly Thr Leu
85 90 95

Ala Ile Gly Ala Thr Ser Arg Glu Asp His Pro Gln Pro Arg Thr Gly
100 105 110

Ala Val His Asp Leu Leu Arg Asp Ala Ile Arg Leu Ile Pro Gly Ile
115 120 125

Glu Glu Thr Glu Phe Ile Glu Val Thr Cys Gly Ala Arg Pro Gly Thr
130 135 140

Pro Asp Asp Leu Pro Tyr Leu Gly Trp Val Gly Ser Asn Val Ile Ala
145 150 155 160

Ser Thr Gly Tyr Phe Arg His Gly Ile Leu Leu Ser Ala Leu Gly Ala
165 170 175

Arg Ala Ala Val Asp Met Ala Thr Asn Gln Pro Leu Phe Pro Thr Leu
180 185 190

Asp Val Cys Asp Pro Phe Arg His Gln Ile
195 200

<210> 533

<211> 927

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(904)

<223> RXA01208

<400> 533

tactaggcac ggggtgccaa ccgcatggaa aaattccgga ggctgagaaa acaccgttg 60

aacctgctct agctcgctact agcgaaggga tggccttaac gtg gct aac tcg ttt 115
Val Ala Asn Ser Phe

1 5

ttg gat tct tta act ctt gtt cga caa aac act ccc ctt gtt cag tgt 163
Leu Asp Ser Leu Thr Leu Val Arg Gln Asn Thr Pro Leu Val Gln Cys

10 15 20

ttg acc aac tct gtg gtc atg caa ttc acg gcc aat gtg ttg ctt gcc 211
Leu Thr Asn Ser Val Val Met Gln Phe Thr Ala Asn Val Leu Leu Ala

25 30 35

gcg ggt gcg acc cct gcg atg gtg gat act cca gct gaa tcg gca gaa 259
Ala Gly Ala Thr Pro Ala Met Val Asp Thr Pro Ala Glu Ser Ala Glu

40 45 50

ttc gcc gct gtg gcc aat gga gtg ctc atc aat gcg gga act cct tct 307
Phe Ala Ala Val Ala Asn Gly Val Leu Ile Asn Ala Gly Thr Pro Ser

55 60 65

gcg gag caa tac caa ggc atg acc aag gcc att gag ggt gca cga aaa 355
Ala Glu Gln Tyr Gln Gly Met Thr Lys Ala Ile Glu Gly Ala Arg Lys

70 75 80 85

gct ggc aca cca tgg gtg tta gac cca gtt gct gtg ggt ggg ttg tcg 403
Ala Gly Thr Pro Trp Val Leu Asp Pro Val Ala Val Gly Gly Leu Ser

90 95 100

gag agg acc aag tat gcg gag gga atc gtc gat aag cag cct gcc gca 451
Glu Arg Thr Lys Tyr Ala Glu Gly Ile Val Asp Lys Gln Pro Ala Ala

105 110 115

att cgt gga aac gcc tca gag gtc gtg gcg ctt gcg ggg ctc ggt gcc 499
Ile Arg Gly Asn Ala Ser Glu Val Val Ala Leu Ala Gly Leu Gly Ala

120 125 130

ggt ggg cgc ggc gta gac gcg acc gat tcc gtg gaa gtg gcg ttg gag 547
Gly Gly Arg Gly Val Asp Ala Thr Asp Ser Val Glu Val Ala Leu Glu

135 140 145

gcg gcg caa ttg ttg gcc aag cgc act ggt ggc gtc gtg gct gtc tct 595
Ala Ala Gln Leu Leu Ala Lys Arg Thr Gly Gly Val Val Ala Val Ser

150 155 160 165

ggt gcg gag gac ttg att gtg tct gcg gat cgg gtg acg tgg ttg cgt 643
Gly Ala Glu Asp Leu Ile Val Ser Ala Asp Arg Val Thr Trp Leu Arg

170 175 180

tcg ggg gat ccg atg ttg cag ctg gtg att ggc act gga tgc tct ttg 691
Ser Gly Asp Pro Met Leu Gln Leu Val Ile Gly Thr Gly Cys Ser Leu

185 190 195

ggc gcg ctg aca gct gca tat cta ggc gcc acg gtt gac tca gat att 739
Gly Ala Leu Thr Ala Ala Tyr Leu Gly Ala Thr Val Asp Ser Asp Ile

200 205 210

tcc gcg cac gat gct gtg ttg gct gcg cat gcc cat gtg ggt gct gct 787
Ser Ala His Asp Ala Val Leu Ala Ala His Ala His Val Gly Ala Ala

215 220 225

ggc cag att gca gca cag aag gca tcg gcg cca ggc agc ttt gcg gtg 835
Gly Gln Ile Ala Ala Gln Lys Ala Ser Ala Pro Gly Ser Phe Ala Val

230 235 240 245

gcg ttt att gat gcg ctt tat gac gtg gat gcc cag gct gtg gcc tcg 883
Ala Phe Ile Asp Ala Leu Tyr Asp Val Asp Ala Gln Ala Val Ala Ser

250 255 260

ttg gtt gat gtg cga gag gcc tgaaaagtac gtgactgatt ttt 927
Leu Val Asp Val Arg Glu Ala

265

<210> 534

<211> 268

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 534

Val Ala Asn Ser Phe Leu Asp Ser Leu Thr Leu Val Arg Gln Asn Thr
1 5 10 15

Pro Leu Val Gln Cys Leu Thr Asn Ser Val Val Met Gln Phe Thr Ala
20 25 30

Asn Val Leu Leu Ala Ala Gly Ala Thr Pro Ala Met Val Asp Thr Pro
35 40 45

Ala Glu Ser Ala Glu Phe Ala Ala Val Ala Asn Gly Val Leu Ile Asn
50 55 60

Ala Gly Thr Pro Ser Ala Glu Gln Tyr Gln Gly Met Thr Lys Ala Ile
65 70 75 80

Glu Gly Ala Arg Lys Ala Gly Thr Pro Trp Val Leu Asp Pro Val Ala
85 90 95

Val Gly Gly Leu Ser Glu Arg Thr Lys Tyr Ala Glu Gly Ile Val Asp
100 105 110

Lys Gln Pro Ala Ala Ile Arg Gly Asn Ala Ser Glu Val Val Ala Leu
115 120 125

Ala Gly Leu Gly Ala Gly Gly Arg Gly Val Asp Ala Thr Asp Ser Val
130 135 140

Glu Val Ala Leu Glu Ala Ala Gln Leu Leu Ala Lys Arg Thr Gly Gly
145 150 155 160

Val Val Ala Val Ser Gly Ala Glu Asp Leu Ile Val Ser Ala Asp Arg
165 170 175

Val Thr Trp Leu Arg Ser Gly Asp Pro Met Leu Gln Leu Val Ile Gly
180 185 190

Thr Gly Cys Ser Leu Gly Ala Leu Thr Ala Ala Tyr Leu Gly Ala Thr
195 200 205

Val Asp Ser Asp Ile Ser Ala His Asp Ala Val Leu Ala Ala His Ala
210 215 220

His Val Gly Ala Ala Gly Gln Ile Ala Ala Gln Lys Ala Ser Ala Pro
225 230 235 240

Gly Ser Phe Ala Val Ala Phe Ile Asp Ala Leu Tyr Asp Val Asp Ala
245 250 255

Gln Ala Val Ala Ser Leu Val Asp Val Arg Glu Ala
260 265

<210> 535
<211> 1023
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1000)
<223> RXA00838

<400> 535
tcgtctaata gtgtgcca tccaccggcc attgatgact cctttgtaga gaaggggtag 60

tgcttacaaa tcttatctgt gctcaggcaa gatagcaggt atg aaa att gcg atc 115
Met Lys Ile Ala Ile

1 5

gtt ggc gct ggt gca gtt ggt gga tat ttc gga gcg ttg tta caa gaa 163
Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Gln Glu

10 15 20

tct ggt gca gat atc acg atg gtt gca cgt gga cga aca tta gaa gcc 211
Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly Arg Thr Leu Glu Ala

25 30 35

ttg aag tct aaa gga ctc cac atc aac gat gca aga ggc gaa cgc tac 259
Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala Arg Gly Glu Arg Tyr

40 45 50

gta cca att cct gca gtt gcg agc gtg caa gaa cta aaa gat gca gat 307
Val Pro Ile Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu Leu Lys Asp Ala Asp

55 60 65

gta gtg atg att gct act aaa gca tta tcg cgg tct tta gat ctc gct 355
Val Val Met Ile Ala Thr Lys Ala Leu Ser Arg Ser Leu Asp Leu Ala

70 75 80 85

gaa ctt ttg ggt ggg ata cct gcg aat tcg gtg gtc gcg att act cag 403
Glu Leu Leu Gly Gly Ile Pro Ala Asn Ser Val Val Ala Ile Thr Gln

90 95 100

aat tcg att gaa tct gct gat cta gca gcg aag agt atc ggt gct gat 451
Asn Ser Ile Glu Ser Ala Asp Leu Ala Ala Lys Ser Ile Gly Ala Asp

105 110 115

cgt gtg tgg cct ggt gtg gtt cgt ggg ttc ttt gtt cat gag ggg cca 499
Arg Val Trp Pro Gly Val Val Arg Gly Phe Phe Val His Glu Gly Pro

120 125 130

gcc tca gtg tca tac aag gga ggc cca ctg tcc tac acg ttt ggt gat 547
Ala Ser Val Ser Tyr Lys Gly Gly Pro Leu Ser Tyr Thr Phe Gly Asp

135 140 145

tct ggt gaa ctt tct agg caa ttc gca agc act ctt gaa cag gcc ggt 595
Ser Gly Glu Leu Ser Arg Gln Phe Ala Ser Thr Leu Glu Gln Ala Gly

150 155 160 165

att gac gga gtt ctg cat ccc gat att ttg gtg gat gtg tgg gag aaa 643
Ile Asp Gly Val Leu His Pro Asp Ile Leu Val Asp Val Trp Glu Lys

170 175 180

gcc atg ttc gta gag gtt ttc ggc ggg ttg ggg gct ttc gtc gaa aag 691
Ala Met Phe Val Glu Val Phe Gly Gly Leu Gly Ala Phe Val Glu Lys

185 190 195

caa tta ggt acc ttg cgt acg cat ttt agg gct tcc ctg gaa gcc ttg 739
Gln Leu Gly Thr Leu Arg Thr His Phe Arg Ala Ser Leu Glu Ala Leu

200 205 210

atg gaa gag gtg gct gag gtg gct cgc gcg gca ggt gtt gcg ttg ccg 787
Met Glu Glu Val Ala Glu Val Ala Arg Ala Ala Gly Val Ala Leu Pro

215 220 225

agc gat gcg gtg gag cgc acc atg aat ttt gcg gat cgg atg cct gag 835
Ser Asp Ala Val Glu Arg Thr Met Asn Phe Ala Asp Arg Met Pro Glu

230 235 240 245

aat tcg acg agt tcg atg cag cgt gat ttg gcc gcg gga gtg gct agt 883
Asn Ser Thr Ser Ser Met Gln Arg Asp Leu Ala Ala Gly Val Ala Ser

250 255 260

gag ctt gag gct cag aca ggt gca att gtg cgg gca gcg cac aaa gtg 931
Glu Leu Glu Ala Gln Thr Gly Ala Ile Val Arg Ala Ala His Lys Val

265 270 275

ggt gtg aaa act ccg ctt cat gac ctt att tat gct ggt ctt aag ctg 979
Gly Val Lys Thr Pro Leu His Asp Leu Ile Tyr Ala Gly Leu Lys Leu

280 285 290

aaa gaa gag gaa aat tca ctt tagggataga atcaagatcc atg 1023
Lys Glu Glu Glu Asn Ser Leu

295 300

<210> 536
<211> 300
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 536
Met Lys Ile Ala Ile Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly
1 5 10 15

Ala Leu Leu Gln Glu Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly
20 25 30

Arg Thr Leu Glu Ala Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala
35 40 45

Arg Gly Glu Arg Tyr Val Pro Ile Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu

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

275	280	285	
Ala Gly Leu Lys Leu Lys Glu Glu Glu Asn Ser Leu			
290	295	300	
 <210> 537			
<211> 693			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
 <220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(670)			
<223> RXA02400			
 <400> 537			
agggtgcccc aacgttgcct gttgactgca aattttccga aagaatccat aaactacttc 60			
 ttaaagtcgc cagattaaag tcgtcaatga aaggacatac atg tct att tcc cgc 115			
Met Ser Ile Ser Arg			
1 5			
 acc gtc ttc ggc atc gca gcc acc gca gcc ctg tct gca gct ctc gtt 163			
Thr Val Phe Gly Ile Ala Ala Thr Ala Ala Leu Ser Ala Ala Leu Val			
10 15 20			
 gcg tgt tct cca cct cac cag cag gat tcc cca gtc cag cgc acc aat 211			
Ala Cys Ser Pro Pro His Gln Gln Asp Ser Pro Val Gln Arg Thr Asn			
25 30 35			
 gag atc ttg act act tct cag aac cca act tct gcg agc agc acc tca 259			
Glu Ile Leu Thr Thr Ser Gln Asn Pro Thr Ser Ala Ser Ser Thr Ser			
40 45 50			
 acc tct tcc gca acg act act tcc tca gct cct gtg gaa gag gac gta 307			
Thr Ser Ser Ala Thr Thr Thr Ser Ser Ala Pro Val Glu Glu Asp Val			
55 60 65			
 gag atc gtt gtt tca cca gca gcg ttg gtg gac ggt gag cag gtt acc 355			
Glu Ile Val Val Ser Pro Ala Ala Leu Val Asp Gly Glu Gln Val Thr			
70 75 80 85			
ttc gaa atc tct gga ctt gat cca gag ggc ggc tac tac gca gcg atc 403			

Phe Glu Ile Ser Gly Leu Asp Pro Glu Gly Gly Tyr Tyr Ala Ala Ile

90

95

100

tgc gat tcc gta gcg aac cct ggt aac cca gtt cct tct tgc acc ggc 451
Cys Asp Ser Val Ala Asn Pro Gly Asn Pro Val Pro Ser Cys Thr Gly

105

110

115

gaa atg gct gat ttc acg tcc cag gca tgg ttg agc aac tcc cag ccc 499
Glu Met Ala Asp Phe Thr Ser Gln Ala Trp Leu Ser Asn Ser Gln Pro

120

125

130

ggc gcg act gta gag atc gca gaa gac ggc acc gca act gtg gag ctt 547
Gly Ala Thr Val Glu Ile Ala Glu Asp Gly Thr Ala Thr Val Glu Leu

135

140

145

gaa gct acc gca acc ggc act ggc ttg gac tgc acc act cag gct tgt 595
Glu Ala Thr Ala Thr Gly Thr Gly Leu Asp Cys Thr Thr Gln Ala Cys

150

155

160

165

gta gcg aag gtc ttc ggc gat cat acc gaa ggt ttc cgc gat gtt gct 643
Val Ala Lys Val Phe Gly Asp His Thr Glu Gly Phe Arg Asp Val Ala

170

175

180

gaa gtc cca gtt act ttc gca gcc gct taagttttct taaaacgcac 690
Glu Val Pro Val Thr Phe Ala Ala Ala

185

190

tca 693

<210> 538

<211> 190

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 538

Met Ser Ile Ser Arg Thr Val Phe Gly Ile Ala Ala Thr Ala Ala Leu

1

5

10

15

Ser Ala Ala Leu Val Ala Cys Ser Pro Pro His Gln Gln Asp Ser Pro

20

25

30

Val Gln Arg Thr Asn Glu Ile Leu Thr Thr Ser Gln Asn Pro Thr Ser
35 40 45

Ala Ser Ser Thr Ser Thr Ser Ser Ala Thr Thr Thr Ser Ser Ala Pro
50 55 60

Val Glu Glu Asp Val Glu Ile Val Val Ser Pro Ala Ala Leu Val Asp
65 70 75 80

Gly Glu Gln Val Thr Phe Glu Ile Ser Gly Leu Asp Pro Glu Gly Gly
85 90 95

Tyr Tyr Ala Ala Ile Cys Asp Ser Val Ala Asn Pro Gly Asn Pro Val
100 105 110

Pro Ser Cys Thr Gly Glu Met Ala Asp Phe Thr Ser Gln Ala Trp Leu
115 120 125

Ser Asn Ser Gln Pro Gly Ala Thr Val Glu Ile Ala Glu Asp Gly Thr
130 135 140

Ala Thr Val Glu Leu Glu Ala Thr Ala Thr Gly Thr Gly Leu Asp Cys
145 150 155 160

Thr Thr Gln Ala Cys Val Ala Lys Val Phe Gly Asp His Thr Glu Gly
165 170 175

Phe Arg Asp Val Ala Glu Val Pro Val Thr Phe Ala Ala Ala
180 185 190

<210> 539

<211> 1528

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1528)

<223> RXN01209

<400> 539

cagattgcag cacagaaggc atcggcgcca ggcagctttg cggtaggcgtt tattgatgcg 60

ctttatgacg tggatgccca ggctgtggcc tcgttggttg atg tgc gag agg cct	115		
Met Cys Glu Arg Pro			
1	5		
gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt	163		
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val			
10	15	20	
ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att	211		
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile			
25	30	35	
tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg	259		
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val			
40	45	50	
gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctc tgc gat gct	307		
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala			
55	60	65	
cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag	355		
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu			
70	75	80	85
ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa	403		
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln			
90	95	100	
gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa	451		
Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu			
105	110	115	
aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt	499		
Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly			
120	125	130	
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg	547		
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala			
135	140	145	
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag	595		

Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu
150 155 160 165
atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga 643
Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly
170 175 180
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac 691
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp
185 190 195
ggc ctg tgc gtg gtc tct gaa atc atg acc gcc gcc aat cca gca gct 739
Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala Ala Asn Pro Ala Ala
200 205 210
gcg gca act cgc ctg cgg act gct ttt caa cct act ttc tcg cct gaa 787
Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro Thr Phe Ser Pro Glu
215 220 225
act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat 835
Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn
230 235 240 245
tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca 883
Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr
250 255 260
ggc ggt gca ggt att cag gct gat ctg aag tcc att gca gca ggt ggc 931
Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser Ile Ala Ala Gly Gly
265 270 275
ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac 979
Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His
280 285 290
ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag 1027
Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln
295 300 305
ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc 1075

Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly

310 315 320 325

atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt 1123
Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly

330 335 340

tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc 1171
Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr

345 350 355

agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc 1219
Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg

360 365 370

ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc 1267
Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala

375 380 385

gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct 1315
Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala

390 395 400 405

cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag 1363
Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys

410 415 420

ggt gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc 1411
Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro

425 430 435

gac ggc tcg gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac 1459
Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn

440 445 450

tcc cat ggc aca ggc tgt tcg ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc 1507
Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile

455 460 465

gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa 1528

Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

470 475

<210> 540

<211> 476

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 540

Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
1 5 10 15

Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile
20 25 30

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

Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Lys Glu Leu Lys
50 55 60

Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu
65 70 75 80

Asp Ile Ala Val Glu Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp
85 90 95

Thr Pro Tyr Thr Gln Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu
100 105 110

Gly Leu Ser Ile Glu Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln
115 120 125

Cys Ala Glu Thr Gly Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro
130 135 140

Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val
145 150 155 160

Glu Gly Ile Ala Glu Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala
165 170 175

Ser Val Ala Ile Gly Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala
180 185 190

Ala Thr Pro Ile Asp Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala
195 200 205

Ala Asn Pro Ala Ala Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro
210 215 220

Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln
225 230 235 240

Gly Ala Phe Val Asn Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala
245 250 255

Gly Thr Asp Pro Thr Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser
260 265 270

Ile Ala Ala Gly Gly Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val
275 280 285

Ala Gln Asn Thr His Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr
290 295 300

Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val
325 330 335

Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro
340 345 350

Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu
355 360 365

Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn
370 375 380

Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met

385 390 395 400

Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr
405 410 415

Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn
420 425 430

Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
435 440 445

Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
450 455 460

Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu
465 470 475

<210> 541

<211> 1528

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1528)

<223> FRXA01209

<400> 541

cagattgcag cacagaaggc atcggcgcca ggcagctttg cgggtggcgtt tattgatgcg 60

ctttatgacg tggatgccca ggctgtggcc tcgttggttg atg tgc gag agg cct 115
Met Cys Glu Arg Pro

1 5

gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt 163
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val

10 15 20

ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att 211
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile

25 30 35

tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg	259
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val	
40 45 50	
gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctc tgc gat gct	307
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala	
55 60 65	
cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag	355
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu	
70 75 80 85	
ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa	403
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln	
90 95 100	
gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa	451
Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu	
105 110 115	
aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt	499
Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly	
120 125 130	
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg	547
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala	
135 140 145	
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag	595
Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu	
150 155 160 165	
atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga	643
Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly	
170 175 180	
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac	691
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp	
185 190 195	
ggc ctg tgc gtg gtc tct gaa atc atg acc gcc gcc aat cca gca gct	739

Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala Ala Asn Pro Ala Ala	
200	205
210	
gcg gca act cgc ctg cgg act gct ttt caa cct act ttc tcg cct gaa	787
Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro Thr Phe Ser Pro Glu	
215	220
225	
act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat	835
Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn	
230	235
240	245
tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca	883
Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr	
250	255
260	
ggt ggt gca ggt att cag gct gat ctg aag tcc att gca gca ggt ggc	931
Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser Ile Ala Ala Gly Gly	
265	270
275	
ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac	979
Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His	
280	285
290	
ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag	1027
Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln	
295	300
305	
ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc	1075
Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly	
310	315
320	325
atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt	1123
Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly	
330	335
340	
tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc	1171
Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr	
345	350
355	
agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc	1219

Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg

360

365

370

ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc 1267
Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala

375

380

385

gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct 1315
Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala

390

395

400

405

cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag 1363
Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys

410

415

420

ggc gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc 1411
Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro

425

430

435

gac ggc tcg gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac 1459
Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn

440

445

450

tcc cat ggc aca ggc tgt tcg ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc 1507
Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile

455

460

465

gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa 1528
Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

470

475

<210> 542

<211> 476

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 542

Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu

1

5

10

15

Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile
20 25 30

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

Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys
50 55 60

Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu
65 70 75 80

Asp Ile Ala Val Glu Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp
85 90 95

Thr Pro Tyr Thr Gln Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu
100 105 110

Gly Leu Ser Ile Glu Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln
115 120 125

Cys Ala Glu Thr Gly Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro
130 135 140

Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val
145 150 155 160

Glu Gly Ile Ala Glu Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala
165 170 175

Ser Val Ala Ile Gly Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala
180 185 190

Ala Thr Pro Ile Asp Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala
195 200 205

Ala Asn Pro Ala Ala Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro
210 215 220

Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln
225 230 235 240

Gly Ala Phe Val Asn Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala
245 250 255

Gly Thr Asp Pro Thr Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser
260 265 270

Ile Ala Ala Gly Gly Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val
275 280 285

Ala Gln Asn Thr His Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr
290 295 300

Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val
325 330 335

Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro
340 345 350

Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu
355 360 365

Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn
370 375 380

Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met
385 390 395 400

Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr
405 410 415

Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn
420 425 430

Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
435 440 445

Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
450 455 460

Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu
465 470 475

<210> 543
<211> 723
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(700)
<223> RXN01413

<400> 543
tttgccctat tggaagaagt aaattccaca ccttcacttt ccaatacttc ttttggtgag 60

cgggtttcct cagcggttaa ccactcgaaa ccactcgaga ttg acc cat ctg ttc 115
Leu Thr His Leu Phe

1 5

tta gaa ctc gat gag cgt tta gta ctg ggt gtt cag caa gat ggt tac 163
Leu Glu Leu Asp Glu Arg Leu Val Leu Gly Val Gln Gln Asp Gly Tyr

10 15 20

caa tgg act gag cat ttg ttc cgg ctg cca ctg caa cat ctc cgt aac 211
Gln Trp Thr Glu His Leu Phe Arg Leu Pro Leu Gln His Leu Arg Asn

25 30 35

tcg ccc aat gag ctg cag gga ttg aag ata cga tgg tgt gaa ctt tat 259
Ser Pro Asn Asp Leu Gln Gly Leu Lys Ile Arg Trp Cys Glu Leu Tyr

40 45 50

tcc aca acg ggg aaa gat caa ggg gta gaa ctt ctg cct caa gca acc 307
Ser Thr Thr Gly Lys Asp Gln Gly Val Glu Leu Leu Pro Gln Ala Thr

55 60 65

gtc gtt acc cca aat aac ttc gag gct tcc acc ctc tcc ggc ctt gag 355
Val Val Thr Pro Asn Asn Phe Glu Ala Ser Thr Leu Ser Gly Leu Glu

70 75 80 85

aag ctt gag acc gtc gag gac ctc aag gag gct gcc cgc ctc att tat 403

Lys Leu Glu Thr Val Glu Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile Tyr

90

95

100

gag caa ggc ccc cag tac gta gtc gtc aag ggt ggc atg gac ttc ccc 451
Glu Gln Gly Pro Gln Tyr Val Val Val Lys Gly Gly Met Asp Phe Pro

105

110

115

ggc gag aac gcc gtg gat gtg ctt ttc gac gga tcc tcc tac cac gtc 499
Gly Glu Asn Ala Val Asp Val Leu Phe Asp Gly Ser Ser Tyr His Val

120

125

130

ttc tct gag cca aag att ggt gaa gag cgc gtt tcc ggc gca gtc tgc 547
Phe Ser Glu Pro Lys Ile Gly Glu Glu Arg Val Ser Gly Ala Val Cys

135

140

145

acc ttc gca gct gtt atc acc gca gag cta gca aag ggt gct gag gtt 595
Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Ala Glu Val

150

155

160

165

gta gac cca gtg gca acc gca aag cgt gtg gtc acc cgt gcg gtt caa 643
Val Asp Pro Val Ala Thr Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Gln

170

175

180

gat gct gtt gca tcc aac gca cct ttt acc tcc gta tgg ctt gct gag 691
Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu

185

190

195

gac aac aag tagagtttta aaataccgat caa 723
Asp Asn Lys

200

<210> 544

<211> 200

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 544

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

Gln Gln Asp Gly Tyr Gln Trp Thr Glu His Leu Phe Arg Leu Pro Leu

20 25 30

Gln His Leu Arg Asn Ser Pro Asn Asp Leu Gln Gly Leu Lys Ile Arg
35 40 45

Trp Cys Glu Leu Tyr Ser Thr Thr Gly Lys Asp Gln Gly Val Glu Leu
50 55 60

Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn Phe Glu Ala Ser Thr
65 70 75 80

Leu Ser Gly Leu Glu Lys Leu Glu Thr Val Glu Asp Leu Lys Glu Ala
85 90 95

Ala Arg Leu Ile Tyr Glu Gln Gly Pro Gln Tyr Val Val Val Lys Gly
100 105 110

Gly Met Asp Phe Pro Gly Glu Asn Ala Val Asp Val Leu Phe Asp Gly
115 120 125

Ser Ser Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile Gly Glu Glu Arg Val
130 135 140

Ser Gly Ala Val Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala Glu Leu Ala
145 150 155 160

Lys Gly Ala Glu Val Val Asp Pro Val Ala Thr Ala Lys Arg Val Val
165 170 175

Thr Arg Ala Val Gln Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro Phe Thr Ser
180 185 190

Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys
195 200

<210> 545

<211> 795

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(772)

<223> RXN01617

<400> 545

tcagaagcta ccggcggcgc cggcatccag gttgatttga agaccttcca gcatttaaga 60

tgtttatggc attgggtcca tcacatgctt gggtggcctt ttg atc cta aag aca 115
Leu Ile Leu Lys Thr

1 5

act gga atc acc gtt ttg tcc cgg ttt gat gcg cag gtt atc gct aat 163
Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala Gln Val Ile Ala Asn

10 15 20

cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg aag atc 211
Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val Lys Ile

25 30 35

ggc atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc gct ttg 259
Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr Ala Leu

40 45 50

gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg atc tgc 307
Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu Ile Cys

55 60 65

aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc ctt cgc 355
Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala Leu Arg

70 75 80 85

gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac ttc gag 403
Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn Phe Glu

90 95 100

gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac gac ctg 451
Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp Asp Leu

105 110 115

aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac gtc gtt 499
Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr Val Val

120 125 130

gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac gta ctt 547
Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp Val Leu

135 140 145

ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc ggc gac 595
Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile Gly Asp

150 155 160 165

gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc acc gca 643
Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala

170 175 180

gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc gct aag 691
Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr Ala Lys

185 190 195

cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac gca ccg 739
Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro

200 205 210

ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt aaacaagctc 792
Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

215 220

cct 795

<210> 546

<211> 224

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 546

Leu Ile Leu Lys Thr Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala
1 5 10 15

Gln Val Ile Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu
20 25 30

Asp Val Val Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr

35 40 45
 Val Ala Thr Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp
 50 55 60
 Pro Val Leu Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr
 65 70 75 80
 Asp Thr Ala Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr
 85 90 95
 Pro Asn Asn Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu
 100 105 110
 Thr Ile Asp Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly
 115 120 125
 Pro Gln Tyr Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn
 130 135 140
 Ala Val Asp Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu
 145 150 155 160
 Pro Lys Ile Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala
 165 170 175
 Ala Val Ile Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala
 180 185 190
 Val Thr Thr Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val
 195 200 205
 Ala Ser Asn Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys
 210 215 220

<210> 547

<211> 638

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(615)

<223> FRXA01617

<400> 547

gct aat cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg 48
Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val

1 5 10 15

aag atc ggt atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc 96
Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr

20 25 30

gct ttg gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg 144
Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu

35 40 45

atc tgc aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc 192
Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala

50 55 60

ctt cgc gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac 240
Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn

65 70 75 80

ttc gag gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac 288
Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp

85 90 95

gac ctg aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac 336
Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr

100 105 110

gtc gtt gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac 384
Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp

115 120 125

gta ctt ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc 432

Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile

130

135

140

ggc gac gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc 480
Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile

145

150

155

160

acc gca gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc 528
Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr

165

170

175

gct aag cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac 576
Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn

180

185

190

gca ccg ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt 625
Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

195

200

205

aaacaagctc cct 638

<210> 548

<211> 205

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 548

Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val
1 5 10 15

Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr
20 25 30

Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu
35 40 45

Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala
50 55 60

Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn
65 70 75 80

Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp
85 90 95

Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr
100 105 110

Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp
115 120 125

Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile
130 135 140

Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile
145 150 155 160

Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr
165 170 175

Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn
180 185 190

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

<210> 549

<211> 915

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(892)

<223> RXS01807

<400> 549

gctcaccgag ctggacacca agctccgcgc agtgcaggaa gaacacggcg agctggaaat 60

gcagtggctg gaactcggcg aggaaatcga gggctagtgc atg ccg tcg gca ggc 115
Met Pro Ser Ala Gly

1 5

gag gag att tta gag cag cgc gca cag ctg gag ttt gat cag cgc cgc 163

Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu Phe Asp Gln Arg Arg

10 15 20

gcc gat gtg gtg atg atc ggc agc cag gtg gtt tat ggt tcc gtg ggg 211
Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val Tyr Gly Ser Val Gly

25 30 35

ctc agt gct gcc att ccg gtg atg cac aac gaa ggc ctc cgc gtg gtc 259
Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu Gly Leu Arg Val Val

40 45 50

gct gtc ccc acc gtg gtg tta agt tcc atg ccg cgt tat gca agt tct 307
Ala Val Pro Thr Val Val Leu Ser Ser Met Pro Arg Tyr Ala Ser Ser

55 60 65

cac cgc cag ccg atg tgc gac caa tgg ctc gcc gac gcg ctg caa gac 355
His Arg Gln Pro Met Ser Asp Gln Trp Leu Ala Asp Ala Leu Gln Asp

70 75 80 85

ctg gtg gat ctg ggg att atc gat gag gtt tcc acc att tcc acc ggc 403
Leu Val Asp Leu Gly Ile Ile Asp Glu Val Ser Thr Ile Ser Thr Gly

90 95 100

tat ttt acc tcc gct tct cag gtg cgt gtg gtc gct gcg tgg ctg cag 451
Tyr Phe Thr Ser Ala Ser Gln Val Arg Val Val Ala Ala Trp Leu Gln

105 110 115

aaa atc cgc gaa acc cat ccg cat gtg cgc atc gtg gtg gat ccc atc 499
Lys Ile Arg Glu Thr His Pro His Val Arg Ile Val Val Asp Pro Ile

120 125 130

atg ggg gac agt gac gtg gga att tat gtc gcc gac gag atc gca acc 547
Met Gly Asp Ser Asp Val Gly Ile Tyr Val Ala Asp Glu Ile Ala Thr

135 140 145

gcc atc tgc cag gac tta tgc cct ctg gct acc gga atc att ccc aat 595
Ala Ile Cys Gln Asp Leu Cys Pro Leu Ala Thr Gly Ile Ile Pro Asn

150 155 160 165

gct ttc gag ctc tcc cac atg gtt ggc tcc ggc gat ccg cgc tgc ctg 643

Ala Phe Glu Leu Ser His Met Val Gly Ser Gly Asp Pro Arg Ser Leu

170 175 180

ctc ggc ccg ttt ggc gag tgg atc atc atc acc agc gcc act gaa act 691
Leu Gly Pro Phe Gly Glu Trp Ile Ile Ile Thr Ser Ala Thr Glu Thr

185 190 195

gtg ggc acc acc gtc acc cgc atc gtc acc cgt gac agc gtc cag gaa 739
Val Gly Thr Thr Val Thr Arg Ile Val Thr Arg Asp Ser Val Gln Glu

200 205 210

atc gcc tcc gcc acc gtc gat acc acg gcc aaa ggg gca ggc gac gtc 787
Ile Ala Ser Ala Thr Val Asp Thr Thr Ala Lys Gly Ala Gly Asp Val

215 220 225

tac gcc gca gca tta atc gcc gcc ctg cat aaa gat ttt tcg ctt atc 835
Tyr Ala Ala Ala Leu Ile Ala Ala Leu His Lys Asp Phe Ser Leu Ile

230 235 240 245

gac gcc gcc agc cac gca tcc aac acc gtc tgc gcc ggc ctg cag acc 883
Asp Ala Ala Ser His Ala Ser Asn Thr Val Cys Ala Gly Leu Gln Thr

250 255 260

aaa gcg ctt taggtttcgt ccgtctctga cag 915
Lys Ala Leu

<210> 550

<211> 264

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 550

Met Pro Ser Ala Gly Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu

1 5 10 15

Phe Asp Gln Arg Arg Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val

20 25 30

Tyr Gly Ser Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu

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

260

<210> 551
<211> 622
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(622)
<223> RXC01021

<400> 551
cgagaggctt ttttggctct aagcctttta gtcgtgcgaa cgaaatctta agcagcctcg 60

gtgccaccga gatcgattgg tcgctgtaag gtatctgatt atg tcc agt tcc gaa 115
Met Ser Ser Ser Glu

1 5

agc tcg cgt tcc gaa ggc tcg cag cca gca ccg tct gta cag cct gaa 163
Ser Ser Arg Ser Glu Gly Ser Gln Pro Ala Pro Ser Val Gln Pro Glu

10 15 20

cgc cgt gct gat tca acg ggg gct cct gcg gca gct tcc aag gaa gct 211
Arg Arg Ala Asp Ser Thr Gly Ala Pro Ala Ala Ala Ser Lys Glu Ala

25 30 35

tcc caa caa atg gac gct gcc gga gtt ctt gag tgg gcc agg acc gct 259
Ser Gln Gln Met Asp Ala Ala Gly Val Leu Glu Trp Ala Arg Thr Ala

40 45 50

gtc gag cag ctt tct gaa cgt cgt gca gag atc aat gca ctg aat gtc 307
Val Glu Gln Leu Ser Glu Arg Arg Ala Glu Ile Asn Ala Leu Asn Val

55 60 65

ttt cct gtt cca gat gca gac act gga tca aac atg acc tac acc atg 355
Phe Pro Val Pro Asp Ala Asp Thr Gly Ser Asn Met Thr Tyr Thr Met

70 75 80 85

aca gct gcg ttg gat gaa gcg ctg aaa ctg ggg gag ttg ggt gat gtc 403
Thr Ala Ala Leu Asp Glu Ala Leu Lys Leu Gly Glu Leu Gly Asp Val

90 95 100
gca agg att act gag gct ttg gct gtt ggt tct gtg cgt gga gcc cga 451
Ala Arg Ile Thr Glu Ala Leu Ala Val Gly Ser Val Arg Gly Ala Arg

105 110 115
gga aat tct gga gta gtc ctt agt cag gtc ctt cgc gct att gct cag 499
Gly Asn Ser Gly Val Val Leu Ser Gln Val Leu Arg Ala Ile Ala Gln

120 125 130
gca gct gct gac ggg gtt att gat ggc cac aca atc caa gaa gcg cta 547
Ala Ala Ala Asp Gly Val Ile Asp Gly His Thr Ile Gln Glu Ala Leu

135 140 145
tcc att gct cgc tcc cta gtt gat cgc gca att aca gat cct gtg gag 595
Ser Ile Ala Arg Ser Leu Val Asp Arg Ala Ile Thr Asp Pro Val Glu

150 155 160 165
ggc act gtt gtc act gtg ttg cgt tct 622
Gly Thr Val Val Thr Val Leu Arg Ser

170

<210> 552
<211> 174
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 552
Met Ser Ser Ser Glu Ser Ser Arg Ser Glu Gly Ser Gln Pro Ala Pro
1 5 10 15

Ser Val Gln Pro Glu Arg Arg Ala Asp Ser Thr Gly Ala Pro Ala Ala
20 25 30

Ala Ser Lys Glu Ala Ser Gln Gln Met Asp Ala Ala Gly Val Leu Glu
35 40 45

Trp Ala Arg Thr Ala Val Glu Gln Leu Ser Glu Arg Arg Ala Glu Ile
50 55 60

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

[illegible]

Ser	Pro	Asn	Pro	Pro	Val	Gly	Ala	Val	Ile	Leu	Asp	Ala	Asp	Gly	Glu	
25				30				35								
gtc	gtt	ggc	gtt	ggc	gcc	acg	gca	cct	cct	ggc	ggc	ccg	cac	gcc	gaa	259
Val	Val	Gly	Val	Gly	Ala	Thr	Ala	Pro	Pro	Gly	Gly	Pro	His	Ala	Glu	
40				45				50								
gtg	gtg	gcg	ctt	gca	gct	gcc	gga	gtg	cgt	gcc	aac	ggg	ggc	acg	gcg	307
Val	Val	Ala	Leu	Ala	Ala	Ala	Gly	Val	Arg	Ala	Asn	Gly	Gly	Thr	Ala	
55				60				65								
gtg	gtc	acc	ctc	gag	ccg	tgc	aac	cat	tac	ggc	cgc	acg	ggc	cca	tgt	355
Val	Val	Thr	Leu	Glu	Pro	Cys	Asn	His	Tyr	Gly	Arg	Thr	Gly	Pro	Cys	
70				75				80				85				
tcc	aag	gcg	ctt	ctc	gac	gcc	ggg	atc	gca	cac	gtg	ttt	tac	gcc	aat	403
Ser	Lys	Ala	Leu	Leu	Asp	Ala	Gly	Ile	Ala	His	Val	Phe	Tyr	Ala	Asn	
90				95				100								
gcg	gat	ccc	ttc	ccg	tca	gcc	gct	ggg	ggc	ggc	gcc	ttt	ttg	gcg	gag	451
Ala	Asp	Pro	Phe	Pro	Ser	Ala	Ala	Gly	Gly	Gly	Ala	Phe	Leu	Ala	Glu	
105				110				115								
gcg	ggc	gtc	gat	acg	cat	ttt	tta	gat	gag	cgg	atc	agg	gca	ctg	gag	499
Ala	Gly	Val	Asp	Thr	His	Phe	Leu	Asp	Glu	Arg	Ile	Arg	Ala	Leu	Glu	
120				125				130								
ccc	tgg	ctg	gtt	gcg	acg	cgt	ctg	ggc	agg	ccc	cat	gtc	acg	ttg	aag	547
Pro	Trp	Leu	Val	Ala	Thr	Arg	Leu	Gly	Arg	Pro	His	Val	Thr	Leu	Lys	
135				140				145								
ttt	gcg	tcc	acc	gtg	gac	ggc	ttt	gct	ggc	gcc	acc	gat	ggc	acc	agc	595
Phe	Ala	Ser	Thr	Val	Asp	Gly	Phe	Ala	Gly	Ala	Thr	Asp	Gly	Thr	Ser	
150				155				160				165				
cag	tgg	att	acc	ggg	ccg	gat	gcg	cgg	gcg	ttt	gtg	cac	gaa	gat	cga	643
Gln	Trp	Ile	Thr	Gly	Pro	Asp	Ala	Arg	Ala	Phe	Val	His	Glu	Asp	Arg	
170				175				180								
agt	aaa	aga	gat	gcg	atc	atc	gtg	ggc	acc	ggc	act	gcg	ttg	act	gat	691

Ser Lys Arg Asp Ala Ile Ile Val Gly Thr Gly Thr Ala Leu Thr Asp
185 190 195

aat ccc tcc ttg acg gcg cgg acc gat acg ggt ctt tat gaa aat caa 739
Asn Pro Ser Leu Thr Ala Arg Thr Asp Thr Gly Leu Tyr Glu Asn Gln

200 205 210

ccc agg cgc gtt gtt att ggc tcc cgc gag gtt cca gca gat tcc aac 787
Pro Arg Arg Val Val Ile Gly Ser Arg Glu Val Pro Ala Asp Ser Asn

215 220 225

ttg gct cgc ttg gga tat gag cag tac gcg gga ata cca gag gct tta 835
Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly Ile Pro Glu Ala Leu

230 235 240 245

tca gcg ctg tgg gat aaa ggg tgc cga gac att tta atc gaa ggt ggc 883
Ser Ala Leu Trp Asp Lys Gly Cys Arg Asp Ile Leu Ile Glu Gly Gly

250 255 260

cca acg tta gct ggg gca gcg ctg cgc tta ggc att gtt gat cag gtg 931
Pro Thr Leu Ala Gly Ala Ala Leu Arg Leu Gly Ile Val Asp Gln Val

265 270 275

cag gcc tat gtt gcc ccc gct ttg ttg ggc gct gga cga tca gtg att 979
Gln Ala Tyr Val Ala Pro Ala Leu Leu Gly Ala Gly Arg Ser Val Ile

280 285 290

aac tgg cca caa gaa acc acg atg gat cag att atg cgt ttt gac acc 1027
Asn Trp Pro Gln Glu Thr Thr Met Asp Gln Ile Met Arg Phe Asp Thr

295 300 305

acg tcc gtg aga cag ttg ggt tca gat gta ttg ata gaa atg atg aga 1075
Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu Ile Glu Met Met Arg

310 315 320 325

aag gaa cac taaatgttca caggtattgt cga 1107
Lys Glu His

<210> 554

<211> 328

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 554

Met Asp Val Ala His Ala Leu Asp Leu Ala His His Val Ser Asp Gln
1 5 10 15

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

Asp Ala Asp Gly Glu Val Val Gly Val Gly Ala Thr Ala Pro Pro Gly
35 40 45

Gly Pro His Ala Glu Val Val Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Arg Ala
50 55 60

Asn Gly Gly Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Asn His Tyr Gly
65 70 75 80

Arg Thr Gly Pro Cys Ser Lys Ala Leu Leu Asp Ala Gly Ile Ala His
85 90 95

Val Phe Tyr Ala Asn Ala Asp Pro Phe Pro Ser Ala Ala Gly Gly Gly
100 105 110

Ala Phe Leu Ala Glu Ala Gly Val Asp Thr His Phe Leu Asp Glu Arg
115 120 125

Ile Arg Ala Leu Glu Pro Trp Leu Val Ala Thr Arg Leu Gly Arg Pro
130 135 140

His Val Thr Leu Lys Phe Ala Ser Thr Val Asp Gly Phe Ala Gly Ala
145 150 155 160

Thr Asp Gly Thr Ser Gln Trp Ile Thr Gly Pro Asp Ala Arg Ala Phe
165 170 175

Val His Glu Asp Arg Ser Lys Arg Asp Ala Ile Ile Val Gly Thr Gly
180 185 190

Thr Ala Leu Thr Asp Asn Pro Ser Leu Thr Ala Arg Thr Asp Thr Gly

195
 200
 205
 Leu Tyr Glu Asn Gln Pro Arg Arg Val Val Ile Gly Ser Arg Glu Val
 210 215 220
 Pro Ala Asp Ser Asn Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly
 225 230 235 240
 Ile Pro Glu Ala Leu Ser Ala Leu Trp Asp Lys Gly Cys Arg Asp Ile
 245 250 255
 Leu Ile Glu Gly Gly Pro Thr Leu Ala Gly Ala Ala Leu Arg Leu Gly
 260 265 270
 Ile Val Asp Gln Val Gln Ala Tyr Val Ala Pro Ala Leu Leu Gly Ala
 275 280 285
 Gly Arg Ser Val Ile Asn Trp Pro Gln Glu Thr Thr Met Asp Gln Ile
 290 295 300
 Met Arg Phe Asp Thr Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu
 305 310 315 320
 Ile Glu Met Met Arg Lys Glu His
 325
 <210> 555
 <211> 1107
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1084)
 <223> FRXA02246
 <400> 555
 tgccgacgct ggcgtggatg ccttcgttgc aggttccgct gtgtacggcg ctgaggatcc 60
 caacaaggcg atccaggagt tgcgagcact cgcgcagtaa atg gat gtt gcg cac 115
 Met Asp Val Ala His

	1	5	
gcg tta gat ctg gcc cac cac gtg tca gat caa gtc cga ggc acc acc			163
Ala Leu Asp Leu Ala His His Val Ser Asp Gln Val Arg Gly Thr Thr			
	10	15	20
agc cct aat ccg cca gtc ggc gct gtc att ttg gac gcc gac ggc gag			211
Ser Pro Asn Pro Pro Val Gly Ala Val Ile Leu Asp Ala Asp Gly Glu			
	25	30	35
gtc gtt ggc gtt ggc gcc acg gca cct cct ggt ggc ccg cac gcc gaa			259
Val Val Gly Val Gly Ala Thr Ala Pro Pro Gly Gly Pro His Ala Glu			
	40	45	50
gtg gtg gcg ctt gca gct gcc gga gtg cgt gcc aac ggg ggc acg gcg			307
Val Val Ala Leu Ala Ala Ala Gly Val Arg Ala Asn Gly Gly Thr Ala			
	55	60	65
gtg gtc acc ctc gag ccg tgc aac cat tac ggc cgc acg ggt cca tgt			355
Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Asn His Tyr Gly Arg Thr Gly Pro Cys			
	70	75	80
	85		
tcc aag gcg ctt ctc gac gcc ggg atc gca cac gtg ttt tac gcc aat			403
Ser Lys Ala Leu Leu Asp Ala Gly Ile Ala His Val Phe Tyr Ala Asn			
	90	95	100
gcg gat ccc ttc ccg tca gcc gct ggg ggc ggt gcc ttt ttg gcg gag			451
Ala Asp Pro Phe Pro Ser Ala Ala Gly Gly Gly Ala Phe Leu Ala Glu			
	105	110	115
gcg ggc gtc gat acg cat ttt tta gat gag cgg atc agg gca ctg gag			499
Ala Gly Val Asp Thr His Phe Leu Asp Glu Arg Ile Arg Ala Leu Glu			
	120	125	130
ccc tgg ctg gtt gcg acg cgt ctg ggc agg ccc cat gtc acg ttg aag			547
Pro Trp Leu Val Ala Thr Arg Leu Gly Arg Pro His Val Thr Leu Lys			
	135	140	145
ttt gcg tcc acc gtg gac ggt ttt gct ggt gcc acc gat ggc acc agc			595
Phe Ala Ser Thr Val Asp Gly Phe Ala Gly Ala Thr Asp Gly Thr Ser			

150	155	160	165	
cag tgg att acc ggg ccg gat gcg cgg gcg ttt gtg cac gaa gat cga				643
Gln Trp Ile Thr Gly Pro Asp Ala Arg Ala Phe Val His Glu Asp Arg				
	170	175	180	
agt aaa aga gat gcg atc atc gtg ggt acc ggt act gcg ttg act gat				691
Ser Lys Arg Asp Ala Ile Ile Val Gly Thr Gly Thr Ala Leu Thr Asp				
	185	190	195	
aat ccc tcc ttg acg gcg cgg acc gat acg ggt ctt tat gaa aat caa				739
Asn Pro Ser Leu Thr Ala Arg Thr Asp Thr Gly Leu Tyr Glu Asn Gln				
	200	205	210	
ccc agg cgc gtt gtt att ggc tcc cgc gag gtt cca gca gat tcc aac				787
Pro Arg Arg Val Val Ile Gly Ser Arg Glu Val Pro Ala Asp Ser Asn				
	215	220	225	
ttg gct cgc ttg gga tat gag cag tac gcg gga ata cca gag gct tta				835
Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly Ile Pro Glu Ala Leu				
230	235	240	245	
tca gcg ctg tgg gat aaa ggg tgc cga gac att tta atc gaa ggt ggc				883
Ser Ala Leu Trp Asp Lys Gly Cys Arg Asp Ile Leu Ile Glu Gly Gly				
	250	255	260	
cca acg tta gct ggg gca gcg ctg cgc tta ggc att gtt gat cag gtg				931
Pro Thr Leu Ala Gly Ala Ala Leu Arg Leu Gly Ile Val Asp Gln Val				
	265	270	275	
cag gcc tat gtt gcc ccc gct ttg ttg ggc gct gga cga tca gtg att				979
Gln Ala Tyr Val Ala Pro Ala Leu Leu Gly Ala Gly Arg Ser Val Ile				
	280	285	290	
aac tgg cca caa gaa acc acg atg gat cag att atg cgt ttt gac acc				1027
Asn Trp Pro Gln Glu Thr Thr Met Asp Gln Ile Met Arg Phe Asp Thr				
	295	300	305	
acg tcc gtg aga cag ttg ggt tca gat gta ttg ata gaa atg atg aga				1075
Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu Ile Glu Met Met Arg				

Thr Asp Gly Thr Ser Gln Trp Ile Thr Gly Pro Asp Ala Arg Ala Phe
165 170 175

Val His Glu Asp Arg Ser Lys Arg Asp Ala Ile Ile Val Gly Thr Gly
180 185 190

Thr Ala Leu Thr Asp Asn Pro Ser Leu Thr Ala Arg Thr Asp Thr Gly
195 200 205

Leu Tyr Glu Asn Gln Pro Arg Arg Val Val Ile Gly Ser Arg Glu Val
210 215 220

Pro Ala Asp Ser Asn Leu Ala Arg Leu Gly Tyr Glu Gln Tyr Ala Gly
225 230 235 240

Ile Pro Glu Ala Leu Ser Ala Leu Trp Asp Lys Gly Cys Arg Asp Ile
245 250 255

Leu Ile Glu Gly Gly Pro Thr Leu Ala Gly Ala Ala Leu Arg Leu Gly
260 265 270

Ile Val Asp Gln Val Gln Ala Tyr Val Ala Pro Ala Leu Leu Gly Ala
275 280 285

Gly Arg Ser Val Ile Asn Trp Pro Gln Glu Thr Thr Met Asp Gln Ile
290 295 300

Met Arg Phe Asp Thr Thr Ser Val Arg Gln Leu Gly Ser Asp Val Leu
305 310 315 320

Ile Glu Met Met Arg Lys Glu His
325

<210> 557

<211> 756

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(733)

<223> RXA02247

<400> 557

acaagaaacc acgatggatc agattatgcg ttttgacacc acgtccgtga gacagttggg 60

ttcagatgta ttgatagaaa tgatgagaaa ggaacactaa atg ttc aca ggt att 115
Met Phe Thr Gly Ile

1 5

gtc gag gag ctt ggc tcc gtt gca ggc gtg gaa cat ctg gga gat tcc 163
Val Glu Glu Leu Gly Ser Val Ala Gly Val Glu His Leu Gly Asp Ser

10 15 20

atc cgg atg cag att tcc gcg tcc acc gtt tta gag ggt gtg cat ttg 211
Ile Arg Met Gln Ile Ser Ala Ser Thr Val Leu Glu Gly Val His Leu

25 30 35

ggg gat tcc att tct gtc aat ggt gtg tgc ttg aca gtg gcg tcc ttt 259
Gly Asp Ser Ile Ser Val Asn Gly Val Cys Leu Thr Val Ala Ser Phe

40 45 50

ggc gag gga cat ttc act gca gac ctc atg cag gaa acc tta gat cgc 307
Gly Glu Gly His Phe Thr Ala Asp Leu Met Gln Glu Thr Leu Asp Arg

55 60 65

agc tcc ctg ggc gca tta tcc acc ggt agc aaa gtc aac ctt gag cgc 355
Ser Ser Leu Gly Ala Leu Ser Thr Gly Ser Lys Val Asn Leu Glu Arg

70 75 80 85

gcc atg gca gcc gat ggc cgt ctg ggt gga cac atc atg caa ggc cat 403
Ala Met Ala Ala Asp Gly Arg Leu Gly Gly His Ile Met Gln Gly His

90 95 100

gtt gat gcc acc acc tcg ctg atc aag cgc acc agc tca gag aac tgg 451
Val Asp Ala Thr Thr Ser Leu Ile Lys Arg Thr Ser Ser Glu Asn Trp

105 110 115

gat gtt ctg cgt ttt gag ctg cca gct gat ttg gct cgc tat gtg gtg 499
Asp Val Leu Arg Phe Glu Leu Pro Ala Asp Leu Ala Arg Tyr Val Val

120 125 130

gaa aaa ggc tcc atc gca ctc aat ggc aca tcc ttg act gta tgc tct 547
Glu Lys Gly Ser Ile Ala Leu Asn Gly Thr Ser Leu Thr Val Ser Ser

135 140 145

ttg ggt gat gat tgg ttt gag gtt tcc ctg att ccc acc acc ttg cgc 595
Leu Gly Asp Asp Trp Phe Glu Val Ser Leu Ile Pro Thr Thr Leu Arg

150 155 160 165

gac acc acc cac ggc gaa ctg gcg gta ggg gat atc gta aac att gag 643
Asp Thr Thr His Gly Glu Leu Ala Val Gly Asp Ile Val Asn Ile Glu

170 175 180

gtt gat gtg atc gct aag tac gtc gaa cgc atg atg acg cgc ggc gtg 691
Val Asp Val Ile Ala Lys Tyr Val Glu Arg Met Met Thr Arg Gly Val

185 190 195

gct gga aac act ccc aat gac tac acc gat ttc acg aga gac 733
Ala Gly Asn Thr Pro Asn Asp Tyr Thr Asp Phe Thr Arg Asp

200 205 210

taggttagac aacgtgagtg aac 756

<210> 558

<211> 211

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 558

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

His Leu Gly Asp Ser Ile Arg Met Gln Ile Ser Ala Ser Thr Val Leu
20 25 30

Glu Gly Val His Leu Gly Asp Ser Ile Ser Val Asn Gly Val Cys Leu
35 40 45

Thr Val Ala Ser Phe Gly Glu Gly His Phe Thr Ala Asp Leu Met Gln
50 55 60

Glu Thr Leu Asp Arg Ser Ser Leu Gly Ala Leu Ser Thr Gly Ser Lys

65	70	75	80
Val Asn Leu Glu Arg Ala Met Ala Ala Asp Gly Arg Leu Gly Gly His			
	85	90	95
Ile Met Gln Gly His Val Asp Ala Thr Thr Ser Leu Ile Lys Arg Thr			
	100	105	110
Ser Ser Glu Asn Trp Asp Val Leu Arg Phe Glu Leu Pro Ala Asp Leu			
	115	120	125
Ala Arg Tyr Val Val Glu Lys Gly Ser Ile Ala Leu Asn Gly Thr Ser			
	130	135	140
Leu Thr Val Ser Ser Leu Gly Asp Asp Trp Phe Glu Val Ser Leu Ile			
	145	150	155
Pro Thr Thr Leu Arg Asp Thr Thr His Gly Glu Leu Ala Val Gly Asp			
	165	170	175
Ile Val Asn Ile Glu Val Asp Val Ile Ala Lys Tyr Val Glu Arg Met			
	180	185	190
Met Thr Arg Gly Val Ala Gly Asn Thr Pro Asn Asp Tyr Thr Asp Phe			
	195	200	205
Thr Arg Asp			
	210		

<210> 559
 <211> 1389
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1366)
 <223> RXN02248

<400> 559
 gatgtgatcg ctaagtacgt cgaacgcatg atgacgcgcg gcgtggctgg aaacactccc 60

aatgactaca ccgatttcac gagagactag gttagacaac gtg agt gaa cat gag	115		
Val Ser Glu His Glu			
1	5		
cag gca cac agc caa tta gat tct gtt gaa gag gcc atc gct gac atc	163		
Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu Ala Ile Ala Asp Ile			
10	15	20	
gct gcg ggt aaa gcc gtc gtg gtg gta gat gat gaa gat cgt gaa aat	211		
Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp Glu Asp Arg Glu Asn			
25	30	35	
gaa ggc gac atc atc ttt gcc gcc gaa tta gcc act cca gaa tta gtc	259		
Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala Thr Pro Glu Leu Val			
40	45	50	
gct ttc atg gtg cgt tat tcc tcg gga tac atc tgt gcg cca tta acc	307		
Ala Phe Met Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile Cys Ala Pro Leu Thr			
55	60	65	
gca aag gat gca gat cgt ctt gat ctg cct ccg atg acc gcg cac aat	355		
Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro Met Thr Ala His Asn			
70	75	80	85
cag gat gcc cgc ggc acc gct tac acc gtg acc gtt gat gcc aac acc	403		
Gln Asp Ala Arg Gly Thr Ala Tyr Thr Val Thr Val Asp Ala Asn Thr			
90	95	100	
ggc acc aca ggc att tct gca aca gac cgc gcc cac act ttg cgc ttg	451		
Gly Thr Thr Gly Ile Ser Ala Thr Asp Arg Ala His Thr Leu Arg Leu			
105	110	115	
ctt gct gat cca gaa gcc gac cgc acg gat ttc acc cgt ccc gga cac	499		
Leu Ala Asp Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Phe Thr Arg Pro Gly His			
120	125	130	
gtt gtg cca ctg cgt gct cgt gaa ggt ggc gtc ttg gtg cgc gct gga	547		
Val Val Pro Leu Arg Ala Arg Glu Gly Gly Val Leu Val Arg Ala Gly			
135	140	145	
cac acc gaa gca gct gtc gat ttg gct cgc gct gca ggc ctg cgc cca	595		

His	Thr	Glu	Ala	Ala	Val	Asp	Leu	Ala	Arg	Ala	Ala	Gly	Leu	Arg	Pro	
150						155				160					165	
gca	ggt	gtt	atc	tgc	gaa	gtg	gtc	agt	gaa	gag	gac	ccc	acc	ggc	atg	643
Ala	Gly	Val	Ile	Cys	Glu	Val	Val	Ser	Glu	Glu	Asp	Pro	Thr	Gly	Met	
					170				175					180		
gct	cgg	gtt	cct	gag	ctg	cgc	cgc	ttc	tgc	gat	gag	cac	gat	ctg	aag	691
Ala	Arg	Val	Pro	Glu	Leu	Arg	Arg	Phe	Cys	Asp	Glu	His	Asp	Leu	Lys	
				185				190					195			
ctg	atc	tct	att	gag	cag	ctc	att	gag	tgg	cgt	cgc	aag	aat	gaa	att	739
Leu	Ile	Ser	Ile	Glu	Gln	Leu	Ile	Glu	Trp	Arg	Arg	Lys	Asn	Glu	Ile	
	200						205					210				
ttg	gtg	gag	cgc	cag	gtg	gaa	act	gtg	ctg	cct	acc	gat	ttc	ggc	acg	787
Leu	Val	Glu	Arg	Gln	Val	Glu	Thr	Val	Leu	Pro	Thr	Asp	Phe	Gly	Thr	
	215					220					225					
ttc	aag	gct	gtt	ggt	tac	cgt	tcc	atc	atc	gat	ggc	acc	gag	ctt	gtt	835
Phe	Lys	Ala	Val	Gly	Tyr	Arg	Ser	Ile	Ile	Asp	Gly	Thr	Glu	Leu	Val	
230					235				240					245		
gcc	att	gtt	gcc	ggc	gac	gtg	gca	tcc	gac	ggt	ggc	gaa	aac	gtc	ctg	883
Ala	Ile	Val	Ala	Gly	Asp	Val	Ala	Ser	Asp	Gly	Gly	Glu	Asn	Val	Leu	
				250					255				260			
gtt	cga	gtc	cac	tct	gag	tgc	ttg	act	ggt	gat	gtt	ttt	gga	tcc	cgg	931
Val	Arg	Val	His	Ser	Glu	Cys	Leu	Thr	Gly	Asp	Val	Phe	Gly	Ser	Arg	
	265						270					275				
cgc	tgc	gac	tgt	gga	cag	cag	ctg	cac	gag	tct	ttg	cgc	ctg	atc	cag	979
Arg	Cys	Asp	Cys	Gly	Gln	Gln	Leu	His	Glu	Ser	Leu	Arg	Leu	Ile	Gln	
	280					285					290					
gaa	gct	ggt	cgg	gga	gta	gtg	gtg	tac	atg	cgt	ggg	cat	gag	gga	cga	1027
Glu	Ala	Gly	Arg	Gly	Val	Val	Val	Tyr	Met	Arg	Gly	His	Glu	Gly	Arg	
	295				300						305					
ggc	att	ggt	ctg	ctc	gcc	aag	cta	cgc	gcc	tac	caa	ctc	cag	gat	gaa	1075

Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr Gln Leu Gln Asp Glu
 310 315 320 325
 ggt gcc gac acc gtc gat gcc aac ctc gca ctt ggt ctt cca gcc gat 1123
 Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu Gly Leu Pro Ala Asp
 330 335 340
 gcc cgc gaa ttt ggc acc agc gcc cag att ctc tac gac ttg ggt gtg 1171
 Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu Tyr Asp Leu Gly Val
 345 350 355
 cgc tcg ctc aac ttg atc agc aac aac cca gcc aag aag gtg gga ctt 1219
 Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala Lys Lys Val Gly Leu
 360 365 370
 gaa ggc cac ggc att tcc att gcc agc cga acc ccc atc cct gtt gct 1267
 Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr Pro Ile Pro Val Ala
 375 380 385
 gtt cat gaa gac aat gtt cga tac ctg aaa acc aag cgt gac cgc atg 1315
 Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr Lys Arg Asp Arg Met
 390 395 400 405
 gga cat gac ctc cca gat gtc gca ctg tgg gaa caa gag cac cca gaa 1363
 Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu Gln Glu His Pro Glu
 410 415 420
 aac taaggagcac aacaatggct aaa 1389
 Asn

<210> 560
 <211> 422
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 560
 Val Ser Glu His Glu Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu
 1 5 10 15

Ala Ile Ala Asp Ile Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp

20 25 30

Glu Asp Arg Glu Asn Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala
35 40 45

Thr Pro Glu Leu Val Ala Phe Met Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile
50 55 60

Cys Ala Pro Leu Thr Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro
65 70 75 80

Met Thr Ala His Asn Gln Asp Ala Arg Gly Thr Ala Tyr Thr Val Thr
85 90 95

Val Asp Ala Asn Thr Gly Thr Thr Gly Ile Ser Ala Thr Asp Arg Ala
100 105 110

His Thr Leu Arg Leu Leu Ala Asp Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Phe
115 120 125

Thr Arg Pro Gly His Val Val Pro Leu Arg Ala Arg Glu Gly Gly Val
130 135 140

Leu Val Arg Ala Gly His Thr Glu Ala Ala Val Asp Leu Ala Arg Ala
145 150 155 160

Ala Gly Leu Arg Pro Ala Gly Val Ile Cys Glu Val Val Ser Glu Glu
165 170 175

Asp Pro Thr Gly Met Ala Arg Val Pro Glu Leu Arg Arg Phe Cys Asp
180 185 190

Glu His Asp Leu Lys Leu Ile Ser Ile Glu Gln Leu Ile Glu Trp Arg
195 200 205

Arg Lys Asn Glu Ile Leu Val Glu Arg Gln Val Glu Thr Val Leu Pro
210 215 220

Thr Asp Phe Gly Thr Phe Lys Ala Val Gly Tyr Arg Ser Ile Ile Asp
225 230 235 240

Gly Thr Glu Leu Val Ala Ile Val Ala Gly Asp Val Ala Ser Asp Gly

245

250

255

Gly Glu Asn Val Leu Val Arg Val His Ser Glu Cys Leu Thr Gly Asp
260 265 270

Val Phe Gly Ser Arg Arg Cys Asp Cys Gly Gln Gln Leu His Glu Ser
275 280 285

Leu Arg Leu Ile Gln Glu Ala Gly Arg Gly Val Val Val Tyr Met Arg
290 295 300

Gly His Glu Gly Arg Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr
305 310 315 320

Gln Leu Gln Asp Glu Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu
325 330 335

Gly Leu Pro Ala Asp Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu
340 345 350

Tyr Asp Leu Gly Val Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala
355 360 365

Lys Lys Val Gly Leu Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr
370 375 380

Pro Ile Pro Val Ala Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr
385 390 395 400

Lys Arg Asp Arg Met Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu
405 410 415

Gln Glu His Pro Glu Asn
420

<210> 561

<211> 1389

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1366)

<223> FRXA02248

<400> 561

gatgtgatcg ctaagtacgt cgaacgcgatg atgacgcgcg gcgtggctgg aaacactccc 60

aatgactaca ccgatttcac gagagactag gttagacaac gtg agt gaa cat gag 115
Val Ser Glu His Glu

1 5

cag gca cac agc caa tta gat tct gtt gaa gag gcc atc gct gac atc 163
Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu Ala Ile Ala Asp Ile

10 15 20

gct gcg ggt aaa gcc gtc gtg gtg gta gat gat gaa gat cgt gaa aat 211
Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp Glu Asp Arg Glu Asn

25 30 35

gaa ggc gac atc atc ttt gcc gcc gaa tta gcc act cca gaa tta gtc 259
Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala Thr Pro Glu Leu Val

40 45 50

gct ttc atg gtg cgt tat tcc tcg gga tac atc tgt gcg cca tta acc 307
Ala Phe Met Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile Cys Ala Pro Leu Thr

55 60 65

gca aag gat gca gat cgt ctt gat ctg cct ccg atg acc gcg cac aat 355
Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro Met Thr Ala His Asn

70 75 80 85

cag gat gcc cgc ggc acc gct tac acc gtg acc gtt gat gcc aac acc 403
Gln Asp Ala Arg Gly Thr Ala Tyr Thr Val Thr Val Asp Ala Asn Thr

90 95 100

ggc acc aca ggc att tct gca aca gac cgc gcc cac act ttg cgc ttg 451
Gly Thr Thr Gly Ile Ser Ala Thr Asp Arg Ala His Thr Leu Arg Leu

105 110 115

ctt gct gat cca gaa gcc gac cgc acg gat ttc acc cgt ccc gga cac 499
Leu Ala Asp Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Phe Thr Arg Pro Gly His

120	125	130	
gtt gtg cca ctg cgt gct cgt gaa ggt ggc gtc ttg gtg cgc gct gga 547			
Val Val Pro Leu Arg Ala Arg Glu Gly Gly Val Leu Val Arg Ala Gly			
135	140	145	
cac acc gaa gca gct gtc gat ttg gct cgc gct gca ggc ctg cgc cca 595			
His Thr Glu Ala Ala Val Asp Leu Ala Arg Ala Ala Gly Leu Arg Pro			
150	155	160	165
gca ggt gtt atc tgc gaa gtg gtc agt gaa gag gac ccc acc ggc atg 643			
Ala Gly Val Ile Cys Glu Val Val Ser Glu Glu Asp Pro Thr Gly Met			
170	175	180	
gct cgg gtt cct gag ctg cgc cgc ttc tgc gat gag cac gat ctg aag 691			
Ala Arg Val Pro Glu Leu Arg Arg Phe Cys Asp Glu His Asp Leu Lys			
185	190	195	
ctg atc tct att gag cag ctc att gag tgg cgt cgc aag aat gaa att 739			
Leu Ile Ser Ile Glu Gln Leu Ile Glu Trp Arg Arg Lys Asn Glu Ile			
200	205	210	
ttg gtg gag cgc cag gtg gaa act gtg ctg cct acc gat ttc ggc acg 787			
Leu Val Glu Arg Gln Val Glu Thr Val Leu Pro Thr Asp Phe Gly Thr			
215	220	225	
ttc aag gct gtt ggt tac cgt tcc atc atc gat ggc acc gag ctt gtt 835			
Phe Lys Ala Val Gly Tyr Arg Ser Ile Ile Asp Gly Thr Glu Leu Val			
230	235	240	245
gcc att gtt gcc ggc gac gtg gca tcc gac ggt ggc gaa aac gtc ctg 883			
Ala Ile Val Ala Gly Asp Val Ala Ser Asp Gly Gly Glu Asn Val Leu			
250	255	260	
gtt cga gtc cac tct gag tgc ttg act ggt gat gtt ttt gga tcc cgg 931			
Val Arg Val His Ser Glu Cys Leu Thr Gly Asp Val Phe Gly Ser Arg			
265	270	275	
cgc tgc gac tgt gga cag cag ctg cac gag tct ttg cgc ctg atc cag 979			
Arg Cys Asp Cys Gly Gln Gln Leu His Glu Ser Leu Arg Leu Ile Gln			

280	285	290	
gaa gct ggt cgg gga gta gtg gtg tac atg cgt ggg cat gag gga cga			1027
Glu Ala Gly Arg Gly Val Val Val Tyr Met Arg Gly His Glu Gly Arg			
295	300	305	
ggc att ggt ctg ctc gcc aag cta cgc gcc tac caa ctc cag gat gaa			1075
Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr Gln Leu Gln Asp Glu			
310	315	320	325
ggt gcc gac acc gtc gat gcc aac ctc gca ctt ggt ctt cca gcc gat			1123
Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu Gly Leu Pro Ala Asp			
330	335	340	
gcc cgc gaa ttt ggc acc agc gcc cag att ctc tac gac ttg ggt gtg			1171
Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu Tyr Asp Leu Gly Val			
345	350	355	
cgc tcg ctc aac ttg atc agc aac aac cca gcc aag aag gtg gga ctt			1219
Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala Lys Lys Val Gly Leu			
360	365	370	
gaa ggc cac ggc att tcc att gcc agc cga acc ccc atc cct gtt gct			1267
Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr Pro Ile Pro Val Ala			
375	380	385	
gtt cat gaa gac aat gtt cga tac ctg aaa acc aag cgt gac cgc atg			1315
Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr Lys Arg Asp Arg Met			
390	395	400	405
gga cat gac ctc cca gat gtc gca ctg tgg gaa caa gag cac cca gaa			1363
Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu Gln Glu His Pro Glu			
410	415	420	
aac taaggagcac aacaatggct aaa			1389
Asn			

<210> 562
 <211> 422
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 562

Val Ser Glu His Glu Gln Ala His Ser Gln Leu Asp Ser Val Glu Glu
1 5 10 15

Ala Ile Ala Asp Ile Ala Ala Gly Lys Ala Val Val Val Val Asp Asp
20 25 30

Glu Asp Arg Glu Asn Glu Gly Asp Ile Ile Phe Ala Ala Glu Leu Ala
35 40 45

Thr Pro Glu Leu Val Ala Phe Met Val Arg Tyr Ser Ser Gly Tyr Ile
50 55 60

Cys Ala Pro Leu Thr Ala Lys Asp Ala Asp Arg Leu Asp Leu Pro Pro
65 70 75 80

Met Thr Ala His Asn Gln Asp Ala Arg Gly Thr Ala Tyr Thr Val Thr
85 90 95

Val Asp Ala Asn Thr Gly Thr Thr Gly Ile Ser Ala Thr Asp Arg Ala
100 105 110

His Thr Leu Arg Leu Leu Ala Asp Pro Glu Ala Asp Arg Thr Asp Phe
115 120 125

Thr Arg Pro Gly His Val Val Pro Leu Arg Ala Arg Glu Gly Gly Val
130 135 140

Leu Val Arg Ala Gly His Thr Glu Ala Ala Val Asp Leu Ala Arg Ala
145 150 155 160

Ala Gly Leu Arg Pro Ala Gly Val Ile Cys Glu Val Val Ser Glu Glu
165 170 175

Asp Pro Thr Gly Met Ala Arg Val Pro Glu Leu Arg Arg Phe Cys Asp
180 185 190

Glu His Asp Leu Lys Leu Ile Ser Ile Glu Gln Leu Ile Glu Trp Arg
195 200 205

Arg Lys Asn Glu Ile Leu Val Glu Arg Gln Val Glu Thr Val Leu Pro
210 215 220

Thr Asp Phe Gly Thr Phe Lys Ala Val Gly Tyr Arg Ser Ile Ile Asp
225 230 235 240

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

Gly Glu Asn Val Leu Val Arg Val His Ser Glu Cys Leu Thr Gly Asp
260 265 270

Val Phe Gly Ser Arg Arg Cys Asp Cys Gly Gln Gln Leu His Glu Ser
275 280 285

Leu Arg Leu Ile Gln Glu Ala Gly Arg Gly Val Val Val Tyr Met Arg
290 295 300

Gly His Glu Gly Arg Gly Ile Gly Leu Leu Ala Lys Leu Arg Ala Tyr
305 310 315 320

Gln Leu Gln Asp Glu Gly Ala Asp Thr Val Asp Ala Asn Leu Ala Leu
325 330 335

Gly Leu Pro Ala Asp Ala Arg Glu Phe Gly Thr Ser Ala Gln Ile Leu
340 345 350

Tyr Asp Leu Gly Val Arg Ser Leu Asn Leu Ile Ser Asn Asn Pro Ala
355 360 365

Lys Lys Val Gly Leu Glu Gly His Gly Ile Ser Ile Ala Ser Arg Thr
370 375 380

Pro Ile Pro Val Ala Val His Glu Asp Asn Val Arg Tyr Leu Lys Thr
385 390 395 400

Lys Arg Asp Arg Met Gly His Asp Leu Pro Asp Val Ala Leu Trp Glu
405 410 415

Gln Glu His Pro Glu Asn

420

<210> 563
<211> 600
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(577)
<223> RXN02249

<400> 563
atgttcgata cctgaaaacc aagcgtgacc gcatgggaca tgacctcca gatgtcgac 60

tgtgggaaca agagcaccca gaaaactaag gagcacaaca atg gct aaa gaa gga 115
Met Ala Lys Glu Gly

1 5

ttg ccg gca gtc gaa ctc ccc gac gcc agc gga tta aaa gtc gcc gta 163
Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly Leu Lys Val Ala Val

10 15 20

gtc acc gca cgg tgg aac gca gaa atc tgc gac cgc ctg cac aag cac 211
Val Thr Ala Arg Trp Asn Ala Glu Ile Cys Asp Arg Leu His Lys His

25 30 35

gca gta gat gcg gga cgt gca gca gga gca acg gtg agc gaa tac cgc 259
Ala Val Asp Ala Gly Arg Ala Ala Gly Ala Thr Val Ser Glu Tyr Arg

40 45 50

gtc atc ggc gcc ctg gaa ctt cca gtc gta gtg caa gaa ctg gca cgc 307
Val Ile Gly Ala Leu Glu Leu Pro Val Val Val Gln Glu Leu Ala Arg

55 60 65

acc cat gac gca gta gtt gcc ttg ggc tgt gtc gtt cgt ggc ggc acc 355
Thr His Asp Ala Val Val Ala Leu Gly Cys Val Val Arg Gly Gly Thr

70 75 80 85

cca cac ttt gat tac gtg tgc gac tct gtc acc gaa ggc ctc acc cgc 403
Pro His Phe Asp Tyr Val Cys Asp Ser Val Thr Glu Gly Leu Thr Arg

	90	95	100	
att gct ctt gat act tcc acc cca atc ggc aac ggt gtg ttg act acc				451
Ile Ala Leu Asp Thr Ser Thr Pro Ile Gly Asn Gly Val Leu Thr Thr				
	105	110	115	
aac acc gaa gag caa gcc gtg gaa cgc tcc ggt gga gaa ggc tct gta				499
Asn Thr Glu Glu Gln Ala Val Glu Arg Ser Gly Gly Glu Gly Ser Val				
	120	125	130	
gag gac aaa ggc gca gag gca atg gtc gct gca ctc gat act gcc ctc				547
Glu Asp Lys Gly Ala Glu Ala Met Val Ala Ala Leu Asp Thr Ala Leu				
	135	140	145	
gtg ctt tct caa att cgt gca act gag ggt tagactgttc tttaaaaggt				597
Val Leu Ser Gln Ile Arg Ala Thr Glu Gly				
150	155			
ttg				600

<210> 564
 <211> 159
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 564
 Met Ala Lys Glu Gly Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly
 1 5 10 15

Leu Lys Val Ala Val Val Thr Ala Arg Trp Asn Ala Glu Ile Cys Asp
 20 25 30

Arg Leu His Lys His Ala Val Asp Ala Gly Arg Ala Ala Gly Ala Thr
 35 40 45

Val Ser Glu Tyr Arg Val Ile Gly Ala Leu Glu Leu Pro Val Val Val
 50 55 60

Gln Glu Leu Ala Arg Thr His Asp Ala Val Val Ala Leu Gly Cys Val
 65 70 75 80

Val Arg Gly Gly Thr Pro His Phe Asp Tyr Val Cys Asp Ser Val Thr
85 90 95

Glu Gly Leu Thr Arg Ile Ala Leu Asp Thr Ser Thr Pro Ile Gly Asn
100 105 110

Gly Val Leu Thr Thr Asn Thr Glu Glu Gln Ala Val Glu Arg Ser Gly
115 120 125

Gly Glu Gly Ser Val Glu Asp Lys Gly Ala Glu Ala Met Val Ala Ala
130 135 140

Leu Asp Thr Ala Leu Val Leu Ser Gln Ile Arg Ala Thr Glu Gly
145 150 155

<210> 565

<211> 600

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(577)

<223> FRXA02249

<400> 565

atgttcgata cctgaaaacc aagcgtgacc gcatgggaca tgacctcca gatgtcgac 60

tgtggaaca agagcaccca gaaaactaag gagcacaaca atg gct aaa gaa gga 115
Met Ala Lys Glu Gly

1 5

ttg ccg gca gtc gaa ctc ccc gac gcc agc gga tta aaa gtc gcc gta 163
Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly Leu Lys Val Ala Val

10 15 20

gtc acc gca cgg tgg aac gca gaa atc tgc gac cgc ctg cac aag cac 211
Val Thr Ala Arg Trp Asn Ala Glu Ile Cys Asp Arg Leu His Lys His

25 30 35

gca gta gat gcg gga cgt gca gca gga gca acg gtg agc gaa tac cgc 259

Ala Val Asp Ala Gly Arg Ala Ala Gly Ala Thr Val Ser Glu Tyr Arg
40 45 50

gtc atc ggc gcc ctg gaa ctt cca gtc gta gtg caa gaa ctg gca cgc 307
Val Ile Gly Ala Leu Glu Leu Pro Val Val Val Gln Glu Leu Ala Arg

55 60 65

acc cat gac gca gta gtt gcc ttg ggc tgt gtc gtt cgt ggc ggc acc 355
Thr His Asp Ala Val Val Ala Leu Gly Cys Val Val Arg Gly Gly Thr

70 75 80 85

cca cac ttt gat tac gtg tgc gac tct gtc acc gaa ggc ctc acc cgc 403
Pro His Phe Asp Tyr Val Cys Asp Ser Val Thr Glu Gly Leu Thr Arg

90 95 100

att gct ctt gat act tcc acc cca atc ggc aac ggt gtg ttg act acc 451
Ile Ala Leu Asp Thr Ser Thr Pro Ile Gly Asn Gly Val Leu Thr Thr

105 110 115

aac acc gaa gag caa gcc gtg gaa cgc tcc ggt gga gaa ggc tct gta 499
Asn Thr Glu Glu Gln Ala Val Glu Arg Ser Gly Gly Glu Gly Ser Val

120 125 130

gag gac aaa ggc gca gag gca atg gtc gct gca ctc gat act gcc ctc 547
Glu Asp Lys Gly Ala Glu Ala Met Val Ala Ala Leu Asp Thr Ala Leu

135 140 145

gtg ctt tct caa att cgt gca act gag ggt tagactgttc tttaaaaggt 597
Val Leu Ser Gln Ile Arg Ala Thr Glu Gly

150 155

ttg 600

<210> 566
<211> 159
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 566
Met Ala Lys Glu Gly Leu Pro Ala Val Glu Leu Pro Asp Ala Ser Gly

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

<210> 567
 <211> 702
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(679)
 <223> RXA02250

<400> 567
 caactgaggg ttagactgtt ctttaaaagg ttgacgcct cggtttaatg cctagcagga 60

tgcgcgccac cgctaattag ttctaaggat ttgtgaaatc gtg aca acc aac gcc	115
Val Thr Thr Asn Ala	
1 5	
ccc gac gga gca acg aac aac atc aac aac gca cat tcg ggc gct gtc	163
Pro Asp Gly Ala Thr Asn Asn Ile Asn Asn Ala His Ser Gly Ala Val	
10 15 20	
ggg aag cca aag gta cag ctc agc gat gcg gaa att cag gaa tac acc	211
Gly Lys Pro Lys Val Gln Leu Ser Asp Ala Glu Ile Gln Glu Tyr Thr	
25 30 35	
gca gct ttc gct ggc acc acc aca acc aag cca tgg gag ctg gag gtg	259
Ala Ala Phe Ala Gly Thr Thr Thr Thr Lys Pro Trp Glu Leu Glu Val	
40 45 50	
acc aca aag ttt ctg aaa aag atc gcg tgg gta gcc gtg gtt gtc atc	307
Thr Thr Lys Phe Leu Lys Lys Ile Ala Trp Val Ala Val Val Val Ile	
55 60 65	
atg gcc gtt cac atc ttc atg ggt gcc gtg gtg gac gtc gat ttc acc	355
Met Ala Val His Ile Phe Met Gly Ala Val Val Asp Val Asp Phe Thr	
70 75 80 85	
ggg gca gcg gtc acc ttt gtt gac act ctg gca ttc cca gcg ttg ggc	403
Gly Ala Ala Val Thr Phe Val Asp Thr Leu Ala Phe Pro Ala Leu Gly	
90 95 100	
atc atc ttc tcc gtt ctt gtg ttc ttg gga ctg act cgc cct cgc gtg	451
Ile Ile Phe Ser Val Leu Val Phe Leu Gly Leu Thr Arg Pro Arg Val	
105 110 115	
cgt gcc aac gaa gac ggc gtt gag gtg cgt aac ttc atc gga act cgt	499
Arg Ala Asn Glu Asp Gly Val Glu Val Arg Asn Phe Ile Gly Thr Arg	
120 125 130	
ttc tac cca tgg gtt gtc atc tac ggc atg tct ttc ccc aag ggc agc	547
Phe Tyr Pro Trp Val Val Ile Tyr Gly Met Ser Phe Pro Lys Gly Ser	
135 140 145	
agc gtg gca cgt ttg gag ctt cca gac ttt gaa ttc gtt ccc atg tgg	595

Ser Val Ala Arg Leu Glu Leu Pro Asp Phe Glu Phe Val Pro Met Trp
150 155 160 165
gct ttc cag tcc cgc gat gga gaa gat gtg gtg cgc gcg gtt gcg acc 643
Ala Phe Gln Ser Arg Asp Gly Glu Asp Val Val Arg Ala Val Ala Thr
170 175 180
ttc cgc gac ctc gaa aac aag tac atg cca gag gac taattaagct 689
Phe Arg Asp Leu Glu Asn Lys Tyr Met Pro Glu Asp
185 190
gtggctgac caa 702
<210> 568
<211> 193
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 568
Val Thr Thr Asn Ala Pro Asp Gly Ala Thr Asn Asn Ile Asn Asn Ala
1 5 10 15
His Ser Gly Ala Val Gly Lys Pro Lys Val Gln Leu Ser Asp Ala Glu
20 25 30
Ile Gln Glu Tyr Thr Ala Ala Phe Ala Gly Thr Thr Thr Thr Lys Pro
35 40 45
Trp Glu Leu Glu Val Thr Thr Lys Phe Leu Lys Lys Ile Ala Trp Val
50 55 60
Ala Val Val Val Ile Met Ala Val His Ile Phe Met Gly Ala Val Val
65 70 75 80
Asp Val Asp Phe Thr Gly Ala Ala Val Thr Phe Val Asp Thr Leu Ala
85 90 95
Phe Pro Ala Leu Gly Ile Ile Phe Ser Val Leu Val Phe Leu Gly Leu
100 105 110
Thr Arg Pro Arg Val Arg Ala Asn Glu Asp Gly Val Glu Val Arg Asn

[illegible]

gcc aag aag cag gcc gag gag ctg ggt gtg cct tgt gtc atg gtg acc 259
Ala Lys Lys Gln Ala Glu Glu Leu Gly Val Pro Cys Val Met Val Thr

40 45 50

ttt gac ccg cat ccg atc gct gtg ttt ttg cca ggt aaa gag cca acc 307
Phe Asp Pro His Pro Ile Ala Val Phe Leu Pro Gly Lys Glu Pro Thr

55 60 65

cgt ttg gct cct ttg gat tat cgc ctt aat ttg gct gcg gaa tgt ggc 355
Arg Leu Ala Pro Leu Asp Tyr Arg Leu Asn Leu Ala Ala Glu Cys Gly

70 75 80 85

gtc gat gct gcg ttg gtt att gat ttc act aaa gaa ctc gca ggt ctg 403
Val Asp Ala Ala Leu Val Ile Asp Phe Thr Lys Glu Leu Ala Gly Leu

90 95 100

agc gct gaa gag tat ttc aca acc atg atc gtg gat acg ctg cat gcg 451
Ser Ala Glu Glu Tyr Phe Thr Thr Met Ile Val Asp Thr Leu His Ala

105 110 115

cgt tca gtt gtg gtg ggg gag aac ttc acc ttc ggt gtc aat ggc gct 499
Arg Ser Val Val Val Gly Glu Asn Phe Thr Phe Gly Val Asn Gly Ala

120 125 130

ggc act gag tcc acg atg cgg gaa ttg gga caa aag ttt ggc gtg aat 547
Gly Thr Glu Ser Thr Met Arg Glu Leu Gly Gln Lys Phe Gly Val Asn

135 140 145

gtc acg att gct ccg ctg ctg cat gat gat gac cag cgt att tgc tcc 595
Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp Gln Arg Ile Cys Ser

150 155 160 165

acc ttg gtg cgc gat tac ttg gat cag ggc gag gtt gag cgc gcg aac 643
Thr Leu Val Arg Asp Tyr Leu Asp Gln Gly Glu Val Glu Arg Ala Asn

170 175 180

tgg gcg ctt ggt cga cgc tat gcc gtg cgc ggc gaa gtt gtc cgt ggt 691
Trp Ala Leu Gly Arg Arg Tyr Ala Val Arg Gly Glu Val Val Arg Gly

185 190 195

gct ggc cgt ggc ggc aaa gaa ttg ggc tat ccc acc gcg aat ctc tac 739

Ala Gly Arg Gly Gly Lys Glu Leu Gly Tyr Pro Thr Ala Asn Leu Tyr
200 205 210

ctg ccg acc tct gtg gcg ctg ccc gcc gat ggc gtg tat gca ggc tgg 787
Leu Pro Thr Ser Val Ala Leu Pro Ala Asp Gly Val Tyr Ala Gly Trp

215 220 225

ttc acc atc acc gat gac cgc gaa atc gac aag gaa atc tcc cgc gat 835
Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys Glu Ile Ser Arg Asp

230 235 240 245

atc gac ggc acc atg gtt cca ggc gtg cgt tac caa act gcc att tcc 883
Ile Asp Gly Thr Met Val Pro Gly Val Arg Tyr Gln Thr Ala Ile Ser

250 255 260

gtg ggc acc aat ccc acc ttc ggc gat gag cga cgc agc gtc gag gca 931
Val Gly Thr Asn Pro Thr Phe Gly Asp Glu Arg Arg Ser Val Glu Ala

265 270 275

ttc atc ctc gac cag gaa gcc gac ctg tac ggt cac cat gtc atg gtg 979
Phe Ile Leu Asp Gln Glu Ala Asp Leu Tyr Gly His His Val Met Val

280 285 290

gaa ttc gtg gga cac ttg cgc gac atg gtc aaa ttc aac ggc gtc gac 1027
Glu Phe Val Gly His Leu Arg Asp Met Val Lys Phe Asn Gly Val Asp

295 300 305

gag cta cta gac gcc atg gcc cga gat gtc acc aac gcc cgc gac atc 1075
Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr Asn Ala Arg Asp Ile

310 315 320 325

ctt gcc aaa gac aaa ttg ctt ctc gac gcc gac acc cag ccc agc gct 1123
Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp Thr Gln Pro Ser Ala

330 335 340

taaggccggt caccggccat caa 1146

<210> 570
<211> 341
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 570

Val Asp Ile Trp Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Ala Asp Leu Gln Gly
1 5 10 15

Ser Val Val Thr Ile Gly Val Phe Asp Gly Leu His Arg Gly His Gln
20 25 30

Ser Leu Ile Gly Glu Ala Lys Lys Gln Ala Glu Glu Leu Gly Val Pro
35 40 45

Cys Val Met Val Thr Phe Asp Pro His Pro Ile Ala Val Phe Leu Pro
50 55 60

Gly Lys Glu Pro Thr Arg Leu Ala Pro Leu Asp Tyr Arg Leu Asn Leu
65 70 75 80

Ala Ala Glu Cys Gly Val Asp Ala Ala Leu Val Ile Asp Phe Thr Lys
85 90 95

Glu Leu Ala Gly Leu Ser Ala Glu Glu Tyr Phe Thr Thr Met Ile Val
100 105 110

Asp Thr Leu His Ala Arg Ser Val Val Val Gly Glu Asn Phe Thr Phe
115 120 125

Gly Val Asn Gly Ala Gly Thr Glu Ser Thr Met Arg Glu Leu Gly Gln
130 135 140

Lys Phe Gly Val Asn Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp
145 150 155 160

Gln Arg Ile Cys Ser Thr Leu Val Arg Asp Tyr Leu Asp Gln Gly Glu
165 170 175

Val Glu Arg Ala Asn Trp Ala Leu Gly Arg Arg Tyr Ala Val Arg Gly
180 185 190

Glu Val Val Arg Gly Ala Gly Arg Gly Gly Lys Glu Leu Gly Tyr Pro
195 200 205

Thr Ala Asn Leu Tyr Leu Pro Thr Ser Val Ala Leu Pro Ala Asp Gly
210 215 220

Val Tyr Ala Gly Trp Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys
225 230 235 240

Glu Ile Ser Arg Asp Ile Asp Gly Thr Met Val Pro Gly Val Arg Tyr
245 250 255

Gln Thr Ala Ile Ser Val Gly Thr Asn Pro Thr Phe Gly Asp Glu Arg
260 265 270

Arg Ser Val Glu Ala Phe Ile Leu Asp Gln Glu Ala Asp Leu Tyr Gly
275 280 285

His His Val Met Val Glu Phe Val Gly His Leu Arg Asp Met Val Lys
290 295 300

Phe Asn Gly Val Asp Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr
305 310 315 320

Asn Ala Arg Asp Ile Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp
325 330 335

Thr Gln Pro Ser Ala
340

<210> 571
<211> 1197
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1174)
<223> RXA02135

<400> 571
cgtgtcgcag cgatttgcga gagggttgtc ttcgtggttg ctggtctgcc actagagttg 60

aaaacgtttt aagaaaacag tcggtttgaa ggagttgtta atg gtt cca gca gag 115

	Met Val Pro Ala Glu	
	1	5
ctt ttt gcg cgt gtg gaa ttt ccg gat cat aaa atc ctg gct cag acg		163
Leu Phe Ala Arg Val Glu Phe Pro Asp His Lys Ile Leu Ala Gln Thr		
	10	15
		20
aag gat ttc cat gac tcc ctc acc aag cca ccc gga tct ttg ggc aag		211
Lys Asp Phe His Asp Ser Leu Thr Lys Pro Pro Gly Ser Leu Gly Lys		
	25	30
		35
ttg gag cag atc ggc tgt ttc att tcc gca tgc cag ggc cag att ccg		259
Leu Glu Gln Ile Gly Cys Phe Ile Ser Ala Cys Gln Gly Gln Ile Pro		
	40	45
		50
cca cgt cca ctc aac aac tca aag atc gtt gtt ttc gct ggc gat cac		307
Pro Arg Pro Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val Phe Ala Gly Asp His		
	55	60
		65
ggc gtt gca act aaa ggc gtg tcc gcg tac cca tcc tca gta agc ttg		355
Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro Ser Ser Val Ser Leu		
	70	75
		80
		85
cag atg gct gaa aac att aca aac ggt ggc gcc gcc atc aac gtg att		403
Gln Met Ala Glu Asn Ile Thr Asn Gly Gly Ala Ala Ile Asn Val Ile		
	90	95
		100
gca cgc acc acc ggc acg tcc gtc cga ctt att gat acc tcc ctc gac		451
Ala Arg Thr Thr Gly Thr Ser Val Arg Leu Ile Asp Thr Ser Leu Asp		
	105	110
		115
cac gaa gca tgg ggc gac gag cgc gta tct agg tcc tgc gga tcc atc		499
His Glu Ala Trp Gly Asp Glu Arg Val Ser Arg Ser Cys Gly Ser Ile		
	120	125
		130
gat gtt gaa gac gcc atg acc caa gaa cag gtc gaa cgc gca ctg aag		547
Asp Val Glu Asp Ala Met Thr Gln Glu Gln Val Glu Arg Ala Leu Lys		
	135	140
		145
atc ggt aag cgc att gcg gat caa gaa gtg gac gca ggc gcc gac att		595

Ile	Gly	Lys	Arg	Ile	Ala	Asp	Gln	Glu	Val	Asp	Ala	Gly	Ala	Asp	Ile	
150				155				160				165				
tta	atc	ccc	ggc	gat	tta	gga	att	ggc	aac	acc	acc	acc	gcc	gct	gcc	643
Leu	Ile	Pro	Gly	Asp	Leu	Gly	Ile	Gly	Asn	Thr	Thr	Thr	Ala	Ala	Ala	
170				175				180								
ctc	gtt	gga	acg	ttc	acc	ctc	gca	gag	cct	gtt	gtt	gtc	gta	ggc	cgc	691
Leu	Val	Gly	Thr	Phe	Thr	Leu	Ala	Glu	Pro	Val	Val	Val	Val	Gly	Arg	
185				190				195								
ggc	acc	gga	atc	gac	gat	gaa	gcc	tgg	aaa	ctc	aaa	gtc	tcc	gcg	atc	739
Gly	Thr	Gly	Ile	Asp	Asp	Glu	Ala	Trp	Lys	Leu	Lys	Val	Ser	Ala	Ile	
200				205				210								
cgc	gac	gcc	atg	ttc	cgc	gcc	cgc	gac	ctg	cgc	caa	gac	ccc	atc	gcc	787
Arg	Asp	Ala	Met	Phe	Arg	Ala	Arg	Asp	Leu	Arg	Gln	Asp	Pro	Ile	Ala	
215				220				225								
atc	gcc	cgg	aaa	atc	tct	tcc	cca	gac	ctt	gca	gcc	atg	gca	gca	ttc	835
Ile	Ala	Arg	Lys	Ile	Ser	Ser	Pro	Asp	Leu	Ala	Ala	Met	Ala	Ala	Phe	
230				235				240				245				
att	gcc	caa	gca	gca	gtt	cga	cgc	acc	ccc	gtg	ctt	ctc	gac	ggc	gtt	883
Ile	Ala	Gln	Ala	Ala	Val	Arg	Arg	Thr	Pro	Val	Leu	Leu	Asp	Gly	Val	
250				255				260								
gta	gtc	acc	gcc	gca	gcc	ctc	cta	gcc	aac	aaa	ctg	gcc	cca	ggt	gcc	931
Val	Val	Thr	Ala	Ala	Ala	Leu	Leu	Ala	Asn	Lys	Leu	Ala	Pro	Gly	Ala	
265				270				275								
agg	cgt	tgg	ttc	atc	gca	gga	cac	cgc	tcc	acc	gaa	cca	gcg	cat	tcc	979
Arg	Arg	Trp	Phe	Ile	Ala	Gly	His	Arg	Ser	Thr	Glu	Pro	Ala	His	Ser	
280				285				290								
gta	gct	cta	aac	gca	ctg	gcc	ctt	gat	ccc	atc	ctg	gaa	ctt	gga	atg	1027
Val	Ala	Leu	Asn	Ala	Leu	Ala	Leu	Asp	Pro	Ile	Leu	Glu	Leu	Gly	Met	
295				300				305								
tcc	ctt	ggc	gaa	ggc	tcc	ggc	gca	gcc	acc	gca	ctc	ccc	ctg	gtc	aag	1075

Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala Leu Pro Leu Val Lys
 310 315 320 325
 att gcc gtt gac ctg atg aac gac atg tcg aca ttt tct tcc gcc ggc 1123
 Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr Phe Ser Ser Ala Gly
 330 335 340
 gtc gat gga ccc cta aac gcc tct tcc gaa gcg ccc gag caa aac acg 1171
 Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala Pro Glu Gln Asn Thr
 345 350 355
 gag taactttcta agcgatgtcc ggc 1197
 Glu
 <210> 572
 <211> 358
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 572
 Met Val Pro Ala Glu Leu Phe Ala Arg Val Glu Phe Pro Asp His Lys
 1 5 10 15
 Ile Leu Ala Gln Thr Lys Asp Phe His Asp Ser Leu Thr Lys Pro Pro
 20 25 30
 Gly Ser Leu Gly Lys Leu Glu Gln Ile Gly Cys Phe Ile Ser Ala Cys
 35 40 45
 Gln Gly Gln Ile Pro Pro Arg Pro Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val
 50 55 60
 Phe Ala Gly Asp His Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro
 65 70 75 80
 Ser Ser Val Ser Leu Gln Met Ala Glu Asn Ile Thr Asn Gly Gly Ala
 85 90 95
 Ala Ile Asn Val Ile Ala Arg Thr Thr Gly Thr Ser Val Arg Leu Ile
 100 105 110

Asp Thr Ser Leu Asp His Glu Ala Trp Gly Asp Glu Arg Val Ser Arg
115 120 125

Ser Cys Gly Ser Ile Asp Val Glu Asp Ala Met Thr Gln Glu Gln Val
130 135 140

Glu Arg Ala Leu Lys Ile Gly Lys Arg Ile Ala Asp Gln Glu Val Asp
145 150 155 160

Ala Gly Ala Asp Ile Leu Ile Pro Gly Asp Leu Gly Ile Gly Asn Thr
165 170 175

Thr Thr Ala Ala Ala Leu Val Gly Thr Phe Thr Leu Ala Glu Pro Val
180 185 190

Val Val Val Gly Arg Gly Thr Gly Ile Asp Asp Glu Ala Trp Lys Leu
195 200 205

Lys Val Ser Ala Ile Arg Asp Ala Met Phe Arg Ala Arg Asp Leu Arg
210 215 220

Gln Asp Pro Ile Ala Ile Ala Arg Lys Ile Ser Ser Pro Asp Leu Ala
225 230 235 240

Ala Met Ala Ala Phe Ile Ala Gln Ala Ala Val Arg Arg Thr Pro Val
245 250 255

Leu Leu Asp Gly Val Val Val Thr Ala Ala Ala Leu Leu Ala Asn Lys
260 265 270

Leu Ala Pro Gly Ala Arg Arg Trp Phe Ile Ala Gly His Arg Ser Thr
275 280 285

Glu Pro Ala His Ser Val Ala Leu Asn Ala Leu Ala Leu Asp Pro Ile
290 295 300

Leu Glu Leu Gly Met Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala
305 310 315 320

Leu Pro Leu Val Lys Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr

325

330

335

Phe Ser Ser Ala Gly Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala
340 345 350

Pro Glu Gln Asn Thr Glu
355

<210> 573

<211> 1146

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1123)

<223> RXA01489

<400> 573

gtcatgggat gtcattccgg cgggcttgtc gacgatcacg agtccaggtt taggggcagg 60

agcattcatg tctgttgagt ctatgccgta gtctaaaaca gtg gat att tgg agt 115
Val Asp Ile Trp Ser

1

5

gga cta gac agc gtt ccg gct gat ctt caa gga tca gta gtc acc att 163
Gly Leu Asp Ser Val Pro Ala Asp Leu Gln Gly Ser Val Val Thr Ile

10

15

20

ggt gtg ttt gat ggg ctc cac cgg ggg cat caa agt tta atc ggc gag 211
Gly Val Phe Asp Gly Leu His Arg Gly His Gln Ser Leu Ile Gly Glu

25

30

35

gcc aag aag cag gcc gag gag ctg ggt gtg cct tgt gtc atg gtg acc 259
Ala Lys Lys Gln Ala Glu Glu Leu Gly Val Pro Cys Val Met Val Thr

40

45

50

ttt gac ccg cat ccg atc gct gtg ttt ttg cca ggt aaa gag cca acc 307
Phe Asp Pro His Pro Ile Ala Val Phe Leu Pro Gly Lys Glu Pro Thr

55

60

65

cgt ttg gct cct ttg gat tat cgc ctt aat ttg gct gcg gaa tgt ggc	355
Arg Leu Ala Pro Leu Asp Tyr Arg Leu Asn Leu Ala Ala Glu Cys Gly	
70 75 80 85	
gtc gat gct gcg ttg gtt att gat ttc act aaa gaa ctc gca ggt ctg	403
Val Asp Ala Ala Leu Val Ile Asp Phe Thr Lys Glu Leu Ala Gly Leu	
90 95 100	
agc gct gaa gag tat ttc aca acc atg atc gtg gat acg ctg cat gcg	451
Ser Ala Glu Glu Tyr Phe Thr Thr Met Ile Val Asp Thr Leu His Ala	
105 110 115	
cgt tca gtt gtg gtg ggg gag aac ttc acc ttc ggt gtc aat ggc gct	499
Arg Ser Val Val Val Gly Glu Asn Phe Thr Phe Gly Val Asn Gly Ala	
120 125 130	
ggc act gag tcc acg atg cgg gaa ttg gga caa aag ttt ggc gtg aat	547
Gly Thr Glu Ser Thr Met Arg Glu Leu Gly Gln Lys Phe Gly Val Asn	
135 140 145	
gtc acg att gct ccg ctg ctg cat gat gat gac cag cgt att tgc tcc	595
Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp Gln Arg Ile Cys Ser	
150 155 160 165	
acc ttg gtg cgc gat tac ttg gat cag ggc gag gtt gag cgc gcg aac	643
Thr Leu Val Arg Asp Tyr Leu Asp Gln Gly Glu Val Glu Arg Ala Asn	
170 175 180	
tgg gcg ctt ggt cga cgc tat gcc gtg cgc ggc gaa gtt gtc cgt ggt	691
Trp Ala Leu Gly Arg Arg Tyr Ala Val Arg Gly Glu Val Val Arg Gly	
185 190 195	
gct ggc cgt ggc ggc aaa gaa ttg ggc tat ccc acc gcg aat ctc tac	739
Ala Gly Arg Gly Gly Lys Glu Leu Gly Tyr Pro Thr Ala Asn Leu Tyr	
200 205 210	
ctg ccg acc tct gtg gcg ctg ccc gcc gat ggc gtg tat gca ggc tgg	787
Leu Pro Thr Ser Val Ala Leu Pro Ala Asp Gly Val Tyr Ala Gly Trp	
215 220 225	
ttc acc atc acc gat gac cgc gaa atc gac aag gaa atc tcc cgc gat	835

Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys Glu Ile Ser Arg Asp
 230 235 240 245
 atc gac ggc acc atg gtt cca ggc gtg cgt tac caa act gcc att tcc 883
 Ile Asp Gly Thr Met Val Pro Gly Val Arg Tyr Gln Thr Ala Ile Ser
 250 255 260
 gtg ggc acc aat ccc acc ttc ggc gat gag cga cgc agc gtc gag gca 931
 Val Gly Thr Asn Pro Thr Phe Gly Asp Glu Arg Arg Ser Val Glu Ala
 265 270 275
 ttc atc ctc gac cag gaa gcc gac ctg tac ggt cac cat gtc atg gtg 979
 Phe Ile Leu Asp Gln Glu Ala Asp Leu Tyr Gly His His Val Met Val
 280 285 290
 gaa ttc gtg gga cac ttg cgc gac atg gtc aaa ttc aac ggc gtc gac 1027
 Glu Phe Val Gly His Leu Arg Asp Met Val Lys Phe Asn Gly Val Asp
 295 300 305
 gag cta cta gac gcc atg gcc cga gat gtc acc aac gcc cgc gac atc 1075
 Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr Asn Ala Arg Asp Ile
 310 315 320 325
 ctt gcc aaa gac aaa ttg ctt ctc gac gcc gac acc cag ccc agc gct 1123
 Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp Thr Gln Pro Ser Ala
 330 335 340
 taaggccggt caccggccat caa 1146

<210> 574
 <211> 341
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 574
 Val Asp Ile Trp Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Ala Asp Leu Gln Gly
 1 5 10 15
 Ser Val Val Thr Ile Gly Val Phe Asp Gly Leu His Arg Gly His Gln
 20 25 30

Ser Leu Ile Gly Glu Ala Lys Lys Gln Ala Glu Glu Leu Gly Val Pro
35 40 45

Cys Val Met Val Thr Phe Asp Pro His Pro Ile Ala Val Phe Leu Pro
50 55 60

Gly Lys Glu Pro Thr Arg Leu Ala Pro Leu Asp Tyr Arg Leu Asn Leu
65 70 75 80

Ala Ala Glu Cys Gly Val Asp Ala Ala Leu Val Ile Asp Phe Thr Lys
85 90 95

Glu Leu Ala Gly Leu Ser Ala Glu Glu Tyr Phe Thr Thr Met Ile Val
100 105 110

Asp Thr Leu His Ala Arg Ser Val Val Val Gly Glu Asn Phe Thr Phe
115 120 125

Gly Val Asn Gly Ala Gly Thr Glu Ser Thr Met Arg Glu Leu Gly Gln
130 135 140

Lys Phe Gly Val Asn Val Thr Ile Ala Pro Leu Leu His Asp Asp Asp
145 150 155 160

Gln Arg Ile Cys Ser Thr Leu Val Arg Asp Tyr Leu Asp Gln Gly Glu
165 170 175

Val Glu Arg Ala Asn Trp Ala Leu Gly Arg Arg Tyr Ala Val Arg Gly
180 185 190

Glu Val Val Arg Gly Ala Gly Arg Gly Gly Lys Glu Leu Gly Tyr Pro
195 200 205

Thr Ala Asn Leu Tyr Leu Pro Thr Ser Val Ala Leu Pro Ala Asp Gly
210 215 220

Val Tyr Ala Gly Trp Phe Thr Ile Thr Asp Asp Arg Glu Ile Asp Lys
225 230 235 240

Glu Ile Ser Arg Asp Ile Asp Gly Thr Met Val Pro Gly Val Arg Tyr
245 250 255

Gln Thr Ala Ile Ser Val Gly Thr Asn Pro Thr Phe Gly Asp Glu Arg
260 265 270

Arg Ser Val Glu Ala Phe Ile Leu Asp Gln Glu Ala Asp Leu Tyr Gly
275 280 285

His His Val Met Val Glu Phe Val Gly His Leu Arg Asp Met Val Lys
290 295 300

Phe Asn Gly Val Asp Glu Leu Leu Asp Ala Met Ala Arg Asp Val Thr
305 310 315 320

Asn Ala Arg Asp Ile Leu Ala Lys Asp Lys Leu Leu Leu Asp Ala Asp
325 330 335

Thr Gln Pro Ser Ala
340

<210> 575

<211> 805

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (87)..(782)

<223> RXN01712

<400> 575

gccggccttag gctcctccga ccagaacccc actggcacct ttggataaca ccattccgtg 60

taaacaagct ggcctagact tgaaac atg gtc gat atc ttg gaa ctc atc ggt 113
Met Val Asp Ile Leu Glu Leu Ile Gly

1

5

ccc cta cct ttt gtg tct acg cca gag tta agg gca att gtc gtg act 161
Pro Leu Pro Phe Val Ser Thr Pro Glu Leu Arg Ala Ile Val Val Thr

10

15

20

25

gcc att aat ggt tcc acc act att aat ggc acg tct ggt cag ctt gga 209
Ala Ile Asn Gly Ser Thr Thr Ile Asn Gly Thr Ser Gly Gln Leu Gly

30

35

40

aat tcc acg gat acg gaa ctt ctg ttg gcg ctt cgc agg tgg tcg gac 257
Asn Ser Thr Asp Thr Glu Leu Leu Leu Ala Leu Arg Arg Trp Ser Asp

45 50 55

gtg gtg ttg gtt ggg tcg agc acg gtg aag gct gaa aat tat ggt ggc 305
Val Val Leu Val Gly Ser Ser Thr Val Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly

60 65 70

gtg gag gtt tcg cct gaa atc cag aag caa cgc cag gag ttg ggt cag 353
Val Glu Val Ser Pro Glu Ile Gln Lys Gln Arg Gln Glu Leu Gly Gln

75 80 85

gaa gcg att ccg ccg att gcg gtg atg tca ggg tcg ttg aat ttt gat 401
Glu Ala Ile Pro Pro Ile Ala Val Met Ser Gly Ser Leu Asn Phe Asp

90 95 100 105

gtg gat act cgc ttt ttc ctt gag gcc gaa gtg ccg ccg atc atc atc 449
Val Asp Thr Arg Phe Phe Leu Glu Ala Glu Val Pro Pro Ile Ile Ile

110 115 120

acg gat aat tcc gat caa gca aag cag cag ccg ctt gtg gat gct ggg 497
Thr Asp Asn Ser Asp Gln Ala Lys Gln Gln Arg Leu Val Asp Ala Gly

125 130 135

gct cag gtt att gag gtg gag acg ttg acg gcg gag gtt ggc gtc gaa 545
Ala Gln Val Ile Glu Val Glu Thr Leu Thr Ala Glu Val Gly Val Glu

140 145 150

aag ctt agg tct ttg ggt tac gcc cgc att gat tgt gag ggc ggt gca 593
Lys Leu Arg Ser Leu Gly Tyr Ala Arg Ile Asp Cys Glu Gly Gly Ala

155 160 165

acg ttg tat ggg cag atg ttg gcc gcc gat ctt gtt gat gtg tgg cat 641
Thr Leu Tyr Gly Gln Met Leu Ala Ala Asp Leu Val Asp Val Trp His

170 175 180 185

cac acg att gat ccg acg ttg tcg ggc agc gtg gag cgc ccc acg gtg 689
His Thr Ile Asp Pro Thr Leu Ser Gly Ser Val Glu Arg Pro Thr Val

190 195 200

aag ggc ggc gat gat gcg ccg cgc cga ttc gcg ttg gag cac gtc ttt 737
Lys Gly Gly Asp Asp Ala Pro Arg Arg Phe Ala Leu Glu His Val Phe

205 210 215

gtc gat gat gac agc acc cta ttc ttg cgg tat aag cgc gcc aag 782
Val Asp Asp Asp Ser Thr Leu Phe Leu Arg Tyr Lys Arg Ala Lys

220 225 230

tgagtgttg actctccgga tct 805

<210> 576

<211> 232

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 576

Met Val Asp Ile Leu Glu Leu Ile Gly Pro Leu Pro Phe Val Ser Thr
1 5 10 15

Pro Glu Leu Arg Ala Ile Val Val Thr Ala Ile Asn Gly Ser Thr Thr
20 25 30

Ile Asn Gly Thr Ser Gly Gln Leu Gly Asn Ser Thr Asp Thr Glu Leu
35 40 45

Leu Leu Ala Leu Arg Arg Trp Ser Asp Val Val Leu Val Gly Ser Ser
50 55 60

Thr Val Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly Val Glu Val Ser Pro Glu Ile
65 70 75 80

Gln Lys Gln Arg Gln Glu Leu Gly Gln Glu Ala Ile Pro Pro Ile Ala
85 90 95

Val Met Ser Gly Ser Leu Asn Phe Asp Val Asp Thr Arg Phe Phe Leu
100 105 110

Glu Ala Glu Val Pro Pro Ile Ile Ile Thr Asp Asn Ser Asp Gln Ala
115 120 125

Lys Gln Gln Arg Leu Val Asp Ala Gly Ala Gln Val Ile Glu Val Glu
130 135 140

Thr Leu Thr Ala Glu Val Gly Val Glu Lys Leu Arg Ser Leu Gly Tyr
145 150 155 160

Ala Arg Ile Asp Cys Glu Gly Gly Ala Thr Leu Tyr Gly Gln Met Leu
165 170 175

Ala Ala Asp Leu Val Asp Val Trp His His Thr Ile Asp Pro Thr Leu
180 185 190

Ser Gly Ser Val Glu Arg Pro Thr Val Lys Gly Gly Asp Asp Ala Pro
195 200 205

Arg Arg Phe Ala Leu Glu His Val Phe Val Asp Asp Asp Ser Thr Leu
210 215 220

Phe Leu Arg Tyr Lys Arg Ala Lys
225 230

<210> 577
<211> 578
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (55)..(555)
<223> FRXA01712

<400> 577
cttctgttgg cgcttcgcag gtggtcggac gtggtgttgg ttgggtcgag cacg gtg 57
Val

1

aag gct gaa aat tat ggt ggc gtg gag gtt tcg cct gaa atc cag aag 105
Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly Val Glu Val Ser Pro Glu Ile Gln Lys

5 10 15

caa cgc cag gag ttg ggt cag gaa gcg att ccg ccg att gcg gtg atg 153
Gln Arg Gln Glu Leu Gly Gln Glu Ala Ile Pro Pro Ile Ala Val Met

20	25	30	
tca ggg tcg ttg aat ttt gat gtg gat act cgc ttt ttc ctt gag gcc	201		
Ser Gly Ser Leu Asn Phe Asp Val Asp Thr Arg Phe Phe Leu Glu Ala			
35	40	45	
gaa gtg ccg ccg atc atc atc acg gat aat tcc gat caa gca aag cag	249		
Glu Val Pro Pro Ile Ile Ile Thr Asp Asn Ser Asp Gln Ala Lys Gln			
50	55	60	65
cag cgg ctt gtg gat gct ggg gct cag gtt att gag gtg gag acg ttg	297		
Gln Arg Leu Val Asp Ala Gly Ala Gln Val Ile Glu Val Glu Thr Leu			
70	75	80	
acg gcg gag gtt ggc gtc gaa aag ctt agg tct ttg ggt tac gcc cgc	345		
Thr Ala Glu Val Gly Val Glu Lys Leu Arg Ser Leu Gly Tyr Ala Arg			
85	90	95	
att gat tgt gag ggc ggt gca acg ttg tat ggg cag atg ttg gcc gcc	393		
Ile Asp Cys Glu Gly Gly Ala Thr Leu Tyr Gly Gln Met Leu Ala Ala			
100	105	110	
gat ctt gtt gat gtg tgg cat cac acg att gat ccg acg ttg tcg ggc	441		
Asp Leu Val Asp Val Trp His His Thr Ile Asp Pro Thr Leu Ser Gly			
115	120	125	
agc gtg gag cgc ccc acg gtg aag ggc ggc gat gat gcg ccg cgc cga	489		
Ser Val Glu Arg Pro Thr Val Lys Gly Gly Asp Asp Ala Pro Arg Arg			
130	135	140	145
ttc gcg ttg gag cac gtc ttt gtc gat gat gac agc acc cta ttc ttg	537		
Phe Ala Leu Glu His Val Phe Val Asp Asp Asp Ser Thr Leu Phe Leu			
150	155	160	
cgg tat aag cgc gcc aag tgagtgttgg actctccgga tct	578		
Arg Tyr Lys Arg Ala Lys			
165			

<210> 578
 <211> 167
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 578

Val Lys Ala Glu Asn Tyr Gly Gly Val Glu Val Ser Pro Glu Ile Gln
1 5 10 15

Lys Gln Arg Gln Glu Leu Gly Gln Glu Ala Ile Pro Pro Ile Ala Val
20 25 30

Met Ser Gly Ser Leu Asn Phe Asp Val Asp Thr Arg Phe Phe Leu Glu
35 40 45

Ala Glu Val Pro Pro Ile Ile Ile Thr Asp Asn Ser Asp Gln Ala Lys
50 55 60

Gln Gln Arg Leu Val Asp Ala Gly Ala Gln Val Ile Glu Val Glu Thr
65 70 75 80

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

Arg Ile Asp Cys Glu Gly Gly Ala Thr Leu Tyr Gly Gln Met Leu Ala
100 105 110

Ala Asp Leu Val Asp Val Trp His His Thr Ile Asp Pro Thr Leu Ser
115 120 125

Gly Ser Val Glu Arg Pro Thr Val Lys Gly Gly Asp Asp Ala Pro Arg
130 135 140

Arg Phe Ala Leu Glu His Val Phe Val Asp Asp Asp Ser Thr Leu Phe
145 150 155 160

Leu Arg Tyr Lys Arg Ala Lys
165

<210> 579

<211> 831

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(808)

<223> RXN02384

<400> 579

ctgatgaggc ggatatccgc aacatcgaca gcattgatga actcccacct ttgccagctg 60

aatacagagcc tggctacgag gacgattaag aggtagtcct gtg act cgt cgc ctg 115
Val Thr Arg Arg Leu

1 5

att ctg ctc cga cac ggg cag act gaa tac aac gcc acg tcc cga atg 163
Ile Leu Leu Arg His Gly Gln Thr Glu Tyr Asn Ala Thr Ser Arg Met

10 15 20

cag gga caa ttg gac aca gag ctg tct gac ctg ggc ttt caa cag gcg 211
Gln Gly Gln Leu Asp Thr Glu Leu Ser Asp Leu Gly Phe Gln Gln Ala

25 30 35

gcc agc gca gcc tca gtg ctg gtt caa aaa aac atc acc cat gtg ttc 259
Ala Ser Ala Ala Ser Val Leu Val Gln Lys Asn Ile Thr His Val Phe

40 45 50

agc tcg gat ctt tcc cgc gcc ttc aac acc gca agc gcg gtt gcg gcg 307
Ser Ser Asp Leu Ser Arg Ala Phe Asn Thr Ala Ser Ala Val Ala Ala

55 60 65

ctg att gac gcg gag gtg cgc gtc gat aag cgt ctt cgg gaa acg cat 355
Leu Ile Asp Ala Glu Val Arg Val Asp Lys Arg Leu Arg Glu Thr His

70 75 80 85

ttg ggt gag tgg cag gcc aaa acc cac act gag gtg gat tcc gaa tat 403
Leu Gly Glu Trp Gln Ala Lys Thr His Thr Glu Val Asp Ser Glu Tyr

90 95 100

cca ggt gcg cgc gct caa tgg cgc cac gat ccg cag tgg gca cca ccc 451
Pro Gly Ala Arg Ala Gln Trp Arg His Asp Pro Gln Trp Ala Pro Pro

105 110 115

ggc ggc gaa tcg cgc gtg gat gtt gcg cgc cgg gca cgc caa gtt gtc 499
Gly Gly Glu Ser Arg Val Asp Val Ala Arg Arg Ala Arg Gln Val Val

120 125 130

gac gag ttg atg gtg tcg ctt gat gat tgg gat gaa ggc acc gtg ctc 547
Asp Glu Leu Met Val Ser Leu Asp Asp Trp Asp Glu Gly Thr Val Leu

135 140 145

atc gtg gct cac ggt ggc acg att aat gcg ctg acc tcg aat ctt ttg 595
Ile Val Ala His Gly Gly Thr Ile Asn Ala Leu Thr Ser Asn Leu Leu

150 155 160 165

gac ctg gcg tat gat cag tac ccc atg ttc tct gga ctt gga aat acc 643
Asp Leu Ala Tyr Asp Gln Tyr Pro Met Phe Ser Gly Leu Gly Asn Thr

170 175 180

tgt tgg gca caa ttg acc gcc cga cct cgc tat tat gca ggt agt gag 691
Cys Trp Ala Gln Leu Thr Ala Arg Pro Arg Tyr Tyr Ala Gly Ser Glu

185 190 195

aac cca gaa gat gac ctc aag att tct tcg gcg gtt tcc aac agc cct 739
Asn Pro Glu Asp Asp Leu Lys Ile Ser Ser Ala Val Ser Asn Ser Pro

200 205 210

cat ttt gag ggc aac aat gtg gaa aac gcc cag tgg tat ctt gac ggc 787
His Phe Glu Gly Asn Asn Val Glu Asn Ala Gln Trp Tyr Leu Asp Gly

215 220 225

tgg aac atg ggt gtt acg cag taaagaagat ggcaataaaa atg 831
Trp Asn Met Gly Val Thr Gln

230 235

<210> 580
<211> 236
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 580
Val Thr Arg Arg Leu Ile Leu Leu Arg His Gly Gln Thr Glu Tyr Asn
1 5 10 15
Ala Thr Ser Arg Met Gln Gly Gln Leu Asp Thr Glu Leu Ser Asp Leu

20	25	30
Gly Phe Gln Gln Ala Ala Ser Ala Ala Ser Val Leu Val Gln Lys Asn		
35	40	45
Ile Thr His Val Phe Ser Ser Asp Leu Ser Arg Ala Phe Asn Thr Ala		
50	55	60
Ser Ala Val Ala Ala Leu Ile Asp Ala Glu Val Arg Val Asp Lys Arg		
65	70	75
Leu Arg Glu Thr His Leu Gly Glu Trp Gln Ala Lys Thr His Thr Glu		
85	90	95
Val Asp Ser Glu Tyr Pro Gly Ala Arg Ala Gln Trp Arg His Asp Pro		
100	105	110
Gln Trp Ala Pro Pro Gly Gly Glu Ser Arg Val Asp Val Ala Arg Arg		
115	120	125
Ala Arg Gln Val Val Asp Glu Leu Met Val Ser Leu Asp Asp Trp Asp		
130	135	140
Glu Gly Thr Val Leu Ile Val Ala His Gly Gly Thr Ile Asn Ala Leu		
145	150	155
Thr Ser Asn Leu Leu Asp Leu Ala Tyr Asp Gln Tyr Pro Met Phe Ser		
165	170	175
Gly Leu Gly Asn Thr Cys Trp Ala Gln Leu Thr Ala Arg Pro Arg Tyr		
180	185	190
Tyr Ala Gly Ser Glu Asn Pro Glu Asp Asp Leu Lys Ile Ser Ser Ala		
195	200	205
Val Ser Asn Ser Pro His Phe Glu Gly Asn Asn Val Glu Asn Ala Gln		
210	215	220
Trp Tyr Leu Asp Gly Trp Asn Met Gly Val Thr Gln		
225	230	235

<210> 581
 <211> 453
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(430)
 <223> RXN01560

<400> 581
 atgggagcaa ggctcattta gctacttcga cgtggaagcg cacatcgttg agttgattcc 60

tgcacagta agcgatgcgt tttaggcaca tctgcgatcc gtg ggc gtg tcc tac 115
 Val Gly Val Ser Tyr

1 5

atc atc gcc ggc gat gag cag ctg gat atg gca gaa gcc gtt cgc aaa 163
 Ile Ile Ala Gly Asp Glu Gln Leu Asp Met Ala Glu Ala Val Arg Lys

10 15 20

att ggg gag acc ttt aaa act gag gaa att atc ctt ggt ggc gga gga 211
 Ile Gly Glu Thr Phe Lys Thr Glu Glu Ile Ile Leu Gly Gly Gly Gly

25 30 35

acc ctg aac tgg tcc atg ctc cgc gac ggt ttg tgc gac gag gtt agc 259
 Thr Leu Asn Trp Ser Met Leu Arg Asp Gly Leu Cys Asp Glu Val Ser

40 45 50

atc gtg atg atg cca atc gcc gat ggt gaa aag cac acc cac tct ttg 307
 Ile Val Met Met Pro Ile Ala Asp Gly Glu Lys His Thr His Ser Leu

55 60 65

ttc gaa gcc gat gaa aaa tac tca gca ccg ttg ccg atc ggt ttt tca 355
 Phe Glu Ala Asp Glu Lys Tyr Ser Ala Pro Leu Pro Ile Gly Phe Ser

70 75 80 85

ctc gcc agc gtt gaa cca cta gaa gat gga agc gtt tgg atg cgt tac 403
 Leu Ala Ser Val Glu Pro Leu Glu Asp Gly Ser Val Trp Met Arg Tyr

90 95 100

ggg gtc aat ggc cca gtg gac gcg aac taggtagcaa atactcgctc 450

Gly Val Asn Gly Pro Val Asp Ala Asn

105

110

ttt

453

<210> 582

<211> 110

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 582

Val	Gly	Val	Ser	Tyr	Ile	Ile	Ala	Gly	Asp	Glu	Gln	Leu	Asp	Met	Ala
1				5					10					15	

Glu	Ala	Val	Arg	Lys	Ile	Gly	Glu	Thr	Phe	Lys	Thr	Glu	Glu	Ile	Ile
			20					25						30	

Leu	Gly	Gly	Gly	Gly	Thr	Leu	Asn	Trp	Ser	Met	Leu	Arg	Asp	Gly	Leu
			35				40					45			

Cys	Asp	Glu	Val	Ser	Ile	Val	Met	Met	Pro	Ile	Ala	Asp	Gly	Glu	Lys
	50					55					60				

His	Thr	His	Ser	Leu	Phe	Glu	Ala	Asp	Glu	Lys	Tyr	Ser	Ala	Pro	Leu
65					70					75					80

Pro	Ile	Gly	Phe	Ser	Leu	Ala	Ser	Val	Glu	Pro	Leu	Glu	Asp	Gly	Ser
				85					90					95	

Val	Trp	Met	Arg	Tyr	Gly	Val	Asn	Gly	Pro	Val	Asp	Ala	Asn
			100					105					110

<210> 583

<211> 1137

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1114)

<223> RXN00667

<400> 583

ggcatcagtg tttgaaggga aaagcaggtc aaacaagggtg cggtctgattt gagcgatcac 60

agcaccgaga tctgtgctga agaattcaat gattgggttg atg att gcg ttg aag 115
Met Ile Ala Leu Lys

1 5

tcc atg tct aac agg gta gta caa aag cca aaa atg aaa gcg ccg cta 163
Ser Met Ser Asn Arg Val Val Gln Lys Pro Lys Met Lys Ala Pro Leu

10 15 20

ccc atc cgc gac ggc ctc aac cct tcc cgt gtg cgc ttg ccg ctc gac 211
Pro Ile Arg Asp Gly Leu Asn Pro Ser Arg Val Arg Leu Pro Leu Asp

25 30 35

gcg gcg ccg atc cgc gcc atc gat ttt gtt gaa tac ctc att tcc acg 259
Ala Ala Pro Ile Arg Ala Ile Asp Phe Val Glu Tyr Leu Ile Ser Thr

40 45 50

cag cgc cac cgc aat ccg gcc gac aac gcc gaa gcg ctt caa gcg cgt 307
Gln Arg His Arg Asn Pro Ala Asp Asn Ala Glu Ala Leu Gln Ala Arg

55 60 65

ttc gac gcc gac ctt gtt gtc aac cac tac ggc gag ccc tac gcc ccc 355
Phe Asp Ala Asp Leu Val Val Asn His Tyr Gly Glu Pro Tyr Ala Pro

70 75 80 85

gac acc atg gtt cag ccc gac gac gac att tgg ttc tac cgc atg ccc 403
Asp Thr Met Val Gln Pro Asp Asp Asp Ile Trp Phe Tyr Arg Met Pro

90 95 100

gcc gcc gaa cgg ccg atc cct tac aaa att cat gtc att cac gaa gac 451
Ala Ala Glu Arg Pro Ile Pro Tyr Lys Ile His Val Ile His Glu Asp

105 110 115

gat gac atc ctc gtc att gac aag cca ccc tac cta gca acc atg cct 499
Asp Asp Ile Leu Val Ile Asp Lys Pro Pro Tyr Leu Ala Thr Met Pro

120 125 130

cgt gcc cgc cac atc acc gaa acc gct ctg gtg aaa atg cgt gtg ctg 547
Arg Gly Arg His Ile Thr Glu Thr Ala Leu Val Lys Met Arg Val Leu

135	140	145	
act gga aac aac gat ctc acc cca gct cac cgc ctc gat cgc ctg act			595
Thr Gly Asn Asn Asp Leu Thr Pro Ala His Arg Leu Asp Arg Leu Thr			
150	155	160	165
tcc ggt gtg tta gtc atg gtg aaa aaa cca gaa ctc cgt ggc gct tac			643
Ser Gly Val Leu Val Met Val Lys Lys Pro Glu Leu Arg Gly Ala Tyr			
	170	175	180
caa acc ttg ttt gcc cga cgt gag gcg tcc aaa acc tat gag gca atc			691
Gln Thr Leu Phe Ala Arg Arg Glu Ala Ser Lys Thr Tyr Glu Ala Ile			
	185	190	195
gca gaa ttc gtt cca ggg cta ctt gat gat ggt ccc gcg att tgg gaa			739
Ala Glu Phe Val Pro Gly Leu Leu Asp Asp Gly Pro Ala Ile Trp Glu			
	200	205	210
tcc cgc atc gaa aaa gaa cgc ggc atc gtg caa gcc ttc gtc gtg gaa			787
Ser Arg Ile Glu Lys Glu Arg Gly Ile Val Gln Ala Phe Val Val Glu			
	215	220	225
ggc ccc gtc aac gca cgc act gaa ctg gtg tca gtc acc cca gtc gaa			835
Gly Pro Val Asn Ala Arg Thr Glu Leu Val Ser Val Thr Pro Val Glu			
230	235	240	245
gac gcc gaa cag agc atc ctc gaa gaa atg cac ggg cca ctc ccc cgc			883
Asp Ala Glu Gln Ser Ile Leu Glu Glu Met His Gly Pro Leu Pro Arg			
	250	255	260
caa gcg cgc tac gtt cta gcc ccc tca aca ggc aaa acc cac cag ctg			931
Gln Ala Arg Tyr Val Leu Ala Pro Ser Thr Gly Lys Thr His Gln Leu			
	265	270	275
cgc atc cac atg cgc gac ttc gca gcc ccc atc ctc ggc gac ccc ctc			979
Arg Ile His Met Arg Asp Phe Ala Ala Pro Ile Leu Gly Asp Pro Leu			
	280	285	290
tac ccc gtc ctc cac gca gtc gac gat gag gac tac acc acc cca atg			1027
Tyr Pro Val Leu His Ala Val Asp Asp Glu Asp Tyr Thr Thr Pro Met			

295 300 305

cac ctc atc gcc cgc acg cta acc ttc gtg gat cct caa acc aac gag 1075
His Leu Ile Ala Arg Thr Leu Thr Phe Val Asp Pro Gln Thr Asn Glu

310 315 320 325

gaa cgt acc ttt gtg agt aat cga cct acg gga agt ttg taggcctcgt 1124
Glu Arg Thr Phe Val Ser Asn Arg Pro Thr Gly Ser Leu

330 335

agacatcacc cag 1137

<210> 584
<211> 338
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 584
Met Ile Ala Leu Lys Ser Met Ser Asn Arg Val Val Gln Lys Pro Lys
1 5 10 15

Met Lys Ala Pro Leu Pro Ile Arg Asp Gly Leu Asn Pro Ser Arg Val
20 25 30

Arg Leu Pro Leu Asp Ala Ala Pro Ile Arg Ala Ile Asp Phe Val Glu
35 40 45

Tyr Leu Ile Ser Thr Gln Arg His Arg Asn Pro Ala Asp Asn Ala Glu
50 55 60

Ala Leu Gln Ala Arg Phe Asp Ala Asp Leu Val Val Asn His Tyr Gly
65 70 75 80

Glu Pro Tyr Ala Pro Asp Thr Met Val Gln Pro Asp Asp Asp Ile Trp
85 90 95

Phe Tyr Arg Met Pro Ala Ala Glu Arg Pro Ile Pro Tyr Lys Ile His
100 105 110

Val Ile His Glu Asp Asp Asp Ile Leu Val Ile Asp Lys Pro Pro Tyr
115 120 125

Leu Ala Thr Met Pro Arg Gly Arg His Ile Thr Glu Thr Ala Leu Val
130 135 140

Lys Met Arg Val Leu Thr Gly Asn Asn Asp Leu Thr Pro Ala His Arg
145 150 155 160

Leu Asp Arg Leu Thr Ser Gly Val Leu Val Met Val Lys Lys Pro Glu
165 170 175

Leu Arg Gly Ala Tyr Gln Thr Leu Phe Ala Arg Arg Glu Ala Ser Lys
180 185 190

Thr Tyr Glu Ala Ile Ala Glu Phe Val Pro Gly Leu Leu Asp Asp Gly
195 200 205

Pro Ala Ile Trp Glu Ser Arg Ile Glu Lys Glu Arg Gly Ile Val Gln
210 215 220

Ala Phe Val Val Glu Gly Pro Val Asn Ala Arg Thr Glu Leu Val Ser
225 230 235 240

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

Gly Pro Leu Pro Arg Gln Ala Arg Tyr Val Leu Ala Pro Ser Thr Gly
260 265 270

Lys Thr His Gln Leu Arg Ile His Met Arg Asp Phe Ala Ala Pro Ile
275 280 285

Leu Gly Asp Pro Leu Tyr Pro Val Leu His Ala Val Asp Asp Glu Asp
290 295 300

Tyr Thr Thr Pro Met His Leu Ile Ala Arg Thr Leu Thr Phe Val Asp
305 310 315 320

Pro Gln Thr Asn Glu Glu Arg Thr Phe Val Ser Asn Arg Pro Thr Gly
325 330 335

Ser Leu

<210> 585
 <211> 1281
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1258)
 <223> RXC01711

<400> 585
 tctcgtgagt ttctccccgg tagcaccttc tatatcagcc cccacgccgc gtcggagcag 60

gtgggatagc atcggaacg cgggtgcatg gccgttgccc atg ttg ttg atg gcg 115
 Met Leu Leu Met Ala

1 5

cat cgc ttc ttc gtg ctt gcg att aac ggc gca gtc acc gac gat ttc 163
 His Arg Phe Phe Val Leu Ala Ile Asn Gly Ala Val Thr Asp Asp Phe

10 15 20

acg acg gtt tat agt gct tta cga cgt ttc gtt gaa ggt att ccg gtc 211
 Thr Thr Val Tyr Ser Ala Leu Arg Arg Phe Val Glu Gly Ile Pro Val

25 30 35

tac aac gag gtc tac cac ttc gtc gat ccg cac tac ctc tat aac ccg 259
 Tyr Asn Glu Val Tyr His Phe Val Asp Pro His Tyr Leu Tyr Asn Pro

40 45 50

ggc gcc acc ctc cta ttg gca cca ttg gga tat atc acc cat ttc acg 307
 Gly Ala Thr Leu Leu Leu Ala Pro Leu Gly Tyr Ile Thr His Phe Thr

55 60 65

ttg gct cgg tgg atg ttc atc gcg gtg aac ctc ctt gcc att gtt tta 355
 Leu Ala Arg Trp Met Phe Ile Ala Val Asn Leu Leu Ala Ile Val Leu

70 75 80 85

gcg ttc ggg ctg ctg acc aga ctc tcc ggt tgg gcg ctg cgc agc atg 403
 Ala Phe Gly Leu Leu Thr Arg Leu Ser Gly Trp Ala Leu Arg Ser Met

90 95 100

gtg tgg ccg att gcg atc gcc ttg gcg atg ctg aca gaa acc gtg caa	451
Val Trp Pro Ile Ala Ile Ala Leu Ala Met Leu Thr Glu Thr Val Gln	
105	110
115	
aac acc ctc att ttc tcc aac atc aac ggc atc ctg ctg ctc atg ttg	499
Asn Thr Leu Ile Phe Ser Asn Ile Asn Gly Ile Leu Leu Leu Met Leu	
120	125
130	
gcg att ttc ctg tgg tgc gtg gtg cac aaa aaa tcc tgg ttg ggc gga	547
Ala Ile Phe Leu Trp Cys Val Val His Lys Lys Ser Trp Leu Gly Gly	
135	140
145	
cta gtc att ggt ttg gcc att ttg atc aaa ccc atg ttc ctg cca ctt	595
Leu Val Ile Gly Leu Ala Ile Leu Ile Lys Pro Met Phe Leu Pro Leu	
150	155
160	165
ctc ttc cta cct ttg gtg aaa aag caa tgg gga tgc ctc atc ctc ggc	643
Leu Phe Leu Pro Leu Val Lys Lys Gln Trp Gly Ser Leu Ile Leu Gly	
170	175
180	
att tta acc cca gtg att ttc aat gca gtg gcc tgg ttc tta gtt ccg	691
Ile Leu Thr Pro Val Ile Phe Asn Ala Val Ala Trp Phe Leu Val Pro	
185	190
195	
gga gca tct gaa tac gtc acc cgc acg atg ccc tac ctt ggt gaa act	739
Gly Ala Ser Glu Tyr Val Thr Arg Thr Met Pro Tyr Leu Gly Glu Thr	
200	205
210	
cga gat ttt gcc aac agc tca ctc cca ggc ttg gcc atc tat ttc gga	787
Arg Asp Phe Ala Asn Ser Ser Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Phe Gly	
215	220
225	
atg ccc acc tgg atg gaa atc acc tgg ttc ctc atc ttc ggc gca atg	835
Met Pro Thr Trp Met Glu Ile Thr Trp Phe Leu Ile Phe Gly Ala Met	
230	235
240	245
gtc ggc ctc gca gtg ctg gca ctc ctg aga ttc cgt aac acc gag cca	883
Val Gly Leu Ala Val Leu Ala Leu Leu Arg Phe Arg Asn Thr Glu Pro	
250	255
260	
tac ttc tgg gca gca acc acc acc ggt gta ctc ctg act ggc gta ttc	931

Tyr Phe Trp Ala Ala Thr Thr Thr Gly Val Leu Leu Thr Gly Val Phe

265 270 275

ttc ctg tcc tca ctg gga cag atg tac tac tcc atg atg atc ttc cct 979
Phe Leu Ser Ser Leu Gly Gln Met Tyr Tyr Ser Met Met Ile Phe Pro

280 285 290

atg atc ttc acc ctg ctc gga agc cga tcc gta ttc cac aac tgg gtt 1027
Met Ile Phe Thr Leu Leu Gly Ser Arg Ser Val Phe His Asn Trp Val

295 300 305

gcc tgg gtc gcc gcc tac ttc tta cta tcc cct gac act ttc acc tcc 1075
Ala Trp Val Ala Ala Tyr Phe Leu Leu Ser Pro Asp Thr Phe Thr Ser

310 315 320 325

cag cga cta ccc gat gta gcc cgc tgg atg gaa ttt ttc agc gcg acc 1123
Gln Arg Leu Pro Asp Val Ala Arg Trp Met Glu Phe Phe Ser Ala Thr

330 335 340

gtt ggt tgg gga cta ttg ata gtg gtt aca ttt gtc tcg gcg cta atc 1171
Val Gly Trp Gly Leu Leu Ile Val Val Thr Phe Val Ser Ala Leu Ile

345 350 355

tgg ttt att ggt gat atc cga gcc aag gga act ccg agc tca ccc att 1219
Trp Phe Ile Gly Asp Ile Arg Ala Lys Gly Thr Pro Ser Ser Pro Ile

360 365 370

acc act gat cca acg cac gac cat ctt gag agg aca gca tgacagactt 1268
Thr Thr Asp Pro Thr His Asp His Leu Glu Arg Thr Ala

375 380 385

caaactcatc agc 1281

<210> 586

<211> 386

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 586

Met Leu Leu Met Ala His Arg Phe Phe Val Leu Ala Ile Asn Gly Ala

1	5	10	15
Val Thr Asp Asp Phe Thr Thr Val Tyr Ser Ala Leu Arg Arg Phe Val	20	25	30
Glu Gly Ile Pro Val Tyr Asn Glu Val Tyr His Phe Val Asp Pro His	35	40	45
Tyr Leu Tyr Asn Pro Gly Ala Thr Leu Leu Leu Ala Pro Leu Gly Tyr	50	55	60
Ile Thr His Phe Thr Leu Ala Arg Trp Met Phe Ile Ala Val Asn Leu	65	70	75
Leu Ala Ile Val Leu Ala Phe Gly Leu Leu Thr Arg Leu Ser Gly Trp	85	90	95
Ala Leu Arg Ser Met Val Trp Pro Ile Ala Ile Ala Leu Ala Met Leu	100	105	110
Thr Glu Thr Val Gln Asn Thr Leu Ile Phe Ser Asn Ile Asn Gly Ile	115	120	125
Leu Leu Leu Met Leu Ala Ile Phe Leu Trp Cys Val Val His Lys Lys	130	135	140
Ser Trp Leu Gly Gly Leu Val Ile Gly Leu Ala Ile Leu Ile Lys Pro	145	150	155
Met Phe Leu Pro Leu Leu Phe Leu Pro Leu Val Lys Lys Gln Trp Gly	165	170	175
Ser Leu Ile Leu Gly Ile Leu Thr Pro Val Ile Phe Asn Ala Val Ala	180	185	190
Trp Phe Leu Val Pro Gly Ala Ser Glu Tyr Val Thr Arg Thr Met Pro	195	200	205
Tyr Leu Gly Glu Thr Arg Asp Phe Ala Asn Ser Ser Leu Pro Gly Leu	210	215	220

Ala Ile Tyr Phe Gly Met Pro Thr Trp Met Glu Ile Thr Trp Phe Leu
225 230 235 240

Ile Phe Gly Ala Met Val Gly Leu Ala Val Leu Ala Leu Leu Arg Phe
245 250 255

Arg Asn Thr Glu Pro Tyr Phe Trp Ala Ala Thr Thr Thr Gly Val Leu
260 265 270

Leu Thr Gly Val Phe Phe Leu Ser Ser Leu Gly Gln Met Tyr Tyr Ser
275 280 285

Met Met Ile Phe Pro Met Ile Phe Thr Leu Leu Gly Ser Arg Ser Val
290 295 300

Phe His Asn Trp Val Ala Trp Val Ala Ala Tyr Phe Leu Leu Ser Pro
305 310 315 320

Asp Thr Phe Thr Ser Gln Arg Leu Pro Asp Val Ala Arg Trp Met Glu
325 330 335

Phe Phe Ser Ala Thr Val Gly Trp Gly Leu Leu Ile Val Val Thr Phe
340 345 350

Val Ser Ala Leu Ile Trp Phe Ile Gly Asp Ile Arg Ala Lys Gly Thr
355 360 365

Pro Ser Ser Pro Ile Thr Thr Asp Pro Thr His Asp His Leu Glu Arg
370 375 380

Thr Ala
385

<210> 587

<211> 777

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(754)

<223> RXC02380

<400> 587

gcagattttt gacgaagtcg catcgtggat tgaagctgcc taaaaactcg cgaggacgca 60

tgctcagcaa gggtgtgtgc gaacactata ctgtccactc atg act aca acg gtg 115
Met Thr Thr Thr Val

1 5

aaa cgc cgc gct cgc att ggc atc atg ggt ggc aca ttt gac ccc att 163
Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly Thr Phe Asp Pro Ile

10 15 20

cat aat ggt cac ctt gtg gcg ggc tca gag gta gcg gat cga ttc gat 211
His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val Ala Asp Arg Phe Asp

25 30 35

ctt gat ctg gtg gtg tac gtt ccc acc gga cag cca tgg caa aag gcg 259
Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln Pro Trp Gln Lys Ala

40 45 50

aac aag aaa gtc agc cca gcg gaa gat cgt tac ctg atg acg gtg atc 307
Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr Leu Met Thr Val Ile

55 60 65

gcc act gcc tct aat cca cgg ttt atg gta tcg cgg gtt gat att gat 355
Ala Thr Ala Ser Asn Pro Arg Phe Met Val Ser Arg Val Asp Ile Asp

70 75 80 85

cgg gga ggg gat act tac acg atc gat acc ctg caa gat ttg agc aag 403
Arg Gly Gly Asp Thr Tyr Thr Ile Asp Thr Leu Gln Asp Leu Ser Lys

90 95 100

caa tac ccg gac gcc cag ctg tac ttc atc acc ggt gcc gat gca ctg 451
Gln Tyr Pro Asp Ala Gln Leu Tyr Phe Ile Thr Gly Ala Asp Ala Leu

105 110 115

gca cag atc gtg acg tgg cgc gat tgg gag aaa acc ttc gaa ctt gcc 499
Ala Gln Ile Val Thr Trp Arg Asp Trp Glu Lys Thr Phe Glu Leu Ala

120 125 130

cac ttc gtt gga gtg act cga ccc ggt tat gaa ttg gat gga aac atc 547
His Phe Val Gly Val Thr Arg Pro Gly Tyr Glu Leu Asp Gly Asn Ile

135 140 145

att ccg gaa atg cac caa gat cga gtc tca ttg gtg gat atc ccc gcc 595
Ile Pro Glu Met His Gln Asp Arg Val Ser Leu Val Asp Ile Pro Ala

150 155 160 165

atg gct att tcc tcc acg gac tgc aga gaa cgc tcc agc gaa gaa cgc 643
Met Ala Ile Ser Ser Thr Asp Cys Arg Glu Arg Ser Ser Glu Glu Arg

170 175 180

cct gtt tgg tat ctt gtc cct gat ggc gtg gtg caa tac att gcc aaa 691
Pro Val Trp Tyr Leu Val Pro Asp Gly Val Val Gln Tyr Ile Ala Lys

185 190 195

cgc caa ctc tat cga cct gaa gga tcc gat aag gat atg gat ccc aag 739
Arg Gln Leu Tyr Arg Pro Glu Gly Ser Asp Lys Asp Met Asp Pro Lys

200 205 210

ggc caa aac caa gca taaatctagt caaaagtttc aac 777
Gly Gln Asn Gln Ala

215

<210> 588

<211> 218

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 588

Met Thr Thr Thr Val Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly
1 5 10 15

Thr Phe Asp Pro Ile His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val
20 25 30

Ala Asp Arg Phe Asp Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln
35 40 45

Pro Trp Gln Lys Ala Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr
50 55 60

Leu Met Thr Val Ile Ala Thr Ala Ser Asn Pro Arg Phe Met Val Ser
65 70 75 80

Arg Val Asp Ile Asp Arg Gly Gly Asp Thr Tyr Thr Ile Asp Thr Leu
85 90 95

Gln Asp Leu Ser Lys Gln Tyr Pro Asp Ala Gln Leu Tyr Phe Ile Thr
100 105 110

Gly Ala Asp Ala Leu Ala Gln Ile Val Thr Trp Arg Asp Trp Glu Lys
115 120 125

Thr Phe Glu Leu Ala His Phe Val Gly Val Thr Arg Pro Gly Tyr Glu
130 135 140

Leu Asp Gly Asn Ile Ile Pro Glu Met His Gln Asp Arg Val Ser Leu
145 150 155 160

Val Asp Ile Pro Ala Met Ala Ile Ser Ser Thr Asp Cys Arg Glu Arg
165 170 175

Ser Ser Glu Glu Arg Pro Val Trp Tyr Leu Val Pro Asp Gly Val Val
180 185 190

Gln Tyr Ile Ala Lys Arg Gln Leu Tyr Arg Pro Glu Gly Ser Asp Lys
195 200 205

Asp Met Asp Pro Lys Gly Gln Asn Gln Ala
210 215

<210> 589

<211> 777

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(754)

<223> FRXA02380

<400> 589

gcagattttt gacgaagtcg catcgtggat tgaagctgcc taaaaactcg cgaggacgca 60

tgctcagcaa ggtggtgtgc gaacactata ctgtccactc atg act aca acg gtg 115
Met Thr Thr Thr Val

1 5

aaa cgc cgc gct cgc att ggc atc atg ggt ggc aca ttt gac ccc att 163
Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly Thr Phe Asp Pro Ile

10 15 20

cat aat ggt cac ctt gtg gcg ggc tca gag gta gcg gat cga ttc gat 211
His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val Ala Asp Arg Phe Asp

25 30 35

ctt gat ctg gtg gtg tac gtt ccc acc gga cag cca tgg caa aag gcg 259
Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln Pro Trp Gln Lys Ala

40 45 50

aac aag aaa gtc agc cca gcg gaa gat cgt tac ctg atg acg gtg atc 307
Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr Leu Met Thr Val Ile

55 60 65

gcc act gcc tct aat cca cgg ttt atg gta tcg cgg gtt gat att gat 355
Ala Thr Ala Ser Asn Pro Arg Phe Met Val Ser Arg Val Asp Ile Asp

70 75 80 85

cgg gga ggg gat act tac acg atc gat acc ctg caa gat ttg agc aag 403
Arg Gly Gly Asp Thr Tyr Thr Ile Asp Thr Leu Gln Asp Leu Ser Lys

90 95 100

caa tac ccg gac gcc cag ctg tac ttc atc acc ggt gcc gat gca ctg 451
Gln Tyr Pro Asp Ala Gln Leu Tyr Phe Ile Thr Gly Ala Asp Ala Leu

105 110 115

gca cag atc gtg acg tgg cgc gat tgg gag aaa acc ttc gaa ctt gcc 499
Ala Gln Ile Val Thr Trp Arg Asp Trp Glu Lys Thr Phe Glu Leu Ala

120 125 130

cac ttc gtt gga gtg act cga ccc ggt tat gaa ttg gat gga aac atc 547
His Phe Val Gly Val Thr Arg Pro Gly Tyr Glu Leu Asp Gly Asn Ile

135 140 145

att ccg gaa atg cac caa gat cga gtc tca ttg gtg gat atc ccc gcc 595
Ile Pro Glu Met His Gln Asp Arg Val Ser Leu Val Asp Ile Pro Ala

150 155 160 165

atg gct att tcc tcc acg gac tgc aga gaa cgc tcc agc gaa gaa cgc 643
Met Ala Ile Ser Ser Thr Asp Cys Arg Glu Arg Ser Ser Glu Glu Arg

170 175 180

cct gtt tgg tat ctt gtc cct gat ggc gtg gtg caa tac att gcc aaa 691
Pro Val Trp Tyr Leu Val Pro Asp Gly Val Val Gln Tyr Ile Ala Lys

185 190 195

cgc caa ctc tat cga cct gaa gga tcc gat aag gat atg gat ccc aag 739
Arg Gln Leu Tyr Arg Pro Glu Gly Ser Asp Lys Asp Met Asp Pro Lys

200 205 210

ggc caa aac caa gca taaatctagt caaaagtttc aac 777
Gly Gln Asn Gln Ala

215

<210> 590
<211> 218
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 590
Met Thr Thr Thr Val Lys Arg Arg Ala Arg Ile Gly Ile Met Gly Gly
1 5 10 15

Thr Phe Asp Pro Ile His Asn Gly His Leu Val Ala Gly Ser Glu Val
20 25 30

Ala Asp Arg Phe Asp Leu Asp Leu Val Val Tyr Val Pro Thr Gly Gln
35 40 45

Pro Trp Gln Lys Ala Asn Lys Lys Val Ser Pro Ala Glu Asp Arg Tyr
50 55 60

Leu Met Thr Val Ile Ala Thr Ala Ser Asn Pro Arg Phe Met Val Ser

65 70 75 80

Arg Val Asp Ile Asp Arg Gly Gly Asp Thr Tyr Thr Ile Asp Thr Leu

 85 90 95

Gln Asp Leu Ser Lys Gln Tyr Pro Asp Ala Gln Leu Tyr Phe Ile Thr
100 105 110

Gly Ala Asp Ala Leu Ala Gln Ile Val Thr Trp Arg Asp Trp Glu Lys
115 120 125

Thr Phe Glu Leu Ala His Phe Val Gly Val Thr Arg Pro Gly Tyr Glu
130 135 140

Leu Asp Gly Asn Ile Ile Pro Glu Met His Gln Asp Arg Val Ser Leu
145 150 155 160

Val Asp Ile Pro Ala Met Ala Ile Ser Ser Thr Asp Cys Arg Glu Arg
165 170 175

Ser Ser Glu Glu Arg Pro Val Trp Tyr Leu Val Pro Asp Gly Val Val
180 185 190

Gln Tyr Ile Ala Lys Arg Gln Leu Tyr Arg Pro Glu Gly Ser Asp Lys
195 200 205

Asp Met Asp Pro Lys Gly Gln Asn Gln Ala
210 215

<210> 591

<211> 594

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(571)

<223> RXC02921

<400> 591

tggaactg ggaagggtg acgttgcgga atctctccgc agcgtcggtt cggaccctaa 60

aaaagggtga ggaaccacat gagctgtttt aaggaatttt gtg tct gca ctt gaa	115
Val Ser Ala Leu Glu	
1 5	
gag tcg atc cgc atc gcg acc atc gcg gcg aaa gca gcg gat gaa aag	163
Glu Ser Ile Arg Ile Ala Thr Ile Ala Ala Lys Ala Ala Asp Glu Lys	
10 15 20	
aag gcc gat gac atc gct gtc atc gat gtc tct gac atg atc gca atc	211
Lys Ala Asp Asp Ile Ala Val Ile Asp Val Ser Asp Met Ile Ala Ile	
25 30 35	
acc gat tgc ttt gtt gtt gca tct gct gac aat gag cgc cag gtg ggc	259
Thr Asp Cys Phe Val Val Ala Ser Ala Asp Asn Glu Arg Gln Val Gly	
40 45 50	
gcc att gtt gag gag atc gaa gat gag atg acc aag gct ggt ttc gag	307
Ala Ile Val Glu Glu Ile Glu Asp Glu Met Thr Lys Ala Gly Phe Glu	
55 60 65	
cct aag cgc cgt gaa ggc aac cgc gaa aac cgt tgg gtt ctc ctt gac	355
Pro Lys Arg Arg Glu Gly Asn Arg Glu Asn Arg Trp Val Leu Leu Asp	
70 75 80 85	
tac gga ttg gtt gtt atc cac gtt cag cga cag gca gag cgc gag ttc	403
Tyr Gly Leu Val Val Ile His Val Gln Arg Gln Ala Glu Arg Glu Phe	
90 95 100	
tac gga ctg gat cgt ctg tac cgc gac tgc cca ctc att gaa att gaa	451
Tyr Gly Leu Asp Arg Leu Tyr Arg Asp Cys Pro Leu Ile Glu Ile Glu	
105 110 115	
gga ctt gaa acc ttc aag cgt gaa tcc tcc tgg tct gat gag gcg gat	499
Gly Leu Glu Thr Phe Lys Arg Glu Ser Ser Trp Ser Asp Glu Ala Asp	
120 125 130	
atc cgc aac atc gac agc att gat gaa ctc cca cct ttg cca gct gaa	547
Ile Arg Asn Ile Asp Ser Ile Asp Glu Leu Pro Pro Leu Pro Ala Glu	
135 140 145	
tac gag cct ggc tac gag gac gat taagaggtag tcctgtgact cgt	594

Tyr Glu Pro Gly Tyr Glu Asp Asp

150

155

<210> 592

<211> 157

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 592

Val Ser Ala Leu Glu Glu Ser Ile Arg Ile Ala Thr Ile Ala Ala Lys
1 5 10 15

Ala Ala Asp Glu Lys Lys Ala Asp Asp Ile Ala Val Ile Asp Val Ser
20 25 30

Asp Met Ile Ala Ile Thr Asp Cys Phe Val Val Ala Ser Ala Asp Asn
35 40 45

Glu Arg Gln Val Gly Ala Ile Val Glu Glu Ile Glu Asp Glu Met Thr
50 55 60

Lys Ala Gly Phe Glu Pro Lys Arg Arg Glu Gly Asn Arg Glu Asn Arg
65 70 75 80

Trp Val Leu Leu Asp Tyr Gly Leu Val Val Ile His Val Gln Arg Gln
85 90 95

Ala Glu Arg Glu Phe Tyr Gly Leu Asp Arg Leu Tyr Arg Asp Cys Pro
100 105 110

Leu Ile Glu Ile Glu Gly Leu Glu Thr Phe Lys Arg Glu Ser Ser Trp
115 120 125

Ser Asp Glu Ala Asp Ile Arg Asn Ile Asp Ser Ile Asp Glu Leu Pro
130 135 140

Pro Leu Pro Ala Glu Tyr Glu Pro Gly Tyr Glu Asp Asp
145 150 155

<210> 593

<211> 3075

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(3052)

<223> RXC01434

<400> 593

ggtttctgc gcaccgtgat gattggtgcg gcgctgtcgc cggccatcgc ttcggcggttc 60

aacactgccacacgtgcc caacctgatac actggaaatc gtg ttg ggt gcg gtg 115
Val Leu Gly Ala Val

1 5

ctg aca tcg ctg gtt att ccg gtc ctt acc cgc gcg gaa aaa gaa gac 163
Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg Ala Glu Lys Glu Asp

10 15 20

gcc gac ggc ggt tcc ggg ttc ttc agg cgg ctg ctc acc ctg tcg gtg 211
Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu Leu Thr Leu Ser Val

25 30 35

acg ctg ctg ggt ggt gtc acc atc ctg tcg att atc ggc gcg ccg ctg 259
Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile Ile Gly Ala Pro Leu

40 45 50

ctg aca cgg atg atg ctg tcc tct gag gga caa gtc aac gtg gtc atg 307
Leu Thr Arg Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln Val Asn Val Val Met

55 60 65

tcc acg gcc ttt gcg tat tgg ctg ctg cca cag att ttc ttc tac ggc 355
Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln Ile Phe Phe Tyr Gly

70 75 80 85

ctg ttt gcc ctg ttc atg gct gtg ttg aac acc cgt gaa gtg ttc aaa 403
Leu Phe Ala Leu Phe Met Ala Val Leu Asn Thr Arg Glu Val Phe Lys

90 95 100

ccc ggc gcg tgg gca cct gtt gtc aac aat gtg atc acc ttg acc gtg 451
Pro Gly Ala Trp Ala Pro Val Val Asn Asn Val Ile Thr Leu Thr Val

105	110	115	
ctg ggc gtg tac atg gtg ctg cct gcg cgt ttg cac ccg cat gag cag			499
Leu Gly Val Tyr Met Val Leu Pro Ala Arg Leu His Pro His Glu Gln			
120	125	130	
gtg ggc att ttt gat ccg cag atc att ttc ctc ggc gtg ggc acc acc			547
Val Gly Ile Phe Asp Pro Gln Ile Ile Phe Leu Gly Val Gly Thr Thr			
135	140	145	
ctt ggt gtg gtt gca cag tgt cta atc atg att ccg tac ctg cgt cgc			595
Leu Gly Val Val Ala Gln Cys Leu Ile Met Ile Pro Tyr Leu Arg Arg			
150	155	160	165
gcg ggc att gat atg cgc cct ctg tgg ggt atc gat gcg cgt ttg aag			643
Ala Gly Ile Asp Met Arg Pro Leu Trp Gly Ile Asp Ala Arg Leu Lys			
170	175	180	
caa ttc ggt ggc atg gcg atg gcg atc atc gtg tac gtg gca atc tcc			691
Gln Phe Gly Gly Met Ala Met Ala Ile Ile Val Tyr Val Ala Ile Ser			
185	190	195	
cag ttc ggt tac atc atc acc act cgc att gcg tcg att gca gac gat			739
Gln Phe Gly Tyr Ile Ile Thr Thr Arg Ile Ala Ser Ile Ala Asp Asp			
200	205	210	
gct gcg ccg ttt att tat cag cag cac tgg atg ttg ctg caa gtt cct			787
Ala Ala Pro Phe Ile Tyr Gln Gln His Trp Met Leu Leu Gln Val Pro			
215	220	225	
tat ggc atc atc ggc gtc acc ttg ctc acc gcg att atg ccg cga ctg			835
Tyr Gly Ile Ile Gly Val Thr Leu Leu Thr Ala Ile Met Pro Arg Leu			
230	235	240	245
tcc cgc aac gcg gca gac ggc gat gat agg gca gta gtc tct gac ctt			883
Ser Arg Asn Ala Ala Asp Gly Asp Asp Arg Ala Val Val Ser Asp Leu			
250	255	260	
cag ttg ggt tcc aag cta acc ttc atc gca ctg atc ccc atc gtg gtg			931
Gln Leu Gly Ser Lys Leu Thr Phe Ile Ala Leu Ile Pro Ile Val Val			

265	270	275	
ttc ttc acc gcc ttc ggt gtc cct att gcc aat ggc ctt ttt gcc tac Phe Phe Thr Ala Phe Gly Val Pro Ile Ala Asn Gly Leu Phe Ala Tyr			979
280	285	290	
ggc caa ttc gat gcc aac gcc gcc aac atc ctt ggt tgg act ctg agc Gly Gln Phe Asp Ala Asn Ala Ala Asn Ile Leu Gly Trp Thr Leu Ser			1027
295	300	305	
ttc tct gct ttc acg ctg att cct tac gct ttg gtg ctg cta cat ctg Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu Val Leu Leu His Leu			1075
310	315	320	325
cgt gtg ttt tat gcg cgt gaa gag gtc tgg acc cca acc ttc atc atc Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr Pro Thr Phe Ile Ile			1123
	330	335	340
gcc ggc atc acc gcc acc aag gtc gtg ctt tcc ctg ttg gca ccg ctg Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser Leu Leu Ala Pro Leu			1171
	345	350	355
ctg tcg agc tcc ccg gag cgt gtg gtg gtg ctt ctt ggt gcg gcc aac Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu Leu Gly Ala Ala Asn			1219
360	365	370	
ggt ttc agt ttc atc acc ggc gcg gtc atc ggc gcg tat ctg ttg cgc Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly Ala Tyr Leu Leu Arg			1267
375	380	385	
aac aaa ctc ggc ctg ttg ggt atg cgc tct ttg gct aaa acc tcc ctg Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu Ala Lys Thr Ser Leu			1315
390	395	400	405
tgg gcg ttg ggc tct gcg gcg gtt ggt gca gca gca gca tgg gcg ttg Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala Ala Ala Trp Ala Leu			1363
410	415	420	
ggg tgg ctg att caa gcc gtc gtg ggc gat ttc ttg ctg ggc act cta Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe Leu Leu Gly Thr Leu			1411

425	430	435	
agc tcc gta ggc tac ttg ttg aac ctg gct gtg ttg ggt gtc ttc ttc			1459
Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val Leu Gly Val Phe Phe			
440	445	450	
atc ttc gtc acc ggc atc gtg ttg tca cgt tct ggt ttg ccg gag gtc			1507
Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser Gly Leu Pro Glu Val			
455	460	465	
caa aac ttg ggc cag gca ctg acc cgc atc cca ggt ttg agc cgg ttt			1555
Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro Gly Leu Ser Arg Phe			
470	475	480	485
att cgc ccg aat acc aag atc tct ttg gat gtc ggc gaa gtc tcc gag			1603
Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val Gly Glu Val Ser Glu			
490	495	500	
cag gat ttc tcc acc cag ctg gtc gcg cca agc gag ttc gca gca acc			1651
Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser Glu Phe Ala Ala Thr			
505	510	515	
cct gtg ccg cca ccg atg tcc gcc ggt att gtc cgc gga cct cgc ctg			1699
Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val Arg Gly Pro Arg Leu			
520	525	530	
gtt ccc ggc gcc cca gtc ggc gac ggt cgt ttc cgt ctg ctc gcc gat			1747
Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe Arg Leu Leu Ala Asp			
535	540	545	
cac ggc ggc gtc caa ggc gcg cgt ttc tgg cag gcc cgc gag atc gcc			1795
His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln Ala Arg Glu Ile Ala			
550	555	560	565
acc ggc aag gaa gtc gcg ctg atc ttt gtg gat act tcc ggc aac gcc			1843
Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp Thr Ser Gly Asn Ala			
570	575	580	
cca ttt gcg cca ctg tct tcg gca gcc gca gcg ggc atc gcc tac gag			1891
Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Ala Gly Ile Ala Tyr Glu			

585	590	595	
gtg cag cgc cgc acc aag aag ctg gcc agc ttg ggc agc ttg gcg gta			1939
Val Gln Arg Arg Thr Lys Lys Leu Ala Ser Leu Gly Ser Leu Ala Val			
600	605	610	
gcc ccc aac atc cac tcc gag gcg tac cgc aac ggt tgc ctc att gtg			1987
Ala Pro Asn Ile His Ser Glu Ala Tyr Arg Asn Gly Cys Leu Ile Val			
615	620	625	
gcc gat tgg gtg cct ggc tcc agc ttg agc gcc gtc gcg gaa tcc ggt			2035
Ala Asp Trp Val Pro Gly Ser Ser Leu Ser Ala Val Ala Glu Ser Gly			
630	635	640	645
gcc gat ccc cgc gcc gcc gcg ttc gcg ctc gcg gaa cta act gaa acc			2083
Ala Asp Pro Arg Ala Ala Ala Phe Ala Leu Ala Glu Leu Thr Glu Thr			
650	655	660	
atc ggc gag gcc cac gag atg ggt atc ccg gcc ggc ttg gac aac aag			2131
Ile Gly Glu Ala His Glu Met Gly Ile Pro Ala Gly Leu Asp Asn Lys			
665	670	675	
tgc cga att cgt atc aac acc gac ggc cat gcc gtc ctc gcc ttg ccg			2179
Cys Arg Ile Arg Ile Asn Thr Asp Gly His Ala Val Leu Ala Leu Pro			
680	685	690	
gcg att ttg ccc gat gcc tca gag ctc cgc gac gcc aag tcc ctg gcc			2227
Ala Ile Leu Pro Asp Ala Ser Glu Leu Arg Asp Ala Lys Ser Leu Ala			
695	700	705	
tcg gcc gcc gag atg ctt atc gac gcg acc ctc gct ccc agc gac gtc			2275
Ser Ala Ala Glu Met Leu Ile Asp Ala Thr Leu Ala Pro Ser Asp Val			
710	715	720	725
aag gca atg gtc act gaa gcc cag ggg cta gct aca gaa gac aat ccc			2323
Lys Ala Met Val Thr Glu Ala Gln Gly Leu Ala Thr Glu Asp Asn Pro			
730	735	740	
gat tac gca tca ctt gcc atg gcg atg cgc acc tgc gga ctg ttc acc			2371
Asp Tyr Ala Ser Leu Ala Met Ala Met Arg Thr Cys Gly Leu Phe Thr			

745	750	755	
gag gaa cca acc cac ctt gtg gtg aag aag gaa aag aca cca aag cct			2419
Glu Glu Pro Thr His Leu Val Val Lys Lys Glu Lys Thr Pro Lys Pro			
760	765	770	
gcg aca cgt gat ggt ttc ggt gcc tcc gac tac acc gtc aag ggc atg			2467
Ala Thr Arg Asp Gly Phe Gly Ala Ser Asp Tyr Thr Val Lys Gly Met			
775	780	785	
gca gcc atc gcc gct gtg gtg atc atc ttg gtt tcc ctg gtg gcc gcc			2515
Ala Ala Ile Ala Ala Val Val Ile Ile Leu Val Ser Leu Val Ala Ala			
790	795	800	805
ggt acc gcg ttc ctc acc agc ttc ttc ggc agc agc acc aac gaa caa			2563
Gly Thr Ala Phe Leu Thr Ser Phe Phe Gly Ser Ser Thr Asn Glu Gln			
810	815	820	
tcc ccg ttg gcc tct gtt gaa gcc acc acc tct gca aca cca gaa cct			2611
Ser Pro Leu Ala Ser Val Glu Ala Thr Thr Ser Ala Thr Pro Glu Pro			
825	830	835	
gtg ggg cca ccg gtc tac ctg gat ctg gat caa gcc cgc acg tgg gat			2659
Val Gly Pro Pro Val Tyr Leu Asp Leu Asp Gln Ala Arg Thr Trp Asp			
840	845	850	
gac ggt gca gga aca gat gtc acc gac gtc acc gac ggc aac acc tcc			2707
Asp Gly Ala Gly Thr Asp Val Thr Asp Val Thr Asp Gly Asn Thr Ser			
855	860	865	
acc gca tgg acc tcc acc ggc ggc gac ggc ctc cta gtt gac ctg tcc			2755
Thr Ala Trp Thr Ser Thr Gly Gly Asp Gly Leu Leu Val Asp Leu Ser			
870	875	880	885
acg cct gcc cgc ctc gac cgc gtc atc ttg acc acc ggc acc ggc tcc			2803
Thr Pro Ala Arg Leu Asp Arg Val Ile Leu Thr Thr Gly Thr Gly Ser			
890	895	900	
gac agc aac gtg acc tcg acc gtg aag atc tac gca ttc aac gac gcc			2851
Asp Ser Asn Val Thr Ser Thr Val Lys Ile Tyr Ala Phe Asn Asp Ala			

905 910 915
tca cca cac tcc ctg tcg gaa ggc atc gag atc ggc acc gtg gat tat 2899
Ser Pro His Ser Leu Ser Glu Gly Ile Glu Ile Gly Thr Val Asp Tyr

920 925 930
tcc ggc cgc agt ctc agc cac agc atc cgc gat tcc tcc aag ctt ccg 2947
Ser Gly Arg Ser Leu Ser His Ser Ile Arg Asp Ser Ser Lys Leu Pro

935 940 945
ggc cag gtg gaa tcc gtg gtg att ctg gtc gat gag gtt cgt tcc tca 2995
Gly Gln Val Glu Ser Val Val Ile Leu Val Asp Glu Val Arg Ser Ser

950 955 960 965
caa acc tca gac acc aat cca cag atg cag atc gct gaa gta caa ctt 3043
Gln Thr Ser Asp Thr Asn Pro Gln Met Gln Ile Ala Glu Val Gln Leu

970 975 980
gtt ggt tgg taaattacgc gtttgtgatt gac 3075
Val Gly Trp

<210> 594
<211> 984
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 594
Val Leu Gly Ala Val Leu Thr Ser Leu Val Ile Pro Val Leu Thr Arg
1 5 10 15

Ala Glu Lys Glu Asp Ala Asp Gly Gly Ser Gly Phe Phe Arg Arg Leu
20 25 30

Leu Thr Leu Ser Val Thr Leu Leu Gly Gly Val Thr Ile Leu Ser Ile
35 40 45

Ile Gly Ala Pro Leu Leu Thr Arg Met Met Leu Ser Ser Glu Gly Gln
50 55 60

Val Asn Val Val Met Ser Thr Ala Phe Ala Tyr Trp Leu Leu Pro Gln

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

290

295

300

Gly Trp Thr Leu Ser Phe Ser Ala Phe Thr Leu Ile Pro Tyr Ala Leu
305 310 315 320

Val Leu Leu His Leu Arg Val Phe Tyr Ala Arg Glu Glu Val Trp Thr
325 330 335

Pro Thr Phe Ile Ile Ala Gly Ile Thr Ala Thr Lys Val Val Leu Ser
340 345 350

Leu Leu Ala Pro Leu Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Val Val Val Leu
355 360 365

Leu Gly Ala Ala Asn Gly Phe Ser Phe Ile Thr Gly Ala Val Ile Gly
370 375 380

Ala Tyr Leu Leu Arg Asn Lys Leu Gly Leu Leu Gly Met Arg Ser Leu
385 390 395 400

Ala Lys Thr Ser Leu Trp Ala Leu Gly Ser Ala Ala Val Gly Ala Ala
405 410 415

Ala Ala Trp Ala Leu Gly Trp Leu Ile Gln Ala Val Val Gly Asp Phe
420 425 430

Leu Leu Gly Thr Leu Ser Ser Val Gly Tyr Leu Leu Asn Leu Ala Val
435 440 445

Leu Gly Val Phe Phe Ile Phe Val Thr Gly Ile Val Leu Ser Arg Ser
450 455 460

Gly Leu Pro Glu Val Gln Asn Leu Gly Gln Ala Leu Thr Arg Ile Pro
465 470 475 480

Gly Leu Ser Arg Phe Ile Arg Pro Asn Thr Lys Ile Ser Leu Asp Val
485 490 495

Gly Glu Val Ser Glu Gln Asp Phe Ser Thr Gln Leu Val Ala Pro Ser
500 505 510

Glu Phe Ala Ala Thr Pro Val Pro Pro Pro Met Ser Ala Gly Ile Val

515	520	525
Arg Gly Pro Arg Leu Val Pro Gly Ala Pro Val Gly Asp Gly Arg Phe		
530	535	540
Arg Leu Leu Ala Asp His Gly Gly Val Gln Gly Ala Arg Phe Trp Gln		
545	550	555 560
Ala Arg Glu Ile Ala Thr Gly Lys Glu Val Ala Leu Ile Phe Val Asp		
	565	570 575
Thr Ser Gly Asn Ala Pro Phe Ala Pro Leu Ser Ser Ala Ala Ala Ala		
	580	585 590
Gly Ile Ala Tyr Glu Val Gln Arg Arg Thr Lys Lys Leu Ala Ser Leu		
	595	600 605
Gly Ser Leu Ala Val Ala Pro Asn Ile His Ser Glu Ala Tyr Arg Asn		
	610	615 620
Gly Cys Leu Ile Val Ala Asp Trp Val Pro Gly Ser Ser Leu Ser Ala		
625	630	635 640
Val Ala Glu Ser Gly Ala Asp Pro Arg Ala Ala Ala Phe Ala Leu Ala		
	645	650 655
Glu Leu Thr Glu Thr Ile Gly Glu Ala His Glu Met Gly Ile Pro Ala		
	660	665 670
Gly Leu Asp Asn Lys Cys Arg Ile Arg Ile Asn Thr Asp Gly His Ala		
	675	680 685
Val Leu Ala Leu Pro Ala Ile Leu Pro Asp Ala Ser Glu Leu Arg Asp		
	690	695 700
Ala Lys Ser Leu Ala Ser Ala Ala Glu Met Leu Ile Asp Ala Thr Leu		
705	710	715 720
Ala Pro Ser Asp Val Lys Ala Met Val Thr Glu Ala Gln Gly Leu Ala		
	725	730 735
Thr Glu Asp Asn Pro Asp Tyr Ala Ser Leu Ala Met Ala Met Arg Thr		

740	745	750
Cys Gly Leu Phe Thr Glu Glu Pro Thr His Leu Val Val Lys Lys Glu		
755	760	765
Lys Thr Pro Lys Pro Ala Thr Arg Asp Gly Phe Gly Ala Ser Asp Tyr		
770	775	780
Thr Val Lys Gly Met Ala Ala Ile Ala Ala Val Val Ile Ile Leu Val		
785	790	795 800
Ser Leu Val Ala Ala Gly Thr Ala Phe Leu Thr Ser Phe Phe Gly Ser		
805	810	815
Ser Thr Asn Glu Gln Ser Pro Leu Ala Ser Val Glu Ala Thr Thr Ser		
820	825	830
Ala Thr Pro Glu Pro Val Gly Pro Pro Val Tyr Leu Asp Leu Asp Gln		
835	840	845
Ala Arg Thr Trp Asp Asp Gly Ala Gly Thr Asp Val Thr Asp Val Thr		
850	855	860
Asp Gly Asn Thr Ser Thr Ala Trp Thr Ser Thr Gly Gly Asp Gly Leu		
865	870	875 880
Leu Val Asp Leu Ser Thr Pro Ala Arg Leu Asp Arg Val Ile Leu Thr		
885	890	895
Thr Gly Thr Gly Ser Asp Ser Asn Val Thr Ser Thr Val Lys Ile Tyr		
900	905	910
Ala Phe Asn Asp Ala Ser Pro His Ser Leu Ser Glu Gly Ile Glu Ile		
915	920	925
Gly Thr Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Leu Ser His Ser Ile Arg Asp		
930	935	940
Ser Ser Lys Leu Pro Gly Gln Val Glu Ser Val Val Ile Leu Val Asp		
945	950	955 960
Glu Val Arg Ser Ser Gln Thr Ser Asp Thr Asn Pro Gln Met Gln Ile		

965

970

975

Ala Glu Val Gln Leu Val Gly Trp
980

<210> 595

<211> 915

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(892)

<223> RXA01807

<400> 595

gctcaccgag ctggacacca agctccgcgc agtgcaggaa gaacacggcg agctggaaat 60

gcagtggctg gaactcggcg aggaaatcga gggctagttc atg ccg tcg gca ggc 115
Met Pro Ser Ala Gly

1

5

gag gag att tta gag cag cgc gca cag ctg gag ttt gat cag cgc cgc 163
Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu Phe Asp Gln Arg Arg

10

15

20

gcc gat gtg gtg atg atc ggc agc cag gtg gtt tat ggt tcc gtg ggg 211
Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val Tyr Gly Ser Val Gly

25

30

35

ctc agt gct gcc att ccg gtg atg cac aac gaa ggc ctc cgc gtg gtc 259
Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu Gly Leu Arg Val Val

40

45

50

get gtc ccc acc gtg gtg tta agt tcc atg ccg cgt tat gca agt tct 307
Ala Val Pro Thr Val Val Leu Ser Ser Met Pro Arg Tyr Ala Ser Ser

55

60

65

cac cgc cag ccg atg tcg gac caa tgg ctc gcc gac gcg ctg caa gac 355
His Arg Gln Pro Met Ser Asp Gln Trp Leu Ala Asp Ala Leu Gln Asp

70

75

80

85

ctg gtg gat ctg ggg att atc gat gag gtt tcc acc att tcc acc ggc	403
Leu Val Asp Leu Gly Ile Ile Asp Glu Val Ser Thr Ile Ser Thr Gly	
90 95 100	
tat ttt acc tcc gct tct cag gtg cgt gtg gtc gct gcg tgg ctg cag	451
Tyr Phe Thr Ser Ala Ser Gln Val Arg Val Val Ala Ala Trp Leu Gln	
105 110 115	
aaa atc cgc gaa acc cat ccg cat gtg cgc atc gtg gtg gat ccc atc	499
Lys Ile Arg Glu Thr His Pro His Val Arg Ile Val Val Asp Pro Ile	
120 125 130	
atg ggg gac agt gac gtg gga att tat gtc gcc gac gag atc gca acc	547
Met Gly Asp Ser Asp Val Gly Ile Tyr Val Ala Asp Glu Ile Ala Thr	
135 140 145	
gcc atc tgc cag gac tta tgc cct ctg gct acc gga atc att ccc aat	595
Ala Ile Cys Gln Asp Leu Cys Pro Leu Ala Thr Gly Ile Ile Pro Asn	
150 155 160 165	
gct ttc gag ctc tcc cac atg gtt ggc tcc ggc gat ccg cgc tcg ctg	643
Ala Phe Glu Leu Ser His Met Val Gly Ser Gly Asp Pro Arg Ser Leu	
170 175 180	
ctc ggc ccg ttt ggc gag tgg atc atc atc acc agc gcc act gaa act	691
Leu Gly Pro Phe Gly Glu Trp Ile Ile Ile Thr Ser Ala Thr Glu Thr	
185 190 195	
gtg ggc acc acc gtc acc cgc atc gtc acc cgt gac agc gtc cag gaa	739
Val Gly Thr Thr Val Thr Arg Ile Val Thr Arg Asp Ser Val Gln Glu	
200 205 210	
atc gcc tcc gcc acc gtc gat acc acg gcc aaa ggg gca ggc gac gtc	787
Ile Ala Ser Ala Thr Val Asp Thr Thr Ala Lys Gly Ala Gly Asp Val	
215 220 225	
tac gcc gca gca tta atc gcc gcc ctg cat aaa gat ttt tcg ctt atc	835
Tyr Ala Ala Ala Leu Ile Ala Ala Leu His Lys Asp Phe Ser Leu Ile	
230 235 240 245	
gac gcc gcc agc cac gca tcc aac acc gtc tgc gcc ggc ctg cag acc	883

Asp Ala Ala Ser His Ala Ser Asn Thr Val Cys Ala Gly Leu Gln Thr

250

255

260

aaa gcg ctt taggtttcgt ccgtctctga cag

915

Lys Ala Leu

<210> 596

<211> 264

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 596

Met Pro Ser Ala Gly Glu Glu Ile Leu Glu Gln Arg Ala Gln Leu Glu

1

5

10

15

Phe Asp Gln Arg Arg Ala Asp Val Val Met Ile Gly Ser Gln Val Val

20

25

30

Tyr Gly Ser Val Gly Leu Ser Ala Ala Ile Pro Val Met His Asn Glu

35

40

45

Gly Leu Arg Val Val Ala Val Pro Thr Val Val Leu Ser Ser Met Pro

50

55

60

Arg Tyr Ala Ser Ser His Arg Gln Pro Met Ser Asp Gln Trp Leu Ala

65

70

75

80

Asp Ala Leu Gln Asp Leu Val Asp Leu Gly Ile Ile Asp Glu Val Ser

85

90

95

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

100

105

110

Ala Ala Trp Leu Gln Lys Ile Arg Glu Thr His Pro His Val Arg Ile

115

120

125

Val Val Asp Pro Ile Met Gly Asp Ser Asp Val Gly Ile Tyr Val Ala

130

135

140

Asp Glu Ile Ala Thr Ala Ile Cys Gln Asp Leu Cys Pro Leu Ala Thr

145 150 155 160

Gly Ile Ile Pro Asn Ala Phe Glu Leu Ser His Met Val Gly Ser Gly
165 170 175

Asp Pro Arg Ser Leu Leu Gly Pro Phe Gly Glu Trp Ile Ile Ile Thr
180 185 190

Ser Ala Thr Glu Thr Val Gly Thr Thr Val Thr Arg Ile Val Thr Arg
195 200 205

Asp Ser Val Gln Glu Ile Ala Ser Ala Thr Val Asp Thr Thr Ala Lys
210 215 220

Gly Ala Gly Asp Val Tyr Ala Ala Ala Leu Ile Ala Ala Leu His Lys
225 230 235 240

Asp Phe Ser Leu Ile Asp Ala Ala Ser His Ala Ser Asn Thr Val Cys
245 250 255

Ala Gly Leu Gln Thr Lys Ala Leu
260

<210> 597
<211> 1461
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (101)..(1438)  
<223> RXN02754
```

<400> 597
attatgaagc catcggagtt ggtgtggcct acaagggtga tcatgcgtgg atagtggagg 60

agttcactgt agtcccgct gattccgtag aatcaacaga gtg aat acc aat ccg 115
Val Asn Thr Asn Pro

1 5

tct gaa ttc tcc tca aac cgt tca aca gct ctc ctt act gat aaa tat 163
Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu Leu Thr Asp Lys Tyr

10	15	20	
gag ctg acc atg ctt caa gca gcg ctc gct gat ggt tct gca gaa cgc			211
Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp Gly Ser Ala Glu Arg			
25	30	35	
ccc tca acg ttt gag gtc ttt agc cgc cgc ctc ccc aac gag cgc cga			259
Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu Pro Asn Glu Arg Arg			
40	45	50	
tac ggt gtc gtc gca gga aca gca cga gtg ctg aag gcg att cgt gac			307
Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu Lys Ala Ile Arg Asp			
55	60	65	
ttt gta ttc aca gag gaa caa ctc gcc gat ctt gac ttt tta gac gac			355
Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu Asp Phe Leu Asp Asp			
70	75	80	85
cgt acc ctg gaa tac ctc cgc aac tac cga ttc acc ggc caa gtt gat			403
Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe Thr Gly Gln Val Asp			
90	95	100	
ggc tac cgc gaa ggc gaa atc tac ttc ccg cag tcc cct ctt ctg act			451
Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Leu Leu Thr			
105	110	115	
gtg cgt ggc acg ttt gca gaa tgc gtc atc cta gaa act gtc att ttg			499
Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu Glu Thr Val Ile Leu			
120	125	130	
tcc atc atg aat gca gat tct gcc gtc gct tcc gcc gct gcg cgc atg			547
Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser Ala Ala Ala Arg Met			
135	140	145	
gtc acc gca gct gat ggt cgc ccc atc atc gaa atg gga tcc agg cgc			595
Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu Met Gly Ser Arg Arg			
150	155	160	165
acc cac gaa tac tcg gca gtc acc gca tcc cgc gca gca tac ctc gct			643
Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg Ala Ala Tyr Leu Ala			

170	175	180	
gga ttc tcc acc acc tcc aac ctc gag gcg gcc tac cgc tac gga att			691
Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala Tyr Arg Tyr Gly Ile			
185	190	195	
cca gca tcc gga acc tcc gcc cac gca tgg act ttg ctg cac atc aac			739
Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr Leu Leu His Ile Asn			
200	205	210	
gat gac ggc acc ccc aac gaa gca gca gct ttc aaa gca cag gtt gaa			787
Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe Lys Ala Gln Val Glu			
215	220	225	
tcc ctc ggc gtg gac acc acc ttg ctg gta gat act tat gac atc acc			835
Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp Thr Tyr Asp Ile Thr			
230	235	240	245
caa ggt gtg gcc acc gcc att gaa gtt gca ggt cca gac ctt ggt ggc			883
Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly Pro Asp Leu Gly Gly			
250	255	260	
gta cgt atc gac tcc ggc gac cta ggt gtg ctt gcc cga aag gtc cgc			931
Val Arg Ile Asp Ser Gly Asp Leu Gly Val Leu Ala Arg Lys Val Arg			
265	270	275	
aag cag ctc gac gat ctc aac gcc cac aac acc aag att gtg gtc tcc			979
Lys Gln Leu Asp Asp Leu Asn Ala His Asn Thr Lys Ile Val Val Ser			
280	285	290	
tcc gac ctg gat gaa ttc gcc atc gcg ggt ctt cgc ggc gaa cca gtt			1027
Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala Ile Ala Gly Leu Arg Gly Glu Pro Val			
295	300	305	
gac gtc ttt ggc gtt ggc acc tcc gtt gtc aca ggt tct ggc gca cca			1075
Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr Gly Ser Gly Ala Pro			
310	315	320	325
acc gct ggc ctc gtg tac aag atc ggg gaa gtt gcc ggt cac cct gtg			1123
Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys Ile Gly Glu Val Ala Gly His Pro Val			

330	335	340	
gcc aag cgt tcc cga aac aag gaa agc tac ggt ggt ggc aag aag gct 1171			
Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys Glu Ser Tyr Gly Gly Gly Lys Lys Ala			
345	350	355	
gtg cgc acc cac cgc aag tcc ggt acc gca atc gaa gaa atc gtc tac 1219			
Val Arg Thr His Arg Lys Ser Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr			
360	365	370	
cca ttc aat gcc gaa gca cca gat act gga aag ctc gac act ttg agc 1267			
Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser			
375	380	385	
ctg acc atc cca ttg atg cgc gac ggt gaa atc gtt cca ggt ttg cct 1315			
Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile Val Pro Gly Leu Pro			
390	395	400	405
act ttg gaa gat tcc cga gcg tat ttg gcc aag caa ttg gtc tct tta 1363			
Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu			
410	415	420	
cca tgg gaa ggc ctt gca ctg tct cgc gat gag cct gtt ttg cac act 1411			
Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu Pro Val Leu His Thr			
425	430	435	
cgt ttc gtg ggt ttc ccg ccg gcc gct tagacaattc ggtctcacca 1458			
Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala			
440	445		
aac 1461			

<210> 598
 <211> 446
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 598
 Val Asn Thr Asn Pro Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu
 1 5 10 15

Leu Thr Asp Lys Tyr Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp
20 25 30

Gly Ser Ala Glu Arg Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu
35 40 45

Pro Asn Glu Arg Arg Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu
50 55 60

Lys Ala Ile Arg Asp Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu
65 70 75 80

Asp Phe Leu Asp Asp Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe
85 90 95

Thr Gly Gln Val Asp Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln
100 105 110

Ser Pro Leu Leu Thr Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu
115 120 125

Glu Thr Val Ile Leu Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser
130 135 140

Ala Ala Ala Arg Met Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu
145 150 155 160

Met Gly Ser Arg Arg Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg
165 170 175

Ala Ala Tyr Leu Ala Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala
180 185 190

Tyr Arg Tyr Gly Ile Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr
195 200 205

Leu Leu His Ile Asn Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe
210 215 220

Lys Ala Gln Val Glu Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp

225 230 235 240
 Thr Tyr Asp Ile Thr Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly
 245 250 255
 Pro Asp Leu Gly Gly Val Arg Ile Asp Ser Gly Asp Leu Gly Val Leu
 260 265 270
 Ala Arg Lys Val Arg Lys Gln Leu Asp Asp Leu Asn Ala His Asn Thr
 275 280 285
 Lys Ile Val Val Ser Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala Ile Ala Gly Leu
 290 295 300
 Arg Gly Glu Pro Val Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr
 305 310 315 320
 Gly Ser Gly Ala Pro Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys Ile Gly Glu Val
 325 330 335
 Ala Gly His Pro Val Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys Glu Ser Tyr Gly
 340 345 350
 Gly Gly Lys Lys Ala Val Arg Thr His Arg Lys Ser Gly Thr Ala Ile
 355 360 365
 Glu Glu Ile Val Tyr Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro Asp Thr Gly Lys
 370 375 380
 Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile
 385 390 395 400
 Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys
 405 410 415
 Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu
 420 425 430
 Pro Val Leu His Thr Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala
 435 440 445

<210> 599
 <211> 871
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(871)
 <223> FRXA02405

<400> 599
 attatgaagc catcggagtt ggtgtggcct acaaggggtga tcatgcgtgg atagtgggtg 60

agttcactgt agctcccgtt gattccgtag aatcaacaga gtg aat acc aat ccg 115
 Val Asn Thr Asn Pro

1 5

tct gaa ttc tcc tca aac cgt tca aca gct ctc ctt act gat aaa tat 163
 Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu Leu Thr Asp Lys Tyr

10 15 20

gag ctg acc atg ctt caa gca gcg ctc gct gat ggt tct gca gaa cgc 211
 Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp Gly Ser Ala Glu Arg

25 30 35

ccc tca acg ttt gag gtc ttt agc cgc cgc ctc ccc aac gag cgc cga 259
 Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu Pro Asn Glu Arg Arg

40 45 50

tac ggt gtc gtc gca gga aca gca cga gtg ctg aag gcg att cgt gac 307
 Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu Lys Ala Ile Arg Asp

55 60 65

ttt gta ttc aca gag gaa caa ctc gcc gat ctt gac ttt tta gac gac 355
 Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu Asp Phe Leu Asp Asp

70 75 80 85

cgt acc ctg gaa tac ctc cgc aac tac cga ttc acc ggc caa gtt gat 403
 Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe Thr Gly Gln Val Asp

90 95 100

ggc tac cgc gaa ggc gaa atc tac ttc ccg cag tcc cct ctt ctg act 451

Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Leu Leu Thr
105 110 115

gtg cgt ggc acg ttt gca gaa tgc gtc atc cta gaa act gtc att ttg 499
Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu Glu Thr Val Ile Leu

120 125 130

tcc atc atg aat gca gat tct gcc gtc gct tcc gcc gct gcg cgc atg 547
Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser Ala Ala Arg Met

135 140 145

gtc acc gca gct gat ggt cgc ccc atc atc gaa atg gga tcc agg cgc 595
Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu Met Gly Ser Arg Arg

150 155 160 165

acc cac gaa tac tcg gca gtc acc gca tcc cgc gca gca tac ctc gct 643
Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg Ala Ala Tyr Leu Ala

170 175 180

gga ttc tcc acc acc tcc aac ctc gag gcg gcc tac cgc tac gga att 691
Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala Tyr Arg Tyr Gly Ile

185 190 195

cca gca tcc gga acc tcc gcc cac gca tgg act ttg ctg cac atc aac 739
Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr Leu Leu His Ile Asn

200 205 210

gat gac ggc acc ccc aac gaa gca gca gct ttc aaa gca cag gtt gaa 787
Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe Lys Ala Gln Val Glu

215 220 225

tcc ctc ggc gtg gac acc acc ttg ctg gta gat act tat gac atc acc 835
Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp Thr Tyr Asp Ile Thr

230 235 240 245

caa ggt gtg gcc acc gcc att gaa gtt gca ggt cca 871
Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly Pro

250 255

<210> 600

<211> 257
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 600

Val Asn Thr Asn Pro Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu
 1 5 10 15

Leu Thr Asp Lys Tyr Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp
 20 25 30

Gly Ser Ala Glu Arg Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu
 35 40 45

Pro Asn Glu Arg Arg Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu
 50 55 60

Lys Ala Ile Arg Asp Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu
 65 70 75 80

Asp Phe Leu Asp Asp Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe
 85 90 95

Thr Gly Gln Val Asp Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln
 100 105 110

Ser Pro Leu Leu Thr Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu
 115 120 125

Glu Thr Val Ile Leu Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser
 130 135 140

Ala Ala Ala Arg Met Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu
 145 150 155 160

Met Gly Ser Arg Arg Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg
 165 170 175

Ala Ala Tyr Leu Ala Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala
 180 185 190

Tyr Arg Tyr Gly Ile Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr

gaa agc tac ggt ggt ggc aag aag gct gtg cgc acc cac cgc aag tcc 240
Glu Ser Tyr Gly Gly Gly Lys Lys Ala Val Arg Thr His Arg Lys Ser

65 70 75 80

ggt acc gca atc gaa gaa atc gtc tac cca ttc aat gcc gaa gca cca 288
Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro

85 90 95

gat act gga aag ctc gac act ttg agc ctg acc atc cca ttg atg cgc 336
Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg

100 105 110

gac ggt gaa atc gtt cca ggt ttg cct act ttg gaa gat tcc cga gcg 384
Asp Gly Glu Ile Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala

115 120 125

tat ttg gcc aag caa ttg gtc tct tta cca tgg gaa ggc ctt gca ctg 432
Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu

130 135 140

tct cgc gat gag cct gtt ttg cac act cgt ttc gtg ggt ttc ccg ccg 480
Ser Arg Asp Glu Pro Val Leu His Thr Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro

145 150 155 160

gcc gct tagacaattc ggtctcacca aac 509
Ala Ala

<210> 602
<211> 162
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 602
Pro Thr Asn Thr Lys Ile Val Val Ser Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala
1 5 10 15

Ile Ala Gly Leu Arg Gly Glu Pro Val Asp Val Phe Gly Val Gly Thr
20 25 30

Ser Val Val Thr Gly Ser Gly Ala Pro Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys

Ile Gly Glu Val Ala Gly His Pro Val Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys

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

Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro
85 90 95

Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg
100 105 110

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

Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu
130 135 140

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

Ala Ala

<210> 603
<211> 960
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(937)
<223> RXA02112

<400> 603
tgaatccgtg gcggcaccgg cgcgagtcgc ttggaagg atgctatctg ttgttcagc 60

agtcctgtt actcctagct cctcgaagga tgcgtaattt atg act acc cat att 115
Met Thr Thr His Ile

	1	5	
gac cgc atc gtt ggc gca gcg tta tcc gag gat gcg cca tgg ggc gac			163
Asp Arg Ile Val Gly Ala Ala Leu Ser Glu Asp Ala Pro Trp Gly Asp			
	10	15	20
att acc tcc gac act ttt atc cca gga tcg gcg cag ctg agc gcc aag			211
Ile Thr Ser Asp Thr Phe Ile Pro Gly Ser Ala Gln Leu Ser Ala Lys			
	25	30	35
gtt gtt gcc cgg gag cca ggt gtg ttc agc ggg cag gcg ctt tta gac			259
Val Val Ala Arg Glu Pro Gly Val Phe Ser Gly Gln Ala Leu Leu Asp			
	40	45	50
gcc tcc ttc cgg ctc gtc gat cct agg ata aac gca tcc ctt aag gtg			307
Ala Ser Phe Arg Leu Val Asp Pro Arg Ile Asn Ala Ser Leu Lys Val			
	55	60	65
gct gat ggt gac agc ttt gaa acc ggg gac atc cta gga aca att acc			355
Ala Asp Gly Asp Ser Phe Glu Thr Gly Asp Ile Leu Gly Thr Ile Thr			
	70	75	80
			85
ggc agt gct aga agc atc ctc cgt tca gag cgc att gct ctc aac ttc			403
Gly Ser Ala Arg Ser Ile Leu Arg Ser Glu Arg Ile Ala Leu Asn Phe			
	90	95	100
att cag agg acg tcc ggc atc gct aca ttg aca tcg tgc tat gtt gca			451
Ile Gln Arg Thr Ser Gly Ile Ala Thr Leu Thr Ser Cys Tyr Val Ala			
	105	110	115
gag gtt aaa ggc acc aaa gcc cgc att gtt gat acc cgg aaa acc aca			499
Glu Val Lys Gly Thr Lys Ala Arg Ile Val Asp Thr Arg Lys Thr Thr			
	120	125	130
ccc ggc ctg cgc atc att gaa cgc caa gct gtc cgt gac ggt ggc gga			547
Pro Gly Leu Arg Ile Ile Glu Arg Gln Ala Val Arg Asp Gly Gly Gly			
	135	140	145
ttt aat cac cga gcc acc ttg tcc gat gct gtc atg gtg aaa gat aac			595
Phe Asn His Arg Ala Thr Leu Ser Asp Ala Val Met Val Lys Asp Asn			

150	155	160	165	
cat ctc gca gcc atc gca tcc cag ggg ctc agc atc act gaa gcg ctg				643
His Leu Ala Ala Ile Ala Ser Gln Gly Leu Ser Ile Thr Glu Ala Leu				
	170	175	180	
tcg aat atg aaa gct aaa ctc ccc cac acc acc cat gtg gaa gtc gaa				691
Ser Asn Met Lys Ala Lys Leu Pro His Thr Thr His Val Glu Val Glu				
	185	190	195	
gtt gat cat ata gag cag atc gaa cca gtt ctt gct gct ggt gtg gac				739
Val Asp His Ile Glu Gln Ile Glu Pro Val Leu Ala Ala Gly Val Asp				
	200	205	210	
acc atc atg ttg gat aat ttc acc att gat cag ctc atc gaa ggc gtt				787
Thr Ile Met Leu Asp Asn Phe Thr Ile Asp Gln Leu Ile Glu Gly Val				
	215	220	225	
gat ctc att ggt gga cgt gca ctg gtg gaa gca tct ggc gga gtc aac				835
Asp Leu Ile Gly Gly Arg Ala Leu Val Glu Ala Ser Gly Gly Val Asn				
230	235	240	245	
ctc aac acc gcg gga aag att gca tca acc ggt gtc gac gtc att tcc				883
Leu Asn Thr Ala Gly Lys Ile Ala Ser Thr Gly Val Asp Val Ile Ser				
	250	255	260	
gtt gga gcg ctt acc cat tct gtg cat gca ctt gac cta gga ctc gat				931
Val Gly Ala Leu Thr His Ser Val His Ala Leu Asp Leu Gly Leu Asp				
	265	270	275	
att ttc taatgctcta ccttgataat gca				960
Ile Phe				

<210> 604

<211> 279

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 604

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

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

Leu Ile Glu Gly Val Asp Leu Ile Gly Gly Arg Ala Leu Val Glu Ala
225 230 235 240

Ser Gly Gly Val Asn Leu Asn Thr Ala Gly Lys Ile Ala Ser Thr Gly
245 250 255

Val Asp Val Ile Ser Val Gly Ala Leu Thr His Ser Val His Ala Leu
260 265 270

Asp Leu Gly Leu Asp Ile Phe
275

<210> 605

<211> 1407

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1384)

<223> RXA02111

<400> 605

gcttgcggga acaccgcacc gccacccaa actgttcaga ttccaaagat aaattctgac 60

gtcattcca gccaccgtt tagaagaaaa gacccaatc atg acc acc tca atc 115
Met Thr Thr Ser Ile

1 5

acc cca tct gtc aac ctt gca ttg aaa aat gcc aat agc tgc aac agt 163
Thr Pro Ser Val Asn Leu Ala Leu Lys Asn Ala Asn Ser Cys Asn Ser

10 15 20

gaa ctc aaa gac gga ccc tgg ttc ctc gac cag ccc gga atg ccg gat 211
Glu Leu Lys Asp Gly Pro Trp Phe Leu Asp Gln Pro Gly Met Pro Asp

25 30 35

gtc tac ggc ccc ggc ggc tca caa aac gat ccg atc cct gcg cat gct 259
Val Tyr Gly Pro Gly Ala Ser Gln Asn Asp Pro Ile Pro Ala His Ala

40 45 50

ccg cgc cag cag gtt ctc ccc gag gag tac cag cgc gca agt gat gac 307

Pro	Arg	Gln	Gln	Val	Leu	Pro	Glu	Glu	Tyr	Gln	Arg	Ala	Ser	Asp	Asp	
55				60				65								
gaa ctg cat cgt agg atc cgg gaa gcg aaa gac acc ctg ggt gac aaa																355
Glu	Leu	His	Arg	Arg	Ile	Arg	Glu	Ala	Lys	Asp	Thr	Leu	Gly	Asp	Lys	
70				75				80				85				
gtg gtt atc cta gga cac ttc tac cag cgc gat gaa gtt atc caa cac																403
Val	Val	Ile	Leu	Gly	His	Phe	Tyr	Gln	Arg	Asp	Glu	Val	Ile	Gln	His	
90						95						100				
gca gat ttt gtt ggt gac tct ttc caa ctt gcc cgc gct gcc aaa acc																451
Ala	Asp	Phe	Val	Gly	Asp	Ser	Phe	Gln	Leu	Ala	Arg	Ala	Ala	Lys	Thr	
105						110						115				
cga ccc gag gcg gaa gcg att gtg ttc tgc ggt gtg cac ttc atg gct																499
Arg	Pro	Glu	Ala	Glu	Ala	Ile	Val	Phe	Cys	Gly	Val	His	Phe	Met	Ala	
120				125				130								
gaa acc gct gat ctg tta tcc acg gat gaa caa tca gtg atc ctc ccc																547
Glu	Thr	Ala	Asp	Leu	Leu	Ser	Thr	Asp	Glu	Gln	Ser	Val	Ile	Leu	Pro	
135				140				145								
aac ctt gcc gca ggt tgc tcc atg gca gac atg gct gac ctt gat tcc																595
Asn	Leu	Ala	Ala	Gly	Cys	Ser	Met	Ala	Asp	Met	Ala	Asp	Leu	Asp	Ser	
150				155				160				165				
gtc gaa gac tgc tgg gag caa ctc acc tca att tat ggc gat gac acc																643
Val	Glu	Asp	Cys	Trp	Glu	Gln	Leu	Thr	Ser	Ile	Tyr	Gly	Asp	Asp	Thr	
170						175						180				
ctg atc cct gtg acc tac atg aat tcc tct gca gcg ctc aaa ggt ttc																691
Leu	Ile	Pro	Val	Thr	Tyr	Met	Asn	Ser	Ser	Ala	Ala	Leu	Lys	Gly	Phe	
185						190						195				
gtg ggt gag cac ggc gga att gta tgc acc tcc tca aat gca cgt tcc																739
Val	Gly	Glu	His	Gly	Gly	Ile	Val	Cys	Thr	Ser	Ser	Asn	Ala	Arg	Ser	
200				205				210								
gta ttg gag tgg gcg ttt gaa cgc ggc caa cga gtc ctg ttc ttc ccc																787

Val Leu Glu Trp Ala Phe Glu Arg Gly Gln Arg Val Leu Phe Phe Pro	
215	220
225	
gat cag cac ttg ggt cga aac acc gcg aaa gcc atg ggc att ggg atc	835
Asp Gln His Leu Gly Arg Asn Thr Ala Lys Ala Met Gly Ile Gly Ile	
230	235
240	245
gat caa atg ccc ctg tgg aat ccc aac aaa cca ctg ggt ggc aac acc	883
Asp Gln Met Pro Leu Trp Asn Pro Asn Lys Pro Leu Gly Gly Asn Thr	
250	255
260	
gtt tcc gag cta gaa aac gca aag gta ctg ctc tgg cat ggt ttc tgc	931
Val Ser Glu Leu Glu Asn Ala Lys Val Leu Leu Trp His Gly Phe Cys	
265	270
275	
tct gta cac aag cgc ttt act gtc gag cag atc aac aaa gcc cgc gcc	979
Ser Val His Lys Arg Phe Thr Val Glu Gln Ile Asn Lys Ala Arg Ala	
280	285
290	
gag tac ccc gac gtt cac gtc atc gtg cac cct gaa tcc ccc atg cca	1027
Glu Tyr Pro Asp Val His Val Ile Val His Pro Glu Ser Pro Met Pro	
295	300
305	
gtt gtt gac gcc gcc gac tca tcc gga tcc act gac ttc att gtg aaa	1075
Val Val Asp Ala Ala Asp Ser Ser Gly Ser Thr Asp Phe Ile Val Lys	
310	315
320	325
gcc att caa gca gca ccg gca gga tct acc ttt gcg atc ggc acc gaa	1123
Ala Ile Gln Ala Ala Pro Ala Gly Ser Thr Phe Ala Ile Gly Thr Glu	
330	335
340	
atc aac ttg gtt cag cgc ctg gca gcc cag tac ccg cag cac acc atc	1171
Ile Asn Leu Val Gln Arg Leu Ala Ala Gln Tyr Pro Gln His Thr Ile	
345	350
355	
ttc tgc ctc gac cct gtc atc tgc cca tgc tcc acc atg tat cgc att	1219
Phe Cys Leu Asp Pro Val Ile Cys Pro Cys Ser Thr Met Tyr Arg Ile	
360	365
370	
cac cct ggt tac ctg gcc tgg gca ctt gag gag ttg gtg gct gga aac	1267

His Pro Gly Tyr Leu Ala Trp Ala Leu Glu Glu Leu Val Ala Gly Asn

375 380 385

gtg att aac cag att tct gtc tct gaa tcc gtg gcg gca ccg gcg cga 1315
Val Ile Asn Gln Ile Ser Val Ser Glu Ser Val Ala Ala Pro Ala Arg

390 395 400 405

gtc gct ttg gaa agg atg cta tct gtt gtt cca gca gct cct gtt act 1363
Val Ala Leu Glu Arg Met Leu Ser Val Val Pro Ala Ala Pro Val Thr

410 415 420

cct agc tcc tcg aag gat gcg taatttatga ctaccatat tga 1407
Pro Ser Ser Ser Lys Asp Ala

425

<210> 606

<211> 428

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 606

Met Thr Thr Ser Ile Thr Pro Ser Val Asn Leu Ala Leu Lys Asn Ala
1 5 10 15

Asn Ser Cys Asn Ser Glu Leu Lys Asp Gly Pro Trp Phe Leu Asp Gln
20 25 30

Pro Gly Met Pro Asp Val Tyr Gly Pro Gly Ala Ser Gln Asn Asp Pro
35 40 45

Ile Pro Ala His Ala Pro Arg Gln Gln Val Leu Pro Glu Glu Tyr Gln
50 55 60

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

Thr Leu Gly Asp Lys Val Val Ile Leu Gly His Phe Tyr Gln Arg Asp
85 90 95

Glu Val Ile Gln His Ala Asp Phe Val Gly Asp Ser Phe Gln Leu Ala
100 105 110

Arg Ala Ala Lys Thr Arg Pro Glu Ala Glu Ala Ile Val Phe Cys Gly
115 120 125

Val His Phe Met Ala Glu Thr Ala Asp Leu Leu Ser Thr Asp Glu Gln
130 135 140

Ser Val Ile Leu Pro Asn Leu Ala Ala Gly Cys Ser Met Ala Asp Met
145 150 155 160

Ala Asp Leu Asp Ser Val Glu Asp Cys Trp Glu Gln Leu Thr Ser Ile
165 170 175

Tyr Gly Asp Asp Thr Leu Ile Pro Val Thr Tyr Met Asn Ser Ser Ala
180 185 190

Ala Leu Lys Gly Phe Val Gly Glu His Gly Gly Ile Val Cys Thr Ser
195 200 205

Ser Asn Ala Arg Ser Val Leu Glu Trp Ala Phe Glu Arg Gly Gln Arg
210 215 220

Val Leu Phe Phe Pro Asp Gln His Leu Gly Arg Asn Thr Ala Lys Ala
225 230 235 240

Met Gly Ile Gly Ile Asp Gln Met Pro Leu Trp Asn Pro Asn Lys Pro
245 250 255

Leu Gly Gly Asn Thr Val Ser Glu Leu Glu Asn Ala Lys Val Leu Leu
260 265 270

Trp His Gly Phe Cys Ser Val His Lys Arg Phe Thr Val Glu Gln Ile
275 280 285

Asn Lys Ala Arg Ala Glu Tyr Pro Asp Val His Val Ile Val His Pro
290 295 300

Glu Ser Pro Met Pro Val Val Asp Ala Ala Asp Ser Ser Gly Ser Thr
305 310 315 320

Asp Phe Ile Val Lys Ala Ile Gln Ala Ala Pro Ala Gly Ser Thr Phe

325 330 335

Ala Ile Gly Thr Glu Ile Asn Leu Val Gln Arg Leu Ala Ala Gln Tyr
340 345 350

Pro Gln His Thr Ile Phe Cys Leu Asp Pro Val Ile Cys Pro Cys Ser
355 360 365

Thr Met Tyr Arg Ile His Pro Gly Tyr Leu Ala Trp Ala Leu Glu Glu
370 375 380

Leu Val Ala Gly Asn Val Ile Asn Gln Ile Ser Val Ser Glu Ser Val
385 390 395 400

Ala Ala Pro Ala Arg Val Ala Leu Glu Arg Met Leu Ser Val Val Pro
405 410 415

Ala Ala Pro Val Thr Pro Ser Ser Ser Lys Asp Ala
420 425

<210> 607
<211> 954
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(931)
<223> RXA01073

<400> 607
taaccgactc cagcactaaa ctccaaaccc ttggcccgca ccgccaagt ttagcgcgcc 60

ccaagacacc accgcgccat gtttgcctag gattaggtac atg aca aac act caa 115
Met Thr Asn Thr Gln

1 5

acc gag atc att aat gaa cta aag gtg agc cca gca atc gac gtg gcc 163
Thr Glu Ile Ile Asn Glu Leu Lys Val Ser Pro Ala Ile Asp Val Ala

10 15 20

aag gaa gtt gaa ttc cgt gtg cag ttc ctc gtc gat tac ctg cgg gct 211

Lys Glu Val Glu Phe Arg Val Gln Phe Leu Val Asp Tyr Leu Arg Ala
25 30 35

tcc cat aca aaa ggc ttt gtt ctt ggt att tca ggt ggc cag gat tcc 259
Ser His Thr Lys Gly Phe Val Leu Gly Ile Ser Gly Gly Gln Asp Ser

40 45 50

act ctt gcg gga cga ctc acg cag ctg gca gta gag cgc att cgt gcg 307
Thr Leu Ala Gly Arg Leu Thr Gln Leu Ala Val Glu Arg Ile Arg Ala

55 60 65

gaa gaa aac agc acg gat tat gtc ttc tac gca gtt cgc ctc ccc tac 355
Glu Glu Asn Ser Thr Asp Tyr Val Phe Tyr Ala Val Arg Leu Pro Tyr

70 75 80 85

gcg atc cag gca gat gag gac gat gcg caa gtt gca ttg gaa ttc atc 403
Ala Ile Gln Ala Asp Glu Asp Asp Ala Gln Val Ala Leu Glu Phe Ile

90 95 100

gca cct gac aag agc gtg acc gtc aac gtt aaa gac gca acg gac gcc 451
Ala Pro Asp Lys Ser Val Thr Val Asn Val Lys Asp Ala Thr Asp Ala

105 110 115

acc gaa gca act gtt gca gct gct ttg gaa ctt cct gag ctg acc gac 499
Thr Glu Ala Thr Val Ala Ala Ala Leu Glu Leu Pro Glu Leu Thr Asp

120 125 130

ttc aat cgg ggc aat att aaa gct cgc caa cgc atg gtt gcc cag tac 547
Phe Asn Arg Gly Asn Ile Lys Ala Arg Gln Arg Met Val Ala Gln Tyr

135 140 145

gca atc gca ggc cag ttg ggc ttg ctg gtt att ggc act gat cac gcg 595
Ala Ile Ala Gly Gln Leu Gly Leu Leu Val Ile Gly Thr Asp His Ala

150 155 160 165

gct gaa aac gtc acg ggg ttc ttc acc aaa ttc ggt gat ggc gca gct 643
Ala Glu Asn Val Thr Gly Phe Phe Thr Lys Phe Gly Asp Gly Ala Ala

170 175 180

gac ctg ctt cct ttg gca ggt ttg agc aag cgt caa gga gct gcc att 691

Asp Leu Leu Pro Leu Ala Gly Leu Ser Lys Arg Gln Gly Ala Ala Ile

185

190

195

ctg gag cac ctg ggt gca cct tca agc acg tgg acc aag gtt cct acc 739
Leu Glu His Leu Gly Ala Pro Ser Ser Thr Trp Thr Lys Val Pro Thr

200

205

210

gct gat ttg gaa gag gat cgc cca gcg ttg cca gat gag gaa gca ctt 787
Ala Asp Leu Glu Glu Asp Arg Pro Ala Leu Pro Asp Glu Glu Ala Leu

215

220

225

ggt gtg tcg tat gcg gac atc gat aat tac ctg gaa aac aag ccc gat 835
Gly Val Ser Tyr Ala Asp Ile Asp Asn Tyr Leu Glu Asn Lys Pro Asp

230

235

240

245

gtc agt gaa aaa gcc cag cag cgc att gag cac ctg tgg aag gtg ggc 883
Val Ser Glu Lys Ala Gln Gln Arg Ile Glu His Leu Trp Lys Val Gly

250

255

260

cag cac aag cgc cac ctc cct gct acc ccg cag gaa aat tgg tgg cgt 931
Gln His Lys Arg His Leu Pro Ala Thr Pro Gln Glu Asn Trp Trp Arg

265

270

275

taatccaaca gtttgagtgt cgc 954

<210> 608

<211> 277

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 608

Met Thr Asn Thr Gln Thr Glu Ile Ile Asn Glu Leu Lys Val Ser Pro
1 5 10 15

Ala Ile Asp Val Ala Lys Glu Val Glu Phe Arg Val Gln Phe Leu Val
20 25 30

Asp Tyr Leu Arg Ala Ser His Thr Lys Gly Phe Val Leu Gly Ile Ser
35 40 45

Gly Gly Gln Asp Ser Thr Leu Ala Gly Arg Leu Thr Gln Leu Ala Val

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

275

<210> 609
<211> 1461
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1438)
<223> RXN02754

<400> 609
attatgaagc catcggagtt ggtgtggcct acaaggggtga tcatgcgtgg atagtgggtg 60

agttcactgt agctcccgtt gattccgtag aatcaacaga gtg aat acc aat ccg 115
Val Asn Thr Asn Pro

1 5

tct gaa ttc tcc tca aac cgt tca aca gct ctc ctt act gat aaa tat 163
Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu Leu Thr Asp Lys Tyr

10 15 20

gag ctg acc atg ctt caa gca gcg ctc gct gat ggt tct gca gaa cgc 211
Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp Gly Ser Ala Glu Arg

25 30 35

ccc tca acg ttt gag gtc ttt agc cgc cgc ctc ccc aac gag cgc cga 259
Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu Pro Asn Glu Arg Arg

40 45 50

tac ggt gtc gtc gca gga aca gca cga gtg ctg aag gcg att cgt gac 307
Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu Lys Ala Ile Arg Asp

55 60 65

ttt gta ttc aca gag gaa caa ctc gcc gat ctt gac ttt tta gac gac 355
Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu Asp Phe Leu Asp Asp

70 75 80 85

cgt acc ctg gaa tac ctc cgc aac tac cga ttc acc ggc caa gtt gat 403
Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe Thr Gly Gln Val Asp

90	95	100	
ggc tac cgc gaa ggc gaa atc tac ttc ccg cag tcc cct ctt ctg act			451
Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln Ser Pro Leu Leu Thr			
105	110	115	
gtg cgt ggc acg ttt gca gaa tgc gtc atc cta gaa act gtc att ttg			499
Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu Glu Thr Val Ile Leu			
120	125	130	
tcc atc atg aat gca gat tct gcc gtc gct tcc gcc gct gcg cgc atg			547
Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser Ala Ala Ala Arg Met			
135	140	145	
gtc acc gca gct gat ggt cgc ccc atc atc gaa atg gga tcc agg cgc			595
Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu Met Gly Ser Arg Arg			
150	155	160	165
acc cac gaa tac tcg gca gtc acc gca tcc cgc gca gca tac ctc gct			643
Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg Ala Ala Tyr Leu Ala			
170	175	180	
gga ttc tcc acc acc tcc aac ctc gag gcg gcc tac cgc tac gga att			691
Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala Tyr Arg Tyr Gly Ile			
185	190	195	
cca gca tcc gga acc tcc gcc cac gca tgg act ttg ctg cac atc aac			739
Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr Leu Leu His Ile Asn			
200	205	210	
gat gac ggc acc ccc aac gaa gca gca gct ttc aaa gca cag gtt gaa			787
Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe Lys Ala Gln Val Glu			
215	220	225	
tcc ctc ggc gtg gac acc acc ttg ctg gta gat act tat gac atc acc			835
Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp Thr Tyr Asp Ile Thr			
230	235	240	245
caa ggt gtg gcc acc gcc att gaa gtt gca ggt cca gac ctt ggt ggc			883
Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly Pro Asp Leu Gly Gly			

250	255	260	
gta cgt atc gac tcc ggc gac cta ggt gtg ctt gcc cga aag gtc cgc			931
Val Arg Ile Asp Ser Gly Asp Leu Gly Val Leu Ala Arg Lys Val Arg			
265	270	275	
aag cag ctc gac gat ctc aac gcc cac aac acc aag att gtg gtc tcc			979
Lys Gln Leu Asp Asp Leu Asn Ala His Asn Thr Lys Ile Val Val Ser			
280	285	290	
tcc gac ctg gat gaa ttc gcc atc gcg ggt ctt cgc ggc gaa cca gtt			1027
Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala Ile Ala Gly Leu Arg Gly Glu Pro Val			
295	300	305	
gac gtc ttt ggc gtt ggc acc tcc gtt gtc aca ggt tct ggc gca cca			1075
Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr Gly Ser Gly Ala Pro			
310	315	320	325
acc gct ggc ctc gtg tac aag atc ggg gaa gtt gcc ggt cac cct gtg			1123
Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys Ile Gly Glu Val Ala Gly His Pro Val			
330	335	340	
gcc aag cgt tcc cga aac aag gaa agc tac ggt ggt ggc aag aag gct			1171
Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys Glu Ser Tyr Gly Gly Gly Lys Lys Ala			
345	350	355	
gtg cgc acc cac cgc aag tcc ggt acc gca atc gaa gaa atc gtc tac			1219
Val Arg Thr His Arg Lys Ser Gly Thr Ala Ile Glu Glu Ile Val Tyr			
360	365	370	
cca ttc aat gcc gaa gca cca gat act gga aag ctc gac act ttg agc			1267
Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro Asp Thr Gly Lys Leu Asp Thr Leu Ser			
375	380	385	
ctg acc atc cca ttg atg cgc gac ggt gaa atc gtt cca ggt ttg cct			1315
Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile Val Pro Gly Leu Pro			
390	395	400	405
act ttg gaa gat tcc cga gcg tat ttg gcc aag caa ttg gtc tct tta			1363
Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys Gln Leu Val Ser Leu			

410 415 420

cca tgg gaa ggc ctt gca ctg tct cgc gat gag cct gtt ttg cac act 1411
Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu Pro Val Leu His Thr

425 430 435

cgt ttc gtg ggt ttc ccg ccg gcc gct tagacaattc ggtctcacca 1458
Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala

440 445

aac 1461

<210> 610
<211> 446
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 610
Val Asn Thr Asn Pro Ser Glu Phe Ser Ser Asn Arg Ser Thr Ala Leu
1 5 10 15

Leu Thr Asp Lys Tyr Glu Leu Thr Met Leu Gln Ala Ala Leu Ala Asp
20 25 30

Gly Ser Ala Glu Arg Pro Ser Thr Phe Glu Val Phe Ser Arg Arg Leu
35 40 45

Pro Asn Glu Arg Arg Tyr Gly Val Val Ala Gly Thr Ala Arg Val Leu
50 55 60

Lys Ala Ile Arg Asp Phe Val Phe Thr Glu Glu Gln Leu Ala Asp Leu
65 70 75 80

Asp Phe Leu Asp Asp Arg Thr Leu Glu Tyr Leu Arg Asn Tyr Arg Phe
85 90 95

Thr Gly Gln Val Asp Gly Tyr Arg Glu Gly Glu Ile Tyr Phe Pro Gln
100 105 110

Ser Pro Leu Leu Thr Val Arg Gly Thr Phe Ala Glu Cys Val Ile Leu
115 120 125

Glu Thr Val Ile Leu Ser Ile Met Asn Ala Asp Ser Ala Val Ala Ser
130 135 140

Ala Ala Ala Arg Met Val Thr Ala Ala Asp Gly Arg Pro Ile Ile Glu
145 150 155 160

Met Gly Ser Arg Arg Thr His Glu Tyr Ser Ala Val Thr Ala Ser Arg
165 170 175

Ala Ala Tyr Leu Ala Gly Phe Ser Thr Thr Ser Asn Leu Glu Ala Ala
180 185 190

Tyr Arg Tyr Gly Ile Pro Ala Ser Gly Thr Ser Ala His Ala Trp Thr
195 200 205

Leu Leu His Ile Asn Asp Asp Gly Thr Pro Asn Glu Ala Ala Ala Phe
210 215 220

Lys Ala Gln Val Glu Ser Leu Gly Val Asp Thr Thr Leu Leu Val Asp
225 230 235 240

Thr Tyr Asp Ile Thr Gln Gly Val Ala Thr Ala Ile Glu Val Ala Gly
245 250 255

Pro Asp Leu Gly Gly Val Arg Ile Asp Ser Gly Asp Leu Gly Val Leu
260 265 270

Ala Arg Lys Val Arg Lys Gln Leu Asp Asp Leu Asn Ala His Asn Thr
275 280 285

Lys Ile Val Val Ser Ser Asp Leu Asp Glu Phe Ala Ile Ala Gly Leu
290 295 300

Arg Gly Glu Pro Val Asp Val Phe Gly Val Gly Thr Ser Val Val Thr
305 310 315 320

Gly Ser Gly Ala Pro Thr Ala Gly Leu Val Tyr Lys Ile Gly Glu Val
325 330 335

Ala Gly His Pro Val Ala Lys Arg Ser Arg Asn Lys Glu Ser Tyr Gly

340 345 350

Gly Gly Lys Lys Ala Val Arg Thr His Arg Lys Ser Gly Thr Ala Ile
355 360 365

Glu Glu Ile Val Tyr Pro Phe Asn Ala Glu Ala Pro Asp Thr Gly Lys
370 375 380

Leu Asp Thr Leu Ser Leu Thr Ile Pro Leu Met Arg Asp Gly Glu Ile
385 390 395 400

Val Pro Gly Leu Pro Thr Leu Glu Asp Ser Arg Ala Tyr Leu Ala Lys
405 410 415

Gln Leu Val Ser Leu Pro Trp Glu Gly Leu Ala Leu Ser Arg Asp Glu
420 425 430

Pro Val Leu His Thr Arg Phe Val Gly Phe Pro Pro Ala Ala
435 440 445

<210> 611
<211> 531
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(508)
<223> RXA02299

<400> 611
acgcgggggt tgttgccgga tcgaaatatt cctttccttg tcatctcacg ctatgatttc 60

taaaacttgc aggacaaccc ccataaggac accacaggac atg ctg cgc acc atc 115
Met Leu Arg Thr Ile

1 5

ctc gga agt aag att cac cga gcc act gtc act caa gct gat cta gat 163
Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr Gln Ala Asp Leu Asp

10 15 20

tat gtt ggc tct gta acc atc gac gcc gac ctg gtt cac gcc gcc gga 211

Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu Val His Ala Ala Gly

25

30

35

ttg atc gaa ggc gaa aaa gtt gcc atc gta gac atc acc aac ggc gct 259
Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp Ile Thr Asn Gly Ala

40

45

50

cgt ctg gaa act tat gtc att gtg ggc gac gcc gga acg ggc aat att 307
Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala Gly Thr Gly Asn Ile

55

60

65

tgc atc aat ggt gcc gct gca cac ctt att aat cct ggc gat ctt gtg 355
Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn Pro Gly Asp Leu Val

70

75

80

85

atc atc atg agc tac ctt cag gca act gat gcg gaa gcc aag gcg tat 403
Ile Ile Met Ser Tyr Leu Gln Ala Thr Asp Ala Glu Ala Lys Ala Tyr

90

95

100

gag cca aag att gtg cac gtg gac gcc gac aac cgc atc gtt gcg ctc 451
Glu Pro Lys Ile Val His Val Asp Ala Asp Asn Arg Ile Val Ala Leu

105

110

115

ggc aac gat ctt gcg gaa gca cta cct gga tcc ggg ctt ttg acg tcg 499
Gly Asn Asp Leu Ala Glu Ala Leu Pro Gly Ser Gly Leu Leu Thr Ser

120

125

130

aga agc att tagcggtttta gctcgccaat att 531
Arg Ser Ile

135

<210> 612

<211> 136

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 612

Met Leu Arg Thr Ile Leu Gly Ser Lys Ile His Arg Ala Thr Val Thr

1

5

10

15

Gln Ala Asp Leu Asp Tyr Val Gly Ser Val Thr Ile Asp Ala Asp Leu
20 25 30

Val His Ala Ala Gly Leu Ile Glu Gly Glu Lys Val Ala Ile Val Asp
35 40 45

Ile Thr Asn Gly Ala Arg Leu Glu Thr Tyr Val Ile Val Gly Asp Ala
50 55 60

Gly Thr Gly Asn Ile Cys Ile Asn Gly Ala Ala Ala His Leu Ile Asn
65 70 75 80

Pro Gly Asp Leu Val Ile Ile Met Ser Tyr Leu Gln Ala Thr Asp Ala
85 90 95

Glu Ala Lys Ala Tyr Glu Pro Lys Ile Val His Val Asp Ala Asp Asn
100 105 110

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

Gly Leu Leu Thr Ser Arg Ser Ile
130 135

<210> 613
<211> 960
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(937)
<223> RXA01928

<400> 613
gcgagtagcg caccttgggc gattccttgc acgacgccgc gcaggcctac atcgccgata 60

tccacgctggg taccttccca ggccaagcgg agtcctttta atg cag gta gca acc 115
Met Gln Val Ala Thr

1 5

aca aag cag gcg ctt atc gac gcc ctc ctc cac cac aaa tcc gtc ggg 163

Thr	Lys	Gln	Ala	Leu	Ile	Asp	Ala	Leu	Leu	His	His	Lys	Ser	Val	Gly		
				10					15						20		
ctc	gtc	ccc	acc	atg	ggc	gca	cta	cac	agc	gga	cac	gcc	tcg	ttg	gtt	211	
Leu	Val	Pro	Thr	Met	Gly	Ala	Leu	His	Ser	Gly	His	Ala	Ser	Leu	Val		
				25					30						35		
aaa	gca	gca	cgc	gct	gaa	aac	gac	act	gtt	gta	gcc	agt	att	ttt	gtc	259	
Lys	Ala	Ala	Arg	Ala	Glu	Asn	Asp	Thr	Val	Val	Ala	Ser	Ile	Phe	Val		
				40					45						50		
aat	ccc	ctg	cag	ttt	gaa	gca	ctc	ggc	gat	tgc	gat	gat	tac	cgc	aac	307	
Asn	Pro	Leu	Gln	Phe	Glu	Ala	Leu	Gly	Asp	Cys	Asp	Asp	Tyr	Arg	Asn		
				55					60						65		
tat	ccc	cgc	caa	ctc	gac	gcc	gat	tta	gca	ctg	ctt	gaa	gag	gca	ggc	355	
Tyr	Pro	Arg	Gln	Leu	Asp	Ala	Asp	Leu	Ala	Leu	Leu	Glu	Glu	Ala	Gly		
				70					75						80		
gtg	gat	att	gtg	ttc	gca	ccc	gat	gtg	gag	gaa	atg	tac	ccc	ggc	ggc	403	
Val	Asp	Ile	Val	Phe	Ala	Pro	Asp	Val	Glu	Glu	Met	Tyr	Pro	Gly	Gly		
				90					95						100		
ttg	cca	cta	gtg	tgg	gca	cgc	acc	ggc	tcc	atc	gga	aca	aaa	ttg	gag	451	
Leu	Pro	Leu	Val	Trp	Ala	Arg	Thr	Gly	Ser	Ile	Gly	Thr	Lys	Leu	Glu		
				105					110						115		
ggc	gcc	agc	agg	cct	ggc	cat	ttc	gat	ggc	gtg	gct	acc	gtg	gtg	gca	499	
Gly	Ala	Ser	Arg	Pro	Gly	His	Phe	Asp	Gly	Val	Ala	Thr	Val	Val	Ala		
				120					125						130		
aag	ctg	ttc	aat	ttg	gtg	cgc	cct	gat	cgt	gca	tat	ttt	gga	caa	aaa	547	
Lys	Leu	Phe	Asn	Leu	Val	Arg	Pro	Asp	Arg	Ala	Tyr	Phe	Gly	Gln	Lys		
				135					140						145		
gat	gct	cag	cag	gtt	gca	gtg	att	cgg	cga	ttg	gtt	gcc	gat	cta	gac	595	
Asp	Ala	Gln	Gln	Val	Ala	Val	Ile	Arg	Arg	Leu	Val	Ala	Asp	Leu	Asp		
				150					155						160		
att	ccc	gtg	gag	att	cgt	ccc	gtt	cgc	att	att	cgt	ggc	gcc	gat	ggc	643	

Ile Pro Val Glu Ile Arg Pro Val Pro Ile Ile Arg Gly Ala Asp Gly

170 175 180

tta gcc gaa tcc agc cgc aat caa cgt ctt tct gcg gat cag cga gcg 691
Leu Ala Glu Ser Ser Arg Asn Gln Arg Leu Ser Ala Asp Gln Arg Ala

185 190 195

caa gct ctg gtg ctg ccg cag gtg ttg agt ggg ttg cag cgt cga aaa 739
Gln Ala Leu Val Leu Pro Gln Val Leu Ser Gly Leu Gln Arg Arg Lys

200 205 210

gca gct ggt gaa gcg cta gat atc caa ggt gcg cgc gac acc ttg gcc 787
Ala Ala Gly Glu Ala Leu Asp Ile Gln Gly Ala Arg Asp Thr Leu Ala

215 220 225

agc gcc gac ggc gtg cgc ttg gat cac ctg gaa att gtc gat cca gcc 835
Ser Ala Asp Gly Val Arg Leu Asp His Leu Glu Ile Val Asp Pro Ala

230 235 240 245

acc ctc gaa cca tta gaa atc gac ggc ctg ctc acc caa cca gcg ttg 883
Thr Leu Glu Pro Leu Glu Ile Asp Gly Leu Leu Thr Gln Pro Ala Leu

250 255 260

gtg gtc ggc gcg att ttc gtg ggg ccg gtg cgg ttg atc gac aat atc 931
Val Val Gly Ala Ile Phe Val Gly Pro Val Arg Leu Ile Asp Asn Ile

265 270 275

gag ctc tagtaccac cctgcgttgc agc 960
Glu Leu

<210> 614

<211> 279

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 614

Met Gln Val Ala Thr Thr Lys Gln Ala Leu Ile Asp Ala Leu Leu His

1 5 10 15

His Lys Ser Val Gly Leu Val Pro Thr Met Gly Ala Leu His Ser Gly
20 25 30

His Ala Ser Leu Val Lys Ala Ala Arg Ala Glu Asn Asp Thr Val Val
35 40 45

Ala Ser Ile Phe Val Asn Pro Leu Gln Phe Glu Ala Leu Gly Asp Cys
50 55 60

Asp Asp Tyr Arg Asn Tyr Pro Arg Gln Leu Asp Ala Asp Leu Ala Leu
65 70 75 80

Leu Glu Glu Ala Gly Val Asp Ile Val Phe Ala Pro Asp Val Glu Glu
85 90 95

Met Tyr Pro Gly Gly Leu Pro Leu Val Trp Ala Arg Thr Gly Ser Ile
100 105 110

Gly Thr Lys Leu Glu Gly Ala Ser Arg Pro Gly His Phe Asp Gly Val
115 120 125

Ala Thr Val Val Ala Lys Leu Phe Asn Leu Val Arg Pro Asp Arg Ala
130 135 140

Tyr Phe Gly Gln Lys Asp Ala Gln Gln Val Ala Val Ile Arg Arg Leu
145 150 155 160

Val Ala Asp Leu Asp Ile Pro Val Glu Ile Arg Pro Val Pro Ile Ile
165 170 175

Arg Gly Ala Asp Gly Leu Ala Glu Ser Ser Arg Asn Gln Arg Leu Ser
180 185 190

Ala Asp Gln Arg Ala Gln Ala Leu Val Leu Pro Gln Val Leu Ser Gly
195 200 205

Leu Gln Arg Arg Lys Ala Ala Gly Glu Ala Leu Asp Ile Gln Gly Ala
210 215 220

Arg Asp Thr Leu Ala Ser Ala Asp Gly Val Arg Leu Asp His Leu Glu
225 230 235 240

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

Thr Gln Pro Ala Leu Val Val Gly Ala Ile Phe Val Gly Pro Val Arg
260 265 270

Leu Ile Asp Asn Ile Glu Leu
275

<210> 615
<211> 936
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(913)
<223> RXN01929

<400> 615
aaaatttgac tccataacga gaacttaatc gagcaacacc cctgaacagt gaatcaaac 60

ggaatttatt tattctgagc tggatcatcac atctatactc atg ccc atg tca ggc 115
Met Pro Met Ser Gly

1 5

att gat gca aag aaa atc cgc acc cgt cat ttc cgc gaa gct aaa gta 163
Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu Ala Lys Val

10 15 20

aac ggc cag aaa gtt tcg gtt ctc acc agc tat gat gcg ctt tcg gcg 211
Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala Leu Ser Ala

25 30 35

cgc att ttt gat gag gct ggc gtc gat atg ctc ctt gtt ggt gat tcc 259
Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val Gly Asp Ser

40 45 50

gct gcc aac gtt gtg ctg ggt cgc gat acc acc ttg tcg atc acc ttg 307
Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser Ile Thr Leu

55 60 65

gat gag atg att gtg ctg gcc aag gcg gtg acg atc gct acg aag cgt 355
Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala Thr Lys Arg

70 75 80 85

gcg ctt gtg gtg gtt gat ctg ccg ttt ggt acc tat gag gtg agc cca 403
Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu Val Ser Pro

90 95 100

aat cag gcg gtg gag tcc gcg atc cgg gtc atg cgt gaa acg ggt gcg 451
Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu Thr Gly Ala

105 110 115

gct gcg gtg aag atc gag ggt ggc gtg gag atc gcg cag acg att cga 499
Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln Thr Ile Arg

120 125 130

cgc att gtt gat gct gga att ccg gtt gtc ggc cac atc ggg tac acc 547
Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile Gly Tyr Thr

135 140 145

ccg cag tcc gag cat tcc ttg ggc ggc cac gtg gtt cag ggt cgt ggc 595
Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln Gly Arg Gly

150 155 160 165

gcg agt tct gga aag ctc atc gcc gat gcc cgc gcg ttg gag cag gcg 643
Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu Glu Gln Ala

170 175 180

ggt gcg ttt gcg gtt gtg ttg gag atg gtt cca gca gag gca gcg cgc 691
Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu Ala Ala Arg

185 190 195

gag gtt acc gag gat ctt tcc atc acc act atc gga atc ggt gcc ggc 739
Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile Gly Ala Gly

200 205 210

aat ggc aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc 787
Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu

215 220 225

aac cgc ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc 835
Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly

230 235 240 245

gat tcc ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg 883
Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala

250 255 260

ggt acc ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca 933
Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe

265 270

aag 936

<210> 616

<211> 271

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 616

Met Pro Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe
1 5 10 15

Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr
20 25 30

Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu
35 40 45

Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr
50 55 60

Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr
65 70 75 80

Ile Ala Thr Lys Arg Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr
85 90 95

Tyr Glu Val Ser Pro Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met
100 105 110

Arg Glu Thr Gly Ala Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile
115 120 125

Ala Gln Thr Ile Arg Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly
130 135 140

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

Val Gln Gly Arg Gly Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg
165 170 175

Ala Leu Glu Gln Ala Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro
180 185 190

Ala Glu Ala Ala Arg Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile
195 200 205

Gly Ile Gly Ala Gly Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln
210 215 220

Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu
225 230 235 240

Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile
245 250 255

Ala Asp Ile His Ala Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe
260 265 270

<210> 617

<211> 930

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(907)

<223> FRXA01929

<400> 617

tgactccata acgagaactt aatcgagcaa caccctgaa cagtgaatca aatcggaatt 60

tattttattct gagctggica tcacatctat actcatgccc atg tca ggc att gat 115
Met Ser Gly Ile Asp

1 5

gca aag aaa atc cgc acc cgt cat ttc cgc gaa gct aaa gta aac ggc 163
Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu Ala Lys Val Asn Gly

10 15 20

cag aaa gtt tcg gtt ctc acc agc tat gat gcg ctt tcg gcg cgc att 211
Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala Leu Ser Ala Arg Ile

25 30 35

ttt gat gag gct ggc gtc gat atg ctc ctt gtt ggt gat tcc gct gcc 259
Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val Gly Asp Ser Ala Ala

40 45 50

aac gtt gtg ctg ggt cgc gat acc acc ttg tcg atc acc ttg gat gag 307
Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser Ile Thr Leu Asp Glu

55 60 65

atg att gtg ctg gcc aag gcg gtg acg atc gct acg aag cgt gcg ctt 355
Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala Thr Lys Arg Ala Leu

70 75 80 85

gtg gtg gtt gat ctg ccg ttt ggt acc tat gag gtg agc cca aat cag 403
Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu Val Ser Pro Asn Gln

90 95 100

gcg gtg gag tcc gcg atc cgg gtc atg cgt gaa acg ggt gcg gct gcg 451
Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu Thr Gly Ala Ala Ala

105 110 115

gtg aag atc gag ggt ggc gtg gag atc gcg cag acg att cga cgc att 499
Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln Thr Ile Arg Arg Ile

120 125 130

gtt gat gct gga att ccg gtt gtc ggc cac atc ggg tac acc ccg cag 547
Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile Gly Tyr Thr Pro Gln

135	140	145	
tcc gag cat tcc ttg ggc ggc cac gtg gtt cag ggt cgt ggc gcg agt	595		
Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln Gly Arg Gly Ala Ser			
150	155	160	165
tct gga aag ctc atc gcc gat gcc cgc gcg ttg gag cag gcg ggt gcg	643		
Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu Glu Gln Ala Gly Ala			
	170	175	180
ttt gcg gtt gtg ttg gag atg gtt cca gca gag gca gcg cgc gag gtt	691		
Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu Ala Ala Arg Glu Val			
	185	190	195
acc gag gat ctt tcc atc acc act atc gga atc ggt gcc ggc aat ggc	739		
Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile Gly Ala Gly Asn Gly			
	200	205	210
aca gat ggg cag gtt ttg gtg tgg cag gat gcc ttc ggc ctc aac cgc	787		
Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala Phe Gly Leu Asn Arg			
	215	220	225
ggc aag aag cca cgc ttc gtc cgc gag tac gcc acc ttg ggc gat tcc	835		
Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala Thr Leu Gly Asp Ser			
230	235	240	245
ttg cac gac gcc gcg cag gcc tac atc gcc gat atc cac gcg ggt acc	883		
Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp Ile His Ala Gly Thr			
	250	255	260
ttc cca ggc gaa gcg gag tcc ttt taatgcaggt agcaaccaca aag	930		
Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe			

265

<210> 618
 <211> 269
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 618
 Met Ser Gly Ile Asp Ala Lys Lys Ile Arg Thr Arg His Phe Arg Glu

1	5	10	15
Ala Lys Val Asn Gly Gln Lys Val Ser Val Leu Thr Ser Tyr Asp Ala	20	25	30
Leu Ser Ala Arg Ile Phe Asp Glu Ala Gly Val Asp Met Leu Leu Val	35	40	45
Gly Asp Ser Ala Ala Asn Val Val Leu Gly Arg Asp Thr Thr Leu Ser	50	55	60
Ile Thr Leu Asp Glu Met Ile Val Leu Ala Lys Ala Val Thr Ile Ala	65	70	75
Thr Lys Arg Ala Leu Val Val Val Asp Leu Pro Phe Gly Thr Tyr Glu	85	90	95
Val Ser Pro Asn Gln Ala Val Glu Ser Ala Ile Arg Val Met Arg Glu	100	105	110
Thr Gly Ala Ala Ala Val Lys Ile Glu Gly Gly Val Glu Ile Ala Gln	115	120	125
Thr Ile Arg Arg Ile Val Asp Ala Gly Ile Pro Val Val Gly His Ile	130	135	140
Gly Tyr Thr Pro Gln Ser Glu His Ser Leu Gly Gly His Val Val Gln	145	150	155
Gly Arg Gly Ala Ser Ser Gly Lys Leu Ile Ala Asp Ala Arg Ala Leu	165	170	175
Glu Gln Ala Gly Ala Phe Ala Val Val Leu Glu Met Val Pro Ala Glu	180	185	190
Ala Ala Arg Glu Val Thr Glu Asp Leu Ser Ile Thr Thr Ile Gly Ile	195	200	205
Gly Ala Gly Asn Gly Thr Asp Gly Gln Val Leu Val Trp Gln Asp Ala	210	215	220

Phe Gly Leu Asn Arg Gly Lys Lys Pro Arg Phe Val Arg Glu Tyr Ala
225 230 235 240

Thr Leu Gly Asp Ser Leu His Asp Ala Ala Gln Ala Tyr Ile Ala Asp
245 250 255

Ile His Ala Gly Thr Phe Pro Gly Glu Ala Glu Ser Phe
260 265

<210> 619

<211> 921

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(898)

<223> RXA01521

<400> 619

accccggcag gcaacgcctt ttccgggatt tggcgcgcag gcaggcagag atttcccgcg 60

cgcaagatat tgagctgtgg gcaattcaga aggaggaccg ttg agt ttc acg cat 115
Leu Ser Phe Thr His

1 5

ggt cag ggc aga gtt ttt gat acc gtc gag cag atc cgc atg ttc ggc 163
Gly Gln Gly Arg Val Phe Asp Thr Val Glu Gln Ile Arg Met Phe Gly

10 15 20

agc gcc ctg cgc aaa acc ggc aaa cca gtg gtg ctc gta ccc ttg gga 211
Ser Ala Leu Arg Lys Thr Gly Lys Pro Val Val Leu Val Pro Leu Gly

25 30 35

aat ggc ctc cac gca ggc cat att gcg ctc atc cgc gca gca aaa cgc 259
Asn Gly Leu His Ala Gly His Ile Ala Leu Ile Arg Ala Ala Lys Arg

40 45 50

atc ccc ggt gcg gtg gtc gtc gtc gcc tat gcc ggc ccg gaa tcg gat 307
Ile Pro Gly Ala Val Val Val Val Ala Tyr Ala Gly Pro Glu Ser Asp

55 60 65

cac gca cgt tta agg gaa gag ctt atc gac gcg atc ttc ccg ttc aat	355
His Ala Arg Leu Arg Glu Glu Leu Ile Asp Ala Ile Phe Pro Phe Asn	
70 75 80 85	
ccc gaa acg cta tgg cct cac ggc atc cgg gtg gaa gtt aca ggt ggc	403
Pro Glu Thr Leu Trp Pro His Gly Ile Arg Val Glu Val Thr Gly Gly	
90 95 100	
cca aca ctt acc cca caa ggt gcg gaa gta acc aag gtg ctg ggg ctg	451
Pro Thr Leu Thr Pro Gln Gly Ala Glu Val Thr Lys Val Leu Gly Leu	
105 110 115	
ttg gga atc acc gga gca act gat gtg gtg ctc ggt gaa aag gac tat	499
Leu Gly Ile Thr Gly Ala Thr Asp Val Val Leu Gly Glu Lys Asp Tyr	
120 125 130	
gag ctg gtg gtt cta gtc cag cgc gcc ctt aat gat ctg cat att cca	547
Glu Leu Val Val Leu Val Gln Arg Ala Leu Asn Asp Leu His Ile Pro	
135 140 145	
gta aaa ctg cat tct gtt cca acc gtg cgc atg cca gat gga cta gcc	595
Val Lys Leu His Ser Val Pro Thr Val Arg Met Pro Asp Gly Leu Ala	
150 155 160 165	
att tcc ctg cgt aat att tca gtg ccc gaa gac tcc cgc gaa acg gca	643
Ile Ser Leu Arg Asn Ile Ser Val Pro Glu Asp Ser Arg Glu Thr Ala	
170 175 180	
ttg agc ctg gca gca gcc ctc acc gcc ggt gcg cat tcg gca gaa cac	691
Leu Ser Leu Ala Ala Ala Leu Thr Ala Gly Ala His Ser Ala Glu His	
185 190 195	
ggc gag gca gtg gtt aaa gaa aca gtc acg caa gtg ctc aaa gcc gca	739
Gly Glu Ala Val Val Lys Glu Thr Val Thr Gln Val Leu Lys Ala Ala	
200 205 210	
ggc gtg acc ccc gat tat gta gaa atc cgt ggc ctg gat ctt gga cca	787
Gly Val Thr Pro Asp Tyr Val Glu Ile Arg Gly Leu Asp Leu Gly Pro	
215 220 225	
gcc ccc gaa atc gga gac gcc cga ctc ttc gca gcc atc acg ctt ggc	835

Ala Pro Glu Ile Gly Asp Ala Arg Leu Phe Ala Ala Ile Thr Leu Gly
 230 235 240 245
 gat gtc caa ctc cac gac aac gtc ggc cta ccc ctt gga atc ggc ttc 883
 Asp Val Gln Leu His Asp Asn Val Gly Leu Pro Leu Gly Ile Gly Phe
 250 255 260
 aaa aac atc gaa ggc tgatcccggt ttaccagtt cgc 921
 Lys Asn Ile Glu Gly
 265
 <210> 620
 <211> 266
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <400> 620
 Leu Ser Phe Thr His Gly Gln Gly Arg Val Phe Asp Thr Val Glu Gln
 1 5 10 15
 Ile Arg Met Phe Gly Ser Ala Leu Arg Lys Thr Gly Lys Pro Val Val
 20 25 30
 Leu Val Pro Leu Gly Asn Gly Leu His Ala Gly His Ile Ala Leu Ile
 35 40 45
 Arg Ala Ala Lys Arg Ile Pro Gly Ala Val Val Val Val Ala Tyr Ala
 50 55 60
 Gly Pro Glu Ser Asp His Ala Arg Leu Arg Glu Glu Leu Ile Asp Ala
 65 70 75 80
 Ile Phe Pro Phe Asn Pro Glu Thr Leu Trp Pro His Gly Ile Arg Val
 85 90 95
 Glu Val Thr Gly Gly Pro Thr Leu Thr Pro Gln Gly Ala Glu Val Thr
 100 105 110
 Lys Val Leu Gly Leu Leu Gly Ile Thr Gly Ala Thr Asp Val Val Leu
 115 120 125
 Gly Glu Lys Asp Tyr Glu Leu Val Val Leu Val Gln Arg Ala Leu Asn

130 135 140

Asp Leu His Ile Pro Val Lys Leu His Ser Val Pro Thr Val Arg Met
145 150 155 160

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

Ser Arg Glu Thr Ala Leu Ser Leu Ala Ala Ala Leu Thr Ala Gly Ala
180 185 190

His Ser Ala Glu His Gly Glu Ala Val Val Lys Glu Thr Val Thr Gln
195 200 205

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

Leu Asp Leu Gly Pro Ala Pro Glu Ile Gly Asp Ala Arg Leu Phe Ala
225 230 235 240

Ala Ile Thr Leu Gly Asp Val Gln Leu His Asp Asn Val Gly Leu Pro
245 250 255

Leu Gly Ile Gly Phe Lys Asn Ile Glu Gly
260 265

<210> 621
<211> 1137
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1114)
<223> RXS01145

<400> 621
taatgtagtt gtctgccc aa gcgagttaaa ctcccacgat ttacagtggg gggcagacat 60

cttttcacca aaatttttac gaaaggcgag attttctccc atg gct att gaa ctg 115
Met Ala Ile Glu Leu

	1	5	
ctt tat gat gct gac gct gac ctc tcc ttg atc cag ggc cgt aag gtt			163
Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile Gln Gly Arg Lys Val			
	10	15	20
gcc atc gtt ggc tac ggc tcc cag ggc cac gca cac tcc cag aac ctc			211
Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala His Ser Gln Asn Leu			
	25	30	35
cgc gat tct ggc gtt gag gtt gtc att ggt ctg cgc gag ggc tcc aag			259
Arg Asp Ser Gly Val Glu Val Val Ile Gly Leu Arg Glu Gly Ser Lys			
	40	45	50
tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct			307
Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala			
	55	60	65
gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc			355
Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr			
	70	75	80
			85
tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca			403
Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala			
	90	95	100
ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg			451
Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu			
	105	110	115
atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc			499
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly			
	120	125	130
cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct			547
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro			
	135	140	145
tgc ctc atc gca gtc gac cag gac cca acc gga acc gca cag gct ctg			595
Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly Thr Ala Gln Ala Leu			

150	155	160	165	
acc ctg tcc tac gca gca gca atc ggt ggc gca cgc gca ggc gtt atc				643
Thr Leu Ser Tyr Ala Ala Ala Ile Gly Gly Ala Arg Ala Gly Val Ile				
	170	175	180	
cca acc acc ttc gaa gct gag acc gtc acc gac ctc ttc ggc gag cag				691
Pro Thr Thr Phe Glu Ala Glu Thr Val Thr Asp Leu Phe Gly Glu Gln				
	185	190	195	
gct gtt ctc tgc ggt ggc acc gag gaa ctg gtc aag gtt ggc ttc gag				739
Ala Val Leu Cys Gly Gly Thr Glu Glu Leu Val Lys Val Gly Phe Glu				
	200	205	210	
gtt ctc acc gaa gct ggc tac gag cca gag atg gca tac ttc gag gtt				787
Val Leu Thr Glu Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Ala Tyr Phe Glu Val				
	215	220	225	
ctt cac gag ctc aag ctc atc gtt gac ctc atg ttc gaa ggt ggc atc				835
Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met Phe Glu Gly Gly Ile				
	230	235	240	245
agc aac atg aac tac tct gtt tct gac acc gct gag ttc ggt ggc tac				883
Ser Asn Met Asn Tyr Ser Val Ser Asp Thr Ala Glu Phe Gly Gly Tyr				
	250	255	260	
ctc tcc ggc cca cgc gtc atc gat gca gac acc aag tcc cgc atg aag				931
Leu Ser Gly Pro Arg Val Ile Asp Ala Asp Thr Lys Ser Arg Met Lys				
	265	270	275	
gac atc ctg acc gat atc cag gac ggc acc ttc acc aag cgc ctc atc				979
Asp Ile Leu Thr Asp Ile Gln Asp Gly Thr Phe Thr Lys Arg Leu Ile				
	280	285	290	
gca aac gtt gag aac ggc aac acc gag ctt gag ggc ctt cgt gct tcc				1027
Ala Asn Val Glu Asn Gly Asn Thr Glu Leu Glu Gly Leu Arg Ala Ser				
	295	300	305	
tac aac aac cac cca atc gag gag acc ggc gct aag ctc cgc gac ctc				1075
Tyr Asn Asn His Pro Ile Glu Glu Thr Gly Ala Lys Leu Arg Asp Leu				

310 315 320 325

atg agc tgg gtc aag gtt gac gct cgc gca gaa acc gct taagtgttccac 1124
Met Ser Trp Val Lys Val Asp Ala Arg Ala Glu Thr Ala

ccctttgacg gct 1137

<210> 622
<211> 338
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 622
Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile
1 5 10 15

Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala
20 25 30

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

Arg Glu Gly Ser Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
50 55 60

Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
65 70 75 80

Leu Ala Pro Asp Thr Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu
85 90 95

Pro Asn Leu Asn Ala Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn
100 105 110

Ile His Phe Asp Leu Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met
115 120 125

Val Ala Pro Lys Gly Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp
130 135 140

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile Ala Val Asp Gln Asp Pro Thr Gly

145 150 155 160

Thr Ala Gln Ala Leu Thr Leu Ser Tyr Ala Ala Ala Ile Gly Gly Ala
165 170 175

Arg Ala Gly Val Ile Pro Thr Thr Phe Glu Ala Glu Thr Val Thr Asp
180 185 190

Leu Phe Gly Glu Gln Ala Val Leu Cys Gly Gly Thr Glu Glu Leu Val
195 200 205

Lys Val Gly Phe Glu Val Leu Thr Glu Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met
210 215 220

Ala Tyr Phe Glu Val Leu His Glu Leu Lys Leu Ile Val Asp Leu Met
225 230 235 240

Phe Glu Gly Gly Ile Ser Asn Met Asn Tyr Ser Val Ser Asp Thr Ala
245 250 255

Glu Phe Gly Gly Tyr Leu Ser Gly Pro Arg Val Ile Asp Ala Asp Thr
260 265 270

Lys Ser Arg Met Lys Asp Ile Leu Thr Asp Ile Gln Asp Gly Thr Phe
275 280 285

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

Gly Leu Arg Ala Ser Tyr Asn Asn His Pro Ile Glu Glu Thr Gly Ala
305 310 315 320

Lys Leu Arg Asp Leu Met Ser Trp Val Lys Val Asp Ala Arg Ala Glu
325 330 335

Thr Ala

<210> 623

<211> 556

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(556)

<223> FRXA01145

<400> 623

taatgtagtt gtctgcccac gcgagttaaa ctcccacgat ttacagtggg gggcagacat 60

cttttcacca aaattttttac gaaaggcgag atttttctccc atg gct att gaa ctg 115

Met Ala Ile Glu Leu

1

5

ctt tat gat gct gac gct gac ctc tcc ttg atc cag ggc cgt aag gtt 163

Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile Gln Gly Arg Lys Val

10

15

20

gcc atc gtt ggc tac ggc tcc cag ggc cac gca cac tcc cag aac ctg 211

Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala His Ser Gln Asn Leu

25

30

35

cgc gat tct ggc gtt gag gtt gtc att ggt ctg cgc gag ggc tcc aag 259

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

40

45

50

tcc gca gag aag gca aag gaa gca ggc ttc gag gtc aag acc acc gct 307

Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu Val Lys Thr Thr Ala

55

60

65

gag gct gca gct tgg gct gac gtc atc atg ctc ctg gct cca gac acc 355

Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu Leu Ala Pro Asp Thr

70

75

80

85

tcc cag gca gaa atc ttc acc aac gac atc gag cca aac ctg aac gca 403

Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu Pro Asn Leu Asn Ala

90

95

100

ggc gac gca ctg ctg ttc ggc cac ggc ctg aac att cac ttc gac ctg 451

Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn Ile His Phe Asp Leu

105

110

115

atc aag cca gct gac gac atc atc gtt ggc atg gtt gcg cca aag ggc 499
Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met Val Ala Pro Lys Gly

120 125 130

cca ggc cac ttg gtt cgc cgt cag ttc gtt gat ggc aag ggt gtt cct 547
Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp Gly Lys Gly Val Pro

135 140 145

tgc ctc atc 556
Cys Leu Ile

150

<210> 624

<211> 152

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 624

Met Ala Ile Glu Leu Leu Tyr Asp Ala Asp Ala Asp Leu Ser Leu Ile
1 5 10 15

Gln Gly Arg Lys Val Ala Ile Val Gly Tyr Gly Ser Gln Gly His Ala
20 25 30

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

Arg Glu Gly Ser Lys Ser Ala Glu Lys Ala Lys Glu Ala Gly Phe Glu
50 55 60

Val Lys Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ala Trp Ala Asp Val Ile Met Leu
65 70 75 80

Leu Ala Pro Asp Thr Ser Gln Ala Glu Ile Phe Thr Asn Asp Ile Glu
85 90 95

Pro Asn Leu Asn Ala Gly Asp Ala Leu Leu Phe Gly His Gly Leu Asn
100 105 110

Ile His Phe Asp Leu Ile Lys Pro Ala Asp Asp Ile Ile Val Gly Met

115 120 125

Val Ala Pro Lys Gly Pro Gly His Leu Val Arg Arg Gln Phe Val Asp
130 135 140

Gly Lys Gly Val Pro Cys Leu Ile
145 150

<210> 625
<211> 1389
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1366)
<223> RXA02239

<400> 625
ctatgcacag cggagggtcga gggagagcgt ggggtggcgt cgaaaagcat cttgtagagt 60

gtgtgggaac ccagccagcc tcttactttg aaggattgtt gtg ccc atg act cat 115
Val Pro Met Thr His
1 5

gtt tca agc ccc tcc gca ccc cgc aac gtg gtt gtt ggt gtt gcc ggc 163
Val Ser Ser Pro Ser Ala Pro Arg Asn Val Val Val Gly Val Ala Gly
10 15 20

gga atc gca gcg tac aag gcg tgt cac atc gtg cgc gcg ttt aaa gaa 211
Gly Ile Ala Ala Tyr Lys Ala Cys His Ile Val Arg Ala Phe Lys Glu
25 30 35

gcg ggc gat aat gtg cgg gtg gtt cct acg gaa tcc gcg ttg aag ttt 259
Ala Gly Asp Asn Val Arg Val Val Pro Thr Glu Ser Ala Leu Lys Phe
40 45 50

gtg ggg aag gcg acg ttt gaa gcg ttg tct ggc aat ccg gtg tct aca 307
Val Gly Lys Ala Thr Phe Glu Ala Leu Ser Gly Asn Pro Val Ser Thr
55 60 65

acg gtg ttt gat gcg gtg gat tcg gtg cag cat gtg aaa gtt ggc cag	355
Thr Val Phe Asp Ala Val Asp Ser Val Gln His Val Lys Val Gly Gln	
70 75 80 85	
gaa gct gat ttg atc gtg att gcg ccg gcg aca gcc gat ttg atg gcg	403
Glu Ala Asp Leu Ile Val Ile Ala Pro Ala Thr Ala Asp Leu Met Ala	
90 95 100	
cgt gtg gtg gca ggt ctc ggt gac gat ctg ttg gcg gcg acg ctg ctg	451
Arg Val Val Ala Gly Leu Gly Asp Asp Leu Leu Ala Ala Thr Leu Leu	
105 110 115	
gtg gca acg tgc ccc gtg gtt att gcg ccg gcc atg cat acg gag atg	499
Val Ala Thr Cys Pro Val Val Ile Ala Pro Ala Met His Thr Glu Met	
120 125 130	
tgg ttt aat ccg gct acc gta gcc aat gtg gca acg ctg agg cag cgg	547
Trp Phe Asn Pro Ala Thr Val Ala Asn Val Ala Thr Leu Arg Gln Arg	
135 140 145	
ggg att acc gtg att gag cct gcg cat ggt cga ctc acc ggt aaa gat	595
Gly Ile Thr Val Ile Glu Pro Ala His Gly Arg Leu Thr Gly Lys Asp	
150 155 160 165	
aca gcc cct gcc cgg ctg ccg gat cca gag cag att gtt gat tta gcc	643
Thr Gly Pro Gly Arg Leu Pro Asp Pro Glu Gln Ile Val Asp Leu Ala	
170 175 180	
aat gcg gtg cac gcc ggg gcg agg ttg cct cag gat ttg gcg ggc aag	691
Asn Ala Val His Ala Gly Ala Arg Leu Pro Gln Asp Leu Ala Gly Lys	
185 190 195	
aaa gtg ctg atc act gct ggt gcc acg cat gag cat att gat cct gtg	739
Lys Val Leu Ile Thr Ala Gly Gly Thr His Glu His Ile Asp Pro Val	
200 205 210	
cgc ttt att ggc aat agt tcc tcg gcc cgt caa ggt ttt gcg ttg ggt	787
Arg Phe Ile Gly Asn Ser Ser Ser Gly Arg Gln Gly Phe Ala Leu Gly	
215 220 225	
gaa atc gca gca cag cga ggt gct cat gtc agc atc gtg gcg gga aat	835

Glu Ile Ala Ala Gln Arg Gly Ala His Val Ser Ile Val Ala Gly Asn														
230		235		240		245								
gct gcg gag ctg ccc act ccg gca ggc gca gag atc gtg ccg gtg gtg 883														
Ala Ala Glu Leu Pro Thr Pro Ala Gly Ala Glu Ile Val Pro Val Val														
		250		255		260								
tcc aca caa gac atg ttt gat gca gtc cag gaa cga gct ggc caa tct 931														
Ser Thr Gln Asp Met Phe Asp Ala Val Gln Glu Arg Ala Gly Gln Ser														
		265		270		275								
gat ttc atc gtc atg gcg gca gcg gta gct gat ttc acg ccc gca tcg 979														
Asp Phe Ile Val Met Ala Ala Ala Val Ala Asp Phe Thr Pro Ala Ser														
		280		285		290								
cag gcg aca tcg aag ttg aag aag ggc tca gat tct gat gaa gac gca 1027														
Gln Ala Thr Ser Lys Leu Lys Lys Gly Ser Asp Ser Asp Glu Asp Ala														
		295		300		305								
ttg agc acc atc tcg ttg gtg gaa aac ccg gat att ttg gct acc acg 1075														
Leu Ser Thr Ile Ser Leu Val Glu Asn Pro Asp Ile Leu Ala Thr Thr														
310		315		320		325								
gtg aag cgt cgt gaa gca gga gag ctg gac agt aat cct gtc atc gtg 1123														
Val Lys Arg Arg Glu Ala Gly Glu Leu Asp Ser Asn Pro Val Ile Val														
		330		335		340								
ggc ttt gct gcg gaa act gga gac gag cac acc acc gcc ttg gag tat 1171														
Gly Phe Ala Ala Glu Thr Gly Asp Glu His Thr Thr Ala Leu Glu Tyr														
		345		350		355								
gcg cgc aag aaa ctg cag aag aag ggc tgc gac ctc ctc atg tgt aat 1219														
Ala Arg Lys Lys Leu Gln Lys Lys Gly Cys Asp Leu Leu Met Cys Asn														
		360		365		370								
gag gtg ggc atg ggc aaa gtg ttt ggg caa aag cac aat gag ggc tgg 1267														
Glu Val Gly Met Gly Lys Val Phe Gly Gln Lys His Asn Glu Gly Trp														
		375		380		385								
att ttg gat gct cac ggt ggg gta gtc gat gtg gag cac ggc agc aaa 1315														

Ile Leu Asp Ala His Gly Gly Val Val Asp Val Glu His Gly Ser Lys

390 395 400 405

atc gag gtt gct gcg caa att tgg gac gcg gca ctg gcg tat cgc gaa 1363
Ile Glu Val Ala Ala Gln Ile Trp Asp Ala Ala Leu Ala Tyr Arg Glu

410 415 420

gtc tagaaaaatc cagctagacc act 1389
Val

<210> 626

<211> 422

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 626

Val Pro Met Thr His Val Ser Ser Pro Ser Ala Pro Arg Asn Val Val
1 5 10 15

Val Gly Val Ala Gly Gly Ile Ala Ala Tyr Lys Ala Cys His Ile Val
20 25 30

Arg Ala Phe Lys Glu Ala Gly Asp Asn Val Arg Val Val Pro Thr Glu
35 40 45

Ser Ala Leu Lys Phe Val Gly Lys Ala Thr Phe Glu Ala Leu Ser Gly
50 55 60

Asn Pro Val Ser Thr Thr Val Phe Asp Ala Val Asp Ser Val Gln His
65 70 75 80

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

Ala Asp Leu Met Ala Arg Val Val Ala Gly Leu Gly Asp Asp Leu Leu
100 105 110

Ala Ala Thr Leu Leu Val Ala Thr Cys Pro Val Val Ile Ala Pro Ala
115 120 125

Met His Thr Glu Met Trp Phe Asn Pro Ala Thr Val Ala Asn Val Ala

130

135

140

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

Leu Thr Gly Lys Asp Thr Gly Pro Gly Arg Leu Pro Asp Pro Glu Gln
165 170 175

Ile Val Asp Leu Ala Asn Ala Val His Ala Gly Ala Arg Leu Pro Gln
180 185 190

Asp Leu Ala Gly Lys Lys Val Leu Ile Thr Ala Gly Gly Thr His Glu
195 200 205

His Ile Asp Pro Val Arg Phe Ile Gly Asn Ser Ser Ser Gly Arg Gln
210 215 220

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

Ile Val Ala Gly Asn Ala Ala Glu Leu Pro Thr Pro Ala Gly Ala Glu
245 250 255

Ile Val Pro Val Val Ser Thr Gln Asp Met Phe Asp Ala Val Gln Glu
260 265 270

Arg Ala Gly Gln Ser Asp Phe Ile Val Met Ala Ala Ala Val Ala Asp
275 280 285

Phe Thr Pro Ala Ser Gln Ala Thr Ser Lys Leu Lys Lys Gly Ser Asp
290 295 300

Ser Asp Glu Asp Ala Leu Ser Thr Ile Ser Leu Val Glu Asn Pro Asp
305 310 315 320

Ile Leu Ala Thr Thr Val Lys Arg Arg Glu Ala Gly Glu Leu Asp Ser
325 330 335

Asn Pro Val Ile Val Gly Phe Ala Ala Glu Thr Gly Asp Glu His Thr
340 345 350

Thr Ala Leu Glu Tyr Ala Arg Lys Lys Leu Gln Lys Lys Gly Cys Asp

355 360 365

Leu Leu Met Cys Asn Glu Val Gly Met Gly Lys Val Phe Gly Gln Lys
370 375 380

His Asn Glu Gly Trp Ile Leu Asp Ala His Gly Gly Val Val Asp Val
385 390 395 400

Glu His Gly Ser Lys Ile Glu Val Ala Ala Gln Ile Trp Asp Ala Ala
405 410 415

Leu Ala Tyr Arg Glu Val
420

<210> 627
<211> 1092
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1069)
<223> RXA00581

<400> 627
gcatgagttt actcacgtgc ccacgtcttt tagccacca ttgaagtga aaaataaccc 60

cgatcacact agtggagtag ctaaggtgca caatggattc atg gca gag caa aac 115
Met Ala Glu Gln Asn
1 5

gct gca agc aca act ggt gtg aaa cct tcc cca cgc aca cca gat ttc 163
Ala Ala Ser Thr Thr Gly Val Lys Pro Ser Pro Arg Thr Pro Asp Phe
10 15 20

agc ccc tac ctt gat ttc gac cgc gca caa tgg cgc gag ctg aga aac 211
Ser Pro Tyr Leu Asp Phe Asp Arg Ala Gln Trp Arg Glu Leu Arg Asn
25 30 35

tca atg cct cag gtg ctg acc caa aaa gaa gtc att gaa ctt cga ggc 259
Ser Met Pro Gln Val Leu Thr Gln Lys Glu Val Ile Glu Leu Arg Gly

40	45	50	
atc gga gaa aac att gac ctc gct gaa gtg gca gaa gtc tac ctt ccg			307
Ile Gly Glu Asn Ile Asp Leu Ala Glu Val Ala Glu Val Tyr Leu Pro			
55	60	65	
ctg tcc cgt ctg att cac ctc cag gta gcg gcc cga cag caa ctt act			355
Leu Ser Arg Leu Ile His Leu Gln Val Ala Ala Arg Gln Gln Leu Thr			
70	75	80	85
gca gcc acc gaa acc ttc ctc gga act tcc ccc tct atc tct gtg ccg			403
Ala Ala Thr Glu Thr Phe Leu Gly Thr Ser Pro Ser Ile Ser Val Pro			
90	95	100	
ttt gtc att ggt gtc gcg gga tcc gtc gcc gtc ggt aaa tca acc acc			451
Phe Val Ile Gly Val Ala Gly Ser Val Ala Val Gly Lys Ser Thr Thr			
105	110	115	
gcc cga ctc ctc caa gtt ctg ctt cag cgc tgg aat tcc cac ccc cgc			499
Ala Arg Leu Leu Gln Val Leu Leu Gln Arg Trp Asn Ser His Pro Arg			
120	125	130	
gtg gac ctc gtc acc acc gac gga ttc ctc tat ccc ggc gcg gaa cta			547
Val Asp Leu Val Thr Thr Asp Gly Phe Leu Tyr Pro Gly Ala Glu Leu			
135	140	145	
atc cgc cgc gga tta atg tcc cga aaa gga ttc ccc gaa agc tac gac			595
Ile Arg Arg Gly Leu Met Ser Arg Lys Gly Phe Pro Glu Ser Tyr Asp			
150	155	160	165
caa cgt gca ctc ctc cgc ttt gtc acc gac gta aaa tcc gga aaa ctc			643
Gln Arg Ala Leu Leu Arg Phe Val Thr Asp Val Lys Ser Gly Lys Leu			
170	175	180	
gaa gtc aac gca cct gtc tac tcc cac acc gcg tac gac cga gtt cca			691
Glu Val Asn Ala Pro Val Tyr Ser His Thr Ala Tyr Asp Arg Val Pro			
185	190	195	
ggc gaa ttc acc aca gtc cgc caa ccc gac att ttg atc gtc gaa ggc			739
Gly Glu Phe Thr Thr Val Arg Gln Pro Asp Ile Leu Ile Val Glu Gly			

200	205	210	
tta aac gtc ctc caa act ggc cca aca ttg atg gtc agt gac ctt ttc			787
Leu Asn Val Leu Gln Thr Gly Pro Thr Leu Met Val Ser Asp Leu Phe			
215	220	225	
gac ttc agc gtc tac gta gat gcc cgc acc gaa gat atc gaa aaa tgg			835
Asp Phe Ser Val Tyr Val Asp Ala Arg Thr Glu Asp Ile Glu Lys Trp			
230	235	240	245
tac atc gac cgc ttc ctc aaa ctc cgc gac act gca ttc cgt cgc ccc			883
Tyr Ile Asp Arg Phe Leu Lys Leu Arg Asp Thr Ala Phe Arg Arg Pro			
250	255	260	
ggt gcc cac ttc tcc cat tac gcc gac atg gct gat cca gag tcc atc			931
Gly Ala His Phe Ser His Tyr Ala Asp Met Ala Asp Pro Glu Ser Ile			
265	270	275	
gcc gtc gct cga gaa ctg tgg caa tcg atc aac ctg ccc aac ttg gtg			979
Ala Val Ala Arg Glu Leu Trp Gln Ser Ile Asn Leu Pro Asn Leu Val			
280	285	290	
gag aat att ctt ccc acc cga gtt cgc gcg tcg ttg gta ctg aaa aaa			1027
Glu Asn Ile Leu Pro Thr Arg Val Arg Ala Ser Leu Val Leu Lys Lys			
295	300	305	
ggt agc gat cac ttg gtg gaa cgg gtg agg atg cgc aag atc			1069
Gly Ser Asp His Leu Val Glu Arg Val Arg Met Arg Lys Ile			
310	315	320	
taggggttct tgctggtttt gag			1092

<210> 628
 <211> 323
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 628
 Met Ala Glu Gln Asn Ala Ala Ser Thr Thr Gly Val Lys Pro Ser Pro
 1 5 10 15

Arg Thr Pro Asp Phe Ser Pro Tyr Leu Asp Phe Asp Arg Ala Gln Trp
20 25 30

Arg Glu Leu Arg Asn Ser Met Pro Gln Val Leu Thr Gln Lys Glu Val
35 40 45

Ile Glu Leu Arg Gly Ile Gly Glu Asn Ile Asp Leu Ala Glu Val Ala
50 55 60

Glu Val Tyr Leu Pro Leu Ser Arg Leu Ile His Leu Gln Val Ala Ala
65 70 75 80

Arg Gln Gln Leu Thr Ala Ala Thr Glu Thr Phe Leu Gly Thr Ser Pro
85 90 95

Ser Ile Ser Val Pro Phe Val Ile Gly Val Ala Gly Ser Val Ala Val
100 105 110

Gly Lys Ser Thr Thr Ala Arg Leu Leu Gln Val Leu Leu Gln Arg Trp
115 120 125

Asn Ser His Pro Arg Val Asp Leu Val Thr Thr Asp Gly Phe Leu Tyr
130 135 140

Pro Gly Ala Glu Leu Ile Arg Arg Gly Leu Met Ser Arg Lys Gly Phe
145 150 155 160

Pro Glu Ser Tyr Asp Gln Arg Ala Leu Leu Arg Phe Val Thr Asp Val
165 170 175

Lys Ser Gly Lys Leu Glu Val Asn Ala Pro Val Tyr Ser His Thr Ala
180 185 190

Tyr Asp Arg Val Pro Gly Glu Phe Thr Thr Val Arg Gln Pro Asp Ile
195 200 205

Leu Ile Val Glu Gly Leu Asn Val Leu Gln Thr Gly Pro Thr Leu Met
210 215 220

Val Ser Asp Leu Phe Asp Phe Ser Val Tyr Val Asp Ala Arg Thr Glu

225 230 235 240

Asp Ile Glu Lys Trp Tyr Ile Asp Arg Phe Leu Lys Leu Arg Asp Thr
245 250 255

Ala Phe Arg Arg Pro Gly Ala His Phe Ser His Tyr Ala Asp Met Ala
260 265 270

Asp Pro Glu Ser Ile Ala Val Ala Arg Glu Leu Trp Gln Ser Ile Asn
275 280 285

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

Leu Val Leu Lys Lys Gly Ser Asp His Leu Val Glu Arg Val Arg Met
305 310 315 320

Arg Lys Ile

<210> 629

<211> 1023

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101) .. (1000)

<223> RXS00838

<400> 629

tcgtctaata gtgctgccaa tccaccggcc attgatgact cctttgtaga gaaggggtag 60

tgcttacaaa tcttatctgt gctcaggcaa gatagcaggt atg aaa att gcg atc 115
Met Lys Ile Ala Ile

1 5

gtt ggc gct ggt gca gtt ggt gga tat ttc gga gcg ttg tta caa gaa 163
Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Gln Glu

10 15 20

tct ggt gca gat atc acg atg gtt gca cgt gga cga aca tta gaa gcc 211

Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly Arg Thr Leu Glu Ala
25 30 35

ttg aag tct aaa gga ctc cac atc aac gat gca aga ggc gaa cgc tac 259
Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala Arg Gly Glu Arg Tyr

40 45 50

gta cca att cct gca gtt gcg agc gtg caa gaa cta aaa gat gca gat 307
Val Pro Ile Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu Leu Lys Asp Ala Asp

55 60 65

gta gtg atg att gct act aaa gca tta tcg cgg tct tta gat ctc gct 355
Val Val Met Ile Ala Thr Lys Ala Leu Ser Arg Ser Leu Asp Leu Ala

70 75 80 85

gaa ctt ttg ggt ggg ata cct gcg aat tcg gtg gtc gcg att act cag 403
Glu Leu Leu Gly Gly Ile Pro Ala Asn Ser Val Val Ala Ile Thr Gln

90 95 100

aat tcg att gaa tct gct gat cta gca gcg aag agt atc ggt gct gat 451
Asn Ser Ile Glu Ser Ala Asp Leu Ala Ala Lys Ser Ile Gly Ala Asp

105 110 115

cgt gtg tgg cct ggt gtg gtt cgt ggg ttc ttt gtt cat gag ggg cca 499
Arg Val Trp Pro Gly Val Val Arg Gly Phe Phe Val His Glu Gly Pro

120 125 130

gcc tca gtg tca tac aag gga ggc cca ctg tcc tac acg ttt ggt gat 547
Ala Ser Val Ser Tyr Lys Gly Gly Pro Leu Ser Tyr Thr Phe Gly Asp

135 140 145

tct ggt gaa ctt tct agg caa ttc gca agc act ctt gaa cag gcc ggt 595
Ser Gly Glu Leu Ser Arg Gln Phe Ala Ser Thr Leu Glu Gln Ala Gly

150 155 160 165

att gac gga gtt ctg cat ccc gat att ttg gtg gat gtg tgg gag aaa 643
Ile Asp Gly Val Leu His Pro Asp Ile Leu Val Asp Val Trp Glu Lys

170 175 180

gcc atg ttc gta gag gtt ttc ggc ggg ttg ggg gct ttc gtc gaa aag 691

Ala Met Phe Val Glu Val Phe Gly Gly Leu Gly Ala Phe Val Glu Lys

185 190 195

caa tta ggt acc ttg cgt acg cat ttt agg gct tcc ctg gaa gcc ttg 739
Gln Leu Gly Thr Leu Arg Thr His Phe Arg Ala Ser Leu Glu Ala Leu

200 205 210

atg gaa gag gtg gct gag gtg gct cgc gcg gca ggt gtt gcg ttg ccg 787
Met Glu Glu Val Ala Glu Val Ala Arg Ala Ala Gly Val Ala Leu Pro

215 220 225

agc gat gcg gtg gag cgc acc atg aat ttt gcg gat cgg atg cct gag 835
Ser Asp Ala Val Glu Arg Thr Met Asn Phe Ala Asp Arg Met Pro Glu

230 235 240 245

aat tcg acg agt tcg atg cag cgt gat ttg gcc gcg gga gtg gct agt 883
Asn Ser Thr Ser Ser Met Gln Arg Asp Leu Ala Ala Gly Val Ala Ser

250 255 260

gag ctt gag gct cag aca ggt gca att gtg cgg gca gcg cac aaa gtg 931
Glu Leu Glu Ala Gln Thr Gly Ala Ile Val Arg Ala Ala His Lys Val

265 270 275

ggt gtg aaa act ccg ctt cat gac ctt att tat gct ggt ctt aag ctg 979
Gly Val Lys Thr Pro Leu His Asp Leu Ile Tyr Ala Gly Leu Lys Leu

280 285 290

aaa gaa gag gaa aat tca ctt tagggataga atcaagatcc atg 1023
Lys Glu Glu Glu Asn Ser Leu

295 300

<210> 630

<211> 300

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 630

Met Lys Ile Ala Ile Val Gly Ala Gly Ala Val Gly Gly Tyr Phe Gly
1 5 10 15

Ala Leu Leu Gln Glu Ser Gly Ala Asp Ile Thr Met Val Ala Arg Gly

20 25 30

Arg Thr Leu Glu Ala Leu Lys Ser Lys Gly Leu His Ile Asn Asp Ala
35 40 45

Arg Gly Glu Arg Tyr Val Pro Ile Pro Ala Val Ala Ser Val Gln Glu
50 55 60

Leu Lys Asp Ala Asp Val Val Met Ile Ala Thr Lys Ala Leu Ser Arg
65 70 75 80

Ser Leu Asp Leu Ala Glu Leu Leu Gly Gly Ile Pro Ala Asn Ser Val
85 90 95

Val Ala Ile Thr Gln Asn Ser Ile Glu Ser Ala Asp Leu Ala Ala Lys
100 105 110

Ser Ile Gly Ala Asp Arg Val Trp Pro Gly Val Val Arg Gly Phe Phe
115 120 125

Val His Glu Gly Pro Ala Ser Val Ser Tyr Lys Gly Gly Pro Leu Ser
130 135 140

Tyr Thr Phe Gly Asp Ser Gly Glu Leu Ser Arg Gln Phe Ala Ser Thr
145 150 155 160

Leu Glu Gln Ala Gly Ile Asp Gly Val Leu His Pro Asp Ile Leu Val
165 170 175

Asp Val Trp Glu Lys Ala Met Phe Val Glu Val Phe Gly Gly Leu Gly
180 185 190

Ala Phe Val Glu Lys Gln Leu Gly Thr Leu Arg Thr His Phe Arg Ala
195 200 205

Ser Leu Glu Ala Leu Met Glu Glu Val Ala Glu Val Ala Arg Ala Ala
210 215 220

Gly Val Ala Leu Pro Ser Asp Ala Val Glu Arg Thr Met Asn Phe Ala
225 230 235 240

Asp Arg Met Pro Glu Asn Ser Thr Ser Ser Met Gln Arg Asp Leu Ala

245 250 255

Ala Gly Val Ala Ser Glu Leu Glu Ala Gln Thr Gly Ala Ile Val Arg
260 265 270

Ala Ala His Lys Val Gly Val Lys Thr Pro Leu His Asp Leu Ile Tyr
275 280 285

Ala Gly Leu Lys Leu Lys Glu Glu Glu Asn Ser Leu
290 295 300

<210> 631
<211> 408
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(385)
<223> RXC02238

<400> 631
ggcgcttagc caaaacatag agcggtaggg tatgcttate cgattgagca acctttcccg 60

ctcttaacac tactgtccat atacttttga aaaggtgtca gtg acc aac gtg agc 115
Val Thr Asn Val Ser
1 5

aac gag acc aac gcc acc aag gcc gtc ttc gat ccg cca gtg ggc att 163
Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp Pro Pro Val Gly Ile
10 15 20

acc gct cct ccg atc gat gaa ctg ctg gat aag gtc act tcc aag tac 211
Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys Val Thr Ser Lys Tyr
25 30 35

gcc ctc gtg atc ttc gca gcc aag cgt gcg cgc cag atc aac agc ttc 259
Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg Gln Ile Asn Ser Phe
40 45 50

tac cat cag gca gat gag gga gta ttc gag ttc atc gga cca ttg gtt 307
Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe Ile Gly Pro Leu Val

55	60	65	
act ccg cag cca ggc gaa aag cca ctt tct att gct ctg cgt gag atc 355			
Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile Ala Leu Arg Glu Ile			
70	75	80	85
aat gca ggt ctg ttg gac cac gag gaa ggt taaaagacct tataacttca 405			
Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly			
	90	95	
cac 408			

<210> 632
<211> 95
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 632
Val Thr Asn Val Ser Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp
1 5 10 15

Pro Pro Val Gly Ile Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys
20 25 30

Val Thr Ser Lys Tyr Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg
35 40 45

Gln Ile Asn Ser Phe Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe
50 55 60

Ile Gly Pro Leu Val Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile
65 70 75 80

Ala Leu Arg Glu Ile Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly
85 90 95

<210> 633
<211> 606
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(583)

<223> RXN03058

<400> 633

acgagcttcc gctctgcaca agccgctaga agccccgcat agccctaattg tagagctcat 60

gcccatttgg aatcacaaca ccgcatatcg gccatggctg gtg tca aag ctc aaa 115
Val Ser Lys Leu Lys

1 5

ggc tca aga tcg ctt ctc gac gtc ggc tcc ggc gat cac tcc ttc gcc 163
Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly Asp His Ser Phe Ala

10 15 20

gac ctg gcc ggc cgc cag gtc gcg cat gtc gat gtc gtg gat cct ctt 211
Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp Val Val Asp Pro Leu

25 30 35

att aat aca acc ttt gaa gaa ttc cag ccg acc caa agc tac gat gcc 259
Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Phe Gln Pro Thr Gln Ser Tyr Asp Ala

40 45 50

atc acg ttc atc gcg tcc ctc cat cac atg aac gcg gaa gaa gga ctt 307
Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn Ala Glu Glu Gly Leu

55 60 65

aac aaa gca gtc cga atc ctc aat cct ggc ggc aag ctc ctc atc gta 355
Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly Lys Leu Leu Ile Val

70 75 80 85

ggc ctc gcc aaa aac aaa acc gcc tcc gac tgg atc atc tcc gga cta 403
Gly Leu Ala Lys Asn Lys Thr Ala Ser Asp Trp Ile Ile Ser Gly Leu

90 95 100

caa gct ttt ctc tcc cga cca atc agc ctc atc aat agg gaa caa caa 451
Gln Ala Phe Leu Ser Arg Pro Ile Ser Leu Ile Asn Arg Glu Gln Gln

105 110 115

atc tac ccc ttc cct acc aaa gaa ccc tca gag agt ctc cac gaa ata 499
Ile Tyr Pro Phe Pro Thr Lys Glu Pro Ser Glu Ser Leu His Glu Ile

120 125 130

cga caa ctc acc aag cag ctc ctc cct cac cgc cgt att cgc cgt gga 547
Arg Gln Leu Thr Lys Gln Leu Leu Pro His Arg Arg Ile Arg Arg Gly

135 140 145

atc cac ttc cga tac ctc ctc gag tgg aca aag cct taaacagccc 593
Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys Pro

150 155 160

tataaaccaa aaa 606

<210> 634

<211> 161

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 634

Val Ser Lys Leu Lys Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly
1 5 10 15

Asp His Ser Phe Ala Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp
20 25 30

Val Val Asp Pro Leu Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Phe Gln Pro Thr
35 40 45

Gln Ser Tyr Asp Ala Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn
50 55 60

Ala Glu Glu Gly Leu Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly
65 70 75 80

Lys Leu Leu Ile Val Gly Leu Ala Lys Asn Lys Thr Ala Ser Asp Trp
85 90 95

Ile Ile Ser Gly Leu Gln Ala Phe Leu Ser Arg Pro Ile Ser Leu Ile
100 105 110

Asn Arg Glu Gln Gln Ile Tyr Pro Phe Pro Thr Lys Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Ser Leu His Glu Ile Arg Gln Leu Thr Lys Gln Leu Leu Pro His Arg
130 135 140

Arg Ile Arg Arg Gly Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys
145 150 155 160

Pro

<210> 635
<211> 606
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(583)
<223> FRXA02903

<400> 635
acgagcttcc gctctgcaca agccgctaga agccccgcat agccctaag tagagctcat 60

gcccatttgg aatcacaaca ccgcatatcg gccatggctg gtg tca aag ctc aaa 115
Val Ser Lys Leu Lys

1 5

ggc tca aga tcg ctt ctc gac gtc ggc tcc ggc gat cac tcc ttc gcc 163
Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly Asp His Ser Phe Ala

10 15 20

gac ctg gcc ggc cgc cag gtc gcg cat gtc gat gtc gtg gat cct ctt 211
Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp Val Val Asp Pro Leu

25 30 35

att aat aca acc ttt gaa gaa ttc cag ccg acc caa agc tac gat gcc 259
Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Phe Gln Pro Thr Gln Ser Tyr Asp Ala

40 45 50

atc acg ttc atc gcg tcc ctc cat cac atg aac gcg gaa gaa gga ctt 307
Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn Ala Glu Glu Gly Leu

55 60 65

aac aaa gca gtc cga atc ctc aat cct ggc ggc aag ctc ctc atc gta 355
Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly Lys Leu Leu Ile Val

70 75 80 85

ggc ctc gcc aaa aac aaa acc gcc tcc gac tgg atc atc tcc gga cta 403
Gly Leu Ala Lys Asn Lys Thr Ala Ser Asp Trp Ile Ile Ser Gly Leu

90 95 100

caa gct ttt ctc tcc cga cca atc agc ctc atc aat agg gaa caa caa 451
Gln Ala Phe Leu Ser Arg Pro Ile Ser Leu Ile Asn Arg Glu Gln Gln

105 110 115

atc tac ccc ttc cct acc aaa gaa ccc tca gag agt ctc cac gaa ata 499
Ile Tyr Pro Phe Pro Thr Lys Glu Pro Ser Glu Ser Leu His Glu Ile

120 125 130

cga caa ctc acc aag cag ctc ctc cct cac cgc cgt att cgc cgt gga 547
Arg Gln Leu Thr Lys Gln Leu Leu Pro His Arg Arg Ile Arg Arg Gly

135 140 145

atc cac ttc cga tac ctc ctc gag tgg aca aag cct taaacagccc 593
Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys Pro

150 155 160

tataaaccaa aaa 606

<210> 636

<211> 161

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 636

Val Ser Lys Leu Lys Gly Ser Arg Ser Leu Leu Asp Val Gly Ser Gly
1 5 10 15

Asp His Ser Phe Ala Asp Leu Ala Gly Arg Gln Val Ala His Val Asp
20 25 30

Val Val Asp Pro Leu Ile Asn Thr Thr Phe Glu Glu Phe Gln Pro Thr
35 40 45

Gln Ser Tyr Asp Ala Ile Thr Phe Ile Ala Ser Leu His His Met Asn
50 55 60

Ala Glu Glu Gly Leu Asn Lys Ala Val Arg Ile Leu Asn Pro Gly Gly
65 70 75 80

Lys Leu Leu Ile Val Gly Leu Ala Lys Asn Lys Thr Ala Ser Asp Trp
85 90 95

Ile Ile Ser Gly Leu Gln Ala Phe Leu Ser Arg Pro Ile Ser Leu Ile
100 105 110

Asn Arg Glu Gln Gln Ile Tyr Pro Phe Pro Thr Lys Glu Pro Ser Glu
115 120 125

Ser Leu His Glu Ile Arg Gln Leu Thr Lys Gln Leu Leu Pro His Arg
130 135 140

Arg Ile Arg Arg Gly Ile His Phe Arg Tyr Leu Leu Glu Trp Thr Lys
145 150 155 160

Pro

<210> 637
<211> 783
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(760)
<223> RXA00166

<400> 637
ggcgttttagc gatcttcaac atcgagcaac cagcgccagc gcttttaccc aaggcagcac 60

gacttatcac gatgtccgac ctggatatcc ggctgaggcc gtg gag tta gcc cgt 115
Val Glu Leu Ala Arg

1 5

ggg ttt ggc cga gtc ctg gat gtc ggt gca ggt acc gga aaa cta acc 163
Gly Phe Gly Arg Val Leu Asp Val Gly Ala Gly Thr Gly Lys Leu Thr

10	15	20	
agt gag cta aca gct gat cag gtc cta gcc ctt gat cca agc atg gac Ser Glu Leu Thr Ala Asp Gln Val Leu Ala Leu Asp Pro Ser Met Asp			211
25	30	35	
atg ttg cgg gtg ttt cgc tcc gcg ctt ccg gcg gtt ccc tgc tgg caa Met Leu Arg Val Phe Arg Ser Ala Leu Pro Ala Val Pro Cys Trp Gln			259
40	45	50	
gcg aca gca gaa cac aca gga ata cgt gac aac gcg gtt gat ctg att Ala Thr Ala Glu His Thr Gly Ile Arg Asp Asn Ala Val Asp Leu Ile			307
55	60	65	
acg tgc gca caa acg tgg cat tgg gtt gac gtg acg gct gcc tca gcg Thr Cys Ala Gln Thr Trp His Trp Val Asp Val Thr Ala Ala Ser Ala			355
70	75	80	85
gaa ttt gat cgg gtg att gca cct gag ggt gca gtc ctg ctc gtg tgg Glu Phe Asp Arg Val Ile Ala Pro Glu Gly Ala Val Leu Leu Val Trp			403
90	95	100	
aat aac ctg gac acc tcc atc gcg tgg gta cac cga ctc agt cgc att Asn Asn Leu Asp Thr Ser Ile Ala Trp Val His Arg Leu Ser Arg Ile			451
105	110	115	
atg cat gcc ggc gat gta ctc aag ccg gga ttc acc cca gaa acc gca Met His Ala Gly Asp Val Leu Lys Pro Gly Phe Thr Pro Glu Thr Ala			499
120	125	130	
gct ccc tgg ata att gat cga gaa att cgc acc acg tgg aat cag cac Ala Pro Trp Ile Ile Asp Arg Glu Ile Arg Thr Thr Trp Asn Gln His			547
135	140	145	
ctc acc cct gaa gaa atc atc cag ctc gct cac acg agg tcc tac tgg Leu Thr Pro Glu Glu Ile Ile Gln Leu Ala His Thr Arg Ser Tyr Trp			595
150	155	160	165
tta aac gcg tca gag aaa atc aaa gag cgt gtt gat cag aac ctt cag Leu Asn Ala Ser Glu Lys Ile Lys Glu Arg Val Asp Gln Asn Leu Gln			643

170 175 180

tgg tat ctc tac gag cat ttg ggt ttc agt ccc gac aat cca gtg gaa 691
Trp Tyr Leu Tyr Glu His Leu Gly Phe Ser Pro Asp Asn Pro Val Glu

185 190 195

ctt ccc tat cgc tgt gat gca ttt tta ctt tca cgt tcc ggt acc ctg 739
Leu Pro Tyr Arg Cys Asp Ala Phe Leu Leu Ser Arg Ser Gly Thr Leu

200 205 210

gca ggc aga tct tcc aat ctt taggagccct cgccatgtac ctg 783
Ala Gly Arg Ser Ser Asn Leu

215 220

<210> 638
<211> 220
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 638
Val Glu Leu Ala Arg Gly Phe Gly Arg Val Leu Asp Val Gly Ala Gly
1 5 10 15

Thr Gly Lys Leu Thr Ser Glu Leu Thr Ala Asp Gln Val Leu Ala Leu
20 25 30

Asp Pro Ser Met Asp Met Leu Arg Val Phe Arg Ser Ala Leu Pro Ala
35 40 45

Val Pro Cys Trp Gln Ala Thr Ala Glu His Thr Gly Ile Arg Asp Asn
50 55 60

Ala Val Asp Leu Ile Thr Cys Ala Gln Thr Trp His Trp Val Asp Val
65 70 75 80

Thr Ala Ala Ser Ala Glu Phe Asp Arg Val Ile Ala Pro Glu Gly Ala
85 90 95

Val Leu Leu Val Trp Asn Asn Leu Asp Thr Ser Ile Ala Trp Val His
100 105 110

Arg Leu Ser Arg Ile Met His Ala Gly Asp Val Leu Lys Pro Gly Phe

25	30	35	
ctg gaa gat ggc agc acc gtg att gac gcg atg agc tcc tgg tgg tcg			259
Leu Glu Asp Gly Ser Thr Val Ile Asp Ala Met Ser Ser Trp Trp Ser			
40	45	50	
gca att cat gga cac gga cac ccc cga ctg aaa gct gcc gcc caa aaa			307
Ala Ile His Gly His Gly His Pro Arg Leu Lys Ala Ala Ala Gln Lys			
55	60	65	
caa atc gac acc atg agt cac gtc atg ttt ggc gga cta acc cac gag			355
Gln Ile Asp Thr Met Ser His Val Met Phe Gly Gly Leu Thr His Glu			
70	75	80	85
ccc gcc att aag ctc acc cac aaa ctc ctc aat ctc act gga aat tcc			403
Pro Ala Ile Lys Leu Thr His Lys Leu Leu Asn Leu Thr Gly Asn Ser			
90	95	100	
ttt gac cac gtc ttt tat tcc gat tcg ggc tcg gtc tca gtg gag gtc			451
Phe Asp His Val Phe Tyr Ser Asp Ser Gly Ser Val Ser Val Glu Val			
105	110	115	
gcc atc aaa atg gca ctg cag gcc tcc aaa gga caa ggc cac ccg gaa			499
Ala Ile Lys Met Ala Leu Gln Ala Ser Lys Gly Gln Gly His Pro Glu			
120	125	130	
cgg aca aaa ctc ctc acc tgg cgg tcc ggc tac cac gga gac aca ttc			547
Arg Thr Lys Leu Leu Thr Trp Arg Ser Gly Tyr His Gly Asp Thr Phe			
135	140	145	
acc gcg atg agc gtg tgc gac cca gaa aat ggc atg cat agc ctc tgg			595
Thr Ala Met Ser Val Cys Asp Pro Glu Asn Gly Met His Ser Leu Trp			
150	155	160	165
aaa ggc aca ctc ccc gag cag att ttc gcc ccc gcc cca cca gtt cgg			643
Lys Gly Thr Leu Pro Glu Gln Ile Phe Ala Pro Ala Pro Pro Val Arg			
170	175	180	
ggg tca tcg ccg cag gcg att tcc gag tac ctg cgc agc atg gaa ttg			691
Gly Ser Ser Pro Gln Ala Ile Ser Glu Tyr Leu Arg Ser Met Glu Leu			

185	190	195	
ctt atc gac gag gcg gtc tcc gca atc atc atc gaa ccg atc gtc caa			739
Leu Ile Asp Glu Ala Val Ser Ala Ile Ile Ile Glu Pro Ile Val Gln			
200	205	210	
ggc gct gga ggc atg cgc ttt cac gat gtc gca ctc att gaa gga gtc			787
Gly Ala Gly Gly Met Arg Phe His Asp Val Ala Leu Ile Glu Gly Val			
215	220	225	
gcc aca ctg tgc aag aag cac gat cgt ttc ttg atc gtc gat gaa att			835
Ala Thr Leu Cys Lys Lys His Asp Arg Phe Leu Ile Val Asp Glu Ile			
230	235	240	245
gcc act ggt ttc ggc cgc acc ggt gaa cta ttt gcc acg tta agc aat			883
Ala Thr Gly Phe Gly Arg Thr Gly Glu Leu Phe Ala Thr Leu Ser Asn			
250	255	260	
ggc cta caa cca gac atc atg tgt gtg ggc aag gcc ctc acc ggt gga			931
Gly Leu Gln Pro Asp Ile Met Cys Val Gly Lys Ala Leu Thr Gly Gly			
265	270	275	
ttc atg tcc ttc gcc gct act tta tgc acg gac aag gtg gct caa tta			979
Phe Met Ser Phe Ala Ala Thr Leu Cys Thr Asp Lys Val Ala Gln Leu			
280	285	290	
atc agc acc cca aat ggc gga ggt gcg ctg atg cac ggc ccc act ttt			1027
Ile Ser Thr Pro Asn Gly Gly Gly Ala Leu Met His Gly Pro Thr Phe			
295	300	305	
atg gct aat cct ctg gcc tgt gcg gtt tcg cat gct tca tta gaa atc			1075
Met Ala Asn Pro Leu Ala Cys Ala Val Ser His Ala Ser Leu Glu Ile			
310	315	320	325
att gag acc ggc atg tgg cag aaa cag gta aaa aga atc gaa gcc gaa			1123
Ile Glu Thr Gly Met Trp Gln Lys Gln Val Lys Arg Ile Glu Ala Glu			
330	335	340	
ctt atc gca ggc ctt tcc cca ctt caa cac ctt cca ggg gtt gcc gat			1171
Leu Ile Ala Gly Leu Ser Pro Leu Gln His Leu Pro Gly Val Ala Asp			

345 350 355
 gtc cgg gtt ctc ggc gcg att ggt gtc atc gaa atg gaa caa aat gtc 1219
 Val Arg Val Leu Gly Ala Ile Gly Val Ile Glu Met Glu Gln Asn Val

360 365 370
 aat gtc gaa gaa gct act cag gct gca tta gat cac ggt gtg tgg atc 1267
 Asn Val Glu Glu Ala Thr Gln Ala Ala Leu Asp His Gly Val Trp Ile

375 380 385
 cgc ccc ttt gga cgc ttg ctc tat gtc atg cct cca tat atc acc acg 1315
 Arg Pro Phe Gly Arg Leu Leu Tyr Val Met Pro Pro Tyr Ile Thr Thr

390 395 400 405
 tca gag cag tgc gca cag atc tgc act gcg ctt cat gct gca gtt aaa 1363
 Ser Glu Gln Cys Ala Gln Ile Cys Thr Ala Leu His Ala Ala Val Lys

410 415 420
 ggg aaa taaacatgc catttttatt tgt 1392
 Gly Lys

<210> 640
 <211> 423
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 640
 Met Glu Asn Pro Ser Leu Arg Glu Leu Asp His Arg Asn Ile Trp His
 1 5 10 15

Pro Tyr Ala Ala Pro Gly Val Arg Asn Arg Leu Val Thr Lys Thr Asp
 20 25 30

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

Ser Ser Trp Trp Ser Ala Ile His Gly His Gly His Pro Arg Leu Lys
 50 55 60

Ala Ala Ala Gln Lys Gln Ile Asp Thr Met Ser His Val Met Phe Gly

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

290 295 300

His Gly Pro Thr Phe Met Ala Asn Pro Leu Ala Cys Ala Val Ser His
305 310 315 320

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

Arg Ile Glu Ala Glu Leu Ile Ala Gly Leu Ser Pro Leu Gln His Leu
340 345 350

Pro Gly Val Ala Asp Val Arg Val Leu Gly Ala Ile Gly Val Ile Glu
355 360 365

Met Glu Gln Asn Val Asn Val Glu Glu Ala Thr Gln Ala Ala Leu Asp
370 375 380

His Gly Val Trp Ile Arg Pro Phe Gly Arg Leu Leu Tyr Val Met Pro
385 390 395 400

Pro Tyr Ile Thr Thr Ser Glu Gln Cys Ala Gln Ile Cys Thr Ala Leu
405 410 415

His Ala Ala Val Lys Gly Lys
420

<210> 641
<211> 795
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(772)
<223> RXA00632

<400> 641
tggacgcttg ctctatgtca tgcctccata taccaccagc tcagagcagt gcgcacagat 60

ctgcactgcg cttcatgctg cagttaaagg gaaataaacc atg cca ttt tta ttt 115
Met Pro Phe Leu Phe

	1	5	
gtc agc ggt acc gga act ggg gtt ggg aaa acc ttc tcc aca gcc gtt			163
Val Ser Gly Thr Gly Thr Gly Val Gly Lys Thr Phe Ser Thr Ala Val			
	10	15	20
ttg gtt cga tac tta gcc gat caa gga cac gat gtt ctg ccc gta aag			211
Leu Val Arg Tyr Leu Ala Asp Gln Gly His Asp Val Leu Pro Val Lys			
	25	30	35
cta gtc caa acc ggt gaa ctt cca ggc gag gga gac atc ttt aac att			259
Leu Val Gln Thr Gly Glu Leu Pro Gly Glu Gly Asp Ile Phe Asn Ile			
	40	45	50
gaa cgc ttg act gga att gct gga gag gaa ttt gct cgt ttc aaa gac			307
Glu Arg Leu Thr Gly Ile Ala Gly Glu Glu Phe Ala Arg Phe Lys Asp			
	55	60	65
cct ctt gcg cca aat ctg gca gcc cga cga gag ggg gtc gag cca ata			355
Pro Leu Ala Pro Asn Leu Ala Ala Arg Arg Glu Gly Val Glu Pro Ile			
	70	75	80
			85
cag ttt gat cag att atc tcg tgg ctt cgt ggt ttt gac gac cca gat			403
Gln Phe Asp Gln Ile Ile Ser Trp Leu Arg Gly Phe Asp Asp Pro Asp			
	90	95	100
cgc atc att gtg gtg gag ggc gct ggt ggc ctg ctg gtc aga tta ggg			451
Arg Ile Ile Val Val Glu Gly Ala Gly Gly Leu Leu Val Arg Leu Gly			
	105	110	115
gaa gat ttc acc ctg gca gat gtt gcc tcc gct ttg aat gca ccc tta			499
Glu Asp Phe Thr Leu Ala Asp Val Ala Ser Ala Leu Asn Ala Pro Leu			
	120	125	130
gtg att gtg aca agc acc gga ttg gga agc ctc aac gct gct gaa tta			547
Val Ile Val Thr Ser Thr Gly Leu Gly Ser Leu Asn Ala Ala Glu Leu			
	135	140	145
agc gtt gag gca gca aac cgc cga gga ctc aca gtg ttg gga gtc ctc			595
Ser Val Glu Ala Ala Asn Arg Arg Gly Leu Thr Val Leu Gly Val Leu			

150 155 160 165
 ggc ggt tcg atc cct caa aat cct gat cta gct acg atg ctt aat ctc 643
 Gly Gly Ser Ile Pro Gln Asn Pro Asp Leu Ala Thr Met Leu Asn Leu

 170 175 180
 gaa gaa ttt gag aga gtc acc ggc gtg ccc ttt tgg gga gct ttg ccg 691
 Glu Glu Phe Glu Arg Val Thr Gly Val Pro Phe Trp Gly Ala Leu Pro

 185 190 195
 gaa ggg ttg tca cgg gtg gag ggg ttc gtc gaa aag caa tct ttt ccg 739
 Glu Gly Leu Ser Arg Val Glu Gly Phe Val Glu Lys Gln Ser Phe Pro

 200 205 210
 gcc ctt gat gcc ttt aag aaa ccg ccg gca agg tgatcgtgaa caccgtgcct 792
 Ala Leu Asp Ala Phe Lys Lys Pro Pro Ala Arg

 215 220
 tcg 795

<210> 642
 <211> 224
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 642
 Met Pro Phe Leu Phe Val Ser Gly Thr Gly Thr Gly Val Gly Lys Thr
 1 5 10 15

Phe Ser Thr Ala Val Leu Val Arg Tyr Leu Ala Asp Gln Gly His Asp
 20 25 30

Val Leu Pro Val Lys Leu Val Gln Thr Gly Glu Leu Pro Gly Glu Gly
 35 40 45

Asp Ile Phe Asn Ile Glu Arg Leu Thr Gly Ile Ala Gly Glu Glu Phe
 50 55 60

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

Gly Val Glu Pro Ile Gln Phe Asp Gln Ile Ile Ser Trp Leu Arg Gly
85 90 95

Phe Asp Asp Pro Asp Arg Ile Ile Val Val Glu Gly Ala Gly Gly Leu
100 105 110

Leu Val Arg Leu Gly Glu Asp Phe Thr Leu Ala Asp Val Ala Ser Ala
115 120 125

Leu Asn Ala Pro Leu Val Ile Val Thr Ser Thr Gly Leu Gly Ser Leu
130 135 140

Asn Ala Ala Glu Leu Ser Val Glu Ala Ala Asn Arg Arg Gly Leu Thr
145 150 155 160

Val Leu Gly Val Leu Gly Gly Ser Ile Pro Gln Asn Pro Asp Leu Ala
165 170 175

Thr Met Leu Asn Leu Glu Glu Phe Glu Arg Val Thr Gly Val Pro Phe
180 185 190

Trp Gly Ala Leu Pro Glu Gly Leu Ser Arg Val Glu Gly Phe Val Glu
195 200 205

Lys Gln Ser Phe Pro Ala Leu Asp Ala Phe Lys Lys Pro Pro Ala Arg
210 215 220

<210> 643

<211> 1125

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1102)

<223> RXA00295

<400> 643

gtttaaggca cgtgtcattt tgcattgcgcg tgcccaattc ttcttaagtg tgctcaattt 60

ttaagcgcgc agttattgac aaccagcctc taggagatcc atg acc atc ccc ggc	115		
Met Thr Ile Pro Gly			
1	5		
acc atc ctt gac acc gcc cgc acc caa gtt ctg gaa cag gga att ggc	163		
Thr Ile Leu Asp Thr Ala Arg Thr Gln Val Leu Glu Gln Gly Ile Gly			
10	15	20	
ctt aat cag cag cag ttg atg gag gtt ctc acc ttg cct gaa gag caa	211		
Leu Asn Gln Gln Gln Leu Met Glu Val Leu Thr Leu Pro Glu Glu Gln			
25	30	35	
atc cca gac ttg atg gaa tta gcc cac cag gtt cgg ttg aag tgg tgt	259		
Ile Pro Asp Leu Met Glu Leu Ala His Gln Val Arg Leu Lys Trp Cys			
40	45	50	
ggg gaa gaa atc gag gtc gag ggc att att tcc ctc aaa act ggc ggt	307		
Gly Glu Glu Ile Glu Val Glu Gly Ile Ile Ser Leu Lys Thr Gly Gly			
55	60	65	
tgc cct gaa gat tgt cat ttc tgc tca cag tct ggg ttg ttt gaa tcg	355		
Cys Pro Glu Asp Cys His Phe Cys Ser Gln Ser Gly Leu Phe Glu Ser			
70	75	80	85
ccg gtg cgt tcg gtg tgg ctg gat att ccg aat ctg gtt gaa gcc gct	403		
Pro Val Arg Ser Val Trp Leu Asp Ile Pro Asn Leu Val Glu Ala Ala			
90	95	100	
aaa cag acc gca aaa act ggc gct acc gaa ttc tgt atc gtc gcc gca	451		
Lys Gln Thr Ala Lys Thr Gly Ala Thr Glu Phe Cys Ile Val Ala Ala			
105	110	115	
gtc aag ggg cct gat gag agg ctc atg acc cag ctg gag gaa gca gtc	499		
Val Lys Gly Pro Asp Glu Arg Leu Met Thr Gln Leu Glu Glu Ala Val			
120	125	130	
ctc gcg att cac tct gaa gtt gaa att gaa gtc gca gca tcg atc gga	547		
Leu Ala Ile His Ser Glu Val Glu Ile Glu Val Ala Ala Ser Ile Gly			
135	140	145	
acg tta aat aag gaa cag gtg gat cgc ctc gct gct gcc ggc gtg cac	595		

Thr	Leu	Asn	Lys	Glu	Gln	Val	Asp	Arg	Leu	Ala	Ala	Ala	Gly	Val	His				
150					155					160					165				
cgc	tac	aac	cat	aat	ttg	gaa	act	gcg	cgt	tcc	tat	ttc	cct	gaa	gtt	643			
Arg	Tyr	Asn	His	Asn	Leu	Glu	Thr	Ala	Arg	Ser	Tyr	Phe	Pro	Glu	Val				
				170					175						180				
gtc	acc	act	cat	aca	tgg	gaa	gag	cgc	cgc	gaa	act	ttg	cgc	ctg	gtg	691			
Val	Thr	Thr	His	Thr	Trp	Glu	Glu	Arg	Arg	Glu	Thr	Leu	Arg	Leu	Val				
				185					190						195				
gca	gaa	gct	gga	atg	gaa	gtc	tgt	tcc	ggc	gga	atc	tta	gga	atg	ggc	739			
Ala	Glu	Ala	Gly	Met	Glu	Val	Cys	Ser	Gly	Gly	Ile	Leu	Gly	Met	Gly				
				200					205						210				
gaa	act	tta	gag	cag	cgc	gcc	gag	ttt	gcc	gtg	cag	ctg	gcg	gag	ctt	787			
Glu	Thr	Leu	Glu	Gln	Arg	Ala	Glu	Phe	Ala	Val	Gln	Leu	Ala	Glu	Leu				
				215					220						225				
gat	ccg	cac	gaa	gtc	ccc	atg	aac	ttc	ctt	gat	cct	cgc	ccg	ggc	acc	835			
Asp	Pro	His	Glu	Val	Pro	Met	Asn	Phe	Leu	Asp	Pro	Arg	Pro	Gly	Thr				
				230					235						240				
cca	ttt	gcc	gat	agg	gaa	ttg	atg	gac	agc	cgt	gac	gct	ctg	cgc	tct	883			
Pro	Phe	Ala	Asp	Arg	Glu	Leu	Met	Asp	Ser	Arg	Asp	Ala	Leu	Arg	Ser				
				250					255						260				
att	ggt	gcg	ttc	cgc	ctt	gcg	atg	cct	cac	acc	atg	ctt	cgt	ttt	gct	931			
Ile	Gly	Ala	Phe	Arg	Leu	Ala	Met	Pro	His	Thr	Met	Leu	Arg	Phe	Ala				
				265					270						275				
ggc	ggt	cgc	gag	ctg	act	ttg	ggc	gac	aag	ggt	tcc	gag	caa	gcc	ctc	979			
Gly	Gly	Arg	Glu	Leu	Thr	Leu	Gly	Asp	Lys	Gly	Ser	Glu	Gln	Ala	Leu				
				280					285						290				
ctg	gga	ggc	atc	aat	gcg	atg	atc	gtc	gga	aac	tac	ctg	act	acg	ctc	1027			
Leu	Gly	Gly	Ile	Asn	Ala	Met	Ile	Val	Gly	Asn	Tyr	Leu	Thr	Thr	Leu				
				295					300						305				
ggc	cgc	cca	atg	gaa	gat	gac	ctc	gac	atg	atg	gat	cgt	ctc	cag	ctg	1075			

Gly Arg Pro Met Glu Asp Asp Leu Asp Met Met Asp Arg Leu Gln Leu

310 315 320 325

ccc atc aaa gtc ctt aat aag gtc atc taagaagcac ggcgatgaac 1122
Pro Ile Lys Val Leu Asn Lys Val Ile

330

gac 1125

<210> 644

<211> 334

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 644

Met Thr Ile Pro Gly Thr Ile Leu Asp Thr Ala Arg Thr Gln Val Leu
1 5 10 15

Glu Gln Gly Ile Gly Leu Asn Gln Gln Gln Leu Met Glu Val Leu Thr
20 25 30

Leu Pro Glu Glu Gln Ile Pro Asp Leu Met Glu Leu Ala His Gln Val
35 40 45

Arg Leu Lys Trp Cys Gly Glu Glu Ile Glu Val Glu Gly Ile Ile Ser
50 55 60

Leu Lys Thr Gly Gly Cys Pro Glu Asp Cys His Phe Cys Ser Gln Ser
65 70 75 80

Gly Leu Phe Glu Ser Pro Val Arg Ser Val Trp Leu Asp Ile Pro Asn
85 90 95

Leu Val Glu Ala Ala Lys Gln Thr Ala Lys Thr Gly Ala Thr Glu Phe
100 105 110

Cys Ile Val Ala Ala Val Lys Gly Pro Asp Glu Arg Leu Met Thr Gln
115 120 125

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

Ala Ala Ser Ile Gly Thr Leu Asn Lys Glu Gln Val Asp Arg Leu Ala
145 150 155 160

Ala Ala Gly Val His Arg Tyr Asn His Asn Leu Glu Thr Ala Arg Ser
165 170 175

Tyr Phe Pro Glu Val Val Thr Thr His Thr Trp Glu Glu Arg Arg Glu
180 185 190

Thr Leu Arg Leu Val Ala Glu Ala Gly Met Glu Val Cys Ser Gly Gly
195 200 205

Ile Leu Gly Met Gly Glu Thr Leu Glu Gln Arg Ala Glu Phe Ala Val
210 215 220

Gln Leu Ala Glu Leu Asp Pro His Glu Val Pro Met Asn Phe Leu Asp
225 230 235 240

Pro Arg Pro Gly Thr Pro Phe Ala Asp Arg Glu Leu Met Asp Ser Arg
245 250 255

Asp Ala Leu Arg Ser Ile Gly Ala Phe Arg Leu Ala Met Pro His Thr
260 265 270

Met Leu Arg Phe Ala Gly Gly Arg Glu Leu Thr Leu Gly Asp Lys Gly
275 280 285

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

Tyr Leu Thr Thr Leu Gly Arg Pro Met Glu Asp Asp Leu Asp Met Met
305 310 315 320

Asp Arg Leu Gln Leu Pro Ile Lys Val Leu Asn Lys Val Ile
325 330

<210> 645

<211> 1212

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1189)

<223> RXA00223

<400> 645

gcgacctctt tgacatcgcc cctgcgctca tcgaagagat caacaagcgc aagtaggagt 60

tttgaacact ttttatctgg accatgcagc caccacacca atg cgt gag gtg gcc 115
Met Arg Glu Val Ala

1 5

gca gct gcg tgg atg gaa aac gcg cag gca ttg aat ccc gcg agt cag 163
Ala Ala Ala Trp Met Glu Asn Ala Gln Ala Leu Asn Pro Ala Ser Gln

10 15 20

tac ggt tcg ggg cgt aag gcg cgc agc gtt gcg gat tcg gct cgt gaa 211
Tyr Gly Ser Gly Arg Lys Ala Arg Ser Val Ala Asp Ser Ala Arg Glu

25 30 35

gaa att gct tct ttg ctg ggc tgt gaa cct atc gag gtt gtg ttt acc 259
Glu Ile Ala Ser Leu Leu Gly Cys Glu Pro Ile Glu Val Val Phe Thr

40 45 50

gcg tcc ggc acg gag gca gat aac ctc gct gtg cag ggg tta ttc cac 307
Ala Ser Gly Thr Glu Ala Asp Asn Leu Ala Val Gln Gly Leu Phe His

55 60 65

gca tcg cct ctc aat cgg att att tct acg ccg atc gag cac ccc ggg 355
Ala Ser Pro Leu Asn Arg Ile Ile Ser Thr Pro Ile Glu His Pro Gly

70 75 80 85

att ctg gaa acc gtc aag gct cta gaa ctt ggc ggg gca gag gcg gag 403
Ile Leu Glu Thr Val Lys Ala Leu Glu Leu Gly Gly Ala Glu Ala Glu

90 95 100

ctc atg ccg atc ggt cca gat gga cga gtg tct tcc ttc gaa gcg ctg 451
Leu Met Pro Ile Gly Pro Asp Gly Arg Val Ser Ser Phe Glu Ala Leu

105 110 115

gac aag cct gcc gcg gtt gcc act atg atg tgg gcg aac aat gag acc 499
Asp Lys Pro Ala Ala Val Ala Thr Met Met Trp Ala Asn Asn Glu Thr

120 125 130

ggc gcg att cag ccg gtt tct gag ttc atc gcc gcc gcg cag gcg tcc 547
Gly Ala Ile Gln Pro Val Ser Glu Phe Ile Ala Ala Ala Gln Ala Ser

135 140 145

ggc acg cca aca cac atc gat gcg gtt cag gtc gtt ggc cat ctg ccg 595
Gly Thr Pro Thr His Ile Asp Ala Val Gln Val Val Gly His Leu Pro

150 155 160 165

gtc aat ttt gat gag ctc ggc gcc acc act ttg gct gcc tcc gcg cac 643
Val Asn Phe Asp Glu Leu Gly Ala Thr Thr Leu Ala Ala Ser Ala His

170 175 180

aaa ttc ggt gga cca cgt ggc gtc ggc ctg ctg ttg gtg agg cgc tca 691
Lys Phe Gly Gly Pro Arg Gly Val Gly Leu Leu Leu Val Arg Arg Ser

185 190 195

cca gca cct tca gcc gta ttg cac gga ggt ggt cag gag cgc ggc atc 739
Pro Ala Pro Ser Ala Val Leu His Gly Gly Gly Gln Glu Arg Gly Ile

200 205 210

cgt cca ggc acc ctt gat gtc gcc ggc gca gct gcc acc gca gcc gca 787
Arg Pro Gly Thr Leu Asp Val Ala Gly Ala Ala Ala Thr Ala Ala Ala

215 220 225

tta cgc gaa gca gtg gcc gag ctt gac ggc gaa gcc acc cgc ctg cgc 835
Leu Arg Glu Ala Val Ala Glu Leu Asp Gly Glu Ala Thr Arg Leu Arg

230 235 240 245

gga ctt aaa aag atg ctt ctc gac gcc atc ctc cac acc atc ccc aac 883
Gly Leu Lys Lys Met Leu Leu Asp Ala Ile Leu His Thr Ile Pro Asn

250 255 260

gta ctg gtc cac acc acc gaa cca tcc ctg cca gga cac ctg cat ctc 931
Val Leu Val His Thr Thr Glu Pro Ser Leu Pro Gly His Leu His Leu

265 270 275

tcc ttc cca gga gca gaa ggc gat agt ttg atc atg ctg ctc gac tcc 979

Ser Phe Pro Gly Ala Glu Gly Asp Ser Leu Ile Met Leu Leu Asp Ser

280 285 290

ttg cgg atc gaa gcc tcc aca ggt tgc gcc tgc tcc aac ggt gta aac 1027
Leu Arg Ile Glu Ala Ser Thr Gly Ser Ala Cys Ser Asn Gly Val Asn

295 300 305

cgt gcc agc cac gtc ctt ttg gcc atg gga att tcc gaa acc gac gcc 1075
Arg Ala Ser His Val Leu Leu Ala Met Gly Ile Ser Glu Thr Asp Ala

310 315 320 325

cgt ggt gcc atc cga ttc acc ctc gga aga acc acc act gaa gaa tcc 1123
Arg Gly Ala Ile Arg Phe Thr Leu Gly Arg Thr Thr Thr Glu Glu Ser

330 335 340

atc aag gca gtg atc gcc gtg atc gaa gac gta gtg acc agg gct cgt 1171
Ile Lys Ala Val Ile Ala Val Ile Glu Asp Val Val Thr Arg Ala Arg

345 350 355

act gcg gga atg gct ttt tagcgaccgt aaatcgcata gtg 1212
Thr Ala Gly Met Ala Phe

360

<210> 646

<211> 363

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 646

Met Arg Glu Val Ala Ala Ala Ala Trp Met Glu Asn Ala Gln Ala Leu
1 5 10 15

Asn Pro Ala Ser Gln Tyr Gly Ser Gly Arg Lys Ala Arg Ser Val Ala
20 25 30

Asp Ser Ala Arg Glu Glu Ile Ala Ser Leu Leu Gly Cys Glu Pro Ile
35 40 45

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

Gln Gly Leu Phe His Ala Ser Pro Leu Asn Arg Ile Ile Ser Thr Pro
65 70 75 80

Ile Glu His Pro Gly Ile Leu Glu Thr Val Lys Ala Leu Glu Leu Gly
85 90 95

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

Ser Phe Glu Ala Leu Asp Lys Pro Ala Ala Val Ala Thr Met Met Trp
115 120 125

Ala Asn Asn Glu Thr Gly Ala Ile Gln Pro Val Ser Glu Phe Ile Ala
130 135 140

Ala Ala Gln Ala Ser Gly Thr Pro Thr His Ile Asp Ala Val Gln Val
145 150 155 160

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

Ala Ala Ser Ala His Lys Phe Gly Gly Pro Arg Gly Val Gly Leu Leu
180 185 190

Leu Val Arg Arg Ser Pro Ala Pro Ser Ala Val Leu His Gly Gly Gly
195 200 205

Gln Glu Arg Gly Ile Arg Pro Gly Thr Leu Asp Val Ala Gly Ala Ala
210 215 220

Ala Thr Ala Ala Ala Leu Arg Glu Ala Val Ala Glu Leu Asp Gly Glu
225 230 235 240

Ala Thr Arg Leu Arg Gly Leu Lys Lys Met Leu Leu Asp Ala Ile Leu
245 250 255

His Thr Ile Pro Asn Val Leu Val His Thr Thr Glu Pro Ser Leu Pro
260 265 270

Gly His Leu His Leu Ser Phe Pro Gly Ala Glu Gly Asp Ser Leu Ile

gga aga ctc gcc tct gcg ggg ctg gag gat gct cga act cgg gtg gcc	259
Gly Arg Leu Ala Ser Ala Gly Leu Glu Asp Ala Arg Thr Arg Val Ala	
40 45 50	
cgc att atc gga gga cgc ccc aca cag gtg acg ttt acg tcg ggt gga	307
Arg Ile Ile Gly Gly Arg Pro Thr Gln Val Thr Phe Thr Ser Gly Gly	
55 60 65	
tca gaa gcc aac aac ctc gct atc aaa gga gcg tgc tta gct aat cct	355
Ser Glu Ala Asn Asn Leu Ala Ile Lys Gly Ala Cys Leu Ala Asn Pro	
70 75 80 85	
cgt gcc cgg cac ctc atc acc acc ccg atc gag cat gac agt gtc cta	403
Arg Gly Arg His Leu Ile Thr Thr Pro Ile Glu His Asp Ser Val Leu	
90 95 100	
gaa act gct gct tat ctt gaa agg ttt cat gat ttc gag atc acc tac	451
Glu Thr Ala Ala Tyr Leu Glu Arg Phe His Asp Phe Glu Ile Thr Tyr	
105 110 115	
cta tcc ccc gat cac act ggg ctg atc tcc ccg gag ggt ctc cgc aaa	499
Leu Ser Pro Asp His Thr Gly Leu Ile Ser Pro Glu Gly Leu Arg Lys	
120 125 130	
gca gtc agg ccg gac acc aca ttg atc agc att ggt tat gcc aac aat	547
Ala Val Arg Pro Asp Thr Thr Leu Ile Ser Ile Gly Tyr Ala Asn Asn	
135 140 145	
gag gtg gga acc att cag ccg ata gct gag ttg gcg gcg gta agc agt	595
Glu Val Gly Thr Ile Gln Pro Ile Ala Glu Leu Ala Ala Val Ser Ser	
150 155 160 165	
acg cct ttt cac acc gat gca gtg caa gct gca cat tta acc ttt gac	643
Thr Pro Phe His Thr Asp Ala Val Gln Ala Ala His Leu Thr Phe Asp	
170 175 180	
ttg gga gtt gac gcg tta agt ttg tcg ggt cat aaa ttc ggt gcg cct	691
Leu Gly Val Asp Ala Leu Ser Leu Ser Gly His Lys Phe Gly Ala Pro	
185 190 195	
aaa ggg att gga gtg tta tgg tca aag ctt ccc ctg gag ccg gta atc	739

Lys Gly Ile Gly Val Leu Trp Ser Lys Leu Pro Leu Glu Pro Val Ile
200 205 210

cat ggc ggc ggc cag gaa aaa ggg cgg cgt agt ggc acg gaa aac gtt 787
His Gly Gly Gly Gln Glu Lys Gly Arg Arg Ser Gly Thr Glu Asn Val

215 220 225

gcg ggg gct atc gcc ttt gcc act gcc ttg gaa ttg gcc agg gcg gaa 835
Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu Leu Ala Arg Ala Glu

230 235 240 245

tcc tat cca gat ctt ggc gaa ttc atc gag gaa gtt ctc act atc ccg 883
Ser Tyr Pro Asp Leu Gly Glu Phe Ile Glu Glu Val Leu Thr Ile Pro

250 255 260

gga gca cac ctg act gga cat cct agg atg cgc att gat gga cac gca 931
Gly Ala His Leu Thr Gly His Pro Arg Met Arg Ile Asp Gly His Ala

265 270 275

tct ttt ctc ttc gac agc ata gga tct gaa act gtt ctt ctg gaa ttg 979
Ser Phe Leu Phe Asp Ser Ile Gly Ser Glu Thr Val Leu Leu Glu Leu

280 285 290

gaa cgc caa ggc att gtg tgc tcc cct ggt tct gcc tgt ggt tcc gga 1027
Glu Arg Gln Gly Ile Val Cys Ser Pro Gly Ser Ala Cys Gly Ser Gly

295 300 305

gag gta tcc cat gtg ttg ctg gcg ttg ggg ctt gag gag gat caa gca 1075
Glu Val Ser His Val Leu Leu Ala Leu Gly Leu Glu Glu Asp Gln Ala

310 315 320 325

cga acg gct gtg cgc tgt act ttt agt aca aca cac agc cgt gaa gat 1123
Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr His Ser Arg Glu Asp

330 335 340

gcg ctc gtg gca gcc tct gct ctt aaa tcc gcg gtc gcc tta atc aga 1171
Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala Val Ala Leu Ile Arg

345 350 355

ggg tgacgctagt cagaggttta cgg 1197

Gly

<210> 648

<211> 358

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 648

Met	Leu	Tyr	Leu	Asp	Asn	Ala	Ala	Thr	Thr	Ser	Val	Arg	Asn	Glu	Ala
1				5					10					15	

Leu	Glu	Ala	Met	Trp	Pro	Tyr	Leu	Thr	Gly	Ala	Phe	Gly	Asn	Pro	Ser
			20					25					30		

Ser	Pro	His	Glu	Val	Gly	Arg	Leu	Ala	Ser	Ala	Gly	Leu	Glu	Asp	Ala
		35					40					45			

Arg	Thr	Arg	Val	Ala	Arg	Ile	Ile	Gly	Gly	Arg	Pro	Thr	Gln	Val	Thr
	50					55					60				

Phe	Thr	Ser	Gly	Gly	Ser	Glu	Ala	Asn	Asn	Leu	Ala	Ile	Lys	Gly	Ala
65					70					75				80	

Cys	Leu	Ala	Asn	Pro	Arg	Gly	Arg	His	Leu	Ile	Thr	Thr	Pro	Ile	Glu
			85						90					95	

His	Asp	Ser	Val	Leu	Glu	Thr	Ala	Ala	Tyr	Leu	Glu	Arg	Phe	His	Asp
			100					105					110		

Phe	Glu	Ile	Thr	Tyr	Leu	Ser	Pro	Asp	His	Thr	Gly	Leu	Ile	Ser	Pro
		115					120					125			

Glu	Gly	Leu	Arg	Lys	Ala	Val	Arg	Pro	Asp	Thr	Thr	Leu	Ile	Ser	Ile
	130					135						140			

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

Ala	Ala	Val	Ser	Ser	Thr	Pro	Phe	His	Thr	Asp	Ala	Val	Gln	Ala	Ala
			165						170					175	

His Leu Thr Phe Asp Leu Gly Val Asp Ala Leu Ser Leu Ser Gly His
180 185 190

Lys Phe Gly Ala Pro Lys Gly Ile Gly Val Leu Trp Ser Lys Leu Pro
195 200 205

Leu Glu Pro Val Ile His Gly Gly Gly Gln Glu Lys Gly Arg Arg Ser
210 215 220

Gly Thr Glu Asn Val Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu
225 230 235 240

Leu Ala Arg Ala Glu Ser Tyr Pro Asp Leu Gly Glu Phe Ile Glu Glu
245 250 255

Val Leu Thr Ile Pro Gly Ala His Leu Thr Gly His Pro Arg Met Arg
260 265 270

Ile Asp Gly His Ala Ser Phe Leu Phe Asp Ser Ile Gly Ser Glu Thr
275 280 285

Val Leu Leu Glu Leu Glu Arg Gln Gly Ile Val Cys Ser Pro Gly Ser
290 295 300

Ala Cys Gly Ser Gly Glu Val Ser His Val Leu Leu Ala Leu Gly Leu
305 310 315 320

Glu Glu Asp Gln Ala Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr
325 330 335

His Ser Arg Glu Asp Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala
340 345 350

Val Ala Leu Ile Arg Gly
355

<210> 649

<211> 920

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (79)..(897)

<223> FRXA00262

<400> 649

cacacaggtg acgtttacgt cgggtggatc agaagccaac aacctcgctt atcaaaggag 60

cgctgcttagc taatccta gtg gcc ggg cac ctc atc acc acc ccg atc gag 111
Val Ala Gly His Leu Ile Thr Thr Pro Ile Glu

1 5 10

cat gac agt gtc cta gaa act gct gct tat ctt gaa agg ttt cat gat 159
His Asp Ser Val Leu Glu Thr Ala Ala Tyr Leu Glu Arg Phe His Asp

15 20 25

ttc gag atc acc tac cta tcc ccc gat cac act ggg ctg atc tcc ccg 207
Phe Glu Ile Thr Tyr Leu Ser Pro Asp His Thr Gly Leu Ile Ser Pro

30 35 40

gag ggt ctc cgc aaa gca gtc agg ccg gac acc aca ttg atc agc att 255
Glu Gly Leu Arg Lys Ala Val Arg Pro Asp Thr Thr Leu Ile Ser Ile

45 50 55

ggt tat gcc aac aat gag gtg gga acc att cag ccg ata gct gag ttg 303
Gly Tyr Ala Asn Asn Glu Val Gly Thr Ile Gln Pro Ile Ala Glu Leu

60 65 70 75

gcg gcg gta agc agt acg cct ttt cac acc gat gca gtg caa gct gca 351
Ala Ala Val Ser Ser Thr Pro Phe His Thr Asp Ala Val Gln Ala Ala

80 85 90

cat tta acc ttt gac ttg gga gtt gac gcg tta agt ttg tcg ggt cat 399
His Leu Thr Phe Asp Leu Gly Val Asp Ala Leu Ser Leu Ser Gly His

95 100 105

aaa ttc ggt gcg cct aaa ggg att gga gtg tta tgg tca aag ctt ccc 447
Lys Phe Gly Ala Pro Lys Gly Ile Gly Val Leu Trp Ser Lys Leu Pro

110 115 120

ctg gag ccg gta atc cat ggc ggc ggc cag gaa aaa ggg cgg cgt agt 495
Leu Glu Pro Val Ile His Gly Gly Gly Gln Glu Lys Gly Arg Arg Ser

125 130 135

ggc acg gaa aac gtt gcg ggg gct atc gcc ttt gcc act gcc ttg gaa 543
Gly Thr Glu Asn Val Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu

140 145 150 155

ttg gcc agg gcg gaa tcc tat cca gat ctt ggc gaa ttc atc gag gaa 591
Leu Ala Arg Ala Glu Ser Tyr Pro Asp Leu Gly Glu Phe Ile Glu Glu

160 165 170

gtt ctc act atc ccg gga gca cac ctg act gga cat cct agg atg cgc 639
Val Leu Thr Ile Pro Gly Ala His Leu Thr Gly His Pro Arg Met Arg

175 180 185

att gat gga cac gca tct ttt ctc ttc gac agc ata gga tct gaa act 687
Ile Asp Gly His Ala Ser Phe Leu Phe Asp Ser Ile Gly Ser Glu Thr

190 195 200

gtt ctt ctg gaa ttg gaa cgc caa ggc att gtg tgc tcc cct ggt tct 735
Val Leu Leu Glu Leu Glu Arg Gln Gly Ile Val Cys Ser Pro Gly Ser

205 210 215

gcc tgt ggt tcc gga gag gta tcc cat gtg ttg ctg gcg ttg ggg ctt 783
Ala Cys Gly Ser Gly Glu Val Ser His Val Leu Leu Ala Leu Gly Leu

220 225 230 235

gag gag gat caa gca cga acg gct gtg cgc tgt act ttt agt aca aca 831
Glu Glu Asp Gln Ala Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr

240 245 250

cac agc cgt gaa gat gcg ctc gtg gca gcc tct gct ctt aaa tcc gcg 879
His Ser Arg Glu Asp Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala

255 260 265

gtc gcc tta atc aga ggg tgacgctagt cagaggttta cgg 920
Val Ala Leu Ile Arg Gly

270

<210> 650

<211> 273

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 650

Val Ala Gly His Leu Ile Thr Thr Pro Ile Glu His Asp Ser Val Leu
1 5 10 15

Glu Thr Ala Ala Tyr Leu Glu Arg Phe His Asp Phe Glu Ile Thr Tyr
20 25 30

Leu Ser Pro Asp His Thr Gly Leu Ile Ser Pro Glu Gly Leu Arg Lys
35 40 45

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

Glu Val Gly Thr Ile Gln Pro Ile Ala Glu Leu Ala Ala Val Ser Ser
65 70 75 80

Thr Pro Phe His Thr Asp Ala Val Gln Ala Ala His Leu Thr Phe Asp
85 90 95

Leu Gly Val Asp Ala Leu Ser Leu Ser Gly His Lys Phe Gly Ala Pro
100 105 110

Lys Gly Ile Gly Val Leu Trp Ser Lys Leu Pro Leu Glu Pro Val Ile
115 120 125

His Gly Gly Gly Gln Glu Lys Gly Arg Arg Ser Gly Thr Glu Asn Val
130 135 140

Ala Gly Ala Ile Ala Phe Ala Thr Ala Leu Glu Leu Ala Arg Ala Glu
145 150 155 160

Ser Tyr Pro Asp Leu Gly Glu Phe Ile Glu Glu Val Leu Thr Ile Pro
165 170 175

Gly Ala His Leu Thr Gly His Pro Arg Met Arg Ile Asp Gly His Ala

180 185 190
 Ser Phe Leu Phe Asp Ser Ile Gly Ser Glu Thr Val Leu Leu Glu Leu
 195 200 205

Glu Arg Gln Gly Ile Val Cys Ser Pro Gly Ser Ala Cys Gly Ser Gly
 210 215 220

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

Arg Thr Ala Val Arg Cys Thr Phe Ser Thr Thr His Ser Arg Glu Asp
 245 250 255

Ala Leu Val Ala Ala Ser Ala Leu Lys Ser Ala Val Ala Leu Ile Arg
 260 265 270

Gly

<210> 651
 <211> 1296
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1273)
 <223> RXN00435

<400> 651
 cgacaggtga attcatgcac gtttgagtggt cccgtgtgtg gggtaatgtt gtccaagaga 60

gtggaaggaa atgctgtggc ggttgaaagg agtgcctttc gtg ggt ttt gat gtg 115
 Val Gly Phe Asp Val

1 5

gcc agg gtt cgg ggg ctt tat acc tct ttg ggc gat ggc tgg acg tac 163
 Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly Asp Gly Trp Thr Tyr

10 15 20

ctt aat tca cat caa att ccg cag gtt ccg gag cgg gtg gcg tcg gga 211

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

25 30 35

gtt gcg gcg gct ttc cgc acg cat gcg cag att tct gag gtg acg tcg 259
Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile Ser Glu Val Thr Ser

40 45 50

cag ccg att gcg gtg gat cag ttg gag gct gct cgc gag gca gtt gcg 307
Gln Pro Ile Ala Val Asp Gln Leu Glu Ala Ala Arg Glu Ala Val Ala

55 60 65

tcg ttg gcg ggt gtg gat ccg gac tgt gtt gtg ctg ggt ccc acg agg 355
Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val Leu Gly Pro Thr Arg

70 75 80 85

cag ttt ttg gct cat aca ttg gcg cgc ggt ttg ggt ggg ttt gta cgt 403
Gln Phe Leu Ala His Thr Leu Ala Arg Gly Leu Gly Gly Phe Val Arg

90 95 100

cga aaa gcg ggc gtg gtg ttg tcg cgc gcg gac gcg gac tgg ctg acc 451
Arg Lys Ala Gly Val Val Leu Ser Arg Ala Asp Ala Asp Trp Leu Thr

105 110 115

gcg ccg ttc cgc tcc ctc gac ggc gtt ttt agc tgg gcc gag ccc gat 499
Ala Pro Phe Arg Ser Leu Asp Gly Val Phe Ser Trp Ala Glu Pro Asp

120 125 130

ttg ggc acc ggc atg ctg ccg gat tgg cag tac gag aag ctt gtt gac 547
Leu Gly Thr Gly Met Leu Pro Asp Trp Gln Tyr Glu Lys Leu Val Asp

135 140 145

ggc tcg acg cgc ctt gtc gtg ctc agc gcc gcg cac ccg ctg ctc ggc 595
Gly Ser Thr Arg Leu Val Val Leu Ser Ala Ala His Pro Leu Leu Gly

150 155 160 165

acg gtc gcc cca gtg ggc aag att gtg gat aaa gtg cgg gcg cgt tcg 643
Thr Val Ala Pro Val Gly Lys Ile Val Asp Lys Val Arg Ala Arg Ser

170 175 180

cgt gcc tgg gtg ctt gtc gac gcc acc acc tac gca gcc tac cgc ccc 691

Arg Ala Trp Val Leu Val Asp Ala Thr Thr Tyr Ala Ala Tyr Arg Pro	
185	190
195	
ctg cgc cta gac gag tgg gaa gcc gat atc gtc atg ctt gat ctc ggc	739
Leu Arg Leu Asp Glu Trp Glu Ala Asp Ile Val Met Leu Asp Leu Gly	
200	205
210	
gag ttg ggc ggc ccg cag att tcg gcg ttg att ttc cgt gat acc tcg	787
Glu Leu Gly Gly Pro Gln Ile Ser Ala Leu Ile Phe Arg Asp Thr Ser	
215	220
225	
atg ttc ccg cgc ctg gat cgc acc gtt cca ctc gaa ctg ccc gca agc	835
Met Phe Pro Arg Leu Asp Arg Thr Val Pro Leu Glu Leu Pro Ala Ser	
230	235
240	245
tcc ctg ccg cat ggg ctg ctc ggc ggc gtg ccc aac ctg gtg cgg cac	883
Ser Leu Pro His Gly Leu Leu Gly Gly Val Pro Asn Leu Val Arg His	
250	255
260	
ctg gga aac ctg gat gaa aac gcc ccg tcc gtc gtt gag gcg atg ggg	931
Leu Gly Asn Leu Asp Glu Asn Ala Pro Ser Val Val Glu Ala Met Gly	
265	270
275	
gag atg gcg aaa ttc cac aag gga ctt ttt gag cat ctt gtg gaa tcg	979
Glu Met Ala Lys Phe His Lys Gly Leu Phe Glu His Leu Val Glu Ser	
280	285
290	
ctc gaa gga ctt cac gcg gtg cat atc gtg gga att tcc ggc gat gcc	1027
Leu Glu Gly Leu His Ala Val His Ile Val Gly Ile Ser Gly Asp Ala	
295	300
305	
gca ggt caa gac gcc ccg ttc ctg gat cga gtg ccc cgc ttg acc ttc	1075
Ala Gly Gln Asp Ala Pro Phe Leu Asp Arg Val Pro Arg Leu Thr Phe	
310	315
320	325
acc atg gaa ggc gtg ccc gca gat atg gtg tac cgc cga ttg gtg gac	1123
Thr Met Glu Gly Val Pro Ala Asp Met Val Tyr Arg Arg Leu Val Asp	
330	335
340	
aat cgt ttg atc act acc gtc agc cct gct gac ccg ctg ctc gaa gca	1171

Asn Arg Leu Ile Thr Thr Val Ser Pro Ala Asp Pro Leu Leu Glu Ala

345 350 355

atg ggt gtg act gaa gct ggc gga tcg atc act atc gga cta agc ccg 1219
Met Gly Val Thr Glu Ala Gly Gly Ser Ile Thr Ile Gly Leu Ser Pro

360 365 370

ttt agc acc tac tat gaa gtg gat cag ctg acc agg gtg ctg gca tcg 1267
Phe Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Asp Gln Leu Thr Arg Val Leu Ala Ser

375 380 385

ctt gcc taaaccgcaa gcacgagctt gcc 1296
Leu Ala

390

<210> 652

<211> 391

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 652

Val Gly Phe Asp Val Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly
1 5 10 15

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

Arg Val Ala Ser Gly Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile
35 40 45

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

Arg Glu Ala Val Ala Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val
65 70 75 80

Leu Gly Pro Thr Arg Gln Phe Leu Ala His Thr Leu Ala Arg Gly Leu
85 90 95

Gly Gly Phe Val Arg Arg Lys Ala Gly Val Val Leu Ser Arg Ala Asp

100	105	110
Ala Asp Trp Leu Thr	Ala Pro Phe Arg Ser Leu Asp	Gly Val Phe Ser
115	120	125
Trp Ala Glu Pro Asp Leu Gly Thr Gly Met Leu Pro Asp Trp Gln Tyr		
130	135	140
Glu Lys Leu Val Asp Gly Ser Thr Arg Leu Val Val Leu Ser Ala Ala		
145	150	155 160
His Pro Leu Leu Gly Thr Val Ala Pro Val Gly Lys Ile Val Asp Lys		
165	170	175
Val Arg Ala Arg Ser Arg Ala Trp Val Leu Val Asp Ala Thr Thr Tyr		
180	185	190
Ala Ala Tyr Arg Pro Leu Arg Leu Asp Glu Trp Glu Ala Asp Ile Val		
195	200	205
Met Leu Asp Leu Gly Glu Leu Gly Gly Pro Gln Ile Ser Ala Leu Ile		
210	215	220
Phe Arg Asp Thr Ser Met Phe Pro Arg Leu Asp Arg Thr Val Pro Leu		
225	230	235 240
Glu Leu Pro Ala Ser Ser Leu Pro His Gly Leu Leu Gly Gly Val Pro		
245	250	255
Asn Leu Val Arg His Leu Gly Asn Leu Asp Glu Asn Ala Pro Ser Val		
260	265	270
Val Glu Ala Met Gly Glu Met Ala Lys Phe His Lys Gly Leu Phe Glu		
275	280	285
His Leu Val Glu Ser Leu Glu Gly Leu His Ala Val His Ile Val Gly		
290	295	300
Ile Ser Gly Asp Ala Ala Gly Gln Asp Ala Pro Phe Leu Asp Arg Val		
305	310	315 320
Pro Arg Leu Thr Phe Thr Met Glu Gly Val Pro Ala Asp Met Val Tyr		

325 330 335

Arg Arg Leu Val Asp Asn Arg Leu Ile Thr Thr Val Ser Pro Ala Asp
340 345 350

Pro Leu Leu Glu Ala Met Gly Val Thr Glu Ala Gly Gly Ser Ile Thr
355 360 365

Ile Gly Leu Ser Pro Phe Ser Thr Tyr Tyr Glu Val Asp Gln Leu Thr
370 375 380

Arg Val Leu Ala Ser Leu Ala
385 390

<210> 653
<211> 638
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(615)
<223> FRXA00435

<400> 653
gtc gac gcc acc acc tac gca gcc tac cgc ccc ctg cgc cta gac gag 48
Val Asp Ala Thr Thr Tyr Ala Ala Tyr Arg Pro Leu Arg Leu Asp Glu
1 5 10 15

tgg gaa gcc gat atc gtc atg ctt gat ctc ggc gag ttg ggc ggc ccg 96
Trp Glu Ala Asp Ile Val Met Leu Asp Leu Gly Glu Leu Gly Gly Pro
20 25 30

cag att tcg gcg ttg att ttc cgt gat acc tcg atg ttc ccg cgc ctg 144
Gln Ile Ser Ala Leu Ile Phe Arg Asp Thr Ser Met Phe Pro Arg Leu
35 40 45

gat cgc acc gtt cca ctc gaa ctg ccc gca agc tcc ctg ccg cat ggg 192
Asp Arg Thr Val Pro Leu Glu Leu Pro Ala Ser Ser Leu Pro His Gly
50 55 60

ctg ctc ggc ggc gtg ccc aac ctg gtg cgg cac ctg gga aac ctg gat 240
Leu Leu Gly Gly Val Pro Asn Leu Val Arg His Leu Gly Asn Leu Asp

65 70 75 80

gaa aac gcc ccg tcc gtc gtt gag gcg atg ggg gag atg gcg aaa ttc 288
Glu Asn Ala Pro Ser Val Val Glu Ala Met Gly Glu Met Ala Lys Phe

85 90 95

cac aag gga ctt ttt gag cat ctt gtg gaa tcg ctc gaa gga ctt cac 336
His Lys Gly Leu Phe Glu His Leu Val Glu Ser Leu Glu Gly Leu His

100 105 110

gcg gtg cat atc gtg gga att tcc ggc gat gcc gca ggt caa gac gcc 384
Ala Val His Ile Val Gly Ile Ser Gly Asp Ala Ala Gly Gln Asp Ala

115 120 125

ccg ttc ctg gat cga gtg ccc cgc ttg acc ttc acc atg gaa ggc gtg 432
Pro Phe Leu Asp Arg Val Pro Arg Leu Thr Phe Thr Met Glu Gly Val

130 135 140

ccc gca gat atg gtg tac cgc cga ttg gtg gac aat cgt ttg atc act 480
Pro Ala Asp Met Val Tyr Arg Arg Leu Val Asp Asn Arg Leu Ile Thr

145 150 155 160

acc gtc agc cct gct gac ccg ctg ctc gaa gca atg ggt gtg act gaa 528
Thr Val Ser Pro Ala Asp Pro Leu Leu Glu Ala Met Gly Val Thr Glu

165 170 175

gct ggc gga tcg atc act atc gga cta agc ccg ttt agc acc tac tat 576
Ala Gly Gly Ser Ile Thr Ile Gly Leu Ser Pro Phe Ser Thr Tyr Tyr

180 185 190

gaa gtg gat cag ctg acc agg gtg ctg gca tcg ctt gcc taaaccgcaa 625
Glu Val Asp Gln Leu Thr Arg Val Leu Ala Ser Leu Ala

195 200 205

gcacgagctt gcc 638

<210> 654

<211> 205

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 654

Val Asp Ala Thr Thr Tyr Ala Ala Tyr Arg Pro Leu Arg Leu Asp Glu
1 5 10 15

Trp Glu Ala Asp Ile Val Met Leu Asp Leu Gly Glu Leu Gly Gly Pro
20 25 30

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

Asp Arg Thr Val Pro Leu Glu Leu Pro Ala Ser Ser Leu Pro His Gly
50 55 60

Leu Leu Gly Gly Val Pro Asn Leu Val Arg His Leu Gly Asn Leu Asp
65 70 75 80

Glu Asn Ala Pro Ser Val Val Glu Ala Met Gly Glu Met Ala Lys Phe
85 90 95

His Lys Gly Leu Phe Glu His Leu Val Glu Ser Leu Glu Gly Leu His
100 105 110

Ala Val His Ile Val Gly Ile Ser Gly Asp Ala Ala Gly Gln Asp Ala
115 120 125

Pro Phe Leu Asp Arg Val Pro Arg Leu Thr Phe Thr Met Glu Gly Val
130 135 140

Pro Ala Asp Met Val Tyr Arg Arg Leu Val Asp Asn Arg Leu Ile Thr
145 150 155 160

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

Ala Gly Gly Ser Ile Thr Ile Gly Leu Ser Pro Phe Ser Thr Tyr Tyr
180 185 190

Glu Val Asp Gln Leu Thr Arg Val Leu Ala Ser Leu Ala
195 200 205

<210> 655
 <211> 535
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(535)
 <223> FRXA02801

<400> 655
 cgacaggtga attcatgcac gtttgagtgt cccgtgtgtg gggtaatgtt gtccaagaga 60

gtggaaggaa atgctgtggc ggttgaaagg agtgcctttc gtg ggt ttt gat gtg 115
 Val Gly Phe Asp Val

1 5

gcc agg gtt cgg ggg ctt tat acc tct ttg ggc gat ggc tgg acg tac 163
 Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly Asp Gly Trp Thr Tyr

10 15 20

ctt aat tca cat caa att ccg cag gtt ccg gag cgg gtg gcg tcg gga 211
 Leu Asn Ser His Gln Ile Pro Gln Val Pro Glu Arg Val Ala Ser Gly

25 30 35

gtt gcg gcg gct ttc cgc acg cat gcg cag att tct gag gtg acg tcg 259
 Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile Ser Glu Val Thr Ser

40 45 50

cag ccg att gcg gtg gat cag ttg gag gct gct cgc gag gca gtt gcg 307
 Gln Pro Ile Ala Val Asp Gln Leu Glu Ala Ala Arg Glu Ala Val Ala

55 60 65

tcg ttg gcg ggt gtg gat ccg gac tgt gtt gtg ctg ggt ccc acg agg 355
 Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val Leu Gly Pro Thr Arg

70 75 80 85

cag ttt ttg gct cat aca ttg gcg cgc ggt ttg ggt ggg ttt gta cgt 403
 Gln Phe Leu Ala His Thr Leu Ala Arg Gly Leu Gly Gly Phe Val Arg

90 95 100

cga aaa gcg ggc gtg gtg ttg tcg cgc gcg gac gcg gac tgg ctg acc 451

Arg Lys Ala Gly Val Val Leu Ser Arg Ala Asp Ala Asp Trp Leu Thr

105

110

115

gcg ccg ttc cgc tcc ctc gac ggc gtt ttt agc tgg gcc gag ccc gat 499
Ala Pro Phe Arg Ser Leu Asp Gly Val Phe Ser Trp Ala Glu Pro Asp

120

125

130

ttg ggc acc ggc atg ctg ccg gat tgg cag tac cag 535
Leu Gly Thr Gly Met Leu Pro Asp Trp Gln Tyr Gln

135

140

145

<210> 656

<211> 145

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 656

Val Gly Phe Asp Val Ala Arg Val Arg Gly Leu Tyr Thr Ser Leu Gly
1 5 10 15

Asp Gly Trp Thr Tyr Leu Asn Ser His Gln Ile Pro Gln Val Pro Glu
20 25 30

Arg Val Ala Ser Gly Val Ala Ala Ala Phe Arg Thr His Ala Gln Ile
35 40 45

Ser Glu Val Thr Ser Gln Pro Ile Ala Val Asp Gln Leu Glu Ala Ala
50 55 60

Arg Glu Ala Val Ala Ser Leu Ala Gly Val Asp Pro Asp Cys Val Val
65 70 75 80

Leu Gly Pro Thr Arg Gln Phe Leu Ala His Thr Leu Ala Arg Gly Leu
85 90 95

Gly Gly Phe Val Arg Arg Lys Ala Gly Val Val Leu Ser Arg Ala Asp
100 105 110

Ala Asp Trp Leu Thr Ala Pro Phe Arg Ser Leu Asp Gly Val Phe Ser
115 120 125

Trp Ala Glu Pro Asp Leu Gly Thr Gly Met Leu Pro Asp Trp Gln Tyr

130

135

140

Gln

145

<210> 657

<211> 1386

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1363)

<223> RXA02516

<400> 657

ttcattcacg ttttcgcgaa tggccagatt gtgaccaccg gtggcgctga gcttgctgac 60

aagctcgagg ctgacggcta cgaccagttc atcaagtaac atg tcc gat ttc ctc 115
Met Ser Asp Phe Leu

1 5

aat gca gat gga tcc ctc aat gtg gat aag gtg cgg gaa gaa ttc cca 163
Asn Ala Asp Gly Ser Leu Asn Val Asp Lys Val Arg Glu Glu Phe Pro

10 15 20

atc ctg aag cgc act gtt agg gat ggg aaa ccg ctt gct tac ctg gac 211
Ile Leu Lys Arg Thr Val Arg Asp Gly Lys Pro Leu Ala Tyr Leu Asp

25 30 35

tca ggt gcg aca tcg cag cga ccc gag cgg gtg tgg cgt gca gag gag 259
Ser Gly Ala Thr Ser Gln Arg Pro Glu Arg Val Trp Arg Ala Glu Glu

40 45 50

cac ttt gtg ctg cac acc aac gcc ccc gtg cac cgc ggt gcc tac caa 307
His Phe Val Leu His Thr Asn Ala Pro Val His Arg Gly Ala Tyr Gln

55 60 65

ctg gct gag gaa gca acg gat gct tat gaa ggt gcc cgc gag aag atc 355
Leu Ala Glu Glu Ala Thr Asp Ala Tyr Glu Gly Ala Arg Glu Lys Ile

70 75 80 85

gct gcc ttt gtt ggt gcc gag cag cat gaa att gcg ttc act aag aat 403

Ala Ala Phe Val Gly Ala Glu Gln His Glu Ile Ala Phe Thr Lys Asn	
90	95
100	
gca act gaa gca ctc aat ctt gtt gcg tac acc ttg ggt gat gac cgt	451
Ala Thr Glu Ala Leu Asn Leu Val Ala Tyr Thr Leu Gly Asp Asp Arg	
105	110
115	
tcc ggt aag tat cgt gtc cag gcc ggg gat acc gtg gtc atc acg gag	499
Ser Gly Lys Tyr Arg Val Gln Ala Gly Asp Thr Val Val Ile Thr Glu	
120	125
130	
cta gag cac cac gca aac ttg gtg cca tgg cag gag ctg tgc cgt cga	547
Leu Glu His His Ala Asn Leu Val Pro Trp Gln Glu Leu Cys Arg Arg	
135	140
145	
acc ggt gcg aca ttg aag tgg tac aag gtg act gaa gat ggt cgc att	595
Thr Gly Ala Thr Leu Lys Trp Tyr Lys Val Thr Glu Asp Gly Arg Ile	
150	155
160	165
gat ctc gat tca ctc gag ctt gat gaa act gtc aag gtc gtt gcc ttc	643
Asp Leu Asp Ser Leu Glu Leu Asp Glu Thr Val Lys Val Val Ala Phe	
170	175
180	
act cac cag tcc aat gtg acc ggt gct gtg gct gat gtt cca gag ttg	691
Thr His Gln Ser Asn Val Thr Gly Ala Val Ala Asp Val Pro Glu Leu	
185	190
195	
gtt cgt cgt gcc aag gct gtc ggc gct ctc acg gtg ctt gat gcg tgc	739
Val Arg Arg Ala Lys Ala Val Gly Ala Leu Thr Val Leu Asp Ala Cys	
200	205
210	
cag tct gtt cct cat atg cca gtg aat ttc cac gag ctg gat gta gat	787
Gln Ser Val Pro His Met Pro Val Asn Phe His Glu Leu Asp Val Asp	
215	220
225	
ttc tct gca ttc tct ggc cat aag atg ctg gga cct gca ggc gtg ggc	835
Phe Ser Ala Phe Ser Gly His Lys Met Leu Gly Pro Ala Gly Val Gly	
230	235
240	245
gtt gtg tat gca aag tcc cca atc ttg gat gaa ctg cca cca ttt ttg	883

Val Val Tyr Ala Lys Ser Pro Ile Leu Asp Glu Leu Pro Pro Phe Leu	
250	255
260	
act ggt ggt tcc atg att gaa gtt gtc acc atg gag ggt tcc acc tac	931
Thr Gly Gly Ser Met Ile Glu Val Val Thr Met Glu Gly Ser Thr Tyr	
265	270
275	
gct gcc gca cct caa cgt ttt gag gcc ggc acg cag atg acc agc cag	979
Ala Ala Ala Pro Gln Arg Phe Glu Ala Gly Thr Gln Met Thr Ser Gln	
280	285
290	
gtt gtg ggc ttg ggt gct gcc gtg gac atg ctg aat gaa atc ggt atg	1027
Val Val Gly Leu Gly Ala Ala Val Asp Met Leu Asn Glu Ile Gly Met	
295	300
305	
gaa gca atc gca gcg cat gag cac gca ttg act gct tac gcg ttg gaa	1075
Glu Ala Ile Ala Ala His Glu His Ala Leu Thr Ala Tyr Ala Leu Glu	
310	315
320	325
aag ctc acg gca att aag gga cta acc att gct ggt cct ttg act gca	1123
Lys Leu Thr Ala Ile Lys Gly Leu Thr Ile Ala Gly Pro Leu Thr Ala	
330	335
340	
gag cag cgc ggc ggt gca atc agc ttc ggt gtc gag ggc att cac cca	1171
Glu Gln Arg Gly Gly Ala Ile Ser Phe Gly Val Glu Gly Ile His Pro	
345	350
355	
cac gat cta ggc caa gtg ctt gac gat cag ggc gtg aat atc cgc gtc	1219
His Asp Leu Gly Gln Val Leu Asp Asp Gln Gly Val Asn Ile Arg Val	
360	365
370	
ggc cac cac tgc gcg tgg ccc gtg cac cgc agc atg aac gta caa tcg	1267
Gly His His Cys Ala Trp Pro Val His Arg Ser Met Asn Val Gln Ser	
375	380
385	
aca gca aga gca tct ttc tat ctc tat aac acc ttc gaa gaa atc gac	1315
Thr Ala Arg Ala Ser Phe Tyr Leu Tyr Asn Thr Phe Glu Glu Ile Asp	
390	395
400	405
cgc ctc gcg gca gcg atc gag aag gcc aag caa ttc ttt gga gtt gag	1363

Arg Leu Ala Ala Ala Ile Glu Lys Ala Lys Gln Phe Phe Gly Val Glu

410

415

420

taatgaacct tgagcagatg tac

1386

<210> 658

<211> 421

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 658

Met Ser Asp Phe Leu Asn Ala Asp Gly Ser Leu Asn Val Asp Lys Val
1 5 10 15

Arg Glu Glu Phe Pro Ile Leu Lys Arg Thr Val Arg Asp Gly Lys Pro
20 25 30

Leu Ala Tyr Leu Asp Ser Gly Ala Thr Ser Gln Arg Pro Glu Arg Val
35 40 45

Trp Arg Ala Glu Glu His Phe Val Leu His Thr Asn Ala Pro Val His
50 55 60

Arg Gly Ala Tyr Gln Leu Ala Glu Glu Ala Thr Asp Ala Tyr Glu Gly
65 70 75 80

Ala Arg Glu Lys Ile Ala Ala Phe Val Gly Ala Glu Gln His Glu Ile
85 90 95

Ala Phe Thr Lys Asn Ala Thr Glu Ala Leu Asn Leu Val Ala Tyr Thr
100 105 110

Leu Gly Asp Asp Arg Ser Gly Lys Tyr Arg Val Gln Ala Gly Asp Thr
115 120 125

Val Val Ile Thr Glu Leu Glu His His Ala Asn Leu Val Pro Trp Gln
130 135 140

Glu Leu Cys Arg Arg Thr Gly Ala Thr Leu Lys Trp Tyr Lys Val Thr
145 150 155 160

Glu Asp Gly Arg Ile Asp Leu Asp Ser Leu Glu Leu Asp Glu Thr Val
165 170 175

Lys Val Val Ala Phe Thr His Gln Ser Asn Val Thr Gly Ala Val Ala
180 185 190

Asp Val Pro Glu Leu Val Arg Arg Ala Lys Ala Val Gly Ala Leu Thr
195 200 205

Val Leu Asp Ala Cys Gln Ser Val Pro His Met Pro Val Asn Phe His
210 215 220

Glu Leu Asp Val Asp Phe Ser Ala Phe Ser Gly His Lys Met Leu Gly
225 230 235 240

Pro Ala Gly Val Gly Val Val Tyr Ala Lys Ser Pro Ile Leu Asp Glu
245 250 255

Leu Pro Pro Phe Leu Thr Gly Gly Ser Met Ile Glu Val Val Thr Met
260 265 270

Glu Gly Ser Thr Tyr Ala Ala Ala Pro Gln Arg Phe Glu Ala Gly Thr
275 280 285

Gln Met Thr Ser Gln Val Val Gly Leu Gly Ala Ala Val Asp Met Leu
290 295 300

Asn Glu Ile Gly Met Glu Ala Ile Ala Ala His Glu His Ala Leu Thr
305 310 315 320

Ala Tyr Ala Leu Glu Lys Leu Thr Ala Ile Lys Gly Leu Thr Ile Ala
325 330 335

Gly Pro Leu Thr Ala Glu Gln Arg Gly Gly Ala Ile Ser Phe Gly Val
340 345 350

Glu Gly Ile His Pro His Asp Leu Gly Gln Val Leu Asp Asp Gln Gly
355 360 365

Val Asn Ile Arg Val Gly His His Cys Ala Trp Pro Val His Arg Ser
370 375 380

Met Asn Val Gln Ser Thr Ala Arg Ala Ser Phe Tyr Leu Tyr Asn Thr
385 390 395 400

Phe Glu Glu Ile Asp Arg Leu Ala Ala Ala Ile Glu Lys Ala Lys Gln
405 410 415

Phe Phe Gly Val Glu
420

<210> 659

<211> 570

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(547)

<223> RXA02517

<400> 659

cgacagcaag agcatctttc tatctctata acaccttcga agaaatcgac cgcctcgagg 60

cagcgatcga gaaggccaag caattctttg gagttgagta atg aac ctt gag cag 115
Met Asn Leu Glu Gln

1 5

atg tac cag gag gtg atc ctg gac cac tac aaa aac cca cag cac aag 163
Met Tyr Gln Glu Val Ile Leu Asp His Tyr Lys Asn Pro Gln His Lys

10 15 20

ggc ctt cgg gat cct ttc gat gct gag gtt cac cac gtc aac cct tct 211
Gly Leu Arg Asp Pro Phe Asp Ala Glu Val His His Val Asn Pro Ser

25 30 35

tgt ggc gac gaa ttg act ctg cgc gtg aag ctg tct gag gac ggc tcc 259
Cys Gly Asp Glu Leu Thr Leu Arg Val Lys Leu Ser Glu Asp Gly Ser

40 45 50

acc gtg gag gac gtc tcc tac gaa gca gtt ggt tgc tca atc agc cag 307
Thr Val Glu Asp Val Ser Tyr Glu Ala Val Gly Cys Ser Ile Ser Gln

55	60	65	
gcc tcc acg tcc gtt atg gcc gag gag atc gtg ggc caa ccc gtc gac			355
Ala Ser Thr Ser Val Met Ala Glu Glu Ile Val Gly Gln Pro Val Asp			
70	75	80	85
aag gcg ctg gaa aag ctc aca gaa ttt gag aag atg atc gtt tcc cgc			403
Lys Ala Leu Glu Lys Leu Thr Glu Phe Glu Lys Met Ile Val Ser Arg			
	90	95	100
ggt cag ttt gtt ggc gat gaa gat ctc atc gga gat ggc gtt gct ttc			451
Gly Gln Phe Val Gly Asp Glu Asp Leu Ile Gly Asp Gly Val Ala Phe			
	105	110	115
tcc gga gtc gcc aag tac ccg gca cgc gtg aag tgc gcg ctg ctt ggg			499
Ser Gly Val Ala Lys Tyr Pro Ala Arg Val Lys Cys Ala Leu Leu Gly			
	120	125	130
tgg aag gct ttc cag gcg gca acc gct gac gct gtt gcg cac gca cat			547
Trp Lys Ala Phe Gln Ala Ala Thr Ala Asp Ala Val Ala His Ala His			
	135	140	145
tagcccgctg tattaattgg agg			570

<210> 660

<211> 149

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 660

Met Asn Leu Glu Gln Met Tyr Gln Glu Val Ile Leu Asp His Tyr Lys

1 5 10 15

Asn Pro Gln His Lys Gly Leu Arg Asp Pro Phe Asp Ala Glu Val His

20 25 30

His Val Asn Pro Ser Cys Gly Asp Glu Leu Thr Leu Arg Val Lys Leu

35 40 45

Ser Glu Asp Gly Ser Thr Val Glu Asp Val Ser Tyr Glu Ala Val Gly

50 55 60

Cys Ser Ile Ser Gln Ala Ser Thr Ser Val Met Ala Glu Glu Ile Val
65 70 75 80

Gly Gln Pro Val Asp Lys Ala Leu Glu Lys Leu Thr Glu Phe Glu Lys
85 90 95

Met Ile Val Ser Arg Gly Gln Phe Val Gly Asp Glu Asp Leu Ile Gly
100 105 110

Asp Gly Val Ala Phe Ser Gly Val Ala Lys Tyr Pro Ala Arg Val Lys
115 120 125

Cys Ala Leu Leu Gly Trp Lys Ala Phe Gln Ala Ala Thr Ala Asp Ala
130 135 140

Val Ala His Ala His
145

<210> 661
<211> 1167
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1144)
<223> RXA01747

<400> 661
cgaagtagag ccgattgcag aatcggcgga atgagacgtc gaaaagcgtt taagctttcc 60

ctaaaaatat cactaactcg aaagatgtaa ggttgcatTT gtg act atc gca cct 115
Val Thr Ile Ala Pro

1 5

gaa gga cga cga ctg cta cgc gtc gaa gct cga aac tca gaa acc ccg 163
Glu Gly Arg Arg Leu Leu Arg Val Glu Ala Arg Asn Ser Glu Thr Pro

10 15 20

att gag acg aag cct cga tgg att aga aac cag gtc aaa aac gga cct 211
Ile Glu Thr Lys Pro Arg Trp Ile Arg Asn Gln Val Lys Asn Gly Pro

25	30	35	
gag tat cag gat atg aag gaa cgt gtc gct ggc gca tca cta cac act			259
Glu Tyr Gln Asp Met Lys Glu Arg Val Ala Gly Ala Ser Leu His Thr			
40	45	50	
gtg tgt cag gag gct ggc tgt cct aat atc cat gag tgt tgg gaa tcc			307
Val Cys Gln Glu Ala Gly Cys Pro Asn Ile His Glu Cys Trp Glu Ser			
55	60	65	
cgt gag gca acc ttc ctc att ggt ggc gcc aac tgc tct cgc cgc tgt			355
Arg Glu Ala Thr Phe Leu Ile Gly Gly Ala Asn Cys Ser Arg Arg Cys			
70	75	80	85
gat ttc tgc atg atc aac tcg gct cgc cct gag cca ctc gac cgc ggt			403
Asp Phe Cys Met Ile Asn Ser Ala Arg Pro Glu Pro Leu Asp Arg Gly			
90	95	100	
gag cca ctg cgt gtc gct gag tct gtt cgt gag atg cag ctg aat tac			451
Glu Pro Leu Arg Val Ala Glu Ser Val Arg Glu Met Gln Leu Asn Tyr			
105	110	115	
tcc acc atc acc ggt gtt acc cgt gat gat ctg gat gat gaa ggc gca			499
Ser Thr Ile Thr Gly Val Thr Arg Asp Asp Leu Asp Asp Glu Gly Ala			
120	125	130	
tgg ctg tac tca gaa gtg gtt cgt aag atc cac gag ctg aac cca cac			547
Trp Leu Tyr Ser Glu Val Val Arg Lys Ile His Glu Leu Asn Pro His			
135	140	145	
acc ggt gtg gaa aac ctg gtg cct gat ttc tcc ggc aag aag gat ctg			595
Thr Gly Val Glu Asn Leu Val Pro Asp Phe Ser Gly Lys Lys Asp Leu			
150	155	160	165
ctg cag gaa gtt ttt gaa tcc cgc cca gag gtt ttc gct cac aac gtg			643
Leu Gln Glu Val Phe Glu Ser Arg Pro Glu Val Phe Ala His Asn Val			
170	175	180	
gaa act gtg cca cgt att ttc aag cgc att cgc cca gca ttc cgc tac			691
Glu Thr Val Pro Arg Ile Phe Lys Arg Ile Arg Pro Ala Phe Arg Tyr			

185	190	195	
gag cgt tca ctt gat gtg atc cgt cag gct cgc gat ttc ggt ctg gtg			739
Glu Arg Ser Leu Asp Val Ile Arg Gln Ala Arg Asp Phe Gly Leu Val			
200	205	210	
acc aag tcc aac ctg att ttg ggc atg ggt gaa acc aag gaa gaa atc			787
Thr Lys Ser Asn Leu Ile Leu Gly Met Gly Glu Thr Lys Glu Glu Ile			
215	220	225	
acc gag gcg ctg cag gat ctg cac gac gct ggc tgt gac atc atc acc			835
Thr Glu Ala Leu Gln Asp Leu His Asp Ala Gly Cys Asp Ile Ile Thr			
230	235	240	245
atc acc cag tac ctg cgt cct ggt cct ttg ttc cac ccc atc gag cgt			883
Ile Thr Gln Tyr Leu Arg Pro Gly Pro Leu Phe His Pro Ile Glu Arg			
250	255	260	
tgg gtg aag cct gag gag ttc ctc gag cac gct gat gct gca aag gaa			931
Trp Val Lys Pro Glu Glu Phe Leu Glu His Ala Asp Ala Ala Lys Glu			
265	270	275	
atg ggc ttc gct gct gtt atg tcc ggc cca ttg gtt cgt tcc tct tac			979
Met Gly Phe Ala Ala Val Met Ser Gly Pro Leu Val Arg Ser Ser Tyr			
280	285	290	
cgt gca ggc cgt ctg tac gcg cag gcc atg gag ttc cgt ggc gag gaa			1027
Arg Ala Gly Arg Leu Tyr Ala Gln Ala Met Glu Phe Arg Gly Glu Glu			
295	300	305	
atc cca gca cac ctc gcg cac ctg aag gat act tcc gga gga tcc acc			1075
Ile Pro Ala His Leu Ala His Leu Lys Asp Thr Ser Gly Gly Ser Thr			
310	315	320	325
gcc cag gaa gca tct aca ctt ctg gag cgt tac ggt gct tcc gaa gac			1123
Ala Gln Glu Ala Ser Thr Leu Leu Glu Arg Tyr Gly Ala Ser Glu Asp			
330	335	340	
acc cca gtg gtg tcc ttc aac taagcccgaa gttttttaac cgc			1167
Thr Pro Val Val Ser Phe Asn			

345

<210> 662

<211> 348

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 662

Val Thr Ile Ala Pro Glu Gly Arg Arg Leu Leu Arg Val Glu Ala Arg
1 5 10 15

Asn Ser Glu Thr Pro Ile Glu Thr Lys Pro Arg Trp Ile Arg Asn Gln
20 25 30

Val Lys Asn Gly Pro Glu Tyr Gln Asp Met Lys Glu Arg Val Ala Gly
35 40 45

Ala Ser Leu His Thr Val Cys Gln Glu Ala Gly Cys Pro Asn Ile His
50 55 60

Glu Cys Trp Glu Ser Arg Glu Ala Thr Phe Leu Ile Gly Gly Ala Asn
65 70 75 80

Cys Ser Arg Arg Cys Asp Phe Cys Met Ile Asn Ser Ala Arg Pro Glu
85 90 95

Pro Leu Asp Arg Gly Glu Pro Leu Arg Val Ala Glu Ser Val Arg Glu
100 105 110

Met Gln Leu Asn Tyr Ser Thr Ile Thr Gly Val Thr Arg Asp Asp Leu
115 120 125

Asp Asp Glu Gly Ala Trp Leu Tyr Ser Glu Val Val Arg Lys Ile His
130 135 140

Glu Leu Asn Pro His Thr Gly Val Glu Asn Leu Val Pro Asp Phe Ser
145 150 155 160

Gly Lys Lys Asp Leu Leu Gln Glu Val Phe Glu Ser Arg Pro Glu Val
165 170 175

Phe Ala His Asn Val Glu Thr Val Pro Arg Ile Phe Lys Arg Ile Arg

180	185	190
Pro Ala Phe Arg Tyr Glu Arg Ser Leu Asp Val Ile Arg Gln Ala Arg		
195	200	205
Asp Phe Gly Leu Val Thr Lys Ser Asn Leu Ile Leu Gly Met Gly Glu		
210	215	220
Thr Lys Glu Glu Ile Thr Glu Ala Leu Gln Asp Leu His Asp Ala Gly		
225	230	235 240
Cys Asp Ile Ile Thr Ile Thr Gln Tyr Leu Arg Pro Gly Pro Leu Phe		
245	250	255
His Pro Ile Glu Arg Trp Val Lys Pro Glu Glu Phe Leu Glu His Ala		
260	265	270
Asp Ala Ala Lys Glu Met Gly Phe Ala Ala Val Met Ser Gly Pro Leu		
275	280	285
Val Arg Ser Ser Tyr Arg Ala Gly Arg Leu Tyr Ala Gln Ala Met Glu		
290	295	300
Phe Arg Gly Glu Glu Ile Pro Ala His Leu Ala His Leu Lys Asp Thr		
305	310	315 320
Ser Gly Gly Ser Thr Ala Gln Glu Ala Ser Thr Leu Leu Glu Arg Tyr		
325	330	335
Gly Ala Ser Glu Asp Thr Pro Val Val Ser Phe Asn		
340	345	

<210> 663
 <211> 876
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(853)
 <223> RXA01746

<400> 663

aaaccgccac tcccccttca ctggggagtg gcggttttgt cgtttcatgc atgcagtgtg 60

tgacttatca accttgtag ggctagggtg gatatctatc atg act gca cca aga 115
Met Thr Ala Pro Arg

1 5

gat cct ttt ttc ccc gca gat ctt tct atc cgc gcg tct gca gag ccc 163
Asp Pro Phe Phe Pro Ala Asp Leu Ser Ile Arg Ala Ser Ala Glu Pro

10 15 20

att gaa att cag cgg ttg ggt ttg atc gat tat caa gag gcc tgg gat 211
Ile Glu Ile Gln Arg Leu Gly Leu Ile Asp Tyr Gln Glu Ala Trp Asp

25 30 35

tat caa gca gag ctt gct acc cgt agg gct aat gat gaa atc cct gat 259
Tyr Gln Ala Glu Leu Ala Thr Arg Arg Ala Asn Asp Glu Ile Pro Asp

40 45 50

cag ctg ctt att ttg gag cac ccg tcg gtg tat acc gca ggt aag cgc 307
Gln Leu Leu Ile Leu Glu His Pro Ser Val Tyr Thr Ala Gly Lys Arg

55 60 65

acc cag ccg gaa gat ctt ccc acc aac gga ctg ccg gtg atc aat gct 355
Thr Gln Pro Glu Asp Leu Pro Thr Asn Gly Leu Pro Val Ile Asn Ala

70 75 80 85

gat cgt ggt ggt cgc atc acg tgg cat ggt cct ggc caa ttg gtg atc 403
Asp Arg Gly Gly Arg Ile Thr Trp His Gly Pro Gly Gln Leu Val Ile

90 95 100

tat ccg atc atc aaa tta gcc gat ccg atc gat gtg gtt gat tac gta 451
Tyr Pro Ile Ile Lys Leu Ala Asp Pro Ile Asp Val Val Asp Tyr Val

105 110 115

aga cgc ctc gag gaa gcg ctc atc caa gtt gtc ggc gat atg ggt gtt 499
Arg Arg Leu Glu Glu Ala Leu Ile Gln Val Val Gly Asp Met Gly Val

120 125 130

gcc ggc gct ggg cgc att gat ggg cgt tcg ggt gtg tgg gtg cca gct 547
Ala Gly Ala Gly Arg Ile Asp Gly Arg Ser Gly Val Trp Val Pro Ala

135	140	145	
cat gat ggt tgg gtg gac agc aag gtt gcg gcc atc ggc att cga ata 595			
His Asp Gly Trp Val Asp Ser Lys Val Ala Ala Ile Gly Ile Arg Ile			
150	155	160	165
act cgt ggt gtt gca atg cac ggt gtg gcc atc aac tgc aac aac acg 643			
Thr Arg Gly Val Ala Met His Gly Val Ala Ile Asn Cys Asn Asn Thr			
	170	175	180
ttg gat ttc tat gag cac atc att ccg tgt ggc att gct gat gca ggc 691			
Leu Asp Phe Tyr Glu His Ile Ile Pro Cys Gly Ile Ala Asp Ala Gly			
	185	190	195
ttg agc aca ctc tcg agg gaa ctg aaa agg gac gtt tca gtt gag gaa 739			
Leu Ser Thr Leu Ser Arg Glu Leu Lys Arg Asp Val Ser Val Glu Glu			
	200	205	210
tta gtc gag cca tcg atc cgc gca ttg gat gat gct ttg gct ggt cgg 787			
Leu Val Glu Pro Ser Ile Arg Ala Leu Asp Asp Ala Leu Ala Gly Arg			
	215	220	225
ctg gtt gtt tct gat cat tct ttc ggc agc gcg ccc gac cca act aag 835			
Leu Val Val Ser Asp His Ser Phe Gly Ser Ala Pro Asp Pro Thr Lys			
230	235	240	245
aat ctc cct aaa cgg ggg tagtacgagg aattttgtcg gtg 876			
Asn Leu Pro Lys Arg Gly			
	250		

<210> 664
 <211> 251
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 664
 Met Thr Ala Pro Arg Asp Pro Phe Phe Pro Ala Asp Leu Ser Ile Arg
 1 5 10 15
 Ala Ser Ala Glu Pro Ile Glu Ile Gln Arg Leu Gly Leu Ile Asp Tyr
 20 25 30

Gln Glu Ala Trp Asp Tyr Gln Ala Glu Leu Ala Thr Arg Arg Ala Asn
35 40 45

Asp Glu Ile Pro Asp Gln Leu Leu Ile Leu Glu His Pro Ser Val Tyr
50 55 60

Thr Ala Gly Lys Arg Thr Gln Pro Glu Asp Leu Pro Thr Asn Gly Leu
65 70 75 80

Pro Val Ile Asn Ala Asp Arg Gly Gly Arg Ile Thr Trp His Gly Pro
85 90 95

Gly Gln Leu Val Ile Tyr Pro Ile Ile Lys Leu Ala Asp Pro Ile Asp
100 105 110

Val Val Asp Tyr Val Arg Arg Leu Glu Glu Ala Leu Ile Gln Val Val
115 120 125

Gly Asp Met Gly Val Ala Gly Ala Gly Arg Ile Asp Gly Arg Ser Gly
130 135 140

Val Trp Val Pro Ala His Asp Gly Trp Val Asp Ser Lys Val Ala Ala
145 150 155 160

Ile Gly Ile Arg Ile Thr Arg Gly Val Ala Met His Gly Val Ala Ile
165 170 175

Asn Cys Asn Asn Thr Leu Asp Phe Tyr Glu His Ile Ile Pro Cys Gly
180 185 190

Ile Ala Asp Ala Gly Leu Ser Thr Leu Ser Arg Glu Leu Lys Arg Asp
195 200 205

Val Ser Val Glu Glu Leu Val Glu Pro Ser Ile Arg Ala Leu Asp Asp
210 215 220

Ala Leu Ala Gly Arg Leu Val Val Ser Asp His Ser Phe Gly Ser Ala
225 230 235 240

Pro Asp Pro Thr Lys Asn Leu Pro Lys Arg Gly

245

250

<210> 665
<211> 1179
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1156)
<223> RXA02106

<400> 665
ggtcgccgct tttcgacgcc cgcctgcggc gggatgactg tgatggaggg gcgcgtcgac 60

aagcaaaatc tctttagcaa attcggttac tgtggggcgc atg aat aac cat ttt 115
Met Asn Asn His Phe

1 5

gag ctc aaa gta cct ggt gga aag ctt gtc gtc gtt gat gtg acc acc 163
Glu Leu Lys Val Pro Gly Gly Lys Leu Val Val Val Asp Val Thr Thr

10 15 20

gat ctg gat tcc att gct gac gtg aag att tcc ggc gat ttc ttc ctc 211
Asp Leu Asp Ser Ile Ala Asp Val Lys Ile Ser Gly Asp Phe Phe Leu

25 30 35

gaa ccc gat gag gca ttc ttc gcc ctt ggc cgg gcg ctg cag ggg gcg 259
Glu Pro Asp Glu Ala Phe Phe Ala Leu Gly Arg Ala Leu Gln Gly Ala

40 45 50

tcg gtg ggt gat aac act gat cgt ttg cag gca aag ttg gat gca gcg 307
Ser Val Gly Asp Asn Thr Asp Arg Leu Gln Ala Lys Leu Asp Ala Ala

55 60 65

ttg gcg gaa tat gat gac gtt gag cta cac ggc ttt agc act gcg gat 355
Leu Ala Glu Tyr Asp Asp Val Glu Leu His Gly Phe Ser Thr Ala Asp

70 75 80 85

att gct tta gct gtg cgt cgg gca gtc acc ggc gcg caa gat ttc acc 403
Ile Ala Leu Ala Val Arg Arg Ala Val Thr Gly Ala Gln Asp Phe Thr

90	95	100	
gat tat gaa tgg gaa atc ctg cac cca ggg gtg ctt cct acc cca ctt 451			
Asp Tyr Glu Trp Glu Ile Leu His Pro Gly Val Leu Pro Thr Pro Leu			
105	110	115	
aac gtt gcg ttg gat gag ctc ctt ttg gac caa gtt gcc agt ggt cag 499			
Asn Val Ala Leu Asp Glu Leu Leu Leu Asp Gln Val Ala Ser Gly Gln			
120	125	130	
cgt ggc ccg acg atg cgc att tgg gat tgg gat gat cgc gcc aca gtg 547			
Arg Gly Pro Thr Met Arg Ile Trp Asp Trp Asp Asp Arg Ala Thr Val			
135	140	145	
atc ggt agt ttc cag tca tat gtc aat gaa atc aac caa gaa ggc gtt 595			
Ile Gly Ser Phe Gln Ser Tyr Val Asn Glu Ile Asn Gln Glu Gly Val			
150	155	160	165
aat gaa cat ggt gtg acc gtg gta cga cgc atg tct ggt ggc ggt gca 643			
Asn Glu His Gly Val Thr Val Val Arg Arg Met Ser Gly Gly Gly Ala			
170	175	180	
atg ttt atg gag ggc ggc aac tgc atc acc tat tcc ctg tat gca ccg 691			
Met Phe Met Glu Gly Gly Asn Cys Ile Thr Tyr Ser Leu Tyr Ala Pro			
185	190	195	
gaa tct ctc gtt gct ggt ttg agc tat gag cag tcc tat gaa tat ttg 739			
Glu Ser Leu Val Ala Gly Leu Ser Tyr Glu Gln Ser Tyr Glu Tyr Leu			
200	205	210	
gat cgt tgg gtg att gct gcg ctg aag aca cac gat gtt gac gct tgg 787			
Asp Arg Trp Val Ile Ala Ala Leu Lys Thr His Asp Val Asp Ala Trp			
215	220	225	
tac gtg cct atc aat gac atc acc tcc acc ggc gga aaa atc ggt ggc 835			
Tyr Val Pro Ile Asn Asp Ile Thr Ser Thr Gly Gly Lys Ile Gly Gly			
230	235	240	245
gct gca cag aaa cgt cgc agt ggc gca gtc ctc cac cac gtg acc atg 883			
Ala Ala Gln Lys Arg Arg Ser Gly Ala Val Leu His His Val Thr Met			

250	255	260	
tcc tat gac atc gat gcg gac atg atg acc cag gtg ttg cgc att gga	931		
Ser Tyr Asp Ile Asp Ala Asp Met Met Thr Gln Val Leu Arg Ile Gly			
265	270	275	
aag gtg aag att tcc gac aag ggt ctt cgc agc gca aag aag cgc gtt	979		
Lys Val Lys Ile Ser Asp Lys Gly Leu Arg Ser Ala Lys Lys Arg Val			
280	285	290	
gat cct ctg cgc cgc caa aca ggt gca tca cgt gag caa atc atc gac	1027		
Asp Pro Leu Arg Arg Gln Thr Gly Ala Ser Arg Glu Gln Ile Ile Asp			
295	300	305	
acc cta aag tcc aca ttc agt gct agg tac ggc gcg caa gaa gta gag	1075		
Thr Leu Lys Ser Thr Phe Ser Ala Arg Tyr Gly Ala Gln Glu Val Glu			
310	315	320	325
ctc agc gat gaa gat ttc gcg gca ggc cac gac cta gta aaa acc aaa	1123		
Leu Ser Asp Glu Asp Phe Ala Ala Gly His Asp Leu Val Lys Thr Lys			
330	335	340	
tac gcc acc gag gag tgg act aag cga gtt caa tagtttctat ggatctgcac	1176		
Tyr Ala Thr Glu Glu Trp Thr Lys Arg Val Gln			
345	350		
aag			1179

<210> 666
 <211> 352
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 666
 Met Asn Asn His Phe Glu Leu Lys Val Pro Gly Gly Lys Leu Val Val
 1 5 10 15

Val Asp Val Thr Thr Asp Leu Asp Ser Ile Ala Asp Val Lys Ile Ser
 20 25 30

Gly Asp Phe Phe Leu Glu Pro Asp Glu Ala Phe Phe Ala Leu Gly Arg

35	40	45
Ala Leu Gln Gly Ala Ser Val Gly Asp Asn Thr Asp Arg Leu Gln Ala		
50	55	60
Lys Leu Asp Ala Ala Leu Ala Glu Tyr Asp Asp Val Glu Leu His Gly		
65	70	75
Phe Ser Thr Ala Asp Ile Ala Leu Ala Val Arg Arg Ala Val Thr Gly		
85	90	95
Ala Gln Asp Phe Thr Asp Tyr Glu Trp Glu Ile Leu His Pro Gly Val		
100	105	110
Leu Pro Thr Pro Leu Asn Val Ala Leu Asp Glu Leu Leu Leu Asp Gln		
115	120	125
Val Ala Ser Gly Gln Arg Gly Pro Thr Met Arg Ile Trp Asp Trp Asp		
130	135	140
Asp Arg Ala Thr Val Ile Gly Ser Phe Gln Ser Tyr Val Asn Glu Ile		
145	150	155
Asn Gln Glu Gly Val Asn Glu His Gly Val Thr Val Val Arg Arg Met		
165	170	175
Ser Gly Gly Gly Ala Met Phe Met Glu Gly Gly Asn Cys Ile Thr Tyr		
180	185	190
Ser Leu Tyr Ala Pro Glu Ser Leu Val Ala Gly Leu Ser Tyr Glu Gln		
195	200	205
Ser Tyr Glu Tyr Leu Asp Arg Trp Val Ile Ala Ala Leu Lys Thr His		
210	215	220
Asp Val Asp Ala Trp Tyr Val Pro Ile Asn Asp Ile Thr Ser Thr Gly		
225	230	235
Gly Lys Ile Gly Gly Ala Ala Gln Lys Arg Arg Ser Gly Ala Val Leu		
245	250	255
His His Val Thr Met Ser Tyr Asp Ile Asp Ala Asp Met Met Thr Gln		

260 265 270

Val Leu Arg Ile Gly Lys Val Lys Ile Ser Asp Lys Gly Leu Arg Ser
275 280 285

Ala Lys Lys Arg Val Asp Pro Leu Arg Arg Gln Thr Gly Ala Ser Arg
290 295 300

Glu Gln Ile Ile Asp Thr Leu Lys Ser Thr Phe Ser Ala Arg Tyr Gly
305 310 315 320

Ala Gln Glu Val Glu Leu Ser Asp Glu Asp Phe Ala Ala Gly His Asp
325 330 335

Leu Val Lys Thr Lys Tyr Ala Thr Glu Glu Trp Thr Lys Arg Val Gln
340 345 350

<210> 667
<211> 403
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(403)
<223> RXS01183

<400> 667
cttgatatga cccgaacacc acacatcaca aattgaatcg gtatcctttg gggtattagt 60

ttccgtttta acgacacgac ttgcgaggag tcttaaaata atg gcg ttc tcc gta 115
Met Ala Phe Ser Val
1 5

gag atg ccc gag ctg ggc gaa tca gta acc gaa ggc acg atc acc cag 163
Glu Met Pro Glu Leu Gly Glu Ser Val Thr Glu Gly Thr Ile Thr Gln
10 15 20

tgg ttg aag tct gtt ggt gac act gtt gag gta gat gag ccg ttg ctc 211
Trp Leu Lys Ser Val Gly Asp Thr Val Glu Val Asp Glu Pro Leu Leu

25 30 35

gag gtc tca act gac aag gtc gac acc gag att ccc tct cct gtc gcc 259
Glu Val Ser Thr Asp Lys Val Asp Thr Glu Ile Pro Ser Pro Val Ala

40 45 50

ggt gtc atc cta gag att aag gct gaa gag gat gac acc gtc gac gtc 307
Gly Val Ile Leu Glu Ile Lys Ala Glu Glu Asp Asp Thr Val Asp Val

55 60 65

ggc ggt gtc att gca ata atc ggc gat gct gat gag act cct gcc aac 355
Gly Gly Val Ile Ala Ile Ile Gly Asp Ala Asp Glu Thr Pro Ala Asn

70 75 80 85

gaa gct cct gcc gac gag gca cca gct cct gcc gaa gag gaa gaa cca 403
Glu Ala Pro Ala Asp Glu Ala Pro Ala Pro Ala Glu Glu Glu Glu Pro

90 95 100

<210> 668
<211> 101
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 668
Met Ala Phe Ser Val Glu Met Pro Glu Leu Gly Glu Ser Val Thr Glu
1 5 10 15

Gly Thr Ile Thr Gln Trp Leu Lys Ser Val Gly Asp Thr Val Glu Val
20 25 30

Asp Glu Pro Leu Leu Glu Val Ser Thr Asp Lys Val Asp Thr Glu Ile
35 40 45

Pro Ser Pro Val Ala Gly Val Ile Leu Glu Ile Lys Ala Glu Glu Asp
50 55 60

Asp Thr Val Asp Val Gly Gly Val Ile Ala Ile Ile Gly Asp Ala Asp
65 70 75 80

Glu Thr Pro Ala Asn Glu Ala Pro Ala Asp Glu Ala Pro Ala Pro Ala
85 90 95

Glu Glu Glu Glu Pro
100

<210> 669
<211> 1305
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1282)
<223> RXS01260

<400> 669
ctaaacgtgg gctgcattcc ttccaaagtc tctgatcaaa aacgctgaag ttgcccat 60

ctttacccat gagaagaaga ccttcggcat caatggcgaa gtg acc ttc aac tat 115
Val Thr Phe Asn Tyr

1 5

gag gat gct cac aag cgt tcc cgt ggc gtt tcc gac aag atc gtt gga 163
Glu Asp Ala His Lys Arg Ser Arg Gly Val Ser Asp Lys Ile Val Gly

10 15 20

ggc gtt cat tac ttg atg aag aag aac aag atc atc gaa att cat ggt 211
Gly Val His Tyr Leu Met Lys Lys Asn Lys Ile Ile Glu Ile His Gly

25 30 35

ctt gga aac ttc aag gat gct aag act ctt gag gtc acc gac ggt aag 259
Leu Gly Asn Phe Lys Asp Ala Lys Thr Leu Glu Val Thr Asp Gly Lys

40 45 50

gat gct ggc aag acc atc acc ttt gat gac tgc atc atc gca acc ggt 307
Asp Ala Gly Lys Thr Ile Thr Phe Asp Asp Cys Ile Ile Ala Thr Gly

55 60 65

tcg gta gtc aac acc ctc cgt ggc gtt gac ttc tca gag aac gtt gtg 355
Ser Val Val Asn Thr Leu Arg Gly Val Asp Phe Ser Glu Asn Val Val

70 75 80 85

tct ttt gaa gag cag att ctt aac cct gtt gcg cca aag aag atg gtc 403

Ser Phe Glu Glu Gln Ile Leu Asn Pro Val Ala Pro Lys Lys Met Val	
90 95 100	
att gtt ggt gca ggc gca att gga atg gaa ttc gcc tac gtt ctt ggt	451
Ile Val Gly Ala Gly Ala Ile Gly Met Glu Phe Ala Tyr Val Leu Gly	
105 110 115	
aac tac ggt gta gat gta acc gtc atc gag ttc atg gat cgt gtg ctt	499
Asn Tyr Gly Val Asp Val Thr Val Ile Glu Phe Met Asp Arg Val Leu	
120 125 130	
cca aat gaa gat gct gaa gtc tcc aag gtt att gca aag gcc tac aag	547
Pro Asn Glu Asp Ala Glu Val Ser Lys Val Ile Ala Lys Ala Tyr Lys	
135 140 145	
aag atg ggc gtt aag ctt ctt cct ggc cat gca acc act gct gtt cgg	595
Lys Met Gly Val Lys Leu Leu Pro Gly His Ala Thr Thr Ala Val Arg	
150 155 160 165	
gac aac ggt gac ttt gtc gag gtt gat tac cag aag aag ggc tct gac	643
Asp Asn Gly Asp Phe Val Glu Val Asp Tyr Gln Lys Lys Gly Ser Asp	
170 175 180	
aag aca gag act ctt act gtt gat cga gtc atg gtt tcc gtt ggt ttc	691
Lys Thr Glu Thr Leu Thr Val Asp Arg Val Met Val Ser Val Gly Phe	
185 190 195	
cgt cca cgc gtt gag gga ttt ggt ctt gaa aac act ggc gtt aag ctc	739
Arg Pro Arg Val Glu Gly Phe Gly Leu Glu Asn Thr Gly Val Lys Leu	
200 205 210	
acc gag cgt ggc gca atc gag atc gat gat tac atg cgt acc aac gtc	787
Thr Glu Arg Gly Ala Ile Glu Ile Asp Asp Tyr Met Arg Thr Asn Val	
215 220 225	
gat ggc att tac gcc atc ggt gac gtg acc gcc aag ctt cag ctt gct	835
Asp Gly Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Val Thr Ala Lys Leu Gln Leu Ala	
230 235 240 245	
cac gtc gca gaa gca cag ggc att gtt gcc gca gag act att gct ggt	883

His Val Ala Glu Ala Gln Gly Ile Val Ala Ala Glu Thr Ile Ala Gly
250 255 260

gca gaa act cag act ctt ggt gat tac atg atg atg cca cgt gca acc 931
Ala Glu Thr Gln Thr Leu Gly Asp Tyr Met Met Met Pro Arg Ala Thr

265 270 275

ttc tgc aac cca cag gtt tct tcc ttt ggt tac acc gaa gag cag gcc 979
Phe Cys Asn Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Tyr Thr Glu Glu Gln Ala

280 285 290

aag gag aag tgg cca gat cgt gag atc aag gtt gct tcc ttc cca ttc 1027
Lys Glu Lys Trp Pro Asp Arg Glu Ile Lys Val Ala Ser Phe Pro Phe

295 300 305

tct gca aac ggt aaa gca gtt ggc ctg gca gaa act gat ggt ttc gca 1075
Ser Ala Asn Gly Lys Ala Val Gly Leu Ala Glu Thr Asp Gly Phe Ala

310 315 320 325

aag atc gtt gct gat gca gaa ttc ggt gag ctg ctc ggt gca cac ctg 1123
Lys Ile Val Ala Asp Ala Glu Phe Gly Glu Leu Leu Gly Ala His Leu

330 335 340

gtt gga gca aat gca tca gag ctc atc aat gaa ttg gtg ctt gct cag 1171
Val Gly Ala Asn Ala Ser Glu Leu Ile Asn Glu Leu Val Leu Ala Gln

345 350 355

aac tgg gat ctc acc act gaa gag atc tct cgt agc gtc cat att cac 1219
Asn Trp Asp Leu Thr Thr Glu Glu Ile Ser Arg Ser Val His Ile His

360 365 370

cca acg cta tct gag gca gtt aag gaa gct gca cac ggt atc tct gga 1267
Pro Thr Leu Ser Glu Ala Val Lys Glu Ala Ala His Gly Ile Ser Gly

375 380 385

cac atg atc aac ttc tagaatccac ctggttgccc ctg 1305
His Met Ile Asn Phe

390

<210> 670
 <211> 394
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 670

Val Thr Phe Asn Tyr Glu Asp Ala His Lys Arg Ser Arg Gly Val Ser
 1 5 10 15

Asp Lys Ile Val Gly Gly Val His Tyr Leu Met Lys Lys Asn Lys Ile
 20 25 30

Ile Glu Ile His Gly Leu Gly Asn Phe Lys Asp Ala Lys Thr Leu Glu
 35 40 45

Val Thr Asp Gly Lys Asp Ala Gly Lys Thr Ile Thr Phe Asp Asp Cys
 50 55 60

Ile Ile Ala Thr Gly Ser Val Val Asn Thr Leu Arg Gly Val Asp Phe
 65 70 75 80

Ser Glu Asn Val Val Ser Phe Glu Glu Gln Ile Leu Asn Pro Val Ala
 85 90 95

Pro Lys Lys Met Val Ile Val Gly Ala Gly Ala Ile Gly Met Glu Phe
 100 105 110

Ala Tyr Val Leu Gly Asn Tyr Gly Val Asp Val Thr Val Ile Glu Phe
 115 120 125

Met Asp Arg Val Leu Pro Asn Glu Asp Ala Glu Val Ser Lys Val Ile
 130 135 140

Ala Lys Ala Tyr Lys Lys Met Gly Val Lys Leu Leu Pro Gly His Ala
 145 150 155 160

Thr Thr Ala Val Arg Asp Asn Gly Asp Phe Val Glu Val Asp Tyr Gln
 165 170 175

Lys Lys Gly Ser Asp Lys Thr Glu Thr Leu Thr Val Asp Arg Val Met
 180 185 190

Val Ser Val Gly Phe Arg Pro Arg Val Glu Gly Phe Gly Leu Glu Asn

195 200 205
 Thr Gly Val Lys Leu Thr Glu Arg Gly Ala Ile Glu Ile Asp Asp Tyr
 210 215 220
 Met Arg Thr Asn Val Asp Gly Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Val Thr Ala
 225 230 235 240
 Lys Leu Gln Leu Ala His Val Ala Glu Ala Gln Gly Ile Val Ala Ala
 245 250 255
 Glu Thr Ile Ala Gly Ala Glu Thr Gln Thr Leu Gly Asp Tyr Met Met
 260 265 270
 Met Pro Arg Ala Thr Phe Cys Asn Pro Gln Val Ser Ser Phe Gly Tyr
 275 280 285
 Thr Glu Glu Gln Ala Lys Glu Lys Trp Pro Asp Arg Glu Ile Lys Val
 290 295 300
 Ala Ser Phe Pro Phe Ser Ala Asn Gly Lys Ala Val Gly Leu Ala Glu
 305 310 315 320
 Thr Asp Gly Phe Ala Lys Ile Val Ala Asp Ala Glu Phe Gly Glu Leu
 325 330 335
 Leu Gly Ala His Leu Val Gly Ala Asn Ala Ser Glu Leu Ile Asn Glu
 340 345 350
 Leu Val Leu Ala Gln Asn Trp Asp Leu Thr Thr Glu Glu Ile Ser Arg
 355 360 365
 Ser Val His Ile His Pro Thr Leu Ser Glu Ala Val Lys Glu Ala Ala
 370 375 380
 His Gly Ile Ser Gly His Met Ile Asn Phe
 385 390

<210> 671

<211> 294

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(271)

<223> RXS01261

<400> 671

gtgggtgttt ttcattttct tccactctaa aattaagtat ggaaaaccaa cgcacccgg 60

atgcacgaca atgaccact aaacacgtat ccttgaatgc gtg act gaa cat tat 115
Val Thr Glu His Tyr

1 5

gac gta gta gta ctc gga gcc ggc ccc ggt ggc tat gtc tcc gcc atc 163
Asp Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro Gly Gly Tyr Val Ser Ala Ile

10 15 20

cgt gca gcg cag ctt ggc aag aag gtt gct gta att gag aag cag tac 211
Arg Ala Ala Gln Leu Gly Lys Lys Val Ala Val Ile Glu Lys Gln Tyr

25 30 35

tgg ggt ggt gtt tgc cta aac gtg ggc tgc att cct tcc aaa gtc tct 259
Trp Gly Gly Val Cys Leu Asn Val Gly Cys Ile Pro Ser Lys Val Ser

40 45 50

gat caa aaa cgc tgaagttgcc cataccttta ccc 294
Asp Gln Lys Arg

55

<210> 672

<211> 57

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 672

Val Thr Glu His Tyr Asp Val Val Val Leu Gly Ala Gly Pro Gly Gly
1 5 10 15

Tyr Val Ser Ala Ile Arg Ala Ala Gln Leu Gly Lys Lys Val Ala Val
20 25 30

Ile Glu Lys Gln Tyr Trp Gly Gly Val Cys Leu Asn Val Gly Cys Ile
35 40 45

Pro Ser Lys Val Ser Asp Gln Lys Arg
50 55

<210> 673
<211> 1005
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(982)
<223> RXA02717

<400> 673
aggcatgtcc ctaacgaaca tcccagcctc atctcaatgg gcaattagcg acgttttgaa 60

gcgtccttca cccggccgag tacctttttc tgtcgagttt atg cca ccc cgc gac 115
Met Pro Pro Arg Asp

1 5

gat gca gct gaa gag cgt ctt tac cgc gca gca gag gtc ttc cat gac 163
Asp Ala Ala Glu Glu Arg Leu Tyr Arg Ala Ala Glu Val Phe His Asp

10 15 20

ctc ggt gca tcg ttt gtc tcc gtg act tat ggt gct ggc gga tca acc 211
Leu Gly Ala Ser Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly Ala Gly Gly Ser Thr

25 30 35

cgt gag aga acc tca cgt att gct cga cga tta gcg aaa caa ccg ttg 259
Arg Glu Arg Thr Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu Ala Lys Gln Pro Leu

40 45 50

acc act ctg gtg cac ctg acc ctg gtt aac cac act cgc gaa gag atg 307
Thr Thr Leu Val His Leu Thr Leu Val Asn His Thr Arg Glu Glu Met

55 60 65

aag gca att ctt cgg gaa tac cta gag ctg gga tta aca aac ctg ttg 355

Lys Ala Ile Leu Arg Glu Tyr Leu Glu Leu Gly Leu Thr Asn Leu Leu
70 75 80 85
gcg ctt cga gga gat ccg cct gga gac cca tta ggc gat tgg gtg agc 403
Ala Leu Arg Gly Asp Pro Pro Gly Asp Pro Leu Gly Asp Trp Val Ser
90 95 100
acc gat gga gga ctg aac tat gcc tct gag ctc atc gat ctt att aag 451
Thr Asp Gly Gly Leu Asn Tyr Ala Ser Glu Leu Ile Asp Leu Ile Lys
105 110 115
tcc act cct gag ttc cgg gaa ttc gac ctc ggt atc gcc tcc ttc ccc 499
Ser Thr Pro Glu Phe Arg Glu Phe Asp Leu Gly Ile Ala Ser Phe Pro
120 125 130
gaa ggg cat ttc cgg gcg aaa act cta gaa gaa gac acc aaa tac act 547
Glu Gly His Phe Arg Ala Lys Thr Leu Glu Glu Asp Thr Lys Tyr Thr
135 140 145
ctg gcg aag ctg cgt gga ggg gca gag tac tcc atc acg cag atg ttc 595
Leu Ala Lys Leu Arg Gly Gly Ala Glu Tyr Ser Ile Thr Gln Met Phe
150 155 160 165
ttt gat gtg gaa gac tac ctg cga ctt cgt gat cgc ctt gtc gct gca 643
Phe Asp Val Glu Asp Tyr Leu Arg Leu Arg Asp Arg Leu Val Ala Ala
170 175 180
gac ccc att cat ggt gcg aag cca atc att cct ggc atc atg ccc att 691
Asp Pro Ile His Gly Ala Lys Pro Ile Ile Pro Gly Ile Met Pro Ile
185 190 195
acg agc ctg cgg tct gtg cgt cga cag gtc gaa ctc tct ggt gct caa 739
Thr Ser Leu Arg Ser Val Arg Arg Gln Val Glu Leu Ser Gly Ala Gln
200 205 210
ttg ccg agc caa cta gaa gaa tca ctt gtt cga gct gca aac ggc aat 787
Leu Pro Ser Gln Leu Glu Glu Ser Leu Val Arg Ala Ala Asn Gly Asn
215 220 225
gaa gaa gcg aac aaa gac gag atc cgc aag gtg ggc att gaa tat tcc 835

Glu Glu Ala Asn Lys Asp Glu Ile Arg Lys Val Gly Ile Glu Tyr Ser
 230 235 240 245
 acc aat atg gca gag cga ctc att gcc gaa ggt gcg gaa gat ctg cac 883
 Thr Asn Met Ala Glu Arg Leu Ile Ala Glu Gly Ala Glu Asp Leu His
 250 255 260
 ttc atg acg ctt aac ttc acc cgt gca acc caa gaa gtg ttg tac aac 931
 Phe Met Thr Leu Asn Phe Thr Arg Ala Thr Gln Glu Val Leu Tyr Asn
 265 270 275
 ctt ggc atg gcg cct gct tgg gga gca gag cac ggc caa gac gcg gtg 979
 Leu Gly Met Ala Pro Ala Trp Gly Ala Glu His Gly Gln Asp Ala Val
 280 285 290
 cgt taagccctct taggaatcat gaa 1005
 Arg

<210> 674
 <211> 294
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 674
 Met Pro Pro Arg Asp Asp Ala Ala Glu Glu Arg Leu Tyr Arg Ala Ala
 1 5 10 15

Glu Val Phe His Asp Leu Gly Ala Ser Phe Val Ser Val Thr Tyr Gly
 20 25 30

Ala Gly Gly Ser Thr Arg Glu Arg Thr Ser Arg Ile Ala Arg Arg Leu
 35 40 45

Ala Lys Gln Pro Leu Thr Thr Leu Val His Leu Thr Leu Val Asn His
 50 55 60

Thr Arg Glu Glu Met Lys Ala Ile Leu Arg Glu Tyr Leu Glu Leu Gly
 65 70 75 80

Leu Thr Asn Leu Leu Ala Leu Arg Gly Asp Pro Pro Gly Asp Pro Leu

85

90

95

Gly Asp Trp Val Ser Thr Asp Gly Gly Leu Asn Tyr Ala Ser Glu Leu
100 105 110

Ile Asp Leu Ile Lys Ser Thr Pro Glu Phe Arg Glu Phe Asp Leu Gly
115 120 125

Ile Ala Ser Phe Pro Glu Gly His Phe Arg Ala Lys Thr Leu Glu Glu
130 135 140

Asp Thr Lys Tyr Thr Leu Ala Lys Leu Arg Gly Gly Ala Glu Tyr Ser
145 150 155 160

Ile Thr Gln Met Phe Phe Asp Val Glu Asp Tyr Leu Arg Leu Arg Asp
165 170 175

Arg Leu Val Ala Ala Asp Pro Ile His Gly Ala Lys Pro Ile Ile Pro
180 185 190

Gly Ile Met Pro Ile Thr Ser Leu Arg Ser Val Arg Arg Gln Val Glu
195 200 205

Leu Ser Gly Ala Gln Leu Pro Ser Gln Leu Glu Glu Ser Leu Val Arg
210 215 220

Ala Ala Asn Gly Asn Glu Glu Ala Asn Lys Asp Glu Ile Arg Lys Val
225 230 235 240

Gly Ile Glu Tyr Ser Thr Asn Met Ala Glu Arg Leu Ile Ala Glu Gly
245 250 255

Ala Glu Asp Leu His Phe Met Thr Leu Asn Phe Thr Arg Ala Thr Gln
260 265 270

Glu Val Leu Tyr Asn Leu Gly Met Ala Pro Ala Trp Gly Ala Glu His
275 280 285

Gly Gln Asp Ala Val Arg
290

<210> 675
 <211> 601
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(601)
 <223> RXN02027

<400> 675
 tcacgtgctc atcgataggc aaactcatgg aaccaagagt acctgcccc gcaaccccaa 60

tcgtcgtacc cctccgaaaa taacggttat ccttagattt atg agc caa act aag 115
 Met Ser Gln Thr Lys

1 5

cag gaa ctg cgc acg aag ctt cgg gaa gcg cgc acc aat atg gat gag 163
 Gln Glu Leu Arg Thr Lys Leu Arg Glu Ala Arg Thr Asn Met Asp Glu

10 15 20

gct tct cgc acg cga gaa aac gca gcc atc att gcc aac gtt tct tat 211
 Ala Ser Arg Thr Arg Glu Asn Ala Ala Ile Ile Ala Asn Val Ser Tyr

25 30 35

tac atc cgc tca aag cag cca aaa agg att gcc gct tac gtg ccg gtg 259
 Tyr Ile Arg Ser Lys Gln Pro Lys Arg Ile Ala Ala Tyr Val Pro Val

40 45 50

cgt acc gaa cct ggt ggg cga ttg ctt ctt gac gcc ctc cac gcc gaa 307
 Arg Thr Glu Pro Gly Gly Arg Leu Leu Leu Asp Ala Leu His Ala Glu

55 60 65

act tcc gcg ctt att ttg cca gtc tcc ctc gag gat cga cgc ctc gac 355
 Thr Ser Ala Leu Ile Leu Pro Val Ser Leu Glu Asp Arg Arg Leu Asp

70 75 80 85

tgg gct ctt tat gaa ggc cca acc agc ctt gtt cct ggc gca ttt ggc 403
 Trp Ala Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Ser Leu Val Pro Gly Ala Phe Gly

90 95 100

atc cag gaa ccc ggt ggc act cgc ctt gga cct gaa gct ctc aac ttc 451

Ile Gln Glu Pro Gly Gly Thr Arg Leu Gly Pro Glu Ala Leu Asn Phe

105

110

115

tgc gac ctt gtc atc gcc ccc gca ctg gca tgc acc ccc agt gga atc 499
Cys Asp Leu Val Ile Ala Pro Ala Leu Ala Cys Thr Pro Ser Gly Ile

120

125

130

agg cta ggt aaa ggt ggc ggt ttc tac gac cgc gct cta gcc acc gga 547
Arg Leu Gly Lys Gly Gly Gly Phe Tyr Asp Arg Ala Leu Ala Thr Gly

135

140

145

gtc aag gct gac gtg att act ttg ctc ttc aac gga gaa atc cgc gac 595
Val Lys Ala Asp Val Ile Thr Leu Leu Phe Asn Gly Glu Ile Arg Asp

150

155

160

165

gat atc 601
Asp Ile

<210> 676

<211> 167

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 676

Met Ser Gln Thr Lys Gln Glu Leu Arg Thr Lys Leu Arg Glu Ala Arg
1 5 10 15

Thr Asn Met Asp Glu Ala Ser Arg Thr Arg Glu Asn Ala Ala Ile Ile
20 25 30

Ala Asn Val Ser Tyr Tyr Ile Arg Ser Lys Gln Pro Lys Arg Ile Ala
35 40 45

Ala Tyr Val Pro Val Arg Thr Glu Pro Gly Gly Arg Leu Leu Leu Asp
50 55 60

Ala Leu His Ala Glu Thr Ser Ala Leu Ile Leu Pro Val Ser Leu Glu
65 70 75 80

Asp Arg Arg Leu Asp Trp Ala Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Ser Leu Val

85 90 95

Pro Gly Ala Phe Gly Ile Gln Glu Pro Gly Gly Thr Arg Leu Gly Pro
100 105 110

Glu Ala Leu Asn Phe Cys Asp Leu Val Ile Ala Pro Ala Leu Ala Cys
115 120 125

Thr Pro Ser Gly Ile Arg Leu Gly Lys Gly Gly Gly Phe Tyr Asp Arg
130 135 140

Ala Leu Ala Thr Gly Val Lys Ala Asp Val Ile Thr Leu Leu Phe Asn
145 150 155 160

Gly Glu Ile Arg Asp Asp Ile
165

<210> 677
<211> 595
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(595)
<223> FRXA02027

<400> 677
tcacgtgctc atcgataggc aaactcatgg aaccaagagt acctgcccc gcaaccccaa 60

tcgtcgtagc cctccgaaaa taacggttat ccttagattt atg agc caa act aag 115
Met Ser Gln Thr Lys

1 5

cag gaa ctg cgc acg aag ctt cgg gaa gcg cgc acc aat atg gat gag 163
Gln Glu Leu Arg Thr Lys Leu Arg Glu Ala Arg Thr Asn Met Asp Glu

10 15 20

gct tct cgc acg cga gaa aac gca gcc atc att gcc aac gtt tct tat 211
Ala Ser Arg Thr Arg Glu Asn Ala Ala Ile Ile Ala Asn Val Ser Tyr

25 30 35

tac atc cgc tca aag cag cca aaa agg att gcc gct tac gtg ccg gtg 259
Tyr Ile Arg Ser Lys Gln Pro Lys Arg Ile Ala Ala Tyr Val Pro Val

40 45 50

cgt acc gaa cct ggt ggg cga ttg ctt ctt gac gcc ctc cac gcc gaa 307
Arg Thr Glu Pro Gly Gly Arg Leu Leu Leu Asp Ala Leu His Ala Glu

55 60 65

act tcc gcg ctt att ttg cca gtc tcc ctc gag gat cga cgc ctc gac 355
Thr Ser Ala Leu Ile Leu Pro Val Ser Leu Glu Asp Arg Arg Leu Asp

70 75 80 85

tgg gct ctt tat gaa ggc cca acc agc ctt gtt cct ggc gca ttt ggc 403
Trp Ala Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Ser Leu Val Pro Gly Ala Phe Gly

90 95 100

atc cag gaa ccc ggt ggc act cgc ctt gga cct gaa gct ctc aac ttc 451
Ile Gln Glu Pro Gly Gly Thr Arg Leu Gly Pro Glu Ala Leu Asn Phe

105 110 115

tgc gac ctt gtc atc gcc ccc gca ctg gca tgc acc ccc agt gga atc 499
Cys Asp Leu Val Ile Ala Pro Ala Leu Ala Cys Thr Pro Ser Gly Ile

120 125 130

agg cta ggt aaa ggt ggc ggt ttc tac gac cgc gct cta gcc acc gga 547
Arg Leu Gly Lys Gly Gly Gly Phe Tyr Asp Arg Ala Leu Ala Thr Gly

135 140 145

gtc aag gct gac gtg att act ttg ctc ttc aac gga gaa atc cgc gac 595
Val Lys Ala Asp Val Ile Thr Leu Leu Phe Asn Gly Glu Ile Arg Asp

150 155 160 165

<210> 678

<211> 165

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 678

Met Ser Gln Thr Lys Gln Glu Leu Arg Thr Lys Leu Arg Glu Ala Arg

1 5 10 15

Thr Asn Met Asp Glu Ala Ser Arg Thr Arg Glu Asn Ala Ala Ile Ile
20 25 30

Ala Asn Val Ser Tyr Tyr Ile Arg Ser Lys Gln Pro Lys Arg Ile Ala
35 40 45

Ala Tyr Val Pro Val Arg Thr Glu Pro Gly Gly Arg Leu Leu Leu Asp
50 55 60

Ala Leu His Ala Glu Thr Ser Ala Leu Ile Leu Pro Val Ser Leu Glu
65 70 75 80

Asp Arg Arg Leu Asp Trp Ala Leu Tyr Glu Gly Pro Thr Ser Leu Val
85 90 95

Pro Gly Ala Phe Gly Ile Gln Glu Pro Gly Gly Thr Arg Leu Gly Pro
100 105 110

Glu Ala Leu Asn Phe Cys Asp Leu Val Ile Ala Pro Ala Leu Ala Cys
115 120 125

Thr Pro Ser Gly Ile Arg Leu Gly Lys Gly Gly Gly Phe Tyr Asp Arg
130 135 140

Ala Leu Ala Thr Gly Val Lys Ala Asp Val Ile Thr Leu Leu Phe Asn
145 150 155 160

Gly Glu Ile Arg Asp
165

<210> 679

<211> 579

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(556)

<223> RXA00106

<400> 679

tggagctcaa caaggcagcg tacatgtttg agtacagctt cgatgacatc accgtgtccg 60

gctacgatcc acacccatig atccgcgga aggtcgccgt atg atc ggt gcg att	115
Met Ile Gly Ala Ile	
1 5	
tgg gca caa ggc cgt gac ggc atc atc ggc gac ggc acc gac atg ccc	163
Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp Gly Thr Asp Met Pro	
10 15 20	
tgg cac atc ccg gaa gac ctc aaa cac ttc aag aaa acc acc atg ggc	211
Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys Lys Thr Thr Met Gly	
25 30 35	
cag ccg gtc atc atg ggt cgt cgc acg tgg gag tct ttg ccg ttc aag	259
Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu Ser Leu Pro Phe Lys	
40 45 50	
ccg ctt ccc ggc cgc gag aac ttc att ctc tcc tca cgc gag ccc ggc	307
Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser Ser Arg Glu Pro Gly	
55 60 65	
gac tgg tcc gcc ggc ggc aca gtg gtc acc gaa atc cct aaa agc ggc	355
Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu Ile Pro Lys Ser Gly	
70 75 80 85	
tgg atc atg ggc ggc ggc gag gtc tac aag gcc acc gtc ggc agc gcc	403
Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala Thr Val Gly Ser Ala	
90 95 100	
gac gtt tta gaa ata acg ctt atc gac gcc acc ttc gat gtt tcc act	451
Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr Phe Asp Val Ser Thr	
105 110 115	
ccc gtc tac gca ccc gaa atc ccg gcg aac ttc aac ctc gat gac gaa	499
Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe Asn Leu Asp Asp Glu	
120 125 130	
tcc gag tgg ttt acc tca ggc gag tat cgt tac aag ttc cag cgc tac	547
Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr Lys Phe Gln Arg Tyr	
135 140 145	
atc aag gtt taaggagcaa acaacatgag caa	579

Ile Lys Val

150

<210> 680

<211> 152

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 680

Met	Ile	Gly	Ala	Ile	Trp	Ala	Gln	Gly	Arg	Asp	Gly	Ile	Ile	Gly	Asp
1				5					10					15	

Gly	Thr	Asp	Met	Pro	Trp	His	Ile	Pro	Glu	Asp	Leu	Lys	His	Phe	Lys
			20					25					30		

Lys	Thr	Thr	Met	Gly	Gln	Pro	Val	Ile	Met	Gly	Arg	Arg	Thr	Trp	Glu
			35				40					45			

Ser	Leu	Pro	Phe	Lys	Pro	Leu	Pro	Gly	Arg	Glu	Asn	Phe	Ile	Leu	Ser
	50					55					60				

Ser	Arg	Glu	Pro	Gly	Asp	Trp	Ser	Ala	Gly	Gly	Thr	Val	Val	Thr	Glu
65					70					75					80

Ile	Pro	Lys	Ser	Gly	Trp	Ile	Met	Gly	Gly	Gly	Glu	Val	Tyr	Lys	Ala
				85						90				95	

Thr	Val	Gly	Ser	Ala	Asp	Val	Leu	Glu	Ile	Thr	Leu	Ile	Asp	Ala	Thr
			100					105					110		

Phe	Asp	Val	Ser	Thr	Pro	Val	Tyr	Ala	Pro	Glu	Ile	Pro	Ala	Asn	Phe
		115					120					125			

Asn	Leu	Asp	Asp	Glu	Ser	Glu	Trp	Phe	Thr	Ser	Gly	Glu	Tyr	Arg	Tyr
	130						135					140			

Lys	Phe	Gln	Arg	Tyr	Ile	Lys	Val
145						150	

<210> 681

<211> 1044

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1021)

<223> RXN01321

<400> 681

ggagggtgta gtcaaggatt tgggccatgg tggagcggga aatcgtcata tccataccct 60

acttagacct gacttagtgt gggaaaattt ccagggtaga atg caa cga atg acc 115
Met Gln Arg Met Thr

1 5

ccg agt tct cct gaa gtt cgt aat cgt ccg agc gct gcg cct gaa gag 163
Pro Ser Ser Pro Glu Val Arg Asn Arg Pro Ser Ala Ala Pro Glu Glu

10 15 20

cgt cag ttt gtg ctc act ttt ggc tgc cct gac tcc act gga att gtg 211
Arg Gln Phe Val Leu Thr Phe Gly Cys Pro Asp Ser Thr Gly Ile Val

25 30 35

gcg aag ttg tcg tcg ttc cta gct gag cgt ggg ggt tgg att act gag 259
Ala Lys Leu Ser Ser Phe Leu Ala Glu Arg Gly Gly Trp Ile Thr Glu

40 45 50

gct gga tat ttc acg gat cct gat tcg aat tgg ttc ttt act cgt cag 307
Ala Gly Tyr Phe Thr Asp Pro Asp Ser Asn Trp Phe Phe Thr Arg Gln

55 60 65

gcg att cgc gct gag tcg att gat acc acg att gag cag ttg cgg gag 355
Ala Ile Arg Ala Glu Ser Ile Asp Thr Thr Ile Glu Gln Leu Arg Glu

70 75 80 85

gag ttc gct ccg ctt gcg gag gag ttc ggc ccg agg gct aag tgg agt 403
Glu Phe Ala Pro Leu Ala Glu Glu Phe Gly Pro Arg Ala Lys Trp Ser

90 95 100

ttc act gac act gcg cag gtg aag aag gct gtg ttg ttg gtg tct aag 451
Phe Thr Asp Thr Ala Gln Val Lys Lys Ala Val Leu Leu Val Ser Lys

105	110	115	
gag ggc cac tgc ttg cac gat ttg tta ggt cgt gtg gct gag aat gat			499
Glu Gly His Cys Leu His Asp Leu Leu Gly Arg Val Ala Glu Asn Asp			
120	125	130	
tat ccg atg gaa gtt gtt gcg gtt gtg ggt aac cat gag aac ttg cgt			547
Tyr Pro Met Glu Val Val Ala Val Val Gly Asn His Glu Asn Leu Arg			
135	140	145	
tat att gcg gag aac cat aat gtt ccg ttt ttc cat gtg ccg ttt cct			595
Tyr Ile Ala Glu Asn His Asn Val Pro Phe Phe His Val Pro Phe Pro			
150	155	160	165
aag gat gcg gtt ggt aag cgg aag gcg ttt gac cag gtc gct gag att			643
Lys Asp Ala Val Gly Lys Arg Lys Ala Phe Asp Gln Val Ala Glu Ile			
170	175	180	
gtg aat ggt tat gat ccg gat gcg att gtt ttg gct cgt ttt atg cag			691
Val Asn Gly Tyr Asp Pro Asp Ala Ile Val Leu Ala Arg Phe Met Gln			
185	190	195	
att ttg ccg ccg gat ttg tgt gag atg tgg gct ggt cgt gtg ttg aat			739
Ile Leu Pro Pro Asp Leu Cys Glu Met Trp Ala Gly Arg Val Leu Asn			
200	205	210	
att cat cac agt ttc ttg ccg tgc ttt atg ggt gcg cgc ccg tat cat			787
Ile His His Ser Phe Leu Pro Ser Phe Met Gly Ala Arg Pro Tyr His			
215	220	225	
cag gcg tat agc cgt ggt gtg aag ttg att ggt gcg acc tgc cat tat			835
Gln Ala Tyr Ser Arg Gly Val Lys Leu Ile Gly Ala Thr Cys His Tyr			
230	235	240	245
gcg act ggg gat ctg gat gat ggt ccg atc att gag cag gat gtt att			883
Ala Thr Gly Asp Leu Asp Asp Gly Pro Ile Ile Glu Gln Asp Val Ile			
250	255	260	
cgt gtg acg cat aag gat acg ccg act gag atg cag cgt ttg ggc cgc			931
Arg Val Thr His Lys Asp Thr Pro Thr Glu Met Gln Arg Leu Gly Arg			

265 270 275

gat gcg gag aag cag gtg ctg gct cgc ggt ttg cgt ttc cac ttg gag 979
 Asp Ala Glu Lys Gln Val Leu Ala Arg Gly Leu Arg Phe His Leu Glu

280 285 290

gac cgg gtg ctg gtt tac ggt aac cgc acg gtt gtc ttt gat 1021
 Asp Arg Val Leu Val Tyr Gly Asn Arg Thr Val Val Phe Asp

295 300 305

taaggctttt tgcttttcga cgc 1044

<210> 682
 <211> 307
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 682
 Met Gln Arg Met Thr Pro Ser Ser Pro Glu Val Arg Asn Arg Pro Ser
 1 5 10 15

Ala Ala Pro Glu Glu Arg Gln Phe Val Leu Thr Phe Gly Cys Pro Asp
 20 25 30

Ser Thr Gly Ile Val Ala Lys Leu Ser Ser Phe Leu Ala Glu Arg Gly
 35 40 45

Gly Trp Ile Thr Glu Ala Gly Tyr Phe Thr Asp Pro Asp Ser Asn Trp
 50 55 60

Phe Phe Thr Arg Gln Ala Ile Arg Ala Glu Ser Ile Asp Thr Thr Ile
 65 70 75 80

Glu Gln Leu Arg Glu Glu Phe Ala Pro Leu Ala Glu Glu Phe Gly Pro
 85 90 95

Arg Ala Lys Trp Ser Phe Thr Asp Thr Ala Gln Val Lys Lys Ala Val
 100 105 110

Leu Leu Val Ser Lys Glu Gly His Cys Leu His Asp Leu Leu Gly Arg
 115 120 125

Val Ala Glu Asn Asp Tyr Pro Met Glu Val Val Ala Val Val Gly Asn
130 135 140

His Glu Asn Leu Arg Tyr Ile Ala Glu Asn His Asn Val Pro Phe Phe
145 150 155 160

His Val Pro Phe Pro Lys Asp Ala Val Gly Lys Arg Lys Ala Phe Asp
165 170 175

Gln Val Ala Glu Ile Val Asn Gly Tyr Asp Pro Asp Ala Ile Val Leu
180 185 190

Ala Arg Phe Met Gln Ile Leu Pro Pro Asp Leu Cys Glu Met Trp Ala
195 200 205

Gly Arg Val Leu Asn Ile His His Ser Phe Leu Pro Ser Phe Met Gly
210 215 220

Ala Arg Pro Tyr His Gln Ala Tyr Ser Arg Gly Val Lys Leu Ile Gly
225 230 235 240

Ala Thr Cys His Tyr Ala Thr Gly Asp Leu Asp Asp Gly Pro Ile Ile
245 250 255

Glu Gln Asp Val Ile Arg Val Thr His Lys Asp Thr Pro Thr Glu Met
260 265 270

Gln Arg Leu Gly Arg Asp Ala Glu Lys Gln Val Leu Ala Arg Gly Leu
275 280 285

Arg Phe His Leu Glu Asp Arg Val Leu Val Tyr Gly Asn Arg Thr Val
290 295 300

Val Phe Asp
305

<210> 683

<211> 582

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (23)..(559)

<223> FRXA01321

<400> 683

cttgcacgat ttgttaggtc gt gtg gct gag aat gat tat ccg atg gaa gtt 52
Val Ala Glu Asn Asp Tyr Pro Met Glu Val

1 5 10

gtt gcg gtt gtg ggt aac cat gag aac ttg cgt tat att gcg gag aac 100
Val Ala Val Val Gly Asn His Glu Asn Leu Arg Tyr Ile Ala Glu Asn

15 20 25

cat aat gtt ccg ttt ttc cat gtg ccg ttt cct aag gat gcg gtt ggt 148
His Asn Val Pro Phe Phe His Val Pro Phe Pro Lys Asp Ala Val Gly

30 35 40

aag cgg aag gcg ttt gac cag gtc gct gag att gtg aat ggt tat gat 196
Lys Arg Lys Ala Phe Asp Gln Val Ala Glu Ile Val Asn Gly Tyr Asp

45 50 55

ccg gat gcg att gtt ttg gct cgt ttt atg cag att ttg ccg ccg gat 244
Pro Asp Ala Ile Val Leu Ala Arg Phe Met Gln Ile Leu Pro Pro Asp

60 65 70

ttg tgt gag atg tgg gct ggt cgt gtg ttg aat att cat cac agt ttc 292
Leu Cys Glu Met Trp Ala Gly Arg Val Leu Asn Ile His His Ser Phe

75 80 85 90

ttg ccg tcg ttt atg ggt gcg cgc ccg tat cat cag gcg tat agc cgt 340
Leu Pro Ser Phe Met Gly Ala Arg Pro Tyr His Gln Ala Tyr Ser Arg

95 100 105

ggt gtg aag ttg att ggt gcg acc tgc cat tat gcg act ggg gat ctg 388
Gly Val Lys Leu Ile Gly Ala Thr Cys His Tyr Ala Thr Gly Asp Leu

110 115 120

gat gat ggt ccg atc att gag cag gat gtt att cgt gtg acg cat aag 436
Asp Asp Gly Pro Ile Ile Glu Gln Asp Val Ile Arg Val Thr His Lys

125 130 135

gat acg ccg act gag atg cag cgt ttg ggc cgc gat gcg gag aag cag 484
 Asp Thr Pro Thr Glu Met Gln Arg Leu Gly Arg Asp Ala Glu Lys Gln

140 145 150

gtg ctg gct cgc ggt ttg cgt ttc cac ttg gag gac cgg gtg ctg gtt 532
 Val Leu Ala Arg Gly Leu Arg Phe His Leu Glu Asp Arg Val Leu Val

155 160 165 170

tac ggt aac cgc acg gtt gtc ttt gat taaggctttt tgcttttcga 579
 Tyr Gly Asn Arg Thr Val Val Phe Asp

175

cgc 582

<210> 684
 <211> 179
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 684
 Val Ala Glu Asn Asp Tyr Pro Met Glu Val Val Ala Val Val Gly Asn
 1 5 10 15

His Glu Asn Leu Arg Tyr Ile Ala Glu Asn His Asn Val Pro Phe Phe
 20 25 30

His Val Pro Phe Pro Lys Asp Ala Val Gly Lys Arg Lys Ala Phe Asp
 35 40 45

Gln Val Ala Glu Ile Val Asn Gly Tyr Asp Pro Asp Ala Ile Val Leu
 50 55 60

Ala Arg Phe Met Gln Ile Leu Pro Pro Asp Leu Cys Glu Met Trp Ala
 65 70 75 80

Gly Arg Val Leu Asn Ile His His Ser Phe Leu Pro Ser Phe Met Gly
 85 90 95

Ala Arg Pro Tyr His Gln Ala Tyr Ser Arg Gly Val Lys Leu Ile Gly

100	105	110
Ala Thr Cys His Tyr Ala Thr Gly Asp Leu Asp Asp Gly Pro Ile Ile		
115	120	125
Glu Gln Asp Val Ile Arg Val Thr His Lys Asp Thr Pro Thr Glu Met		
130	135	140
Gln Arg Leu Gly Arg Asp Ala Glu Lys Gln Val Leu Ala Arg Gly Leu		
145	150	155
160		
Arg Phe His Leu Glu Asp Arg Val Leu Val Tyr Gly Asn Arg Thr Val		
165	170	175
Val Phe Asp		

<210> 685
 <211> 975
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(952)
 <223> RXA00461

<400> 685
 tgttgggagg gatgacagga ttgtcgaaga taacgtgaag tgggtgttcc ggcattgtgtt 60

tgattgtaag gccttggaag aggggtggaat aatagcgggc gtg act gca atc aaa	115
Val Thr Ala Ile Lys	
1	5

ctt gat gga aac tta tac cgc ggg gaa att ttc gcc gac ttg gaa cag	163
Leu Asp Gly Asn Leu Tyr Arg Gly Glu Ile Phe Ala Asp Leu Glu Gln	
10	15
20	

cgc gtt gct gcg ttg aag gag aaa ggg att gtg ccg ggg ctt gcc acc	211
Arg Val Ala Ala Leu Lys Glu Lys Gly Ile Val Pro Gly Leu Ala Thr	
25	30
35	

gtg ctg gtg ggt gat gac cca gcg agc cac tct tac gtg aag atg aag	259
Val Leu Val Gly Asp Asp Pro Ala Ser His Ser Tyr Val Lys Met Lys	
40 45 50	
cat cgt gac tgt gag cag att ggt gtg aac tcg atc cgt aag gat ctg	307
His Arg Asp Cys Glu Gln Ile Gly Val Asn Ser Ile Arg Lys Asp Leu	
55 60 65	
cct gct gat gtc acg cag gaa gag ctt ttc gct gtc atc gat gaa ctg	355
Pro Ala Asp Val Thr Gln Glu Glu Leu Phe Ala Val Ile Asp Glu Leu	
70 75 80 85	
aac aac gat gat tct tgc act ggt tac att gtg cag ctt cct ttg cct	403
Asn Asn Asp Asp Ser Cys Thr Gly Tyr Ile Val Gln Leu Pro Leu Pro	
90 95 100	
aag cac ttg gac gaa aac gct gtg ctg gag cgc att gat cca gct aag	451
Lys His Leu Asp Glu Asn Ala Val Leu Glu Arg Ile Asp Pro Ala Lys	
105 110 115	
gat gct gat ggc ctg cac cct gta aac ctg ggc aag ctt gtg ctc aac	499
Asp Ala Asp Gly Leu His Pro Val Asn Leu Gly Lys Leu Val Leu Asn	
120 125 130	
gag cca gct cca ctg cca tgc acc ccg aat ggt tcc atc agc ttg ttg	547
Glu Pro Ala Pro Leu Pro Cys Thr Pro Asn Gly Ser Ile Ser Leu Leu	
135 140 145	
cgt cgt ttc ggc gtt gag ctt gat ggc gcg aag gtt gtt gtc att ggc	595
Arg Arg Phe Gly Val Glu Leu Asp Gly Ala Lys Val Val Val Ile Gly	
150 155 160 165	
cgt ggc gtc acc gtt ggt cgc cca att ggc ctg atg ctg acc cgc cgt	643
Arg Gly Val Thr Val Gly Arg Pro Ile Gly Leu Met Leu Thr Arg Arg	
170 175 180	
tcc gag aac tcc acg gtt act ttg tgc cac act ggc acg aag gat ctg	691
Ser Glu Asn Ser Thr Val Thr Leu Cys His Thr Gly Thr Lys Asp Leu	
185 190 195	
gct gcg gag acc cgt gcg gct gac gtc atc att gct gca gct ggt cag	739

Ala Ala Glu Thr Arg Ala Ala Asp Val Ile Ile Ala Ala Ala Gly Gln

200 205 210

ccg cac atg ctg acc gca gac atg gtc aag cca ggc gca gcg gtg etc 787
Pro His Met Leu Thr Ala Asp Met Val Lys Pro Gly Ala Ala Val Leu

215 220 225

gat gtc ggc gtc tcc cgc aag gac ggc aag ttg ctt ggc gac gtc cac 835
Asp Val Gly Val Ser Arg Lys Asp Gly Lys Leu Leu Gly Asp Val His

230 235 240 245

ccc gac gtg tgg gaa gtc gcc ggc gcg gtc tca cca aac cca ggc ggc 883
Pro Asp Val Trp Glu Val Ala Gly Ala Val Ser Pro Asn Pro Gly Gly

250 255 260

gtt ggc cct ctg acc cgt gca ttc ttg gtg cac aat gtt gtc gag cgc 931
Val Gly Pro Leu Thr Arg Ala Phe Leu Val His Asn Val Val Glu Arg

265 270 275

gct gaa aag ctg gct gga ctc taaaaacaca tgactaatcc cgg 975
Ala Glu Lys Leu Ala Gly Leu

280

<210> 686

<211> 284

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 686

Val Thr Ala Ile Lys Leu Asp Gly Asn Leu Tyr Arg Gly Glu Ile Phe
1 5 10 15

Ala Asp Leu Glu Gln Arg Val Ala Ala Leu Lys Glu Lys Gly Ile Val
20 25 30

Pro Gly Leu Ala Thr Val Leu Val Gly Asp Asp Pro Ala Ser His Ser
35 40 45

Tyr Val Lys Met Lys His Arg Asp Cys Glu Gln Ile Gly Val Asn Ser
50 55 60

Ile Arg Lys Asp Leu Pro Ala Asp Val Thr Gln Glu Glu Leu Phe Ala
65 70 75 80

Val Ile Asp Glu Leu Asn Asn Asp Asp Ser Cys Thr Gly Tyr Ile Val
85 90 95

Gln Leu Pro Leu Pro Lys His Leu Asp Glu Asn Ala Val Leu Glu Arg
100 105 110

Ile Asp Pro Ala Lys Asp Ala Asp Gly Leu His Pro Val Asn Leu Gly
115 120 125

Lys Leu Val Leu Asn Glu Pro Ala Pro Leu Pro Cys Thr Pro Asn Gly
130 135 140

Ser Ile Ser Leu Leu Arg Arg Phe Gly Val Glu Leu Asp Gly Ala Lys
145 150 155 160

Val Val Val Ile Gly Arg Gly Val Thr Val Gly Arg Pro Ile Gly Leu
165 170 175

Met Leu Thr Arg Arg Ser Glu Asn Ser Thr Val Thr Leu Cys His Thr
180 185 190

Gly Thr Lys Asp Leu Ala Ala Glu Thr Arg Ala Ala Asp Val Ile Ile
195 200 205

Ala Ala Ala Gly Gln Pro His Met Leu Thr Ala Asp Met Val Lys Pro
210 215 220

Gly Ala Ala Val Leu Asp Val Gly Val Ser Arg Lys Asp Gly Lys Leu
225 230 235 240

Leu Gly Asp Val His Pro Asp Val Trp Glu Val Ala Gly Ala Val Ser
245 250 255

Pro Asn Pro Gly Gly Val Gly Pro Leu Thr Arg Ala Phe Leu Val His
260 265 270

Asn Val Val Glu Arg Ala Glu Lys Leu Ala Gly Leu

275

280

<210> 687
<211> 711
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(688)
<223> RXA01514

<400> 687
accacagaaa tgcctgtcgt tccagatcag cccatcgatg gtgattccgg gaagtcgct 60

gagggcacac aggagaatcc ggaaaatgaa ggagacaacc gtg gat aac cac gct 115
Val Asp Asn His Ala

1 5

gca gtt cgc gag ttc gat gag gag cgc gca aca gct gcg att cgt gag 163
Ala Val Arg Glu Phe Asp Glu Glu Arg Ala Thr Ala Ala Ile Arg Glu

10 15 20

ttg ctc atc gct gtg ggt gag gat cca gat cgc gaa ggc ctg ttg gaa 211
Leu Leu Ile Ala Val Gly Glu Asp Pro Asp Arg Glu Gly Leu Leu Glu

25 30 35

acc cca gct cga gtg gct agg gcg tac aag gaa act ttc gcg ggt ctg 259
Thr Pro Ala Arg Val Ala Arg Ala Tyr Lys Glu Thr Phe Ala Gly Leu

40 45 50

cat gag gat ccc acc act gtg ctg gag aag acg ttc tct gag ggc cat 307
His Glu Asp Pro Thr Thr Val Leu Glu Lys Thr Phe Ser Glu Gly His

55 60 65

gaa gag ttg gtt ctg gtt cgt gag atc ccg att tac tcc atg tgt gag 355
Glu Glu Leu Val Leu Val Arg Glu Ile Pro Ile Tyr Ser Met Cys Glu

70 75 80 85

cac cac ttg gtg ccg ttc ttt ggc gtg gcg cac att ggt tac att ccg 403
His His Leu Val Pro Phe Phe Gly Val Ala His Ile Gly Tyr Ile Pro

90	95	100	
ggt aag tcc ggc aag gtg act ggc ctg tcc aag ctg gcg cgt tta gcg 451			
Gly Lys Ser Gly Lys Val Thr Gly Leu Ser Lys Leu Ala Arg Leu Ala			
105	110	115	
gat atg ttt gct aag cga cct cag gtt cag gag cgc ttg acc tcc caa 499			
Asp Met Phe Ala Lys Arg Pro Gln Val Gln Glu Arg Leu Thr Ser Gln			
120	125	130	
att gcg gat gct ctc gtc gaa aag ctt gat gcc cag gcc gtg gcc gtg 547			
Ile Ala Asp Ala Leu Val Glu Lys Leu Asp Ala Gln Ala Val Ala Val			
135	140	145	
gtg att gaa gct gag cac ctg tgc atg gcc atg cgc gga atc cgt aag 595			
Val Ile Glu Ala Glu His Leu Cys Met Ala Met Arg Gly Ile Arg Lys			
150	155	160	165
cct ggt gct gtg acc acg acg tct gcg gtg cgc ggc ggt ttt aag aac 643			
Pro Gly Ala Val Thr Thr Thr Ser Ala Val Arg Gly Gly Phe Lys Asn			
170	175	180	
aac gct gcc tcc cgc gct gag gtg ttc tcc ctg att cgg ggg cac 688			
Asn Ala Ala Ser Arg Ala Glu Val Phe Ser Leu Ile Arg Gly His			
185	190	195	
taaatgaacg tatcctcttt gac 711			

<210> 688

<211> 196

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 688

Val	Asp	Asn	His	Ala	Ala	Val	Arg	Glu	Phe	Asp	Glu	Glu	Arg	Ala	Thr
1				5				10					15		

Ala	Ala	Ile	Arg	Glu	Leu	Leu	Ile	Ala	Val	Gly	Glu	Asp	Pro	Asp	Arg
				20				25					30		

Glu Gly Leu Leu Glu Thr Pro Ala Arg Val Ala Arg Ala Tyr Lys Glu

35 40 45
 Thr Phe Ala Gly Leu His Glu Asp Pro Thr Thr Val Leu Glu Lys Thr
 50 55 60
 Phe Ser Glu Gly His Glu Glu Leu Val Leu Val Arg Glu Ile Pro Ile
 65 70 75 80
 Tyr Ser Met Cys Glu His His Leu Val Pro Phe Phe Gly Val Ala His
 85 90 95
 Ile Gly Tyr Ile Pro Gly Lys Ser Gly Lys Val Thr Gly Leu Ser Lys
 100 105 110
 Leu Ala Arg Leu Ala Asp Met Phe Ala Lys Arg Pro Gln Val Gln Glu
 115 120 125
 Arg Leu Thr Ser Gln Ile Ala Asp Ala Leu Val Glu Lys Leu Asp Ala
 130 135 140
 Gln Ala Val Ala Val Val Ile Glu Ala Glu His Leu Cys Met Ala Met
 145 150 155 160
 Arg Gly Ile Arg Lys Pro Gly Ala Val Thr Thr Thr Ser Ala Val Arg
 165 170 175
 Gly Gly Phe Lys Asn Asn Ala Ala Ser Arg Ala Glu Val Phe Ser Leu
 180 185 190
 Ile Arg Gly His
 195

<210> 689
 <211> 513
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(490)
 <223> RXA01516

<400> 689

tctgcacata tgggagcatg ggggtgtgctg gtgcacgatg tcccagtatc aaggacgct 60

gttgatgttg ccgcattgtg gcgaagtgga ggaactcacc atg gct gat cgt att 115
Met Ala Asp Arg Ile

1 5

gaa ctt aaa ggc ctt gaa tgc ttc gga cac cac ggt gtg ttc gac ttt 163
Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His Gly Val Phe Asp Phe

10 15 20

gaa aaa gag caa ggc cag ccc ttc att gtg gat gtc acc tgc tgg atg 211
Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp Val Thr Cys Trp Met

25 30 35

gat ttc gat gcc gca ggt gcc agc gat gac ctt tcc gac acc gta gat 259
Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu Ser Asp Thr Val Asp

40 45 50

tac ggc gcg ttg gca ttg ttg gtt gct gaa atc gtg gaa ggc cca tcc 307
Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile Val Glu Gly Pro Ser

55 60 65

agg gat ttg atc gag acg gtg gcc acg gaa tct gcg gat gct gtg atg 355
Arg Asp Leu Ile Glu Thr Val Ala Thr Glu Ser Ala Asp Ala Val Met

70 75 80 85

gct aaa ttt gat gcg ctt cat gcg gtg gaa gta acc atc cat aag ccc 403
Ala Lys Phe Asp Ala Leu His Ala Val Glu Val Thr Ile His Lys Pro

90 95 100

aaa gca ccg atc cca cgt act ttt gct gac gtc gcg gtg gtt gcc cga 451
Lys Ala Pro Ile Pro Arg Thr Phe Ala Asp Val Ala Val Val Ala Arg

105 110 115

cgt tcc agg aaa tcc atg gct gct gga agg agc aac gcc taatgcatgc 500
Arg Ser Arg Lys Ser Met Ala Ala Gly Arg Ser Asn Ala

120 125 130

agttttgtcc atc 513

<210> 690
 <211> 130
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 690
 Met Ala Asp Arg Ile Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His
 1 5 10 15

Gly Val Phe Asp Phe Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp
 20 25 30

Val Thr Cys Trp Met Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu
 35 40 45

Ser Asp Thr Val Asp Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile
 50 55 60

Val Glu Gly Pro Ser Arg Asp Leu Ile Glu Thr Val Ala Thr Glu Ser
 65 70 75 80

Ala Asp Ala Val Met Ala Lys Phe Asp Ala Leu His Ala Val Glu Val
 85 90 95

Thr Ile His Lys Pro Lys Ala Pro Ile Pro Arg Thr Phe Ala Asp Val
 100 105 110

Ala Val Val Ala Arg Arg Ser Arg Lys Ser Met Ala Ala Gly Arg Ser
 115 120 125

Asn Ala
 130

<210> 691
 <211> 975
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(952)
 <223> RXA01515

<400> 691

taagcctggt gctgtgacca cgacgtctgc ggtgcgcggc ggttttaaga acaacgctgc 60

ctccccgcgt gaggtgttct ccctgattcg ggggcactaa atg aac gta tcc tct 115
Met Asn Val Ser Ser

1 5

ttg acc atc ccg gga cgc tgt ttg gtc atg gga att gtc aat gtc act 163
Leu Thr Ile Pro Gly Arg Cys Leu Val Met Gly Ile Val Asn Val Thr

10 15 20

gag gat tcc ttt tcg gac ggt ggc aag tac att gac gtt gat cag gcg 211
Glu Asp Ser Phe Ser Asp Gly Gly Lys Tyr Ile Asp Val Asp Gln Ala

25 30 35

atc gcg cat gcc aag gaa ttg gtg gct gct ggc gcc gac atg att gat 259
Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly Ala Asp Met Ile Asp

40 45 50

gtc ggc ggc gag tcc acc cgg cct ggg gca gtg cgc gtc gac gcg tcc 307
Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val Arg Val Asp Ala Ser

55 60 65

gtg gaa cgg gac cgg gtt gtg ccg gtc att aag gcg ctt cac gac gcc 355
Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys Ala Leu His Asp Ala

70 75 80 85

ggc atc cac act tcc gta gac acc atg cgg gcc tcc gtg gcg cag gct 403
Gly Ile His Thr Ser Val Asp Thr Met Arg Ala Ser Val Ala Gln Ala

90 95 100

gcc gcg ggc gct ggc gtc tcc atg atc aac gac gtc tct ggc ggt ttg 451
Ala Ala Gly Ala Gly Val Ser Met Ile Asn Asp Val Ser Gly Gly Leu

105 110 115

gct gat cct gag atg ttt tct gtc atg gcg gaa gcg caa att ccc gtg 499
Ala Asp Pro Glu Met Phe Ser Val Met Ala Glu Ala Gln Ile Pro Val

120 125 130

tgt ttg atg cac tgg cgc acc ctc caa ttc ggt gat gcc gca ggt cag 547
Cys Leu Met His Trp Arg Thr Leu Gln Phe Gly Asp Ala Ala Gly Gln

135	140	145	
gca gat cac ggt gga gac gtt gta gcc gat gtg cac gca gtg ctt gat			595
Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val His Ala Val Leu Asp			
150	155	160	165
gat ctt gtc gcc cgc gcc acc gct gct ggt gtg gcc gaa aac cag atc			643
Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val Ala Glu Asn Gln Ile			
	170	175	180
gtg ctt gat cca ggt ttg ggt ttt gcc aaa tca cgt gaa gac aac tgg			691
Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser Arg Glu Asp Asn Trp			
	185	190	195
cgt ttg ctg caa gca ctg ccc gag ttt att tct gga cct ttc ccc atc			739
Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser Gly Pro Phe Pro Ile			
	200	205	210
ctg gtg gga gca tcc cgg aag cga ttc ctg gct ggc gtg cgc aaa gac			787
Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala Gly Val Arg Lys Asp			
	215	220	225
cgt ggc cta gat gtc acc ccc att gat gcc gac cca gca acc gca gcg			835
Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp Pro Ala Thr Ala Ala			
	230	235	240
gtg acc gca gtg tct gca cat atg gga gca tgg ggt gtg cgc gtg cac			883
Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp Gly Val Arg Val His			
	250	255	260
gat gtc cca gta tca agg gac gct gtt gat gtt gcc gca ttg tgg cga			931
Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val Ala Ala Leu Trp Arg			
	265	270	275
agt gga gga act cac cat ggc tgatcgtatt gaacttaaag gcc			975
Ser Gly Gly Thr His His Gly			

280

<210> 692
 <211> 284
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 692

Met Asn Val Ser Ser Leu Thr Ile Pro Gly Arg Cys Leu Val Met Gly
1 5 10 15

Ile Val Asn Val Thr Glu Asp Ser Phe Ser Asp Gly Gly Lys Tyr Ile
20 25 30

Asp Val Asp Gln Ala Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly
35 40 45

Ala Asp Met Ile Asp Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val
50 55 60

Arg Val Asp Ala Ser Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys
65 70 75 80

Ala Leu His Asp Ala Gly Ile His Thr Ser Val Asp Thr Met Arg Ala
85 90 95

Ser Val Ala Gln Ala Ala Ala Gly Ala Gly Val Ser Met Ile Asn Asp
100 105 110

Val Ser Gly Gly Leu Ala Asp Pro Glu Met Phe Ser Val Met Ala Glu
115 120 125

Ala Gln Ile Pro Val Cys Leu Met His Trp Arg Thr Leu Gln Phe Gly
130 135 140

Asp Ala Ala Gly Gln Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val
145 150 155 160

His Ala Val Leu Asp Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val
165 170 175

Ala Glu Asn Gln Ile Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser
180 185 190

Arg Glu Asp Asn Trp Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser
195 200 205

Gly Pro Phe Pro Ile Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala
210 215 220

Gly Val Arg Lys Asp Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp
225 230 235 240

Pro Ala Thr Ala Ala Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp
245 250 255

Gly Val Arg Val His Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val
260 265 270

Ala Ala Leu Trp Arg Ser Gly Gly Thr His His Gly
275 280

<210> 693

<211> 859

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(859)

<223> RXA02024

<400> 693

cactgatgac ctggatcagg ccgtcaaatt catcgtcgat gcacacgctg gattggacgt 60

agcgcgtctc cacaattaag cagtggctac attaggtgtt atg agt tct ttg ccg 115
Met Ser Ser Leu Pro

1 5

gtc atc atg gcc atc gtc aat cgc acc ccg gat tct ttc tat gac aag 163
Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp Ser Phe Tyr Asp Lys

10 15 20

ggt gcg aca ttt gag gac acc gct gcg cta aac agg gca gcg gag gtc 211
Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn Arg Ala Ala Glu Val

25 30 35

att gaa caa ggc gcc ggc att gtc gat atc ggt ggg gtg aaa gcc ggc 259

Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly Gly Val Lys Ala Gly	
40	45
50	
ccg ggg gat ttc gtg tgc gcg gag gaa gag atc gac cgc gtg gtg cca	307
Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile Asp Arg Val Val Pro	
55	60
65	
atc atc gct gcg gtg cga gaa cgt ttt cct gac att gat att tct gtt	355
Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp Ile Asp Ile Ser Val	
70	75
80	85
gat acc tgg cgg gcg tgc gtg gct gat gtc gca gtg gcg cat gga gca	403
Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala Val Ala His Gly Ala	
90	95
100	
acg ctg atc aat gac act tgg gcc ggc cat gat cat gag ttg gtg cag	451
Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp His Glu Leu Val Gln	
105	110
115	
gta gca ggg cag cac aag gtg ggt tat gtc tgc tgc cac acc ggc ggg	499
Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys Ser His Thr Gly Gly	
120	125
130	
gtg att cca aga acg cga cca tat cgg gtg cat ttc gat gac atc gtg	547
Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His Phe Asp Asp Ile Val	
135	140
145	
gcc gat gta att acg gag acc acc aaa ttg gca gag caa gct gtt cgt	595
Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala Glu Gln Ala Val Arg	
150	155
160	165
gcc ggg gtg cca gag gaa cgg gtg ttt att gat ccc acc cat gat ttc	643
Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp Pro Thr His Asp Phe	
170	175
180	
ggg aaa aac acc ttc cac gga ctg gag ctt tta cga cgg atc gat gag	691
Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu Arg Arg Ile Asp Glu	
185	190
195	
gtg gtt gcc acg ggc tgg ccg gtg ctg atg gcc ttg agt aat aag gat	739

Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala Leu Ser Asn Lys Asp

200

205

210

ttc att ggg gaa act ttg gaa agg ggc gtc gat aag cgt gtt gct ggc 787
Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp Lys Arg Val Ala Gly

215

220

225

acg ctt gct gcc act gcc tgg gcg gcg gcg cgc ggc gtt gcg gct ttt 835
Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg Gly Val Ala Ala Phe

230

235

240

245

cgc gtg cat gaa gtt gcg gaa acc 859
Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr

250

<210> 694

<211> 253

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 694

Met Ser Ser Leu Pro Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp
1 5 10 15

Ser Phe Tyr Asp Lys Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn
20 25 30

Arg Ala Ala Glu Val Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly
35 40 45

Gly Val Lys Ala Gly Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile
50 55 60

Asp Arg Val Val Pro Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp
65 70 75 80

Ile Asp Ile Ser Val Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala
85 90 95

Val Ala His Gly Ala Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp
100 105 110

His Glu Leu Val Gln Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys
115 120 125

Ser His Thr Gly Gly Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His
130 135 140

Phe Asp Asp Ile Val Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala
145 150 155 160

Glu Gln Ala Val Arg Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp
165 170 175

Pro Thr His Asp Phe Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu
180 185 190

Arg Arg Ile Asp Glu Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala
195 200 205

Leu Ser Asn Lys Asp Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp
210 215 220

Lys Arg Val Ala Gly Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg
225 230 235 240

Gly Val Ala Ala Phe Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr
245 250

<210> 695
<211> 579
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(556)
<223> RXA00106

<400> 695
tggagctcaa caaggcagcg tacatgtttg agtacagctt cgatgacatc accgtgtccg 60

gctacgatcc acacccattg atccgcggca aggtcgccgt atg atc ggt gcg att 115

	Met Ile Gly Ala Ile	
	1	5
tgg gca caa ggc cgt gac ggc atc atc ggc gac ggc acc gac atg ccc		163
Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp Gly Thr Asp Met Pro		
10	15	20
tgg cac atc ccg gaa gac ctc aaa cac ttc aag aaa acc acc atg ggc		211
Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys Lys Thr Thr Met Gly		
25	30	35
cag ccg gtc atc atg ggt cgt cgc acg tgg gag tct ttg ccg ttc aag		259
Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu Ser Leu Pro Phe Lys		
40	45	50
ccg ctt ccc ggc cgc gag aac ttc att ctc tcc tca cgc gag ccc ggc		307
Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser Ser Arg Glu Pro Gly		
55	60	65
gac tgg tcc gcc ggc ggc aca gtg gtc acc gaa atc cct aaa agc ggc		355
Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu Ile Pro Lys Ser Gly		
70	75	80
tgg atc atg ggc ggc ggc gag gtc tac aag gcc acc gtc ggc agc gcc		403
Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala Thr Val Gly Ser Ala		
90	95	100
gac gtt tta gaa ata acg ctt atc gac gcc acc ttc gat gtt tcc act		451
Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr Phe Asp Val Ser Thr		
105	110	115
ccc gtc tac gca ccc gaa atc ccg gcg aac ttc aac ctc gat gac gaa		499
Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe Asn Leu Asp Asp Glu		
120	125	130
tcc gag tgg ttt acc tca ggc gag tat cgt tac aag ttc cag cgc tac		547
Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr Lys Phe Gln Arg Tyr		
135	140	145
atc aag gtt taaggagcaa acaacatgag caa		579

Ile Lys Val

150

<210> 696

<211> 152

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 696

Met Ile Gly Ala Ile Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp
1 5 10 15

Gly Thr Asp Met Pro Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys
20 25 30

Lys Thr Thr Met Gly Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu
35 40 45

Ser Leu Pro Phe Lys Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser
50 55 60

Ser Arg Glu Pro Gly Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu
65 70 75 80

Ile Pro Lys Ser Gly Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala
85 90 95

Thr Val Gly Ser Ala Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr
100 105 110

Phe Asp Val Ser Thr Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe
115 120 125

Asn Leu Asp Asp Glu Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr
130 135 140

Lys Phe Gln Arg Tyr Ile Lys Val
145 150

<210> 697

<211> 1556

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1533)

<223> RXA00989

<400> 697

gga att ggc cta gtg gct aac aac gac gga atc ttt gat tcc gaa aat 48
Gly Ile Gly Leu Val Ala Asn Asn Asp Gly Ile Phe Asp Ser Glu Asn

1 5 10 15

gat gac atc acc gta ggc gat gtc acg ttg ggc gag act gga ctg tct 96
Asp Asp Ile Thr Val Gly Asp Val Thr Leu Gly Glu Thr Gly Leu Ser

20 25 30

ttg ccc atc gat ctc gcc ggt gag gta gaa gca cct gcc tcc gag gag 144
Leu Pro Ile Asp Leu Ala Gly Glu Val Glu Ala Pro Ala Ser Glu Glu

35 40 45

atc acc caa gaa gat ttg ctg cgc ctt gcc cag gtg gaa gca gag ttg 192
Ile Thr Gln Glu Asp Leu Leu Arg Leu Ala Gln Val Glu Ala Glu Leu

50 55 60

gat caa cgt tgg ttg gaa acc aaa att gat ccc act ttc cga cgc atg 240
Asp Gln Arg Trp Leu Glu Thr Lys Ile Asp Pro Thr Phe Arg Arg Met

65 70 75 80

agc tac atg atg gat ctc atg ggc caa cca cag aat tcc ttc cca gca 288
Ser Tyr Met Met Asp Leu Met Gly Gln Pro Gln Asn Ser Phe Pro Ala

85 90 95

att cac gtg gct ggc acc aac ggt aag acc tcc acc acc cgc atg atc 336
Ile His Val Ala Gly Thr Asn Gly Lys Thr Ser Thr Thr Arg Met Ile

100 105 110

gag tcg ttg ctg cgc gca ttc cac cgc cgc acc ggc cgg acc acc agc 384
Glu Ser Leu Leu Arg Ala Phe His Arg Arg Thr Gly Arg Thr Thr Ser

115 120 125

ccg cac ctg cag ctg gta acc gaa cgc atc gcg att gat ggc aag ccc	432
Pro His Leu Gln Leu Val Thr Glu Arg Ile Ala Ile Asp Gly Lys Pro	
130	135
140	
atc cac ccg cgt gat ttc gtg cgg atc tac gaa gag att aag ccc tac	480
Ile His Pro Arg Asp Phe Val Arg Ile Tyr Glu Glu Ile Lys Pro Tyr	
145	150
155	160
atg gag atg acc gac gcc tgg tca gag gcc gag ggc gga ccg aag atg	528
Met Glu Met Thr Asp Ala Trp Ser Glu Ala Glu Gly Gly Pro Lys Met	
165	170
175	
agc aag ttt gag gca ctc gtg gcc ctc gct tac gca ggt ttt gcc gac	576
Ser Lys Phe Glu Ala Leu Val Ala Leu Ala Tyr Ala Gly Phe Ala Asp	
180	185
190	
gct cct gtt gac gtc gcc gtc gtt gag gtt ggt ctt ggc gga cgc tgg	624
Ala Pro Val Asp Val Ala Val Val Glu Val Gly Leu Gly Gly Arg Trp	
195	200
205	
gat gcc act aac gtg atc aac gca gct gtt tcc gtg atc acc ccg gtg	672
Asp Ala Thr Asn Val Ile Asn Ala Ala Val Ser Val Ile Thr Pro Val	
210	215
220	
ggc atg gac cac gtg gat cgc ctg ggc aac acc att ggt gaa atc gct	720
Gly Met Asp His Val Asp Arg Leu Gly Asn Thr Ile Gly Glu Ile Ala	
225	230
235	240
ggt gaa aag gcc ggc atc atc aag gct cgt cct gca tct gag gat ggc	768
Gly Glu Lys Ala Gly Ile Ile Lys Ala Arg Pro Ala Ser Glu Asp Gly	
245	250
255	
acc gag cct gag ggc aac gtt gtc atc gtg ggc aag cag gag cca gaa	816
Thr Glu Pro Glu Gly Asn Val Val Ile Val Gly Lys Gln Glu Pro Glu	
260	265
270	
gca atg aac gtg att ctg cag caa gcc gtg gac gtg gac gca gct gtt	864
Ala Met Asn Val Ile Leu Gln Gln Ala Val Asp Val Asp Ala Ala Val	
275	280
285	
gct cgt ttg aac atg gaa ttc ggc gtg gtg gaa tcc gcc att gcc gtt	912

Ala Arg Leu Asn Met Glu Phe Gly Val Val Glu Ser Ala Ile Ala Val
290 295 300

ggt gga cag cag ctc acc ctg aag ggt ttg ggc ggc gaa tac acc gac 960
Gly Gly Gln Gln Leu Thr Leu Lys Gly Leu Gly Gly Glu Tyr Thr Asp

305 310 315 320

atc ttc ctc cca ctg tct ggc gcg cac caa gca gat aat gcc gcg gtt 1008
Ile Phe Leu Pro Leu Ser Gly Ala His Gln Ala Asp Asn Ala Ala Val

325 330 335

gct ctc gca gca gtg gaa gca ttt ttc ggt gca tcc gcc gga cgc cca 1056
Ala Leu Ala Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Ala Ser Ala Gly Arg Pro

340 345 350

ttg gat atc gac acg gtg cgc gaa ggc ttc gca caa gtt cag tcc cca 1104
Leu Asp Ile Asp Thr Val Arg Glu Gly Phe Ala Gln Val Gln Ser Pro

355 360 365

ggt cgc ctc gag cgc ctg cgc tct gca cca acc gtg ttc atc gac gca 1152
Gly Arg Leu Glu Arg Leu Arg Ser Ala Pro Thr Val Phe Ile Asp Ala

370 375 380

gct cac aac cca cac ggt gcc gca gca ctt ggt gca gca cta gac cgt 1200
Ala His Asn Pro His Gly Ala Ala Ala Leu Gly Ala Ala Leu Asp Arg

385 390 395 400

gac ttt gag ttc cgt cgc ctc atc ggt gtc atc gga gtg ctc tgc gac 1248
Asp Phe Glu Phe Arg Arg Leu Ile Gly Val Ile Gly Val Leu Cys Asp

405 410 415

aag gat gcc cgc ggc atc ttg gaa tca ctt gag cca tac ctg cat gaa 1296
Lys Asp Ala Arg Gly Ile Leu Glu Ser Leu Glu Pro Tyr Leu His Glu

420 425 430

att gtg tgc acc cag act gcc tca gag cgc gca ttg gac gca tac gat 1344
Ile Val Cys Thr Gln Thr Ala Ser Glu Arg Ala Leu Asp Ala Tyr Asp

435 440 445

tta gct gaa tat gct cga gag atc tac ggc gat gag cgt gtg cac gtc 1392

Leu Ala Glu Tyr Ala Arg Glu Ile Tyr Gly Asp Glu Arg Val His Val
450 455 460

caa gaa gat ctt gct ggc gcg gta gaa ctc gct att gaa cta gca gaa 1440
Gln Glu Asp Leu Ala Gly Ala Val Glu Leu Ala Ile Glu Leu Ala Glu

465 470 475 480

gac acc gat gta cag tcc gga tca ggt gtt gtg atc acc ggt tca atc 1488
Asp Thr Asp Val Gln Ser Gly Ser Gly Val Val Ile Thr Gly Ser Ile

485 490 495

gtg acc gcc ggc gat gcg cgc acg ctg ttt gga aag gaa cct gca 1533
Val Thr Ala Gly Asp Ala Arg Thr Leu Phe Gly Lys Glu Pro Ala

500 505 510

tgagcaagcg tgaagaatca att 1556

<210> 698
<211> 511
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 698
Gly Ile Gly Leu Val Ala Asn Asn Asp Gly Ile Phe Asp Ser Glu Asn
1 5 10 15

Asp Asp Ile Thr Val Gly Asp Val Thr Leu Gly Glu Thr Gly Leu Ser
20 25 30

Leu Pro Ile Asp Leu Ala Gly Glu Val Glu Ala Pro Ala Ser Glu Glu
35 40 45

Ile Thr Gln Glu Asp Leu Leu Arg Leu Ala Gln Val Glu Ala Glu Leu
50 55 60

Asp Gln Arg Trp Leu Glu Thr Lys Ile Asp Pro Thr Phe Arg Arg Met
65 70 75 80

Ser Tyr Met Met Asp Leu Met Gly Gln Pro Gln Asn Ser Phe Pro Ala
85 90 95

Ile His Val Ala Gly Thr Asn Gly Lys Thr Ser Thr Thr Arg Met Ile
100 105 110

Glu Ser Leu Leu Arg Ala Phe His Arg Arg Thr Gly Arg Thr Thr Ser
115 120 125

Pro His Leu Gln Leu Val Thr Glu Arg Ile Ala Ile Asp Gly Lys Pro
130 135 140

Ile His Pro Arg Asp Phe Val Arg Ile Tyr Glu Glu Ile Lys Pro Tyr
145 150 155 160

Met Glu Met Thr Asp Ala Trp Ser Glu Ala Glu Gly Gly Pro Lys Met
165 170 175

Ser Lys Phe Glu Ala Leu Val Ala Leu Ala Tyr Ala Gly Phe Ala Asp
180 185 190

Ala Pro Val Asp Val Ala Val Val Glu Val Gly Leu Gly Gly Arg Trp
195 200 205

Asp Ala Thr Asn Val Ile Asn Ala Ala Val Ser Val Ile Thr Pro Val
210 215 220

Gly Met Asp His Val Asp Arg Leu Gly Asn Thr Ile Gly Glu Ile Ala
225 230 235 240

Gly Glu Lys Ala Gly Ile Ile Lys Ala Arg Pro Ala Ser Glu Asp Gly
245 250 255

Thr Glu Pro Glu Gly Asn Val Val Ile Val Gly Lys Gln Glu Pro Glu
260 265 270

Ala Met Asn Val Ile Leu Gln Gln Ala Val Asp Val Asp Ala Ala Val
275 280 285

Ala Arg Leu Asn Met Glu Phe Gly Val Val Glu Ser Ala Ile Ala Val
290 295 300

Gly Gly Gln Gln Leu Thr Leu Lys Gly Leu Gly Gly Glu Tyr Thr Asp
305 310 315 320

Ile Phe Leu Pro Leu Ser Gly Ala His Gln Ala Asp Asn Ala Ala Val
325 330 335

Ala Leu Ala Ala Val Glu Ala Phe Phe Gly Ala Ser Ala Gly Arg Pro
340 345 350

Leu Asp Ile Asp Thr Val Arg Glu Gly Phe Ala Gln Val Gln Ser Pro
355 360 365

Gly Arg Leu Glu Arg Leu Arg Ser Ala Pro Thr Val Phe Ile Asp Ala
370 375 380

Ala His Asn Pro His Gly Ala Ala Ala Leu Gly Ala Ala Leu Asp Arg
385 390 395 400

Asp Phe Glu Phe Arg Arg Leu Ile Gly Val Ile Gly Val Leu Cys Asp
405 410 415

Lys Asp Ala Arg Gly Ile Leu Glu Ser Leu Glu Pro Tyr Leu His Glu
420 425 430

Ile Val Cys Thr Gln Thr Ala Ser Glu Arg Ala Leu Asp Ala Tyr Asp
435 440 445

Leu Ala Glu Tyr Ala Arg Glu Ile Tyr Gly Asp Glu Arg Val His Val
450 455 460

Gln Glu Asp Leu Ala Gly Ala Val Glu Leu Ala Ile Glu Leu Ala Glu
465 470 475 480

Asp Thr Asp Val Gln Ser Gly Ser Gly Val Val Ile Thr Gly Ser Ile
485 490 495

Val Thr Ala Gly Asp Ala Arg Thr Leu Phe Gly Lys Glu Pro Ala
500 505 510

<210> 699

<211> 600

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
<222> (101)..(577)
<223> RXA01517

<400> 699

tccataagcc caaagcaccg atcccacgta cttttgctga cgtcgcggtg gttgcccac 60

gttccaggaa atccatggct gctggaagga gcaacgccta atg cat gca gtt ttg 115
Met His Ala Val Leu

1 5

tcc atc ggt tcc aac atg gat gat cgc tac gcg ctg ctc aac aca gtg 163
Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala Leu Leu Asn Thr Val

10 15 20

atc gag gaa ttc aaa gat gag atc gtg gcg cag tct gcg atc tac tca 211
Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln Ser Ala Ile Tyr Ser

25 30 35

acc cca ccg tgg ggc att gag gat cag gat gaa ttc ctc aac gca gtg 259
Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp Gln Asp Glu Phe Leu Asn Ala Val

40 45 50

ctc gtt gtt gag gtt gaa gaa acc ccc atc gag ttg ctg cgc cgt ggc 307
Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu Leu Leu Arg Arg Gly

55 60 65

caa aaa ctc gaa gaa gcc gcc gag cgg gtc cgc gtc cgc aaa tgg ggg 355
Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg Val Arg Lys Trp Gly

70 75 80 85

cca cgc acc ctc gat gtg gat atc gtg cag atc att aaa gat ggg gaa 403
Pro Arg Thr Leu Asp Val Asp Ile Val Gln Ile Ile Lys Asp Gly Glu

90 95 100

gag atc ctt tct gag gat ccc gaa ctg acc ttg cca cac cct tgg gct 451
Glu Ile Leu Ser Glu Asp Pro Glu Leu Thr Leu Pro His Pro Trp Ala

105 110 115

tgg cag cgt gcc ttc gtg ttg atc cct tgg ttg gaa gca gaa cct gat 499
Trp Gln Arg Ala Phe Val Leu Ile Pro Trp Leu Glu Ala Glu Pro Asp

120 125 130

gcc gtc ctg cac ggc acg acc att gca gaa cat gtg gat aat ctt gat 547
Ala Val Leu His Gly Thr Thr Ile Ala Glu His Val Asp Asn Leu Asp

135 140 145

ccc aca gac att gaa ggt gtc acc aag att taaggagtcg tggctttcat 597
Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile

150 155

gca 600

<210> 700
<211> 159
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 700
Met His Ala Val Leu Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala
1 5 10 15
Leu Leu Asn Thr Val Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln
20 25 30
Ser Ala Ile Tyr Ser Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp Gln Asp Glu
35 40 45
Phe Leu Asn Ala Val Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu
50 55 60
Leu Leu Arg Arg Gly Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg
65 70 75 80
Val Arg Lys Trp Gly Pro Arg Thr Leu Asp Val Asp Ile Val Gln Ile
85 90 95
Ile Lys Asp Gly Glu Glu Ile Leu Ser Glu Asp Pro Glu Leu Thr Leu
100 105 110
Pro His Pro Trp Ala Trp Gln Arg Ala Phe Val Leu Ile Pro Trp Leu
115 120 125

Glu Ala Glu Pro Asp Ala Val Leu His Gly Thr Thr Ile Ala Glu His
130 135 140

Val Asp Asn Leu Asp Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile
145 150 155

<210> 701
<211> 1983
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1960)
<223> RXA00579

<400> 701
tcgtctaagt ttttctttga gttttcatat gtagaaggca tcgtcggcctt cggcctggcg 60

gtgcttttct cgttgttttg tggttttgtc agaggatgtc atg cgc gtt tta att 115
Met Arg Val Leu Ile

1 5

att gat aat tat gat tct ttc acg ttt aat ctc gcc acc tat gtg gaa 163
Ile Asp Asn Tyr Asp Ser Phe Thr Phe Asn Leu Ala Thr Tyr Val Glu

10 15 20

gag gtt acg ggt cag gca cct gtg gtg gtg cct aat gat caa gaa ata 211
Glu Val Thr Gly Gln Ala Pro Val Val Val Pro Asn Asp Gln Glu Ile

25 30 35

gat gag atg ctt ttc gac gcc gtc atc ctc tca cct ggc ccg ggc cac 259
Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser Pro Gly Pro Gly His

40 45 50

gcc ggc gtt gcg gct gat ttt ggt atc tgt gca ggc gtc att gag cgt 307
Ala Gly Val Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala Gly Val Ile Glu Arg

55 60 65

gca cgc gtt ccg att ttg ggt gtg tgt tta ggc cac cag ggc att gcg 355

Ala	Arg	Val	Pro	Ile	Leu	Gly	Val	Cys	Leu	Gly	His	Gln	Gly	Ile	Ala	
70					75					80					85	
ttg	gcc	tat	ggc	ggt	gat	gtt	gat	ttg	gcg	ccc	agg	ccg	gtc	cac	ggc	403
Leu	Ala	Tyr	Gly	Gly	Asp	Val	Asp	Leu	Ala	Pro	Arg	Pro	Val	His	Gly	
				90					95					100		
gag	gtt	tcg	cag	atc	acc	cat	gat	ggt	tca	ggt	tta	ttt	gca	ggc	atc	451
Glu	Val	Ser	Gln	Ile	Thr	His	Asp	Gly	Ser	Gly	Leu	Phe	Ala	Gly	Ile	
			105					110					115			
cct	gaa	acg	ttt	gag	gcg	gtg	cgt	tat	cac	tcg	atg	gtg	gca	acc	cgc	499
Pro	Glu	Thr	Phe	Glu	Ala	Val	Arg	Tyr	His	Ser	Met	Val	Ala	Thr	Arg	
	120						125					130				
ttg	ccg	gag	tca	ttg	aaa	gct	aca	gct	acc	agc	gat	gat	ggt	ttg	atc	547
Leu	Pro	Glu	Ser	Leu	Lys	Ala	Thr	Ala	Thr	Ser	Asp	Asp	Gly	Leu	Ile	
	135					140				145						
atg	gca	ttg	gca	cat	gaa	gtg	ctt	ccg	cag	tgg	ggt	gtg	caa	ttt	cat	595
Met	Ala	Leu	Ala	His	Glu	Val	Leu	Pro	Gln	Trp	Gly	Val	Gln	Phe	His	
150				155				160					165			
ccg	gaa	tct	att	ggt	gga	caa	ttc	ggc	cat	cag	atc	att	aag	aac	ttc	643
Pro	Glu	Ser	Ile	Gly	Gly	Gln	Phe	Gly	His	Gln	Ile	Ile	Lys	Asn	Phe	
			170					175					180			
ctt	aat	tta	gcg	cgc	aca	tat	cgc	tgg	caa	ctc	acg	gag	aaa	act	att	691
Leu	Asn	Leu	Ala	Arg	Thr	Tyr	Arg	Trp	Gln	Leu	Thr	Glu	Lys	Thr	Ile	
	185							190					195			
ccg	ctc	agc	gtt	gat	tca	gca	gcg	gtt	ttt	gaa	aca	ttc	ttt	gcc	cat	739
Pro	Leu	Ser	Val	Asp	Ser	Ala	Ala	Val	Phe	Glu	Thr	Phe	Phe	Ala	His	
	200					205						210				
tcc	tcc	cat	gct	ttt	tgg	ctc	gat	gat	gcc	caa	gga	acc	agc	tat	ctt	787
Ser	Ser	His	Ala	Phe	Trp	Leu	Asp	Asp	Ala	Gln	Gly	Thr	Ser	Tyr	Leu	
	215				220					225						
ggt	gat	gcc	agc	ggt	cct	ctc	gca	cgc	aca	aaa	acc	cat	aat	gtc	ggc	835

Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys Thr His Asn Val Gly	
230	235
240	245
gag ggg gat ttc ttc acc tgg cta aag gag gat ctc gcc gcc aac tca	883
Glu Gly Asp Phe Phe Thr Trp Leu Lys Glu Asp Leu Ala Ala Asn Ser	
250	255
260	
gtt gcg ccc ggt caa ggt ttt cgt ctt ggc tgg gtt ggt tac gtt ggt	931
Val Ala Pro Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Trp Val Gly Tyr Val Gly	
265	270
275	
tat gag ctt aaa gcg gaa gct ggc gca cgg gct gcg cac act tcg agt	979
Tyr Glu Leu Lys Ala Glu Ala Gly Ala Arg Ala Ala His Thr Ser Ser	
280	285
290	
ctt ccg gat gcg cac ctc att ttt gcc gat cgc gcc atc gca gtg gaa	1027
Leu Pro Asp Ala His Leu Ile Phe Ala Asp Arg Ala Ile Ala Val Glu	
295	300
305	
tcg gat cag gtt cgg ttg ctg gcg ttg ggg gag cag gac gag tgg ttt	1075
Ser Asp Gln Val Arg Leu Leu Ala Leu Gly Glu Gln Asp Glu Trp Phe	
310	315
320	325
gaa gaa acc atc aag aag ctg cat aat ctt gtc gcc ccg cgg ata cct	1123
Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val Ala Pro Arg Ile Pro	
330	335
340	
gcg tcc gga cac ctc gct ttg cag gtt cga gat tcc aaa gat gag tat	1171
Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp Ser Lys Asp Glu Tyr	
345	350
355	
ctc gac aaa att cgc aga gcc cag gag ctg att act cgc ggc gaa tcg	1219
Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile Thr Arg Gly Glu Ser	
360	365
370	
tat gaa atc tgc ctg acc aca aaa ctt cag ggc acc act gat gtg gcc	1267
Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly Thr Thr Asp Val Ala	
375	380
385	
cct ctg gct gcc tat cta gca ctg cgt ggg gcc aat ccc acc gca tat	1315

Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala Asn Pro Thr Ala Tyr	
390	395
400	405
ggt gcg tat ctt cag ctg ggg gat acc tct att ttg agt tcc tcg ccg	1363
Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile Leu Ser Ser Ser Pro	
410	415
420	
gag cgg ttc atc acc att gat tcg gca ggg tat gtg gaa tca aag ccc	1411
Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr Val Glu Ser Lys Pro	
425	430
435	
att aaa ggc acc agg ccg cgt ggg cga aca gcg caa gaa gac caa gaa	1459
Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala Gln Glu Asp Gln Glu	
440	445
450	
atc att gct gag ctg cgc agt aat cct aaa gat cgt gca gaa aac ttg	1507
Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp Arg Ala Glu Asn Leu	
455	460
465	
atg atc gtg gat ttg gtc cgc aac gac tta gcc cgc ggc gct ttg ccc	1555
Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala Arg Gly Ala Leu Pro	
470	475
480	485
acc aca gtt aaa aca tcc aag ctt ttc gac gtc gaa acc tac gcc aca	1603
Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val Glu Thr Tyr Ala Thr	
490	495
500	
gtc cac caa ctt gtc agc acc gtc tct gca gag ttg ggg cca cgc agt	1651
Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu Leu Gly Pro Arg Ser	
505	510
515	
ccg att gag tgc gtg cgc gca gca ttc ccc ggt ggt tcg atg act ggt	1699
Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly Gly Ser Met Thr Gly	
520	525
530	
gcc cca aag ctg cgc acc atg gag atc atc gat gag ctg gag gca gct	1747
Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp Glu Leu Glu Ala Ala	
535	540
545	
cct cgc ggt att tac tca ggt ggc ttg gga tat ttt tcc ctc gac ggc	1795

Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr Phe Ser Leu Asp Gly
550 555 560 565
gca gtt gat ctc tcc atg gtg atc aga act ctc gtc atc cag aac aat 1843
Ala Val Asp Leu Ser Met Val Ile Arg Thr Leu Val Ile Gln Asn Asn
570 575 580
cac gtg gag tac gga gtg ggc ggt gca ctt ctt gct ctg tct gat ccg 1891
His Val Glu Tyr Gly Val Gly Gly Ala Leu Leu Ala Leu Ser Asp Pro
585 590 595
gag gct gag tgg gag gaa atc cgc gtt aaa tca cgg cct ctg ctg aat 1939
Glu Ala Glu Trp Glu Glu Ile Arg Val Lys Ser Arg Pro Leu Leu Asn
600 605 610
ttg ttt ggg gtt gaa ttc cca tgacgtacct cgtgtgggac ggt 1983
Leu Phe Gly Val Glu Phe Pro
615 620
<210> 702
<211> 620
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 702
Met Arg Val Leu Ile Ile Asp Asn Tyr Asp Ser Phe Thr Phe Asn Leu
1 5 10 15
Ala Thr Tyr Val Glu Glu Val Thr Gly Gln Ala Pro Val Val Val Pro
20 25 30
Asn Asp Gln Glu Ile Asp Glu Met Leu Phe Asp Ala Val Ile Leu Ser
35 40 45
Pro Gly Pro Gly His Ala Gly Val Ala Ala Asp Phe Gly Ile Cys Ala
50 55 60
Gly Val Ile Glu Arg Ala Arg Val Pro Ile Leu Gly Val Cys Leu Gly
65 70 75 80
His Gln Gly Ile Ala Leu Ala Tyr Gly Gly Asp Val Asp Leu Ala Pro

85

90

95

Arg Pro Val His Gly Glu Val Ser Gln Ile Thr His Asp Gly Ser Gly
100 105 110

Leu Phe Ala Gly Ile Pro Glu Thr Phe Glu Ala Val Arg Tyr His Ser
115 120 125

Met Val Ala Thr Arg Leu Pro Glu Ser Leu Lys Ala Thr Ala Thr Ser
130 135 140

Asp Asp Gly Leu Ile Met Ala Leu Ala His Glu Val Leu Pro Gln Trp
145 150 155 160

Gly Val Gln Phe His Pro Glu Ser Ile Gly Gly Gln Phe Gly His Gln
165 170 175

Ile Ile Lys Asn Phe Leu Asn Leu Ala Arg Thr Tyr Arg Trp Gln Leu
180 185 190

Thr Glu Lys Thr Ile Pro Leu Ser Val Asp Ser Ala Ala Val Phe Glu
195 200 205

Thr Phe Phe Ala His Ser Ser His Ala Phe Trp Leu Asp Asp Ala Gln
210 215 220

Gly Thr Ser Tyr Leu Gly Asp Ala Ser Gly Pro Leu Ala Arg Thr Lys
225 230 235 240

Thr His Asn Val Gly Glu Gly Asp Phe Phe Thr Trp Leu Lys Glu Asp
245 250 255

Leu Ala Ala Asn Ser Val Ala Pro Gly Gln Gly Phe Arg Leu Gly Trp
260 265 270

Val Gly Tyr Val Gly Tyr Glu Leu Lys Ala Glu Ala Gly Ala Arg Ala
275 280 285

Ala His Thr Ser Ser Leu Pro Asp Ala His Leu Ile Phe Ala Asp Arg
290 295 300

Ala Ile Ala Val Glu Ser Asp Gln Val Arg Leu Leu Ala Leu Gly Glu
305 310 315 320

Gln Asp Glu Trp Phe Glu Glu Thr Ile Lys Lys Leu His Asn Leu Val
325 330 335

Ala Pro Arg Ile Pro Ala Ser Gly His Leu Ala Leu Gln Val Arg Asp
340 345 350

Ser Lys Asp Glu Tyr Leu Asp Lys Ile Arg Arg Ala Gln Glu Leu Ile
355 360 365

Thr Arg Gly Glu Ser Tyr Glu Ile Cys Leu Thr Thr Lys Leu Gln Gly
370 375 380

Thr Thr Asp Val Ala Pro Leu Ala Ala Tyr Leu Ala Leu Arg Gly Ala
385 390 395 400

Asn Pro Thr Ala Tyr Gly Ala Tyr Leu Gln Leu Gly Asp Thr Ser Ile
405 410 415

Leu Ser Ser Ser Pro Glu Arg Phe Ile Thr Ile Asp Ser Ala Gly Tyr
420 425 430

Val Glu Ser Lys Pro Ile Lys Gly Thr Arg Pro Arg Gly Arg Thr Ala
435 440 445

Gln Glu Asp Gln Glu Ile Ile Ala Glu Leu Arg Ser Asn Pro Lys Asp
450 455 460

Arg Ala Glu Asn Leu Met Ile Val Asp Leu Val Arg Asn Asp Leu Ala
465 470 475 480

Arg Gly Ala Leu Pro Thr Thr Val Lys Thr Ser Lys Leu Phe Asp Val
485 490 495

Glu Thr Tyr Ala Thr Val His Gln Leu Val Ser Thr Val Ser Ala Glu
500 505 510

Leu Gly Pro Arg Ser Pro Ile Glu Cys Val Arg Ala Ala Phe Pro Gly
515 520 525

Gly Ser Met Thr Gly Ala Pro Lys Leu Arg Thr Met Glu Ile Ile Asp
530 535 540

Glu Leu Glu Ala Ala Pro Arg Gly Ile Tyr Ser Gly Gly Leu Gly Tyr
545 550 555 560

Phe Ser Leu Asp Gly Ala Val Asp Leu Ser Met Val Ile Arg Thr Leu
565 570 575

Val Ile Gln Asn Asn His Val Glu Tyr Gly Val Gly Gly Ala Leu Leu
580 585 590

Ala Leu Ser Asp Pro Glu Ala Glu Trp Glu Glu Ile Arg Val Lys Ser
595 600 605

Arg Pro Leu Leu Asn Leu Phe Gly Val Glu Phe Pro
610 615 620

<210> 703
<211> 747
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(724)
<223> RXA00958

<400> 703
attctaattcc tcaatctgaa gccgatgaga cgttcacaaa ggcgtatgcc gtgttgaatg 60

ccattgcgct tgctgctggg tccactttgg aggtcatccg atg aca cac gtt gtt 115
Met Thr His Val Val

1 5

ctc att gat aat cac gat tct ttt gtc tac aac ctg gtg gat gcg ttc 163
Leu Ile Asp Asn His Asp Ser Phe Val Tyr Asn Leu Val Asp Ala Phe

10 15 20

gcc gtg gcc ggt tat aag tgc acg gtg ttc cgc aat acg gtg cca gtg 211
Ala Val Ala Gly Tyr Lys Cys Thr Val Phe Arg Asn Thr Val Pro Val

25 30 35

gaa acc att ttg gca gcc aac ccg gac ctg atc tgc ctt tca cct gga 259
Glu Thr Ile Leu Ala Ala Asn Pro Asp Leu Ile Cys Leu Ser Pro Gly

40 45 50

cct ggt tac cct gcc gat gcg ggc aac atg atg gcg ctg atc gag cgc 307
Pro Gly Tyr Pro Ala Asp Ala Gly Asn Met Met Ala Leu Ile Glu Arg

55 60 65

aca ctc ggc cag att cct tta ctg ggt att tgc ctc ggc tac cag gca 355
Thr Leu Gly Gln Ile Pro Leu Leu Gly Ile Cys Leu Gly Tyr Gln Ala

70 75 80 85

ctc atc gaa tac cac ggc ggc aag gtt gag cct tgt ggc cct gtg cac 403
Leu Ile Glu Tyr His Gly Gly Lys Val Glu Pro Cys Gly Pro Val His

90 95 100

ggc acc acc gac aac atg atc ctt act gat gca ggt gtg cag agc cct 451
Gly Thr Thr Asp Asn Met Ile Leu Thr Asp Ala Gly Val Gln Ser Pro

105 110 115

gtt ttt gca ggt ctt gcc act gat gtt gag cct gat cat cca gaa atc 499
Val Phe Ala Gly Leu Ala Thr Asp Val Glu Pro Asp His Pro Glu Ile

120 125 130

cca ggc cgc aag gtt cca att ggc cgt tat cac tca ctg ggc tgc gtg 547
Pro Gly Arg Lys Val Pro Ile Gly Arg Tyr His Ser Leu Gly Cys Val

135 140 145

gtt gcc cca gac ggt att gaa tca cta ggt acc tgt tcc tcg gag att 595
Val Ala Pro Asp Gly Ile Glu Ser Leu Gly Thr Cys Ser Ser Glu Ile

150 155 160 165

ggt gat gtc atc atg gcg gca cgc acc acc gat gga aag gcc att ggc 643
Gly Asp Val Ile Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp Gly Lys Ala Ile Gly

170 175 180

ctg cag ttt cac cct gag tca gtg cta agc cca acg ggt cct gtc att 691
Leu Gln Phe His Pro Glu Ser Val Leu Ser Pro Thr Gly Pro Val Ile

185 190 195

ttg tcc cgc tgt gtc gaa cag ctt ctc gcg aac taataaaaaa aggatttgat 744

Leu Ser Arg Cys Val Glu Gln Leu Leu Ala Asn

200

205

tca

747

<210> 704

<211> 208

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 704

Met	Thr	His	Val	Val	Leu	Ile	Asp	Asn	His	Asp	Ser	Phe	Val	Tyr	Asn
1				5					10					15	

Leu	Val	Asp	Ala	Phe	Ala	Val	Ala	Gly	Tyr	Lys	Cys	Thr	Val	Phe	Arg
		20						25					30		

Asn	Thr	Val	Pro	Val	Glu	Thr	Ile	Leu	Ala	Ala	Asn	Pro	Asp	Leu	Ile
		35					40					45			

Cys	Leu	Ser	Pro	Gly	Pro	Gly	Tyr	Pro	Ala	Asp	Ala	Gly	Asn	Met	Met
	50					55					60				

Ala	Leu	Ile	Glu	Arg	Thr	Leu	Gly	Gln	Ile	Pro	Leu	Leu	Gly	Ile	Cys
65					70				75					80	

Leu	Gly	Tyr	Gln	Ala	Leu	Ile	Glu	Tyr	His	Gly	Gly	Lys	Val	Glu	Pro
			85						90					95	

Cys	Gly	Pro	Val	His	Gly	Thr	Thr	Asp	Asn	Met	Ile	Leu	Thr	Asp	Ala
		100						105					110		

Gly	Val	Gln	Ser	Pro	Val	Phe	Ala	Gly	Leu	Ala	Thr	Asp	Val	Glu	Pro
		115					120					125			

Asp	His	Pro	Glu	Ile	Pro	Gly	Arg	Lys	Val	Pro	Ile	Gly	Arg	Tyr	His
	130					135					140				

Ser	Leu	Gly	Cys	Val	Val	Ala	Pro	Asp	Gly	Ile	Glu	Ser	Leu	Gly	Thr
145					150					155				160	

Cys Ser Ser Glu Ile Gly Asp Val Ile Met Ala Ala Arg Thr Thr Asp
165 170 175

Gly Lys Ala Ile Gly Leu Gln Phe His Pro Glu Ser Val Leu Ser Pro
180 185 190

Thr Gly Pro Val Ile Leu Ser Arg Cys Val Glu Gln Leu Leu Ala Asn
195 200 205

<210> 705

<211> 1266

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1243)

<223> RXA02790

<400> 705

tggatgctcg caccgagcc cttgaaccac aatccacaga cacccaagat ttcgacgaga 60

agggaaattt cccaggatga accaaatccg aaaccgccgg atg gag ccc gtc tac 115
Met Glu Pro Val Tyr

1 5

gta aag cgc cgc caa cgg ttt att gcc gtg acg atc gct tca ctc atc 163
Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr Ile Ala Ser Leu Ile

10 15 20

ctc att atc ggt gcc atc atc tat atc ggt gta gcc acc tca aac cgg 211
Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val Ala Thr Ser Asn Arg

25 30 35

acg cca cat gac tat gaa ggc tcc gga aac ggt gtg gtt cag ctg gtc 259
Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly Val Val Gln Leu Val

40 45 50

gaa atc cct gaa ggt tcc tcc ata tca gag ctc ggc cca gag ttg gaa 307

Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu Gly Pro Glu Leu Glu
55 60 65

gaa cga gat atc gtg gcc acc aac tca gcg ttc caa aca gcg gcc agc 355
Glu Arg Asp Ile Val Ala Thr Asn Ser Ala Phe Gln Thr Ala Ala Ser

70 75 80 85

aac aac ccc aac gcg ggt agt gta cag cca ggt ttc tac cgt ctg cag 403
Asn Asn Pro Asn Ala Gly Ser Val Gln Pro Gly Phe Tyr Arg Leu Gln

90 95 100

gaa caa atg aac gca gca gct gca gtg tcg gct ctg ctt gat cca gac 451
Glu Gln Met Asn Ala Ala Ala Val Ser Ala Leu Leu Asp Pro Asp

105 110 115

aac cag gtt gat ctc ctc gac att cac ggc ggc gcc acc ttg atg gac 499
Asn Gln Val Asp Leu Leu Asp Ile His Gly Gly Ala Thr Leu Met Asp

120 125 130

gtc act gtt gtc ggc gga aac acc cgc gcg gga atc tac tcc cag atc 547
Val Thr Val Val Gly Gly Asn Thr Arg Ala Gly Ile Tyr Ser Gln Ile

135 140 145

gca gcc gtg acc tgc acc gaa ggc tcc gcc aac tgc atc acc gct gag 595
Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn Cys Ile Thr Ala Glu

150 155 160 165

gat ttg cag cag gtt gcc tcc acc gtg tcg cct gca gaa ttg ggt gtc 643
Asp Leu Gln Gln Val Ala Ser Thr Val Ser Pro Ala Glu Leu Gly Val

170 175 180

cca gat tgg gca atc gct gct gtg gaa gct cgc gga act gat cca aag 691
Pro Asp Trp Ala Ile Ala Ala Val Glu Ala Arg Gly Thr Asp Pro Lys

185 190 195

cgc ctc gaa ggc ctg atc atg cct ggc caa tac gtg gtg gat cca tcc 739
Arg Leu Glu Gly Leu Ile Met Pro Gly Gln Tyr Val Val Asp Pro Ser

200 205 210

aac gac gcc cag gga atc ctc acc gat ctg atc acg cga tca gca aac 787

Asn Asp Ala Gln Gly Ile Leu Thr Asp Leu Ile Thr Arg Ser Ala Asn
215 220 225

cat ttc caa gaa acc gac atc acg ggc cgt gca gat gcc atc gga ctt 835
His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala Asp Ala Ile Gly Leu

230 235 240 245

act cca tat gag ctg gtc acc gca gca tct tta atc gag cgc gaa gca 883
Thr Pro Tyr Glu Leu Val Thr Ala Ala Ser Leu Ile Glu Arg Glu Ala

250 255 260

cca gca gga gat ttt gat aag gtc gcc cgc gtc atc ttg aac cgt ctc 931
Pro Ala Gly Asp Phe Asp Lys Val Ala Arg Val Ile Leu Asn Arg Leu

265 270 275

gcc gag cca atg cag ctg caa ttc gac tcc acc gtc aac tac ggt ctg 979
Ala Glu Pro Met Gln Leu Gln Phe Asp Ser Thr Val Asn Tyr Gly Leu

280 285 290

tct gaa caa gaa gta gca acc acc gac gaa gac cgt cag acc gtc acc 1027
Ser Glu Gln Glu Val Ala Thr Thr Asp Glu Asp Arg Gln Thr Val Thr

295 300 305

cca tgg aac act tac gcc atg gac ggc ctg cca caa acc ccc atc gcc 1075
Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro Gln Thr Pro Ile Ala

310 315 320 325

gca gta tcc acc gaa gca ctc caa gcc atg gaa aac cct gca gaa gga 1123
Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu Asn Pro Ala Glu Gly

330 335 340

aac tgg ctg tac ttt gtc acc atc gac acc gat gga acc acc gtg ttc 1171
Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp Gly Thr Thr Val Phe

345 350 355

aac gac acc ttc gaa gag cac gaa gcc gac att gag caa gct ttg aac 1219
Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile Glu Gln Ala Leu Asn

360 365 370

agt ggc gtt cta gac agc aac cga taaggatcag cgaataaaat tgg 1266

Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg

375

380

<210> 706

<211> 381

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 706

Met Glu Pro Val Tyr Val Lys Arg Arg Gln Arg Phe Ile Ala Val Thr
1 5 10 15

Ile Ala Ser Leu Ile Leu Ile Ile Gly Ala Ile Ile Tyr Ile Gly Val
20 25 30

Ala Thr Ser Asn Arg Thr Pro His Asp Tyr Glu Gly Ser Gly Asn Gly
35 40 45

Val Val Gln Leu Val Glu Ile Pro Glu Gly Ser Ser Ile Ser Glu Leu
50 55 60

Gly Pro Glu Leu Glu Glu Arg Asp Ile Val Ala Thr Asn Ser Ala Phe
65 70 75 80

Gln Thr Ala Ala Ser Asn Asn Pro Asn Ala Gly Ser Val Gln Pro Gly
85 90 95

Phe Tyr Arg Leu Gln Glu Gln Met Asn Ala Ala Ala Ala Val Ser Ala
100 105 110

Leu Leu Asp Pro Asp Asn Gln Val Asp Leu Leu Asp Ile His Gly Gly
115 120 125

Ala Thr Leu Met Asp Val Thr Val Val Gly Gly Asn Thr Arg Ala Gly
130 135 140

Ile Tyr Ser Gln Ile Ala Ala Val Thr Cys Thr Glu Gly Ser Ala Asn
145 150 155 160

Cys Ile Thr Ala Glu Asp Leu Gln Gln Val Ala Ser Thr Val Ser Pro
165 170 175

Ala Glu Leu Gly Val Pro Asp Trp Ala Ile Ala Ala Val Glu Ala Arg
180 185 190

Gly Thr Asp Pro Lys Arg Leu Glu Gly Leu Ile Met Pro Gly Gln Tyr
195 200 205

Val Val Asp Pro Ser Asn Asp Ala Gln Gly Ile Leu Thr Asp Leu Ile
210 215 220

Thr Arg Ser Ala Asn His Phe Gln Glu Thr Asp Ile Thr Gly Arg Ala
225 230 235 240

Asp Ala Ile Gly Leu Thr Pro Tyr Glu Leu Val Thr Ala Ala Ser Leu
245 250 255

Ile Glu Arg Glu Ala Pro Ala Gly Asp Phe Asp Lys Val Ala Arg Val
260 265 270

Ile Leu Asn Arg Leu Ala Glu Pro Met Gln Leu Gln Phe Asp Ser Thr
275 280 285

Val Asn Tyr Gly Leu Ser Glu Gln Glu Val Ala Thr Thr Asp Glu Asp
290 295 300

Arg Gln Thr Val Thr Pro Trp Asn Thr Tyr Ala Met Asp Gly Leu Pro
305 310 315 320

Gln Thr Pro Ile Ala Ala Val Ser Thr Glu Ala Leu Gln Ala Met Glu
325 330 335

Asn Pro Ala Glu Gly Asn Trp Leu Tyr Phe Val Thr Ile Asp Thr Asp
340 345 350

Gly Thr Thr Val Phe Asn Asp Thr Phe Glu Glu His Glu Ala Asp Ile
355 360 365

Glu Gln Ala Leu Asn Ser Gly Val Leu Asp Ser Asn Arg
370 375 380

<210> 707

<211> 579
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(556)
 <223> RXA00106

<400> 707
 tggagctcaa caaggcagcg tacatgtttg agtacagctt cgatgacatc accgtgtccg 60

gctacgatcc acacccattg atccgcggca aggtcgccgt atg atc ggt gcg att 115
 Met Ile Gly Ala Ile

1 5

tgg gca caa ggc cgt gac ggc atc atc ggc gac ggc acc gac atg ccc 163
 Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp Gly Thr Asp Met Pro

10 15 20

tgg cac atc ccg gaa gac ctc aaa cac ttc aag aaa acc acc atg ggc 211
 Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys Lys Thr Thr Met Gly

25 30 35

cag ccg gtc atc atg ggt cgt cgc acg tgg gag tct ttg ccg ttc aag 259
 Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu Ser Leu Pro Phe Lys

40 45 50

ccg ctt ccc ggc cgc gag aac ttc att ctc tcc tca cgc gag ccc ggc 307
 Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser Ser Arg Glu Pro Gly

55 60 65

gac tgg tcc gcc ggc ggc aca gtg gtc acc gaa atc cct aaa agc ggc 355
 Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu Ile Pro Lys Ser Gly

70 75 80 85

tgg atc atg ggc ggc ggc gag gtc tac aag gcc acc gtc ggc agc gcc 403
 Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala Thr Val Gly Ser Ala

90 95 100

gac gtt tta gaa ata acg ctt atc gac gcc acc ttc gat gtt tcc act 451
 Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr Phe Asp Val Ser Thr

105 110 115
 ccc gtc tac gca ccc gaa atc ccg gcg aac ttc aac ctc gat gac gaa 499
 Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe Asn Leu Asp Asp Glu

120 125 130
 tcc gag tgg ttt acc tca ggc gag tat cgt tac aag ttc cag cgc tac 547
 Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr Lys Phe Gln Arg Tyr

135 140 145
 atc aag gtt taaggagcaa acaacatgag caa 579
 Ile Lys Val

150

<210> 708
 <211> 152
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 708
 Met Ile Gly Ala Ile Trp Ala Gln Gly Arg Asp Gly Ile Ile Gly Asp
 1 5 10 15

Gly Thr Asp Met Pro Trp His Ile Pro Glu Asp Leu Lys His Phe Lys
 20 25 30

Lys Thr Thr Met Gly Gln Pro Val Ile Met Gly Arg Arg Thr Trp Glu
 35 40 45

Ser Leu Pro Phe Lys Pro Leu Pro Gly Arg Glu Asn Phe Ile Leu Ser
 50 55 60

Ser Arg Glu Pro Gly Asp Trp Ser Ala Gly Gly Thr Val Val Thr Glu
 65 70 75 80

Ile Pro Lys Ser Gly Trp Ile Met Gly Gly Gly Glu Val Tyr Lys Ala
 85 90 95

Thr Val Gly Ser Ala Asp Val Leu Glu Ile Thr Leu Ile Asp Ala Thr
 100 105 110

Phe Asp Val Ser Thr Pro Val Tyr Ala Pro Glu Ile Pro Ala Asn Phe
115 120 125

Asn Leu Asp Asp Glu Ser Glu Trp Phe Thr Ser Gly Glu Tyr Arg Tyr
130 135 140

Lys Phe Gln Arg Tyr Ile Lys Val
145 150

<210> 709
<211> 2599
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2599)
<223> RXN02198

<400> 709
agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggcgttg aaaatgaact acgaatgaaa 60

agttcgggaa ttgtctaate cgtactaagc tgtctacaca atg tct act tca gtt 115
Met Ser Thr Ser Val

1 5

act tca cca gcc cac aac aac gca cat tcc tcc gaa ttt ttg gat gcg 163
Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser Glu Phe Leu Asp Ala

10 15 20

ttg gca aac cat gtg ttg atc ggc gac ggc gcc atg ggc acc cag ctc 211
Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala Met Gly Thr Gln Leu

25 30 35

caa ggc ttt gac ctg gac gtg gaa aag gat ttc ctt gat ctg gag ggg 259
Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe Leu Asp Leu Glu Gly

40 45 50

tgt aat gag att ctc aac gac acc cgc cct gat gtg ttg agg cag att 307
Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp Val Leu Arg Gln Ile

55 60 65

cac cgc gcc tac ttt gag gcg gga gct gac ttg gtt gag acc aat act 355
His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu Val Glu Thr Asn Thr

70 75 80 85

ttt ggt tgc aac ctg ccg aac ttg gcg gat tat gac atc gct gat cgt 403
Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr Asp Ile Ala Asp Arg

90 95 100

tgc cgt gag ctt gcc tac aag ggc act gca gtg gct agg gaa gtg gct 451
Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val Ala Arg Glu Val Ala

105 110 115

gat gag atg ggg ccg ggc cga aac ggc atg cgg cgt ttc gtg gtt ggt 499
Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg Arg Phe Val Val Gly

120 125 130

tcc ctg gga cct gga acg aag ctt cca tcg ctg ggc cat gca ccg tat 547
Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu Gly His Ala Pro Tyr

135 140 145

gca gat ttg cgt ggg cac tac aag gaa gca gcg ctt ggc atc atc gac 595
Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala Leu Gly Ile Ile Asp

150 155 160 165

ggt ggt ggc gat gcc ttt ttg att gag act gct cag gac ttg ctt cag 643
Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Gln

170 175 180

gtc aag gct gcg gtt cac ggc gtt caa gat gcc atg gct gaa ctt gat 691
Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala Met Ala Glu Leu Asp

185 190 195

aca ttc ttg ccc att att tgc cac gtc acc gta gag acc acc ggc acc 739
Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val Glu Thr Thr Gly Thr

200 205 210

atg ctc atg ggt tct gag atc ggt gcc gcg ttg aca gcg ctg cag cca 787
Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu Thr Ala Leu Gln Pro

215 220 225

ctg ggt atc gac atg att ggt ctg aac tgc gcc acc ggc cca gat gag	835
Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala Thr Gly Pro Asp Glu	
230	235
240	245
atg agc gag cac ctg cgt tac ctg tcc aag cac gcc gat att cct gtg	883
Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His Ala Asp Ile Pro Val	
250	255
260	
tcg gtg atg cct aac gca ggt ctt cct gtc ctg ggt aaa aac ggt gca	931
Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu Gly Lys Asn Gly Ala	
265	270
275	
gaa tac cca ctt gag gct gag gat ttg gcg cag gcg ctg gct gga ttc	979
Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu Ala Gly Phe	
280	285
290	
gtc tcc gaa tat ggc ctg tcc atg gtg ggt ggt tgt tgt ggc acc aca	1027
Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr	
295	300
305	
cct gag cac atc cgt gcg gtc cgc gat gcg gtg gtt ggt gtt cca gag	1075
Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val Val Gly Val Pro Glu	
310	315
320	325
cag gaa acc tcc aca ctg acc aag atc cct gca ggc cct gtt gag cag	1123
Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala Gly Pro Val Glu Gln	
330	335
340	
gcc tcc cgc gag gtg gag aaa gag gac tcc gtc gcg tcg ctg tac acc	1171
Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val Ala Ser Leu Tyr Thr	
345	350
355	
tcg gtg cca ttg tcc cag gaa acc ggc att tcc atg atc ggt gag cgc	1219
Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser Met Ile Gly Glu Arg	
360	365
370	
acc aac tcc aac ggt tcc aag gca ttc cgt gag gca atg ctg tct ggc	1267
Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu Ala Met Leu Ser Gly	
375	380
385	

gat tgg gaa aag tgt gtg gat att gcc aag cag caa acc cgc gat ggt 1315
Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln Gln Thr Arg Asp Gly

390 395 400 405

gca cac atg ctg gat ctt tgt gtg gat tac gtg gga cga gac ggc acc 1363
Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val Gly Arg Asp Gly Thr

410 415 420

gcc gat atg gcg acc ttg gca gca ctt ctt gct acc agc tcc act ttg 1411
Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ser Ser Thr Leu

425 430 435

cca atc atg att gac tcc acc gag cca gag gtt att cgc aca ggc ctt 1459
Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val Ile Arg Thr Gly Leu

440 445 450

gag cac ttg ggt gga cga agc atc gtt aac tcc gtc aac ttt gaa gac 1507
Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser Val Asn Phe Glu Asp

455 460 465

ggc gat ggc cct gag tcc cgc tac cag cgc atc atg aaa ctg gta aag 1555
Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile Met Lys Leu Val Lys

470 475 480 485

cag cac ggt gcg gcc gtg gtt gcg ctg acc att gat gag gaa ggc cag 1603
Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile Asp Glu Glu Gly Gln

490 495 500

gca cgt acc gct gag cac aag gtg cgc att gct aaa cga ctg att gac 1651
Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala Lys Arg Leu Ile Asp

505 510 515

gat atc acc ggc agc tac ggc ctg gat atc aaa gac atc gtt gtg gac 1699
Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys Asp Ile Val Val Asp

520 525 530

tgc ctg acc ttc ccg atc tct act ggc cag gaa gaa acc agg cga gat 1747
Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu Glu Thr Arg Arg Asp

535 540 545

ggc att gaa acc atc gaa gcc atc cgc gag ctg aag aag ctc tac cca 1795
Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu Lys Lys Leu Tyr Pro

550 555 560 565

gaa atc cac acc acc ctg ggt ctg tcc aat att tcc ttc ggc ctg aac 1843
Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile Ser Phe Gly Leu Asn

570 575 580

cct gct gca cgc cag gtt ctt aac tct gtg ttc ctc aat gag tgc att 1891
Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe Leu Asn Glu Cys Ile

585 590 595

gag gct ggt ctg gac tct gcg att gcg cac agc tcc aag att ttg ccg 1939
Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser Ser Lys Ile Leu Pro

600 605 610

atg aac cgc att gat gat cgc cag cgc gaa gtg gcg ttg gat atg gtc 1987
Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val Ala Leu Asp Met Val

615 620 625

tat gat cgc cgc acc gag gat tac gat ccg ctg cag gaa ttc atg cag 2035
Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu Gln Glu Phe Met Gln

630 635 640 645

ctg ttt gag ggc gtt tct gct gcc gat gcc aag gat gct cgc gct gaa 2083
Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys Asp Ala Arg Ala Glu

650 655 660

cag ctg gcc gct atg cct ttg ttt gag cgt ttg gca cag cgc atc atc 2131
Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu Ala Gln Arg Ile Ile

665 670 675

gac ggc gat aag aat ggc ctt gag gat gat ctg gaa gca ggc atg aag 2179
Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu Glu Ala Gly Met Lys

680 685 690

gag aag tct cct att gcg atc atc aac gag gac ctt ctc aac ggc atg 2227
Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp Leu Leu Asn Gly Met

695 700 705

aag acc gtg ggt gag ctg ttt ggt tcc gga cag atg cag ctg cca ttc 2275
Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln Met Gln Leu Pro Phe

710 715 720 725

gtg ctg caa tcg gca gaa acc atg aaa act gcg gtg gcc tat ttg gaa 2323
Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala Val Ala Tyr Leu Glu

730 735 740

ccg ttc atg gaa gag gaa gca gaa gct acc gga tct gcg cag gca gag 2371
Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly Ser Ala Gln Ala Glu

745 750 755

ggc aag ggc aaa atc gtc gtg gcc acc gtc aag ggt gac gtg cac gat 2419
Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys Gly Asp Val His Asp

760 765 770

atc ggc aag aac ttg gtg gac atc att ttg tcc aac aac ggt tac gac 2467
Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser Asn Asn Gly Tyr Asp

775 780 785

gtg gtg aac ttg ggc atc aag cag cca ctg tcc gcc atg ttg gaa gca 2515
Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser Ala Met Leu Glu Ala

790 795 800 805

gcg gaa gaa cac aaa gca gac gtc atc ggc atg tcg gga ctt ctt gtg 2563
Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met Ser Gly Leu Leu Val

810 815 820

aag tcc acc gtg gtg atg aag caa acc atc agc gac 2599
Lys Ser Thr Val Val Met Lys Gln Thr Ile Ser Asp

825 830

<210> 710

<211> 833

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 710

Met Ser Thr Ser Val Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser

1 5 10 15

Glu Phe Leu Asp Ala Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala
20 25 30

Met Gly Thr Gln Leu Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe
35 40 45

Leu Asp Leu Glu Gly Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp
50 55 60

Val Leu Arg Gln Ile His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu
65 70 75 80

Val Glu Thr Asn Thr Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr
85 90 95

Asp Ile Ala Asp Arg Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val
100 105 110

Ala Arg Glu Val Ala Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg
115 120 125

Arg Phe Val Val Gly Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu
130 135 140

Gly His Ala Pro Tyr Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala
145 150 155 160

Leu Gly Ile Ile Asp Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala
165 170 175

Gln Asp Leu Leu Gln Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala
180 185 190

Met Ala Glu Leu Asp Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val
195 200 205

Glu Thr Thr Gly Thr Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu
210 215 220

Thr Ala Leu Gln Pro Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala

225 230 235 240
 Thr Gly Pro Asp Glu Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His
 245 250 255
 Ala Asp Ile Pro Val Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu
 260 265 270
 Gly Lys Asn Gly Ala Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln
 275 280 285
 Ala Leu Ala Gly Phe Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly
 290 295 300
 Cys Cys Gly Thr Thr Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val
 305 310 315 320
 Val Gly Val Pro Glu Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala
 325 330 335
 Gly Pro Val Glu Gln Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val
 340 345 350
 Ala Ser Leu Tyr Thr Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser
 355 360 365
 Met Ile Gly Glu Arg Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu
 370 375 380
 Ala Met Leu Ser Gly Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln
 385 390 395 400
 Gln Thr Arg Asp Gly Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val
 405 410 415
 Gly Arg Asp Gly Thr Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala
 420 425 430
 Thr Ser Ser Thr Leu Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val
 435 440 445
 Ile Arg Thr Gly Leu Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser

450 455 460
 Val Asn Phe Glu Asp Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile
 465 470 475 480
 Met Lys Leu Val Lys Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile
 485 490 495
 Asp Glu Glu Gly Gln Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala
 500 505 510
 Lys Arg Leu Ile Asp Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys
 515 520 525
 Asp Ile Val Val Asp Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu
 530 535 540
 Glu Thr Arg Arg Asp Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu
 545 550 555 560
 Lys Lys Leu Tyr Pro Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile
 565 570 575
 Ser Phe Gly Leu Asn Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe
 580 585 590
 Leu Asn Glu Cys Ile Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser
 595 600 605
 Ser Lys Ile Leu Pro Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val
 610 615 620
 Ala Leu Asp Met Val Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu
 625 630 635 640
 Gln Glu Phe Met Gln Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys
 645 650 655
 Asp Ala Arg Ala Glu Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu
 660 665 670
 Ala Gln Arg Ile Ile Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu

675	680	685
Glu Ala Gly Met Lys Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp		
690	695	700
Leu Leu Asn Gly Met Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln		
705	710	715
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
Ala Met Leu Glu Ala Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met		
805	810	815
Ser Gly Leu Leu Val Lys Ser Thr Val Val Met Lys Gln Thr Ile Ser		
820	825	830

Asp

<210> 711
 <211> 2578
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2578)
 <223> FRXA02198

<400> 711

agactagtgg cgctttgcct gtgttgctta ggcggttg aaaatgaact acgaatgaaa 60

agttcgggaa ttgtctaate cgtactaagc tgtctacaca atg tct act tca gtt 115
Met Ser Thr Ser Val

1 5

act tca cca gcc cac aac aac gca cat tcc tcc gaa ttt ttg gat gcg 163
Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser Glu Phe Leu Asp Ala

10 15 20

ttg gca aac cat gtg ttg atc ggc gac ggc gcc atg ggc acc cag etc 211
Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala Met Gly Thr Gln Leu

25 30 35

caa ggc ttt gac ctg gac gtg gaa aag gat ttc ctt gat ctg gag ggg 259
Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe Leu Asp Leu Glu Gly

40 45 50

tgt aat gag att ctc aac gac acc cgc cct gat gtg ttg agg cag att 307
Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp Val Leu Arg Gln Ile

55 60 65

cac cgc gcc tac ttt gag gcg gga gct gac ttg gtt gag acc aat act 355
His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu Val Glu Thr Asn Thr

70 75 80 85

ttt ggt tgc aac ctg ccg aac ttg gcg gat tat gac atc gct gat cgt 403
Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr Asp Ile Ala Asp Arg

90 95 100

tgc cgt gag ctt gcc tac aag ggc act gca gtg gct agg gaa gtg gct 451
Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val Ala Arg Glu Val Ala

105 110 115

gat gag atg ggg ccg ggc cga aac ggc atg cgg cgt ttc gtg gtt ggt 499
Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg Arg Phe Val Val Gly

120 125 130

tcc ctg gga cct gga acg aag ctt cca tcg ctg ggc cat gca ccg tat 547
Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu Gly His Ala Pro Tyr

135	140	145	
gca gat ttg cgt ggg cac tac aag gaa gca gcg ctt ggc atc atc gac			595
Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala Leu Gly Ile Ile Asp			
150	155	160	165
ggt ggt ggc gat gcc ttt ttg att gag act gct cag gac ttg ctt cag			643
Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Gln			
	170	175	180
gtc aag gct gcg gtt cac ggc gtt caa gat gcc atg gct gaa ctt gat			691
Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala Met Ala Glu Leu Asp			
	185	190	195
aca ttc ttg ccc att att tgc cac gtc acc gta gag acc acc ggc acc			739
Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val Glu Thr Thr Gly Thr			
	200	205	210
atg ctc atg ggt tct gag atc ggt gcc gcg ttg aca gcg ctg cag cca			787
Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu Thr Ala Leu Gln Pro			
	215	220	225
ctg ggt atc gac atg att ggt ctg aac tgc gcc acc ggc cca gat gag			835
Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala Thr Gly Pro Asp Glu			
230	235	240	245
atg agc gag cac ctg cgt tac ctg tcc aag cac gcc gat att cct gtg			883
Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His Ala Asp Ile Pro Val			
	250	255	260
tcg gtg atg cct aac gca ggt ctt cct gtc ctg ggt aaa aac ggt gca			931
Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu Gly Lys Asn Gly Ala			
	265	270	275
gaa tac cca ctt gag gct gag gat ttg gcg cag gcg ctg gct gga ttc			979
Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu Ala Gly Phe			
	280	285	290
gtc tcc gaa tat ggc ctg tcc atg gtg ggt ggt tgt tgt ggc acc aca			1027
Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly Cys Cys Gly Thr Thr			

295	300	305	
cct gag cac atc cgt gcg gtc cgc gat gcg gtg gtt ggt gtt cca gag			1075
Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val Val Gly Val Pro Glu			
310	315	320	325
cag gaa acc tcc aca ctg acc aag atc cct gca ggc cct gtt gag cag			1123
Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala Gly Pro Val Glu Gln			
	330	335	340
gcc tcc cgc gag gtg gag aaa gag gac tcc gtc gcg tcg ctg tac acc			1171
Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val Ala Ser Leu Tyr Thr			
	345	350	355
tcg gtg cca ttg tcc cag gaa acc ggc att tcc atg atc ggt gag cgc			1219
Ser Val Pro Leu Ser Gln Glu Thr Gly Ile Ser Met Ile Gly Glu Arg			
	360	365	370
acc aac tcc aac ggt tcc aag gca ttc cgt gag gca atg ctg tct ggc			1267
Thr Asn Ser Asn Gly Ser Lys Ala Phe Arg Glu Ala Met Leu Ser Gly			
	375	380	385
gat tgg gaa aag tgt gtg gat att gcc aag cag caa acc cgc gat ggt			1315
Asp Trp Glu Lys Cys Val Asp Ile Ala Lys Gln Gln Thr Arg Asp Gly			
390	395	400	405
gca cac atg ctg gat ctt tgt gtg gat tac gtg gga cga gac ggc acc			1363
Ala His Met Leu Asp Leu Cys Val Asp Tyr Val Gly Arg Asp Gly Thr			
	410	415	420
gcc gat atg gcg acc ttg gca gca ctt ctt gct acc agc tcc act ttg			1411
Ala Asp Met Ala Thr Leu Ala Ala Leu Leu Ala Thr Ser Ser Thr Leu			
	425	430	435
cca atc atg att gac tcc acc gag cca gag gtt att cgc aca ggc ctt			1459
Pro Ile Met Ile Asp Ser Thr Glu Pro Glu Val Ile Arg Thr Gly Leu			
	440	445	450
gag cac ttg ggt gga cga agc atc gtt aac tcc gtc aac ttt gaa gac			1507
Glu His Leu Gly Gly Arg Ser Ile Val Asn Ser Val Asn Phe Glu Asp			

455	460	465	
ggc gat ggc cct gag tcc cgc tac cag cgc atc atg aaa ctg gta aag			1555
Gly Asp Gly Pro Glu Ser Arg Tyr Gln Arg Ile Met Lys Leu Val Lys			
470	475	480	485
cag cac ggt gcg gcc gtg gtt gcg ctg acc att gat gag gaa ggc cag			1603
Gln His Gly Ala Ala Val Val Ala Leu Thr Ile Asp Glu Glu Gly Gln			
	490	495	500
gca cgt acc gct gag cac aag gtg cgc att gct aaa cga ctg att gac			1651
Ala Arg Thr Ala Glu His Lys Val Arg Ile Ala Lys Arg Leu Ile Asp			
	505	510	515
gat atc acc ggc agc tac ggc ctg gat atc aaa gac atc gtt gtg gac			1699
Asp Ile Thr Gly Ser Tyr Gly Leu Asp Ile Lys Asp Ile Val Val Asp			
	520	525	530
tgc ctg acc ttc ccg atc tct act ggc cag gaa gaa acc agg cga gat			1747
Cys Leu Thr Phe Pro Ile Ser Thr Gly Gln Glu Glu Thr Arg Arg Asp			
	535	540	545
ggc att gaa acc atc gaa gcc atc cgc gag ctg aag aag ctc tac cca			1795
Gly Ile Glu Thr Ile Glu Ala Ile Arg Glu Leu Lys Lys Leu Tyr Pro			
550	555	560	565
gaa atc cac acc acc ctg ggt ctg tcc aat att tcc ttc ggc ctg aac			1843
Glu Ile His Thr Thr Leu Gly Leu Ser Asn Ile Ser Phe Gly Leu Asn			
	570	575	580
cct gct gca cgc cag gtt ctt aac tct gtg ttc ctc aat gag tgc att			1891
Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe Leu Asn Glu Cys Ile			
	585	590	595
gag gct ggt ctg gac tct gcg att gcg cac agc tcc aag att ttg ccg			1939
Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser Ser Lys Ile Leu Pro			
	600	605	610
atg aac cgc att gat gat cgc cag cgc gaa gtg gcg ttg gat atg gtc			1987
Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val Ala Leu Asp Met Val			

615	620	625	
tat gat cgc cgc acc gag gat tac gat ccg ctg cag gaa ttc atg cag			2035
Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu Gln Glu Phe Met Gln			
630	635	640	645
ctg ttt gag ggc gtt tct gct gcc gat gcc aag gat gct cgc gct gaa			2083
Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys Asp Ala Arg Ala Glu			
	650	655	660
cag ctg gcc gct atg cct ttg ttt gag cgt ttg gca cag cgc atc atc			2131
Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu Ala Gln Arg Ile Ile			
	665	670	675
gac ggc gat aag aat ggc ctt gag gat gat ctg gaa gca ggc atg aag			2179
Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu Glu Ala Gly Met Lys			
	680	685	690
gag aag tct cct att gcg atc atc aac gag gac ctt ctc aac ggc atg			2227
Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp Leu Leu Asn Gly Met			
	695	700	705
aag acc gtg ggt gag ctg ttt ggt tcc gga cag atg cag ctg cca ttc			2275
Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln Met Gln Leu Pro Phe			
710	715	720	725
gtg ctg caa tcg gca gaa acc atg aaa act gcg gtg gcc tat ttg gaa			2323
Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala Val Ala Tyr Leu Glu			
	730	735	740
ccg ttc atg gaa gag gaa gca gaa gct acc gga tct gcg cag gca gag			2371
Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly Ser Ala Gln Ala Glu			
	745	750	755
ggc aag ggc aaa atc gtc gtg gcc acc gtc aag ggt gac gtg cac gat			2419
Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys Gly Asp Val His Asp			
	760	765	770
atc ggc aag aac ttg gtg gac atc att ttg tcc aac aac ggt tac gac			2467
Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser Asn Asn Gly Tyr Asp			

775 780 785

gtg gtg aac ttg ggc atc aag cag cca ctg tcc gcc atg ttg gaa gca 2515
Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser Ala Met Leu Glu Ala

790 795 800 805

gcg gaa gaa cac aaa gca gac gtc atc ggc atg tcg gga ctt ctt gtg 2563
Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met Ser Gly Leu Leu Val

810 815 820

aag tcc acc gtg gtg 2578
Lys Ser Thr Val Val

825

<210> 712
<211> 826
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 712
Met Ser Thr Ser Val Thr Ser Pro Ala His Asn Asn Ala His Ser Ser
1 5 10 15

Glu Phe Leu Asp Ala Leu Ala Asn His Val Leu Ile Gly Asp Gly Ala
20 25 30

Met Gly Thr Gln Leu Gln Gly Phe Asp Leu Asp Val Glu Lys Asp Phe
35 40 45

Leu Asp Leu Glu Gly Cys Asn Glu Ile Leu Asn Asp Thr Arg Pro Asp
50 55 60

Val Leu Arg Gln Ile His Arg Ala Tyr Phe Glu Ala Gly Ala Asp Leu
65 70 75 80

Val Glu Thr Asn Thr Phe Gly Cys Asn Leu Pro Asn Leu Ala Asp Tyr
85 90 95

Asp Ile Ala Asp Arg Cys Arg Glu Leu Ala Tyr Lys Gly Thr Ala Val
100 105 110

Ala Arg Glu Val Ala Asp Glu Met Gly Pro Gly Arg Asn Gly Met Arg

115	120	125
Arg Phe Val Val Gly Ser Leu Gly Pro Gly Thr Lys Leu Pro Ser Leu		
130	135	140
Gly His Ala Pro Tyr Ala Asp Leu Arg Gly His Tyr Lys Glu Ala Ala		
145	150	155
160		
Leu Gly Ile Ile Asp Gly Gly Gly Asp Ala Phe Leu Ile Glu Thr Ala		
165	170	175
Gln Asp Leu Leu Gln Val Lys Ala Ala Val His Gly Val Gln Asp Ala		
180	185	190
Met Ala Glu Leu Asp Thr Phe Leu Pro Ile Ile Cys His Val Thr Val		
195	200	205
Glu Thr Thr Gly Thr Met Leu Met Gly Ser Glu Ile Gly Ala Ala Leu		
210	215	220
Thr Ala Leu Gln Pro Leu Gly Ile Asp Met Ile Gly Leu Asn Cys Ala		
225	230	235
240		
Thr Gly Pro Asp Glu Met Ser Glu His Leu Arg Tyr Leu Ser Lys His		
245	250	255
Ala Asp Ile Pro Val Ser Val Met Pro Asn Ala Gly Leu Pro Val Leu		
260	265	270
Gly Lys Asn Gly Ala Glu Tyr Pro Leu Glu Ala Glu Asp Leu Ala Gln		
275	280	285
Ala Leu Ala Gly Phe Val Ser Glu Tyr Gly Leu Ser Met Val Gly Gly		
290	295	300
Cys Cys Gly Thr Thr Pro Glu His Ile Arg Ala Val Arg Asp Ala Val		
305	310	315
320		
Val Gly Val Pro Glu Gln Glu Thr Ser Thr Leu Thr Lys Ile Pro Ala		
325	330	335
Gly Pro Val Glu Gln Ala Ser Arg Glu Val Glu Lys Glu Asp Ser Val		

340										345										350														
Ala	Ser	Leu	Tyr	Thr	Ser	Val	Pro	Leu	Ser	Gln	Glu	Thr	Gly	Ile	Ser																			
355							360							365																				
Met	Ile	Gly	Glu	Arg	Thr	Asn	Ser	Asn	Gly	Ser	Lys	Ala	Phe	Arg	Glu																			
370							375							380																				
Ala	Met	Leu	Ser	Gly	Asp	Trp	Glu	Lys	Cys	Val	Asp	Ile	Ala	Lys	Gln																			
385							390							395							400													
Gln	Thr	Arg	Asp	Gly	Ala	His	Met	Leu	Asp	Leu	Cys	Val	Asp	Tyr	Val																			
							405							410							415													
Gly	Arg	Asp	Gly	Thr	Ala	Asp	Met	Ala	Thr	Leu	Ala	Ala	Leu	Leu	Ala																			
							420							425							430													
Thr	Ser	Ser	Thr	Leu	Pro	Ile	Met	Ile	Asp	Ser	Thr	Glu	Pro	Glu	Val																			
							435							440							445													
Ile	Arg	Thr	Gly	Leu	Glu	His	Leu	Gly	Gly	Arg	Ser	Ile	Val	Asn	Ser																			
450							455							460																				
Val	Asn	Phe	Glu	Asp	Gly	Asp	Gly	Pro	Glu	Ser	Arg	Tyr	Gln	Arg	Ile																			
465							470							475							480													
Met	Lys	Leu	Val	Lys	Gln	His	Gly	Ala	Ala	Val	Val	Ala	Leu	Thr	Ile																			
							485							490							495													
Asp	Glu	Glu	Gly	Gln	Ala	Arg	Thr	Ala	Glu	His	Lys	Val	Arg	Ile	Ala																			
							500							505							510													
Lys	Arg	Leu	Ile	Asp	Asp	Ile	Thr	Gly	Ser	Tyr	Gly	Leu	Asp	Ile	Lys																			
515							520							525																				
Asp	Ile	Val	Val	Asp	Cys	Leu	Thr	Phe	Pro	Ile	Ser	Thr	Gly	Gln	Glu																			
530							535							540																				
Glu	Thr	Arg	Arg	Asp	Gly	Ile	Glu	Thr	Ile	Glu	Ala	Ile	Arg	Glu	Leu																			
545							550							555							560													
Lys	Lys	Leu	Tyr	Pro	Glu	Ile	His	Thr	Thr	Leu	Gly	Leu	Ser	Asn	Ile																			

565

570

575

Ser Phe Gly Leu Asn Pro Ala Ala Arg Gln Val Leu Asn Ser Val Phe
580 585 590

Leu Asn Glu Cys Ile Glu Ala Gly Leu Asp Ser Ala Ile Ala His Ser
595 600 605

Ser Lys Ile Leu Pro Met Asn Arg Ile Asp Asp Arg Gln Arg Glu Val
610 615 620

Ala Leu Asp Met Val Tyr Asp Arg Arg Thr Glu Asp Tyr Asp Pro Leu
625 630 635 640

Gln Glu Phe Met Gln Leu Phe Glu Gly Val Ser Ala Ala Asp Ala Lys
645 650 655

Asp Ala Arg Ala Glu Gln Leu Ala Ala Met Pro Leu Phe Glu Arg Leu
660 665 670

Ala Gln Arg Ile Ile Asp Gly Asp Lys Asn Gly Leu Glu Asp Asp Leu
675 680 685

Glu Ala Gly Met Lys Glu Lys Ser Pro Ile Ala Ile Ile Asn Glu Asp
690 695 700

Leu Leu Asn Gly Met Lys Thr Val Gly Glu Leu Phe Gly Ser Gly Gln
705 710 715 720

Met Gln Leu Pro Phe Val Leu Gln Ser Ala Glu Thr Met Lys Thr Ala
725 730 735

Val Ala Tyr Leu Glu Pro Phe Met Glu Glu Glu Ala Glu Ala Thr Gly
740 745 750

Ser Ala Gln Ala Glu Gly Lys Gly Lys Ile Val Val Ala Thr Val Lys
755 760 765

Gly Asp Val His Asp Ile Gly Lys Asn Leu Val Asp Ile Ile Leu Ser
770 775 780

Asn Asn Gly Tyr Asp Val Val Asn Leu Gly Ile Lys Gln Pro Leu Ser
785 790 795 800

Ala Met Leu Glu Ala Ala Glu Glu His Lys Ala Asp Val Ile Gly Met
805 810 815

Ser Gly Leu Leu Val Lys Ser Thr Val Val
820 825

<210> 713
<211> 2358
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2335)
<223> RXN02085

<400> 713
caccggtga tttcggaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tcctagccgg 60

gatccgcacg ttcggctcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt 115
Met Thr Ser Asn Phe

1 5

tct tcc act gtc gct ggt ctt cct cgc atc gga gcg aag cgt gaa ctg 163
Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly Ala Lys Arg Glu Leu

10 15 20

aag ttc gcg ctc gaa ggc tac tgg aat gga tca att gaa ggt cgc gaa 211
Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser Ile Glu Gly Arg Glu

25 30 35

ctt gcg cag acc gcc cgc caa ttg gtc aac act gca tgc gat tct ttg 259
Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr Ala Ser Asp Ser Leu

40 45 50

tct gga ttg gat tcc gtt ccg ttt gca gga cgt tcc tac tac gac gca 307
Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg Ser Tyr Tyr Asp Ala

55 60 65

atg ctc gat acc gcc gct att ttg ggt gtg ctg ccg gag cgt ttt gat	355
Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu Pro Glu Arg Phe Asp	
70 75 80 85	
gac atc gct gat cat gaa aac gat ggt ctc cca ctg tgg att gac cgc	403
Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro Leu Trp Ile Asp Arg	
90 95 100	
tac ttt ggc gct gct cgc ggt act gag acc ctg cct gca cag gca atg	451
Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu Pro Ala Gln Ala Met	
105 110 115	
acc aag tgg ttt gat acc aac tac cac tac ctc gtg ccg gag ttg tct	499
Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu Val Pro Glu Leu Ser	
120 125 130	
gcg gat aca cgt ttc gtt ttg gat gcg tcc gcg ctg att gag gat ctc	547
Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala Leu Ile Glu Asp Leu	
135 140 145	
cgt tgc cag cag gtt cgt ggc gtt aat gcc cgc cct gtt ctg gtt ggt	595
Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg Pro Val Leu Val Gly	
150 155 160 165	
cca ctg act ttc ctt tcc ctt gct cgc acc act gat ggt tcc aat cct	643
Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr Asp Gly Ser Asn Pro	
170 175 180	
ttg gat cac ctg cct gca ctg ttt gag gtc tac gag cgc ctc atc aag	691
Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr Glu Arg Leu Ile Lys	
185 190 195	
tct ttc gat act gag tgg gtt cag atc gat gag cct gcg ttg gtc acc	739
Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu Pro Ala Leu Val Thr	
200 205 210	
gat gtt gct cct gag gtt ttg gag cag gtc cgc gct ggt tac acc act	787
Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg Ala Gly Tyr Thr Thr	
215 220 225	
ttg gct aag cgc gat ggc gtg ttt gtc aat act tac ttc ggc tct ggc	835

Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr Tyr Phe Gly Ser Gly
230 235 240 245
gat cag gcg ctg aac act ctt gcg ggc atc ggc ctt ggc gcg att ggc 883
Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Ala Ile Gly
250 255 260
gtt gac ttg gtc acc cat ggc gtc act gag ctt gct gcg tgg aag ggt 931
Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu Ala Ala Trp Lys Gly
265 270 275
gag gag ctg ctg gtt gcg ggc atc gtt gat ggt cgt aac att tgg cgc 979
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg
280 285 290
acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc 1027
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg
295 300 305
ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac 1075
Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu Leu His Val Pro Tyr
310 315 320 325
acc ctc gag gct gag aac att gag cct gag gtc cgc gac tgg ctt gcc 1123
Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val Arg Asp Trp Leu Ala
330 335 340
ttc ggc tcg gag aag atc acc gag gtc aag ctg ctt gcc gac gcc cta 1171
Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu Leu Ala Asp Ala Leu
345 350 355
gcc ggc aac atc gac gcg gct gcg ttc gat gcg gcg tcc gca gca att 1219
Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ser Ala Ala Ile
360 365 370
gct tct cga cgc acc tcc cca cgc acc gca cca atc acg cag gaa ctc 1267
Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro Ile Thr Gln Glu Leu
375 380 385
cct ggc cgt agc cgt gga tcc ttc gac act cgt gtt acg ctg cag gag 1315

Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg Val Thr Leu Gln Glu
390 395 400 405
aag tca ctg gag ctt cca gct ctg cca acc acc acc att ggt tct ttc 1363
Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe
410 415 420
cca cag acc cca tcc att cgt tct gct cgc gct cgt ctg cgc aag gaa 1411
Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala Arg Leu Arg Lys Glu
425 430 435
tcc atc act ttg gag cag tac gaa gag gca atg cgc gaa gaa atc gat 1459
Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met Arg Glu Glu Ile Asp
440 445 450
ctg gtc atc gcc aag cag gaa gaa ctt ggt ctt gat gtg ttg gtt cac 1507
Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu Asp Val Leu Val His
455 460 465
ggt gag cca gag cgc aac gac atg gtt cag tac ttc tct gaa ctt ctc 1555
Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu
470 475 480 485
gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc 1603
Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser
490 495 500
cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg 1651
Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala
505 510 515
cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag 1699
Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys
520 525 530
cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc 1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser
535 540 545
ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca 1795

Phe	Val	Arg	Asp	Asp	Gln	Pro	Leu	Ala	Thr	Thr	Ala	Asp	Gln	Val	Ala	
550			555			560			565							
ctg	gca	ctg	cgc	gat	gaa	att	aac	gat	ctc	atc	gag	gct	ggc	gcg	aag	1843
Leu	Ala	Leu	Arg	Asp	Glu	Ile	Asn	Asp	Leu	Ile	Glu	Ala	Gly	Ala	Lys	
570			575			580										
atc	atc	cag	gtg	gat	gag	cct	gcg	att	cgt	gaa	ctg	ttg	ccg	cta	cga	1891
Ile	Ile	Gln	Val	Asp	Glu	Pro	Ala	Ile	Arg	Glu	Leu	Leu	Pro	Leu	Arg	
585			590			595										
gac	gtc	gat	aag	cct	gcc	tac	ctg	cag	tgg	tcc	gtg	gac	tcc	ttc	cgc	1939
Asp	Val	Asp	Lys	Pro	Ala	Tyr	Leu	Gln	Trp	Ser	Val	Asp	Ser	Phe	Arg	
600			605			610										
ctg	gcg	act	gcc	ggc	gca	ccc	gac	gac	gtc	caa	atc	cac	acc	cac	atg	1987
Leu	Ala	Thr	Ala	Gly	Ala	Pro	Asp	Asp	Val	Gln	Ile	His	Thr	His	Met	
615			620			625										
tgc	tac	tcc	gag	ttc	aac	gaa	gtg	atc	tcc	tcg	gtc	atc	gcg	ttg	gat	2035
Cys	Tyr	Ser	Glu	Phe	Asn	Glu	Val	Ile	Ser	Ser	Val	Ile	Ala	Leu	Asp	
630			635			640			645							
gcc	gat	gtc	acc	acc	atc	gaa	gca	gca	cgt	tcc	gac	atg	cag	gtc	ctc	2083
Ala	Asp	Val	Thr	Thr	Ile	Glu	Ala	Ala	Arg	Ser	Asp	Met	Gln	Val	Leu	
650			655			660										
gct	gct	ctg	aaa	tct	tcc	ggc	ttc	gag	ctc	ggc	gtc	gga	cct	ggg	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	ggg	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	ggg	ctg	aag	acc	cgt	gga	tgg	cca	gaa	gtg	gaa	gct	2275

Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala

710 715 720 725

tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct aag cag gct cgt gag aaa atc 2323
Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile

730 735 740

gga gca act atc taaattgggt taccgctagg aac 2358
Gly Ala Thr Ile

745

<210> 714

<211> 745

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 714

Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly
1 5 10 15

Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser
20 25 30

Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr
35 40 45

Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg
50 55 60

Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu
65 70 75 80

Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro
85 90 95

Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu
100 105 110

Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu
115 120 125

Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala

130

135

140

Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg
145 150 155 160

Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr
165 170 175

Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr
180 185 190

Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu
195 200 205

Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg
210 215 220

Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225 230 235 240

Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
245 250 255

Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu
260 265 270

Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
275 280 285

Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
290 295 300

Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305 310 315 320

Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val
325 330 335

Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
340 345 350

Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala

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
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
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
Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile		
565	570	575
Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu		

580 585 590
 Leu Leu Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser
 595 600 605
 Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln
 610 615 620
 Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser
 625 630 635 640
 Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser
 645 650 655
 Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly
 660 665 670
 Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala
 675 680 685
 Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro
 690 695 700
 Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp
 705 710 715 720
 Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln
 725 730 735
 Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile
 740 745

<210> 715
 <211> 1923
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1900)
 <223> FRXA02085

<400> 715

cacccggtga tttcgcgaac cttgaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tcctagccgg 60

gatccgcacg ttcgggtcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt 115
Met Thr Ser Asn Phe

1 5

tct tcc act gtc gct ggt ctt cct cgc atc gga gcg aag cgt gaa ctg 163
Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly Ala Lys Arg Glu Leu

10 15 20

aag ttc gcg ctc gaa ggc tac tgg aat gga tca att gaa ggt cgc gaa 211
Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser Ile Glu Gly Arg Glu

25 30 35

ctt gcg cag acc gcc cgc caa ttg gtc aac act gca tcg gat tct ttg 259
Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr Ala Ser Asp Ser Leu

40 45 50

tct gga ttg gat tcc gtt ccg ttt gca gga cgt tcc tac tac gac gca 307
Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg Ser Tyr Tyr Asp Ala

55 60 65

atg ctc gat acc gcc gct att ttg ggt gtg ctg ccg gag cgt ttt gat 355
Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu Pro Glu Arg Phe Asp

70 75 80 85

gac atc gct gat cat gaa aac gat ggt ctc cca ctg tgg att gac cgc 403
Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro Leu Trp Ile Asp Arg

90 95 100

tac ttt ggc gct gct cgc ggt act gag acc ctg cct gca cag gca atg 451
Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu Pro Ala Gln Ala Met

105 110 115

acc aag tgg ttt gat acc aac tac cac tac ctc gtg ccg gag ttg tct 499
Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu Val Pro Glu Leu Ser

120 125 130

gcg gat aca cgt ttc gtt ttg gat gcg tcc gcg ctg att gag gat ctc 547
Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala Leu Ile Glu Asp Leu

135	140	145	
cgt tgc cag cag gtt cgt ggc gtt aat gcc cgc cct gtt ctg gtt ggt	595		
Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg Pro Val Leu Val Gly			
150	155	160	165
cca ctg act ttc ctt tcc ctt gct cgc acc act gat ggt tcc aat cct	643		
Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr Asp Gly Ser Asn Pro			
	170	175	180
ttg gat cac ctg cct gca ctg ttt gag gtc tac gag cgc ctc atc aag	691		
Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr Glu Arg Leu Ile Lys			
	185	190	195
tct ttc gat act gag tgg gtt cag atc gat gag cct gcg ttg gtc acc	739		
Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu Pro Ala Leu Val Thr			
	200	205	210
gat gtt gct cct gag gtt ttg gag cag gtc cgc gct ggt tac acc act	787		
Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg Ala Gly Tyr Thr Thr			
	215	220	225
ttg gct aag cgc gat ggc gtg ttt gtc aat act tac ttc ggc tct ggc	835		
Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr Tyr Phe Gly Ser Gly			
230	235	240	245
gat cag gcg ctg aac act ctt gcg ggc atc ggc ctt ggc gcg att ggc	883		
Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Ala Ile Gly			
	250	255	260
gtt gac ttg gtc acc cat ggc gtc act gag ctt gct gcg tgg aag ggt	931		
Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu Ala Ala Trp Lys Gly			
	265	270	275
gag gag ctg ctg gtt gcg ggc atc gtt gat ggt cgt aac att tgg cgc	979		
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg			
	280	285	290
acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc	1027		
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg			

295	300	305	
ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac			1075
Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu Leu His Val Pro Tyr			
310	315	320	325
acc ctc gag gct gag aac att gag cct gag gtc cgc gac tgg ctt gcc			1123
Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val Arg Asp Trp Leu Ala			
	330	335	340
ttc ggc tcg gag aag atc acc gag gtc aag ctg ctt gcc gac gcc cta			1171
Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu Leu Ala Asp Ala Leu			
	345	350	355
gcc ggc aac atc gac gcg gct gcg ttc gat gcg gcg tcc gca gca att			1219
Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ser Ala Ala Ile			
	360	365	370
gct tct cga cgc acc tcc cca cgc acc gca cca atc acg cag gaa ctc			1267
Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro Ile Thr Gln Glu Leu			
	375	380	385
cct ggc cgt agc cgt gga tcc ttc gac act cgt gtt acg ctg cag gag			1315
Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg Val Thr Leu Gln Glu			
390	395	400	405
aag tca ctg gag ctt cca gct ctg cca acc acc acc att ggt tct ttc			1363
Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe			
	410	415	420
cca cag acc cca tcc att cgt tct gct cgc gct cgt ctg cgc aag gaa			1411
Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala Arg Leu Arg Lys Glu			
	425	430	435
tcc atc act ttg gag cag tac gaa gag gca atg cgc gaa gaa atc gat			1459
Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met Arg Glu Glu Ile Asp			
	440	445	450
ctg gtc atc gcc aag cag gaa gaa ctt ggt ctt gat gtg ttg gtt cac			1507
Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu Asp Val Leu Val His			

455	460	465	
ggt gag cca gag cgc aac gac atg gtt cag tac ttc tct gaa ctt ctc Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu			1555
470	475	480	485
gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser			1603
490 495 500			
cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala			1651
505 510 515			
cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys			1699
520 525 530			
cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser			1747
535 540 545			
ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala			1795
550 555 560 565			
ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys			1843
570 575 580			
atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccc gct acg Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Ala Thr			1891
585 590 595			
aga cgt cga taagcctgcc tacctgcagt ggt Arg Arg Arg			1923
600			
<210> 716 <211> 600 <212> PRT			

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 716

Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly
1 5 10 15

Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser
20 25 30

Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr
35 40 45

Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg
50 55 60

Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu
65 70 75 80

Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro
85 90 95

Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu
100 105 110

Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu
115 120 125

Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala
130 135 140

Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg
145 150 155 160

Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr
165 170 175

Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr
180 185 190

Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu
195 200 205

Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg
210 215 220

Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225 230 235 240

Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
245 250 255

Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu
260 265 270

Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
275 280 285

Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
290 295 300

Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305 310 315 320

Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val
325 330 335

Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
340 345 350

Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala
355 360 365

Ala Ser Ala Ala Ile Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro
370 375 380

Ile Thr Gln Glu Leu Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg
385 390 395 400

Val Thr Leu Gln Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr
405 410 415

Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala

420 425 430
 Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met
 435 440 445
 Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu
 450 455 460
 Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr
 465 470 475 480
 Phe Ser Glu Leu Leu Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val
 485 490 495
 Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn
 500 505 510
 Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln
 515 520 525
 Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr
 530 535 540
 Ile Leu Ala Trp Ser Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr
 545 550 555 560
 Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile
 565 570 575
 Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu
 580 585 590
 Leu Leu Pro Ala Thr Arg Arg Arg
 595 600

<210> 717
 <211> 603
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(580)

<223> FRXA02086

<400> 717

gatgatcagc cgctggctac cactgctgac caggttgac tggcactgcg cgatgaaatt 60

aacgatctca tcgaggctgg cgcaagatc atccaggtgg atg agc ctg cga ttc 115
Met Ser Leu Arg Phe

1 5

gtg aac tgt tgc ccg cta cga gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag 163
Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln

10 15 20

tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac 211
Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp

25 30 35

gtc caa atc cac acc cac atg tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc 259
Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile

40 45 50

tcc tcg gtc atc gcg ttg gat gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca 307
Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala

55 60 65

cgt tcc gac atg cag gtc ctc gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag 355
Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu

70 75 80 85

ctc ggc gtc gga cct ggt gtg tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct 403
Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro

90 95 100

tcc gcg cag aaa gtg gac ggt ctc ctc gag gct gca ctg cag tcc gtg 451
Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val

105 110 115

gat cct cgc cag ctg tgg gtc aac cca gac tgt ggt ctg aag acc cgt 499
Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg

120 125 130

gga tgg cca gaa gtg gaa gct tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct 547
Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala

135 140 145

aag cag gct cgt gag aaa atc gga gca act atc taaattgggt taccgctagg 600
Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile

150 155 160

aac 603

<210> 718

<211> 160

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 718

Met Ser Leu Arg Phe Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys
1 5 10 15

Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala
20 25 30

Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu
35 40 45

Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr
50 55 60

Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys
65 70 75 80

Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His
85 90 95

Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala
100 105 110

Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys
115 120 125

Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val

130

135

140

Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile
145 150 155 160

<210> 719

<211> 1326

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1303)

<223> RXN02648

<400> 719

atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc 115
Met Ser Gln Asn Arg

1

5

atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt 163
Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu

10

15

20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc 211
Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile Gly Glu Glu Glu Phe

25

30

35

ttc cag att ctg cag tct tct gta gat gac gtg atc aag cgc cag gtt 259
Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val Ile Lys Arg Gln Val

40

45

50

gac ctg ggt atc gac atc ctt aac gag ggc gaa tac ggc cac gtc acc 307
Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu Tyr Gly His Val Thr

55

60

65

tcc ggt gca gtt gac ttc ggt gca tgg tgg aac tac tcc ttc acc cgc 355

Ser	Gly	Ala	Val	Asp	Phe	Gly	Ala	Trp	Trp	Asn	Tyr	Ser	Phe	Thr	Arg	
70				75				80				85				
ctg	ggc	gga	ctg	acc	atg	acc	gat	acc	gac	cgt	tgg	gca	agc	cag	gaa	403
Leu	Gly	Gly	Leu	Thr	Met	Thr	Asp	Thr	Asp	Arg	Trp	Ala	Ser	Gln	Glu	
90				95				100								
gca	gtg	cgt	tcc	acc	cct	ggc	aac	atc	gag	ctg	acc	agc	ttc	tct	gat	451
Ala	Val	Arg	Ser	Thr	Pro	Gly	Asn	Ile	Glu	Leu	Thr	Ser	Phe	Ser	Asp	
105				110				115								
cgt	cgc	gac	cgc	gca	ttg	ttc	agc	gaa	gca	tac	gag	gat	cca	gta	tct	499
Arg	Arg	Asp	Arg	Ala	Leu	Phe	Ser	Glu	Ala	Tyr	Glu	Asp	Pro	Val	Ser	
120				125				130								
ggc	atc	ttc	acc	ggc	cgc	gct	tct	gtg	ggc	aac	cca	gag	ttc	acc	gga	547
Gly	Ile	Phe	Thr	Gly	Arg	Ala	Ser	Val	Gly	Asn	Pro	Glu	Phe	Thr	Gly	
135				140				145								
cct	att	acc	tac	att	ggc	cag	gaa	gaa	act	cag	acg	gat	gtt	gat	ctg	595
Pro	Ile	Thr	Tyr	Ile	Gly	Gln	Glu	Glu	Thr	Gln	Thr	Asp	Val	Asp	Leu	
150				155				160				165				
ctg	aag	aag	ggc	atg	aac	gca	gcg	gga	gct	acc	gac	ggc	ttc	gtt	gca	643
Leu	Lys	Lys	Gly	Met	Asn	Ala	Ala	Gly	Ala	Thr	Asp	Gly	Phe	Val	Ala	
170				175				180								
gca	cta	tcc	cca	gga	tct	gca	gct	cga	ttg	acc	aac	aag	ttc	tac	gac	691
Ala	Leu	Ser	Pro	Gly	Ser	Ala	Ala	Arg	Leu	Thr	Asn	Lys	Phe	Tyr	Asp	
185				190				195								
act	gat	gaa	gaa	gtc	gtc	gca	gca	tgt	gct	gat	gcg	ctt	tcc	cag	gaa	739
Thr	Asp	Glu	Glu	Val	Val	Ala	Ala	Cys	Ala	Asp	Ala	Leu	Ser	Gln	Glu	
200				205				210								
tac	aag	atc	atc	acc	gat	gca	ggc	ctg	acc	gtt	cag	ctc	gac	gca	ccg	787
Tyr	Lys	Ile	Ile	Thr	Asp	Ala	Gly	Leu	Thr	Val	Gln	Leu	Asp	Ala	Pro	
215				220				225								
gac	ttg	gca	gaa	gca	tgg	gat	cag	atc	aac	cca	gag	cca	agc	gtg	aag	835

Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro Ser Val Lys
230 235 240 245
gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc aac agt gca 883
Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile Asn Ser Ala
250 255 260
gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc tgc tgg ggc 931
Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile Cys Trp Gly
265 270 275
tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt gac atc att 979
Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly Asp Ile Ile
280 285 290
ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc gaa ggc gca 1027
Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe Glu Gly Ala
295 300 305
tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa aac aag ctt 1075
Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu Asn Lys Leu
310 315 320 325
cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac tcc atc aac 1123
Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His Ser Ile Asn
330 335 340
gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt cag ttc gcc 1171
Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val Gln Phe Ala
345 350 355
aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac tgt ggt ctg 1219
Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp Cys Gly Leu
360 365 370
ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg gag tcc cta 1267
Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu Glu Ser Leu
375 380 385
gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc taagctagac 1313

Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe

390 395 400

aacgagggtt gct

1326

<210> 720

<211> 401

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 720

Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
1 5 10 15

Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
20 25 30

Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
35 40 45

Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
50 55 60

Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
65 70 75 80

Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
85 90 95

Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
100 105 110

Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
115 120 125

Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
130 135 140

Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
145 150 155 160

Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
165 170 175

Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
180 185 190

Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
195 200 205

Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
210 215 220

Gln Leu Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro
225 230 235 240

Glu Pro Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp
245 250 255

Ala Ile Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu
260 265 270

His Ile Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro
275 280 285

Phe Gly Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe
290 295 300

Ser Phe Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp
305 310 315 320

Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val
325 330 335

Ser His Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg
340 345 350

Ile Val Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser
355 360 365

Thr Asp Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala
370 375 380

Lys Leu Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu
385 390 395 400

Phe

<210> 721
<211> 548
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(525)
<223> FRXA02648

<400> 721
gac gca ccg gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca 48
Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro

1 5 10 15

agc gtg aag gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc 96
Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile

20 25 30

aac agt gca gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc 144
Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile

35 40 45

tgc tgg ggc tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt 192
Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly

50 55 60

gac atc att ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc 240
Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe

65 70 75 80

gaa ggc gca tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa 288
Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu

85 90 95

aac aag ctt cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac 336
Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His

100 105 110

tcc atc aac gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt 384
Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val

115 120 125

cag ttc gcc aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac 432
Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp

130 135 140

tgt ggt ctg ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg 480
Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu

145 150 155 160

gag tcc cta gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc 525
Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe

165 170 175

taagctagac aacgagggtt gct 548

<210> 722

<211> 175

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 722

Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro

1 5 10 15

Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile

20 25 30

Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile

35 40 45

Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly

50 55 60

Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe
65 70 75 80

Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu
85 90 95

Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His
100 105 110

Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val
115 120 125

Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp
130 135 140

Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu
145 150 155 160

Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
165 170 175

<210> 723

<211> 784

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(784)

<223> FRXA02658

<400> 723

atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc 115
Met Ser Gln Asn Arg

1 5

atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt 163
Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu

10 15 20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc 211

Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr Asn Lys Phe Tyr Asp

185

190

195

act gat gaa gaa gtc gtc gca gca tgt gct gat gcg ctt tcc cag gaa 739
Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu

200

205

210

tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca 784
Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala

215

220

225

<210> 724

<211> 228

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 724

Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
1 5 10 15

Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
20 25 30

Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
35 40 45

Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
50 55 60

Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
65 70 75 80

Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
85 90 95

Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
100 105 110

Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
115 120 125

Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
130 135 140

Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
145 150 155 160

Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
165 170 175

Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
180 185 190

Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
195 200 205

Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
210 215 220

Gln Leu Asp Ala
225

<210> 725
<211> 551
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(528)
<223> RXS02197

<400> 725
gcc gaa cgc atg cgc ttt agc ttc cca cgc cag cag cgc ggc agg ttc 48
Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe

1 5 10 15

ttg tgc atc gcg gat ttc att cgc cca cgc gag caa gct gtc aag gac 96
Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp

20 25 30

ggc caa gtg gac gtc atg cca ttc cag ctg gtc acc atg ggt aat cct 144
Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro

35	40	45	
att gct gat ttc gcc aac gag ttg ttc gca gcc aat gaa tac cgc gag			192
Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu			
50	55	60	
tac ttg gaa gtt cac ggc atc ggc gtg cag ctc acc gaa gca ttg gcc			240
Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala			
65	70	75	80
gag tac tgg cac tcc cga gtg cgc agc gaa ctc aag ctg aac gac ggt			288
Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly			
85	90	95	
gga tct gtc gct gat ttt gat cca gaa gac aag acc aag ttc ttc gac			336
Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp			
100	105	110	
ctg gat tac cgc ggc gcc cgc ttc tcc ttt ggt tac ggt tct tgc cct			384
Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro			
115	120	125	
gat ctg gaa gac cgc gca aag ctg gtg gaa ttg ctc gag cca ggc cgt			432
Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg			
130	135	140	
atc ggc gtg gag ttg tcc gag gaa ctc cag ctg cac cca gag cag tcc			480
Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser			
145	150	155	160
aca gac gcg ttt gtg ctc tac cac cca gag gca aag tac ttt aac gtc			528
Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val			
165	170	175	
taacaccttt gagagggaact			551

<210> 726

<211> 176

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 726

Ala Glu Arg Met Arg Phe Ser Phe Pro Arg Gln Gln Arg Gly Arg Phe
1 5 10 15

Leu Cys Ile Ala Asp Phe Ile Arg Pro Arg Glu Gln Ala Val Lys Asp
20 25 30

Gly Gln Val Asp Val Met Pro Phe Gln Leu Val Thr Met Gly Asn Pro
35 40 45

Ile Ala Asp Phe Ala Asn Glu Leu Phe Ala Ala Asn Glu Tyr Arg Glu
50 55 60

Tyr Leu Glu Val His Gly Ile Gly Val Gln Leu Thr Glu Ala Leu Ala
65 70 75 80

Glu Tyr Trp His Ser Arg Val Arg Ser Glu Leu Lys Leu Asn Asp Gly
85 90 95

Gly Ser Val Ala Asp Phe Asp Pro Glu Asp Lys Thr Lys Phe Phe Asp
100 105 110

Leu Asp Tyr Arg Gly Ala Arg Phe Ser Phe Gly Tyr Gly Ser Cys Pro
115 120 125

Asp Leu Glu Asp Arg Ala Lys Leu Val Glu Leu Leu Glu Pro Gly Arg
130 135 140

Ile Gly Val Glu Leu Ser Glu Glu Leu Gln Leu His Pro Glu Gln Ser
145 150 155 160

Thr Asp Ala Phe Val Leu Tyr His Pro Glu Ala Lys Tyr Phe Asn Val
165 170 175

<210> 727

<211> 546

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
<222> (101)..(523)
<223> RXC00988

<400> 727

tagcagaaga caccgatgta cagtcggat caggtgtgt gatcaccgg tcaatcgtga 60

ccgccggcga tgcgcgcacg ctgtttggaa aggaacctgc atg agc aag cgt gaa 115
Met Ser Lys Arg Glu

1 5

gaa tca att gag tac gga cca tta ggc aaa ggc cac gat cca tta aag 163
Glu Ser Ile Glu Tyr Gly Pro Leu Gly Lys Gly His Asp Pro Leu Lys

10 15 20

gat ccc atg aag ggt atc cga ggt gtc atg gcc ggc acc tta gtg atg 211
Asp Pro Met Lys Gly Ile Arg Gly Val Met Ala Gly Thr Leu Val Met

25 30 35

gaa gca atc acc tta ggt ctt gtt ctc acc gtg att ctg cgc gtg gac 259
Glu Ala Ile Thr Leu Gly Leu Val Leu Thr Val Ile Leu Arg Val Asp

40 45 50

gac ggc atc tac tgg acc acc ttc aac tgg gtc tat gta tca gca gtc 307
Asp Gly Ile Tyr Trp Thr Thr Phe Asn Trp Val Tyr Val Ser Ala Val

55 60 65

gcg atc gca cac ttt gtt gct gca ttt ctg caa agg ttt agt tgg tcc 355
Ala Ile Ala His Phe Val Ala Ala Phe Leu Gln Arg Phe Ser Trp Ser

70 75 80 85

atc ccg atg aac atc gtg ctg cag gtt ctt gca ctt gcc ggt ttc ttt 403
Ile Pro Met Asn Ile Val Leu Gln Val Leu Ala Leu Ala Gly Phe Phe

90 95 100

gtt cac ccc gcg atg ggc ttc gcc gcc atc atc ttc atc atc gcg tgg 451
Val His Pro Ala Met Gly Phe Ala Ala Ile Ile Phe Ile Ile Ala Trp

105 110 115

gcg tac ctg ttc tac ctg cgc tct aat ctg att gat cgc atg aaa cgc 499
Ala Tyr Leu Phe Tyr Leu Arg Ser Asn Leu Ile Asp Arg Met Lys Arg

120 125 130

ggg ctg ctt acc acg cag cac agc taagctttaa ggccctccgg ggc 546
Gly Leu Leu Thr Thr Gln His Ser

135 140

<210> 728
<211> 141
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 728
Met Ser Lys Arg Glu Glu Ser Ile Glu Tyr Gly Pro Leu Gly Lys Gly
1 5 10 15

His Asp Pro Leu Lys Asp Pro Met Lys Gly Ile Arg Gly Val Met Ala
20 25 30

Gly Thr Leu Val Met Glu Ala Ile Thr Leu Gly Leu Val Leu Thr Val
35 40 45

Ile Leu Arg Val Asp Asp Gly Ile Tyr Trp Thr Thr Phe Asn Trp Val
50 55 60

Tyr Val Ser Ala Val Ala Ile Ala His Phe Val Ala Ala Phe Leu Gln
65 70 75 80

Arg Phe Ser Trp Ser Ile Pro Met Asn Ile Val Leu Gln Val Leu Ala
85 90 95

Leu Ala Gly Phe Phe Val His Pro Ala Met Gly Phe Ala Ala Ile Ile
100 105 110

Phe Ile Ile Ala Trp Ala Tyr Leu Phe Tyr Leu Arg Ser Asn Leu Ile
115 120 125

Asp Arg Met Lys Arg Gly Leu Leu Thr Thr Gln His Ser
130 135 140

<210> 729
<211> 597
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(574)

<223> RXC01518

<400> 729

agcagaacct gatgccgtcc tgcacggcac gaccattgca gaacatgtgg ataatcttga 60

tcccacagac attgaagggtg tcaccaagat ttaaggagtc gtg gct ttc atg cag 115
Val Ala Phe Met Gln

1 5

aaa acg tca gcg ggt tgg ttg atc gca acg gga ggt ttc ctc gcc gct 163
Lys Thr Ser Ala Gly Trp Leu Ile Ala Thr Gly Gly Phe Leu Ala Ala

10 15 20

gtg tcc gcc att ttg acg tgg cgt ttt tat gga tcc atg acc tct att 211
Val Ser Ala Ile Leu Thr Trp Arg Phe Tyr Gly Ser Met Thr Ser Ile

25 30 35

tcc atc acg gta tcc atc act ttt tgg ttg ttg gcc gtg gtg tgt ggt 259
Ser Ile Thr Val Ser Ile Thr Phe Trp Leu Leu Ala Val Val Cys Gly

40 45 50

ttc gca ggt gtg aag gtc caa ggt cgc ctc gat gag ggg ctg atc ggc 307
Phe Ala Gly Val Lys Val Gln Gly Arg Leu Asp Glu Gly Leu Ile Gly

55 60 65

cag gac aaa tcc caa atg aac ccc gtg acc att gcc tat ctg gcc atg 355
Gln Asp Lys Ser Gln Met Asn Pro Val Thr Ile Ala Tyr Leu Ala Met

70 75 80 85

ctg ggt cga gcg tgt gcg tgg ggt ggc gca att ttc ggc ggc gtt tat 403
Leu Gly Arg Ala Cys Ala Trp Gly Gly Ala Ile Phe Gly Gly Val Tyr

90 95 100

gtg gga att ggc agt tat gta atc cca cgc gcc ggt gag ttg tcc gca 451
Val Gly Ile Gly Ser Tyr Val Ile Pro Arg Ala Gly Glu Leu Ser Ala

105 110 115

gca tgc aat gat ctt ccg gga gtt att gcc tgt gcg ctg ggc gga atc 499
Ala Ser Asn Asp Leu Pro Gly Val Ile Ala Cys Ala Leu Gly Gly Ile

120 125 130

gca ctc tca gct gcc gga ctt tat tta gag cga agc tgt gag gct ccg 547
Ala Leu Ser Ala Ala Gly Leu Tyr Leu Glu Arg Ser Cys Glu Ala Pro

135 140 145

cct ccc caa tct ggc gaa gcg atc agc tagattggaa ttcattgaatc 594
Pro Pro Gln Ser Gly Glu Ala Ile Ser

150 155

aag 597

<210> 730

<211> 158

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 730

Val Ala Phe Met Gln Lys Thr Ser Ala Gly Trp Leu Ile Ala Thr Gly
1 5 10 15

Gly Phe Leu Ala Ala Val Ser Ala Ile Leu Thr Trp Arg Phe Tyr Gly
20 25 30

Ser Met Thr Ser Ile Ser Ile Thr Val Ser Ile Thr Phe Trp Leu Leu
35 40 45

Ala Val Val Cys Gly Phe Ala Gly Val Lys Val Gln Gly Arg Leu Asp
50 55 60

Glu Gly Leu Ile Gly Gln Asp Lys Ser Gln Met Asn Pro Val Thr Ile
65 70 75 80

Ala Tyr Leu Ala Met Leu Gly Arg Ala Cys Ala Trp Gly Gly Ala Ile
85 90 95

Phe Gly Gly Val Tyr Val Gly Ile Gly Ser Tyr Val Ile Pro Arg Ala

100	105	110	
Gly Glu Leu Ser Ala Ala Ser Asn Asp Leu Pro Gly Val Ile Ala Cys			
115	120	125	
Ala Leu Gly Gly Ile Ala Leu Ser Ala Ala Gly Leu Tyr Leu Glu Arg			
130	135	140	
Ser Cys Glu Ala Pro Pro Pro Gln Ser Gly Glu Ala Ile Ser			
145	150	155	
<210> 731			
<211> 723			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(700)			
<223> RXC01942			
<400> 731			
gccgcgaaat tcggtgaaat tgaaggtatt cctgcagatc aggcaaattc ttccacgact 60			
gigatcaagg tcaacggcaa gaacgagtaa cctgggatcc atg ttg cgc att gga			115
Met Leu Arg Ile Gly			
1			5
cta aca gga ggg atc ggc agc ggt aaa tct acc gtt gcc gat ctt ttg			163
Leu Thr Gly Gly Ile Gly Ser Gly Lys Ser Thr Val Ala Asp Leu Leu			
10	15	20	
tca tct gaa gga ttt ctc atc gtc gac gcg gac caa gtt gcc cgc gat			211
Ser Ser Glu Gly Phe Leu Ile Val Asp Ala Asp Gln Val Ala Arg Asp			
25	30	35	
atc gtc gaa ccc gga caa ccg gca tta gca gag cta gct gaa gct ttt			259
Ile Val Glu Pro Gly Gln Pro Ala Leu Ala Glu Leu Ala Glu Ala Phe			
40	45	50	
ggc caa gac atc tta aaa ccc gac ggc act cta gac cgc gcg gga tta			307

Gly Gln Asp Ile Leu Lys Pro Asp Gly Thr Leu Asp Arg Ala Gly Leu
55 60 65

gca gcc aaa gca ttt gtc agc gaa gaa caa aca gcg ctg ctc aat gcc 355
Ala Ala Lys Ala Phe Val Ser Glu Glu Gln Thr Ala Leu Leu Asn Ala

70 75 80 85

att acc cac cct cgt atc gcc gaa gag tca gct cgt cga ttc aac gaa 403
Ile Thr His Pro Arg Ile Ala Glu Glu Ser Ala Arg Arg Phe Asn Glu

90 95 100

gcc gaa gat caa ggc gcc aaa gtt gcg gtt tat gac atg cct ttg ctt 451
Ala Glu Asp Gln Gly Ala Lys Val Ala Val Tyr Asp Met Pro Leu Leu

105 110 115

gta gaa aaa ggc ctt gac cgc aag atg gac ctt gtc gtc gta gtt gat 499
Val Glu Lys Gly Leu Asp Arg Lys Met Asp Leu Val Val Val Val Asp

120 125 130

gtt gac gta gag gaa cgc gtc cgc aga ctt gtg gaa aaa cgt ggc ctc 547
Val Asp Val Glu Glu Arg Val Arg Arg Leu Val Glu Lys Arg Gly Leu

135 140 145

aca gag gac gac gtg cgg cgt cga atc gct tct caa gtg ccc gac gac 595
Thr Glu Asp Asp Val Arg Arg Arg Ile Ala Ser Gln Val Pro Asp Asp

150 155 160 165

gtc aga ctt aaa gcc gct gac atc gtt gtg gac aat aac ggc acg cta 643
Val Arg Leu Lys Ala Ala Asp Ile Val Val Asp Asn Asn Gly Thr Leu

170 175 180

gag gac ctt cat gct gaa gca agc aag ctg att gct gag att ctt agt 691
Glu Asp Leu His Ala Glu Ala Ser Lys Leu Ile Ala Glu Ile Leu Ser

185 190 195

cgc gtg aat tagcactaaa acatcgtaaa agt 723
Arg Val Asn

200

<210> 732
<211> 200

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 732

Met Leu Arg Ile Gly Leu Thr Gly Gly Ile Gly Ser Gly Lys Ser Thr
1 5 10 15

Val Ala Asp Leu Leu Ser Ser Glu Gly Phe Leu Ile Val Asp Ala Asp
20 25 30

Gln Val Ala Arg Asp Ile Val Glu Pro Gly Gln Pro Ala Leu Ala Glu
35 40 45

Leu Ala Glu Ala Phe Gly Gln Asp Ile Leu Lys Pro Asp Gly Thr Leu
50 55 60

Asp Arg Ala Gly Leu Ala Ala Lys Ala Phe Val Ser Glu Glu Gln Thr
65 70 75 80

Ala Leu Leu Asn Ala Ile Thr His Pro Arg Ile Ala Glu Glu Ser Ala
85 90 95

Arg Arg Phe Asn Glu Ala Glu Asp Gln Gly Ala Lys Val Ala Val Tyr
100 105 110

Asp Met Pro Leu Leu Val Glu Lys Gly Leu Asp Arg Lys Met Asp Leu
115 120 125

Val Val Val Val Asp Val Asp Val Glu Glu Arg Val Arg Arg Leu Val
130 135 140

Glu Lys Arg Gly Leu Thr Glu Asp Asp Val Arg Arg Arg Ile Ala Ser
145 150 155 160

Gln Val Pro Asp Asp Val Arg Leu Lys Ala Ala Asp Ile Val Val Asp
165 170 175

Asn Asn Gly Thr Leu Glu Asp Leu His Ala Glu Ala Ser Lys Leu Ile
180 185 190

Ala Glu Ile Leu Ser Arg Val Asn
195 200

<210> 733
 <211> 1194
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1171)
 <223> RXN02802

<400> 733
 ccttcgccgc ctgctccgac ctgccgcagc ccgtcaaagc ccaggtcccg atctggaaag 60

agcaaacgcg cctcgacggc tccaccgatt gggtcggcct gtg aaa aac ctc gac 115
 Val Lys Asn Leu Asp

1 5

atc gcc cgc tac cgc cgc caa att atg ctc ggc gaa atc ggc cag caa 163
 Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly Glu Ile Gly Gln Gln

10 15 20

aaa caa caa tcg ctt ttc gac gct aag gtc tcc gtc atc ggc gca ggc 211
 Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser Val Ile Gly Ala Gly

25 30 35

ggc ctc ggg tca ccc gcc ctg ctc tac ctt gct ggc gct ggc gtc ggc 259
 Gly Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala Gly Ala Gly Val Gly

40 45 50

cac atc cac atc att gac gat gac ctc gtc gac ctc tcc aac ctc cac 307
 His Ile His Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp Leu Ser Asn Leu His

55 60 65

cgc cag gtc att cac acc acc gct ggc gtt gga aca ccc aag gcc gag 355
 Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly Thr Pro Lys Ala Glu

70 75 80 85

tcc gcg cgc gaa gca atg ctg gca ctg aac cct tcc gtt aaa gtg acg 403
 Ser Ala Arg Glu Ala Met Leu Ala Leu Asn Pro Ser Val Lys Val Thr

90 95 100

gtt tct gtc agg cga ctg gac tgg tca aat gca ctt tct gag ctg gca	451
Val Ser Val Arg Arg Leu Asp Trp Ser Asn Ala Leu Ser Glu Leu Ala	
105	110
115	
gat tcc gat gtg att ttg gat ggc tcc gat aac ttc gac acc cga cac	499
Asp Ser Asp Val Ile Leu Asp Gly Ser Asp Asn Phe Asp Thr Arg His	
120	125
130	
ctc gca tcc tgg gcc gcc gca aaa ctt ggc atc ccc cac gtc tgg gca	547
Leu Ala Ser Trp Ala Ala Ala Lys Leu Gly Ile Pro His Val Trp Ala	
135	140
145	
tcc atc ctg ggt ttc gac gcc caa ctc tcc gtc ttc cac gcc ggc cac	595
Ser Ile Leu Gly Phe Asp Ala Gln Leu Ser Val Phe His Ala Gly His	
150	155
160	165
ggc ccc atc tac gaa gac ctc ttc ccc acc ccg cca cca ccc gga tcc	643
Gly Pro Ile Tyr Glu Asp Leu Phe Pro Thr Pro Pro Pro Pro Gly Ser	
170	175
180	
gtc cca tca tgt tcc caa gca ggc gtt ttg ggt cca gtt gtc ggc gta	691
Val Pro Ser Cys Ser Gln Ala Gly Val Leu Gly Pro Val Val Gly Val	
185	190
195	
atg ggc tcc gcg atg gcc atg gaa gcc ctg aaa atc atc acc ggc gtg	739
Met Gly Ser Ala Met Ala Met Glu Ala Leu Lys Ile Ile Thr Gly Val	
200	205
210	
ggc aca ccc ttg atc gga aaa ctc ggc tac tac tcc tcc ctc gac ggc	787
Gly Thr Pro Leu Ile Gly Lys Leu Gly Tyr Tyr Ser Ser Leu Asp Gly	
215	220
225	
acc tgg gaa tac atc ccc gtc gtc ggt tcg ccg gag gtg ctg gaa cgg	835
Thr Trp Glu Tyr Ile Pro Val Val Gly Ser Pro Glu Val Leu Glu Arg	
230	235
240	245
gtg ctt ggg tct gct ggt gtt tcg ggg att tct ggc ggt ttt ggt gag	883
Val Leu Gly Ser Ala Gly Val Ser Gly Ile Ser Gly Gly Phe Gly Glu	
250	255
260	
gtg ctc gat gtt cct cga gtt tcc gcg ctg gtt gac ggc gtt tcg ctc	931

Val Leu Asp Val Pro Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Gly Val Ser Leu

265 270 275

atc gac gtc cgc gaa ccc tcc gaa ttc tcc gcc tac tcc atc ccc ggc 979
Ile Asp Val Arg Glu Pro Ser Glu Phe Ser Ala Tyr Ser Ile Pro Gly

280 285 290

gcg cac aac acc cca ctg tcc gcc atc cgc gaa ggc gcc atc cca ccc 1027
Ala His Asn Thr Pro Leu Ser Ala Ile Arg Glu Gly Ala Ile Pro Pro

295 300 305

tcc gtt tcc gca ggt aaa gag gtt atc gtc tac tgc gca gct ggt gtc 1075
Ser Val Ser Ala Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr Cys Ala Ala Gly Val

310 315 320 325

cgc tcc gca caa gcc atc gca att tta gaa tcc gca ggc tac acc gga 1123
Arg Ser Ala Gln Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser Ala Gly Tyr Thr Gly

330 335 340

atg agc agc ctc gac ggc gga atc gaa ggc tgg cta gat tcc cta ggg 1171
Met Ser Ser Leu Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp Leu Asp Ser Leu Gly

345 350 355

taaaaccaag gcgttgtgcc acc 1194

<210> 734

<211> 357

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 734

Val Lys Asn Leu Asp Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly
1 5 10 15

Glu Ile Gly Gln Gln Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser
20 25 30

Val Ile Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala
35 40 45

Gly Ala Gly Val Gly His Ile His Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp

50	55	60
Leu Ser Asn Leu His Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly		
65	70	75 80
Thr Pro Lys Ala Glu Ser Ala Arg Glu Ala Met Leu Ala Leu Asn Pro		
	85	90 95
Ser Val Lys Val Thr Val Ser Val Arg Arg Leu Asp Trp Ser Asn Ala		
	100	105 110
Leu Ser Glu Leu Ala Asp Ser Asp Val Ile Leu Asp Gly Ser Asp Asn		
	115	120 125
Phe Asp Thr Arg His Leu Ala Ser Trp Ala Ala Ala Lys Leu Gly Ile		
	130	135 140
Pro His Val Trp Ala Ser Ile Leu Gly Phe Asp Ala Gln Leu Ser Val		
	145	150 155 160
Phe His Ala Gly His Gly Pro Ile Tyr Glu Asp Leu Phe Pro Thr Pro		
	165	170 175
Pro Pro Pro Gly Ser Val Pro Ser Cys Ser Gln Ala Gly Val Leu Gly		
	180	185 190
Pro Val Val Gly Val Met Gly Ser Ala Met Ala Met Glu Ala Leu Lys		
	195	200 205
Ile Ile Thr Gly Val Gly Thr Pro Leu Ile Gly Lys Leu Gly Tyr Tyr		
	210	215 220
Ser Ser Leu Asp Gly Thr Trp Glu Tyr Ile Pro Val Val Gly Ser Pro		
	225	230 235 240
Glu Val Leu Glu Arg Val Leu Gly Ser Ala Gly Val Ser Gly Ile Ser		
	245	250 255
Gly Gly Phe Gly Glu Val Leu Asp Val Pro Arg Val Ser Ala Leu Val		
	260	265 270
Asp Gly Val Ser Leu Ile Asp Val Arg Glu Pro Ser Glu Phe Ser Ala		

275 280 285

Tyr Ser Ile Pro Gly Ala His Asn Thr Pro Leu Ser Ala Ile Arg Glu
290 295 300

Gly Ala Ile Pro Pro Ser Val Ser Ala Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr
305 310 315 320

Cys Ala Ala Gly Val Arg Ser Ala Gln Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser
325 330 335

Ala Gly Tyr Thr Gly Met Ser Ser Leu Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp
340 345 350

Leu Asp Ser Leu Gly
355

<210> 735
<211> 497
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (7)..(474)
<223> FRXA02802

<400> 735
tccgcg atg gcc atg gaa gcc ctg aaa atc atc acc ggc gtg ggc aca ccc 51
Met Ala Met Glu Ala Leu Lys Ile Ile Thr Gly Val Gly Thr Pro

1 5 10 15

ttg atc gga aaa ctc ggc tac tac tcc tcc ctc gac ggc acc tgg gaa 99
Leu Ile Gly Lys Leu Gly Tyr Tyr Ser Ser Leu Asp Gly Thr Trp Glu

20 25 30

tac atc ccc gtc gtc ggt tcg ccg gag gtg ctg gaa cgg gtg ctt ggg 147
Tyr Ile Pro Val Val Gly Ser Pro Glu Val Leu Glu Arg Val Leu Gly

35 40 45

tct gct ggt gtt tcg ggg att tct ggc ggt ttt ggt gag gtg ctc gat 195
Ser Ala Gly Val Ser Gly Ile Ser Gly Gly Phe Gly Glu Val Leu Asp

50	55	60	
gtt cct cga gtt tcc gcg ctg gtt gac ggc gtt tcg ctc atc gac gtc			243
Val Pro Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Gly Val Ser Leu Ile Asp Val			
65	70	75	
cgc gaa ccc tcc gaa ttc tcc gcc tac tcc atc ccc ggc gcg cac aac			291
Arg Glu Pro Ser Glu Phe Ser Ala Tyr Ser Ile Pro Gly Ala His Asn			
80	85	90	95
acc cca ctg tcc gcc atc cgc gaa ggc gcc atc cca ccc tcc gtt tcc			339
Thr Pro Leu Ser Ala Ile Arg Glu Gly Ala Ile Pro Pro Ser Val Ser			
100	105	110	
gca ggt aaa gag gtt atc gtc tac tgc gca gct ggt gtc cgc tcc gca			387
Ala Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr Cys Ala Ala Gly Val Arg Ser Ala			
115	120	125	
caa gcc atc gca att tta gaa tcc gca ggc tac acc gga atg agc agc			435
Gln Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser Ala Gly Tyr Thr Gly Met Ser Ser			
130	135	140	
ctc gac ggc gga atc gaa ggc tgg cta gat tcc cta ggg taaaaccaag			484
Leu Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp Leu Asp Ser Leu Gly			
145	150	155	
gcgttgtgcc acc			497

<210> 736
 <211> 156
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 736
 Met Ala Met Glu Ala Leu Lys Ile Ile Thr Gly Val Gly Thr Pro Leu
 1 5 10 15

Ile Gly Lys Leu Gly Tyr Tyr Ser Ser Leu Asp Gly Thr Trp Glu Tyr
 20 25 30

Ile Pro Val Val Gly Ser Pro Glu Val Leu Glu Arg Val Leu Gly Ser

35 40 45

Ala Gly Val Ser Gly Ile Ser Gly Gly Phe Gly Glu Val Leu Asp Val
50 55 60

Pro Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Gly Val Ser Leu Ile Asp Val Arg
65 70 75 80

Glu Pro Ser Glu Phe Ser Ala Tyr Ser Ile Pro Gly Ala His Asn Thr
85 90 95

Pro Leu Ser Ala Ile Arg Glu Gly Ala Ile Pro Pro Ser Val Ser Ala
100 105 110

Gly Lys Glu Val Ile Val Tyr Cys Ala Ala Gly Val Arg Ser Ala Gln
115 120 125

Ala Ile Ala Ile Leu Glu Ser Ala Gly Tyr Thr Gly Met Ser Ser Leu
130 135 140

Asp Gly Gly Ile Glu Gly Trp Leu Asp Ser Leu Gly
145 150 155

<210> 737
<211> 535
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(535)
<223> FRXA00438

<400> 737
ccttcgccgc ctgctccgac ctcgccgacg ccgtcaaagc ccaggtcccg atctggaaag 60

agcaaacgcg cctcgacggc tccaccgatt gggtcggcct gtg aaa aac ctc gac 115
Val Lys Asn Leu Asp
1 5

atc gcc cgc tac cgc cgc caa att atg ctc ggc gaa atc ggc cag caa 163
Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly Glu Ile Gly Gln Gln

10	15	20	
aaa caa caa tcg ctt ttc gac gct aag gtc tcc gtc atc ggc gca ggc Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser Val Ile Gly Ala Gly			211
25	30	35	
ggc ctc ggg tca ccc gcc ctg ctc tac ctt gct ggc gct ggc gtc ggc Gly Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala Gly Ala Gly Val Gly			259
40	45	50	
cac atc cac atc att gac gat gac ctc gtc gac ctc tcc aac ctc cac His Ile His Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp Leu Ser Asn Leu His			307
55	60	65	
cgc cag gtc att cac acc acc gct ggc gtt gga aca ccc aag gcc gag Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly Thr Pro Lys Ala Glu			355
70	75	80	85
tcc gcg cgc gaa gca atg ctg gca ctg aac cct tcc gtt aaa gtg acg Ser Ala Arg Glu Ala Met Leu Ala Leu Asn Pro Ser Val Lys Val Thr			403
90	95	100	
gtt tct gtc agg cga ctg gac tgg tca aat gca ctt tct gag ctg gca Val Ser Val Arg Arg Leu Asp Trp Ser Asn Ala Leu Ser Glu Leu Ala			451
105	110	115	
gat tcc gat gtg att ttg gat ggc tcc gat aac ttc gac acc cga cac Asp Ser Asp Val Ile Leu Asp Gly Ser Asp Asn Phe Asp Thr Arg His			499
120	125	130	
ctc gca tcc tgg gcc gcc gca aaa ctt ggc atc ccc Leu Ala Ser Trp Ala Ala Ala Lys Leu Gly Ile Pro			535
135	140	145	
<210> 738 <211> 145 <212> PRT <213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 738 Val Lys Asn Leu Asp Ile Ala Arg Tyr Arg Arg Gln Ile Met Leu Gly			

1 5 10 15
 Glu Ile Gly Gln Gln Lys Gln Gln Ser Leu Phe Asp Ala Lys Val Ser
 20 25 30
 Val Ile Gly Ala Gly Gly Leu Gly Ser Pro Ala Leu Leu Tyr Leu Ala
 35 40 45
 Gly Ala Gly Val Gly His Ile His Ile Ile Asp Asp Asp Leu Val Asp
 50 55 60
 Leu Ser Asn Leu His Arg Gln Val Ile His Thr Thr Ala Gly Val Gly
 65 70 75 80
 Thr Pro Lys Ala Glu Ser Ala Arg Glu Ala Met Leu Ala Leu Asn Pro
 85 90 95
 Ser Val Lys Val Thr Val Ser Val Arg Arg Leu Asp Trp Ser Asn Ala
 100 105 110
 Leu Ser Glu Leu Ala Asp Ser Asp Val Ile Leu Asp Gly Ser Asp Asn
 115 120 125
 Phe Asp Thr Arg His Leu Ala Ser Trp Ala Ala Ala Lys Leu Gly Ile
 130 135 140
 Pro
 145

<210> 739
 <211> 579
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(556)
 <223> RXN00437

<400> 739
 ttcatcatgg cgctgcccgg ctccacgggt gcggcgcgcg atgccaccgc tgtcctcgac 60

ccactcattg atcacatcac tggaactctg caaggccacc atg aac act gac ccc 115

Met Asn Thr Asp Pro																			
1										5									
gct tac gtc gcc gaa caa acc ggc aaa ctc atc gac gct ttc ctc acc 163																			
Ala Tyr Val Ala Glu Gln Thr Gly Lys Leu Ile Asp Ala Phe Leu Thr																			
10					15					20									
acc gac ccc ctc gaa ccg ctg ctc gac gcc gcc aaa aac ggc gtc tgc 211																			
Thr Asp Pro Leu Glu Pro Leu Leu Asp Ala Ala Lys Asn Gly Val Cys																			
25					30					35									
aca gag gcg atg ggc gcg ctg gtc acc ttc gaa ggc atc gtc cgc gac 259																			
Thr Glu Ala Met Gly Ala Leu Val Thr Phe Glu Gly Ile Val Arg Asp																			
40					45					50									
cac gac ggc ggc gcc cgc gtg acc tcc ctg acc tac acc gcg cat ccc 307																			
His Asp Gly Gly Ala Arg Val Thr Ser Leu Thr Tyr Thr Ala His Pro																			
55					60					65									
acc gcg ccg cag gtc ctt tct gct gtc gcg gac tcc atc gtt gaa aaa 355																			
Thr Ala Pro Gln Val Leu Ser Ala Val Ala Asp Ser Ile Val Glu Lys																			
70					75					80					85				
cac ccg cgc acc cgc ctc tgg acc gcg cac cgc acc ggc gcc ttg aaa 403																			
His Pro Arg Thr Arg Leu Trp Thr Ala His Arg Thr Gly Ala Leu Lys																			
90					95					100									
atc ggt gac gcc gcc ttc ctc gtc gtc gcc gcc tcc gcc cac cgc gcc 451																			
Ile Gly Asp Ala Ala Phe Leu Val Val Ala Ala Ser Ala His Arg Ala																			
105					110					115									
gac gcc ttc gcc gcc tgc tcc gac ctc gcc gac gcc gtc aaa gcc cag 499																			
Asp Ala Phe Ala Ala Cys Ser Asp Leu Ala Asp Ala Val Lys Ala Gln																			
120					125					130									
gtc ccg atc tgg aaa gag caa acg cgc ctc gac ggc tcc acc gat tgg 547																			
Val Pro Ile Trp Lys Glu Gln Thr Arg Leu Asp Gly Ser Thr Asp Trp																			
135					140					145									
gtc ggc ctg tgaaaaacct cgacatgcc cgc 579																			

Val Gly Leu

150

<210> 740

<211> 152

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 740

Met	Asn	Thr	Asp	Pro	Ala	Tyr	Val	Ala	Glu	Gln	Thr	Gly	Lys	Leu	Ile
1				5					10					15	

Asp	Ala	Phe	Leu	Thr	Thr	Asp	Pro	Leu	Glu	Pro	Leu	Leu	Asp	Ala	Ala
			20					25					30		

Lys	Asn	Gly	Val	Cys	Thr	Glu	Ala	Met	Gly	Ala	Leu	Val	Thr	Phe	Glu
		35						40				45			

Gly	Ile	Val	Arg	Asp	His	Asp	Gly	Gly	Ala	Arg	Val	Thr	Ser	Leu	Thr
	50					55					60				

Tyr	Thr	Ala	His	Pro	Thr	Ala	Pro	Gln	Val	Leu	Ser	Ala	Val	Ala	Asp
65					70					75					80

Ser	Ile	Val	Glu	Lys	His	Pro	Arg	Thr	Arg	Leu	Trp	Thr	Ala	His	Arg
				85						90				95	

Thr	Gly	Ala	Leu	Lys	Ile	Gly	Asp	Ala	Ala	Phe	Leu	Val	Val	Ala	Ala
			100					105					110		

Ser	Ala	His	Arg	Ala	Asp	Ala	Phe	Ala	Ala	Cys	Ser	Asp	Leu	Ala	Asp
		115					120					125			

Ala	Val	Lys	Ala	Gln	Val	Pro	Ile	Trp	Lys	Glu	Gln	Thr	Arg	Leu	Asp
		130				135						140			

Gly	Ser	Thr	Asp	Trp	Val	Gly	Leu
145					150		

<210> 741

<211> 383

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(360)

<223> FRXA00437

<400> 741

aaa aac ggc gtc tgc aca gag gcg atg ggc gcg ctg gtc acc ttc gaa 48
Lys Asn Gly Val Cys Thr Glu Ala Met Gly Ala Leu Val Thr Phe Glu

1 5 10 15

ggc atc gtc cgc gac cac gac ggc ggc gcc cgc gtg acc tcc ctg acc 96
Gly Ile Val Arg Asp His Asp Gly Gly Ala Arg Val Thr Ser Leu Thr

20 25 30

tac acc gcg cat ccc acc gcg ccg cag gtc ctt tct gct gtc gcg gac 144
Tyr Thr Ala His Pro Thr Ala Pro Gln Val Leu Ser Ala Val Ala Asp

35 40 45

tcc atc gtt gaa aaa cac ccg cgc acc cgc ctc tgg acc gcg cac cgc 192
Ser Ile Val Glu Lys His Pro Arg Thr Arg Leu Trp Thr Ala His Arg

50 55 60

acc ggc gcc ttg aaa atc ggt gac gcc gcc ttc ctc gtc gtc gcc gcc 240
Thr Gly Ala Leu Lys Ile Gly Asp Ala Ala Phe Leu Val Val Ala Ala

65 70 75 80

tcc gcc cac cgc gcc gac gcc ttc gcc gcc tgc tcc gac ctc gcc gac 288
Ser Ala His Arg Ala Asp Ala Phe Ala Ala Cys Ser Asp Leu Ala Asp

85 90 95

gcc gtc aaa gcc cag gtc ccg atc tgg aaa gag caa acg cgc ctc gac 336
Ala Val Lys Ala Gln Val Pro Ile Trp Lys Glu Gln Thr Arg Leu Asp

100 105 110

ggc tcc acc gat tgg gtc ggc ctg tgaaaaacct cgacatcgcc cgc 383
Gly Ser Thr Asp Trp Val Gly Leu

115 120

<210> 742
 <211> 120
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 742
 Lys Asn Gly Val Cys Thr Glu Ala Met Gly Ala Leu Val Thr Phe Glu
 1 5 10 15

Gly Ile Val Arg Asp His Asp Gly Gly Ala Arg Val Thr Ser Leu Thr
 20 25 30

Tyr Thr Ala His Pro Thr Ala Pro Gln Val Leu Ser Ala Val Ala Asp
 35 40 45

Ser Ile Val Glu Lys His Pro Arg Thr Arg Leu Trp Thr Ala His Arg
 50 55 60

Thr Gly Ala Leu Lys Ile Gly Asp Ala Ala Phe Leu Val Val Ala Ala
 65 70 75 80

Ser Ala His Arg Ala Asp Ala Phe Ala Ala Cys Ser Asp Leu Ala Asp
 85 90 95

Ala Val Lys Ala Gln Val Pro Ile Trp Lys Glu Gln Thr Arg Leu Asp
 100 105 110

Gly Ser Thr Asp Trp Val Gly Leu
 115 120

<210> 743
 <211> 591
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(568)
 <223> RXN00439

<400> 743
 ctgccaccgc agactgtctg atcaggatcc cggcgcggac tacggtggag gaaaacgaca 60

tcgttaagat ttacccattc aactaacagg agttaattta atg agc gag ctc acc 115

	Met	Ser	Glu	Leu	Thr	
	1				5	
cac gtt cga gca gac ggt tcc gca cat atg gtg gat gtg acg ggc aaa						163
His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val Asp Val Thr Gly Lys						
	10	15		20		
aat gaa aca tcg aga act gct gtt gcc gaa ggg ttt gtg aag atg agg						211
Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly Phe Val Lys Met Arg						
	25	30		35		
ggg gac gtc gta aag cag ctt ttt agt gct ggt ctg cct aaa ggc gac						259
Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly Leu Pro Lys Gly Asp						
	40	45		50		
gcg cta cct gtg gcg cgg att gcg ggt atc atg ggt gcg aag aag acg						307
Ala Leu Pro Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met Gly Ala Lys Lys Thr						
	55	60		65		
ccg gac att atc cct tta tgc cac ccg ttg ccg ctg ggc aaa att act						355
Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro Leu Gly Lys Ile Thr						
	70	75		80	85	
gtg gat ttt ttt gag ctt act gat ggt gtt cgg att gag gct tcg gtg						403
Val Asp Phe Phe Glu Leu Thr Asp Gly Val Arg Ile Glu Ala Ser Val						
	90	95		100		
aaa acg cgt ggg gtt act ggt gtg gaa atg gag gcg ttg acg gcc gtg						451
Lys Thr Arg Gly Val Thr Gly Val Glu Met Glu Ala Leu Thr Ala Val						
	105	110		115		
agc act gcg gcg ctg acg gta tac gac atg atc aag gct gtg gat aag						499
Ser Thr Ala Ala Leu Thr Val Tyr Asp Met Ile Lys Ala Val Asp Lys						
	120	125		130		
atg gcc gtg att gat ggc att cgt gtg ctg tcg aaa act ggc ggt aaa						547
Met Ala Val Ile Asp Gly Ile Arg Val Leu Ser Lys Thr Gly Gly Lys						
	135	140		145		
tct ggg gat tgg tct gtt cag tgacagctct gggtatcggt gcg						591

Ser Gly Asp Trp Ser Val Gln

150

155

<210> 744

<211> 156

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 744

Met Ser Glu Leu Thr His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val
1 5 10 15

Asp Val Thr Gly Lys Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly
20 25 30

Phe Val Lys Met Arg Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly
35 40 45

Leu Pro Lys Gly Asp Ala Leu Pro Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met
50 55 60

Gly Ala Lys Lys Thr Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro
65 70 75 80

Leu Gly Lys Ile Thr Val Asp Phe Phe Glu Leu Thr Asp Gly Val Arg
85 90 95

Ile Glu Ala Ser Val Lys Thr Arg Gly Val Thr Gly Val Glu Met Glu
100 105 110

Ala Leu Thr Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Thr Val Tyr Asp Met Ile
115 120 125

Lys Ala Val Asp Lys Met Ala Val Ile Asp Gly Ile Arg Val Leu Ser
130 135 140

Lys Thr Gly Gly Lys Ser Gly Asp Trp Ser Val Gln
145 150 155

<210> 745

<211> 218

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(195)

<223> FRXA00439

<400> 745

act gat ggt gtt cgg att gag gct tcg gtg aaa acg cgt ggg gtt act 48
Thr Asp Gly Val Arg Ile Glu Ala Ser Val Lys Thr Arg Gly Val Thr

1 5 10 15

ggt gtg gaa atg gag gcg ttg acg gcc gtg agc act gcg gcg ctg acg 96
Gly Val Glu Met Glu Ala Leu Thr Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Thr

20 25 30

gta tac gac atg atc aag gct gtg gat aag atg gcc gtg att gat ggc 144
Val Tyr Asp Met Ile Lys Ala Val Asp Lys Met Ala Val Ile Asp Gly

35 40 45

att cgt gtg ctg tcg aaa act ggc ggt aaa tct ggg gat tgg tct gtt 192
Ile Arg Val Leu Ser Lys Thr Gly Gly Lys Ser Gly Asp Trp Ser Val

50 55 60

cag tgacagctct gggtatcggt gcg 218
Gln

65

<210> 746

<211> 65

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 746

Thr Asp Gly Val Arg Ile Glu Ala Ser Val Lys Thr Arg Gly Val Thr
1 5 10 15

Gly Val Glu Met Glu Ala Leu Thr Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Thr
20 25 30

Val Tyr Asp Met Ile Lys Ala Val Asp Lys Met Ala Val Ile Asp Gly

35 40 45

Ile Arg Val Leu Ser Lys Thr Gly Gly Lys Ser Gly Asp Trp Ser Val
50 55 60

Gln
65

<210> 747
<211> 358
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(358)
<223> FRXA00442

<400> 747
ctgccaccgc agactgtctg atcaggatcc cggcgcggac tacggtggag gaaaacgaca 60

tcgttaagat ttaccattc aactaacagg agttaattta atg agc gag ctc acc 115
Met Ser Glu Leu Thr
1 5

cac gtt cga gca gac ggt tcc gca cat atg gtg gat gtg acg ggc aaa 163
His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val Asp Val Thr Gly Lys
10 15 20

aat gaa aca tcg aga act gct gtt gcc gaa ggg ttt gtg aag atg agg 211
Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly Phe Val Lys Met Arg
25 30 35

ggg gac gtc gta aag cag ctt ttt agt gct ggt ctg cct aaa ggg gac 259
Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly Leu Pro Lys Gly Asp
40 45 50

gcg cta cct gtg gcg cgg att gcg ggt atc atg ggt gcg aag aag acg 307
Ala Leu Pro Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met Gly Ala Lys Lys Thr
55 60 65

ccg gac att atc cct tta tgc cac ccg ttg ccg ctg ggc aaa att act 355

Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro Leu Gly Lys Ile Thr

70 75 80 85

gtg 358
Val

<210> 748

<211> 86

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 748

Met Ser Glu Leu Thr His Val Arg Ala Asp Gly Ser Ala His Met Val
1 5 10 15

Asp Val Thr Gly Lys Asn Glu Thr Ser Arg Thr Ala Val Ala Glu Gly
20 25 30

Phe Val Lys Met Arg Gly Asp Val Val Lys Gln Leu Phe Ser Ala Gly
35 40 45

Leu Pro Lys Gly Asp Ala Leu Pro Val Ala Arg Ile Ala Gly Ile Met
50 55 60

Gly Ala Lys Lys Thr Pro Asp Ile Ile Pro Leu Cys His Pro Leu Pro
65 70 75 80

Leu Gly Lys Ile Thr Val
85

<210> 749

<211> 582

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(559)

<223> RXA00440

<400> 749

cggtatacga catgatcaag gctgtggata agatggccgt gattgatggc attcgtgtgc 60

tgtcgaaaac tggcggtaaa tctggggatt ggtctgttca gtg aca gct ctg gtt 115
Val Thr Ala Leu Val

1 5

atc gtt gcg tcc act cgc gcc gct gcc ggg gtg tat gag gat cgc tct 163
Ile Val Ala Ser Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val Tyr Glu Asp Arg Ser

10 15 20

ggc cca att ttg gtg tcg tgg ctg cgt gca aaa ggt ttt gac aca ccc 211
Gly Pro Ile Leu Val Ser Trp Leu Arg Ala Lys Gly Phe Asp Thr Pro

25 30 35

gcc ccc gtg atc gtg gcg gac gcc aac ctg ccc gca ttc ctg gac gag 259
Ala Pro Val Ile Val Ala Asp Ala Asn Leu Pro Ala Phe Leu Asp Glu

40 45 50

ctg gaa ttt ccg cag gta gta ctt att tca ggc ggc acc gga ctc acg 307
Leu Glu Phe Pro Gln Val Val Leu Ile Ser Gly Gly Thr Gly Leu Thr

55 60 65

cct gat gac atc acc gtg gac act tta atc ccg cgc ctc gac aaa gaa 355
Pro Asp Asp Ile Thr Val Asp Thr Leu Ile Pro Arg Leu Asp Lys Glu

70 75 80 85

atc ccc ggc atc gcc cac gct ttt tgg aat tac agc atg gac gcc gtc 403
Ile Pro Gly Ile Ala His Ala Phe Trp Asn Tyr Ser Met Asp Ala Val

90 95 100

ccg acc gca gta ttg tcg cgc acc gtc gcg ggc acc atc ggc ggc agt 451
Pro Thr Ala Val Leu Ser Arg Thr Val Ala Gly Thr Ile Gly Gly Ser

105 110 115

ttc atc atg gcg ctg ccc ggc tcc acg ggt gcg gcg cgc gat gcc acc 499
Phe Ile Met Ala Leu Pro Gly Ser Thr Gly Ala Ala Arg Asp Ala Thr

120 125 130

gct gtc ctc gac cca ctc att gat cac atc act gga act ctg caa ggc 547
Ala Val Leu Asp Pro Leu Ile Asp His Ile Thr Gly Thr Leu Gln Gly

135 140 145

cac cat gaa cac tgaccccgct tacgtcgccg aac 582
His His Glu His

150

<210> 750
<211> 153
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 750
Val Thr Ala Leu Val Ile Val Ala Ser Thr Arg Ala Ala Ala Gly Val
1 5 10 15

Tyr Glu Asp Arg Ser Gly Pro Ile Leu Val Ser Trp Leu Arg Ala Lys
20 25 30

Gly Phe Asp Thr Pro Ala Pro Val Ile Val Ala Asp Ala Asn Leu Pro
35 40 45

Ala Phe Leu Asp Glu Leu Glu Phe Pro Gln Val Val Leu Ile Ser Gly
50 55 60

Gly Thr Gly Leu Thr Pro Asp Asp Ile Thr Val Asp Thr Leu Ile Pro
65 70 75 80

Arg Leu Asp Lys Glu Ile Pro Gly Ile Ala His Ala Phe Trp Asn Tyr
85 90 95

Ser Met Asp Ala Val Pro Thr Ala Val Leu Ser Arg Thr Val Ala Gly
100 105 110

Thr Ile Gly Gly Ser Phe Ile Met Ala Leu Pro Gly Ser Thr Gly Ala
115 120 125

Ala Arg Asp Ala Thr Ala Val Leu Asp Pro Leu Ile Asp His Ile Thr
130 135 140

Gly Thr Leu Gln Gly His His Glu His
145 150

<210> 751
 <211> 1287
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1264)
 <223> RXN00441

<400> 751
 agccttggga gcggtgatta tgcttttggc tgtctatgtc ctcatcattg gagccatcgg 60

agcgttacga ttgttttcca aggtgagaaa ggtttaattg atg tct cgt tcg ccg 115
 Met Ser Arg Ser Pro

1 5

gag caa cat ttg gca gaa att tca gcg ctg ctt ccc cca caa aag tcc 163
 Glu Gln His Leu Ala Glu Ile Ser Ala Leu Leu Pro Pro Gln Lys Ser

10 15 20

acg ttc gtg aat ctg cgc gaa gcg ttg gga cgc cgc acg ttt tca gcg 211
 Thr Phe Val Asn Leu Arg Glu Ala Leu Gly Arg Arg Thr Phe Ser Ala

25 30 35

gtc act gcg cag tgg gat tcg cca cgt ttt gat aat tcc caa atg gat 259
 Val Thr Ala Gln Trp Asp Ser Pro Arg Phe Asp Asn Ser Gln Met Asp

40 45 50

ggc ttc gcg ctt ggc ccc tca cat ctt aac ggt ggc acc ttc gca gtc 307
 Gly Phe Ala Leu Gly Pro Ser His Leu Asn Gly Gly Thr Phe Ala Val

55 60 65

ggt cca acc att ccc gct ggt cat gat cct gat cag tgg tac cca cga 355
 Gly Pro Thr Ile Pro Ala Gly His Asp Pro Asp Gln Trp Tyr Pro Arg

70 75 80 85

ggc atc gaa aaa gac atc gcg ccg att atg acg ggt gcg cgc ctt cct 403
 Gly Ile Glu Lys Asp Ile Ala Pro Ile Met Thr Gly Ala Arg Leu Pro

90 95 100

aaa aac acc gcc gcg atc att cct gtg gag aaa acc aca ccg gga aat 451
Lys Asn Thr Ala Ala Ile Ile Pro Val Glu Lys Thr Thr Pro Gly Asn

105 110 115

ttc gac gcc cca cag gta gaa atc ccc gcc acc ccg caa ggt cag ttc 499
Phe Asp Ala Pro Gln Val Glu Ile Pro Ala Thr Pro Gln Gly Gln Phe

120 125 130

ata cgg ttg cag ggt tcg gat att act gcc ggc gac gag atc att cca 547
Ile Arg Leu Gln Gly Ser Asp Ile Thr Ala Gly Asp Glu Ile Ile Pro

135 140 145

gca ggt acg gag ctt aac tcg gtg cac atc ggg gtg ttg gct agt cag 595
Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser Val His Ile Gly Val Leu Ala Ser Gln

150 155 160 165

tcg atc aag agc att gaa gtc gca gca aag cca cgt gtc ctc atc atc 643
Ser Ile Lys Ser Ile Glu Val Ala Ala Lys Pro Arg Val Leu Ile Ile

170 175 180

acc ggc ggg tct gaa att tca gaa cag cac gga ccc gcc acg atc cct 691
Thr Gly Gly Ser Glu Ile Ser Glu Gln His Gly Pro Ala Thr Ile Pro

185 190 195

gat gcc aac ggc cct ctg ctt cgt tcc ctg tgc gcc cgc aac aat atc 739
Asp Ala Asn Gly Pro Leu Leu Arg Ser Leu Cys Ala Arg Asn Asn Ile

200 205 210

gag gtc atc gcg gga ctg cac acc aac gac gat cct gaa cga ctc cgc 787
Glu Val Ile Ala Gly Leu His Thr Asn Asp Asp Pro Glu Arg Leu Arg

215 220 225

ttt gaa ctg gaa aac gcc att gac cag tat caa ccg gat gtc atc atc 835
Phe Glu Leu Glu Asn Ala Ile Asp Gln Tyr Gln Pro Asp Val Ile Ile

230 235 240 245

acc tct ggc ggt atc agc cac ggt aaa ttt gag gtg ttt agg cag atc 883
Thr Ser Gly Gly Ile Ser His Gly Lys Phe Glu Val Phe Arg Gln Ile

250 255 260

ctc gaa ggc acc ccg aac tcc tgg ttt gga cat gtc gat cag cag cct 931
Leu Glu Gly Thr Pro Asn Ser Trp Phe Gly His Val Asp Gln Gln Pro

265 270 275

ggc ggt cct caa ggc atc tcc act ttt gct gaa act cct gtc att tca 979
Gly Gly Pro Gln Gly Ile Ser Thr Phe Ala Glu Thr Pro Val Ile Ser

280 285 290

ctt ccc gga aat ccg att tcc acc ttg gtg agt ttc aca ctt ttg gtc 1027
Leu Pro Gly Asn Pro Ile Ser Thr Leu Val Ser Phe Thr Leu Leu Val

295 300 305

gcg cca gcg ctc aac cgc cag ccg ctc cgc cac ctc gat gcc cgc atc 1075
Ala Pro Ala Leu Asn Arg Gln Pro Leu Arg His Leu Asp Ala Arg Ile

310 315 320 325

acc gct ccg gtc cag ggc ttg caa gac aat cgc gag caa ttc ctt cgc 1123
Thr Ala Pro Val Gln Gly Leu Gln Asp Asn Arg Glu Gln Phe Leu Arg

330 335 340

ggc acc atc agt tac cgc aac ggg cca cgt cct cgc cac gcc tct cct 1171
Gly Thr Ile Ser Tyr Arg Asn Gly Pro Arg Pro Arg His Ala Ser Pro

345 350 355

ggg cac cag ttc cca cct gct ggt tca agc tgc cac cgc aga ctg tct 1219
Gly His Gln Phe Pro Pro Ala Gly Ser Ser Cys His Arg Arg Leu Ser

360 365 370

gat cag gat ccc ggc gcg gac tac ggt gga gga aaa cga cat cgt 1264
Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp Tyr Gly Gly Gly Lys Arg His Arg

375 380 385

taagatttac ccattcaact aac 1287

<210> 752

<211> 388

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 752

Met Ser Arg Ser Pro Glu Gln His Leu Ala Glu Ile Ser Ala Leu Leu
1 5 10 15

Pro Pro Gln Lys Ser Thr Phe Val Asn Leu Arg Glu Ala Leu Gly Arg
20 25 30

Arg Thr Phe Ser Ala Val Thr Ala Gln Trp Asp Ser Pro Arg Phe Asp
35 40 45

Asn Ser Gln Met Asp Gly Phe Ala Leu Gly Pro Ser His Leu Asn Gly
50 55 60

Gly Thr Phe Ala Val Gly Pro Thr Ile Pro Ala Gly His Asp Pro Asp
65 70 75 80

Gln Trp Tyr Pro Arg Gly Ile Glu Lys Asp Ile Ala Pro Ile Met Thr
85 90 95

Gly Ala Arg Leu Pro Lys Asn Thr Ala Ala Ile Ile Pro Val Glu Lys
100 105 110

Thr Thr Pro Gly Asn Phe Asp Ala Pro Gln Val Glu Ile Pro Ala Thr
115 120 125

Pro Gln Gly Gln Phe Ile Arg Leu Gln Gly Ser Asp Ile Thr Ala Gly
130 135 140

Asp Glu Ile Ile Pro Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser Val His Ile Gly
145 150 155 160

Val Leu Ala Ser Gln Ser Ile Lys Ser Ile Glu Val Ala Ala Lys Pro
165 170 175

Arg Val Leu Ile Ile Thr Gly Gly Ser Glu Ile Ser Glu Gln His Gly
180 185 190

Pro Ala Thr Ile Pro Asp Ala Asn Gly Pro Leu Leu Arg Ser Leu Cys
195 200 205

Ala Arg Asn Asn Ile Glu Val Ile Ala Gly Leu His Thr Asn Asp Asp
210 215 220

Pro Glu Arg Leu Arg Phe Glu Leu Glu Asn Ala Ile Asp Gln Tyr Gln
225 230 235 240

Pro Asp Val Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ile Ser His Gly Lys Phe Glu
245 250 255

Val Phe Arg Gln Ile Leu Glu Gly Thr Pro Asn Ser Trp Phe Gly His
260 265 270

Val Asp Gln Gln Pro Gly Gly Pro Gln Gly Ile Ser Thr Phe Ala Glu
275 280 285

Thr Pro Val Ile Ser Leu Pro Gly Asn Pro Ile Ser Thr Leu Val Ser
290 295 300

Phe Thr Leu Leu Val Ala Pro Ala Leu Asn Arg Gln Pro Leu Arg His
305 310 315 320

Leu Asp Ala Arg Ile Thr Ala Pro Val Gln Gly Leu Gln Asp Asn Arg
325 330 335

Glu Gln Phe Leu Arg Gly Thr Ile Ser Tyr Arg Asn Gly Pro Arg Pro
340 345 350

Arg His Ala Ser Pro Gly His Gln Phe Pro Pro Ala Gly Ser Ser Cys
355 360 365

His Arg Arg Leu Ser Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp Tyr Gly Gly Gly
370 375 380

Lys Arg His Arg
385

<210> 753

<211> 815

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(792)

<223> FRXA00441

<400> 753

atc ccc gcc acc ccg caa ggt cag ttc ata cgg ttg cag ggt tcg gat 48
Ile Pro Ala Thr Pro Gln Gly Gln Phe Ile Arg Leu Gln Gly Ser Asp

1 5 10 15

att act gcc ggc gac gag atc att cca gca ggt acg gag ctt aac tcg 96
Ile Thr Ala Gly Asp Glu Ile Ile Pro Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser

20 25 30

gtg cac atc ggg gtg ttg gct agt cag tcg atc aag agc att gaa gtc 144
Val His Ile Gly Val Leu Ala Ser Gln Ser Ile Lys Ser Ile Glu Val

35 40 45

gca gca aag cca cgt gtc ctc atc atc acc ggc ggg tct gaa att tca 192
Ala Ala Lys Pro Arg Val Leu Ile Ile Thr Gly Gly Ser Glu Ile Ser

50 55 60

gaa cag cac gga ccc gcc acg atc cct gat gcc aac ggc cct ctg ctt 240
Glu Gln His Gly Pro Ala Thr Ile Pro Asp Ala Asn Gly Pro Leu Leu

65 70 75 80

cgt tcc ctg tgc gcc cgc aac aat atc gag gtc atc gcg gga ctg cac 288
Arg Ser Leu Cys Ala Arg Asn Asn Ile Glu Val Ile Ala Gly Leu His

85 90 95

acc aac gac gat cct gaa cga ctc cgc ttt gaa ctg gaa aac gcc att 336
Thr Asn Asp Asp Pro Glu Arg Leu Arg Phe Glu Leu Glu Asn Ala Ile

100 105 110

gac cag tat caa ccg gat gtc atc atc acc tct ggc ggt atc agc cac 384
Asp Gln Tyr Gln Pro Asp Val Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ile Ser His

115 120 125

ggc aaa ttt gag gtg ttt agg cag atc ctc gaa ggc acc ccg aac tcc 432
Gly Lys Phe Glu Val Phe Arg Gln Ile Leu Glu Gly Thr Pro Asn Ser

130 135 140

tgg ttt gga cat gtc gat cag cag cct ggc ggt cct caa ggc atc tcc 480

Trp Phe Gly His Val Asp Gln Gln Pro Gly Gly Pro Gln Gly Ile Ser
145 150 155 160
act ttt gct gaa act cct gtc att tca ctt ccc gga aat ccg att tcc 528
Thr Phe Ala Glu Thr Pro Val Ile Ser Leu Pro Gly Asn Pro Ile Ser
165 170 175
acc ttg gtg agt ttc aca ctt ttg gtc gcg cca gcg ctc aac cgc cag 576
Thr Leu Val Ser Phe Thr Leu Leu Val Ala Pro Ala Leu Asn Arg Gln
180 185 190
ccg ctc cgc cac ctc gat gcc cgc atc acc gct ccg gtc cag ggc ttg 624
Pro Leu Arg His Leu Asp Ala Arg Ile Thr Ala Pro Val Gln Gly Leu
195 200 205
caa gac aat cgc gag caa ttc ctt cgc ggc acc atc agt tac cgc aac 672
Gln Asp Asn Arg Glu Gln Phe Leu Arg Gly Thr Ile Ser Tyr Arg Asn
210 215 220
ggg cca cgt cct cgc cac gcc tct cct ggg cac cag ttc cca cct gct 720
Gly Pro Arg Pro Arg His Ala Ser Pro Gly His Gln Phe Pro Pro Ala
225 230 235 240
ggt tca agc tgc cac cgc aga ctg tct gat cag gat ccc ggc gcg gac 768
Gly Ser Ser Cys His Arg Arg Leu Ser Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp
245 250 255
tac ggt gga gga aaa cga cat cgt taagatttac ccattcaact aac 815
Tyr Gly Gly Gly Lys Arg His Arg

260

<210> 754
<211> 264
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 754
Ile Pro Ala Thr Pro Gln Gly Gln Phe Ile Arg Leu Gln Gly Ser Asp
1 5 10 15

Ile Thr Ala Gly Asp Glu Ile Ile Pro Ala Gly Thr Glu Leu Asn Ser

20

25

30

Val His Ile Gly Val Leu Ala Ser Gln Ser Ile Lys Ser Ile Glu Val
35 40 45

Ala Ala Lys Pro Arg Val Leu Ile Ile Thr Gly Gly Ser Glu Ile Ser
50 55 60

Glu Gln His Gly Pro Ala Thr Ile Pro Asp Ala Asn Gly Pro Leu Leu
65 70 75 80

Arg Ser Leu Cys Ala Arg Asn Asn Ile Glu Val Ile Ala Gly Leu His
85 90 95

Thr Asn Asp Asp Pro Glu Arg Leu Arg Phe Glu Leu Glu Asn Ala Ile
100 105 110

Asp Gln Tyr Gln Pro Asp Val Ile Ile Thr Ser Gly Gly Ile Ser His
115 120 125

Gly Lys Phe Glu Val Phe Arg Gln Ile Leu Glu Gly Thr Pro Asn Ser
130 135 140

Trp Phe Gly His Val Asp Gln Gln Pro Gly Gly Pro Gln Gly Ile Ser
145 150 155 160

Thr Phe Ala Glu Thr Pro Val Ile Ser Leu Pro Gly Asn Pro Ile Ser
165 170 175

Thr Leu Val Ser Phe Thr Leu Leu Val Ala Pro Ala Leu Asn Arg Gln
180 185 190

Pro Leu Arg His Leu Asp Ala Arg Ile Thr Ala Pro Val Gln Gly Leu
195 200 205

Gln Asp Asn Arg Glu Gln Phe Leu Arg Gly Thr Ile Ser Tyr Arg Asn
210 215 220

Gly Pro Arg Pro Arg His Ala Ser Pro Gly His Gln Phe Pro Pro Ala
225 230 235 240

Gly Ser Ser Cys His Arg Arg Leu Ser Asp Gln Asp Pro Gly Ala Asp

245 250 255

Tyr Gly Gly Gly Lys Arg His Arg
260

<210> 755
<211> 2358
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2335)
<223> RXN02085

<400> 755
caccCGGTga tttCGcgaac cttgaaacat cgtcagaaga ttgccgtgCG tcctagccgg 60

gateCGcagc ttcggctcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt 115
Met Thr Ser Asn Phe

1 5

tct tcc act gtc gct ggt ctt cct cgc atc gga gcg aag cgt gaa ctg 163
Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly Ala Lys Arg Glu Leu

10 15 20

aag ttc gcg ctc gaa ggc tac tgg aat gga tca att gaa ggt cgc gaa 211
Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser Ile Glu Gly Arg Glu

25 30 35

ctt gcg cag acc gcc cgc caa ttg gtc aac act gca tcg gat tct ttg 259
Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr Ala Ser Asp Ser Leu

40 45 50

tct gga ttg gat tcc gtt ccg ttt gca gga cgt tcc tac tac gac gca 307
Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg Ser Tyr Tyr Asp Ala

55 60 65

atg ctc gat acc gcc gct att ttg ggt gtg ctg ccg gag cgt ttt gat 355
Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu Pro Glu Arg Phe Asp

70 75 80 85

gac atc gct gat cat gaa aac gat ggt ctc cca ctg tgg att gac cgc	403
Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro Leu Trp Ile Asp Arg	
90 95 100	
tac ttt ggc gct gct cgc ggt act gag acc ctg cct gca cag gca atg	451
Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu Pro Ala Gln Ala Met	
105 110 115	
acc aag tgg ttt gat acc aac tac cac tac ctc gtg 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
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg

280 285 290

acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc 1027
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg

295 300 305

ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac 1075
Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu Leu His Val Pro Tyr

310 315 320 325

acc ctc gag gct gag aac att gag cct gag gtc cgc gac tgg ctt gcc 1123
Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val Arg Asp Trp Leu Ala

330 335 340

ttc ggc tcg gag aag atc acc gag gtc aag ctg ctt gcc gac gcc cta 1171
Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu Leu Ala Asp Ala Leu

345 350 355

gcc ggc aac atc gac gcg gct gcg ttc gat gcg gcg tcc gca gca att 1219
Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ser Ala Ala Ile

360 365 370

gct tct cga cgc acc tcc cca cgc acc gca cca atc acg cag gaa ctc 1267
Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro Ile Thr Gln Glu Leu

375 380 385

cct ggc cgt agc cgt gga tcc ttc gac act cgt gtt acg ctg cag gag 1315
Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg Val Thr Leu Gln Glu

390 395 400 405

aag tca ctg gag ctt cca gct ctg cca acc acc acc att ggt tct ttc 1363

Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr Thr Ile Gly Ser Phe
410 415 420

cca cag acc cca tcc att cgt tct gct cgc gct cgt ctg cgc aag gaa 1411
Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala Arg Leu Arg Lys Glu

425 430 435

tcc atc act ttg gag cag tac gaa gag gca atg cgc gaa gaa atc gat 1459
Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met Arg Glu Glu Ile Asp

440 445 450

ctg gtc atc gcc aag cag gaa gaa ctt ggt ctt gat gtg ttg gtt cac 1507
Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu Asp Val Leu Val His

455 460 465

ggt gag cca gag cgc aac gac atg gtt cag tac ttc tct gaa ctt ctc 1555
Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu

470 475 480 485

gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc 1603
Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser

490 495 500

cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg 1651
Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala

505 510 515

cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag 1699
Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys

520 525 530

cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc 1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser

535 540 545

ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca 1795
Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala

550 555 560 565

ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag 1843

Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys
570 575 580

atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccg cta cga 1891
Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Leu Arg

585 590 595

gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc 1939
Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg

600 605 610

ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac gtc caa atc cac acc cac atg 1987
Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln Ile His Thr His Met

615 620 625

tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc tcc tcg gtc atc gcg ttg gat 2035
Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp

630 635 640 645

gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca cgt tcc gac atg cag gtc ctc 2083
Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser Asp Met Gln Val Leu

650 655 660

gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag ctc ggc gtc gga cct ggt gtg 2131
Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly Val Gly Pro Gly Val

665 670 675

tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct tcc gcg cag aaa gtg gac ggt 2179
Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly

680 685 690

ctc ctc gag gct gca ctg cag tcc gtg gat cct cgc cag ctg tgg gtc 2227
Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val

695 700 705

aac cca gac tgt ggt ctg aag acc cgt gga tgg cca gaa gtg gaa gct 2275
Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala

710 715 720 725

tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct aag cag gct cgt gag aaa atc 2323

Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile

730

735

740

gga gca act atc taaattgggt taccgctagg aac
Gly Ala Thr Ile

2358

745

<210> 756

<211> 745

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 756

Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly
1 5 10 15

Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser
20 25 30

Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr
35 40 45

Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg
50 55 60

Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu
65 70 75 80

Pro Glu Arg Phe Asp Asp Ile Ala Asp His Glu Asn Asp Gly Leu Pro
85 90 95

Leu Trp Ile Asp Arg Tyr Phe Gly Ala Ala Arg Gly Thr Glu Thr Leu
100 105 110

Pro Ala Gln Ala Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Leu
115 120 125

Val Pro Glu Leu Ser Ala Asp Thr Arg Phe Val Leu Asp Ala Ser Ala
130 135 140

Leu Ile Glu Asp Leu Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg

145 150 155 160

Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr
165 170 175

Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr
180 185 190

Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu
195 200 205

Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg
210 215 220

Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225 230 235 240

Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
245 250 255

Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu
260 265 270

Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
275 280 285

Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
290 295 300

Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305 310 315 320

Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val
325 330 335

Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
340 345 350

Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala
355 360 365

Ala Ser Ala Ala Ile Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro

370

375

380

Ile Thr Gln Glu Leu Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg
385 390 395 400

Val Thr Leu Gln Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr
405 410 415

Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala
420 425 430

Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met
435 440 445

Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu
450 455 460

Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr
465 470 475 480

Phe Ser Glu Leu Leu Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val
485 490 495

Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn
500 505 510

Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln
515 520 525

Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr
530 535 540

Ile Leu Ala Trp Ser Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr
545 550 555 560

Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile
565 570 575

Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu
580 585 590

Leu Leu Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser

595 600 605

Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln
610 615 620

Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser
625 630 635 640

Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser
645 650 655

Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly
660 665 670

Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala
675 680 685

Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro
690 695 700

Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp
705 710 715 720

Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln
725 730 735

Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile
740 745

<210> 757
<211> 1923
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1900)
<223> FRXA02085

<400> 757
caccggtga tttcggaac cttgaacat cgtcagaaga ttgccgtgcg tccagccgg 60

gatccgcacg ttcggtcaa gcagaaagtc tttaactcac atg act tcc aac ttt 115

												Met	Thr	Ser	Asn	Phe		
												1			5			
tct	tcc	act	gtc	gct	ggc	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	ggc	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	ggc	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	ggc	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	ggc	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	ggc	595		

Arg Cys Gln Gln Val Arg Gly Val Asn Ala Arg Pro Val Leu Val Gly	
150 155 160 165	
cca ctg act ttc ctt tcc ctt gct cgc acc act gat ggt tcc aat cct	643
Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr Asp Gly Ser Asn Pro	
170 175 180	
ttg gat cac ctg cct gca ctg ttt gag gtc tac gag cgc ctc atc aag	691
Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr Glu Arg Leu Ile Lys	
185 190 195	
tct ttc gat act gag tgg gtt cag atc gat gag cct gcg ttg gtc acc	739
Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu Pro Ala Leu Val Thr	
200 205 210	
gat gtt gct cct gag gtt ttg gag cag gtc cgc gct ggt tac acc act	787
Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg Ala Gly Tyr Thr Thr	
215 220 225	
ttg gct aag cgc gat ggc gtg ttt gtc aat act tac ttc ggc tct ggc	835
Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr Tyr Phe Gly Ser Gly	
230 235 240 245	
gat cag gcg ctg aac act ctt gcg ggc atc ggc ctt ggc gcg att ggc	883
Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Ala Ile Gly	
250 255 260	
gtt gac ttg gtc acc cat ggc gtc act gag ctt gct gcg tgg aag ggt	931
Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu Ala Ala Trp Lys Gly	
265 270 275	
gag gag ctg ctg gtt gcg ggc atc gtt gat ggt cgt aac att tgg cgc	979
Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly Arg Asn Ile Trp Arg	
280 285 290	
acc gac ctg tgt gct gct ctt gct tcc ctg aag cgc ctg gca gct cgc	1027
Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys Arg Leu Ala Ala Arg	
295 300 305	
ggc cca atc gca gtg tct acc tct tgt tca ctg ctg cac gtt cct tac	1075

Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr Phe Ser Glu Leu Leu
470 475 480 485
gac ggt ttc ctc tca acc gcc aac ggc tgg gtc caa agc tac ggc tcc 1603
Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val Gln Ser Tyr Gly Ser
490 495 500
cgc tgt gtt cgt cct cca gtg ttg ttc gga aac gtt tcc cgc cca gcg 1651
Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn Val Ser Arg Pro Ala
505 510 515
cca atg act gtc aag tgg ttc cag tac gca cag agc ctg acc cag aag 1699
Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln Ser Leu Thr Gln Lys
520 525 530
cat gtc aag gga atg ctc acc ggt cca gtc acc atc ctt gca tgg tcc 1747
His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr Ile Leu Ala Trp Ser
535 540 545
ttc gtt cgc gat gat cag ccg ctg gct acc act gct gac cag gtt gca 1795
Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr Ala Asp Gln Val Ala
550 555 560 565
ctg gca ctg cgc gat gaa att aac gat ctc atc gag gct ggc gcg aag 1843
Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile Glu Ala Gly Ala Lys
570 575 580
atc atc cag gtg gat gag cct gcg att cgt gaa ctg ttg ccc gct acg 1891
Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu Leu Leu Pro Ala Thr
585 590 595
aga cgt cga taagcctgcc tacctgcagt ggt 1923
Arg Arg Arg
600
<210> 758
<211> 600
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 758
Met Thr Ser Asn Phe Ser Ser Thr Val Ala Gly Leu Pro Arg Ile Gly

1	5	10	15
Ala Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Gly Tyr Trp Asn Gly Ser	20	25	30
Ile Glu Gly Arg Glu Leu Ala Gln Thr Ala Arg Gln Leu Val Asn Thr	35	40	45
Ala Ser Asp Ser Leu Ser Gly Leu Asp Ser Val Pro Phe Ala Gly Arg	50	55	60
Ser Tyr Tyr Asp Ala Met Leu Asp Thr Ala Ala Ile Leu Gly Val Leu	65	70	75
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
Pro Val Leu Val Gly Pro Leu Thr Phe Leu Ser Leu Ala Arg Thr Thr	165	170	175
Asp Gly Ser Asn Pro Leu Asp His Leu Pro Ala Leu Phe Glu Val Tyr	180	185	190
Glu Arg Leu Ile Lys Ser Phe Asp Thr Glu Trp Val Gln Ile Asp Glu	195	200	205
Pro Ala Leu Val Thr Asp Val Ala Pro Glu Val Leu Glu Gln Val Arg	210	215	220

Ala Gly Tyr Thr Thr Leu Ala Lys Arg Asp Gly Val Phe Val Asn Thr
225 230 235 240

Tyr Phe Gly Ser Gly Asp Gln Ala Leu Asn Thr Leu Ala Gly Ile Gly
245 250 255

Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Leu Val Thr His Gly Val Thr Glu Leu
260 265 270

Ala Ala Trp Lys Gly Glu Glu Leu Leu Val Ala Gly Ile Val Asp Gly
275 280 285

Arg Asn Ile Trp Arg Thr Asp Leu Cys Ala Ala Leu Ala Ser Leu Lys
290 295 300

Arg Leu Ala Ala Arg Gly Pro Ile Ala Val Ser Thr Ser Cys Ser Leu
305 310 315 320

Leu His Val Pro Tyr Thr Leu Glu Ala Glu Asn Ile Glu Pro Glu Val
325 330 335

Arg Asp Trp Leu Ala Phe Gly Ser Glu Lys Ile Thr Glu Val Lys Leu
340 345 350

Leu Ala Asp Ala Leu Ala Gly Asn Ile Asp Ala Ala Ala Phe Asp Ala
355 360 365

Ala Ser Ala Ala Ile Ala Ser Arg Arg Thr Ser Pro Arg Thr Ala Pro
370 375 380

Ile Thr Gln Glu Leu Pro Gly Arg Ser Arg Gly Ser Phe Asp Thr Arg
385 390 395 400

Val Thr Leu Gln Glu Lys Ser Leu Glu Leu Pro Ala Leu Pro Thr Thr
405 410 415

Thr Ile Gly Ser Phe Pro Gln Thr Pro Ser Ile Arg Ser Ala Arg Ala
420 425 430

Arg Leu Arg Lys Glu Ser Ile Thr Leu Glu Gln Tyr Glu Glu Ala Met
435 440 445

Arg Glu Glu Ile Asp Leu Val Ile Ala Lys Gln Glu Glu Leu Gly Leu
450 455 460

Asp Val Leu Val His Gly Glu Pro Glu Arg Asn Asp Met Val Gln Tyr
465 470 475 480

Phe Ser Glu Leu Leu Asp Gly Phe Leu Ser Thr Ala Asn Gly Trp Val
485 490 495

Gln Ser Tyr Gly Ser Arg Cys Val Arg Pro Pro Val Leu Phe Gly Asn
500 505 510

Val Ser Arg Pro Ala Pro Met Thr Val Lys Trp Phe Gln Tyr Ala Gln
515 520 525

Ser Leu Thr Gln Lys His Val Lys Gly Met Leu Thr Gly Pro Val Thr
530 535 540

Ile Leu Ala Trp Ser Phe Val Arg Asp Asp Gln Pro Leu Ala Thr Thr
545 550 555 560

Ala Asp Gln Val Ala Leu Ala Leu Arg Asp Glu Ile Asn Asp Leu Ile
565 570 575

Glu Ala Gly Ala Lys Ile Ile Gln Val Asp Glu Pro Ala Ile Arg Glu
580 585 590

Leu Leu Pro Ala Thr Arg Arg Arg
595 600

<210> 759

<211> 603

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(580)

<223> FRXA02086

<400> 759

gatgatcagc cgtgtgctac cactgctgac caggttgac tggcactgcg cgatgaaatt 60

```

aacgatctca tcgaggtctgg cgccaagatc atccaggtgg atg agc ctg cga ttc 115
                                Met Ser Leu Arg Phe
                                1                      5

gtg aac tgt tgc ccg cta cga gac gtc gat aag cct gcc tac ctg cag 163
Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys Pro Ala Tyr Leu Gln

                                10                      15                      20

tgg tcc gtg gac tcc ttc cgc ctg gcg act gcc ggc gca ccc gac gac 211
Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala Gly Ala Pro Asp Asp

                                25                      30                      35

gtc caa atc cac acc cac atg tgc tac tcc gag ttc aac gaa gtg atc 259
Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu Phe Asn Glu Val Ile

                                40                      45                      50

tcc tcg gtc atc gcg ttg gat gcc gat gtc acc acc atc gaa gca gca 307
Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr Thr Ile Glu Ala Ala

                                55                      60                      65

cgt tcc gac atg cag gtc ctc gct gct ctg aaa tct tcc ggc ttc gag 355
Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys Ser Ser Gly Phe Glu

                                70                      75                      80                      85

ctc ggc gtc gga cct ggt gtg tgg gat atc cac tcc ccg cgc gtt cct 403
Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His Ser Pro Arg Val Pro

                                90                      95                      100

tcc gcg cag aaa gtg gac ggt ctc ctc gag gct gca ctg cag tcc gtg 451
Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala Ala Leu Gln Ser Val

                                105                      110                      115

gat cct cgc cag ctg tgg gtc aac cca gac tgt ggt ctg aag acc cgt 499
Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys Gly Leu Lys Thr Arg

                                120                      125                      130

gga tgg cca gaa gtg gaa gct tcc cta aag gtt ctc gtt gag tcc gct 547
Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val Leu Val Glu Ser Ala

                                135                      140                      145

aag cag gct cgt gag aaa atc gga gca act atc taaattgggt taccgctagg 600

```

Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile

150 155 160

aac 603

<210> 760

<211> 160

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 760

Met Ser Leu Arg Phe Val Asn Cys Cys Pro Leu Arg Asp Val Asp Lys
1 5 10 15

Pro Ala Tyr Leu Gln Trp Ser Val Asp Ser Phe Arg Leu Ala Thr Ala
20 25 30

Gly Ala Pro Asp Asp Val Gln Ile His Thr His Met Cys Tyr Ser Glu
35 40 45

Phe Asn Glu Val Ile Ser Ser Val Ile Ala Leu Asp Ala Asp Val Thr
50 55 60

Thr Ile Glu Ala Ala Arg Ser Asp Met Gln Val Leu Ala Ala Leu Lys
65 70 75 80

Ser Ser Gly Phe Glu Leu Gly Val Gly Pro Gly Val Trp Asp Ile His
85 90 95

Ser Pro Arg Val Pro Ser Ala Gln Lys Val Asp Gly Leu Leu Glu Ala
100 105 110

Ala Leu Gln Ser Val Asp Pro Arg Gln Leu Trp Val Asn Pro Asp Cys
115 120 125

Gly Leu Lys Thr Arg Gly Trp Pro Glu Val Glu Ala Ser Leu Lys Val
130 135 140

Leu Val Glu Ser Ala Lys Gln Ala Arg Glu Lys Ile Gly Ala Thr Ile
145 150 155 160

<210> 761
 <211> 1326
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1303)
 <223> RXN02648

<400> 761
 atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc 115
 Met Ser Gln Asn Arg

1 5

atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt 163
 Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu

10 15 20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc 211
 Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile Gly Glu Glu Glu Phe

25 30 35

ttc cag att ctg cag tct tct gta gat gac gtg atc aag cgc cag gtt 259
 Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val Ile Lys Arg Gln Val

40 45 50

gac ctg ggt atc gac atc ctt aac gag ggc gaa tac ggc cac gtc acc 307
 Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu Tyr Gly His Val Thr

55 60 65

tcc ggt gca gtt gac ttc ggt gca tgg tgg aac tac tcc ttc acc cgc 355
 Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn Tyr Ser Phe Thr Arg

70 75 80 85

ctg ggc gga ctg acc atg acc gat acc gac cgt tgg gca agc cag gaa 403
 Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg Trp Ala Ser Gln Glu

90	95	100	
gca gtg cgt tcc acc cct ggc aac atc gag ctg acc agc ttc tct gat			451
Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu Thr Ser Phe Ser Asp			
105	110	115	
cgt cgc gac cgc gca ttg ttc agc gaa gca tac gag gat cca gta tct			499
Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr Glu Asp Pro Val Ser			
120	125	130	
ggc atc ttc acc ggt cgc gct tct gtg ggc aac cca gag ttc acc gga			547
Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn Pro Glu Phe Thr Gly			
135	140	145	
cct att acc tac att ggc cag gaa gaa act cag acg gat gtt gat ctg			595
Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln Thr Asp Val Asp Leu			
150	155	160	165
ctg aag aag ggc atg aac gca gcg gga gct acc gac ggc ttc gtt gca			643
Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr Asp Gly Phe Val Ala			
170	175	180	
gca cta tcc cca gga tct gca gct cga ttg acc aac aag ttc tac gac			691
Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr Asn Lys Phe Tyr Asp			
185	190	195	
act gat gaa gaa gtc gtc gca gca tgt gct gat gcg ctt tcc cag gaa			739
Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu			
200	205	210	
tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca ccg			787
Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala Pro			
215	220	225	
gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca agc gtg aag			835
Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro Ser Val Lys			
230	235	240	245
gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc aac agt gca			883
Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile Asn Ser Ala			

250	255	260	
gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc tgc tgg ggc			931
Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile Cys Trp Gly			
265	270	275	
tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt gac atc att			979
Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly Asp Ile Ile			
280	285	290	
ggc gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc gaa ggc gca			1027
Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe Glu Gly Ala			
295	300	305	
tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa aac aag ctt			1075
Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu Asn Lys Leu			
310	315	320	325
cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac tcc atc aac			1123
Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His Ser Ile Asn			
330	335	340	
gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt cag ttc gcc			1171
Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val Gln Phe Ala			
345	350	355	
aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac tgt ggt ctg			1219
Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp Cys Gly Leu			
360	365	370	
ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg gag tcc cta			1267
Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu Glu Ser Leu			
375	380	385	
gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc taagctagac			1313
Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe			
390	395	400	
aacgagggtt gct			1326

<210> 762

<211> 401

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 762

Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
1 5 10 15

Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
20 25 30

Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
35 40 45

Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
50 55 60

Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
65 70 75 80

Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
85 90 95

Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
100 105 110

Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
115 120 125

Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
130 135 140

Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
145 150 155 160

Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
165 170 175

Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
180 185 190

Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
195 200 205

Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
210 215 220

Gln Leu Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro
225 230 235 240

Glu Pro Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp
245 250 255

Ala Ile Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu
260 265 270

His Ile Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro
275 280 285

Phe Gly Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe
290 295 300

Ser Phe Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp
305 310 315 320

Glu Glu Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val
325 330 335

Ser His Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg
340 345 350

Ile Val Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser
355 360 365

Thr Asp Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala
370 375 380

Lys Leu Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu
385 390 395 400

Phe

<210> 763
 <211> 548
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(525)
 <223> FRXA02648

<400> 763
 gac gca ccg gac ttg gca gaa gca tgg gat cag atc aac cca gag cca 48
 Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro

1 5 10 15

agc gtg aag gat tac ttg gac tgg atc ggt aca cgc atc gat gcc atc 96
 Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile

20 25 30

aac agt gca gtg aag ggc ctt cca aag gaa cag acc cgc ctg cac atc 144
 Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile

35 40 45

tgc tgg ggc tct tgg cac gga cca cac gtc act gac atc cca ttc ggt 192
 Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly

50 55 60

gac atc att ggt gag atc ctg cgc gca gag gtc ggt ggc ttc tcc ttc 240
 Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe

65 70 75 80

gaa ggc gca tct cct cgt cac gca cac gag tgg cgt gta tgg gaa gaa 288
 Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu

85 90 95

aac aag ctt cct gaa ggc tct gtt atc tac cct ggt gtt gtg tct cac 336
 Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His

100 105 110

tcc atc aac gct gtg gag cac cca cgc ctg gtt gct gat cgt atc gtt 384
Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val

115 120 125

cag ttc gcc aag ctt gtt ggc cct gag aac gtc att gcg tcc act gac 432
Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp

130 135 140

tgt ggt ctg ggc gga cgt ctg cat tcc cag atc gca tgg gca aag ctg 480
Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu

145 150 155 160

gag tcc cta gta gag ggc gct cgc att gca tca aag gaa ctg ttc 525
Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe

165 170 175

taagctagac aacgagggtt gct 548

<210> 764

<211> 175

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 764

Asp Ala Pro Asp Leu Ala Glu Ala Trp Asp Gln Ile Asn Pro Glu Pro
1 5 10 15

Ser Val Lys Asp Tyr Leu Asp Trp Ile Gly Thr Arg Ile Asp Ala Ile
20 25 30

Asn Ser Ala Val Lys Gly Leu Pro Lys Glu Gln Thr Arg Leu His Ile
35 40 45

Cys Trp Gly Ser Trp His Gly Pro His Val Thr Asp Ile Pro Phe Gly
50 55 60

Asp Ile Ile Gly Glu Ile Leu Arg Ala Glu Val Gly Gly Phe Ser Phe
65 70 75 80

Glu Gly Ala Ser Pro Arg His Ala His Glu Trp Arg Val Trp Glu Glu
85 90 95

Asn Lys Leu Pro Glu Gly Ser Val Ile Tyr Pro Gly Val Val Ser His
100 105 110

Ser Ile Asn Ala Val Glu His Pro Arg Leu Val Ala Asp Arg Ile Val
115 120 125

Gln Phe Ala Lys Leu Val Gly Pro Glu Asn Val Ile Ala Ser Thr Asp
130 135 140

Cys Gly Leu Gly Gly Arg Leu His Ser Gln Ile Ala Trp Ala Lys Leu
145 150 155 160

Glu Ser Leu Val Glu Gly Ala Arg Ile Ala Ser Lys Glu Leu Phe
165 170 175

<210> 765

<211> 784

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(784)

<223> FRXA02658

<400> 765

atgaataaaa ttccgggtgc agtgaccgta ggtgaggtaa acgcggttag agtcgaatga 60

gagtttgata ctttctttcg acttttagat tggattttca atg agc cag aac cgc 115
Met Ser Gln Asn Arg

1 5

atc agg acc act cac gtt ggt tcc ttg ccc cgt acc cca gag cta ctt 163
Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg Thr Pro Glu Leu Leu

10 15 20

gat gca aac atc aag cgt tct aac ggt gag att ggg gag gag gaa ttc 211
Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile Gly Glu Glu Phe

25 30 35

ttc cag att ctg cag tct tct gta gat gac gtg atc aag cgc cag gtt 259
Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val Ile Lys Arg Gln Val

40	45	50	
gac ctg ggt atc gac atc ctt aac gag ggc gaa tac ggc cac gtc acc			307
Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu Tyr Gly His Val Thr			
55	60	65	
tcc ggt gca gtt gac ttc ggt gca tgg tgg aac tac tcc ttc acc cgc			355
Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn Tyr Ser Phe Thr Arg			
70	75	80	85
ctg ggc gga ctg acc atg acc gat acc gac cgt tgg gca agc cag gaa			403
Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg Trp Ala Ser Gln Glu			
90	95	100	
gca gtg cgt tcc acc cct ggc aac atc gag ctg acc agc ttc tct gat			451
Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu Thr Ser Phe Ser Asp			
105	110	115	
cgt cgc gac cgc gca ttg ttc agc gaa gca tac gag gat cca gta tct			499
Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr Glu Asp Pro Val Ser			
120	125	130	
ggc atc ttc acc ggt cgc gct tct gtg ggc aac cca gag ttc acc gga			547
Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn Pro Glu Phe Thr Gly			
135	140	145	
cct att acc tac att ggc cag gaa gaa act cag acg gat gtt gat ctg			595
Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln Thr Asp Val Asp Leu			
150	155	160	165
ctg aag aag ggc atg aac gca gcg gga gct acc gac ggc ttc gtt gca			643
Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr Asp Gly Phe Val Ala			
170	175	180	
gca cta tcc cca gga tct gca gct cga ttg acc aac aag ttc tac gac			691
Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr Asn Lys Phe Tyr Asp			
185	190	195	
act gat gaa gaa gtc gtc gca gca tgt gct gat gcg ctt tcc cag gaa			739
Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp Ala Leu Ser Gln Glu			

200 205 210

tac aag atc atc acc gat gca ggt ctg acc gtt cag ctc gac gca 784
Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val Gln Leu Asp Ala

215 220 225

<210> 766
<211> 228
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 766
Met Ser Gln Asn Arg Ile Arg Thr Thr His Val Gly Ser Leu Pro Arg
1 5 10 15

Thr Pro Glu Leu Leu Asp Ala Asn Ile Lys Arg Ser Asn Gly Glu Ile
20 25 30

Gly Glu Glu Glu Phe Phe Gln Ile Leu Gln Ser Ser Val Asp Asp Val
35 40 45

Ile Lys Arg Gln Val Asp Leu Gly Ile Asp Ile Leu Asn Glu Gly Glu
50 55 60

Tyr Gly His Val Thr Ser Gly Ala Val Asp Phe Gly Ala Trp Trp Asn
65 70 75 80

Tyr Ser Phe Thr Arg Leu Gly Gly Leu Thr Met Thr Asp Thr Asp Arg
85 90 95

Trp Ala Ser Gln Glu Ala Val Arg Ser Thr Pro Gly Asn Ile Glu Leu
100 105 110

Thr Ser Phe Ser Asp Arg Arg Asp Arg Ala Leu Phe Ser Glu Ala Tyr
115 120 125

Glu Asp Pro Val Ser Gly Ile Phe Thr Gly Arg Ala Ser Val Gly Asn
130 135 140

Pro Glu Phe Thr Gly Pro Ile Thr Tyr Ile Gly Gln Glu Glu Thr Gln
145 150 155 160

Thr Asp Val Asp Leu Leu Lys Lys Gly Met Asn Ala Ala Gly Ala Thr
165 170 175

Asp Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Pro Gly Ser Ala Ala Arg Leu Thr
180 185 190

Asn Lys Phe Tyr Asp Thr Asp Glu Glu Val Val Ala Ala Cys Ala Asp
195 200 205

Ala Leu Ser Gln Glu Tyr Lys Ile Ile Thr Asp Ala Gly Leu Thr Val
210 215 220

Gln Leu Asp Ala
225

<210> 767
<211> 513
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(490)
<223> RXA01516

<400> 767
tctgcacata tgggagcatg ggggtgtgctg gtgcacgatg tcccagtatc aaggacgct 60

gttgatgttg ccgcattgtg gcgaagtgga ggaactcacc atg gct gat cgt att 115
Met Ala Asp Arg Ile

1 5

gaa ctt aaa ggc ctt gaa tgc ttc gga cac cac ggt gtg ttc gac ttt 163
Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His Gly Val Phe Asp Phe

10 15 20

gaa aaa gag caa ggc cag ccc ttc att gtg gat gtc acc tgc tgg atg 211
Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp Val Thr Cys Trp Met

25 30 35

gat ttc gat gcc gca ggt gcc agc gat gac ctt tcc gac acc gta gat 259

Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu Ser Asp Thr Val Asp
40 45 50

tac ggc gcg ttg gca ttg ttg gtt gct gaa atc gtg gaa ggc cca tcc 307
Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile Val Glu Gly Pro Ser

55 60 65

agg gat ttg atc gag acg gtg gcc acg gaa tct gcg gat gct gtg atg 355
Arg Asp Leu Ile Glu Thr Val Ala Thr Glu Ser Ala Asp Ala Val Met

70 75 80 85

gct aaa ttt gat gcg ctt cat gcg gtg gaa gta acc atc cat aag ccc 403
Ala Lys Phe Asp Ala Leu His Ala Val Glu Val Thr Ile His Lys Pro

90 95 100

aaa gca ccg atc cca cgt act ttt gct gac gtc gcg gtg gtt gcc cga 451
Lys Ala Pro Ile Pro Arg Thr Phe Ala Asp Val Ala Val Val Ala Arg

105 110 115

cgt tcc agg aaa tcc atg gct gct gga agg agc aac gcc taatgcatgc 500
Arg Ser Arg Lys Ser Met Ala Ala Gly Arg Ser Asn Ala

120 125 130

agttttgtcc atc 513

<210> 768
<211> 130
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 768
Met Ala Asp Arg Ile Glu Leu Lys Gly Leu Glu Cys Phe Gly His His
1 5 10 15

Gly Val Phe Asp Phe Glu Lys Glu Gln Gly Gln Pro Phe Ile Val Asp
20 25 30

Val Thr Cys Trp Met Asp Phe Asp Ala Ala Gly Ala Ser Asp Asp Leu
35 40 45

Ser Asp Thr Val Asp Tyr Gly Ala Leu Ala Leu Leu Val Ala Glu Ile

[illegible]

Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly Ala Asp Met Ile Asp
40 45 50

gtc ggc ggc gag tcc acc cgg cct ggg gca gtg cgc gtc gac gcg tcc 307
Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val Arg Val Asp Ala Ser

55 60 65

gtg gaa cgg gac cgg gtt gtg ccg gtc att aag gcg ctt cac gac gcc 355
Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys Ala Leu His Asp Ala

70 75 80 85

ggc atc cac act tcc gta gac acc atg cgg gcc tcc gtg gcg cag gct 403
Gly Ile His Thr Ser Val Asp Thr Met Arg Ala Ser Val Ala Gln Ala

90 95 100

gcc gcg ggc gct ggc gtc tcc atg atc aac gac gtc tct ggc ggt ttg 451
Ala Ala Gly Ala Gly Val Ser Met Ile Asn Asp Val Ser Gly Gly Leu

105 110 115

gct gat cct gag atg ttt tct gtc atg gcg gaa gcg caa att ccc gtg 499
Ala Asp Pro Glu Met Phe Ser Val Met Ala Glu Ala Gln Ile Pro Val

120 125 130

tgt ttg atg cac tgg cgc acc ctc caa ttc ggt gat gcc gca ggt cag 547
Cys Leu Met His Trp Arg Thr Leu Gln Phe Gly Asp Ala Ala Gly Gln

135 140 145

gca gat cac ggt gga gac gtt gta gcc gat gtg cac gca gtg ctt gat 595
Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val His Ala Val Leu Asp

150 155 160 165

gat ctt gtc gcc cgc gcc acc gct gct ggt gtg gcc gaa aac cag atc 643
Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val Ala Glu Asn Gln Ile

170 175 180

gtg ctt gat cca ggt ttg ggt ttt gcc aaa tca cgt gaa gac aac tgg 691
Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser Arg Glu Asp Asn Trp

185 190 195

cgt ttg ctg caa gca ctg ccc gag ttt att tct gga cct ttc ccc atc 739

Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser Gly Pro Phe Pro Ile

200 205 210

ctg gtg gga gca tcc cgg aag cga ttc ctg gct ggc gtg cgc aaa gac 787
Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala Gly Val Arg Lys Asp

215 220 225

cgt ggc cta gat gtc acc ccc att gat gcc gac cca gca acc gca gcg 835
Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp Pro Ala Thr Ala Ala

230 235 240 245

gtg acc gca gtg tct gca cat atg gga gca tgg ggt gtg cgc gtg cac 883
Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp Gly Val Arg Val His

250 255 260

gat gtc cca gta tca agg gac gct gtt gat gtt gcc gca ttg tgg cga 931
Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val Ala Ala Leu Trp Arg

265 270 275

agt gga gga act cac cat ggc tga tgcgtatt gaacttaaag gcc 975
Ser Gly Gly Thr His His Gly

280

<210> 770

<211> 284

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 770

Met Asn Val Ser Ser Leu Thr Ile Pro Gly Arg Cys Leu Val Met Gly
1 5 10 15

Ile Val Asn Val Thr Glu Asp Ser Phe Ser Asp Gly Gly Lys Tyr Ile
20 25 30

Asp Val Asp Gln Ala Ile Ala His Ala Lys Glu Leu Val Ala Ala Gly
35 40 45

Ala Asp Met Ile Asp Val Gly Gly Glu Ser Thr Arg Pro Gly Ala Val
50 55 60

Arg Val Asp Ala Ser Val Glu Arg Asp Arg Val Val Pro Val Ile Lys
65 70 75 80

Ala Leu His Asp Ala Gly Ile His Thr Ser Val Asp Thr Met Arg Ala
85 90 95

Ser Val Ala Gln Ala Ala Ala Gly Ala Gly Val Ser Met Ile Asn Asp
100 105 110

Val Ser Gly Gly Leu Ala Asp Pro Glu Met Phe Ser Val Met Ala Glu
115 120 125

Ala Gln Ile Pro Val Cys Leu Met His Trp Arg Thr Leu Gln Phe Gly
130 135 140

Asp Ala Ala Gly Gln Ala Asp His Gly Gly Asp Val Val Ala Asp Val
145 150 155 160

His Ala Val Leu Asp Asp Leu Val Ala Arg Ala Thr Ala Ala Gly Val
165 170 175

Ala Glu Asn Gln Ile Val Leu Asp Pro Gly Leu Gly Phe Ala Lys Ser
180 185 190

Arg Glu Asp Asn Trp Arg Leu Leu Gln Ala Leu Pro Glu Phe Ile Ser
195 200 205

Gly Pro Phe Pro Ile Leu Val Gly Ala Ser Arg Lys Arg Phe Leu Ala
210 215 220

Gly Val Arg Lys Asp Arg Gly Leu Asp Val Thr Pro Ile Asp Ala Asp
225 230 235 240

Pro Ala Thr Ala Ala Val Thr Ala Val Ser Ala His Met Gly Ala Trp
245 250 255

Gly Val Arg Val His Asp Val Pro Val Ser Arg Asp Ala Val Asp Val
260 265 270

Ala Ala Leu Trp Arg Ser Gly Gly Thr His His Gly

275

280

<210> 771
<211> 859
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(859)
<223> RXA02024

<400> 771
cactgatgac ctggatcagg ccgtcaaatt catcgatgat gcacacgctg gattggacgt 60

agcgcgtctc cacaattaag cagtggctac attaggtgtt atg agt tct ttg ccg 115
Met Ser Ser Leu Pro

1 5

gtc atc atg gcc atc gtc aat cgc acc ccg gat tct ttc tat gac aag 163
Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp Ser Phe Tyr Asp Lys

10 15 20

ggt gcg aca ttt gag gac acc gct gcg cta aac agg gca gcg gag gtc 211
Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn Arg Ala Ala Glu Val

25 30 35

att gaa caa ggc gcc ggc att gtc gat atc ggt ggg gtg aaa gcc ggc 259
Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly Gly Val Lys Ala Gly

40 45 50

ccg ggg gat ttc gtg tcg gcg gag gaa gag atc gac cgc gtg gtg cca 307
Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile Asp Arg Val Val Pro

55 60 65

atc atc gct gcg gtg cga gaa cgt ttt cct gac att gat att tct gtt 355
Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp Ile Asp Ile Ser Val

70 75 80 85

gat acc tgg cgg gcg tcg gtg gct gat gtc gca gtg gcg cat gga gca 403
Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala Val Ala His Gly Ala

90	95	100	
acg ctg atc aat gac act tgg gcc ggc cat gat cat gag ttg gtg cag			451
Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp His Glu Leu Val Gln			
105	110	115	
gta gca ggg cag cac aag gtg ggt tat gtc tgc tgc cac acc ggc ggg			499
Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys Ser His Thr Gly Gly			
120	125	130	
gtg att cca aga acg cga cca tat cgg gtg cat ttc gat gac atc gtg			547
Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His Phe Asp Asp Ile Val			
135	140	145	
gcc gat gta att acg gag acc acc aaa ttg gca gag caa gct gtt cgt			595
Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala Glu Gln Ala Val Arg			
150	155	160	165
gcc ggg gtg cca gag gaa cgg gtg ttt att gat ccc acc cat gat ttc			643
Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp Pro Thr His Asp Phe			
170	175	180	
ggg aaa aac acc ttc cac gga ctg gag ctt tta cga cgg atc gat gag			691
Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu Arg Arg Ile Asp Glu			
185	190	195	
gtg gtt gcc acg ggc tgg ccg gtg ctg atg gcc ttg agt aat aag gat			739
Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala Leu Ser Asn Lys Asp			
200	205	210	
ttc att ggg gaa act ttg gaa agg ggc gtc gat aag cgt gtt gct ggc			787
Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp Lys Arg Val Ala Gly			
215	220	225	
acg ctt gct gcc act gcc tgg gcg gcg gcg cgc ggc gtt gcg gct ttt			835
Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg Gly Val Ala Ala Phe			
230	235	240	245
cgc gtg cat gaa gtt gcg gaa acc			859
Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr			

250

<210> 772

<211> 253

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 772

Met Ser Ser Leu Pro Val Ile Met Ala Ile Val Asn Arg Thr Pro Asp
1 5 10 15

Ser Phe Tyr Asp Lys Gly Ala Thr Phe Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asn
20 25 30

Arg Ala Ala Glu Val Ile Glu Gln Gly Ala Gly Ile Val Asp Ile Gly
35 40 45

Gly Val Lys Ala Gly Pro Gly Asp Phe Val Ser Ala Glu Glu Glu Ile
50 55 60

Asp Arg Val Val Pro Ile Ile Ala Ala Val Arg Glu Arg Phe Pro Asp
65 70 75 80

Ile Asp Ile Ser Val Asp Thr Trp Arg Ala Ser Val Ala Asp Val Ala
85 90 95

Val Ala His Gly Ala Thr Leu Ile Asn Asp Thr Trp Ala Gly His Asp
100 105 110

His Glu Leu Val Gln Val Ala Gly Gln His Lys Val Gly Tyr Val Cys
115 120 125

Ser His Thr Gly Gly Val Ile Pro Arg Thr Arg Pro Tyr Arg Val His
130 135 140

Phe Asp Asp Ile Val Ala Asp Val Ile Thr Glu Thr Thr Lys Leu Ala
145 150 155 160

Glu Gln Ala Val Arg Ala Gly Val Pro Glu Glu Arg Val Phe Ile Asp
165 170 175

Pro Thr His Asp Phe Gly Lys Asn Thr Phe His Gly Leu Glu Leu Leu

180 185 190

Arg Arg Ile Asp Glu Val Val Ala Thr Gly Trp Pro Val Leu Met Ala
195 200 205

Leu Ser Asn Lys Asp Phe Ile Gly Glu Thr Leu Glu Arg Gly Val Asp
210 215 220

Lys Arg Val Ala Gly Thr Leu Ala Ala Thr Ala Trp Ala Ala Ala Arg
225 230 235 240

Gly Val Ala Ala Phe Arg Val His Glu Val Ala Glu Thr
245 250

<210> 773
<211> 684
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(661)
<223> RXA01719

<400> 773
ccatatggtc ggtgcactgg ctggaagtgg cgtattgca ctggtgactt cgtcgattgc 60

cgaggacggt ctggttgatg ttgtgctggg gagaatgtaa atg aat atc atc att 115
Met Asn Ile Ile Ile
1 5

ctt gct ggt ggc gag ggt aaa cgc atg ggt ggg gtg gat aag gct gct 163
Leu Ala Gly Gly Glu Gly Lys Arg Met Gly Gly Val Asp Lys Ala Ala
10 15 20

gtg gcg gtg gat ggt cgc acg ctg ctg gat atc ctg ctt tca cag ctg 211
Val Ala Val Asp Gly Arg Thr Leu Leu Asp Ile Leu Leu Ser Gln Leu
25 30 35

gat cca gaa gat gac gtc gtg gtg gtt tcc ccc gcg atc atc gac gga 259
Asp Pro Glu Asp Asp Val Val Val Val Ser Pro Ala Ile Ile Asp Gly

40	45	50	
atc acg act gtc tgc gag gaa cct ccg ctt ggc ggg ccg gtc gcg gga			307
Ile Thr Thr Val Cys Glu Glu Pro Pro Leu Gly Gly Pro Val Ala Gly			
55	60	65	
atc gag gca ggg ctg aat tct ttt gag cac gcc cat gaa ttc act gcg			355
Ile Glu Ala Gly Leu Asn Ser Phe Glu His Ala His Glu Phe Thr Ala			
70	75	80	85
att ctt gcc gtg gac gcg cct tat tct gca gcg atg ctg ccc cta ctt			403
Ile Leu Ala Val Asp Ala Pro Tyr Ser Ala Ala Met Leu Pro Leu Leu			
90	95	100	
cag gca cag att ggc aaa gcc gat gtg gcc gta acc ctt gct gcc gat			451
Gln Ala Gln Ile Gly Lys Ala Asp Val Ala Val Thr Leu Ala Ala Asp			
105	110	115	
ggc tgg gta caa ccg ttg tgc gcg ctg tgg aga agt ggc agc cta gaa			499
Gly Trp Val Gln Pro Leu Cys Ala Leu Trp Arg Ser Gly Ser Leu Glu			
120	125	130	
gcg gtg att cac agc ctg ggc gag act aga aat cga ccg gca aaa gcg			547
Ala Val Ile His Ser Leu Gly Glu Thr Arg Asn Arg Pro Ala Lys Ala			
135	140	145	
tta ctg aag caa gcg gga cac att gtg gaa gtg ggt ggc gat ggc act			595
Leu Leu Lys Gln Ala Gly His Ile Val Glu Val Gly Gly Asp Gly Thr			
150	155	160	165
gaa aaa gac tac gat acg gtg gct gaa ctg gag gta ttg ggc aac gta			643
Glu Lys Asp Tyr Asp Thr Val Ala Glu Leu Glu Val Leu Gly Asn Val			
170	175	180	
acg ctc cct aaa gcc cac tgatgagaaa cgtgagctct gct			684
Thr Leu Pro Lys Ala His			

185

<210> 774
 <211> 187
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 774

Met Asn Ile Ile Ile Leu Ala Gly Gly Glu Gly Lys Arg Met Gly Gly
1 5 10 15

Val Asp Lys Ala Ala Val Ala Val Asp Gly Arg Thr Leu Leu Asp Ile
20 25 30

Leu Leu Ser Gln Leu Asp Pro Glu Asp Asp Val Val Val Val Ser Pro
35 40 45

Ala Ile Ile Asp Gly Ile Thr Thr Val Cys Glu Glu Pro Pro Leu Gly
50 55 60

Gly Pro Val Ala Gly Ile Glu Ala Gly Leu Asn Ser Phe Glu His Ala
65 70 75 80

His Glu Phe Thr Ala Ile Leu Ala Val Asp Ala Pro Tyr Ser Ala Ala
85 90 95

Met Leu Pro Leu Leu Gln Ala Gln Ile Gly Lys Ala Asp Val Ala Val
100 105 110

Thr Leu Ala Ala Asp Gly Trp Val Gln Pro Leu Cys Ala Leu Trp Arg
115 120 125

Ser Gly Ser Leu Glu Ala Val Ile His Ser Leu Gly Glu Thr Arg Asn
130 135 140

Arg Pro Ala Lys Ala Leu Leu Lys Gln Ala Gly His Ile Val Glu Val
145 150 155 160

Gly Gly Asp Gly Thr Glu Lys Asp Tyr Asp Thr Val Ala Glu Leu Glu
165 170 175

Val Leu Gly Asn Val Thr Leu Pro Lys Ala His
180 185

<210> 775

<211> 1332

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1309)

<223> RXA01720

<400> 775

acaccggttt gagaatctca acctcttaaa acagcgcgaa ctattgattt ggcaactacc 60

ctatatattt gagtgtttat tgtcgaaaaa ggggtttcaa gtg gca cag caa cgc 115
Val Ala Gln Gln Arg

1 5

agc gtc gat gac tat ctt tcc att ttg ata gac agc gtc gca ccg ctt 163
Ser Val Asp Asp Tyr Leu Ser Ile Leu Ile Asp Ser Val Ala Pro Leu

10 15 20

ccg cca gta aaa acc cct atc ctc ggc gcg cat ccg tta agt cac ctt 211
Pro Pro Val Lys Thr Pro Ile Leu Gly Ala His Pro Leu Ser His Leu

25 30 35

gca gag gat gtt gtc gcg aca att cct atc ccg aaa ttt act aat tct 259
Ala Glu Asp Val Val Ala Thr Ile Pro Ile Pro Lys Phe Thr Asn Ser

40 45 50

gct gtt gat ggt tac gcc att ttg aaa gaa gac atc cat ggc agc ggg 307
Ala Val Asp Gly Tyr Ala Ile Leu Lys Glu Asp Ile His Gly Ser Gly

55 60 65

ccg tgg aca ttt ctt gtg ggc ggt gat act ccg gcg ggt tct gcg ccg 355
Pro Trp Thr Phe Leu Val Gly Gly Asp Thr Pro Ala Gly Ser Ala Pro

70 75 80 85

gcg agc att aat aat gga aaa gcc atc cgt gtg atg aca ggt gga ccc 403
Ala Ser Ile Asn Asn Gly Lys Ala Ile Arg Val Met Thr Gly Gly Pro

90 95 100

gtc cca tcc acc aac aag gac atg atc gtg gtt cca gtg gag ctc acc 451
Val Pro Ser Thr Asn Lys Asp Met Ile Val Val Pro Val Glu Leu Thr

105 110 115

aat gct ccg gtg gat cac tcg ctt cct aca gaa atc acg atc aat gag 499
Asn Ala Pro Val Asp His Ser Leu Pro Thr Glu Ile Thr Ile Asn Glu

120 125 130

cta cca ggt gag agg aat aat att cgc cat gct ggt gag cat ctt aaa 547
Leu Pro Gly Glu Arg Asn Asn Ile Arg His Ala Gly Glu His Leu Lys

135 140 145

gaa ggc gaa att gcg gtt gct gcg ggg acg gca ttt gat gcg ggt act 595
Glu Gly Glu Ile Ala Val Ala Ala Gly Thr Ala Phe Asp Ala Gly Thr

150 155 160 165

gtg tcg acg gtg att tca gtt ggc cat gac act gta aaa gcc cat cct 643
Val Ser Thr Val Ile Ser Val Gly His Asp Thr Val Lys Ala His Pro

170 175 180

tgc cct cgg gtt gcg gtg atc act acc ggt gat gag cta aac cag gga 691
Cys Pro Arg Val Ala Val Ile Thr Thr Gly Asp Glu Leu Asn Gln Gly

185 190 195

aat ccc tgg ggt atc cct aat tcc aat ggg ccg atg ctg gtt gcg gag 739
Asn Pro Trp Gly Ile Pro Asn Ser Asn Gly Pro Met Leu Val Ala Glu

200 205 210

cta aaa cgc gtg ggg att aag gat ccg cag cat ttc cat tcc gat gat 787
Leu Lys Arg Val Gly Ile Lys Asp Pro Gln His Phe His Ser Asp Asp

215 220 225

tct gag act gca ttg agg gag acg ctc gat aag cct gca gag gtt gcg 835
Ser Glu Thr Ala Leu Arg Glu Thr Leu Asp Lys Pro Ala Glu Val Ala

230 235 240 245

gat gtg atc atc act gtg ggt ggg atc tcg gcg ggc gcg ttc gat gtg 883
Asp Val Ile Ile Thr Val Gly Gly Ile Ser Ala Gly Ala Phe Asp Val

250 255 260

gtc aaa gcc gtg gga act aag act ggt ggt ttt gaa ttc ttc ccc att 931
Val Lys Ala Val Gly Thr Lys Thr Gly Gly Phe Glu Phe Phe Pro Ile

265 270 275

gcg atg aag ccg ggt aaa ccg caa ggt cat ggg cag tgg ggc gac gca 979
Ala Met Lys Pro Gly Lys Pro Gln Gly His Gly Gln Trp Gly Asp Ala

280 285 290

aaa gtg gtg tgt ctg ccg gga aac ccg gtg gcg gcg tgg gtt agt ttt 1027
Lys Val Val Cys Leu Pro Gly Asn Pro Val Ala Ala Trp Val Ser Phe

295 300 305

agg ctc ttt gtt gtt ccg gta att gag aga tta ggg ggt gga aag agg 1075
Arg Leu Phe Val Val Pro Val Ile Glu Arg Leu Gly Gly Gly Lys Arg

310 315 320 325

ctg gcg tcg ata agc gaa ctc cct gtg gtg gcg ctg cgc tcg aac cgg 1123
Leu Ala Ser Ile Ser Glu Leu Pro Val Val Ala Leu Arg Ser Asn Arg

330 335 340

gcg ctg aag gcg cgg gag ggc ccc gta ttg gcg ata ccg gtg gcg att 1171
Ala Leu Lys Ala Arg Glu Gly Pro Val Leu Ala Ile Pro Val Ala Ile

345 350 355

gat tgg gag aaa aga atg gca aat tct cag gca cat cga tcc cat atg 1219
Asp Trp Glu Lys Arg Met Ala Asn Ser Gln Ala His Arg Ser His Met

360 365 370

gtc ggt gca ctg gct gga agt ggc ggt att gca ctg gtg act tcg tcg 1267
Val Gly Ala Leu Ala Gly Ser Gly Gly Ile Ala Leu Val Thr Ser Ser

375 380 385

att gcc gag gac ggt ctg gtt gat gtt gtg ctg ggg aga atg 1309
Ile Ala Glu Asp Gly Leu Val Asp Val Val Leu Gly Arg Met

390 395 400

taaatgaata tcattcattct tgc 1332

<210> 776

<211> 403

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 776

Val Ala Gln Gln Arg Ser Val Asp Asp Tyr Leu Ser Ile Leu Ile Asp
1 5 10 15

Ser Val Ala Pro Leu Pro Pro Val Lys Thr Pro Ile Leu Gly Ala His
20 25 30

Pro Leu Ser His Leu Ala Glu Asp Val Val Ala Thr Ile Pro Ile Pro
35 40 45

Lys Phe Thr Asn Ser Ala Val Asp Gly Tyr Ala Ile Leu Lys Glu Asp
50 55 60

Ile His Gly Ser Gly Pro Trp Thr Phe Leu Val Gly Gly Asp Thr Pro
65 70 75 80

Ala Gly Ser Ala Pro Ala Ser Ile Asn Asn Gly Lys Ala Ile Arg Val
85 90 95

Met Thr Gly Gly Pro Val Pro Ser Thr Asn Lys Asp Met Ile Val Val
100 105 110

Pro Val Glu Leu Thr Asn Ala Pro Val Asp His Ser Leu Pro Thr Glu
115 120 125

Ile Thr Ile Asn Glu Leu Pro Gly Glu Arg Asn Asn Ile Arg His Ala
130 135 140

Gly Glu His Leu Lys Glu Gly Glu Ile Ala Val Ala Ala Gly Thr Ala
145 150 155 160

Phe Asp Ala Gly Thr Val Ser Thr Val Ile Ser Val Gly His Asp Thr
165 170 175

Val Lys Ala His Pro Cys Pro Arg Val Ala Val Ile Thr Thr Gly Asp
180 185 190

Glu Leu Asn Gln Gly Asn Pro Trp Gly Ile Pro Asn Ser Asn Gly Pro
195 200 205

Met Leu Val Ala Glu Leu Lys Arg Val Gly Ile Lys Asp Pro Gln His
210 215 220

Phe His Ser Asp Asp Ser Glu Thr Ala Leu Arg Glu Thr Leu Asp Lys
225 230 235 240

Pro Ala Glu Val Ala Asp Val Ile Ile Thr Val Gly Gly Ile Ser Ala
245 250 255

Gly Ala Phe Asp Val Val Lys Ala Val Gly Thr Lys Thr Gly Gly Phe
260 265 270

Glu Phe Phe Pro Ile Ala Met Lys Pro Gly Lys Pro Gln Gly His Gly
275 280 285

Gln Trp Gly Asp Ala Lys Val Val Cys Leu Pro Gly Asn Pro Val Ala
290 295 300

Ala Trp Val Ser Phe Arg Leu Phe Val Val Pro Val Ile Glu Arg Leu
305 310 315 320

Gly Gly Gly Lys Arg Leu Ala Ser Ile Ser Glu Leu Pro Val Val Ala
325 330 335

Leu Arg Ser Asn Arg Ala Leu Lys Ala Arg Glu Gly Pro Val Leu Ala
340 345 350

Ile Pro Val Ala Ile Asp Trp Glu Lys Arg Met Ala Asn Ser Gln Ala
355 360 365

His Arg Ser His Met Val Gly Ala Leu Ala Gly Ser Gly Gly Ile Ala
370 375 380

Leu Val Thr Ser Ser Ile Ala Glu Asp Gly Leu Val Asp Val Val Leu
385 390 395 400

Gly Arg Met

<210> 777

<211> 1237

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(1207)

<223> RXS03223

<400> 777

t cca gag cca gtg cgt att gct att gca gag gca ctg ggt ttg atg tgc 49
Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys

1 5 10 15

gcg gaa gag gtt caa gct agt cgt gct ttg ccg ggt ttc gcg caa gca 97
Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala

20 25 30

gcg att gat ggt tat gcg gtt cga gca gtc gat gtc ggc ggc gag aag 145
Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys

35 40 45

tcg ttt agc cag caa ctg ccg gtt gct cct ccg gaa aaa tcc ctg ccc 193
Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro

50 55 60

gtg gtg ggt gaa gta gct gcg ggt tct cag cag ccg ttg cgc ctg cag 241
Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln

65 70 75 80

cct aaa caa gca gtc atg gtc cac acc ggt gcg cca ctg ccg atg ctt 289
Pro Lys Gln Ala Val Met Val His Thr Gly Ala Pro Leu Pro Met Leu

85 90 95

gcg gat gcg gtg ctg ccc atg gcg tgg tca gat cgt ggc cgc aaa cga 337
Ala Asp Ala Val Leu Pro Met Ala Trp Ser Asp Arg Gly Arg Lys Arg

100 105 110

gta acc gcg cag cga cct gtg cgc tct ggc gag ttt gtg cgc aaa gaa 385
Val Thr Ala Gln Arg Pro Val Arg Ser Gly Glu Phe Val Arg Lys Glu

115 120 125

ggc gat gac atc caa ccg gga gac atc gca gtc agc gcc ggc gcg gtc 433

Gly Asp Asp Ile Gln Pro Gly Asp Ile Ala Val Ser Ala Gly Ala Val
130 135 140

tta ggc cct gcc caa att ggt ttg ctc gca gct gtt ggt cgc tcc aaa 481
Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys

145 150 155 160

gtg ttg gtg tac cca cgc cca cgc atg tcg gtt atc tcc gta ggc gct 529
Val Leu Val Tyr Pro Arg Pro Arg Met Ser Val Ile Ser Val Gly Ala

165 170 175

gaa ctt gtt gat att gat cgc cag cca ggc ctc ggc cag gtt tat gat 577
Glu Leu Val Asp Ile Asp Arg Gln Pro Gly Leu Gly Gln Val Tyr Asp

180 185 190

gtc aat tcc tat tct ctg gct gcc gcc ggt agg gaa gcg ggc gca gat 625
Val Asn Ser Tyr Ser Leu Ala Ala Ala Gly Arg Glu Ala Gly Ala Asp

195 200 205

gtg tac cgc tac ggc att gct gcc ggt gaa cct cgt cgc atc aaa gag 673
Val Tyr Arg Tyr Gly Ile Ala Ala Gly Glu Pro Arg Arg Ile Lys Glu

210 215 220

atc att gaa tcc cag atg ctg cgc tcg gaa atc atc gtc atc acc gga 721
Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly

225 230 235 240

gct gtt ggc ggt gct ggt tca gct ggc gtg cgc cag gtt ctc aac gag 769
Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ala Gly Val Arg Gln Val Leu Asn Glu

245 250 255

cta ggc gat atc gac acc gaa cgc gtc gca atg cac ccc ggt tct gtc 817
Leu Gly Asp Ile Asp Thr Glu Arg Val Ala Met His Pro Gly Ser Val

260 265 270

caa gga ttc ggt ctg ctc ggc gag aac aag att cca tgc ttc ctt ctg 865
Gln Gly Phe Gly Leu Leu Gly Glu Asn Lys Ile Pro Cys Phe Leu Leu

275 280 285

cct tcc aat ccg gtg gcg tcg tta gtt att ttt gaa acc ttc gtc cgc 913

Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Leu Val Ile Phe Glu Thr Phe Val Arg

290

295

300

ccg gtc gtg cgc atg agc ctg ggc aag agc aat gcg gcg cgc cgg gtt 961
Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val

305

310

315

320

gtt cga gct cga gcg ctc aac cac gtt gtg tct gtg gcg ggt cga aaa 1009
Val Arg Ala Arg Ala Leu Asn His Val Val Ser Val Ala Gly Arg Lys

325

330

335

ggt ttc atc agg tcc agg ctc atg cgc gat gca gaa acc cag gac tac 1057
Gly Phe Ile Arg Ser Arg Leu Met Arg Asp Ala Glu Thr Gln Asp Tyr

340

345

350

ctc gtg gag gct ttg ggt ggt gca acg ggc gca cca tcg cac cta ttg 1105
Leu Val Glu Ala Leu Gly Gly Ala Thr Gly Ala Pro Ser His Leu Leu

355

360

365

gca gga ttg tcc gaa gca aac ggt atg atc cgc att cca gaa gat gtc 1153
Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val

370

375

380

aca gaa atc cga ccg gga gat gtc gtg gac gtg atc ttc ctt gcc caa 1201
Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln

385

390

395

400

ggt cga tagttcgatg cgtaatgcac cgtcaggtcc 1237
Gly Arg

<210> 778

<211> 402

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 778

Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys
1 5 10 15

Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala

20

25

30

Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys
35 40 45

Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro
50 55 60

Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln
65 70 75 80

Pro Lys Gln Ala Val Met Val His Thr Gly Ala Pro Leu Pro Met Leu
85 90 95

Ala Asp Ala Val Leu Pro Met Ala Trp Ser Asp Arg Gly Arg Lys Arg
100 105 110

Val Thr Ala Gln Arg Pro Val Arg Ser Gly Glu Phe Val Arg Lys Glu
115 120 125

Gly Asp Asp Ile Gln Pro Gly Asp Ile Ala Val Ser Ala Gly Ala Val
130 135 140

Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys
145 150 155 160

Val Leu Val Tyr Pro Arg Pro Arg Met Ser Val Ile Ser Val Gly Ala
165 170 175

Glu Leu Val Asp Ile Asp Arg Gln Pro Gly Leu Gly Gln Val Tyr Asp
180 185 190

Val Asn Ser Tyr Ser Leu Ala Ala Ala Gly Arg Glu Ala Gly Ala Asp
195 200 205

Val Tyr Arg Tyr Gly Ile Ala Ala Gly Glu Pro Arg Arg Ile Lys Glu
210 215 220

Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly
225 230 235 240

Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ala Gly Val Arg Gln Val Leu Asn Glu

245

250

255

Leu Gly Asp Ile Asp Thr Glu Arg Val Ala Met His Pro Gly Ser Val
260 265 270

Gln Gly Phe Gly Leu Leu Gly Glu Asn Lys Ile Pro Cys Phe Leu Leu
275 280 285

Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Leu Val Ile Phe Glu Thr Phe Val Arg
290 295 300

Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val
305 310 315 320

Val Arg Ala Arg Ala Leu Asn His Val Val Ser Val Ala Gly Arg Lys
325 330 335

Gly Phe Ile Arg Ser Arg Leu Met Arg Asp Ala Glu Thr Gln Asp Tyr
340 345 350

Leu Val Glu Ala Leu Gly Gly Ala Thr Gly Ala Pro Ser His Leu Leu
355 360 365

Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val
370 375 380

Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln
385 390 395 400

Gly Arg

<210> 779

<211> 1229

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1206)

<223> FRXA01970

<400> 779

cca gag cca gtg cgt att gct att gca gag gca ctg ggt ttg atg tgc 48
Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys

1 5 10 15

gcg gaa gag gtt caa gct agt cgt gct ttg ccg ggt ttc gcg caa gca 96
Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala

20 25 30

gcg att gat ggt tat gcg gtt cga gca gtc gat gtc ggc ggc gag aag 144
Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys

35 40 45

tcg ttt agc cag caa ctg ccg gtt gct cct ccg gaa aaa tcc ctg ccc 192
Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro

50 55 60

gtg gtg ggt gaa gta gct gcg ggt tct cag cag ccg ttg cgc ctg cag 240
Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln

65 70 75 80

cct aaa caa gca gtc atg gtc cac acc ggt gcg cca ctg ccg atg ctt 288
Pro Lys Gln Ala Val Met Val His Thr Gly Ala Pro Leu Pro Met Leu

85 90 95

gcg gat gcg gtg ctg ccc atg gcg tgg tca gat cgt ggc cgc aaa cga 336
Ala Asp Ala Val Leu Pro Met Ala Trp Ser Asp Arg Gly Arg Lys Arg

100 105 110

gta acc gcg cag cga cct gtg cgc tct ggc gag ttt gtg cgc aaa gaa 384
Val Thr Ala Gln Arg Pro Val Arg Ser Gly Glu Phe Val Arg Lys Glu

115 120 125

ggc gat gac atc caa ccg gga gac atc gca gtc agc gcc ggc gcg gtc 432
Gly Asp Asp Ile Gln Pro Gly Asp Ile Ala Val Ser Ala Gly Ala Val

130 135 140

tta ggc cct gcc caa att ggt ttg ctc gca gct gtt ggt cgc tcc aaa 480
Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys

145 150 155 160

gtg ttg gtg tac cca cgc cca cgc atg tcg gtt atc tcc gta ggc gct	528
Val Leu Val Tyr Pro Arg Pro Arg Met Ser Val Ile Ser Val Gly Ala	
165	170
175	
gaa ctt gtt gat att gat cgc cag cca ggc ctc ggc cag gtt tat gat	576
Glu Leu Val Asp Ile Asp Arg Gln Pro Gly Leu Gly Gln Val Tyr Asp	
180	185
190	
gtc aat tcc tat tct ctg gct gcc gcc ggt agg gaa gcg ggc gca gat	624
Val Asn Ser Tyr Ser Leu Ala Ala Ala Gly Arg Glu Ala Gly Ala Asp	
195	200
205	
gtg tac cgc tac ggc att gct gcc ggt gaa cct cgt cgc atc aaa gag	672
Val Tyr Arg Tyr Gly Ile Ala Ala Gly Glu Pro Arg Arg Ile Lys Glu	
210	215
220	
atc att gaa tcc cag atg ctg cgc tcg gaa atc atc gtc atc acc gga	720
Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly	
225	230
235	240
gct gtt ggc ggt gct ggt tca gct ggc gtg cgc cag gtt ctc aac gag	768
Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ala Gly Val Arg Gln Val Leu Asn Glu	
245	250
255	
cta ggc gat atc gac acc gaa cgc gtc gca atg cac ccc ggt tct gtc	816
Leu Gly Asp Ile Asp Thr Glu Arg Val Ala Met His Pro Gly Ser Val	
260	265
270	
caa gga ttc ggt ctg ctc ggc gag aac aag att cca tgc ttc ctt ctg	864
Gln Gly Phe Gly Leu Leu Gly Glu Asn Lys Ile Pro Cys Phe Leu Leu	
275	280
285	
cct tcc aat ccg gtg gcg tcg tta gtt att ttt gaa acc ttc gtc cgc	912
Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Leu Val Ile Phe Glu Thr Phe Val Arg	
290	295
300	
ccg gtc gtg cgc atg agc ctg ggc aag agc aat gcg gcg cgc cgg gtt	960
Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val	
305	310
315	320
gtt cga gct cga gcg ctc aac cac gtt gtg tct gtg gcg ggt cga aaa	1008

Val Arg Ala Arg Ala Leu Asn His Val Val Ser Val Ala Gly Arg Lys

325

330

335

ggt ttc atc agg tcc agg ctc atg cgc gat gca gaa acc cag gac tac 1056
Gly Phe Ile Arg Ser Arg Leu Met Arg Asp Ala Glu Thr Gln Asp Tyr

340

345

350

ctc gtg gag gct ttg ggt ggt gca acg ggc gca cca tcg cac cta ttg 1104
Leu Val Glu Ala Leu Gly Gly Ala Thr Gly Ala Pro Ser His Leu Leu

355

360

365

gca gga ttg tcc gaa gca aac ggt atg atc cgc att cca gaa gat gtc 1152
Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val

370

375

380

aca gaa atc cga ccg gga gat gtc gtg gac gtg atc ttc ctt gcc caa 1200
Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln

385

390

395

400

ggt cga tagttcgatg cgtaatgcac cgt 1229
Gly Arg

<210> 780

<211> 402

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 780

Pro Glu Pro Val Arg Ile Ala Ile Ala Glu Ala Leu Gly Leu Met Cys
1 5 10 15

Ala Glu Glu Val Gln Ala Ser Arg Ala Leu Pro Gly Phe Ala Gln Ala
20 25 30

Ala Ile Asp Gly Tyr Ala Val Arg Ala Val Asp Val Gly Gly Glu Lys
35 40 45

Ser Phe Ser Gln Gln Leu Pro Val Ala Pro Pro Glu Lys Ser Leu Pro
50 55 60

Val Val Gly Glu Val Ala Ala Gly Ser Gln Gln Pro Leu Arg Leu Gln
65 70 75 80

Pro Lys Gln Ala Val Met Val His Thr Gly Ala Pro Leu Pro Met Leu
85 90 95

Ala Asp Ala Val Leu Pro Met Ala Trp Ser Asp Arg Gly Arg Lys Arg
100 105 110

Val Thr Ala Gln Arg Pro Val Arg Ser Gly Glu Phe Val Arg Lys Glu
115 120 125

Gly Asp Asp Ile Gln Pro Gly Asp Ile Ala Val Ser Ala Gly Ala Val
130 135 140

Leu Gly Pro Ala Gln Ile Gly Leu Leu Ala Ala Val Gly Arg Ser Lys
145 150 155 160

Val Leu Val Tyr Pro Arg Pro Arg Met Ser Val Ile Ser Val Gly Ala
165 170 175

Glu Leu Val Asp Ile Asp Arg Gln Pro Gly Leu Gly Gln Val Tyr Asp
180 185 190

Val Asn Ser Tyr Ser Leu Ala Ala Ala Gly Arg Glu Ala Gly Ala Asp
195 200 205

Val Tyr Arg Tyr Gly Ile Ala Ala Gly Glu Pro Arg Arg Ile Lys Glu
210 215 220

Ile Ile Glu Ser Gln Met Leu Arg Ser Glu Ile Ile Val Ile Thr Gly
225 230 235 240

Ala Val Gly Gly Ala Gly Ser Ala Gly Val Arg Gln Val Leu Asn Glu
245 250 255

Leu Gly Asp Ile Asp Thr Glu Arg Val Ala Met His Pro Gly Ser Val
260 265 270

Gln Gly Phe Gly Leu Leu Gly Glu Asn Lys Ile Pro Cys Phe Leu Leu

275 280 285

Pro Ser Asn Pro Val Ala Ser Leu Val Ile Phe Glu Thr Phe Val Arg
290 295 300

Pro Val Val Arg Met Ser Leu Gly Lys Ser Asn Ala Ala Arg Arg Val
305 310 315 320

Val Arg Ala Arg Ala Leu Asn His Val Val Ser Val Ala Gly Arg Lys
325 330 335

Gly Phe Ile Arg Ser Arg Leu Met Arg Asp Ala Glu Thr Gln Asp Tyr
340 345 350

Leu Val Glu Ala Leu Gly Gly Ala Thr Gly Ala Pro Ser His Leu Leu
355 360 365

Ala Gly Leu Ser Glu Ala Asn Gly Met Ile Arg Ile Pro Glu Asp Val
370 375 380

Thr Glu Ile Arg Pro Gly Asp Val Val Asp Val Ile Phe Leu Ala Gln
385 390 395 400

Gly Arg

<210> 781
<211> 708
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(685)
<223> RXA02629

<400> 781
tacctgcag agccgggagg tagaggttac tctgacgagt gagtaggttt aaaagagtta 60

atctgcattc aatcaagtag ccaagtatga gtgaggaaca atg agc aag gat cca 115
Met Ser Lys Asp Pro

	1	5	
ttg gga agt ctt acc gat gtt gta gac aca cga gtt ccg ctt ccg gat			163
Leu Gly Ser Leu Thr Asp Val Val Asp Thr Arg Val Pro Leu Pro Asp			
	10	15	20
gtt gaa ccg gat ccg gag ttc ctg aag gct acg gaa aaa gaa ttc cac			211
Val Glu Pro Asp Pro Glu Phe Leu Lys Ala Thr Glu Lys Glu Phe His			
	25	30	35
atg gca tcc cag aag cgc gct ctt gtt gtc ctg gtg ggc gat cat gtc			259
Met Ala Ser Gln Lys Arg Ala Leu Val Val Leu Val Gly Asp His Val			
	40	45	50
gct gag gca gat ggg act ggc cgt ttg gtt acg gag ctg ctc tta gag			307
Ala Glu Ala Asp Gly Thr Gly Arg Leu Val Thr Glu Leu Leu Leu Glu			
	55	60	65
tct ggc ttc aac gtg gac gct gtg gtc agc gtg aag tct aag aag tct			355
Ser Gly Phe Asn Val Asp Ala Val Val Ser Val Lys Ser Lys Lys Ser			
	70	75	80
			85
cag att agg caa gct att gaa acc gca gtt gtt ggc ggc gct gac ctt			403
Gln Ile Arg Gln Ala Ile Glu Thr Ala Val Val Gly Gly Ala Asp Leu			
	90	95	100
gtg ctg acc atc ggc gga gtg ggc gtt ggt cct cgg gat aaa act cct			451
Val Leu Thr Ile Gly Gly Val Gly Val Gly Pro Arg Asp Lys Thr Pro			
	105	110	115
gag gca acc agc gct gtg ttg gac cag gac gtc cca gga atc gcg cag			499
Glu Ala Thr Ser Ala Val Leu Asp Gln Asp Val Pro Gly Ile Ala Gln			
	120	125	130
gcg ctt cgt tcc tcc ggt ttg gcc tgt ggc gcg gtg gat gca agt gtt			547
Ala Leu Arg Ser Ser Gly Leu Ala Cys Gly Ala Val Asp Ala Ser Val			
	135	140	145
tcc cga ggc gta gcg ggc gta tcc ggc tca acc gtg gtg gtc aac ctc			595
Ser Arg Gly Val Ala Gly Val Ser Gly Ser Thr Val Val Val Asn Leu			

150 155 160 165
gct gag tct cgt tcg gca att cgt gat ggc atg gca act ctg aca ccg 643
Ala Glu Ser Arg Ser Ala Ile Arg Asp Gly Met Ala Thr Leu Thr Pro

170 175 180
ttg gtt gat ttt gtt gta gat cag ctt cgc act tcc gtg gtt 685
Leu Val Asp Phe Val Val Asp Gln Leu Arg Thr Ser Val Val

185 190 195
tgagttggtc ggggtgtgagt aga 708

<210> 782
<211> 195
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 782
Met Ser Lys Asp Pro Leu Gly Ser Leu Thr Asp Val Val Asp Thr Arg
1 5 10 15

Val Pro Leu Pro Asp Val Glu Pro Asp Pro Glu Phe Leu Lys Ala Thr
20 25 30

Glu Lys Glu Phe His Met Ala Ser Gln Lys Arg Ala Leu Val Val Leu
35 40 45

Val Gly Asp His Val Ala Glu Ala Asp Gly Thr Gly Arg Leu Val Thr
50 55 60

Glu Leu Leu Leu Glu Ser Gly Phe Asn Val Asp Ala Val Val Ser Val
65 70 75 80

Lys Ser Lys Lys Ser Gln Ile Arg Gln Ala Ile Glu Thr Ala Val Val
85 90 95

Gly Gly Ala Asp Leu Val Leu Thr Ile Gly Gly Val Gly Val Gly Pro
100 105 110

Arg Asp Lys Thr Pro Glu Ala Thr Ser Ala Val Leu Asp Gln Asp Val
115 120 125

Pro Gly Ile Ala Gln Ala Leu Arg Ser Ser Gly Leu Ala Cys Gly Ala

130 135 140

Val Asp Ala Ser Val Ser Arg Gly Val Ala Gly Val Ser Gly Ser Thr
145 150 155 160

Val Val Val Asn Leu Ala Glu Ser Arg Ser Ala Ile Arg Asp Gly Met
165 170 175

Ala Thr Leu Thr Pro Leu Val Asp Phe Val Val Asp Gln Leu Arg Thr
180 185 190

Ser Val Val
195

<210> 783
<211> 402
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(379)
<223> RXA02318

<400> 783
gatatacgcc acgtaccgc gtacaaaatc ccgaatatga tcattggccaa aggaggtcag 60

cagtaagcgc atgtgcgcca ttttaaggca agatggggcc atg aat tcg ctt ttc 115
Met Asn Ser Leu Phe
1 5

gac gtc tcc cca cac tgg tcc tcc gcc aac gcc aag ctc acc gca cat 163
Asp Val Ser Pro His Trp Ser Ser Ala Asn Ala Lys Leu Thr Ala His
10 15 20

ttt aac acc gga aaa ttc tcc act ggc atg aaa ttt gtc aac ctc att 211
Phe Asn Thr Gly Lys Phe Ser Thr Gly Met Lys Phe Val Asn Leu Ile
25 30 35

gcc gac tcc gca gaa gaa gcc aac cac cac ccc gat atc ctt ctc acc 259
Ala Asp Ser Ala Glu Glu Ala Asn His His Pro Asp Ile Leu Leu Thr
40 45 50

tat ggt ttt gtg gaa atc acc ctc acc agc cac gat gtg ggt gag ata 307
Tyr Gly Phe Val Glu Ile Thr Leu Thr Ser His Asp Val Gly Glu Ile

55

60

65

acc gac cgt gat gtc gcc cta gca aaa gtc atc gac gcc cac gcc aag 355
Thr Asp Arg Asp Val Ala Leu Ala Lys Val Ile Asp Ala His Ala Lys

70

75

80

85

acc ttg gcc att tcg gca gag gct taagggttaa gattatgagc aac 402
Thr Leu Ala Ile Ser Ala Glu Ala

90

<210> 784

<211> 93

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 784

Met Asn Ser Leu Phe Asp Val Ser Pro His Trp Ser Ser Ala Asn Ala
1 5 10 15

Lys Leu Thr Ala His Phe Asn Thr Gly Lys Phe Ser Thr Gly Met Lys
20 25 30

Phe Val Asn Leu Ile Ala Asp Ser Ala Glu Glu Ala Asn His His Pro
35 40 45

Asp Ile Leu Leu Thr Tyr Gly Phe Val Glu Ile Thr Leu Thr Ser His
50 55 60

Asp Val Gly Glu Ile Thr Asp Arg Asp Val Ala Leu Ala Lys Val Ile
65 70 75 80

Asp Ala His Ala Lys Thr Leu Ala Ile Ser Ala Glu Ala
85 90

<210> 785

<211> 600

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(577)

<223> RXA01517

<400> 785

tccataagcc caaagcaccg atcccacgta cttttgctga cgtcgcggtg gttgcccgcac 60

gttccaggaa atccatggct gctggaagga gcaacgccta atg cat gca gtt ttg 115
Met His Ala Val Leu

1 5

tcc atc ggt tcc aac atg gat gat cgc tac gcg ctg ctc aac aca gtg 163
Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala Leu Leu Asn Thr Val

10 15 20

atc gag gaa ttc aaa gat gag atc gtg gcg cag tct gcg atc tac tca 211
Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln Ser Ala Ile Tyr Ser

25 30 35

acc cca ccg tgg ggc att gag gat cag gat gaa ttc ctc aac gca gtg 259
Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp Gln Asp Glu Phe Leu Asn Ala Val

40 45 50

ctc gtt gtt gag gtt gaa gaa acc ccc atc gag ttg ctg cgc cgt ggc 307
Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu Leu Leu Arg Arg Gly

55 60 65

caa aaa ctc gaa gaa gcc gcc gag cgg gtc cgc gtc cgc aaa tgg ggg 355
Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg Val Arg Lys Trp Gly

70 75 80 85

cca cgc acc ctc gat gtg gat atc gtg cag atc att aaa gat ggg gaa 403
Pro Arg Thr Leu Asp Val Asp Ile Val Gln Ile Ile Lys Asp Gly Glu

90 95 100

gag atc ctt tct gag gat ccc gaa ctg acc ttg cca cac cct tgg gct 451
Glu Ile Leu Ser Glu Asp Pro Glu Leu Thr Leu Pro His Pro Trp Ala

105 110 115

tgg cag cgt gcc ttc gtg ttg atc cct tgg ttg gaa gca gaa cct gat 499
Trp Gln Arg Ala Phe Val Leu Ile Pro Trp Leu Glu Ala Glu Pro Asp

120 125 130

gcc gtc ctg cac ggc acg acc att gca gaa cat gtg gat aat ctt gat 547
Ala Val Leu His Gly Thr Thr Ile Ala Glu His Val Asp Asn Leu Asp

135 140 145

ccc aca gac att gaa ggt gtc acc aag att taaggagtcg tggctttcat 597
Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile

150 155

gca 600

<210> 786

<211> 159

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 786

Met His Ala Val Leu Ser Ile Gly Ser Asn Met Asp Asp Arg Tyr Ala
1 5 10 15

Leu Leu Asn Thr Val Ile Glu Glu Phe Lys Asp Glu Ile Val Ala Gln
20 25 30

Ser Ala Ile Tyr Ser Thr Pro Pro Trp Gly Ile Glu Asp Gln Asp Glu
35 40 45

Phe Leu Asn Ala Val Leu Val Val Glu Val Glu Glu Thr Pro Ile Glu
50 55 60

Leu Leu Arg Arg Gly Gln Lys Leu Glu Glu Ala Ala Glu Arg Val Arg
65 70 75 80

Val Arg Lys Trp Gly Pro Arg Thr Leu Asp Val Asp Ile Val Gln Ile
85 90 95

Ile Lys Asp Gly Glu Glu Ile Leu Ser Glu Asp Pro Glu Leu Thr Leu
100 105 110

Pro His Pro Trp Ala Trp Gln Arg Ala Phe Val Leu Ile Pro Trp Leu
115 120 125

Glu Ala Glu Pro Asp Ala Val Leu His Gly Thr Thr Ile Ala Glu His
130 135 140

Val Asp Asn Leu Asp Pro Thr Asp Ile Glu Gly Val Thr Lys Ile
145 150 155

<210> 787
<211> 609
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(586)
<223> RXN01304

<400> 787
atgcaggtaa acgaatttgt gcttatatca acattcgtga ttcggcaaaa ttaattaaac 60

tgaaaaaggg gattaattac cccacttga ggagaaattg atg ccc gca cag aac 115
Met Pro Ala Gln Asn

1 5

aaa aac ctc cca gga tcc gtc atc gtt gtg tct gat cgg att aaa tcg 163
Lys Asn Leu Pro Gly Ser Val Ile Val Val Ser Asp Arg Ile Lys Ser

10 15 20

gga gaa aga att gat aaa gca gga ccc gta gca gta gac ctt ctt cag 211
Gly Glu Arg Ile Asp Lys Ala Gly Pro Val Ala Val Asp Leu Leu Gln

25 30 35

gaa tca ggc gtg gag att tcc aca ttc acc gtc gtg gag gag ggc ttt 259
Glu Ser Gly Val Glu Ile Ser Thr Phe Thr Val Val Glu Glu Gly Phe

40 45 50

gaa cct gtc cat caa gaa ttg gtt aag gcg ttg gcg cgc cgg gat cgc 307
Glu Pro Val His Gln Glu Leu Val Lys Ala Leu Ala Arg Arg Asp Arg

55 60 65

gtc atc atc acc atc ggc gga acg ggc gtg ggg cct aga aat cgg acg 355
Val Ile Ile Thr Ile Gly Gly Thr Gly Val Gly Pro Arg Asn Arg Thr

70 75 80 85

ccg gag gcc aca gaa ccg cac atc gat acg cta ctg ccg ggt ctg atg 403
Pro Glu Ala Thr Glu Pro His Ile Asp Thr Leu Leu Pro Gly Leu Met

90 95 100

acg cag att ttg ttc tct gga ctg tcc aat acc gcg cag gcg ggg tta 451
Thr Gln Ile Leu Phe Ser Gly Leu Ser Asn Thr Ala Gln Ala Gly Leu

105 110 115

tct cgg ggg ctg gtg ggc ttg agt gct cgc gat tcc acg gcc gcg ctc 499
Ser Arg Gly Leu Val Gly Leu Ser Ala Arg Asp Ser Thr Ala Ala Leu

120 125 130

atc gtc aac gcg ccg agt tct tcc ggg ggc gtg cgc gac gcg ctc ggg 547
Ile Val Asn Ala Pro Ser Ser Ser Gly Gly Val Arg Asp Ala Leu Gly

135 140 145

gtg gtc tgc ccg ctt ttc ggt tcc att ttt gag cgt ctt taaaagattt 596
Val Val Cys Pro Leu Phe Gly Ser Ile Phe Glu Arg Leu

150 155 160

ttgcttatcg acg 609

<210> 788

<211> 162

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 788

Met Pro Ala Gln Asn Lys Asn Leu Pro Gly Ser Val Ile Val Val Ser

1 5 10 15

Asp Arg Ile Lys Ser Gly Glu Arg Ile Asp Lys Ala Gly Pro Val Ala

20 25 30

Val Asp Leu Leu Gln Glu Ser Gly Val Glu Ile Ser Thr Phe Thr Val

35 40 45

Val Glu Glu Gly Phe Glu Pro Val His Gln Glu Leu Val Lys Ala Leu
50 55 60

Ala Arg Arg Asp Arg Val Ile Ile Thr Ile Gly Gly Thr Gly Val Gly
65 70 75 80

Pro Arg Asn Arg Thr Pro Glu Ala Thr Glu Pro His Ile Asp Thr Leu
85 90 95

Leu Pro Gly Leu Met Thr Gln Ile Leu Phe Ser Gly Leu Ser Asn Thr
100 105 110

Ala Gln Ala Gly Leu Ser Arg Gly Leu Val Gly Leu Ser Ala Arg Asp
115 120 125

Ser Thr Ala Ala Leu Ile Val Asn Ala Pro Ser Ser Ser Gly Gly Val
130 135 140

Arg Asp Ala Leu Gly Val Val Cys Pro Leu Phe Gly Ser Ile Phe Glu
145 150 155 160

Arg Leu

<210> 789
<211> 1281
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1258)
<223> RXS02556

<400> 789
tgccatcata ttaaggccaa attgcttgga tcctgggatt tatttaatta gattaaatcc 60

gtagaaatta gcccatgaag catggaaagg cgaaaacccc ttg atc gtt tcc acc 115
Leu Ile Val Ser Thr

	1	5	
cag ccc att act gat cgc agc gca ctc tcg gca gaa cac gca gag gtg			163
Gln Pro Ile Thr Asp Arg Ser Ala Leu Ser Ala Glu His Ala Glu Val			
	10	15	20
atc aaa gca acg ctt cct ctc gtg ggc ggc aag att aat gag atc acg			211
Ile Lys Ala Thr Leu Pro Leu Val Gly Gly Lys Ile Asn Glu Ile Thr			
	25	30	35
ccg gtt ttc tac aac aag atg ttt gcg gct cac cca gaa ttg atc gct			259
Pro Val Phe Tyr Asn Lys Met Phe Ala Ala His Pro Glu Leu Ile Ala			
	40	45	50
aac acc ttc aac cgt ggc aat cag aag caa ggc gat cag cag aag gcg			307
Asn Thr Phe Asn Arg Gly Asn Gln Lys Gln Gly Asp Gln Gln Lys Ala			
	55	60	65
ctg gcg gct tcg att gca acg ttt gcc acc atg ctc gtt act cct gat			355
Leu Ala Ala Ser Ile Ala Thr Phe Ala Thr Met Leu Val Thr Pro Asp			
	70	75	80
			85
gct cct gac cca gtt cag ctg ctg tcc cgc att ggc cac aag cac gtg			403
Ala Pro Asp Pro Val Gln Leu Leu Ser Arg Ile Gly His Lys His Val			
	90	95	100
tcc ctc ggc att act gct gat cag tac gac att gtt cac gag cac ctg			451
Ser Leu Gly Ile Thr Ala Asp Gln Tyr Asp Ile Val His Glu His Leu			
	105	110	115
ttc gcc gca atc gtt gag gtt ttg gga gcg gaa act gtc acc gca cct			499
Phe Ala Ala Ile Val Glu Val Leu Gly Ala Glu Thr Val Thr Ala Pro			
	120	125	130
gtc gct gaa gcc tgg gat gct gtc tac tgg atc atg gca aat gtg ctg			547
Val Ala Glu Ala Trp Asp Ala Val Tyr Trp Ile Met Ala Asn Val Leu			
	135	140	145
atc ggt ttt gag aac aac ctt tat gct tcc aac gat ctg gag cct ggc			595
Ile Gly Phe Glu Asn Asn Leu Tyr Ala Ser Asn Asp Leu Glu Pro Gly			

150	155	160	165	
gac gtc ttc cgc gaa gtc acc gtg acc gcg aag aag cag ctc agc gca				643
Asp Val Phe Arg Glu Val Thr Val Thr Ala Lys Lys Gln Leu Ser Ala				
	170	175	180	
acc gtc tgg gaa tac acc ctg gca ggt gag ctg gtt gcc cca gag cca				691
Thr Val Trp Glu Tyr Thr Leu Ala Gly Glu Leu Val Ala Pro Glu Pro				
	185	190	195	
ggt cag tac acc tcc atc gga gta gtg ctt gac gac ggc gcc cgc cag				739
Gly Gln Tyr Thr Ser Ile Gly Val Val Leu Asp Asp Gly Ala Arg Gln				
	200	205	210	
ctg cgc cag tac agc ttg ctc ggc ggc tcc gac acc gag tac cgc att				787
Leu Arg Gln Tyr Ser Leu Leu Gly Gly Ser Asp Thr Glu Tyr Arg Ile				
	215	220	225	
gcg gtt gag gat aac ggc gag gtt tct gga ttc ctg cgt gat cgc gta				835
Ala Val Glu Asp Asn Gly Glu Val Ser Gly Phe Leu Arg Asp Arg Val				
	230	235	240	245
tcc gtt ggt gac aag att gaa gcc acc atc gcg gcc ggc gac ctg gtt				883
Ser Val Gly Asp Lys Ile Glu Ala Thr Ile Ala Ala Gly Asp Leu Val				
	250	255	260	
ctt aac aag gac acc aat cca gtt gtg ctg att tcc cag ggc atc ggc				931
Leu Asn Lys Asp Thr Asn Pro Val Val Leu Ile Ser Gln Gly Ile Gly				
	265	270	275	
tcc acc cca atg gtg ggc atg ctc gca ggt atg aac cct gaa cgt gac				979
Ser Thr Pro Met Val Gly Met Leu Ala Gly Met Asn Pro Glu Arg Asp				
	280	285	290	
gtt gtg gtt ttg cat gct gac cag gcc gag tcc acc tac gcg cag gtg				1027
Val Val Val Leu His Ala Asp Gln Ala Glu Ser Thr Tyr Ala Gln Val				
	295	300	305	
gag gaa gtg cag ggg ctc gtc gaa aag ctc cct aag gct gcg ttt gaa				1075
Glu Glu Val Gln Gly Leu Val Glu Lys Leu Pro Lys Ala Ala Phe Glu				

310 315 320 325
atc ttc tac cgc gac aac gac cag tgg ctc gag gtc gct ggc cgc att 1123
Ile Phe Tyr Arg Asp Asn Asp Gln Trp Leu Glu Val Ala Gly Arg Ile

330 335 340
cca tca ggt gcg tcc gtg tac ctg tgc ggt ggc gtg gaa ttc ttg aag 1171
Pro Ser Gly Ala Ser Val Tyr Leu Cys Gly Gly Val Glu Phe Leu Lys

345 350 355
aac gtg cgt gag cag atc gag gcg ctc gat gag cag cct cgc gac gta 1219
Asn Val Arg Glu Gln Ile Glu Ala Leu Asp Glu Gln Pro Arg Asp Val

360 365 370
aac ttc gag ctc ttc gca cca aac gac tgg ctg att tcc taagcccaca 1268
Asn Phe Glu Leu Phe Ala Pro Asn Asp Trp Leu Ile Ser

375 380 385
ccccagaact tcc 1281

<210> 790
<211> 386
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 790
Leu Ile Val Ser Thr Gln Pro Ile Thr Asp Arg Ser Ala Leu Ser Ala
1 5 10 15

Glu His Ala Glu Val Ile Lys Ala Thr Leu Pro Leu Val Gly Gly Lys
20 25 30

Ile Asn Glu Ile Thr Pro Val Phe Tyr Asn Lys Met Phe Ala Ala His
35 40 45

Pro Glu Leu Ile Ala Asn Thr Phe Asn Arg Gly Asn Gln Lys Gln Gly
50 55 60

Asp Gln Gln Lys Ala Leu Ala Ala Ser Ile Ala Thr Phe Ala Thr Met
65 70 75 80

Leu Val Thr Pro Asp Ala Pro Asp Pro Val Gln Leu Leu Ser Arg Ile
85 90 95

Gly His Lys His Val Ser Leu Gly Ile Thr Ala Asp Gln Tyr Asp Ile
100 105 110

Val His Glu His Leu Phe Ala Ala Ile Val Glu Val Leu Gly Ala Glu
115 120 125

Thr Val Thr Ala Pro Val Ala Glu Ala Trp Asp Ala Val Tyr Trp Ile
130 135 140

Met Ala Asn Val Leu Ile Gly Phe Glu Asn Asn Leu Tyr Ala Ser Asn
145 150 155 160

Asp Leu Glu Pro Gly Asp Val Phe Arg Glu Val Thr Val Thr Ala Lys
165 170 175

Lys Gln Leu Ser Ala Thr Val Trp Glu Tyr Thr Leu Ala Gly Glu Leu
180 185 190

Val Ala Pro Glu Pro Gly Gln Tyr Thr Ser Ile Gly Val Val Leu Asp
195 200 205

Asp Gly Ala Arg Gln Leu Arg Gln Tyr Ser Leu Leu Gly Gly Ser Asp
210 215 220

Thr Glu Tyr Arg Ile Ala Val Glu Asp Asn Gly Glu Val Ser Gly Phe
225 230 235 240

Leu Arg Asp Arg Val Ser Val Gly Asp Lys Ile Glu Ala Thr Ile Ala
245 250 255

Ala Gly Asp Leu Val Leu Asn Lys Asp Thr Asn Pro Val Val Leu Ile
260 265 270

Ser Gln Gly Ile Gly Ser Thr Pro Met Val Gly Met Leu Ala Gly Met
275 280 285

Asn Pro Glu Arg Asp Val Val Val Leu His Ala Asp Gln Ala Glu Ser
290 295 300

Thr Tyr Ala Gln Val Glu Glu Val Gln Gly Leu Val Glu Lys Leu Pro
305 310 315 320

Lys Ala Ala Phe Glu Ile Phe Tyr Arg Asp Asn Asp Gln Trp Leu Glu
325 330 335

Val Ala Gly Arg Ile Pro Ser Gly Ala Ser Val Tyr Leu Cys Gly Gly
340 345 350

Val Glu Phe Leu Lys Asn Val Arg Glu Gln Ile Glu Ala Leu Asp Glu
355 360 365

Gln Pro Arg Asp Val Asn Phe Glu Leu Phe Ala Pro Asn Asp Trp Leu
370 375 380

Ile Ser
385

<210> 791
<211> 990
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(967)
<223> RXS02560

<400> 791
ttggggcaag ccagctaacg catttcttgt ggaaaccgca gacattgagg ccgcccacgc 60

ggaacttcta agagcagtgg aatgaaataa tccggtgctg atg cag ggc aac tcg 115
Met Gln Gly Asn Ser

1 5

ctt aat ctg gca gac aac agc gag aga aag aag ccc atg ccg tca cca 163
Leu Asn Leu Ala Asp Asn Ser Glu Arg Lys Lys Pro Met Pro Ser Pro

10 15 20

gga gaa ctt tta gcc gcc cgc tac gga caa cct gca acc tgg acg cca 211
Gly Glu Leu Leu Ala Ala Arg Tyr Gly Gln Pro Ala Thr Trp Thr Pro

25	30	35	
ccg cag tgg aat gag acg ctt gat gtc att cac cag cat cga tca gtt			259
Pro Gln Trp Asn Glu Thr Leu Asp Val Ile His Gln His Arg Ser Val			
40	45	50	
cgc agg tgg ttg gat aaa ccg gtt gat gat gac acc atc cgc acc att			307
Arg Arg Trp Leu Asp Lys Pro Val Asp Asp Asp Thr Ile Arg Thr Ile			
55	60	65	
att tcc gcc gca caa tcg gct gga acc tct tcc aat aag cag gtc att			355
Ile Ser Ala Ala Gln Ser Ala Gly Thr Ser Ser Asn Lys Gln Val Ile			
70	75	80	85
tct gtc atc gtg gtt aaa gat cct gag ctg agg aaa ggc ctc gcg ggg			403
Ser Val Ile Val Val Lys Asp Pro Glu Leu Arg Lys Gly Leu Ala Gly			
90	95	100	
atc act cgc cag atg ttt ccg cac ctt gag cag gtt ccc gcg gtg ctg			451
Ile Thr Arg Gln Met Phe Pro His Leu Glu Gln Val Pro Ala Val Leu			
105	110	115	
att tgg ttg att gat tat tcc cga atc agt gcg gtg gca gcc aga gaa			499
Ile Trp Leu Ile Asp Tyr Ser Arg Ile Ser Ala Val Ala Ala Arg Glu			
120	125	130	
gat ctc cca aca ggg gct ctt gat tat ctc gat gag gcc gcg tgg ggg			547
Asp Leu Pro Thr Gly Ala Leu Asp Tyr Leu Asp Glu Ala Ala Trp Gly			
135	140	145	
ttc ctc gac gcc gga atc gca gct caa aac gct gca att gct gcg gag			595
Phe Leu Asp Ala Gly Ile Ala Ala Gln Asn Ala Ala Ile Ala Ala Glu			
150	155	160	165
tca ctt gga ttg gga acg ctc tat ttg ggt tcg gtg cgc aac gat gcg			643
Ser Leu Gly Leu Gly Thr Leu Tyr Leu Gly Ser Val Arg Asn Asp Ala			
170	175	180	
gaa gcc gtg cac aaa ttg ctt ggc ctt cca cct gag atc gtg cct gtc			691
Glu Ala Val His Lys Leu Leu Gly Leu Pro Pro Glu Ile Val Pro Val			

185	190	195	
gtg ggc ttg gaa atg ggg cat gcg gat ccg cct gaa cct gcc gga att			739
Val Gly Leu Glu Met Gly His Ala Asp Pro Pro Glu Pro Ala Gly Ile			
200	205	210	
aaa cct ccc ctg cca caa gaa gcc att gtt cac tgg gat acc tac acc			787
Lys Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Ile Val His Trp Asp Thr Tyr Thr			
215	220	225	
gag aaa aac ctc gaa ctt atc gat tcc tac gac cgc gcc ctc gac act			835
Glu Lys Asn Leu Glu Leu Ile Asp Ser Tyr Asp Arg Ala Leu Asp Thr			
230	235	240	245
tac tat tct cgc tac ggc cag cac cag ctc tgg tcg aag cag acg gcg			883
Tyr Tyr Ser Arg Tyr Gly Gln His Gln Leu Trp Ser Lys Gln Thr Ala			
250	255	260	
cat agg gcg gcg tcg aaa agc ttt tca aaa acc aac agg cag ttc ctt			931
His Arg Ala Ala Ser Lys Ser Phe Ser Lys Thr Asn Arg Gln Phe Leu			
265	270	275	
agg ggc gtg ttt gag cgc gcc ggg ttt ggg ctg aga taaaagcatg			977
Arg Gly Val Phe Glu Arg Ala Gly Phe Gly Leu Arg			
280	285		
attatggacg cct			990

<210> 792
 <211> 289
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 792
 Met Gln Gly Asn Ser Leu Asn Leu Ala Asp Asn Ser Glu Arg Lys Lys
 1 5 10 15

Pro Met Pro Ser Pro Gly Glu Leu Leu Ala Ala Arg Tyr Gly Gln Pro
 20 25 30

Ala Thr Trp Thr Pro Pro Gln Trp Asn Glu Thr Leu Asp Val Ile His

35 40 45
 Gln His Arg Ser Val Arg Arg Trp Leu Asp Lys Pro Val Asp Asp Asp
 50 55 60
 Thr Ile Arg Thr Ile Ile Ser Ala Ala Gln Ser Ala Gly Thr Ser Ser
 65 70 75 80
 Asn Lys Gln Val Ile Ser Val Ile Val Val Lys Asp Pro Glu Leu Arg
 85 90 95
 Lys Gly Leu Ala Gly Ile Thr Arg Gln Met Phe Pro His Leu Glu Gln
 100 105 110
 Val Pro Ala Val Leu Ile Trp Leu Ile Asp Tyr Ser Arg Ile Ser Ala
 115 120 125
 Val Ala Ala Arg Glu Asp Leu Pro Thr Gly Ala Leu Asp Tyr Leu Asp
 130 135 140
 Glu Ala Ala Trp Gly Phe Leu Asp Ala Gly Ile Ala Ala Gln Asn Ala
 145 150 155 160
 Ala Ile Ala Ala Glu Ser Leu Gly Leu Gly Thr Leu Tyr Leu Gly Ser
 165 170 175
 Val Arg Asn Asp Ala Glu Ala Val His Lys Leu Leu Gly Leu Pro Pro
 180 185 190
 Glu Ile Val Pro Val Val Gly Leu Glu Met Gly His Ala Asp Pro Pro
 195 200 205
 Glu Pro Ala Gly Ile Lys Pro Pro Leu Pro Gln Glu Ala Ile Val His
 210 215 220
 Trp Asp Thr Tyr Thr Glu Lys Asn Leu Glu Leu Ile Asp Ser Tyr Asp
 225 230 235 240
 Arg Ala Leu Asp Thr Tyr Tyr Ser Arg Tyr Gly Gln His Gln Leu Trp
 245 250 255
 Ser Lys Gln Thr Ala His Arg Ala Ala Ser Lys Ser Phe Ser Lys Thr

260 265 270

Asn Arg Gln Phe Leu Arg Gly Val Phe Glu Arg Ala Gly Phe Gly Leu
275 280 285

Arg

<210> 793
<211> 1425
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1402)
<223> RXA00382

<400> 793
aaaacactat tgaccacccc aatcgctgtt gagagtttgt aaagttcgac tgtcaacgag 60

ctggattggc ttcacagatt gaattaatac aatgacgcac atg aca tgc tcc aat 115
Met Thr Ser Ser Asn

1 5

acg gct cga tcc gca gag tgg ttt gaa aag gct cag aag ctc acc cct 163
Thr Ala Arg Ser Ala Glu Trp Phe Glu Lys Ala Gln Lys Leu Thr Pro

10 15 20

ggg ggt gtg aat tct cct gtt cgc gct ttc ggt tca gtt ggc gga caa 211
Gly Gly Val Asn Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly Ser Val Gly Gly Gln

25 30 35

gcc cgt ttc atc gaa aaa gct cac ggt tca acg ctg atc gat gtg gac 259
Ala Arg Phe Ile Glu Lys Ala His Gly Ser Thr Leu Ile Asp Val Asp

40 45 50

gga aat gaa tac gtt gac ctg gtc tgt tct tgg ggc ccc atg ctg atg 307
Gly Asn Glu Tyr Val Asp Leu Val Cys Ser Trp Gly Pro Met Leu Met

55 60 65

ggt cac gct cac cca gca gtg gtc gag gct gtg cag aag gcc gtc gtg	355
Gly His Ala His Pro Ala Val Val Glu Ala Val Gln Lys Ala Val Val	
70 75 80 85	
gat ggt ctt tct ttc ggc gct ccc acc atc ggt gag gtt gag ttg gcc	403
Asp Gly Leu Ser Phe Gly Ala Pro Thr Ile Gly Glu Val Glu Leu Ala	
90 95 100	
caa gat atc gtc aag cgc act tct gtg gag gaa gtc cgc ctg gtc aac	451
Gln Asp Ile Val Lys Arg Thr Ser Val Glu Glu Val Arg Leu Val Asn	
105 110 115	
tcc ggc act gag gcc acc atg tcg gcg gtt cgt ctg gcg cgc ggt tac	499
Ser Gly Thr Glu Ala Thr Met Ser Ala Val Arg Leu Ala Arg Gly Tyr	
120 125 130	
act cag cgt tcc aag att ttg aag ttt gag ggc tgc tac cac ggc cac	547
Thr Gln Arg Ser Lys Ile Leu Lys Phe Glu Gly Cys Tyr His Gly His	
135 140 145	
gtc gat gcg ctg ctc gca tct gct ggt tct ggt gtc gca act ttc gct	595
Val Asp Ala Leu Leu Ala Ser Ala Gly Ser Gly Val Ala Thr Phe Ala	
150 155 160 165	
ctg cct gat tcc cca ggc atc acc ggc gct cag act tct gac act att	643
Leu Pro Asp Ser Pro Gly Ile Thr Gly Ala Gln Thr Ser Asp Thr Ile	
170 175 180	
gtt gtt cct tac aac gac att gaa gcc gtg cgc aac gct ttt gcg gag	691
Val Val Pro Tyr Asn Asp Ile Glu Ala Val Arg Asn Ala Phe Ala Glu	
185 190 195	
tac cca ggc gag atc gcc tgc atc atc gca gag gca gcc ggt ggc aac	739
Tyr Pro Gly Glu Ile Ala Cys Ile Ile Ala Glu Ala Ala Gly Gly Asn	
200 205 210	
atg ggc acc gtc gct cca aag gac aac ttt aac gac aag ctt ctc gcg	787
Met Gly Thr Val Ala Pro Lys Asp Asn Phe Asn Asp Lys Leu Leu Ala	
215 220 225	
atc gct cac gct gac ggc gcg ctg ctg atc ctc gat gaa gtc atg acc	835

Ile	Ala	His	Ala	Asp	Gly	Ala	Leu	Leu	Ile	Leu	Asp	Glu	Val	Met	Thr				
230					235					240					245				
ggc ttc cgc acc tct tac cgt ggc tgg ttc ggc gta gac aag gtt gcc	883																		
Gly Phe Arg Thr Ser Tyr Arg Gly Trp Phe Gly Val Asp Lys Val Ala																			
					250					255					260				
gct gac ctg gtc acc ttc ggc aag gtc gtc tcc ggc ggc cta cct gcc	931																		
Ala Asp Leu Val Thr Phe Gly Lys Val Val Ser Gly Gly Leu Pro Ala																			
					265					270					275				
gca gcg ttt ggc ggc aag gct gaa atc atg aac atg ctg gcc cca cag	979																		
Ala Ala Phe Gly Gly Lys Ala Glu Ile Met Asn Met Leu Ala Pro Gln																			
					280					285					290				
ggc ccc gtc tac caa gca ggc aca ctg tcc ggc aac ccg gtt gcg gtc	1027																		
Gly Pro Val Tyr Gln Ala Gly Thr Leu Ser Gly Asn Pro Val Ala Val																			
					295					300					305				
gca gct ggt cgg gca tcg ctt aag ctt gcc gac gaa tcc ctc tac aca	1075																		
Ala Ala Gly Arg Ala Ser Leu Lys Leu Ala Asp Glu Ser Leu Tyr Thr																			
310					315					320					325				
acc atc aac gcc aac gca gat cgt ctc cac ggt ttg atc tct gat gcc	1123																		
Thr Ile Asn Ala Asn Ala Asp Arg Leu His Gly Leu Ile Ser Asp Ala																			
					330					335					340				
tta acc cac gaa ggc gta gcc cac cac att cag cgt gcc tca aac atg	1171																		
Leu Thr His Glu Gly Val Ala His His Ile Gln Arg Ala Ser Asn Met																			
					345					350					355				
ctg tct atc cgt ttt gca gaa ggt gag ggc cac aac ttc tct gat atg	1219																		
Leu Ser Ile Arg Phe Ala Glu Gly Glu Gly His Asn Phe Ser Asp Met																			
					360					365					370				
aag gca gcc gac atc ttc cgc ttc gca ccg ttc ttc cac act ttg ctg	1267																		
Lys Ala Ala Asp Ile Phe Arg Phe Ala Pro Phe Phe His Thr Leu Leu																			
					375					380					385				
gac aac ggc gtc tac gca cca cca agc gtt ttc gaa acc tgg ttt gtg	1315																		

Asp Asn Gly Val Tyr Ala Pro Pro Ser Val Phe Glu Thr Trp Phe Val
390 395 400 405
tct tcc gct ctc acg gac gat gat ttc tcc aag atc gag cag gca etc 1363
Ser Ser Ala Leu Thr Asp Asp Asp Phe Ser Lys Ile Glu Gln Ala Leu
410 415 420
aag ccc gcc gca cgt gca gca gca gaa gcg aag gca tca tgacgcaaac 1412
Lys Pro Ala Ala Arg Ala Ala Ala Glu Ala Lys Ala Ser
425 430
cattgtccat cta 1425
<210> 794
<211> 434
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 794
Met Thr Ser Ser Asn Thr Ala Arg Ser Ala Glu Trp Phe Glu Lys Ala
1 5 10 15
Gln Lys Leu Thr Pro Gly Gly Val Asn Ser Pro Val Arg Ala Phe Gly
20 25 30
Ser Val Gly Gly Gln Ala Arg Phe Ile Glu Lys Ala His Gly Ser Thr
35 40 45
Leu Ile Asp Val Asp Gly Asn Glu Tyr Val Asp Leu Val Cys Ser Trp
50 55 60
Gly Pro Met Leu Met Gly His Ala His Pro Ala Val Val Glu Ala Val
65 70 75 80
Gln Lys Ala Val Val Asp Gly Leu Ser Phe Gly Ala Pro Thr Ile Gly
85 90 95
Glu Val Glu Leu Ala Gln Asp Ile Val Lys Arg Thr Ser Val Glu Glu
100 105 110
Val Arg Leu Val Asn Ser Gly Thr Glu Ala Thr Met Ser Ala Val Arg

115	120	125
Leu Ala Arg Gly Tyr Thr Gln Arg Ser Lys Ile Leu Lys Phe Glu Gly		
130	135	140
Cys Tyr His Gly His Val Asp Ala Leu Leu Ala Ser Ala Gly Ser Gly		
145	150	155
160		
Val Ala Thr Phe Ala Leu Pro Asp Ser Pro Gly Ile Thr Gly Ala Gln		
165	170	175
Thr Ser Asp Thr Ile Val Val Pro Tyr Asn Asp Ile Glu Ala Val Arg		
180	185	190
Asn Ala Phe Ala Glu Tyr Pro Gly Glu Ile Ala Cys Ile Ile Ala Glu		
195	200	205
Ala Ala Gly Gly Asn Met Gly Thr Val Ala Pro Lys Asp Asn Phe Asn		
210	215	220
Asp Lys Leu Leu Ala Ile Ala His Ala Asp Gly Ala Leu Leu Ile Leu		
225	230	235
240		
Asp Glu Val Met Thr Gly Phe Arg Thr Ser Tyr Arg Gly Trp Phe Gly		
245	250	255
Val Asp Lys Val Ala Ala Asp Leu Val Thr Phe Gly Lys Val Val Ser		
260	265	270
Gly Gly Leu Pro Ala Ala Ala Phe Gly Gly Lys Ala Glu Ile Met Asn		
275	280	285
Met Leu Ala Pro Gln Gly Pro Val Tyr Gln Ala Gly Thr Leu Ser Gly		
290	295	300
Asn Pro Val Ala Val Ala Ala Gly Arg Ala Ser Leu Lys Leu Ala Asp		
305	310	315
320		
Glu Ser Leu Tyr Thr Thr Ile Asn Ala Asn Ala Asp Arg Leu His Gly		
325	330	335
Leu Ile Ser Asp Ala Leu Thr His Glu Gly Val Ala His His Ile Gln		

340 345 350
 Arg Ala Ser Asn Met Leu Ser Ile Arg Phe Ala Glu Gly Glu Gly His
 355 360 365

Asn Phe Ser Asp Met Lys Ala Ala Asp Ile Phe Arg Phe Ala Pro Phe
 370 375 380

Phe His Thr Leu Leu Asp Asn Gly Val Tyr Ala Pro Pro Ser Val Phe
 385 390 395 400

Glu Thr Trp Phe Val Ser Ser Ala Leu Thr Asp Asp Asp Phe Ser Lys
 405 410 415

Ile Glu Gln Ala Leu Lys Pro Ala Ala Arg Ala Ala Ala Glu Ala Lys
 420 425 430

Ala Ser

<210> 795
 <211> 1233
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1210)
 <223> RXA00156

<400> 795
 accgagagcg tggtagcgct catttagttt ctcctatga atcttgatgt ggttcacg 60

tttttatgca atatcaacca aaagttggta cgatcctcat atg aat gaa cgc aca 115
 Met Asn Glu Arg Thr

1 5

tcg gat gca ttt gac gcc ctc ctt gtg ctc tcc ttc ggt ggt ccc gaa 163
 Ser Asp Ala Phe Asp Ala Leu Leu Val Leu Ser Phe Gly Gly Pro Glu

10 15 20

ggg cac gag gag gtt cgt ccg ttt ttg gag aat gtc act cac gga agg 211

Gly His Glu Glu Val Arg Pro Phe Leu Glu Asn Val Thr His Gly Arg	
25	30
35	
ggg att ccg ccg gaa cgt cta gat gaa gtg gcg gtt cat tac cac cac	259
Gly Ile Pro Pro Glu Arg Leu Asp Glu Val Ala Val His Tyr His His	
40	45
50	
ttc ggt ggt atc agc ccc atc aat gcg ctg aac agg gaa att atc gcc	307
Phe Gly Gly Ile Ser Pro Ile Asn Ala Leu Asn Arg Glu Ile Ile Ala	
55	60
65	
aat gtg gaa aaa gaa ttg gcg tct cgc gat cac aag ctg cct gtt tat	355
Asn Val Glu Lys Glu Leu Ala Ser Arg Asp His Lys Leu Pro Val Tyr	
70	75
80	85
ttt ggt aac cgc aac tgg aag ccg ttt gat aat gag gcc gct gaa caa	403
Phe Gly Asn Arg Asn Trp Lys Pro Phe Asp Asn Glu Ala Ala Glu Gln	
90	95
100	
atg gct gat gac ggc gtg aaa aac gcg ctg gtg ttg gca act tcc gct	451
Met Ala Asp Asp Gly Val Lys Asn Ala Leu Val Leu Ala Thr Ser Ala	
105	110
115	
tgg ggt ggc tac tcc ggt tgt cgg cag tac cag gaa gat att cag ggc	499
Trp Gly Gly Tyr Ser Gly Cys Arg Gln Tyr Gln Glu Asp Ile Gln Gly	
120	125
130	
atg atc aag cac ctg gag tct cag ggg cag tcg atc acg ttc acc aag	547
Met Ile Lys His Leu Glu Ser Gln Gly Gln Ser Ile Thr Phe Thr Lys	
135	140
145	
ctg cgt cag ttc tac gat cac cct cgt ttt gtc tcc acc atg gct caa	595
Leu Arg Gln Phe Tyr Asp His Pro Arg Phe Val Ser Thr Met Ala Gln	
150	155
160	165
ttg gtt cag gat tcc tac gcg aag ctt ccc gat gag ctg cga gat gag	643
Leu Val Gln Asp Ser Tyr Ala Lys Leu Pro Asp Glu Leu Arg Asp Glu	
170	175
180	
gcg cgt ctg gtc ttc acc gcg cac tcc att cca ctg act gcg gac aat	691

Ala Arg Leu Val Phe Thr Ala His Ser Ile Pro Leu Thr Ala Asp Asn	
185	190
195	
gct gcg gga acc cct gag gat ggc tcc ttg tat tcc aca cag gtc aag 739	
Ala Ala Gly Thr Pro Glu Asp Gly Ser Leu Tyr Ser Thr Gln Val Lys	
200	205
210	
gaa gcg tca gca ctg att gct gag gct gtt ggt gtg tca gat ttt gat 787	
Glu Ala Ser Ala Leu Ile Ala Glu Ala Val Gly Val Ser Asp Phe Asp	
215	220
225	
gtg gtg tgg cag tcc cgc tcg ggt agc ccg cac act ccg tgg ctg gag 835	
Val Val Trp Gln Ser Arg Ser Gly Ser Pro His Thr Pro Trp Leu Glu	
230	235
240	245
cct gac atc gtg gat cac gca gtg gag ctc aac gag aag ggt caa aaa 883	
Pro Asp Ile Val Asp His Ala Val Glu Leu Asn Glu Lys Gly Gln Lys	
250	255
260	
gcg ctc gtt gtc tgc cct gta ggc ttt att tct gat cat atg gaa gtc 931	
Ala Leu Val Val Cys Pro Val Gly Phe Ile Ser Asp His Met Glu Val	
265	270
275	
att tgg gat ctt gat tcc gag ctg atg gaa gaa gcc gag aag cgc aac 979	
Ile Trp Asp Leu Asp Ser Glu Leu Met Glu Glu Ala Glu Lys Arg Asn	
280	285
290	
atg gtg gtc gag cgt gtc gct acc gtt ggc ccc acc gat gaa ttc gca 1027	
Met Val Val Glu Arg Val Ala Thr Val Gly Pro Thr Asp Glu Phe Ala	
295	300
305	
gcc ctt gtg gtt gat ctc atc gag gag gca gag ctc aag cgc gtt atc 1075	
Ala Leu Val Val Asp Leu Ile Glu Glu Ala Glu Leu Lys Arg Val Ile	
310	315
320	325
gag cgc ctt gga aag ctg cca gca cgc gga agt tcc gtc aac ggc gca 1123	
Glu Arg Leu Gly Lys Leu Pro Ala Arg Gly Ser Ser Val Asn Gly Ala	
330	335
340	
ccg tgt ggc gac ggc tgc tgt ggt acc gcc aag cat aaa acc gcg cgg 1171	

Pro Cys Gly Asp Gly Cys Cys Gly Thr Ala Lys His Lys Thr Ala Arg

345 350 355

gtg aac ccc aac gct cgc tca gcg gcg cca gct gcc aac taggagtgat 1220
Val Asn Pro Asn Ala Arg Ser Ala Ala Pro Ala Ala Asn

360 365 370

agtcacctgc aaa 1233

<210> 796

<211> 370

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 796

Met Asn Glu Arg Thr Ser Asp Ala Phe Asp Ala Leu Leu Val Leu Ser
1 5 10 15

Phe Gly Gly Pro Glu Gly His Glu Glu Val Arg Pro Phe Leu Glu Asn
20 25 30

Val Thr His Gly Arg Gly Ile Pro Pro Glu Arg Leu Asp Glu Val Ala
35 40 45

Val His Tyr His His Phe Gly Gly Ile Ser Pro Ile Asn Ala Leu Asn
50 55 60

Arg Glu Ile Ile Ala Asn Val Glu Lys Glu Leu Ala Ser Arg Asp His
65 70 75 80

Lys Leu Pro Val Tyr Phe Gly Asn Arg Asn Trp Lys Pro Phe Asp Asn
85 90 95

Glu Ala Ala Glu Gln Met Ala Asp Asp Gly Val Lys Asn Ala Leu Val
100 105 110

Leu Ala Thr Ser Ala Trp Gly Gly Tyr Ser Gly Cys Arg Gln Tyr Gln
115 120 125

Glu Asp Ile Gln Gly Met Ile Lys His Leu Glu Ser Gln Gly Gln Ser
130 135 140

Ile Thr Phe Thr Lys Leu Arg Gln Phe Tyr Asp His Pro Arg Phe Val
145 150 155 160

Ser Thr Met Ala Gln Leu Val Gln Asp Ser Tyr Ala Lys Leu Pro Asp
165 170 175

Glu Leu Arg Asp Glu Ala Arg Leu Val Phe Thr Ala His Ser Ile Pro
180 185 190

Leu Thr Ala Asp Asn Ala Ala Gly Thr Pro Glu Asp Gly Ser Leu Tyr
195 200 205

Ser Thr Gln Val Lys Glu Ala Ser Ala Leu Ile Ala Glu Ala Val Gly
210 215 220

Val Ser Asp Phe Asp Val Val Trp Gln Ser Arg Ser Gly Ser Pro His
225 230 235 240

Thr Pro Trp Leu Glu Pro Asp Ile Val Asp His Ala Val Glu Leu Asn
245 250 255

Glu Lys Gly Gln Lys Ala Leu Val Val Cys Pro Val Gly Phe Ile Ser
260 265 270

Asp His Met Glu Val Ile Trp Asp Leu Asp Ser Glu Leu Met Glu Glu
275 280 285

Ala Glu Lys Arg Asn Met Val Val Glu Arg Val Ala Thr Val Gly Pro
290 295 300

Thr Asp Glu Phe Ala Ala Leu Val Val Asp Leu Ile Glu Glu Ala Glu
305 310 315 320

Leu Lys Arg Val Ile Glu Arg Leu Gly Lys Leu Pro Ala Arg Gly Ser
325 330 335

Ser Val Asn Gly Ala Pro Cys Gly Asp Gly Cys Cys Gly Thr Ala Lys
340 345 350

His Lys Thr Ala Arg Val Asn Pro Asn Ala Arg Ser Ala Ala Pro Ala

355	360	365	
Ala Asn			
370			
<210> 797			
<211> 810			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(787)			
<223> RXA00624			
<400> 797			
tccatgacgt	tttgaatgga	aaatctccat	ttgtggagtt agaagaagac cactagtttt 60
caacaggacg	acaacggccg	gacatgcgac	aatacaatgc atg tcc ggc cgt ctt 115
			Met Ser Gly Arg Leu
			1 5
ctt gtt tca	ggt tct agt	att ttc gac	cag acc cga tcg gcg gct gac 163
Leu Val Ser	Val Ser Ser	Ile Phe Asp	Gln Thr Arg Ser Ala Ala Asp
10 15 20			
agg ctc att	tca gac ctg	cga gcc gac	ggc atc gag gtc tca tta ctt 211
Arg Leu Ile	Ser Asp Leu	Arg Ala Asp	Gly Ile Glu Val Ser Leu Leu
25 30 35			
gtc gca ccc	cgc atc gat	ggg gac tgg	cgt ctc gcc aaa gac aaa ggg 259
Val Ala Pro	Arg Ile Asp	Gly Asp Trp	Arg Leu Ala Lys Asp Lys Gly
40 45 50			
acc ctc gcg	tgg atg gaa	caa caa cgc	gaa cgc ggc cac gaa ctc atc 307
Thr Leu Ala	Trp Met Glu	Gln Gln Arg	Glu Arg Gly His Glu Leu Ile
55 60 65			
ctc aac ggt	ttc gac caa	gca gtt cag	gga cgt cgc tca gaa ttc gcc 355
Leu Asn Gly	Phe Asp Gln	Ala Val Gln	Gly Arg Arg Ser Glu Phe Ala
70 75 80 85			
aac ctt gaa	cgg cac gaa	gca cgt ctt	cgc ctt acc ggt gcc att agg 403

Asn Leu Glu Arg His Glu Ala Arg Leu Arg Leu Thr Gly Ala Ile Arg
90 95 100

caa atg cag aaa att ggc ttc gaa ttc caa atc ttt gcc cca cct cgt 451
Gln Met Gln Lys Ile Gly Phe Glu Phe Gln Ile Phe Ala Pro Pro Arg

105 110 115

tgg aga atg tca gaa ggc acc ttc gcg gta ctc cca gaa ttt gat ttc 499
Trp Arg Met Ser Glu Gly Thr Phe Ala Val Leu Pro Glu Phe Asp Phe

120 125 130

aac gtc gcc gcc tcg acc agg gga tta cat aac ctc gac acc ggc gaa 547
Asn Val Ala Ala Ser Thr Arg Gly Leu His Asn Leu Asp Thr Gly Glu

135 140 145

ttc ttg gcg tgt aga aac ctc tcc gtg ggt gaa ggt ttt ggt gct gca 595
Phe Leu Ala Cys Arg Asn Leu Ser Val Gly Glu Gly Phe Gly Ala Ala

150 155 160 165

aaa tgg tgg cgc aag aat gtc atc aag gct gtc act cgt gga gcg gaa 643
Lys Trp Trp Arg Lys Asn Val Ile Lys Ala Val Thr Arg Gly Ala Glu

170 175 180

aaa gga aat aca gtg cgc ttg tcc gca tcg gcg cga aat ctc acc aac 691
Lys Gly Asn Thr Val Arg Leu Ser Ala Ser Ala Arg Asn Leu Thr Asn

185 190 195

cct aaa gtc gca gct gac ttc cgg gaa gct gca tta gct gcc ttg gat 739
Pro Lys Val Ala Ala Asp Phe Arg Glu Ala Ala Leu Ala Ala Leu Asp

200 205 210

ttg ggt gct cag gtg caa acc tat tct cag gcg gcc gca caa ctg gcc 787
Leu Gly Ala Gln Val Gln Thr Tyr Ser Gln Ala Ala Ala Gln Leu Ala

215 220 225

tagttgggga ggttcggggc acc 810

<210> 798
<211> 229
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 798

Met Ser Gly Arg Leu Leu Val Ser Val Ser Ser Ile Phe Asp Gln Thr
1 5 10 15

Arg Ser Ala Ala Asp Arg Leu Ile Ser Asp Leu Arg Ala Asp Gly Ile
20 25 30

Glu Val Ser Leu Leu Val Ala Pro Arg Ile Asp Gly Asp Trp Arg Leu
35 40 45

Ala Lys Asp Lys Gly Thr Leu Ala Trp Met Glu Gln Gln Arg Glu Arg
50 55 60

Gly His Glu Leu Ile Leu Asn Gly Phe Asp Gln Ala Val Gln Gly Arg
65 70 75 80

Arg Ser Glu Phe Ala Asn Leu Glu Arg His Glu Ala Arg Leu Arg Leu
85 90 95

Thr Gly Ala Ile Arg Gln Met Gln Lys Ile Gly Phe Glu Phe Gln Ile
100 105 110

Phe Ala Pro Pro Arg Trp Arg Met Ser Glu Gly Thr Phe Ala Val Leu
115 120 125

Pro Glu Phe Asp Phe Asn Val Ala Ala Ser Thr Arg Gly Leu His Asn
130 135 140

Leu Asp Thr Gly Glu Phe Leu Ala Cys Arg Asn Leu Ser Val Gly Glu
145 150 155 160

Gly Phe Gly Ala Ala Lys Trp Trp Arg Lys Asn Val Ile Lys Ala Val
165 170 175

Thr Arg Gly Ala Glu Lys Gly Asn Thr Val Arg Leu Ser Ala Ser Ala
180 185 190

Arg Asn Leu Thr Asn Pro Lys Val Ala Ala Asp Phe Arg Glu Ala Ala
195 200 205

Leu Ala Ala Leu Asp Leu Gly Ala Gln Val Gln Thr Tyr Ser Gln Ala
210 215 220

Ala Ala Gln Leu Ala
225

<210> 799
<211> 956
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(933)
<223> RXA00306

<400> 799
gat tcc ggc att ccc acg cag ttg gtg gag ggc agc tgg ttt gaa ccg 48
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro

1 5 10 15

gtt cgc ggg cgc acc ttt gac cgc atc atc gcc aac ccg ccg ttc gtg 96
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val

20 25 30

gtg gga cca ccg gaa att ggg cat gtg tac cgc gat tcc ggc atg gat 144
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp

35 40 45

cta gac ggc gcg acc gcg ttg gtg gtc aaa gaa gcc tgc gcg cat ctc 192
Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu

50 55 60

aac cct ggt ggc acc gct cac ctg ctc ggc gca tgg gtg cat tcc gcg 240
Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala

65 70 75 80

gat caa tcg tgg cag cag cgc gtt gca gaa tgg ttg ccg gat aac ggt 288
Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly

85	90	95	
tat gtt gct tgg gtt att gag cgc gac gcc gtg agc ccc gcg cag tat			336
Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr			
100	105	110	
gtg ggc acg tgg ctt agt gat gag tcc ctc gat ctg cgt agc ccc gag			384
Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu			
115	120	125	
gca gca gca cgc acc acc gcg tgg ctt aac cac ttt gaa aaa gcc aag			432
Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys			
130	135	140	
gtt caa ggc gtt ggt ttt ggt ttc atc gcc atc caa cgt ctg gag gaa			480
Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu			
145	150	155	160
gac gag gcg gat gag aaa tcc gat atc ttg gct gaa tcc atg acc cag			528
Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln			
165	170	175	
tac ttc gag gat cct ctc ggc cct gaa att gag gag tac ttc acc cgc			576
Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg			
180	185	190	
acc gca tgg ctt cgt gaa caa act cgc gat tcc att ctg agc tcc cgc			624
Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg			
195	200	205	
ttc aaa gtt cgc cct ggc gtg gcc cgg gaa caa atc agc ctg gcc gat			672
Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp			
210	215	220	
gcg gaa gaa ggc atg ggc ttt agt cct gtc acg ttg agg ctc acc cgc			720
Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg			
225	230	235	240
acc gat ggt cct cgt tgg tcc cat gat gtt gat gag cat gtg gct tcc			768
Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser			

245 250 255
 atc gtc gca gga ctt aac cca cat gga ctc ccc ttt gaa gaa atc ctg 816
 Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu

260 265 270
 gaa atg tac gcg atg gct caa ggt atc gag gga gaa tcc ctg cac aac 864
 Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn

275 280 285
 ggc gcc att gcg gcg ttg gtg gat ctc atc cgc cac gga ttg gtg ttg 912
 Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu

290 295 300
 ccc gct gat ctt ctc gat tct taaataagga ctgattgtga aag 956
 Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser

305 310

<210> 800
 <211> 311
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 800
 Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro
 1 5 10 15

Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val
 20 25 30

Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp
 35 40 45

Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu
 50 55 60

Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala
 65 70 75 80

Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly

85

90

95

Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr
100 105 110

Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu
115 120 125

Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys
130 135 140

Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu
145 150 155 160

Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln
165 170 175

Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg
180 185 190

Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg
195 200 205

Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp
210 215 220

Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg
225 230 235 240

Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser
245 250 255

Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu
260 265 270

Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn
275 280 285

Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu
290 295 300

Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser
305 310

<210> 801
<211> 1263
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1240)
<223> RXA00884

<400> 801
catcttccgt ttcataccct gcactctacc ctgttcttag gaattcgcta tgtttaacat 60

caattaatca tgtatagggg gcaggcacta ggcttggggc atg tca gtt ttt ggt 115
Met Ser Val Phe Gly

1 5

gtg tat att cat gtg ccg ttt tgt tca act cgg tgc ggt tat tgc gat 163
Val Tyr Ile His Val Pro Phe Cys Ser Thr Arg Cys Gly Tyr Cys Asp

10 15 20

ttc aac acc tat act gct ggg gaa tta ggt agt act gca ggc ccg gac 211
Phe Asn Thr Tyr Thr Ala Gly Glu Leu Gly Ser Thr Ala Gly Pro Asp

25 30 35

acc tat ctt gac tcg ttg gaa gtt gag ttg gag atg gct gtg gct tcg 259
Thr Tyr Leu Asp Ser Leu Glu Val Glu Leu Glu Met Ala Val Ala Ser

40 45 50

ctg gat aat cct cgg cag gcg gaa act atc ttt att ggc ggg ggt acc 307
Leu Asp Asn Pro Arg Gln Ala Glu Thr Ile Phe Ile Gly Gly Gly Thr

55 60 65

ccg tcg ttg att ggt gcg gac ggt ttg gcc agg gtt ttg ggg gct gtg 355
Pro Ser Leu Ile Gly Ala Asp Gly Leu Ala Arg Val Leu Gly Ala Val

70 75 80 85

cgc aat act ttt ggc att gcg gat ggt gcg gaa gtc acc acg gag tcc 403
Arg Asn Thr Phe Gly Ile Ala Asp Gly Ala Glu Val Thr Thr Glu Ser

90	95	100	
aat ccg gag tct acc tcg cct gag ttt ttt gat ggc ctg cgt gag gcg			451
Asn Pro Glu Ser Thr Ser Pro Glu Phe Phe Asp Gly Leu Arg Glu Ala			
105	110	115	
ggc tac aac agg att tcg tta ggg atg cag tcg gcg tcg tca agc gtt			499
Gly Tyr Asn Arg Ile Ser Leu Gly Met Gln Ser Ala Ser Ser Ser Val			
120	125	130	
ttg aag gtg ctg gac cgc acg cac acc cca ggg cgc ccg gtg gcg gcg			547
Leu Lys Val Leu Asp Arg Thr His Thr Pro Gly Arg Pro Val Ala Ala			
135	140	145	
gcc aag gag gca cgt gag gcg ggg ttt gag cat gtc aat ttg gac atg			595
Ala Lys Glu Ala Arg Glu Ala Gly Phe Glu His Val Asn Leu Asp Met			
150	155	160	165
att tat ggc acg ccg aca gag acc gat gat gat gtc cgc aag acg ctg			643
Ile Tyr Gly Thr Pro Thr Glu Thr Asp Asp Asp Val Arg Lys Thr Leu			
170	175	180	
aat gcg gtg ctc gaa gcg aac gtg gat cac gtg tct gcc tat tcc ttg			691
Asn Ala Val Leu Glu Ala Asn Val Asp His Val Ser Ala Tyr Ser Leu			
185	190	195	
atc gtg aaa gat ggc acg gcg atg gcg cgc aag gtg cac aag ggc gag			739
Ile Val Lys Asp Gly Thr Ala Met Ala Arg Lys Val His Lys Gly Glu			
200	205	210	
ctg cca gcg ccg gac gag gat gtc tac gct gat cgt ttt gag ctt atc			787
Leu Pro Ala Pro Asp Glu Asp Val Tyr Ala Asp Arg Phe Glu Leu Ile			
215	220	225	
gac gct cgc ctg cgc tca gct ggt ttc gat tgg tac gag gtg tcc aac			835
Asp Ala Arg Leu Arg Ser Ala Gly Phe Asp Trp Tyr Glu Val Ser Asn			
230	235	240	245
tgg gcg aaa ccc ggc gga gaa tgc aag cac aac atg ggc tat tgg gtc			883
Trp Ala Lys Pro Gly Gly Glu Cys Lys His Asn Met Gly Tyr Trp Val			

250	255	260	
gac ggc gac tgg tgg ggc gcg ggc ccg ggc gcg cac tcg cac atc ggc			931
Asp Gly Asp Trp Trp Gly Ala Gly Pro Gly Ala His Ser His Ile Gly			
265	270	275	
gac cgc cgc ttc tac aac atc aag cac cca gcg cgt tac tcc gcg cag			979
Asp Arg Arg Phe Tyr Asn Ile Lys His Pro Ala Arg Tyr Ser Ala Gln			
280	285	290	
att gcg gcc ggc gag ctg ccc att aag gaa aca gag cgg ctg acg gcg			1027
Ile Ala Ala Gly Glu Leu Pro Ile Lys Glu Thr Glu Arg Leu Thr Ala			
295	300	305	
gaa gat cac cac acc gag cgc gtc atg ctt ggt ttg cgc ctg aaa caa			1075
Glu Asp His His Thr Glu Arg Val Met Leu Gly Leu Arg Leu Lys Gln			
310	315	320	325
ggc gtg ccg ctg aac ctt ttc gca ccc gca gcg cgc ccg gtc atc gac			1123
Gly Val Pro Leu Asn Leu Phe Ala Pro Ala Ala Arg Pro Val Ile Asp			
330	335	340	
cgt cat atc gca ggg ggc ctg ctg cac gtc aat gcg ctg ggc aac ctg			1171
Arg His Ile Ala Gly Gly Leu Leu His Val Asn Ala Leu Gly Asn Leu			
345	350	355	
gcg gtg acc gat gcg gga cgt ttg ctt gcc gac ggc atc atc gcc gac			1219
Ala Val Thr Asp Ala Gly Arg Leu Leu Ala Asp Gly Ile Ile Ala Asp			
360	365	370	
att ttg ctt agt gaa gaa gac taaatattta gtagggttac aga			1263
Ile Leu Leu Ser Glu Glu Asp			
375	380		
<210> 802			
<211> 380			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 802			
Met Ser Val Phe Gly Val Tyr Ile His Val Pro Phe Cys Ser Thr Arg			

1	5	10	15
Cys Gly Tyr Cys Asp Phe Asn Thr Tyr Thr Ala Gly Glu Leu Gly Ser	20	25	30
Thr Ala Gly Pro Asp Thr Tyr Leu Asp Ser Leu Glu Val Glu Leu Glu	35	40	45
Met Ala Val Ala Ser Leu Asp Asn Pro Arg Gln Ala Glu Thr Ile Phe	50	55	60
Ile Gly Gly Gly Thr Pro Ser Leu Ile Gly Ala Asp Gly Leu Ala Arg	65	70	75
Val Leu Gly Ala Val Arg Asn Thr Phe Gly Ile Ala Asp Gly Ala Glu	85	90	95
Val Thr Thr Glu Ser Asn Pro Glu Ser Thr Ser Pro Glu Phe Phe Asp	100	105	110
Gly Leu Arg Glu Ala Gly Tyr Asn Arg Ile Ser Leu Gly Met Gln Ser	115	120	125
Ala Ser Ser Ser Val Leu Lys Val Leu Asp Arg Thr His Thr Pro Gly	130	135	140
Arg Pro Val Ala Ala Ala Lys Glu Ala Arg Glu Ala Gly Phe Glu His	145	150	155
Val Asn Leu Asp Met Ile Tyr Gly Thr Pro Thr Glu Thr Asp Asp Asp	165	170	175
Val Arg Lys Thr Leu Asn Ala Val Leu Glu Ala Asn Val Asp His Val	180	185	190
Ser Ala Tyr Ser Leu Ile Val Lys Asp Gly Thr Ala Met Ala Arg Lys	195	200	205
Val His Lys Gly Glu Leu Pro Ala Pro Asp Glu Asp Val Tyr Ala Asp	210	215	220

Arg Phe Glu Leu Ile Asp Ala Arg Leu Arg Ser Ala Gly Phe Asp Trp
225 230 235 240

Tyr Glu Val Ser Asn Trp Ala Lys Pro Gly Gly Glu Cys Lys His Asn
245 250 255

Met Gly Tyr Trp Val Asp Gly Asp Trp Trp Gly Ala Gly Pro Gly Ala
260 265 270

His Ser His Ile Gly Asp Arg Arg Phe Tyr Asn Ile Lys His Pro Ala
275 280 285

Arg Tyr Ser Ala Gln Ile Ala Ala Gly Glu Leu Pro Ile Lys Glu Thr
290 295 300

Glu Arg Leu Thr Ala Glu Asp His His Thr Glu Arg Val Met Leu Gly
305 310 315 320

Leu Arg Leu Lys Gln Gly Val Pro Leu Asn Leu Phe Ala Pro Ala Ala
325 330 335

Arg Pro Val Ile Asp Arg His Ile Ala Gly Gly Leu Leu His Val Asn
340 345 350

Ala Leu Gly Asn Leu Ala Val Thr Asp Ala Gly Arg Leu Leu Ala Asp
355 360 365

Gly Ile Ile Ala Asp Ile Leu Leu Ser Glu Glu Asp
370 375 380

<210> 803

<211> 522

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(499)

<223> RXN02503

<400> 803

gcagcaccgg caaccacgtc cgtaacgcg tcagaactgc cggatgcggg tatcgtcgca 60

```

ttcgtgaacg caccttctgc cacacaaacg agggagtaac atg acc tta aaa att 115
                                Met Thr Leu Lys Ile

                                1                                5

ggg acc cga gga tcc aaa ctt gcc acc acc caa gct ggc acc atc cgc 163
Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln Ala Gly Thr Ile Arg

                                10                                15                                20

gac cag ctg aaa cac tac gga cgc gac gct gaa ctg cac atc gtg acc 211
Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu Leu His Ile Val Thr

                                25                                30                                35

acc cct ggt gat gtc aac atg tcc cca gtc gag cgt atc ggc gtc ggc 259
Thr Pro Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu Arg Ile Gly Val Gly

                                40                                45                                50

gtg ttc acc cag gcg ctg cgc gat gtg ttg cat tcc ggt gaa tgc gat 307
Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His Ser Gly Glu Cys Asp

                                55                                60                                65

gtg gct gtg cac tcc atg aag gat ctg ccg acc gcc acc gat cct cga 355
Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr Ala Thr Asp Pro Arg

                                70                                75                                80                                85

ttc cac ctg gtc gtg cca act cgt gcg gac tcg cgc gag gcc ctt atc 403
Phe His Leu Val Val Pro Thr Arg Ala Asp Ser Arg Glu Ala Leu Ile

                                90                                95                                100

gcc cgc gac ggc ctg act ctg gct gag ctt cca gaa agg cgc aaa ggt 451
Ala Arg Asp Gly Leu Thr Leu Ala Glu Leu Pro Glu Arg Arg Lys Gly

                                105                                110                                115

ggg aac ttc cgc tcc tcg acg cat ctc cca gct caa ggc aat ccg ccc 499
Gly Asn Phe Arg Ser Ser Thr His Leu Pro Ala Gln Gly Asn Pro Pro

                                120                                125                                130

tgacctggag attctccac tgc 522

```

<210> 804
 <211> 133
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 804

Met Thr Leu Lys Ile Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln
1 5 10 15

Ala Gly Thr Ile Arg Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu
20 25 30

Leu His Ile Val Thr Thr Pro Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu
35 40 45

Arg Ile Gly Val Gly Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His
50 55 60

Ser Gly Glu Cys Asp Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr
65 70 75 80

Ala Thr Asp Pro Arg Phe His Leu Val Val Pro Thr Arg Ala Asp Ser
85 90 95

Arg Glu Ala Leu Ile Ala Arg Asp Gly Leu Thr Leu Ala Glu Leu Pro
100 105 110

Glu Arg Arg Lys Gly Gly Asn Phe Arg Ser Ser Thr His Leu Pro Ala
115 120 125

Gln Gly Asn Pro Pro
130

<210> 805

<211> 558

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(535)

<223> FRXA02503

<220>

<221> misc_feature

<222> 409, 421

<223> n = a, c, t, or g

<220>

<221> VARIANT

<222> 96

<223> Xaa = Ser

<220>

<221> VARIANT

<222> 99

<223> Xaa = Gly

<220>

<221> VARIANT

<222> 106

<223> Xaa = Ala or Pro

<220>

<221> VARIANT

<222> 107

<223> Xaa = Asp or Glu

<220>

<221> VARIANT

<222> 109

<223> Xaa = Gly or Trp

<220>

<221> VARIANT

<222> 110

<223> Xaa = Leu

<220>

<221> VARIANT

<222> 112

<223> Xaa = Phe

<220>

<221> VARIANT

<222> 114

<223> Xaa = Lys

<220>

<221> VARIANT

<222> 115

<223> Xaa = Gly or Ala

<220>

<221> VARIANT

<222> 116

<223> Xaa = Glu or Gln

<400> 805

gcagcaccgg caaccacgtc cgtcaacgcg tcagaactgc cggatgcggg tatcgtcgca 60

ttcgtgaacg cacccttctgc cacacaaacg agggagtaac atg acc tta aaa att 115
Met Thr Leu Lys Ile

1 5

ggc acc cga gga tcc aaa ctt gcc acc acc caa gct ggc acc atc cgc 163
Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln Ala Gly Thr Ile Arg

10 15 20

gac cag ctg aaa cac tac gga cgc gac gct gaa ctg cac atc gtg acc 211
Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu Leu His Ile Val Thr

25 30 35

acc cct ggt gat gtc aac atg tcc cca gtc gag cgt atc ggc gtc ggc 259
Thr Pro Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu Arg Ile Gly Val Gly

40 45 50

gtg ttc acc cag gcg ctg cgc gat gtg ttg cat tcc ggt gaa tgc gat 307
Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His Ser Gly Glu Cys Asp

55 60 65

gtg gct gtg cac tcc atg aag gat ctg ccg acc gcc acc gat cct cga 355
Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr Ala Thr Asp Pro Arg

70 75 80 85

ttc cac ctg gtc gtg cca act cgt gcg gac tck cgc cga ggs cct tat 403
Phe His Leu Val Val Pro Thr Arg Ala Asp Xaa Arg Arg Xaa Pro Tyr

90 95 100

cgc ccn cga cgg sct gan ttt kgg ttr agc tty caa aar gsg saa agg 451
Arg Pro Arg Arg Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Ser Xaa Gln Xaa Xaa Xaa Arg

105 110 115

tgg gaa ctt tcc gct cct cga cgc atc tcc cag ctc aag gca atc cgc 499
Trp Glu Leu Ser Ala Pro Arg Arg Ile Ser Gln Leu Lys Ala Ile Arg

120 125 130

cct gac ctg gag att ctc cca ctt gcg cgg aaa cat tgacaccggc 545
Pro Asp Leu Glu Ile Leu Pro Leu Ala Arg Lys His

135 140 145

atgggcaagg tca 558

<210> 806
<211> 145
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 96
<223> Xaa = Ser

<220>
<221> VARIANT
<222> 99
<223> Xaa = Gly

<220>
<221> VARIANT
<222> 106
<223> Xaa = Ala or Pro

<220>
<221> VARIANT
<222> 107
<223> Xaa = Asp or Glu

<220>
<221> VARIANT
<222> 109
<223> Xaa = Gly or Trp

<220>
<221> VARIANT
<222> 110
<223> Xaa = Leu

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 112
 <223> Xaa = Phe

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 114
 <223> Xaa = Lys

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 115
 <223> Xaa = Gly or Ala

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 116
 <223> Xaa = Glu or Gln

<400> 806
 Met Thr Leu Lys Ile Gly Thr Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr Thr Gln
 1 5 10 15

Ala Gly Thr Ile Arg Asp Gln Leu Lys His Tyr Gly Arg Asp Ala Glu
 20 25 30

Leu His Ile Val Thr Thr Pro Gly Asp Val Asn Met Ser Pro Val Glu
 35 40 45

Arg Ile Gly Val Gly Val Phe Thr Gln Ala Leu Arg Asp Val Leu His
 50 55 60

Ser Gly Glu Cys Asp Val Ala Val His Ser Met Lys Asp Leu Pro Thr
 65 70 75 80

Ala Thr Asp Pro Arg Phe His Leu Val Val Pro Thr Arg Ala Asp Xaa
 85 90 95

Arg Arg Xaa Pro Tyr Arg Pro Arg Arg Xaa Xaa Phe Xaa Xaa Ser Xaa
 100 105 110

Gln Xaa Xaa Xaa Arg Trp Glu Leu Ser Ala Pro Arg Arg Ile Ser Gln
 115 120 125

Leu Lys Ala Ile Arg Pro Asp Leu Glu Ile Leu Pro Leu Ala Arg Lys
130 135 140

His
145

<210> 807
<211> 1245
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1222)
<223> RXA00377

<400> 807
aatggcgctc gggcagggcg cgcaagtact aaccagcaat tccaagccc aaaaaccct 60

cccatatagt tctttttact gatgcattgt cctcaattag gtg tgg ctt ctt ttc 115
Val Trp Leu Leu Phe
1 5

cta aat tgg gat aaa tgg ggc aag att gag cgc atg tct gct ctt act 163
Leu Asn Trp Asp Lys Trp Gly Lys Ile Glu Arg Met Ser Ala Leu Thr
10 15 20

att cca gct gcg cgt cgc acg cta aat aac gcg ccc att att gat gcc 211
Ile Pro Ala Ala Arg Arg Thr Leu Asn Asn Ala Pro Ile Ile Asp Ala
25 30 35

gct aat ggc aag acc ccg act cgc act ccg gtg tgg ttt atg cgc cag 259
Ala Asn Gly Lys Thr Pro Thr Arg Thr Pro Val Trp Phe Met Arg Gln
40 45 50

gcg ggt agg tcg ttg cct gag tac aag aag gtc cgt gag gga atc agc 307
Ala Gly Arg Ser Leu Pro Glu Tyr Lys Lys Val Arg Glu Gly Ile Ser
55 60 65

atg ttg gat tcc tgt ttc atg ccg gag ttg ttg gcg gag att act ttg 355

Met	Leu	Asp	Ser	Cys	Phe	Met	Pro	Glu	Leu	Leu	Ala	Glu	Ile	Thr	Leu	
70					75					80					85	
cag	ccg	gtt	cgt	cgt	cat	gat	gtg	gat	gct	gcg	att	ttg	ttc	tct	gac	403
Gln	Pro	Val	Arg	Arg	His	Asp	Val	Asp	Ala	Ala	Ile	Leu	Phe	Ser	Asp	
				90					95					100		
att	gtg	gtg	ccg	ttg	cgt	gct	gcg	ggg	gtt	ggg	gtg	gaa	atc	gtg	gcg	451
Ile	Val	Val	Pro	Leu	Arg	Ala	Ala	Gly	Val	Gly	Val	Glu	Ile	Val	Ala	
			105					110					115			
ggg	cgt	gga	cct	gtg	ttg	gat	gcg	ccg	gtg	cgg	agc	cgt	ggg	gat	gtg	499
Gly	Arg	Gly	Pro	Val	Leu	Asp	Ala	Pro	Val	Arg	Ser	Arg	Gly	Asp	Val	
	120						125					130				
ttg	aat	ctt	cct	att	ttg	gag	ggc	aac	gtt	ccg	gag	gtg	gag	cag	ggg	547
Leu	Asn	Leu	Pro	Ile	Leu	Glu	Gly	Asn	Val	Pro	Glu	Val	Glu	Gln	Gly	
	135					140					145					
att	ggc	atc	att	ttg	gat	gag	ttg	tct	gat	tct	cag	gcg	ttg	att	ggg	595
Ile	Gly	Ile	Ile	Leu	Asp	Glu	Leu	Ser	Asp	Ser	Gln	Ala	Leu	Ile	Gly	
150					155					160					165	
ttt	gct	ggg	gcg	ccg	ttt	acg	ttg	gcg	agt	tac	ttg	gtt	gag	ggg	ggg	643
Phe	Ala	Gly	Ala	Pro	Phe	Thr	Leu	Ala	Ser	Tyr	Leu	Val	Glu	Gly	Gly	
			170					175					180			
cct	tcc	aag	aat	cat	gag	aag	acc	aaa	gca	atg	atg	cat	ggg	gat	cct	691
Pro	Ser	Lys	Asn	His	Glu	Lys	Thr	Lys	Ala	Met	Met	His	Gly	Asp	Pro	
		185						190					195			
gag	acg	tgg	cat	gcg	ttg	atg	gct	cgt	ttg	gtg	ccg	acg	att	gtg	aat	739
Glu	Thr	Trp	His	Ala	Leu	Met	Ala	Arg	Leu	Val	Pro	Thr	Ile	Val	Asn	
	200						205				210					
tct	ttg	aag	tcg	cag	atc	gat	gcg	ggg	atc	gat	gcg	gtg	cag	ttg	ttt	787
Ser	Leu	Lys	Ser	Gln	Ile	Asp	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Val	Gln	Leu	Phe	
	215					220					225					
gat	tcg	tgg	gct	ggg	ttc	ctc	act	gag	cgt	gat	tac	acc	gag	ttc	gtg	835

Asp Ser Trp Ala Gly Phe Leu Thr Glu Arg Asp Tyr Thr Glu Phe Val
230 235 240 245
ttg ccg tat tcc act gag att ttg gag gaa gtg ggc aag tac cag ctg 883
Leu Pro Tyr Ser Thr Glu Ile Leu Glu Glu Val Gly Lys Tyr Gln Leu
250 255 260
cct cgt att cac ttt ggt gtg ggt act ggt gag ttg ctt ggt gcg atg 931
Pro Arg Ile His Phe Gly Val Gly Thr Gly Glu Leu Leu Gly Ala Met
265 270 275
agc aag gct ggc tca gag gtc atg ggt gtg gat tgg cgg gtg ccg ttg 979
Ser Lys Ala Gly Ser Glu Val Met Gly Val Asp Trp Arg Val Pro Leu
280 285 290
gat aag gct gcg gag cgt att gct gcg gta tca ggt cct aag gtg ttg 1027
Asp Lys Ala Ala Glu Arg Ile Ala Ala Val Ser Gly Pro Lys Val Leu
295 300 305
cag ggt aac ctc gat cct gcg ttg ttg ttt gcg ggt cgc gca cct ttg 1075
Gln Gly Asn Leu Asp Pro Ala Leu Leu Phe Ala Gly Arg Ala Pro Leu
310 315 320 325
act aag gaa att gag cgc atc aag gca gag gct cag act gct gtt gat 1123
Thr Lys Glu Ile Glu Arg Ile Lys Ala Glu Ala Gln Thr Ala Val Asp
330 335 340
gca ggt cat gca acg ggc cat atc ttt aac ctt ggt cat ggt gtg ctt 1171
Ala Gly His Ala Thr Gly His Ile Phe Asn Leu Gly His Gly Val Leu
345 350 355
cct aat acg gtg gcg gaa gat att act gaa gcc gtc tcc atc att cat 1219
Pro Asn Thr Val Ala Glu Asp Ile Thr Glu Ala Val Ser Ile Ile His
360 365 370
tct taaactaaga ggagtttcat gcg 1245
Ser

<210> 808

<211> 374

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 808

Val Trp Leu Leu Phe Leu Asn Trp Asp Lys Trp Gly Lys Ile Glu Arg
1 5 10 15

Met Ser Ala Leu Thr Ile Pro Ala Ala Arg Arg Thr Leu Asn Asn Ala
20 25 30

Pro Ile Ile Asp Ala Ala Asn Gly Lys Thr Pro Thr Arg Thr Pro Val
35 40 45

Trp Phe Met Arg Gln Ala Gly Arg Ser Leu Pro Glu Tyr Lys Lys Val
50 55 60

Arg Glu Gly Ile Ser Met Leu Asp Ser Cys Phe Met Pro Glu Leu Leu
65 70 75 80

Ala Glu Ile Thr Leu Gln Pro Val Arg Arg His Asp Val Asp Ala Ala
85 90 95

Ile Leu Phe Ser Asp Ile Val Val Pro Leu Arg Ala Ala Gly Val Gly
100 105 110

Val Glu Ile Val Ala Gly Arg Gly Pro Val Leu Asp Ala Pro Val Arg
115 120 125

Ser Arg Gly Asp Val Leu Asn Leu Pro Ile Leu Glu Gly Asn Val Pro
130 135 140

Glu Val Glu Gln Gly Ile Gly Ile Ile Leu Asp Glu Leu Ser Asp Ser
145 150 155 160

Gln Ala Leu Ile Gly Phe Ala Gly Ala Pro Phe Thr Leu Ala Ser Tyr
165 170 175

Leu Val Glu Gly Gly Pro Ser Lys Asn His Glu Lys Thr Lys Ala Met
180 185 190

Met His Gly Asp Pro Glu Thr Trp His Ala Leu Met Ala Arg Leu Val

195	200	205
Pro Thr Ile Val Asn Ser Leu Lys Ser Gln Ile Asp Ala Gly Ile Asp		
210	215	220
Ala Val Gln Leu Phe Asp Ser Trp Ala Gly Phe Leu Thr Glu Arg Asp		
225	230	235 240
Tyr Thr Glu Phe Val Leu Pro Tyr Ser Thr Glu Ile Leu Glu Glu Val		
245	250	255
Gly Lys Tyr Gln Leu Pro Arg Ile His Phe Gly Val Gly Thr Gly Glu		
260	265	270
Leu Leu Gly Ala Met Ser Lys Ala Gly Ser Glu Val Met Gly Val Asp		
275	280	285
Trp Arg Val Pro Leu Asp Lys Ala Ala Glu Arg Ile Ala Ala Val Ser		
290	295	300
Gly Pro Lys Val Leu Gln Gly Asn Leu Asp Pro Ala Leu Leu Phe Ala		
305	310	315 320
Gly Arg Ala Pro Leu Thr Lys Glu Ile Glu Arg Ile Lys Ala Glu Ala		
325	330	335
Gln Thr Ala Val Asp Ala Gly His Ala Thr Gly His Ile Phe Asn Leu		
340	345	350
Gly His Gly Val Leu Pro Asn Thr Val Ala Glu Asp Ile Thr Glu Ala		
355	360	365
Val Ser Ile Ile His Ser		
370		

<210> 809
 <211> 681
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS

<222> (101)..(658)

<223> RXN02504

<400> 809

cctcgattcc acctggtcgt gccaaactcgt gcggactcgc gcgagccct tategccgc 60

gacggcctga ctctggctga gcttccagaa aggcgcaaag gtg gga act tcc gct 115
Val Gly Thr Ser Ala

1 5

cct cga cgc atc tcc cag ctc aag gca atc cgc cct gac ctg gag att 163
Pro Arg Arg Ile Ser Gln Leu Lys Ala Ile Arg Pro Asp Leu Glu Ile

10 15 20

ctc cca ctg cgc gga aac att gac acc ggc atg ggc aag gtc acc tcc 211
Leu Pro Leu Arg Gly Asn Ile Asp Thr Gly Met Gly Lys Val Thr Ser

25 30 35

ggc gaa ctc gat gct gtg atg ctc gcc tac gca ggc ctc acc cgc gtc 259
Gly Glu Leu Asp Ala Val Met Leu Ala Tyr Ala Gly Leu Thr Arg Val

40 45 50

ggc atg cag gac cgc gca acg gaa gtt ttc gac gcc gac atc atc atg 307
Gly Met Gln Asp Arg Ala Thr Glu Val Phe Asp Ala Asp Ile Ile Met

55 60 65

ccc gcc ccc gca cag ggc gca ctt gcg atc gaa tgc cgc gcc gac gac 355
Pro Ala Pro Ala Gln Gly Ala Leu Ala Ile Glu Cys Arg Ala Asp Asp

70 75 80 85

act gaa acc gtc cgc gcg ctc aac atg ctg atg cac gcc gac acg ttt 403
Thr Glu Thr Val Arg Ala Leu Asn Met Leu Met His Ala Asp Thr Phe

90 95 100

gtt tcc gcg gtt gca gaa cgc acc gtg ctc aac cgc ctc gaa gct ggc 451
Val Ser Ala Val Ala Glu Arg Thr Val Leu Asn Arg Leu Glu Ala Gly

105 110 115

tgt acc gcg cct gtc gca gcg cac gcc acc ttg gac ggc tac tcc ggc 499
Cys Thr Ala Pro Val Ala Ala His Ala Thr Leu Asp Gly Tyr Ser Gly

120 125 130

gac acc atg act ctc acc gcc ggc gtc tac gca ctt gac ggc tct gac 547
Asp Thr Met Thr Leu Thr Ala Gly Val Tyr Ala Leu Asp Gly Ser Asp

135 140 145

cag ctg gta ttc tcc gcc gaa ggt gac ggc gcc cgc cca gaa gag ctc 595
Gln Leu Val Phe Ser Ala Glu Gly Asp Gly Ala Arg Pro Glu Glu Leu

150 155 160 165

ggc gag ctc gtt gca caa cag ctt atc gac gcc gga gcc gcc aat ttg 643
Gly Glu Leu Val Ala Gln Gln Leu Ile Asp Ala Gly Ala Ala Asn Leu

170 175 180

ctc ggc gac cgc agc taattagggc ccgaaatttc cat 681
Leu Gly Asp Arg Ser

185

<210> 810
<211> 186
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 810
Val Gly Thr Ser Ala Pro Arg Arg Ile Ser Gln Leu Lys Ala Ile Arg
1 5 10 15

Pro Asp Leu Glu Ile Leu Pro Leu Arg Gly Asn Ile Asp Thr Gly Met
20 25 30

Gly Lys Val Thr Ser Gly Glu Leu Asp Ala Val Met Leu Ala Tyr Ala
35 40 45

Gly Leu Thr Arg Val Gly Met Gln Asp Arg Ala Thr Glu Val Phe Asp
50 55 60

Ala Asp Ile Ile Met Pro Ala Pro Ala Gln Gly Ala Leu Ala Ile Glu
65 70 75 80

Cys Arg Ala Asp Asp Thr Glu Thr Val Arg Ala Leu Asn Met Leu Met
85 90 95

His Ala Asp Thr Phe Val Ser Ala Val Ala Glu Arg Thr Val Leu Asn
100 105 110

Arg Leu Glu Ala Gly Cys Thr Ala Pro Val Ala Ala His Ala Thr Leu
115 120 125

Asp Gly Tyr Ser Gly Asp Thr Met Thr Leu Thr Ala Gly Val Tyr Ala
130 135 140

Leu Asp Gly Ser Asp Gln Leu Val Phe Ser Ala Glu Gly Asp Gly Ala
145 150 155 160

Arg Pro Glu Glu Leu Gly Glu Leu Val Ala Gln Gln Leu Ile Asp Ala
165 170 175

Gly Ala Ala Asn Leu Leu Gly Asp Arg Ser
180 185

<210> 811

<211> 561

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(538)

<223> FRXA02504

<400> 811

gcattctccca gctcaaggca atccgccctg acctggagat tctcccactt gcgcggaaac 60

attgacaccg gcatgggcaa gggtcacctcc ggtgaactcg atg ctt gtg atg etc 115
Met Leu Val Met Leu

1 5

gcc tac gca ggc ctc acc cgc gtc ggc atg cag gac cgc gca acg gaa 163
Ala Tyr Ala Gly Leu Thr Arg Val Gly Met Gln Asp Arg Ala Thr Glu

10 15 20

gtt ttc gac gcc gac atc atc atg ccc gcc ccc gca cag ggc gca ctt 211
Val Phe Asp Ala Asp Ile Ile Met Pro Ala Pro Ala Gln Gly Ala Leu

25	30	35	
gcg atc gaa tgc cgc gcc gac gac act gaa acc gtc cgc gcg ctc aac			259
Ala Ile Glu Cys Arg Ala Asp Asp Thr Glu Thr Val Arg Ala Leu Asn			
40	45	50	
atg ctg atg cac gcc gac acg ttt gtt tcc gcg gtt gca gaa cgc acc			307
Met Leu Met His Ala Asp Thr Phe Val Ser Ala Val Ala Glu Arg Thr			
55	60	65	
gtg ctc aac cgc ctc gaa gct ggc tgt acc gcg cct gtc gca gcg cac			355
Val Leu Asn Arg Leu Glu Ala Gly Cys Thr Ala Pro Val Ala Ala His			
70	75	80	85
gcc acc ttg gac ggc tac tcc ggc gac acc atg act ctc acc gcc ggc			403
Ala Thr Leu Asp Gly Tyr Ser Gly Asp Thr Met Thr Leu Thr Ala Gly			
90	95	100	
gtc tac gca ctt gac ggc tct gac cag ctg gta ttc tcc gcc gaa ggt			451
Val Tyr Ala Leu Asp Gly Ser Asp Gln Leu Val Phe Ser Ala Glu Gly			
105	110	115	
gac ggc gcc cgc cca gaa gag ctc ggc gag ctc gtt gca caa cag ctt			499
Asp Gly Ala Arg Pro Glu Glu Leu Gly Glu Leu Val Ala Gln Gln Leu			
120	125	130	
atc gac gcc gga gcc gcc aat ttg ctc ggc gac cgc agc taattagggc			548
Ile Asp Ala Gly Ala Ala Asn Leu Leu Gly Asp Arg Ser			
135	140	145	
ccgaaatttc cat			561

<210> 812
 <211> 146
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 812
 Met Leu Val Met Leu Ala Tyr Ala Gly Leu Thr Arg Val Gly Met Gln
 1 5 10 15

Asp Arg Ala Thr Glu Val Phe Asp Ala Asp Ile Ile Met Pro Ala Pro
20 25 30

Ala Gln Gly Ala Leu Ala Ile Glu Cys Arg Ala Asp Asp Thr Glu Thr
35 40 45

Val Arg Ala Leu Asn Met Leu Met His Ala Asp Thr Phe Val Ser Ala
50 55 60

Val Ala Glu Arg Thr Val Leu Asn Arg Leu Glu Ala Gly Cys Thr Ala
65 70 75 80

Pro Val Ala Ala His Ala Thr Leu Asp Gly Tyr Ser Gly Asp Thr Met
85 90 95

Thr Leu Thr Ala Gly Val Tyr Ala Leu Asp Gly Ser Asp Gln Leu Val
100 105 110

Phe Ser Ala Glu Gly Asp Gly Ala Arg Pro Glu Glu Leu Gly Glu Leu
115 120 125

Val Ala Gln Gln Leu Ile Asp Ala Gly Ala Ala Asn Leu Leu Gly Asp
130 135 140

Arg Ser
145

<210> 813
<211> 1449
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1426)
<223> RXN01162

<400> 813
catcgaatac gtgcctgct gaatagatga catcgcagag atctataaga gtcagtgggt 60

gtcgggggttt cacagtcact tattctatgc aggattcacc atg tat atc gtg ggg 115

Met Tyr Ile Val Gly																			
1					5														
att tgt cta caa tta gtg gtt atg agc caa ccg atg tca gca ccc gac	163																		
Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro Met Ser Ala Pro Asp																			
10					15					20									
tcc gct cca gga aca gag cgc ggt cat gaa cgc acc cat ttt gcg gta	211																		
Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg Thr His Phe Ala Val																			
25					30					35									
gtc ggt gac tcc cag gat cca gca cag gca aca gct cct aga gcg cca	259																		
Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr Ala Pro Arg Ala Pro																			
40					45					50									
gca gaa tca att act ttg att ggt att ggt acc gat ggg ttt gag ggg	307																		
Ala Glu Ser Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr Asp Gly Phe Glu Gly																			
55					60					65									
ctc gga ctc aag gca cag caa gca tta caa cgt gcc tct gtg gtg att	355																		
Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg Ala Ser Val Val Ile																			
70					75					80					85				
gga tca tgg cgc cag ctc aat ctc gta cct gat gcc att aag gca gag	403																		
Gly Ser Trp Arg Gln Leu Asn Leu Val Pro Asp Ala Ile Lys Ala Glu																			
90					95					100									
cgt cgc cca tgg ccg ggt aat acc aag cat cct gat tta gat gcc ttg	451																		
Arg Arg Pro Trp Pro Gly Asn Thr Lys His Pro Asp Leu Asp Ala Leu																			
105					110					115									
ttt aaa gag ttc ctc ggt cgg cat gtt gct gtt ctg gcc tct ggc gat	499																		
Phe Lys Glu Phe Leu Gly Arg His Val Ala Val Leu Ala Ser Gly Asp																			
120					125					130									
cca ctg ttt tac ggc gtg ggc acc gca atg gtc cat gtg ctg ggg atg	547																		
Pro Leu Phe Tyr Gly Val Gly Thr Ala Met Val His Val Leu Gly Met																			
135					140					145									
gat aga ctc acg gtt att ccg gga cca tca tcc gcg tcg ctt gct tgc	595																		

Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser Ala Ser Leu Ala Cys	
150 155 160 165	
gcc cgc ttg ggt tgg aca gtc aac cgc aca cgg gtg gtg tac cta gga	643
Ala Arg Leu Gly Trp Thr Val Asn Arg Thr Arg Val Val Tyr Leu Gly	
170 175 180	
caa gaa ccc att gag aca ctc atc ccg att att gaa tca ggc gct caa	691
Gln Glu Pro Ile Glu Thr Leu Ile Pro Ile Ile Glu Ser Gly Ala Gln	
185 190 195	
ttc ctc gtc ttg ggt aaa gat gaa ttc agt aca gct caa gtt gcc acg	739
Phe Leu Val Leu Gly Lys Asp Glu Phe Ser Thr Ala Gln Val Ala Thr	
200 205 210	
ttg ttg aat gaa ctc gga ctg ggg gag act cca ctg act gtg ctc agc	787
Leu Leu Asn Glu Leu Gly Leu Gly Glu Thr Pro Leu Thr Val Leu Ser	
215 220 225	
gat ttg ggc agt act gat gag gag atc acc caa ggc aca gct tca cat	835
Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln Gly Thr Ala Ser His	
230 235 240 245	
cca cca gct gca gtg tct gtt ctc aac gtg att gct gtg gga gct cgc	883
Pro Pro Ala Ala Val Ser Val Leu Asn Val Ile Ala Val Gly Ala Arg	
250 255 260	
acc gca atg ccg aaa ccc cac ttt gaa ggc gac gta tca aac gaa gac	931
Thr Ala Met Pro Lys Pro His Phe Glu Gly Asp Val Ser Asn Glu Asp	
265 270 275	
ctt cgg gca ctg acc gtg gca gct cta gaa ccc acc cag gga caa atg	979
Leu Arg Ala Leu Thr Val Ala Ala Leu Glu Pro Thr Gln Gly Gln Met	
280 285 290	
ctg tgg acc ttc ggg gat att gga gca gca ctt gcc tgc gat tgg cta	1027
Leu Trp Thr Phe Gly Asp Ile Gly Ala Ala Leu Ala Cys Asp Trp Leu	
295 300 305	
cgc gca gcc ggc aac aag gcg cac gcc att agt ttt gcc tcc atg gtt	1075

Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser Phe Ala Ser Met Val
310 315 320 325
gag caa agc caa agg aat gct cgc aaa cta ggt gta tcc acc ctc agt 1123
Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly Val Ser Thr Leu Ser
330 335 340
gtg aaa gag acc ctg tca ccc aaa acg ctc aaa gat atc cgc tat gta 1171
Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys Asp Ile Arg Tyr Val
345 350 355
caa gga cca gaa tca gca agc cca cat gcc atc ttc atg aac aaa ggc 1219
Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile Phe Met Asn Lys Gly
360 365 370
cta ggc atc gat cta gtt cct gaa acc gca tgg atg atg ctg cgg cct 1267
Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp Met Met Leu Arg Pro
375 380 385
gga gga aag ctc att gcg caa gcc tcc aca gaa gac aac atc gca aag 1315
Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu Asp Asn Ile Ala Lys
390 395 400 405
ctt cac aca ctc caa gaa caa cac ggc gga atc atc aaa cac atc cgc 1363
Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly Ile Ile Lys His Ile Arg
410 415 420
atc gac gac aca gac gtg cac caa tgg cga gtt aca aag ccg gtg act 1411
Ile Asp Asp Thr Asp Val His Gln Trp Arg Val Thr Lys Pro Val Thr
425 430 435
cca gaa gcg gtg aat tagcatcaaa aaccaacccc atg 1449
Pro Glu Ala Val Asn
440

<210> 814
<211> 442
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 814

Met Tyr Ile Val Gly Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro
1 5 10 15

Met Ser Ala Pro Asp Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg
20 25 30

Thr His Phe Ala Val Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr
35 40 45

Ala Pro Arg Ala Pro Ala Glu Ser Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr
50 55 60

Asp Gly Phe Glu Gly Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg
65 70 75 80

Ala Ser Val Val Ile Gly Ser Trp Arg Gln Leu Asn Leu Val Pro Asp
85 90 95

Ala Ile Lys Ala Glu Arg Arg Pro Trp Pro Gly Asn Thr Lys His Pro
100 105 110

Asp Leu Asp Ala Leu Phe Lys Glu Phe Leu Gly Arg His Val Ala Val
115 120 125

Leu Ala Ser Gly Asp Pro Leu Phe Tyr Gly Val Gly Thr Ala Met Val
130 135 140

His Val Leu Gly Met Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser
145 150 155 160

Ala Ser Leu Ala Cys Ala Arg Leu Gly Trp Thr Val Asn Arg Thr Arg
165 170 175

Val Val Tyr Leu Gly Gln Glu Pro Ile Glu Thr Leu Ile Pro Ile Ile
180 185 190

Glu Ser Gly Ala Gln Phe Leu Val Leu Gly Lys Asp Glu Phe Ser Thr
195 200 205

Ala Gln Val Ala Thr Leu Leu Asn Glu Leu Gly Leu Gly Glu Thr Pro
210 215 220

Leu Thr Val Leu Ser Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln
225 230 235 240

Gly Thr Ala Ser His Pro Pro Ala Ala Val Ser Val Leu Asn Val Ile
245 250 255

Ala Val Gly Ala Arg Thr Ala Met Pro Lys Pro His Phe Glu Gly Asp
260 265 270

Val Ser Asn Glu Asp Leu Arg Ala Leu Thr Val Ala Ala Leu Glu Pro
275 280 285

Thr Gln Gly Gln Met Leu Trp Thr Phe Gly Asp Ile Gly Ala Ala Leu
290 295 300

Ala Cys Asp Trp Leu Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser
305 310 315 320

Phe Ala Ser Met Val Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly
325 330 335

Val Ser Thr Leu Ser Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys
340 345 350

Asp Ile Arg Tyr Val Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile
355 360 365

Phe Met Asn Lys Gly Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp
370 375 380

Met Met Leu Arg Pro Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu
385 390 395 400

Asp Asn Ile Ala Lys Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly Ile
405 410 415

Ile Lys His Ile Arg Ile Asp Asp Thr Asp Val His Gln Trp Arg Val
420 425 430

Thr Lys Pro Val Thr Pro Glu Ala Val Asn

435

440

<210> 815
<211> 1345
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1345)
<223> FRXA01162

<400> 815
catcgaatac gtgccctgct gaatagatga catcgagag atctataaga gtcagtgggtt 60

gtcgggggttt cacagtcact tattctatgc aggattcacc atg tat atc gtg ggg 115
Met Tyr Ile Val Gly

1 5

att tgt cta caa tta gtg gtt atg agc caa ccg atg tca gca ccc gac 163
Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro Met Ser Ala Pro Asp

10 15 20

tcc gct cca gga aca gag cgc ggt cat gaa cgc acc cat ttt gcg gta 211
Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg Thr His Phe Ala Val

25 30 35

gtc ggt gac tcc cag gat cca gca cag gca aca gct cct aga gcg cca 259
Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr Ala Pro Arg Ala Pro

40 45 50

gca gaa tca att act ttg att ggt att ggt acc gat ggg ttt gag ggg 307
Ala Glu Ser Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr Asp Gly Phe Glu Gly

55 60 65

ctc gga ctc aag gca cag caa gca tta caa cgt gcc tct gtg gtg att 355
Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg Ala Ser Val Val Ile

70 75 80 85

gga tca tgg cgc cag ctc aat ctc gta cct gat gcc att aag gca gag 403
Gly Ser Trp Arg Gln Leu Asn Leu Val Pro Asp Ala Ile Lys Ala Glu

90	95	100	
cgt cgc cca tgg ccg ggt aat acc aag cat cct gat tta gat gcc ttg			451
Arg Arg Pro Trp Pro Gly Asn Thr Lys His Pro Asp Leu Asp Ala Leu			
105	110	115	
ttt aaa gag ttc ctc ggt cgg cat gtt gct gtt ctg gcc tct ggc gat			499
Phe Lys Glu Phe Leu Gly Arg His Val Ala Val Leu Ala Ser Gly Asp			
120	125	130	
cca ctg ttt tac ggc gtg ggc acc gca atg gtc cat gtg ctg ggg atg			547
Pro Leu Phe Tyr Gly Val Gly Thr Ala Met Val His Val Leu Gly Met			
135	140	145	
gat aga ctc acg gtt att ccg gga cca tca tcc gcg tcg ctt gct tgc			595
Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser Ala Ser Leu Ala Cys			
150	155	160	165
gcc cgc ttg ggt tgg aca gtc aac cgc aca cgg gtg gtg tac cta gga			643
Ala Arg Leu Gly Trp Thr Val Asn Arg Thr Arg Val Val Tyr Leu Gly			
170	175	180	
caa gaa ccc att gag aca ctc atc ccg att att gaa tca ggc gct caa			691
Gln Glu Pro Ile Glu Thr Leu Ile Pro Ile Ile Glu Ser Gly Ala Gln			
185	190	195	
ttc ctc gtc ttg ggt aaa gat gaa ttc agt aca gct caa gtt gcc acg			739
Phe Leu Val Leu Gly Lys Asp Glu Phe Ser Thr Ala Gln Val Ala Thr			
200	205	210	
ttg ttg aat gaa ctc gga ctg ggg gag act cca ctg act gtg ctc agc			787
Leu Leu Asn Glu Leu Gly Leu Gly Glu Thr Pro Leu Thr Val Leu Ser			
215	220	225	
gat ttg ggc agt act gat gag gag atc acc caa ggc aca gct tca cat			835
Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln Gly Thr Ala Ser His			
230	235	240	245
cca cca gct gca gtg tct gtt ctc aac gtg att gct gtg gga gct cgc			883
Pro Pro Ala Ala Val Ser Val Leu Asn Val Ile Ala Val Gly Ala Arg			

250	255	260	
acc gca atg ccg aaa ccc cac ttt gaa ggc gac gta tca aac gaa gac			931
Thr Ala Met Pro Lys Pro His Phe Glu Gly Asp Val Ser Asn Glu Asp			
265	270	275	
ctt cgg gca ctg acc gtg gca gct cta gaa ccc acc cag gga caa atg			979
Leu Arg Ala Leu Thr Val Ala Ala Leu Glu Pro Thr Gln Gly Gln Met			
280	285	290	
ctg tgg acc ttc ggg gat att gga gca gca ctt gcc tgc gat tgg cta			1027
Leu Trp Thr Phe Gly Asp Ile Gly Ala Ala Leu Ala Cys Asp Trp Leu			
295	300	305	
cgc gca gcc ggc aac aag gcg cac gcc att agt ttt gcc tcc atg gtt			1075
Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser Phe Ala Ser Met Val			
310	315	320	325
gag caa agc caa agg aat gct cgc aaa cta ggt gta tcc acc ctc agt			1123
Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly Val Ser Thr Leu Ser			
330	335	340	
gtg aaa gag acc ctg tca ccc aaa acg ctc aaa gat atc cgc tat gta			1171
Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys Asp Ile Arg Tyr Val			
345	350	355	
caa gga cca gaa tca gca agc cca cat gcc atc ttc atg aac aaa ggc			1219
Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile Phe Met Asn Lys Gly			
360	365	370	
cta ggc atc gat cta gtt cct gaa acc gca tgg atg atg ctg cgg cct			1267
Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp Met Met Leu Arg Pro			
375	380	385	
gga gga aag ctc att gcg caa gcc tcc aca gaa gac aac atc gca aag			1315
Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu Asp Asn Ile Ala Lys			
390	395	400	405
ctt cac aca ctc caa gaa caa cac ggc gga			1345
Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly			

410

415

<210> 816

<211> 415

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 816

Met Tyr Ile Val Gly Ile Cys Leu Gln Leu Val Val Met Ser Gln Pro
1 5 10 15

Met Ser Ala Pro Asp Ser Ala Pro Gly Thr Glu Arg Gly His Glu Arg
20 25 30

Thr His Phe Ala Val Val Gly Asp Ser Gln Asp Pro Ala Gln Ala Thr
35 40 45

Ala Pro Arg Ala Pro Ala Glu Ser Ile Thr Leu Ile Gly Ile Gly Thr
50 55 60

Asp Gly Phe Glu Gly Leu Gly Leu Lys Ala Gln Gln Ala Leu Gln Arg
65 70 75 80

Ala Ser Val Val Ile Gly Ser Trp Arg Gln Leu Asn Leu Val Pro Asp
85 90 95

Ala Ile Lys Ala Glu Arg Arg Pro Trp Pro Gly Asn Thr Lys His Pro
100 105 110

Asp Leu Asp Ala Leu Phe Lys Glu Phe Leu Gly Arg His Val Ala Val
115 120 125

Leu Ala Ser Gly Asp Pro Leu Phe Tyr Gly Val Gly Thr Ala Met Val
130 135 140

His Val Leu Gly Met Asp Arg Leu Thr Val Ile Pro Gly Pro Ser Ser
145 150 155 160

Ala Ser Leu Ala Cys Ala Arg Leu Gly Trp Thr Val Asn Arg Thr Arg
165 170 175

Val Val Tyr Leu Gly Gln Glu Pro Ile Glu Thr Leu Ile Pro Ile Ile

180	185	190
Glu Ser Gly Ala Gln Phe Leu Val Leu Gly Lys Asp Glu Phe Ser Thr		
195	200	205
Ala Gln Val Ala Thr Leu Leu Asn Glu Leu Gly Leu Gly Glu Thr Pro		
210	215	220
Leu Thr Val Leu Ser Asp Leu Gly Ser Thr Asp Glu Glu Ile Thr Gln		
225	230	235
		240
Gly Thr Ala Ser His Pro Pro Ala Ala Val Ser Val Leu Asn Val Ile		
245	250	255
Ala Val Gly Ala Arg Thr Ala Met Pro Lys Pro His Phe Glu Gly Asp		
260	265	270
Val Ser Asn Glu Asp Leu Arg Ala Leu Thr Val Ala Ala Leu Glu Pro		
275	280	285
Thr Gln Gly Gln Met Leu Trp Thr Phe Gly Asp Ile Gly Ala Ala Leu		
290	295	300
Ala Cys Asp Trp Leu Arg Ala Ala Gly Asn Lys Ala His Ala Ile Ser		
305	310	315
		320
Phe Ala Ser Met Val Glu Gln Ser Gln Arg Asn Ala Arg Lys Leu Gly		
325	330	335
Val Ser Thr Leu Ser Val Lys Glu Thr Leu Ser Pro Lys Thr Leu Lys		
340	345	350
Asp Ile Arg Tyr Val Gln Gly Pro Glu Ser Ala Ser Pro His Ala Ile		
355	360	365
Phe Met Asn Lys Gly Leu Gly Ile Asp Leu Val Pro Glu Thr Ala Trp		
370	375	380
Met Met Leu Arg Pro Gly Gly Lys Leu Ile Ala Gln Ala Ser Thr Glu		
385	390	395
		400
Asp Asn Ile Ala Lys Leu His Thr Leu Gln Glu Gln His Gly Gly		

405

410

415

<210> 817

<211> 873

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(850)

<223> RXA01692

<400> 817

gggctgatgc gaagtcagct tcgagtttga aaggtgcagt attcatggtt caagcctagt 60

gttcgggttc tggcaattgt tgggactagg attaatgccc atg acg att tcc caa 115
Met Thr Ile Ser Gln

1 5

gaa aac cag cca ata atc cag cca gtc tcc tta att ggt gga ggt cct 163
Glu Asn Gln Pro Ile Ile Gln Pro Val Ser Leu Ile Gly Gly Gly Pro

10 15 20

ggt gca tgg gac tta att acg gtg cgt ggg atg aat cgc ctt cag gag 211
Gly Ala Trp Asp Leu Ile Thr Val Arg Gly Met Asn Arg Leu Gln Glu

25 30 35

gct gat gtc att ttg gct gat cac ttg ggg ccc act gat gag ttg gaa 259
Ala Asp Val Ile Leu Ala Asp His Leu Gly Pro Thr Asp Glu Leu Glu

40 45 50

aaa ttg tgc gac atc agc tcg aag act gtt gtt gat gtg tcc aag ctt 307
Lys Leu Cys Asp Ile Ser Ser Lys Thr Val Val Asp Val Ser Lys Leu

55 60 65

ccg tat ggg cgg cag gtc act cag gag cgt act aat gag atg ctt gtt 355
Pro Tyr Gly Arg Gln Val Thr Gln Glu Arg Thr Asn Glu Met Leu Val

70 75 80 85

gaa tac gca cag cag gga cta aag gtg gtt cgc ctt aaa ggt ggt gac 403
Glu Tyr Ala Gln Gln Gly Leu Lys Val Val Arg Leu Lys Gly Gly Asp

90 95 100

cct tat gtc ttc ggt cgg ggt ttt gaa gag ttg gag ttt ttg ggc gag 451
Pro Tyr Val Phe Gly Arg Gly Phe Glu Glu Leu Glu Phe Leu Gly Glu

105 110 115

cat gga att gaa tgc gag gtc att ccg ggt gtg acc agt gcg gtg tcc 499
His Gly Ile Glu Cys Glu Val Ile Pro Gly Val Thr Ser Ala Val Ser

120 125 130

gtt cca gcg gcg gca ggt att cct att act aat cgg gga gtg gtg cat 547
Val Pro Ala Ala Ala Gly Ile Pro Ile Thr Asn Arg Gly Val Val His

135 140 145

tcc ttt acc gtg gtg tct gga cat ttg cct cca ggc cat ccg aag tca 595
Ser Phe Thr Val Val Ser Gly His Leu Pro Pro Gly His Pro Lys Ser

150 155 160 165

ctg gtt gat tgg gct gcg ttg gcc aaa tcg ggt ggc acc ttg tcc atc 643
Leu Val Asp Trp Ala Ala Leu Ala Lys Ser Gly Gly Thr Leu Ser Ile

170 175 180

atc atg ggt gtg aaa aat gcg ggt gcg att gcc cag gcg ctc atg gac 691
Ile Met Gly Val Lys Asn Ala Gly Ala Ile Ala Gln Ala Leu Met Asp

185 190 195

ggc ggg ctt gat gca gat act cca gca gct gtt att cag gaa ggc act 739
Gly Gly Leu Asp Ala Asp Thr Pro Ala Ala Val Ile Gln Glu Gly Thr

200 205 210

act gat gca caa cgc tca gtt cgg tgc acc ttg ggc aca ttg ggt gca 787
Thr Asp Ala Gln Arg Ser Val Arg Cys Thr Leu Gly Thr Leu Gly Ala

215 220 225

gtc atg gtg gag gaa gag att aag cct cca gct gtg tat gtc att gga 835
Val Met Val Glu Glu Glu Ile Lys Pro Pro Ala Val Tyr Val Ile Gly

230 235 240 245

caa gtt gct ggc ctc taagcagatc gcctaagaat ggg 873
Gln Val Ala Gly Leu

250

<210> 818

<211> 250

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 818

Met Thr Ile Ser Gln Glu Asn Gln Pro Ile Ile Gln Pro Val Ser Leu
1 5 10 15

Ile Gly Gly Gly Pro Gly Ala Trp Asp Leu Ile Thr Val Arg Gly Met
20 25 30

Asn Arg Leu Gln Glu Ala Asp Val Ile Leu Ala Asp His Leu Gly Pro
35 40 45

Thr Asp Glu Leu Glu Lys Leu Cys Asp Ile Ser Ser Lys Thr Val Val
50 55 60

Asp Val Ser Lys Leu Pro Tyr Gly Arg Gln Val Thr Gln Glu Arg Thr
65 70 75 80

Asn Glu Met Leu Val Glu Tyr Ala Gln Gln Gly Leu Lys Val Val Arg
85 90 95

Leu Lys Gly Gly Asp Pro Tyr Val Phe Gly Arg Gly Phe Glu Glu Leu
100 105 110

Glu Phe Leu Gly Glu His Gly Ile Glu Cys Glu Val Ile Pro Gly Val
115 120 125

Thr Ser Ala Val Ser Val Pro Ala Ala Ala Gly Ile Pro Ile Thr Asn
130 135 140

Arg Gly Val Val His Ser Phe Thr Val Val Ser Gly His Leu Pro Pro
145 150 155 160

Gly His Pro Lys Ser Leu Val Asp Trp Ala Ala Leu Ala Lys Ser Gly
165 170 175

Gly Thr Leu Ser Ile Ile Met Gly Val Lys Asn Ala Gly Ala Ile Ala
180 185 190

Gln Ala Leu Met Asp Gly Gly Leu Asp Ala Asp Thr Pro Ala Ala Val
195 200 205

Ile Gln Glu Gly Thr Thr Asp Ala Gln Arg Ser Val Arg Cys Thr Leu
210 215 220

Gly Thr Leu Gly Ala Val Met Val Glu Glu Glu Ile Lys Pro Pro Ala
225 230 235 240

Val Tyr Val Ile Gly Gln Val Ala Gly Leu
245 250

<210> 819

<211> 1917

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1894)

<223> RXN00371

<400> 819

gtcgtggaca atcccgatc gaaaatttga ttcggctttt ttcattggctg ttgatggagt 60

acgttggctg ttttcgagac aagtactaga aaagatattg atg act atc gcc cat 115
Met Thr Ile Ala His

1 5

aag ccc gag atg gct gaa act acc ggg atc gag acc aac cag gtt tcc 163
Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu Thr Asn Gln Val Ser

10 15 20

gaa acc atc ggg gtt gaa tcg ctc acg cac gga aac tta cgt cct gtt 211
Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly Asn Leu Arg Pro Val

25 30 35

tca tct ttt gag gga cag cat gag gga caa acg gaa gag tta ctt cca 259
Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr Glu Glu Leu Leu Pro

40 45 50

ggc aaa gtc att ttt gtt ggg gcc ggt ccc ggt aac cct gat ctt ctt	307
Gly Lys Val Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly Asn Pro Asp Leu Leu	
55	60
65	
aca gtt cgt gcc cgt gaa gtt ctg ggc aac gcg gtt cgt gcg att act	355
Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala Val Arg Ala Ile Thr	
70	75
80	85
gat gaa caa gta cta agc ggc gtt cga gct ttt gtc gcc act gaa att	403
Asp Glu Gln Val Leu Ser Gly Val Arg Ala Phe Val Ala Thr Glu Ile	
90	95
100	
cct gtg ccg gaa gat aag ctt cag gct gcg gaa gat gag tac gag cgc	451
Pro Val Pro Glu Asp Lys Leu Gln Ala Ala Glu Asp Glu Tyr Glu Arg	
105	110
115	
atc tgc att gaa gcg aag gag aac ggt gca cgc cgt aag cct cct cgt	499
Ile Cys Ile Glu Ala Lys Glu Asn Gly Ala Arg Arg Lys Pro Pro Arg	
120	125
130	
cca gca cca cca acc gct gca gag atc acg gaa gtt tct gag gcg act	547
Pro Ala Pro Pro Thr Ala Ala Glu Ile Thr Glu Val Ser Glu Ala Thr	
135	140
145	
cca gct cag att gtt gag ctt gtg cag gat gct ctt tct tat ggt gga	595
Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala Leu Ser Tyr Gly Gly	
150	155
160	165
gat gtt att cgt ctt gtc acc ggc aac cca ttg agc agc gat gcc aca	643
Asp Val Ile Arg Leu Val Thr Gly Asn Pro Leu Ser Ser Asp Ala Thr	
170	175
180	
ctg gct gag atc tct gca gtt tcc gag gct ggc ctg gag ttc cag gtg	691
Leu Ala Glu Ile Ser Ala Val Ser Glu Ala Gly Leu Glu Phe Gln Val	
185	190
195	
gtt cca ggt atg tct ttg cct gca acg gtt cct gca ttt gcg gga att	739
Val Pro Gly Met Ser Leu Pro Ala Thr Val Pro Ala Phe Ala Gly Ile	
200	205
210	
gcg ttg ggt tct acc tac acc gaa act gat gtc aac ggt caa aac ttg	787

Ala Leu Gly Ser Thr Tyr Thr Glu Thr Asp Val Asn Gly Gln Asn Leu

215 220 225

gac tgg gat cag ttg gct agc gca cct cag cct ttg gtg ctg cag gcc 835
Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro Leu Val Leu Gln Ala

230 235 240 245

cgc gtg gat gac ctt tcc cgt att gca cag gaa cta aag gcc cgc aat 883
Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu Leu Lys Ala Arg Asn

250 255 260

atg tct ttg gaa act cct gtt tct gtc acc gct aac ggc acc acc cgt 931
Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala Asn Gly Thr Thr Arg

265 270 275

ttg cag cgc acc tat gac acc act tta ggt ctg ttg cac aag ctt gat 979
Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu Leu His Lys Leu Asp

280 285 290

gct gaa cta agc gga cct ttg gtt gtt acc ttg ggc aag ggt gtg gat 1027
Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu Gly Lys Gly Val Asp

295 300 305

gat cgc tcc aag tac tct tgg tgg gaa aac cgc gct ctg tac ggt tgg 1075
Asp Arg Ser Lys Tyr Ser Trp Trp Glu Asn Arg Ala Leu Tyr Gly Trp

310 315 320 325

cgt gtg ctg gtg cct cgc gct cgg gag caa gcg gca tcc atg tcc gca 1123
Arg Val Leu Val Pro Arg Ala Arg Glu Gln Ala Ala Ser Met Ser Ala

330 335 340

cgt ctg agc agc cac ggc gct atc ccg cag gaa gtc cct acc att tct 1171
Arg Leu Ser Ser His Gly Ala Ile Pro Gln Glu Val Pro Thr Ile Ser

345 350 355

gtc gaa cca ccg cgc aac cca gcg caa atg gaa cgc gcc atc aag ggc 1219
Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu Arg Ala Ile Lys Gly

360 365 370

atc gtc gaa gga cgc tac cag tgg gtt gtc ctc acc agc gtc aac gca 1267

Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu Thr Ser Val Asn Ala
375 380 385

gtg aag gca gtc tgg gag aaa atc acc gaa ttc ggc ctc gat tca cgt 1315
Val Lys Ala Val Trp Glu Lys Ile Thr Glu Phe Gly Leu Asp Ser Arg

390 395 400 405

tcc ttc gcg ggc gtc cgc atc gcc gca gtc ggt gaa aaa acc gcc gct 1363
Ser Phe Ala Gly Val Arg Ile Ala Ala Val Gly Glu Lys Thr Ala Ala

410 415 420

gag atc cgc gcg ctc ggc atc acg ccg gag ctt ctg cct gca cgt acc 1411
Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu Leu Pro Ala Arg Thr

425 430 435

agg caa aat gcg caa ggg ctt gtc gac gtg ttc ccc gaa tat ttc gaa 1459
Arg Gln Asn Ala Gln Gly Leu Val Asp Val Phe Pro Glu Tyr Phe Glu

440 445 450

gaa ctc gat cca gtc ggc cgt gtc ctc ttg ccg cgc gca gat atc gca 1507
Glu Leu Asp Pro Val Gly Arg Val Leu Leu Pro Arg Ala Asp Ile Ala

455 460 465

acc gac gtg ctt gtc gac ggc ctg acc cac ctt ggt tgg gaa gtc gaa 1555
Thr Asp Val Leu Val Asp Gly Leu Thr His Leu Gly Trp Glu Val Glu

470 475 480 485

gac gtg gtg gct tac cgc acc gtc cgc gca gca cca cca agc gct gat 1603
Asp Val Val Ala Tyr Arg Thr Val Arg Ala Ala Pro Pro Ser Ala Asp

490 495 500

atc cga gat atg atc aag acc ggc gga ttt gat gca gtt gcc ttc acc 1651
Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp Ala Val Ala Phe Thr

505 510 515

tct tcg tcg acc gtg aag aac ctc gtt ggt atc gcg ggt aaa cca cac 1699
Ser Ser Ser Thr Val Lys Asn Leu Val Gly Ile Ala Gly Lys Pro His

520 525 530

cca cgc acc atc gtc gcg tgc atc gga ccc atg act gca gcg acc gct 1747

Pro Arg Thr Ile Val Ala Cys Ile Gly Pro Met Thr Ala Ala Thr Ala

535

540

545

gaa gaa ctg gga ctg cgc gtt gat gtc atg cca gag atc gcc gaa gta 1795
Glu Glu Leu Gly Leu Arg Val Asp Val Met Pro Glu Ile Ala Glu Val

550

555

560

565

cca gaa ctg atc gac gct ctt gcg gaa cac gtg gcg gat ctg cgc gct 1843
Pro Glu Leu Ile Asp Ala Leu Ala Glu His Val Ala Asp Leu Arg Ala

570

575

580

aag ggc gag ctg ccg ccg ccg agg aag aaa cgc agg cgt cga aaa gcg 1891
Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Arg Arg Arg Lys Ala

585

590

595

tct taaaagggttt ttcactaggg tgt 1917
Ser

<210> 820

<211> 598

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 820

Met Thr Ile Ala His Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu
1 5 10 15

Thr Asn Gln Val Ser Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly
20 25 30

Asn Leu Arg Pro Val Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr
35 40 45

Glu Glu Leu Leu Pro Gly Lys Val Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly
50 55 60

Asn Pro Asp Leu Leu Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala
65 70 75 80

Val Arg Ala Ile Thr Asp Glu Gln Val Leu Ser Gly Val Arg Ala Phe

85

90

95

Val Ala Thr Glu Ile Pro Val Pro Glu Asp Lys Leu Gln Ala Ala Glu
100 105 110

Asp Glu Tyr Glu Arg Ile Cys Ile Glu Ala Lys Glu Asn Gly Ala Arg
115 120 125

Arg Lys Pro Pro Arg Pro Ala Pro Pro Thr Ala Ala Glu Ile Thr Glu
130 135 140

Val Ser Glu Ala Thr Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala
145 150 155 160

Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Val Ile Arg Leu Val Thr Gly Asn Pro Leu
165 170 175

Ser Ser Asp Ala Thr Leu Ala Glu Ile Ser Ala Val Ser Glu Ala Gly
180 185 190

Leu Glu Phe Gln Val Val Pro Gly Met Ser Leu Pro Ala Thr Val Pro
195 200 205

Ala Phe Ala Gly Ile Ala Leu Gly Ser Thr Tyr Thr Glu Thr Asp Val
210 215 220

Asn Gly Gln Asn Leu Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro
225 230 235 240

Leu Val Leu Gln Ala Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu
245 250 255

Leu Lys Ala Arg Asn Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala
260 265 270

Asn Gly Thr Thr Arg Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu
275 280 285

Leu His Lys Leu Asp Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu
290 295 300

Gly Lys Gly Val Asp Asp Arg Ser Lys Tyr Ser Trp Trp Glu Asn Arg
305 310 315 320

Ala Leu Tyr Gly Trp Arg Val Leu Val Pro Arg Ala Arg Glu Gln Ala
325 330 335

Ala Ser Met Ser Ala Arg Leu Ser Ser His Gly Ala Ile Pro Gln Glu
340 345 350

Val Pro Thr Ile Ser Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu
355 360 365

Arg Ala Ile Lys Gly Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu
370 375 380

Thr Ser Val Asn Ala Val Lys Ala Val Trp Glu Lys Ile Thr Glu Phe
385 390 395 400

Gly Leu Asp Ser Arg Ser Phe Ala Gly Val Arg Ile Ala Ala Val Gly
405 410 415

Glu Lys Thr Ala Ala Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu
420 425 430

Leu Pro Ala Arg Thr Arg Gln Asn Ala Gln Gly Leu Val Asp Val Phe
435 440 445

Pro Glu Tyr Phe Glu Glu Leu Asp Pro Val Gly Arg Val Leu Leu Pro
450 455 460

Arg Ala Asp Ile Ala Thr Asp Val Leu Val Asp Gly Leu Thr His Leu
465 470 475 480

Gly Trp Glu Val Glu Asp Val Val Ala Tyr Arg Thr Val Arg Ala Ala
485 490 495

Pro Pro Ser Ala Asp Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp
500 505 510

Ala Val Ala Phe Thr Ser Ser Ser Thr Val Lys Asn Leu Val Gly Ile
515 520 525

Ala Gly Lys Pro His Pro Arg Thr Ile Val Ala Cys Ile Gly Pro Met
530 535 540

Thr Ala Ala Thr Ala Glu Glu Leu Gly Leu Arg Val Asp Val Met Pro
545 550 555 560

Glu Ile Ala Glu Val Pro Glu Leu Ile Asp Ala Leu Ala Glu His Val
565 570 575

Ala Asp Leu Arg Ala Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg
580 585 590

Arg Arg Arg Lys Ala Ser
595

<210> 821
<211> 1024
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1024)
<223> FRXA00371

<400> 821
gtcgtggaca atcccgatc gaaaatttga ttcggctttt ttcattggctg ttgatggagt 60

acgttggctg ttttcgagac aagtactaga aaagatattg atg act atc gcc cat 115
Met Thr Ile Ala His

1 5

aag ccc gag atg gct gaa act acc ggg atc gag acc aac cag gtt tcc 163
Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu Thr Asn Gln Val Ser

10 15 20

gaa acc atc ggg gtt gaa tcg ctc acg cac gga aac tta cgt cct gtt 211
Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly Asn Leu Arg Pro Val

25 30 35

tca tct ttt gag gga cag cat gag gga caa acg gaa gag tta ctt cca 259
Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr Glu Glu Leu Leu Pro

40	45	50	
ggc aaa gtc att ttt gtt ggg gcc ggt ccc ggt aac cct gat ctt ctt			307
Gly Lys Val Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly Asn Pro Asp Leu Leu			
55	60	65	
aca gtt cgt gcc cgt gaa gtt ctg ggc aac gcg gtt cgt gcg att act			355
Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala Val Arg Ala Ile Thr			
70	75	80	85
gat gaa caa gta cta agc ggc gtt cga gct ttt gtc gcc act gaa att			403
Asp Glu Gln Val Leu Ser Gly Val Arg Ala Phe Val Ala Thr Glu Ile			
90	95	100	
cct gtg ccg gaa gat aag ctt cag gct gcg gaa gat gag tac gag cgc			451
Pro Val Pro Glu Asp Lys Leu Gln Ala Ala Glu Asp Glu Tyr Glu Arg			
105	110	115	
atc tgc att gaa gcg aag gag aac ggt gca cgc cgt aag cct cct cgt			499
Ile Cys Ile Glu Ala Lys Glu Asn Gly Ala Arg Arg Lys Pro Pro Arg			
120	125	130	
cca gca cca cca acc gct gca gag atc acg gaa gtt tct gag gcg act			547
Pro Ala Pro Pro Thr Ala Ala Glu Ile Thr Glu Val Ser Glu Ala Thr			
135	140	145	
cca gct cag att gtt gag ctt gtg cag gat gct ctt tct tat ggt gga			595
Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala Leu Ser Tyr Gly Gly			
150	155	160	165
gat gtt att cgt ctt gtc acc ggc aac cca ttg agc agc gat gcc aca			643
Asp Val Ile Arg Leu Val Thr Gly Asn Pro Leu Ser Ser Asp Ala Thr			
170	175	180	
ctg gct gag atc tct gca gtt tcc gag gct ggc ctg gag ttc cag gtg			691
Leu Ala Glu Ile Ser Ala Val Ser Glu Ala Gly Leu Glu Phe Gln Val			
185	190	195	
gtt cca ggt atg tct ttg cct gca acg gtt cct gca ttt gcg gga att			739
Val Pro Gly Met Ser Leu Pro Ala Thr Val Pro Ala Phe Ala Gly Ile			

200	205	210	
gcg ttg ggt tct acc tac acc gaa act gat gtc aac ggt caa aac ttg 787			
Ala Leu Gly Ser Thr Tyr Thr Glu Thr Asp Val Asn Gly Gln Asn Leu			
215	220	225	
gac tgg gat cag ttg gct agc gca cct cag cct ttg gtg ctg cag gcc 835			
Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro Leu Val Leu Gln Ala			
230	235	240	245
cgc gtg gat gac ctt tcc cgt att gca cag gaa cta aag gcc cgc aat 883			
Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu Leu Lys Ala Arg Asn			
250	255	260	
atg tct ttg gaa act cct gtt tct gtc acc gct aac ggc acc acc cgt 931			
Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala Asn Gly Thr Thr Arg			
265	270	275	
ttg cag cgc acc tat gac acc act tta ggt ctg ttg cac aag ctt gat 979			
Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu Leu His Lys Leu Asp			
280	285	290	
gct gaa cta agc gga cct ttg gtt gtt acc ttg ggc aag ggt gtg 1024			
Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu Gly Lys Gly Val			
295	300	305	

<210> 822
 <211> 308
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 822
 Met Thr Ile Ala His Lys Pro Glu Met Ala Glu Thr Thr Gly Ile Glu
 1 5 10 15
 Thr Asn Gln Val Ser Glu Thr Ile Gly Val Glu Ser Leu Thr His Gly
 20 25 30
 Asn Leu Arg Pro Val Ser Ser Phe Glu Gly Gln His Glu Gly Gln Thr
 35 40 45

Glu Glu Leu Leu Pro Gly Lys Val Ile Phe Val Gly Ala Gly Pro Gly
50 55 60

Asn Pro Asp Leu Leu Thr Val Arg Ala Arg Glu Val Leu Gly Asn Ala
65 70 75 80

Val Arg Ala Ile Thr Asp Glu Gln Val Leu Ser Gly Val Arg Ala Phe
85 90 95

Val Ala Thr Glu Ile Pro Val Pro Glu Asp Lys Leu Gln Ala Ala Glu
100 105 110

Asp Glu Tyr Glu Arg Ile Cys Ile Glu Ala Lys Glu Asn Gly Ala Arg
115 120 125

Arg Lys Pro Pro Arg Pro Ala Pro Pro Thr Ala Ala Glu Ile Thr Glu
130 135 140

Val Ser Glu Ala Thr Pro Ala Gln Ile Val Glu Leu Val Gln Asp Ala
145 150 155 160

Leu Ser Tyr Gly Gly Asp Val Ile Arg Leu Val Thr Gly Asn Pro Leu
165 170 175

Ser Ser Asp Ala Thr Leu Ala Glu Ile Ser Ala Val Ser Glu Ala Gly
180 185 190

Leu Glu Phe Gln Val Val Pro Gly Met Ser Leu Pro Ala Thr Val Pro
195 200 205

Ala Phe Ala Gly Ile Ala Leu Gly Ser Thr Tyr Thr Glu Thr Asp Val
210 215 220

Asn Gly Gln Asn Leu Asp Trp Asp Gln Leu Ala Ser Ala Pro Gln Pro
225 230 235 240

Leu Val Leu Gln Ala Arg Val Asp Asp Leu Ser Arg Ile Ala Gln Glu
245 250 255

Leu Lys Ala Arg Asn Met Ser Leu Glu Thr Pro Val Ser Val Thr Ala
260 265 270

Asn Gly Thr Thr Arg Leu Gln Arg Thr Tyr Asp Thr Thr Leu Gly Leu
275 280 285

Leu His Lys Leu Asp Ala Glu Leu Ser Gly Pro Leu Val Val Thr Leu
290 295 300

Gly Lys Gly Val
305

<210> 823
<211> 755
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(732)
<223> FRXA00374

<400> 823
acc att tct gtc gaa cca ccg cgc aac cca gcg caa atg gaa cgc gcc 48
Thr Ile Ser Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu Arg Ala

1 5 10 15

atc aag ggc atc gtc gaa gga cgc tac cag tgg gtt gtc ctc aca agc 96
Ile Lys Gly Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu Thr Ser

20 25 30

gtc aac gca gtg aag gca gtc tgg aag aaa atc acc gaa ttc ggc ctc 144
Val Asn Ala Val Lys Ala Val Trp Lys Lys Ile Thr Glu Phe Gly Leu

35 40 45

gat tca cgt tcc ttc gcg ggc gtc cgc atc gcc gca gtc ggt gaa aaa 192
Asp Ser Arg Ser Phe Ala Gly Val Arg Ile Ala Ala Val Gly Glu Lys

50 55 60

acc gcc gct gag atc cgc gcg ctc ggc atc acg ccg gag ctt ctg cct 240
Thr Ala Ala Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu Leu Pro

65 70 75 80

gca cgt acc agg caa aat gcg caa ggg ctt gtc gac gtg ttc ccc gaa 288

Ala Arg Thr Arg Gln Asn Ala Gln Gly Leu Val Asp Val Phe Pro Glu	
85 90 95	
tat ttc gaa gaa ctc gat cca gtc ggc cgt gtc ctc ttg ccg cgc gca	336
Tyr Phe Glu Glu Leu Asp Pro Val Gly Arg Val Leu Leu Pro Arg Ala	
100 105 110	
gat atc gca acc gac gtg ctt gtc gac ggc ctg acc cac ctt ggt tgg	384
Asp Ile Ala Thr Asp Val Leu Val Asp Gly Leu Thr His Leu Gly Trp	
115 120 125	
gaa gtc gaa gac gtg gtg gct tac cgc acc gtc cgc gca gca cca cca	432
Glu Val Glu Asp Val Val Ala Tyr Arg Thr Val Arg Ala Ala Pro Pro	
130 135 140	
agc gct gat atc cga gat atg atc aag acc ggc gga ttt gat gca gtt	480
Ser Ala Asp Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp Ala Val	
145 150 155 160	
gcc ttc acc tct tcg tcg acc gtg aag aac ctc gtt ggt atc gcg ggt	528
Ala Phe Thr Ser Ser Ser Thr Val Lys Asn Leu Val Gly Ile Ala Gly	
165 170 175	
aaa cca cac cca cgc acc atc gtc gcg tgc atc gga ccc atg act gca	576
Lys Pro His Pro Arg Thr Ile Val Ala Cys Ile Gly Pro Met Thr Ala	
180 185 190	
gcg acc gct gaa gaa ctg gga ctg cgc gtt gat gtc atg cca gag atc	624
Ala Thr Ala Glu Glu Leu Gly Leu Arg Val Asp Val Met Pro Glu Ile	
195 200 205	
gcc gaa gta cca gaa ctg atc gac gct ctt gcg gaa cac gtg gcg gat	672
Ala Glu Val Pro Glu Leu Ile Asp Ala Leu Ala Glu His Val Ala Asp	
210 215 220	
ctg cgc gct aag ggc gag ctg ccg ccg ccg agg aag aaa cgc agg cgt	720
Leu Arg Ala Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Arg Arg	
225 230 235 240	
cga aaa gcg tct taaaaggttt ttactaggg tgt	755

Arg Lys Ala Ser

<210> 824

<211> 244

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 824

Thr Ile Ser Val Glu Pro Pro Arg Asn Pro Ala Gln Met Glu Arg Ala
1 5 10 15

Ile Lys Gly Ile Val Glu Gly Arg Tyr Gln Trp Val Val Leu Thr Ser
20 25 30

Val Asn Ala Val Lys Ala Val Trp Lys Lys Ile Thr Glu Phe Gly Leu
35 40 45

Asp Ser Arg Ser Phe Ala Gly Val Arg Ile Ala Ala Val Gly Glu Lys
50 55 60

Thr Ala Ala Glu Ile Arg Ala Leu Gly Ile Thr Pro Glu Leu Leu Pro
65 70 75 80

Ala Arg Thr Arg Gln Asn Ala Gln Gly Leu Val Asp Val Phe Pro Glu
85 90 95

Tyr Phe Glu Glu Leu Asp Pro Val Gly Arg Val Leu Leu Pro Arg Ala
100 105 110

Asp Ile Ala Thr Asp Val Leu Val Asp Gly Leu Thr His Leu Gly Trp
115 120 125

Glu Val Glu Asp Val Val Ala Tyr Arg Thr Val Arg Ala Ala Pro Pro
130 135 140

Ser Ala Asp Ile Arg Asp Met Ile Lys Thr Gly Gly Phe Asp Ala Val
145 150 155 160

Ala Phe Thr Ser Ser Ser Thr Val Lys Asn Leu Val Gly Ile Ala Gly
165 170 175

Lys Pro His Pro Arg Thr Ile Val Ala Cys Ile Gly Pro Met Thr Ala
180 185 190

Ala Thr Ala Glu Glu Leu Gly Leu Arg Val Asp Val Met Pro Glu Ile
195 200 205

Ala Glu Val Pro Glu Leu Ile Asp Ala Leu Ala Glu His Val Ala Asp
210 215 220

Leu Arg Ala Lys Gly Glu Leu Pro Pro Pro Arg Lys Lys Arg Arg Arg
225 230 235 240

Arg Lys Ala Ser

<210> 825
<211> 1467
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1444)
<223> RXN00383

<400> 825
ccatattcttt aaccttggtc atggtgtgct tcctaatacg gtggcggaag atattactga 60

agccgtctcc atcattcatt cttaactaa gaggagtttc atg cgt ttt gcc atc 115
Met Arg Phe Ala Ile

1 5

atc ggt gca ggc ctt gcg ggt ctg act gct gca tat gag atc cat aaa 163
Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala Tyr Glu Ile His Lys

10 15 20

gct gat ccc act gcc caa atc gat gtg ttg gaa gca ggc gaa cgc att 211
Ala Asp Pro Thr Ala Gln Ile Asp Val Leu Glu Ala Gly Glu Arg Ile

25 30 35

ggc ggc aag ctt ttt acg gtg ccg ttt gct tcc gga cct acc gat att 259

Gly Gly Lys Leu Phe Thr Val Pro Phe Ala Ser Gly Pro Thr Asp Ile	
40	45
50	
gga gcg gag gcg ttt tta gct gcg cgt tcc gat gcg gtg gag ttt ttt 307	
Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp Ala Val Glu Phe Phe	
55	60
65	
act gag ctt ggg ttg gct gat tct ttg gtc agc ccg tct gct gcg aag 355	
Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser Pro Ser Ala Ala Lys	
70	75
80	85
tct cag tat ttc gcg ggc ggt gcg ctg cat gcg ttc ccc gca ggt gga 403	
Ser Gln Tyr Phe Ala Gly Gly Ala Leu His Ala Phe Pro Ala Gly Gly	
90	95
100	
gtg atg ggt att cca agc aat cca cca gca ggc gcg caa gac acc gct 451	
Val Met Gly Ile Pro Ser Asn Pro Pro Ala Gly Ala Gln Asp Thr Ala	
105	110
115	
ttt gat tgg act cct ggc caa gac att tct gtt ggc gcc tta gtg cgc 499	
Phe Asp Trp Thr Pro Gly Gln Asp Ile Ser Val Gly Ala Leu Val Arg	
120	125
130	
cgt cag tat ggc gat gag atc gtc gat act gtg gtg tct tcg ctg ctt 547	
Arg Gln Tyr Gly Asp Glu Ile Val Asp Thr Val Val Ser Ser Leu Leu	
135	140
145	
ggt ggc gtt tat tcc tcc acc gct gat gat ctg ggt gtg cgc gct tcc 595	
Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp Asp Leu Gly Val Arg Ala Ser	
150	155
160	165
gtg ccg gca ctt gct gca gcc ctt gat cag ctg gct gag gcc ggc gag 643	
Val Pro Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp Gln Leu Ala Glu Ala Gly Glu	
170	175
180	
ccg gtg act ctg tca gct gcg gtc aag gcc gtg gaa gct cag cgg gaa 691	
Pro Val Thr Leu Ser Ala Ala Val Lys Ala Val Glu Ala Gln Arg Glu	
185	190
195	
gcc gca aaa aca act tca gaa acc cgc ccc gtt ttc cag acc ttc aag 739	

Ala Ala Lys Thr Thr Ser Glu Thr Arg Pro Val Phe Gln Thr Phe Lys	
200	205
210	
ggc gga tac gcg gag ctg tac gaa gcg ttg gca gag caa tgc ggt gca	787
Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Tyr Glu Ala Leu Ala Glu Gln Cys Gly Ala	
215	220
225	
gat att cac ttg gat agt ttc gtt tcc gcc atc acc aaa gat ggt gaa	835
Asp Ile His Leu Asp Ser Phe Val Ser Ala Ile Thr Lys Asp Gly Glu	
230	235
240	245
ggg ttt gcc atc aag ggc ggt ggc gaa ggc acc tac gac aag gtg att	883
Gly Phe Ala Ile Lys Gly Gly Gly Glu Gly Thr Tyr Asp Lys Val Ile	
250	255
260	
ttg gcg gtt ccc gct cca acc gcc gct gtg ctg ctc cgc gac ttg gca	931
Leu Ala Val Pro Ala Pro Thr Ala Ala Val Leu Leu Arg Asp Leu Ala	
265	270
275	
ccg gcc gca gcg cca cat ttg cgc gca att aag ttg gct tct tca gca	979
Pro Ala Ala Ala Pro His Leu Arg Ala Ile Lys Leu Ala Ser Ser Ala	
280	285
290	
gtc gtc ggc atg cgt ttc gat tcc agc gag ggc ctg ccc gac aac tcc	1027
Val Val Gly Met Arg Phe Asp Ser Ser Glu Gly Leu Pro Asp Asn Ser	
295	300
305	
ggc gtc ctg gtc gct gtt aat gag ccg ggc atc acg gcg aag gcc ttc	1075
Gly Val Leu Val Ala Val Asn Glu Pro Gly Ile Thr Ala Lys Ala Phe	
310	315
320	325
acg ttc tcc tca aag aag tgg cct cac ctg gag gct cgc ggg ggc gcg	1123
Thr Phe Ser Ser Lys Lys Trp Pro His Leu Glu Ala Arg Gly Gly Ala	
330	335
340	
ctc gtg cgc gcg tcg ttc ggc agg cta ggc gat gag gcg tcg gca cgc	1171
Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu Gly Asp Glu Ala Ser Ala Arg	
345	350
355	
atg gac gag gat ttg ctt gtc gac gcc gcc ctc gac gat ctc ctc acc	1219

Met Asp Glu Asp Leu Leu Val Asp Ala Ala Leu Asp Asp Leu Leu Thr

360 365 370

ata acc ggg ttc gac ggc cgg gct gcc gga ctg ggt gaa att ttc gtg 1267
Ile Thr Gly Phe Asp Gly Arg Ala Ala Gly Leu Gly Glu Ile Phe Val

375 380 385

cag cgc tgg ttc ggt ggc ctc cca gcc tat gga gtt gat cac att gct 1315
Gln Arg Trp Phe Gly Gly Leu Pro Ala Tyr Gly Val Asp His Ile Ala

390 395 400 405

acc gtt tcg gct gcg cgt gca gag atc gca gcc gtg cct ggc gtg gaa 1363
Thr Val Ser Ala Ala Arg Ala Glu Ile Ala Ala Val Pro Gly Val Glu

410 415 420

gca att ggc gcg tgg gct ggg gga gtg gga gtt ccc gca gtt atc gca 1411
Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val Gly Val Pro Ala Val Ile Ala

425 430 435

gat gcc cag gca gca gta cac agg ttg ctg gga taagcaccca aaaacactat 1464
Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu Leu Gly

440 445

tga 1467

<210> 826

<211> 448

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 826

Met Arg Phe Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala
1 5 10 15

Tyr Glu Ile His Lys Ala Asp Pro Thr Ala Gln Ile Asp Val Leu Glu
20 25 30

Ala Gly Glu Arg Ile Gly Gly Lys Leu Phe Thr Val Pro Phe Ala Ser
35 40 45

Gly Pro Thr Asp Ile Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp

50 55 60
 Ala Val Glu Phe Phe Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser
 65 70 75 80
 Pro Ser Ala Ala Lys Ser Gln Tyr Phe Ala Gly Gly Ala Leu His Ala
 85 90 95
 Phe Pro Ala Gly Gly Val Met Gly Ile Pro Ser Asn Pro Pro Ala Gly
 100 105 110
 Ala Gln Asp Thr Ala Phe Asp Trp Thr Pro Gly Gln Asp Ile Ser Val
 115 120 125
 Gly Ala Leu Val Arg Arg Gln Tyr Gly Asp Glu Ile Val Asp Thr Val
 130 135 140
 Val Ser Ser Leu Leu Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp Asp Leu
 145 150 155 160
 Gly Val Arg Ala Ser Val Pro Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp Gln Leu
 165 170 175
 Ala Glu Ala Gly Glu Pro Val Thr Leu Ser Ala Ala Val Lys Ala Val
 180 185 190
 Glu Ala Gln Arg Glu Ala Ala Lys Thr Thr Ser Glu Thr Arg Pro Val
 195 200 205
 Phe Gln Thr Phe Lys Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Tyr Glu Ala Leu Ala
 210 215 220
 Glu Gln Cys Gly Ala Asp Ile His Leu Asp Ser Phe Val Ser Ala Ile
 225 230 235 240
 Thr Lys Asp Gly Glu Gly Phe Ala Ile Lys Gly Gly Gly Glu Gly Thr
 245 250 255
 Tyr Asp Lys Val Ile Leu Ala Val Pro Ala Pro Thr Ala Ala Val Leu
 260 265 270
 Leu Arg Asp Leu Ala Pro Ala Ala Ala Pro His Leu Arg Ala Ile Lys

275 280 285
 Leu Ala Ser Ser Ala Val Val Gly Met Arg Phe Asp Ser Ser Glu Gly
 290 295 300
 Leu Pro Asp Asn Ser Gly Val Leu Val Ala Val Asn Glu Pro Gly Ile
 305 310 315 320
 Thr Ala Lys Ala Phe Thr Phe Ser Ser Lys Lys Trp Pro His Leu Glu
 325 330 335
 Ala Arg Gly Gly Ala Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu Gly Asp
 340 345 350
 Glu Ala Ser Ala Arg Met Asp Glu Asp Leu Leu Val Asp Ala Ala Leu
 355 360 365
 Asp Asp Leu Leu Thr Ile Thr Gly Phe Asp Gly Arg Ala Ala Gly Leu
 370 375 380
 Gly Glu Ile Phe Val Gln Arg Trp Phe Gly Gly Leu Pro Ala Tyr Gly
 385 390 395 400
 Val Asp His Ile Ala Thr Val Ser Ala Ala Arg Ala Glu Ile Ala Ala
 405 410 415
 Val Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val Gly Val
 420 425 430
 Pro Ala Val Ile Ala Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu Leu Gly
 435 440 445

<210> 827
 <211> 382
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(382)

<223> FRXA00376

<400> 827

ccatattcttt aaccttggtc atggtgtgct tcctaatacg gtggcggaag atattactga 60

agccgtctcc atcattcatt cttaaactaa gaggagtttc atg cgt ttt gcc atc 115
Met Arg Phe Ala Ile

1 5

atc ggt gca ggc ctt gcg ggt ctg act gct gca tat gag atc cat aaa 163
Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala Tyr Glu Ile His Lys

10 15 20

gct gat ccc act gcc caa atc gat gtg ttg gaa gca ggc gaa cgc att 211
Ala Asp Pro Thr Ala Gln Ile Asp Val Leu Glu Ala Gly Glu Arg Ile

25 30 35

ggc ggc aag ctt ttt acg gtg ccg ttt gct tcc gga cct acc gat att 259
Gly Gly Lys Leu Phe Thr Val Pro Phe Ala Ser Gly Pro Thr Asp Ile

40 45 50

gga gcg gag gcg ttt tta gct gcg cgt tcc gat gcg gtg gag ttt ttt 307
Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp Ala Val Glu Phe Phe

55 60 65

act gag ctt ggg ttg gct gat tct ttg gtc agc ccg tct gct gcg aag 355
Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser Pro Ser Ala Ala Lys

70 75 80 85

tct cag tat ttc gcg ggc ggt gcg ctg 382
Ser Gln Tyr Phe Ala Gly Gly Ala Leu

90

<210> 828

<211> 94

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 828

Met Arg Phe Ala Ile Ile Gly Ala Gly Leu Ala Gly Leu Thr Ala Ala

1 5 10 15

Tyr Glu Ile His Lys Ala Asp Pro Thr Ala Gln Ile Asp Val Leu Glu
20 25 30

Ala Gly Glu Arg Ile Gly Gly Lys Leu Phe Thr Val Pro Phe Ala Ser
35 40 45

Gly Pro Thr Asp Ile Gly Ala Glu Ala Phe Leu Ala Ala Arg Ser Asp
50 55 60

Ala Val Glu Phe Phe Thr Glu Leu Gly Leu Ala Asp Ser Leu Val Ser
65 70 75 80

Pro Ser Ala Ala Lys Ser Gln Tyr Phe Ala Gly Gly Ala Leu
85 90

<210> 829

<211> 1037

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1014)

<223> FRXA00383

<400> 829

gca ggc gcg caa gac acc gct ttt gat tgg act cct ggc caa gac att 48
Ala Gly Ala Gln Asp Thr Ala Phe Asp Trp Thr Pro Gly Gln Asp Ile

1 5 10 15

tct gtt ggc gcc tta gtg cgc cgt cag tat ggc gat gag atc gtc gat 96
Ser Val Gly Ala Leu Val Arg Arg Gln Tyr Gly Asp Glu Ile Val Asp

20 25 30

act gtg gtg tct tcg ctg ctt ggt ggc gtt tat tcc tcc acc gct gat 144
Thr Val Val Ser Ser Leu Leu Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp

35 40 45

gat ctg ggt gtg cgc gct tcc gtg ccg gca ctt gct gca gcc ctt gat 192
Asp Leu Gly Val Arg Ala Ser Val Pro Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp

50	55	60	
cag ctg gct gag gcc ggc gag ccg gtg act ctg tca gct gcg gtc aag			240
Gln Leu Ala Glu Ala Gly Glu Pro Val Thr Leu Ser Ala Ala Val Lys			
65	70	75	80
gcc gtg gaa gct cag cgg gaa gcc gca aaa aca act tca gaa acc cgc			288
Ala Val Glu Ala Gln Arg Glu Ala Ala Lys Thr Thr Ser Glu Thr Arg			
85	90	95	
ccc gtt ttc cag acc ttc aag ggc gga tac gcg gag ctg tac gaa gcg			336
Pro Val Phe Gln Thr Phe Lys Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Tyr Glu Ala			
100	105	110	
ttg gca gag caa tgc ggt gca gat att cac ttg gat agt ttc gtt tcc			384
Leu Ala Glu Gln Cys Gly Ala Asp Ile His Leu Asp Ser Phe Val Ser			
115	120	125	
gcc atc acc aaa gat ggt gaa ggt ttt gcc atc aag ggc ggt ggc gaa			432
Ala Ile Thr Lys Asp Gly Glu Gly Phe Ala Ile Lys Gly Gly Gly Glu			
130	135	140	
ggc acc tac gac aag gtg att ttg gcg gtt ccc gct cca acc gcc gct			480
Gly Thr Tyr Asp Lys Val Ile Leu Ala Val Pro Ala Pro Thr Ala Ala			
145	150	155	160
gtg ctg ctc cgc gac ttg gca ccg gcc gca gcg cca cat ttg cgc gca			528
Val Leu Leu Arg Asp Leu Ala Pro Ala Ala Ala Pro His Leu Arg Ala			
165	170	175	
att aag ttg gct tct tca gca gtc gtc ggc atg cgt ttc gat tcc agc			576
Ile Lys Leu Ala Ser Ser Ala Val Val Gly Met Arg Phe Asp Ser Ser			
180	185	190	
gag ggc ctg ccc gac aac tcc ggc gtc ctg gtc gct gtt aat gag ccg			624
Glu Gly Leu Pro Asp Asn Ser Gly Val Leu Val Ala Val Asn Glu Pro			
195	200	205	
ggc atc acg gcg aag gcc ttc acg ttc tcc tca aag aag tgg cct cac			672
Gly Ile Thr Ala Lys Ala Phe Thr Phe Ser Ser Lys Lys Trp Pro His			

210	215	220	
ctg gag gct cgc ggg ggc gcg ctc gtg cgc gcg tcg ttc ggc agg cta 720			
Leu Glu Ala Arg Gly Gly Ala Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu			
225	230	235	240
ggc gat gag gcg tcg gca cgc atg gac gag gat ttg ctt gtc gac gcc 768			
Gly Asp Glu Ala Ser Ala Arg Met Asp Glu Asp Leu Leu Val Asp Ala			
	245	250	255
gcc ctc gac gat ctc ctc acc ata acc ggg ttc gac ggc cgg gct gcc 816			
Ala Leu Asp Asp Leu Leu Thr Ile Thr Gly Phe Asp Gly Arg Ala Ala			
	260	265	270
gga ctg ggt gaa att ttc gtg cag cgc tgg ttc ggt ggg ctc cca gcc 864			
Gly Leu Gly Glu Ile Phe Val Gln Arg Trp Phe Gly Gly Leu Pro Ala			
	275	280	285
tat gga gtt gat cac att gct acc gtt tcg gct gcg cgt gca gag atc 912			
Tyr Gly Val Asp His Ile Ala Thr Val Ser Ala Ala Arg Ala Glu Ile			
	290	295	300
gca gcc gtg cct ggc gtg gaa gca att ggc gcg tgg gct ggg gga gtg 960			
Ala Ala Val Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val			
305	310	315	320
gga gtt ccc gca gtt atc gca gat gcc cag gca gca gta cac agg ttg 1008			
Gly Val Pro Ala Val Ile Ala Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu			
	325	330	335
ctg gga taagcaccca aaaacactat tga 1037			
Leu Gly			

<210> 830

<211> 338

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 830

Ala Gly Ala Gln Asp Thr Ala Phe Asp Trp Thr Pro Gly Gln Asp Ile

1	5	10	15
Ser Val Gly Ala Leu Val Arg Arg Gln Tyr Gly Asp Glu Ile Val Asp	20	25	30
Thr Val Val Ser Ser Leu Leu Gly Gly Val Tyr Ser Ser Thr Ala Asp	35	40	45
Asp Leu Gly Val Arg Ala Ser Val Pro Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asp	50	55	60
Gln Leu Ala Glu Ala Gly Glu Pro Val Thr Leu Ser Ala Ala Val Lys	65	70	75
Ala Val Glu Ala Gln Arg Glu Ala Ala Lys Thr Thr Ser Glu Thr Arg	85	90	95
Pro Val Phe Gln Thr Phe Lys Gly Gly Tyr Ala Glu Leu Tyr Glu Ala	100	105	110
Leu Ala Glu Gln Cys Gly Ala Asp Ile His Leu Asp Ser Phe Val Ser	115	120	125
Ala Ile Thr Lys Asp Gly Glu Gly Phe Ala Ile Lys Gly Gly Gly Glu	130	135	140
Gly Thr Tyr Asp Lys Val Ile Leu Ala Val Pro Ala Pro Thr Ala Ala	145	150	155
Val Leu Leu Arg Asp Leu Ala Pro Ala Ala Ala Pro His Leu Arg Ala	165	170	175
Ile Lys Leu Ala Ser Ser Ala Val Val Gly Met Arg Phe Asp Ser Ser	180	185	190
Glu Gly Leu Pro Asp Asn Ser Gly Val Leu Val Ala Val Asn Glu Pro	195	200	205
Gly Ile Thr Ala Lys Ala Phe Thr Phe Ser Ser Lys Lys Trp Pro His	210	215	220

Leu Glu Ala Arg Gly Gly Ala Leu Val Arg Ala Ser Phe Gly Arg Leu
225 230 235 240

Gly Asp Glu Ala Ser Ala Arg Met Asp Glu Asp Leu Leu Val Asp Ala
245 250 255

Ala Leu Asp Asp Leu Leu Thr Ile Thr Gly Phe Asp Gly Arg Ala Ala
260 265 270

Gly Leu Gly Glu Ile Phe Val Gln Arg Trp Phe Gly Gly Leu Pro Ala
275 280 285

Tyr Gly Val Asp His Ile Ala Thr Val Ser Ala Ala Arg Ala Glu Ile
290 295 300

Ala Ala Val Pro Gly Val Glu Ala Ile Gly Ala Trp Ala Gly Gly Val
305 310 315 320

Gly Val Pro Ala Val Ile Ala Asp Ala Gln Ala Ala Val His Arg Leu
325 330 335

Leu Gly

<210> 831
<211> 873
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(850)
<223> RXA01253

<400> 831
acgccatcgc agcctgcctt cctggccgca tcgaagtctt cgccaactac accgcattcc 60

gagacctcaa aaaggctctg gagaaggga ccgaacaata atg acc acc ctc aac 115
Met Thr Thr Leu Asn

1 5

atc ggc ctc atc ctc ccc gac gtc ctc gga act tac ggc gac gac ggc 163
Ile Gly Leu Ile Leu Pro Asp Val Leu Gly Thr Tyr Gly Asp Asp Gly

10	15	20	
aac gca cta gtc ctg cgc caa cgc gca cgc atg cgt ggc att aat gct			211
Asn Ala Leu Val Leu Arg Gln Arg Ala Arg Met Arg Gly Ile Asn Ala			
25	30	35	
gaa atc cag cgc gtc acc ctc gac gac gcc gtc cct tcc acc ctt gat			259
Glu Ile Gln Arg Val Thr Leu Asp Asp Ala Val Pro Ser Thr Leu Asp			
40	45	50	
ctc tac tgc ctc ggc ggc ggc gag gac acc gca cag atc ctt gcc acc			307
Leu Tyr Cys Leu Gly Gly Gly Glu Asp Thr Ala Gln Ile Leu Ala Thr			
55	60	65	
gaa cac ctc acc aaa gac ggc ggc ctc caa acc gca gcc gcc gca ggc			355
Glu His Leu Thr Lys Asp Gly Gly Leu Gln Thr Ala Ala Ala Ala Gly			
70	75	80	85
cgc ccc atc ttc gca gtc tgc gca ggt ctc cag gta ctc ggc gac tcc			403
Arg Pro Ile Phe Ala Val Cys Ala Gly Leu Gln Val Leu Gly Asp Ser			
90	95	100	
ttc cgc gcc gcc ggc cgt gtc atc gac ggc ctt ggg ctt atc gac gcc			451
Phe Arg Ala Ala Gly Arg Val Ile Asp Gly Leu Gly Leu Ile Asp Ala			
105	110	115	
acc acc gtc tct tta caa aaa cgc gcc atc gga gaa gtc gaa acg aca			499
Thr Thr Val Ser Leu Gln Lys Arg Ala Ile Gly Glu Val Glu Thr Thr			
120	125	130	
cca acc cgc gcc gga ttc acc gcc gag ctg acc gaa cga ctc acc ggc			547
Pro Thr Arg Ala Gly Phe Thr Ala Glu Leu Thr Glu Arg Leu Thr Gly			
135	140	145	
ttc gaa aac cac atg ggc gcc acc ctg ctc ggc ccc gac gcc gaa cca			595
Phe Glu Asn His Met Gly Ala Thr Leu Leu Gly Pro Asp Ala Glu Pro			
150	155	160	165
ctc ggc cga gtc gtc cgc ggc gaa ggc aac acc gat gtc tgg gca gcc			643
Leu Gly Arg Val Val Arg Gly Glu Gly Asn Thr Asp Val Trp Ala Ala			

170 175 180

tcc gaa aac acc gac gac caa cgc caa caa ttc gcc gaa ggc gcc gtc 691
Ser Glu Asn Thr Asp Asp Gln Arg Gln Gln Phe Ala Glu Gly Ala Val

185 190 195

caa ggc agc atc atc gcc acc tac atg cac ggc ccc gca ctc gcc cga 739
Gln Gly Ser Ile Ile Ala Thr Tyr Met His Gly Pro Ala Leu Ala Arg

200 205 210

aac ccc caa ctc gcc gac ctc atg ctc gca aaa gca atg ggt gtc gcg 787
Asn Pro Gln Leu Ala Asp Leu Met Leu Ala Lys Ala Met Gly Val Ala

215 220 225

ctg aaa gac ctg gag cct ttg gac atc gac gtc atc gac cgc ctc cgc 835
Leu Lys Asp Leu Glu Pro Leu Asp Ile Asp Val Ile Asp Arg Leu Arg

230 235 240 245

gcc gaa cgc ctg gcg tagcccccttc taaaccgggt cta 873
Ala Glu Arg Leu Ala

250

<210> 832
<211> 250
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 832
Met Thr Thr Leu Asn Ile Gly Leu Ile Leu Pro Asp Val Leu Gly Thr
1 5 10 15

Tyr Gly Asp Asp Gly Asn Ala Leu Val Leu Arg Gln Arg Ala Arg Met
20 25 30

Arg Gly Ile Asn Ala Glu Ile Gln Arg Val Thr Leu Asp Asp Ala Val
35 40 45

Pro Ser Thr Leu Asp Leu Tyr Cys Leu Gly Gly Gly Glu Asp Thr Ala
50 55 60

Gln Ile Leu Ala Thr Glu His Leu Thr Lys Asp Gly Gly Leu Gln Thr

<223> RXA02134

<400> 833

tgatgaacga catgtcgaca ttttcttccg ccggcgtcga tggaccacctt aacgcctctt 60

ccgaagcgcc cgagcaaac acggagtaac tttctaagcg atg tcc ggc aaa gca 115
Met Ser Gly Lys Ala

1 5

ggc ttt acc ccc gaa gat ccc gaa gac tca gac aac cgc cac ggg aac 163
Gly Phe Thr Pro Glu Asp Pro Glu Asp Ser Asp Asn Arg His Gly Asn

10 15 20

ccc ctt ttc gaa ggt atc ttt acc gca ctt aat tgg atg acc gtt ctc 211
Pro Leu Phe Glu Gly Ile Phe Thr Ala Leu Asn Trp Met Thr Val Leu

25 30 35

ccc gtc ccc ggc gca tca gtt ttt gat cgc acc acg ggc gcc cgg gta 259
Pro Val Pro Gly Ala Ser Val Phe Asp Arg Thr Thr Gly Ala Arg Val

40 45 50

atg gcc tct ttg ccc ttt gtt ggc ttc gtt ttc gga atg ttc acc gcg 307
Met Ala Ser Leu Pro Phe Val Gly Phe Val Phe Gly Met Phe Thr Ala

55 60 65

atc atc atg tgg gct atc ggc ccc att tca ggg gtg atc cac gtc gat 355
Ile Ile Met Trp Ala Ile Gly Pro Ile Ser Gly Val Ile His Val Asp

70 75 80 85

gga ctt tta gtt gcc gtt ctg atc gtc gcg ttc tgg gaa ctt ctt aat 403
Gly Leu Leu Val Ala Val Leu Ile Val Ala Phe Trp Glu Leu Leu Asn

90 95 100

cgg ttt atg cac ctc gac ggc ctc gca gat gtc tcc gat gct ttg ggt 451
Arg Phe Met His Leu Asp Gly Leu Ala Asp Val Ser Asp Ala Leu Gly

105 110 115

tcc tac gca gcc cca cca cgc gca cga gaa atc ctt gcc gat ccc cgc 499
Ser Tyr Ala Ala Pro Pro Arg Ala Arg Glu Ile Leu Ala Asp Pro Arg

120 125 130

acc gga ctt ttc ggc ctc gcc acc gcc atg ctt tcc gtt ctc ctg cag 547
Thr Gly Leu Phe Gly Leu Ala Thr Ala Met Leu Ser Val Leu Leu Gln

135 140 145

gtc gct gca gtc gca tcg ctt gtc gat tca acc gtg tgg tgg atg atc 595
Val Ala Ala Val Ala Ser Leu Val Asp Ser Thr Val Trp Trp Met Ile

150 155 160 165

tgc ttc atc ccc gtt ctc ggc cgc atc gct gga caa gta acc gca ctg 643
Cys Phe Ile Pro Val Leu Gly Arg Ile Ala Gly Gln Val Thr Ala Leu

170 175 180

aaa aac cac aac gcc ttc tcc ccc acc ggc ttt ggc gca cta gtc atc 691
Lys Asn His Asn Ala Phe Ser Pro Thr Gly Phe Gly Ala Leu Val Ile

185 190 195

gga acg gtg aaa ttt tgg tgg atc gcg ctg tgg ctc ttg gtt act gct 739
Gly Thr Val Lys Phe Trp Trp Ile Ala Leu Trp Leu Leu Val Thr Ala

200 205 210

gcg ttg gct ttt tgg tgc gca gaa tta att tct cca ctt tca ccg ctg 787
Ala Leu Ala Phe Trp Cys Ala Glu Leu Ile Ser Pro Leu Ser Pro Leu

215 220 225

acc agt gtt aac act ccc ttt gtc gct gga cct ttc ccc gct gca atc 835
Thr Ser Val Asn Thr Pro Phe Val Ala Gly Pro Phe Pro Ala Ala Ile

230 235 240 245

aac ccc gcc tgg ctt gga ggc tgg gtt gcg ata acc gca gtc gtg gca 883
Asn Pro Ala Trp Leu Gly Gly Trp Val Ala Ile Thr Ala Val Val Ala

250 255 260

tgt gtt ttc gca gca ctt ttc agc cgc cgc tta tca cga agt ttc ggt 931
Cys Val Phe Ala Ala Leu Phe Ser Arg Arg Leu Ser Arg Ser Phe Gly

265 270 275

gga ctc aac gga gac tgc atc ggc gca tgc att cat ctc ggg gcg tcg 979
Gly Leu Asn Gly Asp Cys Ile Gly Ala Cys Ile His Leu Gly Ala Ser

280 285 290

att tct gca gtg atg ttt gct gtt gtc gcc aat gca atg gtg 1021
Ile Ser Ala Val Met Phe Ala Val Val Ala Asn Ala Met Val

295 300 305

taaagcgggtg gcgtcttttg gga 1044

<210> 834

<211> 307

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 834

Met Ser Gly Lys Ala Gly Phe Thr Pro Glu Asp Pro Glu Asp Ser Asp
1 5 10 15

Asn Arg His Gly Asn Pro Leu Phe Glu Gly Ile Phe Thr Ala Leu Asn
20 25 30

Trp Met Thr Val Leu Pro Val Pro Gly Ala Ser Val Phe Asp Arg Thr
35 40 45

Thr Gly Ala Arg Val Met Ala Ser Leu Pro Phe Val Gly Phe Val Phe
50 55 60

Gly Met Phe Thr Ala Ile Ile Met Trp Ala Ile Gly Pro Ile Ser Gly
65 70 75 80

Val Ile His Val Asp Gly Leu Leu Val Ala Val Leu Ile Val Ala Phe
85 90 95

Trp Glu Leu Leu Asn Arg Phe Met His Leu Asp Gly Leu Ala Asp Val
100 105 110

Ser Asp Ala Leu Gly Ser Tyr Ala Ala Pro Pro Arg Ala Arg Glu Ile
115 120 125

Leu Ala Asp Pro Arg Thr Gly Leu Phe Gly Leu Ala Thr Ala Met Leu
130 135 140

Ser Val Leu Leu Gln Val Ala Ala Val Ala Ser Leu Val Asp Ser Thr

145 150 155 160

Val Trp Trp Met Ile Cys Phe Ile Pro Val Leu Gly Arg Ile Ala Gly
165 170 175

Gln Val Thr Ala Leu Lys Asn His Asn Ala Phe Ser Pro Thr Gly Phe
180 185 190

Gly Ala Leu Val Ile Gly Thr Val Lys Phe Trp Trp Ile Ala Leu Trp
195 200 205

Leu Leu Val Thr Ala Ala Leu Ala Phe Trp Cys Ala Glu Leu Ile Ser
210 215 220

Pro Leu Ser Pro Leu Thr Ser Val Asn Thr Pro Phe Val Ala Gly Pro
225 230 235 240

Phe Pro Ala Ala Ile Asn Pro Ala Trp Leu Gly Gly Trp Val Ala Ile
245 250 255

Thr Ala Val Val Ala Cys Val Phe Ala Ala Leu Phe Ser Arg Arg Leu
260 265 270

Ser Arg Ser Phe Gly Gly Leu Asn Gly Asp Cys Ile Gly Ala Cys Ile
275 280 285

His Leu Gly Ala Ser Ile Ser Ala Val Met Phe Ala Val Val Ala Asn
290 295 300

Ala Met Val
305

<210> 835
<211> 1197
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (101)..(1174)  
<223> RXA02135
```

<400> 835

cgtgtcgcag cgatttgcga gaggttgtc ttcgtggttg ctggtctgcc actagagttg 60

aaaacgtttt aagaaaacag tcggtttgaa ggagttgtta atg gtt cca gca gag 115
Met Val Pro Ala Glu

1 5

ctt ttt gcg cgt gtg gaa ttt ccg gat cat aaa atc ctg gct cag acg 163
Leu Phe Ala Arg Val Glu Phe Pro Asp His Lys Ile Leu Ala Gln Thr

10 15 20

aag gat ttc cat gac tcc ctc acc aag cca ccc gga tct ttg ggc aag 211
Lys Asp Phe His Asp Ser Leu Thr Lys Pro Pro Gly Ser Leu Gly Lys

25 30 35

ttg gag cag atc ggc tgt ttc att tcc gca tgc cag ggc cag att ccg 259
Leu Glu Gln Ile Gly Cys Phe Ile Ser Ala Cys Gln Gly Gln Ile Pro

40 45 50

cca cgt cca ctc aac aac tca aag atc gtt gtt ttc gct ggc gat cac 307
Pro Arg Pro Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val Phe Ala Gly Asp His

55 60 65

ggc gtt gca act aaa ggc gtg tcc gcg tac cca tcc tca gta agc ttg 355
Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro Ser Ser Val Ser Leu

70 75 80 85

cag atg gct gaa aac att aca aac ggt ggc gcc gcc atc aac gtg att 403
Gln Met Ala Glu Asn Ile Thr Asn Gly Gly Ala Ala Ile Asn Val Ile

90 95 100

gca cgc acc acc ggc acg tcc gtc cga ctt att gat acc tcc ctc gac 451
Ala Arg Thr Thr Gly Thr Ser Val Arg Leu Ile Asp Thr Ser Leu Asp

105 110 115

cac gaa gca tgg ggc gac gag cgc gta tct agg tcc tgc gga tcc atc 499
His Glu Ala Trp Gly Asp Glu Arg Val Ser Arg Ser Cys Gly Ser Ile

120 125 130

gat gtt gaa gac gcc atg acc caa gaa cag gtc gaa cgc gca ctg aag 547
Asp Val Glu Asp Ala Met Thr Gln Glu Gln Val Glu Arg Ala Leu Lys

135	140	145	
atc ggt aag cgc att gcg gat caa gaa gtg gac gca ggc gcc gac att			595
Ile Gly Lys Arg Ile Ala Asp Gln Glu Val Asp Ala Gly Ala Asp Ile			
150	155	160	165
tta atc ccc ggc gat tta gga att ggc aac acc acc acc gcc gct gcc			643
Leu Ile Pro Gly Asp Leu Gly Ile Gly Asn Thr Thr Thr Ala Ala Ala			
	170	175	180
ctc gtt gga acg ttc acc ctc gca gag cct gtt gtt gtc gta ggc cgc			691
Leu Val Gly Thr Phe Thr Leu Ala Glu Pro Val Val Val Val Gly Arg			
	185	190	195
ggc acc gga atc gac gat gaa gcc tgg aaa ctc aaa gtc tcc gcg atc			739
Gly Thr Gly Ile Asp Asp Glu Ala Trp Lys Leu Lys Val Ser Ala Ile			
200	205	210	
cgc gac gcc atg ttc cgc gcc cgc gac ctg cgc caa gac ccc atc gcc			787
Arg Asp Ala Met Phe Arg Ala Arg Asp Leu Arg Gln Asp Pro Ile Ala			
215	220	225	
atc gcc cgg aaa atc tct tcc cca gac ctt gca gcc atg gca gca ttc			835
Ile Ala Arg Lys Ile Ser Ser Pro Asp Leu Ala Ala Met Ala Ala Phe			
230	235	240	245
att gcc caa gca gca gtt cga cgc acc ccc gtg ctt ctc gac ggc gtt			883
Ile Ala Gln Ala Ala Val Arg Arg Thr Pro Val Leu Leu Asp Gly Val			
	250	255	260
gta gtc acc gcc gca gcc ctc cta gcc aac aaa ctg gcc cca ggt gcc			931
Val Val Thr Ala Ala Ala Leu Leu Ala Asn Lys Leu Ala Pro Gly Ala			
	265	270	275
agg cgt tgg ttc atc gca gga cac cgc tcc acc gaa cca gcg cat tcc			979
Arg Arg Trp Phe Ile Ala Gly His Arg Ser Thr Glu Pro Ala His Ser			
280	285	290	
gta gct cta aac gca ctg gcc ctt gat ccc atc ctg gaa ctt gga atg			1027
Val Ala Leu Asn Ala Leu Ala Leu Asp Pro Ile Leu Glu Leu Gly Met			

295	300	305	
tcc ctt ggc gaa ggc tcc ggc gca gcc acc gca ctc ccc ctg gtc aag			1075
Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala Leu Pro Leu Val Lys			
310	315	320	325
att gcc gtt gac ctg atg aac gac atg tcg aca ttt tct tcc gcc ggc			1123
Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr Phe Ser Ser Ala Gly			
	330	335	340
gtc gat gga ccc cta aac gcc tct tcc gaa gcg ccc gag caa aac acg			1171
Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala Pro Glu Gln Asn Thr			
	345	350	355
gag taactttcta agcgatgtcc ggc			1197
Glu			
<210> 836			
<211> 358			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 836			
Met Val Pro Ala Glu Leu Phe Ala Arg Val Glu Phe Pro Asp His Lys			
1	5	10	15
Ile Leu Ala Gln Thr Lys Asp Phe His Asp Ser Leu Thr Lys Pro Pro			
20	25	30	
Gly Ser Leu Gly Lys Leu Glu Gln Ile Gly Cys Phe Ile Ser Ala Cys			
35	40	45	
Gln Gly Gln Ile Pro Pro Arg Pro Leu Asn Asn Ser Lys Ile Val Val			
50	55	60	
Phe Ala Gly Asp His Gly Val Ala Thr Lys Gly Val Ser Ala Tyr Pro			
65	70	75	80
Ser Ser Val Ser Leu Gln Met Ala Glu Asn Ile Thr Asn Gly Gly Ala			
85	90	95	

Ala Ile Asn Val Ile Ala Arg Thr Thr Gly Thr Ser Val Arg Leu Ile
100 105 110

Asp Thr Ser Leu Asp His Glu Ala Trp Gly Asp Glu Arg Val Ser Arg
115 120 125

Ser Cys Gly Ser Ile Asp Val Glu Asp Ala Met Thr Gln Glu Gln Val
130 135 140

Glu Arg Ala Leu Lys Ile Gly Lys Arg Ile Ala Asp Gln Glu Val Asp
145 150 155 160

Ala Gly Ala Asp Ile Leu Ile Pro Gly Asp Leu Gly Ile Gly Asn Thr
165 170 175

Thr Thr Ala Ala Ala Leu Val Gly Thr Phe Thr Leu Ala Glu Pro Val
180 185 190

Val Val Val Gly Arg Gly Thr Gly Ile Asp Asp Glu Ala Trp Lys Leu
195 200 205

Lys Val Ser Ala Ile Arg Asp Ala Met Phe Arg Ala Arg Asp Leu Arg
210 215 220

Gln Asp Pro Ile Ala Ile Ala Arg Lys Ile Ser Ser Pro Asp Leu Ala
225 230 235 240

Ala Met Ala Ala Phe Ile Ala Gln Ala Ala Val Arg Arg Thr Pro Val
245 250 255

Leu Leu Asp Gly Val Val Val Thr Ala Ala Ala Leu Leu Ala Asn Lys
260 265 270

Leu Ala Pro Gly Ala Arg Arg Trp Phe Ile Ala Gly His Arg Ser Thr
275 280 285

Glu Pro Ala His Ser Val Ala Leu Asn Ala Leu Ala Leu Asp Pro Ile
290 295 300

Leu Glu Leu Gly Met Ser Leu Gly Glu Gly Ser Gly Ala Ala Thr Ala

305 310 315 320

Leu Pro Leu Val Lys Ile Ala Val Asp Leu Met Asn Asp Met Ser Thr
325 330 335

Phe Ser Ser Ala Gly Val Asp Gly Pro Leu Asn Ala Ser Ser Glu Ala
340 345 350

Pro Glu Gln Asn Thr Glu
355

<210> 837

<211> 645

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101) .. (622)

<223> RXA02136

<400> 837

tggttttggt ctgggttact acgcgtattc cgcaccatt cagcctcgta agtggcgta 60

ccctcgtgca cgcgttgaaa ttggtgctga agtctagcgc atg cgc acg tta gtt 115
Met Arg Thr Leu Val

1 5

ctt ggc ggg gcc agg tct ggt aag tct gct ttt gca gaa tca ctt gtt 163
Leu Gly Gly Ala Arg Ser Gly Lys Ser Ala Phe Ala Glu Ser Leu Val

10 15 20

gga tct ggt ccc gtt ttg tat gtc gca acg gca agg cct tcg gga gat 211
Gly Ser Gly Pro Val Leu Tyr Val Ala Thr Ala Arg Pro Ser Gly Asp

25 30 35

gat cct gaa ttc gcc gag cgc att gcg gtt cat gcg gag cgg cgc cca 259
Asp Pro Glu Phe Ala Glu Arg Ile Ala Val His Ala Glu Arg Arg Pro

40 45 50

acg tct tgg gtg ttg gac gag gag ggg gac gtc gat aag ctt ctt gcc 307

Thr Ser Trp Val Leu Asp Glu Glu Gly Asp Val Asp Lys Leu Leu Ala
55 60 65

tcg cca ccg gcc atg ccg gtg ctc gtt gat gac ctg ggc acc tgg ctc 355
Ser Pro Pro Ala Met Pro Val Leu Val Asp Asp Leu Gly Thr Trp Leu
70 75 80 85

acg cac gcc acc gat gcg tgc gac ggt tgg gag gcg agt tcg gcg cag 403
Thr His Ala Thr Asp Ala Cys Asp Gly Trp Glu Ala Ser Ser Ala Gln
90 95 100

ctt gag gcc aag atg gat ttg ctt atc gac gcc atc ctc cac ttt cag 451
Leu Glu Ala Lys Met Asp Leu Leu Ile Asp Ala Ile Leu His Phe Gln
105 110 115

ggc gaa gat ctg gta att gtt tca cct gaa gtt ggt atg gga atc gtc 499
Gly Glu Asp Leu Val Ile Val Ser Pro Glu Val Gly Met Gly Ile Val
120 125 130

ccg gaa tat aaa tct ggg cgc ctt ttt cgt gat cgc atc ggc aca ctt 547
Pro Glu Tyr Lys Ser Gly Arg Leu Phe Arg Asp Arg Ile Gly Thr Leu
135 140 145

aat cag cgt gtc gca gcg att tgc gag agg gtt gtc ttc gtg gtt gct 595
Asn Gln Arg Val Ala Ala Ile Cys Glu Arg Val Val Phe Val Val Ala
150 155 160 165

ggc ctg cca cta gag ttg aaa acg ttt taagaaaaca gtcggtttga 642
Gly Leu Pro Leu Glu Leu Lys Thr Phe
170

agg 645

<210> 838
<211> 174
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 838
Met Arg Thr Leu Val Leu Gly Gly Ala Arg Ser Gly Lys Ser Ala Phe
1 5 10 15

Ala Glu Ser Leu Val Gly Ser Gly Pro Val Leu Tyr Val Ala Thr Ala
20 25 30

Arg Pro Ser Gly Asp Asp Pro Glu Phe Ala Glu Arg Ile Ala Val His
35 40 45

Ala Glu Arg Arg Pro Thr Ser Trp Val Leu Asp Glu Glu Gly Asp Val
50 55 60

Asp Lys Leu Leu Ala Ser Pro Pro Ala Met Pro Val Leu Val Asp Asp
65 70 75 80

Leu Gly Thr Trp Leu Thr His Ala Thr Asp Ala Cys Asp Gly Trp Glu
85 90 95

Ala Ser Ser Ala Gln Leu Glu Ala Lys Met Asp Leu Leu Ile Asp Ala
100 105 110

Ile Leu His Phe Gln Gly Glu Asp Leu Val Ile Val Ser Pro Glu Val
115 120 125

Gly Met Gly Ile Val Pro Glu Tyr Lys Ser Gly Arg Leu Phe Arg Asp
130 135 140

Arg Ile Gly Thr Leu Asn Gln Arg Val Ala Ala Ile Cys Glu Arg Val
145 150 155 160

Val Phe Val Val Ala Gly Leu Pro Leu Glu Leu Lys Thr Phe
165 170

<210> 839

<211> 575

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(552)

<223> RXN03114

<400> 839

act ccg ggg cat ttt gtt gcg ctc gcg cgg gag att gcg ggc gcg gtg	48
Thr Pro Gly His Phe Val Ala Leu Ala Arg Glu Ile Ala Gly Ala Val	
1 5 10 15	
cgc cgc gag ttg acg gtg ggg ttg gat gct ggt gac ggt ccg att tta	96
Arg Arg Glu Leu Thr Val Gly Leu Asp Ala Gly Asp Gly Pro Ile Leu	
20 25 30	
agg cag agc ttt gat gtt ggt ttt ttg ctt gtc gac gcc tcc ttc cac	144
Arg Gln Ser Phe Asp Val Gly Phe Leu Leu Val Asp Ala Ser Phe His	
35 40 45	
att cat atc aat ggc gtg tct act ggg cag tcg gtt gcg ccg gat gat	192
Ile His Ile Asn Gly Val Ser Thr Gly Gln Ser Val Ala Pro Asp Asp	
50 55 60	
gta gtt gag gtg gtg cgt ggt ttg gct gat gct tcg gag ttg tcc gtg	240
Val Val Glu Val Val Arg Gly Leu Ala Asp Ala Ser Glu Leu Ser Val	
65 70 75 80	
gaa agt gtt gct gag ttg tgt act ccc gtg gca ccg gtt tca tta tct	288
Glu Ser Val Ala Glu Leu Cys Thr Pro Val Ala Pro Val Ser Leu Ser	
85 90 95	
gag gca cag ggg aat cct gcg cct att ggg tgg ttg gag cat gat ggc	336
Glu Ala Gln Gly Asn Pro Ala Pro Ile Gly Trp Leu Glu His Asp Gly	
100 105 110	
gtg gtg tcg ttg ggt gcg ggt att cca ggg ggg cgg gtg gag gct cgt	384
Val Val Ser Leu Gly Ala Gly Ile Pro Gly Gly Arg Val Glu Ala Arg	
115 120 125	
tta gcg cgt ttt att gcg gtg att gag gcg gag acc act att acc cca	432
Leu Ala Arg Phe Ile Ala Val Ile Glu Ala Glu Thr Thr Ile Thr Pro	
130 135 140	
tgg aat tcg ttg atc att cat gat ttg tat gag ggt gtt gca gaa cag	480
Trp Asn Ser Leu Ile Ile His Asp Leu Tyr Glu Gly Val Ala Glu Gln	
145 150 155 160	
gtg gtg aag gtt ctg gct ccc atg ggg ttg gtt ttt gat gct aat tca	528

Val Val Lys Val Leu Ala Pro Met Gly Leu Val Phe Asp Ala Asn Ser

165

170

175

ccg ctt ctg gag tca ccg gct ttg taactcgcca ttgggtgcacg tct
Pro Leu Leu Glu Ser Pro Ala Leu

575

180

<210> 840

<211> 184

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 840

Thr Pro Gly His Phe Val Ala Leu Ala Arg Glu Ile Ala Gly Ala Val
1 5 10 15

Arg Arg Glu Leu Thr Val Gly Leu Asp Ala Gly Asp Gly Pro Ile Leu
20 25 30

Arg Gln Ser Phe Asp Val Gly Phe Leu Leu Val Asp Ala Ser Phe His
35 40 45

Ile His Ile Asn Gly Val Ser Thr Gly Gln Ser Val Ala Pro Asp Asp
50 55 60

Val Val Glu Val Val Arg Gly Leu Ala Asp Ala Ser Glu Leu Ser Val
65 70 75 80

Glu Ser Val Ala Glu Leu Cys Thr Pro Val Ala Pro Val Ser Leu Ser
85 90 95

Glu Ala Gln Gly Asn Pro Ala Pro Ile Gly Trp Leu Glu His Asp Gly
100 105 110

Val Val Ser Leu Gly Ala Gly Ile Pro Gly Gly Arg Val Glu Ala Arg
115 120 125

Leu Ala Arg Phe Ile Ala Val Ile Glu Ala Glu Thr Thr Ile Thr Pro
130 135 140

Trp Asn Ser Leu Ile Ile His Asp Leu Tyr Glu Gly Val Ala Glu Gln

145 150 155 160

Val Val Lys Val Leu Ala Pro Met Gly Leu Val Phe Asp Ala Asn Ser
165 170 175

Pro Leu Leu Glu Ser Pro Ala Leu
180

<210> 841
<211> 1200
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (101)..(1177)  
<223> RXN01810
```

<400> 841
ccaccaccac aatgttgctc atcctcgcgg cgttcgttgt cgcagggtggc tccatgactc 60

gcttcaccgt cggcaaccg actggaaaat aaggtttcac atg aat aac gct ttt 115
Met Asn Asn Ala Phe

1 5

cga cgc acc ctt aca tcc gta gtc ctc gcc gct agc ttg gcc tta acg 163
Arg Arg Thr Leu Thr Ser Val Val Leu Ala Ala Ser Leu Ala Leu Thr

10 15 20

gcc tgc gca agc tgg gat tca cct acg gca tct tcc aat ggt gat ctg 211
Ala Cys Ala Ser Trp Asp Ser Pro Thr Ala Ser Ser Asn Gly Asp Leu

25 30 35

att gag gag atc cag gca agc tcc acc tca aca gat ccg cgc acc ttc 259
Ile Glu Glu Ile Gln Ala Ser Ser Thr Ser Thr Asp Pro Arg Thr Phe

40 45 50

aca ggc ttg agc atc gtg gaa gat atc ggc gat gtg gtt ccc gta acc 307
Thr Gly Leu Ser Ile Val Glu Asp Ile Gly Asp Val Val Pro Val Thr

55 60 65

gac aac gcc tca cca gct ctg cca gtt tct ttg acc gac gct gat ggc 355

Asp	Asn	Ala	Ser	Pro	Ala	Leu	Pro	Val	Ser	Leu	Thr	Asp	Ala	Asp	Gly	
70					75					80					85	
aac	gac	gtg	gtg	gtg	gag	aac	gtg	tcc	cgc	atc	ctc	cca	ctg	gat	ctc	403
Asn	Asp	Val	Val	Val	Glu	Asn	Val	Ser	Arg	Ile	Leu	Pro	Leu	Asp	Leu	
				90					95					100		
tac	gga	acc	tat	tcc	aaa	acc	atc	gct	ggc	ctg	gga	ctc	gtg	gac	aat	451
Tyr	Gly	Thr	Tyr	Ser	Lys	Thr	Ile	Ala	Gly	Leu	Gly	Leu	Val	Asp	Asn	
			105						110					115		
att	gtg	ggt	cgt	act	gtt	agt	tcc	acc	gag	cct	gca	ttg	gcg	gac	att	499
Ile	Val	Gly	Arg	Thr	Val	Ser	Ser	Thr	Glu	Pro	Ala	Leu	Ala	Asp	Ile	
			120						125					130		
gag	gtg	gtc	acc	act	ggc	gga	cac	acc	ctc	aat	gct	gaa	gcg	atc	ctt	547
Glu	Val	Val	Thr	Thr	Gly	Gly	His	Thr	Leu	Asn	Ala	Glu	Ala	Ile	Leu	
	135								140					145		
aat	tta	cat	ccg	act	ttg	gtg	atc	atc	gac	cac	tcg	atc	ggc	cca	cgc	595
Asn	Leu	His	Pro	Thr	Leu	Val	Ile	Ile	Asp	His	Ser	Ile	Gly	Pro	Arg	
150					155					160				165		
gaa	gtc	atc	gat	cag	atc	cgc	gca	gct	ggg	gtc	gcc	acg	gtg	atc	atg	643
Glu	Val	Ile	Asp	Gln	Ile	Arg	Ala	Ala	Gly	Val	Ala	Thr	Val	Ile	Met	
				170					175					180		
tcg	ccg	cag	cgt	tcc	att	gcc	tca	att	ggc	gac	gac	atc	cgc	gac	atc	691
Ser	Pro	Gln	Arg	Ser	Ile	Ala	Ser	Ile	Gly	Asp	Asp	Ile	Arg	Asp	Ile	
			185						190					195		
gcc	tcc	gtc	gtt	gga	ctt	cct	gaa	gaa	ggg	gag	aag	ctc	gcg	gaa	cgt	739
Ala	Ser	Val	Val	Gly	Leu	Pro	Glu	Glu	Gly	Glu	Lys	Leu	Ala	Glu	Arg	
			200						205					210		
tcc	gtt	gct	gaa	gtc	gaa	gag	gcc	agc	acg	gtt	gtc	gat	gaa	ctc	acc	787
Ser	Val	Ala	Glu	Val	Glu	Glu	Ala	Ser	Thr	Val	Val	Asp	Glu	Leu	Thr	
	215								220					225		
cca	gaa	gat	ccc	ctc	aaa	atg	gta	ttc	ctc	tat	gcc	cgc	gga	act	ggg	835

Pro Glu Asp Pro Leu Lys Met Val Phe Leu Tyr Ala Arg Gly Thr Gly
230 235 240 245
gga gtg ttc ttc att ttg ggc gat gcc tat ggt gga cgc gat ctc att 883
Gly Val Phe Phe Ile Leu Gly Asp Ala Tyr Gly Gly Arg Asp Leu Ile
250 255 260
gaa ggc ctg ggc ggc gtc gac atg gct gct gaa aag ggc atc atg gat 931
Glu Gly Leu Gly Gly Val Asp Met Ala Ala Glu Lys Gly Ile Met Asp
265 270 275
ctg gca cca gcc aac gcg gaa gca ctt gcc gaa cta aat cca gac gtc 979
Leu Ala Pro Ala Asn Ala Glu Ala Leu Ala Glu Leu Asn Pro Asp Val
280 285 290
ttc gtg atg atg tcg gaa gga cta gtc tcg aca gga ggt atc gac ggt 1027
Phe Val Met Met Ser Glu Gly Leu Val Ser Thr Gly Gly Ile Asp Gly
295 300 305
ctt atg gaa cgc ccc ggc att gct cag aca acc gcc gga caa aac caa 1075
Leu Met Glu Arg Pro Gly Ile Ala Gln Thr Thr Ala Gly Gln Asn Gln
310 315 320 325
cga gta ctg gcg ctt ccc gat ggt caa tca ttg gcc ttt ggt gcc caa 1123
Arg Val Leu Ala Leu Pro Asp Gly Gln Ser Leu Ala Phe Gly Ala Gln
330 335 340
act ggc gag ttg ttg ctc cgc gca tcc cgc gaa ctg tat gtg cag ggc 1171
Thr Gly Glu Leu Leu Leu Arg Ala Ser Arg Glu Leu Tyr Val Gln Gly
345 350 355
ggc gag tagatggttg tgaaggaggt tga 1200
Gly Glu

<210> 842
<211> 359
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 842

Met Asn Asn Ala Phe Arg Arg Thr Leu Thr Ser Val Val Leu Ala Ala
1 5 10 15

Ser Leu Ala Leu Thr Ala Cys Ala Ser Trp Asp Ser Pro Thr Ala Ser
20 25 30

Ser Asn Gly Asp Leu Ile Glu Glu Ile Gln Ala Ser Ser Thr Ser Thr
35 40 45

Asp Pro Arg Thr Phe Thr Gly Leu Ser Ile Val Glu Asp Ile Gly Asp
50 55 60

Val Val Pro Val Thr Asp Asn Ala Ser Pro Ala Leu Pro Val Ser Leu
65 70 75 80

Thr Asp Ala Asp Gly Asn Asp Val Val Val Glu Asn Val Ser Arg Ile
85 90 95

Leu Pro Leu Asp Leu Tyr Gly Thr Tyr Ser Lys Thr Ile Ala Gly Leu
100 105 110

Gly Leu Val Asp Asn Ile Val Gly Arg Thr Val Ser Ser Thr Glu Pro
115 120 125

Ala Leu Ala Asp Ile Glu Val Val Thr Thr Gly Gly His Thr Leu Asn
130 135 140

Ala Glu Ala Ile Leu Asn Leu His Pro Thr Leu Val Ile Ile Asp His
145 150 155 160

Ser Ile Gly Pro Arg Glu Val Ile Asp Gln Ile Arg Ala Ala Gly Val
165 170 175

Ala Thr Val Ile Met Ser Pro Gln Arg Ser Ile Ala Ser Ile Gly Asp
180 185 190

Asp Ile Arg Asp Ile Ala Ser Val Val Gly Leu Pro Glu Glu Gly Glu
195 200 205

Lys Leu Ala Glu Arg Ser Val Ala Glu Val Glu Glu Ala Ser Thr Val
210 215 220

Val Asp Glu Leu Thr Pro Glu Asp Pro Leu Lys Met Val Phe Leu Tyr
225 230 235 240

Ala Arg Gly Thr Gly Gly Val Phe Phe Ile Leu Gly Asp Ala Tyr Gly
245 250 255

Gly Arg Asp Leu Ile Glu Gly Leu Gly Gly Val Asp Met Ala Ala Glu
260 265 270

Lys Gly Ile Met Asp Leu Ala Pro Ala Asn Ala Glu Ala Leu Ala Glu
275 280 285

Leu Asn Pro Asp Val Phe Val Met Met Ser Glu Gly Leu Val Ser Thr
290 295 300

Gly Gly Ile Asp Gly Leu Met Glu Arg Pro Gly Ile Ala Gln Thr Thr
305 310 315 320

Ala Gly Gln Asn Gln Arg Val Leu Ala Leu Pro Asp Gly Gln Ser Leu
325 330 335

Ala Phe Gly Ala Gln Thr Gly Glu Leu Leu Leu Arg Ala Ser Arg Glu
340 345 350

Leu Tyr Val Gln Gly Gly Glu
355

<210> 843

<211> 963

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(933)

<223> RXS03205

<400> 843

gat tcc ggc att ccc acg cag ttg gtg gag ggc agc tgg ttt gaa ccg 48
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro

1	5	10	15	
gtt cgc ggg cgc acc ttt gac cgc atc atc gcc aac ccg ccg ttc gtg				96
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val				
	20	25	30	
gtg gga cca ccg gaa att ggg cat gtg tac cgc gat tcc ggc atg gat				144
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp				
	35	40	45	
cta gac ggc gcg acc gcg ttg gtg gtc aaa gaa gcc tgc gcg cat ctc				192
Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu				
	50	55	60	
aac cct ggt ggc acc gct cac ctg ctc ggc gca tgg gtg cat tcc gcg				240
Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala				
	65	70	75	80
gat caa tcg tgg cag cag cgc gtt gca gaa tgg ttg ccg gat aac ggt				288
Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly				
	85	90	95	
tat gtt gct tgg gtt att gag cgc gac gcc gtg agc ccc gcg cag tat				336
Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr				
	100	105	110	
gtg ggc acg tgg ctt agt gat gag tcc ctc gat ctg cgt agc ccc gag				384
Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu				
	115	120	125	
gca gca gca cgc acc acc gcg tgg ctt aac cac ttt gaa aaa gcc aag				432
Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys				
	130	135	140	
gtt caa ggc gtt ggt ttt ggt ttc atc gcc atc caa cgt ctg gag gaa				480
Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu				
	145	150	155	160
gac gag gcg gat gag aaa tcc gat atc ttg gct gaa tcc atg acc cag				528
Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln				

165	170	175	
tac ttc gag gat cct ctc ggc cct gaa att gag gag tac ttc acc cgc			576
Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg			
180	185	190	
acc gca tgg ctt cgt gaa caa act cgc gat tcc att ctg agc tcc cgc			624
Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg			
195	200	205	
ttc aaa gtt cgc cct ggc gtg gcc cgg gaa caa atc agc ctg gcc gat			672
Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp			
210	215	220	
gcg gaa gaa ggc atg ggc ttt agt cct gtc acg ttg agg ctc acc cgc			720
Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg			
225	230	235	240
acc gat ggt cct cgt tgg tcc cat gat gtt gat gag cat gtg gct tcc			768
Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser			
245	250	255	
atc gtc gca gga ctt aac cca cat gga ctc ccc ttt gaa gaa atc ctg			816
Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu			
260	265	270	
gaa atg tac gcg atg gct caa ggt atc gag gga gaa tcc ctg cac aac			864
Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn			
275	280	285	
ggc gcc att gcg gcg ttg gtg gat ctc atc cgc cac gga ttg gtg ttg			912
Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu			
290	295	300	
ccc gct gat ctt ctc gat tct taaataagga ctgattgtga aagccgtttt			963
Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser			
305	310		

<210> 844

<211> 311

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 844

Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro
1 5 10 15

Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val
20 25 30

Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp
35 40 45

Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu
50 55 60

Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala
65 70 75 80

Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly
85 90 95

Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr
100 105 110

Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu
115 120 125

Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys
130 135 140

Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu
145 150 155 160

Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln
165 170 175

Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg
180 185 190

Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg
195 200 205

Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp
210 215 220

Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg
225 230 235 240

Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser
245 250 255

Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu
260 265 270

Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn
275 280 285

Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu
290 295 300

Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser
305 310

<210> 845
<211> 956
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(933)
<223> FRXA00306

<400> 845
gat tcc ggc att ccc acg cag ttg gtg gag ggc agc tgg ttt gaa ccg 48
Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro
1 5 10 15

gtt cgc ggg cgc acc ttt gac cgc atc atc gcc aac ccg ccg ttc gtg 96
Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val
20 25 30

gtg gga cca ccg gaa att ggg cat gtg tac cgc gat tcc ggc atg gat	144
Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp	
35 40 45	
cta gac ggc gcg acc gcg ttg gtg gtc aaa gaa gcc tgc gcg cat ctc	192
Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu	
50 55 60	
aac cct ggt ggc acc gct cac ctg ctc ggc gca tgg gtg cat tcc gcg	240
Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala	
65 70 75 80	
gat caa tcg tgg cag cag cgc gtt gca gaa tgg ttg ccg gat aac ggt	288
Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly	
85 90 95	
tat gtt gct tgg gtt att gag cgc gac gcc gtg agc ccc gcg cag tat	336
Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr	
100 105 110	
gtg ggc acg tgg ctt agt gat gag tcc ctc gat ctg cgt agc ccc gag	384
Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu	
115 120 125	
gca gca gca cgc acc acc gcg tgg ctt aac cac ttt gaa aaa gcc aag	432
Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys	
130 135 140	
gtt caa ggc gtt ggt ttt ggt ttc atc gcc atc caa cgt ctg gag gaa	480
Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu	
145 150 155 160	
gac gag gcg gat gag aaa tcc gat atc ttg gct gaa tcc atg acc cag	528
Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln	
165 170 175	
tac ttc gag gat cct ctc ggc cct gaa att gag gag tac ttc acc cgc	576
Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg	
180 185 190	
acc gca tgg ctt cgt gaa caa act cgc gat tcc att ctg agc tcc cgc	624

Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg

195 200 205

ttc aaa gtt cgc cct ggc gtg gcc cgg gaa caa atc agc ctg gcc gat 672
Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp

210 215 220

gcg gaa gaa ggc atg ggc ttt agt cct gtc acg ttg agg ctc acc cgc 720
Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg

225 230 235 240

acc gat ggt cct cgt tgg tcc cat gat gtt gat gag cat gtg gct tcc 768
Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser

245 250 255

atc gtc gca gga ctt aac cca cat gga ctc ccc ttt gaa gaa atc ctg 816
Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu

260 265 270

gaa atg tac gcg atg gct caa ggt atc gag gga gaa tcc ctg cac aac 864
Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn

275 280 285

ggc gcc att gcg gcg ttg gtg gat ctc atc cgc cac gga ttg gtg ttg 912
Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu

290 295 300

ccc gct gat ctt ctc gat tct taaataagga ctgattgtga aag 956
Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser

305 310

<210> 846

<211> 311

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 846

Asp Ser Gly Ile Pro Thr Gln Leu Val Glu Gly Ser Trp Phe Glu Pro

1 5 10 15

Val Arg Gly Arg Thr Phe Asp Arg Ile Ile Ala Asn Pro Pro Phe Val
20 25 30

Val Gly Pro Pro Glu Ile Gly His Val Tyr Arg Asp Ser Gly Met Asp
35 40 45

Leu Asp Gly Ala Thr Ala Leu Val Val Lys Glu Ala Cys Ala His Leu
50 55 60

Asn Pro Gly Gly Thr Ala His Leu Leu Gly Ala Trp Val His Ser Ala
65 70 75 80

Asp Gln Ser Trp Gln Gln Arg Val Ala Glu Trp Leu Pro Asp Asn Gly
85 90 95

Tyr Val Ala Trp Val Ile Glu Arg Asp Ala Val Ser Pro Ala Gln Tyr
100 105 110

Val Gly Thr Trp Leu Ser Asp Glu Ser Leu Asp Leu Arg Ser Pro Glu
115 120 125

Ala Ala Ala Arg Thr Thr Ala Trp Leu Asn His Phe Glu Lys Ala Lys
130 135 140

Val Gln Gly Val Gly Phe Gly Phe Ile Ala Ile Gln Arg Leu Glu Glu
145 150 155 160

Asp Glu Ala Asp Glu Lys Ser Asp Ile Leu Ala Glu Ser Met Thr Gln
165 170 175

Tyr Phe Glu Asp Pro Leu Gly Pro Glu Ile Glu Glu Tyr Phe Thr Arg
180 185 190

Thr Ala Trp Leu Arg Glu Gln Thr Arg Asp Ser Ile Leu Ser Ser Arg
195 200 205

Phe Lys Val Arg Pro Gly Val Ala Arg Glu Gln Ile Ser Leu Ala Asp
210 215 220

Ala Glu Glu Gly Met Gly Phe Ser Pro Val Thr Leu Arg Leu Thr Arg
225 230 235 240

Thr Asp Gly Pro Arg Trp Ser His Asp Val Asp Glu His Val Ala Ser
245 250 255

Ile Val Ala Gly Leu Asn Pro His Gly Leu Pro Phe Glu Glu Ile Leu
260 265 270

Glu Met Tyr Ala Met Ala Gln Gly Ile Glu Gly Glu Ser Leu His Asn
275 280 285

Gly Ala Ile Ala Ala Leu Val Asp Leu Ile Arg His Gly Leu Val Leu
290 295 300

Pro Ala Asp Leu Leu Asp Ser
305 310

<210> 847
<211> 819
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(796)
<223> RXC01715

<400> 847
acatgttggt ggaacatgcc ggcagagccg acactacgat tcattcgcta aagggtctgg 60

ccactgacac tggcaaagat ccacgaaagg aagttaccct gtg agc gag ctc gat 115
Val Ser Glu Leu Asp

1 5

att aaa cag ctc aac aaa ctg cag cgc tac tct cag tgg gcg gtg ttc 163
Ile Lys Gln Leu Asn Lys Leu Gln Arg Tyr Ser Gln Trp Ala Val Phe

10 15 20

cgt gct att cct gga gcg ctc gat gat gat cgc aca gaa gtc act gac 211
Arg Ala Ile Pro Gly Ala Leu Asp Asp Asp Arg Thr Glu Val Thr Asp

25 30 35

caa gca gcc aag ttc ttt gcc gac ctt gaa gca gaa ggc aaa gtc act 259
Gln Ala Ala Lys Phe Phe Ala Asp Leu Glu Ala Glu Gly Lys Val Thr

40	45	50	
gtc cgt ggc att tac aac gcc tcc ggc ctg cgc gca gac gct gac tac 307			
Val Arg Gly Ile Tyr Asn Ala Ser Gly Leu Arg Ala Asp Ala Asp Tyr			
55	60	65	
atg atc tgg tgg cac gca gaa gaa ttc gaa gac att cag aag gcc ttc 355			
Met Ile Trp Trp His Ala Glu Glu Phe Glu Asp Ile Gln Lys Ala Phe			
70	75	80	85
gct gat ttc cgc cgc acc acc att ttg ggt cag gtt tct gag gtc ttc 403			
Ala Asp Phe Arg Arg Thr Thr Ile Leu Gly Gln Val Ser Glu Val Phe			
90	95	100	
tgg atc gga aac gct ctc cac cgt cca tct gag ttc aac aag gct cac 451			
Trp Ile Gly Asn Ala Leu His Arg Pro Ser Glu Phe Asn Lys Ala His			
105	110	115	
ttg cct tca ttc atc atg ggt gaa gaa gca aag gac tgg atc act gtt 499			
Leu Pro Ser Phe Ile Met Gly Glu Glu Ala Lys Asp Trp Ile Thr Val			
120	125	130	
tac ccg ttc gtg cgc agc tac gac tgg tac atc atg gag ccc ttg aag 547			
Tyr Pro Phe Val Arg Ser Tyr Asp Trp Tyr Ile Met Glu Pro Leu Lys			
135	140	145	
cgt tcc cgc att ctc cgc gag cac gga caa gct gct gtg gaa ttc cca 595			
Arg Ser Arg Ile Leu Arg Glu His Gly Gln Ala Ala Val Glu Phe Pro			
150	155	160	165
gat gtt cgt gcc aac act gtg ccg gct ttc gca ctg ggt gac tac gaa 643			
Asp Val Arg Ala Asn Thr Val Pro Ala Phe Ala Leu Gly Asp Tyr Glu			
170	175	180	
tgg gtg ctg gct ttc gag gct gat gag ttg cac cgc att gtc gat ttg 691			
Trp Val Leu Ala Phe Glu Ala Asp Glu Leu His Arg Ile Val Asp Leu			
185	190	195	
atg cac aag atg cgt tac acc gag gct cgc ctc cac gtc cgt gag gag 739			
Met His Lys Met Arg Tyr Thr Glu Ala Arg Leu His Val Arg Glu Glu			

200 205 210

ctg cca ttt att tct gga cag cgc gtc gac att gca gat ctg att aag 787
 Leu Pro Phe Ile Ser Gly Gln Arg Val Asp Ile Ala Asp Leu Ile Lys

215 220 225

gtt ctt cct taaaagctgc ttttctaac gat 819
 Val Leu Pro

230

<210> 848
 <211> 232
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 848
 Val Ser Glu Leu Asp Ile Lys Gln Leu Asn Lys Leu Gln Arg Tyr Ser
 1 5 10 15

Gln Trp Ala Val Phe Arg Ala Ile Pro Gly Ala Leu Asp Asp Asp Arg
 20 25 30

Thr Glu Val Thr Asp Gln Ala Ala Lys Phe Phe Ala Asp Leu Glu Ala
 35 40 45

Glu Gly Lys Val Thr Val Arg Gly Ile Tyr Asn Ala Ser Gly Leu Arg
 50 55 60

Ala Asp Ala Asp Tyr Met Ile Trp Trp His Ala Glu Glu Phe Glu Asp
 65 70 75 80

Ile Gln Lys Ala Phe Ala Asp Phe Arg Arg Thr Thr Ile Leu Gly Gln
 85 90 95

Val Ser Glu Val Phe Trp Ile Gly Asn Ala Leu His Arg Pro Ser Glu
 100 105 110

Phe Asn Lys Ala His Leu Pro Ser Phe Ile Met Gly Glu Glu Ala Lys
 115 120 125

Asp Trp Ile Thr Val Tyr Pro Phe Val Arg Ser Tyr Asp Trp Tyr Ile

130 135 140

Met Glu Pro Leu Lys Arg Ser Arg Ile Leu Arg Glu His Gly Gln Ala
 145 150 155 160

Ala Val Glu Phe Pro Asp Val Arg Ala Asn Thr Val Pro Ala Phe Ala
 165 170 175

Leu Gly Asp Tyr Glu Trp Val Leu Ala Phe Glu Ala Asp Glu Leu His
 180 185 190

Arg Ile Val Asp Leu Met His Lys Met Arg Tyr Thr Glu Ala Arg Leu
 195 200 205

His Val Arg Glu Glu Leu Pro Phe Ile Ser Gly Gln Arg Val Asp Ile
 210 215 220

Ala Asp Leu Ile Lys Val Leu Pro
 225 230

<210> 849
 <211> 1587
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1564)
 <223> RXN00420

<400> 849
 attcgtgaac tcatggatct ttaggcaata aatgtgagat tggacgattt cacgcttgtc 60

ttcaccacct gaaaattttc gggggtaacc tttaaaggcg atg aac agt tct cac 115
 Met Asn Ser Ser His
 1 5

ggc acg tcc agc tcc ggc gct tgc gcc ggt gcc cac gga gcc ctt ccc 163
 Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala His Gly Ala Leu Pro
 10 15 20

cta gaa gct cag aaa ctg aac ggt tgg ggc cgc aca gcc ccc acc acc 211

Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg Thr Ala Pro Thr Thr
25 30 35

gct gag gta ctt acc acc cca gac cta gac atc att gtg gat gca gtc 259
Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile Ile Val Asp Ala Val

40 45 50

cgc caa gtc gct gaa caa aac gac tcc aag ccg gac tac ctc aag cgc 307
Arg Gln Val Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro Asp Tyr Leu Lys Arg

55 60 65

ggc gtg att gcc cgt ggc atg ggt cgt tcc tat ggt gac cca gcc caa 355
Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr Gly Asp Pro Ala Gln

70 75 80 85

aac gcc ggt ggc ctt gtc att gac atg cag cca ctg aac aaa atc cac 403
Asn Ala Gly Gly Leu Val Ile Asp Met Gln Pro Leu Asn Lys Ile His

90 95 100

tcg att gat cct gat tct gcg atc gtc gat gta gat ggc ggc gtc acc 451
Ser Ile Asp Pro Asp Ser Ala Ile Val Asp Val Asp Gly Gly Val Thr

105 110 115

ctc gat cag ctc atg aag gct gcc ctg cca tat ggc ctc tgg gtt cct 499
Leu Asp Gln Leu Met Lys Ala Ala Leu Pro Tyr Gly Leu Trp Val Pro

120 125 130

gtc ctt ccc ggc acc cgc caa gtc acc atc ggt ggc gca atc gga cca 547
Val Leu Pro Gly Thr Arg Gln Val Thr Ile Gly Gly Ala Ile Gly Pro

135 140 145

gac atc cac ggt aag aac cac cac tct gca ggt tcc ttc ggc gac cac 595
Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly Ser Phe Gly Asp His

150 155 160 165

gtg gtc tcc atg gaa ctc ctc gtt gca gac gga cgc atc ctg cac ctc 643
Val Val Ser Met Glu Leu Leu Val Ala Asp Gly Arg Ile Leu His Leu

170 175 180

gag cca gaa ggc acc gcc gaa gac cca cag ggc gac ctg ttc tgg gca 691

Glu Pro Glu Gly Thr Ala Glu Asp Pro Gln Gly Asp Leu Phe Trp Ala	
185	190
195	
acc gtt ggt ggc atg ggc ctg acc ggc atc atc gtc cgt gca cgc atc	739
Thr Val Gly Gly Met Gly Leu Thr Gly Ile Ile Val Arg Ala Arg Ile	
200	205
210	
cgc atg acc aag acg gaa acc gcc tac ttc att gcg gac acc gac cgc	787
Arg Met Thr Lys Thr Glu Thr Ala Tyr Phe Ile Ala Asp Thr Asp Arg	
215	220
225	
acc aac aac ttg gaa gaa acc gtt gcg ttc cac tcc gac gga tca gag	835
Thr Asn Asn Leu Glu Glu Thr Val Ala Phe His Ser Asp Gly Ser Glu	
230	235
240	245
cac aac tac acc tat tct tct gcg tgg ttc gat gtc atc agc cct gag	883
His Asn Tyr Thr Tyr Ser Ser Ala Trp Phe Asp Val Ile Ser Pro Glu	
250	255
260	
cca aag ctt ggc cgc tcc acc atc tcc cgt ggt tcc ctg gca aca ctt	931
Pro Lys Leu Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Gly Ser Leu Ala Thr Leu	
265	270
275	
gct cag ctg gaa gaa ttg gca cca aag ctg gcc aag gat cca ctg aag	979
Ala Gln Leu Glu Glu Leu Ala Pro Lys Leu Ala Lys Asp Pro Leu Lys	
280	285
290	
ttt aat gct cca cag ctg atg aag gtt cca gat atc ttc cca tcc tgg	1027
Phe Asn Ala Pro Gln Leu Met Lys Val Pro Asp Ile Phe Pro Ser Trp	
295	300
305	
act ttg aac aag ctg acc ctt tcc gca gtc ggt gtg gct tac tac gcc	1075
Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly Val Ala Tyr Tyr Ala	
310	315
320	325
atg ggt gca cca gcg aaa aac cag gtg aaa aac ctc acc cag ttc tac	1123
Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn Leu Thr Gln Phe Tyr	
330	335
340	
caa cca ctg gat ttg atc ggc gaa tgg aac cgt ggc tac ggc tcc aag	1171

Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg Gly Tyr Gly Ser Lys
345 350 355

ggc ttc ctg cag tac cag ttc gtg gtc ccc aca gaa gct gtt gag cct 1219
Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe Val Val Pro Thr Glu Ala Val Glu Pro

360 365 370

ttc aag gac atc atc cgc gat atg caa aag tcc ggc cac tac tcc gca 1267
Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser Gly His Tyr Ser Ala

375 380 385

ctc aac gtg ttc aaa ctg ttt ggc cca ggc aac cgc gca cca ctg tcc 1315
Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn Arg Ala Pro Leu Ser

390 395 400 405

tac cca atg cca ggc tgg aac gtc tgc gtt gac ttc cct atc cgc cca 1363
Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp Phe Pro Ile Arg Pro

410 415 420

ggc ctg gga gct ttc ttg gac gat ctg gac aag cgc gtc atg gaa ttc 1411
Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys Arg Val Met Glu Phe

425 430 435

ggc ggc cgc ctc tac ctg gcc aag gaa tcc cgc acc tcc gca gag aac 1459
Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg Thr Ser Ala Glu Asn

440 445 450

ttc cac gcc atg tac cca ggt atg gaa ggc tgg ttg aag act cga aat 1507
Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp Leu Lys Thr Arg Asn

455 460 465

gag atc gac cca acc gga gtc ttt gca tct gac atg tcc cgc cga ctt 1555
Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp Met Ser Arg Arg Leu

470 475 480 485

gag ctt tct taagaaaggg ctggaactaa aca 1587
Glu Leu Ser

<210> 850

<211> 488

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 850

Met Asn Ser Ser His Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala
1 5 10 15

His Gly Ala Leu Pro Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg
20 25 30

Thr Ala Pro Thr Thr Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile
35 40 45

Ile Val Asp Ala Val Arg Gln Val Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro
50 55 60

Asp Tyr Leu Lys Arg Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr
65 70 75 80

Gly Asp Pro Ala Gln Asn Ala Gly Gly Leu Val Ile Asp Met Gln Pro
85 90 95

Leu Asn Lys Ile His Ser Ile Asp Pro Asp Ser Ala Ile Val Asp Val
100 105 110

Asp Gly Gly Val Thr Leu Asp Gln Leu Met Lys Ala Ala Leu Pro Tyr
115 120 125

Gly Leu Trp Val Pro Val Leu Pro Gly Thr Arg Gln Val Thr Ile Gly
130 135 140

Gly Ala Ile Gly Pro Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly
145 150 155 160

Ser Phe Gly Asp His Val Val Ser Met Glu Leu Leu Val Ala Asp Gly
165 170 175

Arg Ile Leu His Leu Glu Pro Glu Gly Thr Ala Glu Asp Pro Gln Gly
180 185 190

Asp Leu Phe Trp Ala Thr Val Gly Gly Met Gly Leu Thr Gly Ile Ile

195 200 205

 Val Arg Ala Arg Ile Arg Met Thr Lys Thr Glu Thr Ala Tyr Phe Ile
 210 215 220

 Ala Asp Thr Asp Arg Thr Asn Asn Leu Glu Glu Thr Val Ala Phe His
 225 230 235 240

 Ser Asp Gly Ser Glu His Asn Tyr Thr Tyr Ser Ser Ala Trp Phe Asp
 245 250 255

 Val Ile Ser Pro Glu Pro Lys Leu Gly Arg Ser Thr Ile Ser Arg Gly
 260 265 270

 Ser Leu Ala Thr Leu Ala Gln Leu Glu Glu Leu Ala Pro Lys Leu Ala
 275 280 285

 Lys Asp Pro Leu Lys Phe Asn Ala Pro Gln Leu Met Lys Val Pro Asp
 290 295 300

 Ile Phe Pro Ser Trp Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly
 305 310 315 320

 Val Ala Tyr Tyr Ala Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn
 325 330 335

 Leu Thr Gln Phe Tyr Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg
 340 345 350

 Gly Tyr Gly Ser Lys Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe Val Val Pro Thr
 355 360 365

 Glu Ala Val Glu Pro Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser
 370 375 380

 Gly His Tyr Ser Ala Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn
 385 390 395 400

 Arg Ala Pro Leu Ser Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp
 405 410 415

 Phe Pro Ile Arg Pro Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys

420 425 430

Arg Val Met Glu Phe Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg
435 440 445

Thr Ser Ala Glu Asn Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp
450 455 460

Leu Lys Thr Arg Asn Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp
465 470 475 480

Met Ser Arg Arg Leu Glu Leu Ser
485

<210> 851
<211> 563
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(540)
<223> FRXA00420

<400> 851
tgg act ttg aac aag ctg acc ctt tcc gca gtc ggt gtg gct tac tac 48
Trp Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly Val Ala Tyr Tyr

1 5 10 15

gcc atg ggt gca cca gcg aaa aac cag gtg aaa aac ctc acc cag ttc 96
Ala Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn Leu Thr Gln Phe

20 25 30

tac caa cca ctg gat ttg atc ggc gaa tgg aac cgt ggc tac ggc tcc 144
Tyr Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg Gly Tyr Gly Ser

35 40 45

aag ggc ttc ctg cag tac cag ttc gtg gtc ccc aca gaa gct gtt gag 192
Lys Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe Val Val Pro Thr Glu Ala Val Glu

50 55 60

cct ttc aag gac atc atc cgc gat atg caa aag tcc ggc cac tac tcc 240
Pro Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser Gly His Tyr Ser

65 70 75 80

gca ctc aac gtg ttc aaa ctg ttt ggc cca ggc aac cgc gca cca ctg 288
Ala Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn Arg Ala Pro Leu

85 90 95

tcc tac cca atg cca ggc tgg aac gtc tgc gtt gac ttc cct atc cgc 336
Ser Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp Phe Pro Ile Arg

100 105 110

cca ggt ctg gga gct ttc ttg gac gat ctg gac aag cgc gtc atg gaa 384
Pro Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys Arg Val Met Glu

115 120 125

ttc ggc ggc cgc ctc tac ctg gcc aag gaa tcc cgc acc tcc gca gag 432
Phe Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg Thr Ser Ala Glu

130 135 140

aac ttc cac gcc atg tac cca ggt atg gaa ggc tgg ttg aag act cga 480
Asn Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp Leu Lys Thr Arg

145 150 155 160

aat gag atc gac cca acc gga gtc ttt gca tct gac atg tcc cgc cga 528
Asn Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp Met Ser Arg Arg

165 170 175

ctt gag ctt tct taagaaaggg cttgaactaa aca 563
Leu Glu Leu Ser

180

<210> 852

<211> 180

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 852

Trp Thr Leu Asn Lys Leu Thr Leu Ser Ala Val Gly Val Ala Tyr Tyr
1 5 10 15

Ala Met Gly Ala Pro Ala Lys Asn Gln Val Lys Asn Leu Thr Gln Phe

20 25 30

Tyr Gln Pro Leu Asp Leu Ile Gly Glu Trp Asn Arg Gly Tyr Gly Ser
35 40 45

Lys Gly Phe Leu Gln Tyr Gln Phe Val Val Pro Thr Glu Ala Val Glu
50 55 60

Pro Phe Lys Asp Ile Ile Arg Asp Met Gln Lys Ser Gly His Tyr Ser
65 70 75 80

Ala Leu Asn Val Phe Lys Leu Phe Gly Pro Gly Asn Arg Ala Pro Leu
85 90 95

Ser Tyr Pro Met Pro Gly Trp Asn Val Cys Val Asp Phe Pro Ile Arg
100 105 110

Pro Gly Leu Gly Ala Phe Leu Asp Asp Leu Asp Lys Arg Val Met Glu
115 120 125

Phe Gly Gly Arg Leu Tyr Leu Ala Lys Glu Ser Arg Thr Ser Ala Glu
130 135 140

Asn Phe His Ala Met Tyr Pro Gly Met Glu Gly Trp Leu Lys Thr Arg
145 150 155 160

Asn Glu Ile Asp Pro Thr Gly Val Phe Ala Ser Asp Met Ser Arg Arg
165 170 175

Leu Glu Leu Ser
180

<210> 853

<211> 622

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(622)

<223> FRXA00426

<400> 853

attcgtgaac tcatggatct ttaggcaata aatgtgagat tggacgattt cacgcttgtc 60

ttcaccacct gaaaattttc gggggtaacc tttaaaggcg atg aac agt tct cac 115
Met Asn Ser Ser His

1 5

ggc acg tcc agc tcc ggc gct tcg gcc ggt gcc cac gga gcc ctt ccc 163
Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala His Gly Ala Leu Pro

10 15 20

cta gaa gct cag aaa ctg aac ggt tgg ggc cgc aca gcc ccc acc acc 211
Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg Thr Ala Pro Thr Thr

25 30 35

gct gag gta ctt acc acc cca gac cta gac atc att gtg gat gca gtc 259
Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile Ile Val Asp Ala Val

40 45 50

cgc caa gtc gct gaa caa aac gac tcc aag ccg gac tac ctc aag cgc 307
Arg Gln Val Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro Asp Tyr Leu Lys Arg

55 60 65

ggc gtg att gcc cgt ggc atg ggt cgt tcc tat ggt gac cca gcc caa 355
Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr Gly Asp Pro Ala Gln

70 75 80 85

aac gcc ggt ggc ctt gtc att gac atg cag cca ctg aac aaa atc cac 403
Asn Ala Gly Gly Leu Val Ile Asp Met Gln Pro Leu Asn Lys Ile His

90 95 100

tcg att gat cct gat tct gcg atc gtc gat gta gat ggc ggc gtc acc 451
Ser Ile Asp Pro Asp Ser Ala Ile Val Asp Val Asp Gly Gly Val Thr

105 110 115

ctc gat cag ctc atg aag gct gcc ctg cca tat ggc ctc tgg gtt cct 499
Leu Asp Gln Leu Met Lys Ala Ala Leu Pro Tyr Gly Leu Trp Val Pro

120 125 130

gtc ctt ccc ggc acc cgc caa gtc acc atc ggt ggc gca atc gga cca 547
Val Leu Pro Gly Thr Arg Gln Val Thr Ile Gly Gly Ala Ile Gly Pro

135	140	145	
gac atc cac ggt aag aac cac cac tct gca ggt tcc ttc ggc gac cac 595			
Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly Ser Phe Gly Asp His			
150	155	160	165
gtg gtc tcc atg gaa ctc ctc gtt gca 622			
Val Val Ser Met Glu Leu Leu Val Ala			
170			
<210> 854			
<211> 174			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 854			
Met Asn Ser Ser His Gly Thr Ser Ser Ser Gly Ala Ser Ala Gly Ala			
1 5 10 15			
His Gly Ala Leu Pro Leu Glu Ala Gln Lys Leu Asn Gly Trp Gly Arg			
20 25 30			
Thr Ala Pro Thr Thr Ala Glu Val Leu Thr Thr Pro Asp Leu Asp Ile			
35 40 45			
Ile Val Asp Ala Val Arg Gln Val Ala Glu Gln Asn Asp Ser Lys Pro			
50 55 60			
Asp Tyr Leu Lys Arg Gly Val Ile Ala Arg Gly Met Gly Arg Ser Tyr			
65 70 75 80			
Gly Asp Pro Ala Gln Asn Ala Gly Gly Leu Val Ile Asp Met Gln Pro			
85 90 95			
Leu Asn Lys Ile His Ser Ile Asp Pro Asp Ser Ala Ile Val Asp Val			
100 105 110			
Asp Gly Gly Val Thr Leu Asp Gln Leu Met Lys Ala Ala Leu Pro Tyr			
115 120 125			
Gly Leu Trp Val Pro Val Leu Pro Gly Thr Arg Gln Val Thr Ile Gly			
130 135 140			

Gly Ala Ile Gly Pro Asp Ile His Gly Lys Asn His His Ser Ala Gly
145 150 155 160

Ser Phe Gly Asp His Val Val Ser Met Glu Leu Leu Val Ala
165 170

<210> 855
<211> 930
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(907)
<223> RXN00708

<400> 855
cctgcgtatc ggctgccttt ttgaattctt ttctcctcg aggcctaacc ttcaattcct 60

taccgatccc cticcctgaa gtttcgctaa cctggcgtac atg act ctt tcc ctt 115
Met Thr Leu Ser Leu

1 5

cct cca att ggt ttc ggc acc gtt cat ctt gat ggc gca cct ggc gtt 163
Pro Pro Ile Gly Phe Gly Thr Val His Leu Asp Gly Ala Pro Gly Val

10 15 20

gaa gcc atc gct act gcc att gat gct ggt tac cgc ctc atc gac acc 211
Glu Ala Ile Ala Thr Ala Ile Asp Ala Gly Tyr Arg Leu Ile Asp Thr

25 30 35

gcg tac aac tat gaa aat gaa ggt acc gtg ggc aag gct gtc cgc gag 259
Ala Tyr Asn Tyr Glu Asn Glu Gly Thr Val Gly Lys Ala Val Arg Glu

40 45 50

tcg ggt gtc ccc cgc gag gaa ttg att gtt acc agt aag ctc cct ggc 307
Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu Ile Val Thr Ser Lys Leu Pro Gly

55 60 65

cgc ttc cat gct cgc gat cta gga cgc gtc cgc att gag gaa agt cta 355

Arg	Phe	His	Ala	Arg	Asp	Leu	Gly	Arg	Val	Arg	Ile	Glu	Glu	Ser	Leu	
70						75				80					85	
tac	cgc	ctc	aac	tta	gat	tac	atc	gat	ctc	ctc	ttg	att	cac	tgg	cct	403
Tyr	Arg	Leu	Asn	Leu	Asp	Tyr	Ile	Asp	Leu	Leu	Leu	Ile	His	Trp	Pro	
				90					95					100		
aat	ccc	agc	aag	gat	ctc	tac	gtc	gag	gcg	tgg	gaa	acg	ctg	att	gaa	451
Asn	Pro	Ser	Lys	Asp	Leu	Tyr	Val	Glu	Ala	Trp	Glu	Thr	Leu	Ile	Glu	
			105					110					115			
gtc	cgc	gat	gct	ggc	ctg	gtc	aag	cac	atc	gga	gtg	tct	aac	ttc	ctt	499
Val	Arg	Asp	Ala	Gly	Leu	Val	Lys	His	Ile	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Leu	
	120					125					130					
cca	aat	cac	att	gat	cgc	ctg	cgc	cgc	gaa	acc	ggt	gaa	ctg	cgc	gcc	547
Pro	Asn	His	Ile	Asp	Arg	Leu	Arg	Arg	Glu	Thr	Gly	Glu	Leu	Pro	Ala	
	135					140				145						
gtt	aac	cag	atc	gag	ttg	cac	ccc	tat	ttc	ccg	cag	gtg	gag	cag	gta	595
Val	Asn	Gln	Ile	Glu	Leu	His	Pro	Tyr	Phe	Pro	Gln	Val	Glu	Gln	Val	
150				155				160				165				
gat	ttc	cac	gat	gag	ctg	ggc	atc	att	acc	gag	gcc	tgg	agc	ccg	ctc	643
Asp	Phe	His	Asp	Glu	Leu	Gly	Ile	Ile	Thr	Glu	Ala	Trp	Ser	Pro	Leu	
			170					175				180				
agc	aac	ggt	cgc	gga	ctc	gtc	gaa	gag	cca	ttg	ctc	aag	gaa	atc	ggc	691
Ser	Asn	Gly	Arg	Gly	Leu	Val	Glu	Glu	Pro	Leu	Leu	Lys	Glu	Ile	Gly	
		185						190				195				
gag	cgc	tac	ggg	gtc	ggc	agc	ggc	gaa	atc	gcc	ctc	gct	tgg	cat	cac	739
Glu	Arg	Tyr	Gly	Val	Gly	Ser	Gly	Glu	Ile	Ala	Leu	Ala	Trp	His	His	
	200					205					210					
gcc	agg	gga	atc	gtt	ccg	att	cca	cgc	tcc	acc	aac	ccg	gcc	agg	cag	787
Ala	Arg	Gly	Ile	Val	Pro	Ile	Pro	Arg	Ser	Thr	Asn	Pro	Ala	Arg	Gln	
	215					220				225						
cgc	agc	aac	ttg	gag	gcg	gta	aag	att	tcg	ctt	atc	gac	gaa	gac	gtc	835

Arg Ser Asn Leu Glu Ala Val Lys Ile Ser Leu Ile Asp Glu Asp Val
230 235 240 245
cag gcg att acc gct ttg gcg cgc aaa aac ggc cgg atc aaa gat caa 883
Gln Ala Ile Thr Ala Leu Ala Arg Lys Asn Gly Arg Ile Lys Asp Gln
250 255 260
gat cca gcc gtc tat gaa gaa ttc tagatagtta catcaagggtt ccg 930
Asp Pro Ala Val Tyr Glu Glu Phe
265
<210> 856
<211> 269
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 856
Met Thr Leu Ser Leu Pro Pro Ile Gly Phe Gly Thr Val His Leu Asp
1 5 10 15
Gly Ala Pro Gly Val Glu Ala Ile Ala Thr Ala Ile Asp Ala Gly Tyr
20 25 30
Arg Leu Ile Asp Thr Ala Tyr Asn Tyr Glu Asn Glu Gly Thr Val Gly
35 40 45
Lys Ala Val Arg Glu Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu Ile Val Thr
50 55 60
Ser Lys Leu Pro Gly Arg Phe His Ala Arg Asp Leu Gly Arg Val Arg
65 70 75 80
Ile Glu Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Asn Leu Asp Tyr Ile Asp Leu Leu
85 90 95
Leu Ile His Trp Pro Asn Pro Ser Lys Asp Leu Tyr Val Glu Ala Trp
100 105 110
Glu Thr Leu Ile Glu Val Arg Asp Ala Gly Leu Val Lys His Ile Gly
115 120 125
Val Ser Asn Phe Leu Pro Asn His Ile Asp Arg Leu Arg Arg Glu Thr

130 135 140

Gly Glu Leu Pro Ala Val Asn Gln Ile Glu Leu His Pro Tyr Phe Pro
145 150 155 160

Gln Val Glu Gln Val Asp Phe His Asp Glu Leu Gly Ile Ile Thr Glu
165 170 175

Ala Trp Ser Pro Leu Ser Asn Gly Arg Gly Leu Val Glu Glu Pro Leu
180 185 190

Leu Lys Glu Ile Gly Glu Arg Tyr Gly Val Gly Ser Gly Glu Ile Ala
195 200 205

Leu Ala Trp His His Ala Arg Gly Ile Val Pro Ile Pro Arg Ser Thr
210 215 220

Asn Pro Ala Arg Gln Arg Ser Asn Leu Glu Ala Val Lys Ile Ser Leu
225 230 235 240

Ile Asp Glu Asp Val Gln Ala Ile Thr Ala Leu Ala Arg Lys Asn Gly
245 250 255

Arg Ile Lys Asp Gln Asp Pro Ala Val Tyr Glu Glu Phe
260 265

<210> 857
<211> 695
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(672)
<223> FRXA00708

<400> 857
acc gtg ggc aag gct gtc cgc gag tcg ggt gtc ccc cgc gag gaa ttg 48
Thr Val Gly Lys Ala Val Arg Glu Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu

1 5 10 15

att gtt acc agt aag ctc cct ggc cgc ttc cat gct cgc gat cta gga 96

Ile Val Thr Ser Lys Leu Pro Gly Arg Phe His Ala Arg Asp Leu Gly	
20 25 30	
cgc gtc cgc att gag gaa agt cta tac cgc ctc aac tta gat tac atc	144
Arg Val Arg Ile Glu Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Asn Leu Asp Tyr Ile	
35 40 45	
gat ctc ctc ttg att cac tgg cct aat ccc agc aag gat ctc tac gtc	192
Asp Leu Leu Ile His Trp Pro Asn Pro Ser Lys Asp Leu Tyr Val	
50 55 60	
gag gcg tgg gaa acg ctg att gaa gtc cgc gat gct ggc ctg gtc aag	240
Glu Ala Trp Glu Thr Leu Ile Glu Val Arg Asp Ala Gly Leu Val Lys	
65 70 75 80	
cac atc gga gtg tct aac ttc ctt cca aat cac att gat cgc ctg cgc	288
His Ile Gly Val Ser Asn Phe Leu Pro Asn His Ile Asp Arg Leu Arg	
85 90 95	
cgc gaa acc ggt gaa ctg ccg gcc gtt aac cag atc gag ttg cac ccc	336
Arg Glu Thr Gly Glu Leu Pro Ala Val Asn Gln Ile Glu Leu His Pro	
100 105 110	
tat ttc ccg cag gtg gag cag gta gat ttc cac gat gag ctg ggc atc	384
Tyr Phe Pro Gln Val Glu Gln Val Asp Phe His Asp Glu Leu Gly Ile	
115 120 125	
att acc gag gcc tgg agc ccg ctc agc aac ggt cgc gga ctc gtc gaa	432
Ile Thr Glu Ala Trp Ser Pro Leu Ser Asn Gly Arg Gly Leu Val Glu	
130 135 140	
gag cca ttg ctc aag gaa atc gcc gag cgc tac ggg gtc gcc agc gcc	480
Glu Pro Leu Leu Lys Glu Ile Gly Glu Arg Tyr Gly Val Gly Ser Gly	
145 150 155 160	
gaa atc gcc ctc gct tgg cat cac gcc agg gga atc gtt ccg att cca	528
Glu Ile Ala Leu Ala Trp His His Ala Arg Gly Ile Val Pro Ile Pro	
165 170 175	
cgc tcc acc aac ccg gcc agg cag cgc agc aac ttg gag gcg gta aag	576

Arg Ser Thr Asn Pro Ala Arg Gln Arg Ser Asn Leu Glu Ala Val Lys

180 185 190

att tcg ctt atc gac gaa gac gtc cag gcg att acc gct ttg gcg cgc 624
Ile Ser Leu Ile Asp Glu Asp Val Gln Ala Ile Thr Ala Leu Ala Arg

195 200 205

aaa aac ggc cgg atc aaa gat caa gat cca gcc gtc tat gaa gaa ttc 672
Lys Asn Gly Arg Ile Lys Asp Gln Asp Pro Ala Val Tyr Glu Glu Phe

210 215 220

tagatagtta catcaagggtt ccg 695

<210> 858

<211> 224

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 858

Thr Val Gly Lys Ala Val Arg Glu Ser Gly Val Pro Arg Glu Glu Leu
1 5 10 15

Ile Val Thr Ser Lys Leu Pro Gly Arg Phe His Ala Arg Asp Leu Gly
20 25 30

Arg Val Arg Ile Glu Glu Ser Leu Tyr Arg Leu Asn Leu Asp Tyr Ile
35 40 45

Asp Leu Leu Leu Ile His Trp Pro Asn Pro Ser Lys Asp Leu Tyr Val
50 55 60

Glu Ala Trp Glu Thr Leu Ile Glu Val Arg Asp Ala Gly Leu Val Lys
65 70 75 80

His Ile Gly Val Ser Asn Phe Leu Pro Asn His Ile Asp Arg Leu Arg
85 90 95

Arg Glu Thr Gly Glu Leu Pro Ala Val Asn Gln Ile Glu Leu His Pro
100 105 110

Tyr Phe Pro Gln Val Glu Gln Val Asp Phe His Asp Glu Leu Gly Ile

[illegible]

10	15	20	
caa tct ttg atg gat cag aag aat aag ctt tcg aag tct gaa ggt atc			211
Gln Ser Leu Met Asp Gln Lys Asn Lys Leu Ser Lys Ser Glu Gly Ile			
25	30	35	
cca ttg gtc acc ttg aat gat gga aaa acc att cct cag ctt ggt ttt			259
Pro Leu Val Thr Leu Asn Asp Gly Lys Thr Ile Pro Gln Leu Gly Phe			
40	45	50	
ggg gtg ttc aag gta gat ccc gat gaa gca gag cgc gta gtt acc gaa			307
Gly Val Phe Lys Val Asp Pro Asp Glu Ala Glu Arg Val Val Thr Glu			
55	60	65	
gca ctt gag gta ggt tac cgc cac atc gat act gct gcg att tac ggc			355
Ala Leu Glu Val Gly Tyr Arg His Ile Asp Thr Ala Ala Ile Tyr Gly			
70	75	80	85
aat gag gaa ggt gtc ggc cga gct att gct aag tcc ggc att cct cgt			403
Asn Glu Glu Gly Val Gly Arg Ala Ile Ala Lys Ser Gly Ile Pro Arg			
90	95	100	
gaa gag ctg ttt att act acc aag ttg tgg aac gat cgc cac ctg gat			451
Glu Glu Leu Phe Ile Thr Thr Lys Leu Trp Asn Asp Arg His Leu Asp			
105	110	115	
gta gaa gct gct ttt gag gag tct ctg cag aag ctg ggc ttg gat tat			499
Val Glu Ala Ala Phe Glu Glu Ser Leu Gln Lys Leu Gly Leu Asp Tyr			
120	125	130	
gta gat ctg tac ttg gtg cac tgg ccg gca ccg aag aac gat aat tat			547
Val Asp Leu Tyr Leu Val His Trp Pro Ala Pro Lys Asn Asp Asn Tyr			
135	140	145	
gtt gct gca tgg aag ggc ttg gaa aag ctc ggt gac cgt gct cgt tcc			595
Val Ala Ala Trp Lys Gly Leu Glu Lys Leu Gly Asp Arg Ala Arg Ser			
150	155	160	165
atc ggt gtg tgc aac ttc ctg cca gag cac cta gaa aag ctg ctg gca			643
Ile Gly Val Cys Asn Phe Leu Pro Glu His Leu Glu Lys Leu Leu Ala			

170	175	180	
gag gca acc act gtg cct gcc att aac cag att gag ctg cac cca gct			691
Glu Ala Thr Thr Val Pro Ala Ile Asn Gln Ile Glu Leu His Pro Ala			
185	190	195	
ttg cag cag cgc gat gct gtt gag gca tct ctt gca gca ggc atc act			739
Leu Gln Gln Arg Asp Ala Val Glu Ala Ser Leu Ala Ala Gly Ile Thr			
200	205	210	
gtg gag tcg tgg ggt cct ctg gga cag ggg cgt ttt gat ctt ggc gct			787
Val Glu Ser Trp Gly Pro Leu Gly Gln Gly Arg Phe Asp Leu Gly Ala			
215	220	225	
gag gaa cca atc gca gct gca gcg aag aac cat gga aag acc cca gct			835
Glu Glu Pro Ile Ala Ala Ala Ala Lys Asn His Gly Lys Thr Pro Ala			
230	235	240	245
cag gtt gtt atc cgt tgg cac ctg cag aac ggt ttc gtt gtg ttc ccc			883
Gln Val Val Ile Arg Trp His Leu Gln Asn Gly Phe Val Val Phe Pro			
250	255	260	
aag act gtg act aag agc cgc atg gtg gaa aac atc gac gtg ttt gat			931
Lys Thr Val Thr Lys Ser Arg Met Val Glu Asn Ile Asp Val Phe Asp			
265	270	275	
ttc gaa ctc agt gat gag gag atg gct gcg atc act gct ctt gag cgc			979
Phe Glu Leu Ser Asp Glu Glu Met Ala Ala Ile Thr Ala Leu Glu Arg			
280	285	290	
aat gat cgt ggt ggt tca cac ccg aat gat ctg aac tagaaataag			1025
Asn Asp Arg Gly Gly Ser His Pro Asn Asp Leu Asn			
295	300	305	
gtaaggccct gca			1038
<210> 860			
<211> 305			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			

<400> 860

Met Ser Val Val Gly Thr Gly Leu Phe Phe Gly Ser Pro Glu Glu Glu
1 5 10 15

Arg Asp Lys Leu Met Gln Ser Leu Met Asp Gln Lys Asn Lys Leu Ser
20 25 30

Lys Ser Glu Gly Ile Pro Leu Val Thr Leu Asn Asp Gly Lys Thr Ile
35 40 45

Pro Gln Leu Gly Phe Gly Val Phe Lys Val Asp Pro Asp Glu Ala Glu
50 55 60

Arg Val Val Thr Glu Ala Leu Glu Val Gly Tyr Arg His Ile Asp Thr
65 70 75 80

Ala Ala Ile Tyr Gly Asn Glu Glu Gly Val Gly Arg Ala Ile Ala Lys
85 90 95

Ser Gly Ile Pro Arg Glu Glu Leu Phe Ile Thr Thr Lys Leu Trp Asn
100 105 110

Asp Arg His Leu Asp Val Glu Ala Ala Phe Glu Glu Ser Leu Gln Lys
115 120 125

Leu Gly Leu Asp Tyr Val Asp Leu Tyr Leu Val His Trp Pro Ala Pro
130 135 140

Lys Asn Asp Asn Tyr Val Ala Ala Trp Lys Gly Leu Glu Lys Leu Gly
145 150 155 160

Asp Arg Ala Arg Ser Ile Gly Val Cys Asn Phe Leu Pro Glu His Leu
165 170 175

Glu Lys Leu Leu Ala Glu Ala Thr Thr Val Pro Ala Ile Asn Gln Ile
180 185 190

Glu Leu His Pro Ala Leu Gln Gln Arg Asp Ala Val Glu Ala Ser Leu
195 200 205

Ala Ala Gly Ile Thr Val Glu Ser Trp Gly Pro Leu Gly Gln Gly Arg
210 215 220

Phe Asp Leu Gly Ala Glu Glu Pro Ile Ala Ala Ala Lys Asn His
225 230 235 240

Gly Lys Thr Pro Ala Gln Val Val Ile Arg Trp His Leu Gln Asn Gly
245 250 255

Phe Val Val Phe Pro Lys Thr Val Thr Lys Ser Arg Met Val Glu Asn
260 265 270

Ile Asp Val Phe Asp Phe Glu Leu Ser Asp Glu Glu Met Ala Ala Ile
275 280 285

Thr Ala Leu Glu Arg Asn Asp Arg Gly Gly Ser His Pro Asn Asp Leu
290 295 300

Asn
305

<210> 861
<211> 1683
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1660)
<223> RXS00389

<400> 861
ccaccactgc gtaaccttc cgagcaagat atcgcgacc tgctcgattt gcttgccacc 60

tctggcgag gttcctaccg ccttcagttg aggtgaaagc atg atc acc gca acc 115
Met Ile Thr Ala Thr

1 5

gca ctg cat ggg tgt tca ctg att gat ggc gag tgg gtc gct gga aaa 163
Ala Leu His Gly Cys Ser Leu Ile Asp Gly Glu Trp Val Ala Gly Lys

10 15 20

aat ggt gag att aca gga ttc gat ccg cgc acc aat gcg agt ctg aac 211
Asn Gly Glu Ile Thr Gly Phe Asp Pro Arg Thr Asn Ala Ser Leu Asn

25	30	35	
cct tcc tac tct tta gca aac agc gca cag ctg cgc gcc gcc aca aca			259
Pro Ser Tyr Ser Leu Ala Asn Ser Ala Gln Leu Arg Ala Ala Thr Thr			
40	45	50	
tcg gcg aag cga gct ttt gaa agc tac cga ctc act act cca gag gtt			307
Ser Ala Lys Arg Ala Phe Glu Ser Tyr Arg Leu Thr Thr Pro Glu Val			
55	60	65	
aga gca gat ttc ctg gat tcc atc gct gac aac atc gat gcg cta tcc			355
Arg Ala Asp Phe Leu Asp Ser Ile Ala Asp Asn Ile Asp Ala Leu Ser			
70	75	80	85
ggc gag atc gtg caa cgg gcg agc ctg gag aca ggt ttg gga act acc			403
Gly Glu Ile Val Gln Arg Ala Ser Leu Glu Thr Gly Leu Gly Thr Thr			
90	95	100	
cga ctc aca ggc gaa gta gcc cgc acc agc aac cag ctc cgc ctg ttt			451
Arg Leu Thr Gly Glu Val Ala Arg Thr Ser Asn Gln Leu Arg Leu Phe			
105	110	115	
gca gaa acc gtg aga agc gga cag ttc cac cga gta cgc att gaa cga			499
Ala Glu Thr Val Arg Ser Gly Gln Phe His Arg Val Arg Ile Glu Arg			
120	125	130	
gga ccg cgg att gat ctt cgc cag cgt cag gtt ccg ttg gga cca gtc			547
Gly Pro Arg Ile Asp Leu Arg Gln Arg Gln Val Pro Leu Gly Pro Val			
135	140	145	
gcg gta ttc ggg gca agc aac ttc ccc gtc gct ttc tct act gct ggt			595
Ala Val Phe Gly Ala Ser Asn Phe Pro Val Ala Phe Ser Thr Ala Gly			
150	155	160	165
ggc gat aca gca tca gcg ttg gct gca ggc tgc cct gtg gtt ttt aag			643
Gly Asp Thr Ala Ser Ala Leu Ala Ala Gly Cys Pro Val Val Phe Lys			
170	175	180	
gcg cat aat gcg cac cct gga aca gct gag ctc gtc ggg caa gcg gtg			691
Ala His Asn Ala His Pro Gly Thr Ala Glu Leu Val Gly Gln Ala Val			

185	190	195	
cgg gga gcc gtc gaa aag cat gag ttt gat gct ggt gtg ttt aac ctt			739
Arg Gly Ala Val Glu Lys His Glu Phe Asp Ala Gly Val Phe Asn Leu			
200	205	210	
gtc tac ggc cgt ggc gtg gaa att ggc cag gag ctg gct gcg gat ccg			787
Val Tyr Gly Arg Gly Val Glu Ile Gly Gln Glu Leu Ala Ala Asp Pro			
215	220	225	
aat atc acg gca atc ggt ttt acc ggt tca cgc cag ggt ggt ttg gca			835
Asn Ile Thr Ala Ile Gly Phe Thr Gly Ser Arg Gln Gly Gly Leu Ala			
230	235	240	245
ctg tca cag act gcg ttt agc cgc cca gtt ccc gtt cca gtc ttt gca			883
Leu Ser Gln Thr Ala Phe Ser Arg Pro Val Pro Val Pro Val Phe Ala			
250	255	260	
gaa atg agt gcc acc aac cct gtg ttc gtc ttc ccc ggc gcg ctg gcg			931
Glu Met Ser Ala Thr Asn Pro Val Phe Val Phe Pro Gly Ala Leu Ala			
265	270	275	
gat ttg gat gca tcg agt tcc ttg gct gag gcg ttt acc gct tcc gtc			979
Asp Leu Asp Ala Ser Ser Ser Leu Ala Glu Ala Phe Thr Ala Ser Val			
280	285	290	
acc ggc agt tcc ggg caa ttg tgc acc aag cct ggc ctc gtt ttc atc			1027
Thr Gly Ser Ser Gly Gln Leu Cys Thr Lys Pro Gly Leu Val Phe Ile			
295	300	305	
ccg cgc ggt gtt gtt ggt gat gct ttt gtg gcg ctc gta gca gcc aaa			1075
Pro Arg Gly Val Val Gly Asp Ala Phe Val Ala Leu Val Ala Ala Lys			
310	315	320	325
ttt aaa gaa acc acg ggt caa acg atg ctc acg caa ggc atc gct cag			1123
Phe Lys Glu Thr Thr Gly Gln Thr Met Leu Thr Gln Gly Ile Ala Gln			
330	335	340	
gca tgg cag cgc gga gtc gac aac ctt gca gca cag cca agt gta aaa			1171
Ala Trp Gln Arg Gly Val Asp Asn Leu Ala Ala Gln Pro Ser Val Lys			

345	350	355	
atc ctc gcc caa ggc acc ccc gga gat gga gag aac gcg ccg ggc ccg			1219
Ile Leu Ala Gln Gly Thr Pro Gly Asp Gly Glu Asn Ala Pro Gly Pro			
360	365	370	
gtg gtg ttt gaa agt gat gtg cag gcg ttg cta aat aat gtg gtg ttg			1267
Val Val Phe Glu Ser Asp Val Gln Ala Leu Leu Asn Asn Val Val Leu			
375	380	385	
cag gaa gaa atc ttc ggt gcg gca tcg ctg gtg gtg cgt tat gat tcc			1315
Gln Glu Glu Ile Phe Gly Ala Ala Ser Leu Val Val Arg Tyr Asp Ser			
390	395	400	405
ccg gat caa ctc cac caa gta gcc aat tca ctc gag gga caa tta aca			1363
Pro Asp Gln Leu His Gln Val Ala Asn Ser Leu Glu Gly Gln Leu Thr			
410	415	420	
gcc acg atc cac gca tcc cag gat gat ttc cag gaa gtc tcg aaa ctt			1411
Ala Thr Ile His Ala Ser Gln Asp Asp Phe Gln Glu Val Ser Lys Leu			
425	430	435	
atc ccc ctc ttg gag gat ctc gcg ggc cgt gtt ctt tac ggc ggc tgg			1459
Ile Pro Leu Leu Glu Asp Leu Ala Gly Arg Val Leu Tyr Gly Gly Trp			
440	445	450	
cca acg ggt gtg gaa gtt ggg cac acg gtt atc cat gga ggc cct tat			1507
Pro Thr Gly Val Glu Val Gly His Thr Val Ile His Gly Gly Pro Tyr			
455	460	465	
ccg gcg acc tca aat gcg cag tcg aca agt gtt gga acc ctg gca atc			1555
Pro Ala Thr Ser Asn Ala Gln Ser Thr Ser Val Gly Thr Leu Ala Ile			
470	475	480	485
gag aga ttt atg cgc ccg gtt tct tat caa act ttc ccg gct gag ctg			1603
Glu Arg Phe Met Arg Pro Val Ser Tyr Gln Thr Phe Pro Ala Glu Leu			
490	495	500	
ctt cca gat cca gtt tct gag gcg aat aaa tgg gct gta cct cgg gaa			1651
Leu Pro Asp Pro Val Ser Glu Ala Asn Lys Trp Ala Val Pro Arg Glu			

505 510 515

ata gac cgt taatagctgg tctttacatt tgc 1683
Ile Asp Arg

520

<210> 862
<211> 520
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 862
Met Ile Thr Ala Thr Ala Leu His Gly Cys Ser Leu Ile Asp Gly Glu
1 5 10 15

Trp Val Ala Gly Lys Asn Gly Glu Ile Thr Gly Phe Asp Pro Arg Thr
20 25 30

Asn Ala Ser Leu Asn Pro Ser Tyr Ser Leu Ala Asn Ser Ala Gln Leu
35 40 45

Arg Ala Ala Thr Thr Ser Ala Lys Arg Ala Phe Glu Ser Tyr Arg Leu
50 55 60

Thr Thr Pro Glu Val Arg Ala Asp Phe Leu Asp Ser Ile Ala Asp Asn
65 70 75 80

Ile Asp Ala Leu Ser Gly Glu Ile Val Gln Arg Ala Ser Leu Glu Thr
85 90 95

Gly Leu Gly Thr Thr Arg Leu Thr Gly Glu Val Ala Arg Thr Ser Asn
100 105 110

Gln Leu Arg Leu Phe Ala Glu Thr Val Arg Ser Gly Gln Phe His Arg
115 120 125

Val Arg Ile Glu Arg Gly Pro Arg Ile Asp Leu Arg Gln Arg Gln Val
130 135 140

Pro Leu Gly Pro Val Ala Val Phe Gly Ala Ser Asn Phe Pro Val Ala
145 150 155 160

Phe Ser Thr Ala Gly Gly Asp Thr Ala Ser Ala Leu Ala Ala Gly Cys
165 170 175

Pro Val Val Phe Lys Ala His Asn Ala His Pro Gly Thr Ala Glu Leu
180 185 190

Val Gly Gln Ala Val Arg Gly Ala Val Glu Lys His Glu Phe Asp Ala
195 200 205

Gly Val Phe Asn Leu Val Tyr Gly Arg Gly Val Glu Ile Gly Gln Glu
210 215 220

Leu Ala Ala Asp Pro Asn Ile Thr Ala Ile Gly Phe Thr Gly Ser Arg
225 230 235 240

Gln Gly Gly Leu Ala Leu Ser Gln Thr Ala Phe Ser Arg Pro Val Pro
245 250 255

Val Pro Val Phe Ala Glu Met Ser Ala Thr Asn Pro Val Phe Val Phe
260 265 270

Pro Gly Ala Leu Ala Asp Leu Asp Ala Ser Ser Ser Leu Ala Glu Ala
275 280 285

Phe Thr Ala Ser Val Thr Gly Ser Ser Gly Gln Leu Cys Thr Lys Pro
290 295 300

Gly Leu Val Phe Ile Pro Arg Gly Val Val Gly Asp Ala Phe Val Ala
305 310 315 320

Leu Val Ala Ala Lys Phe Lys Glu Thr Thr Gly Gln Thr Met Leu Thr
325 330 335

Gln Gly Ile Ala Gln Ala Trp Gln Arg Gly Val Asp Asn Leu Ala Ala
340 345 350

Gln Pro Ser Val Lys Ile Leu Ala Gln Gly Thr Pro Gly Asp Gly Glu
355 360 365

Asn Ala Pro Gly Pro Val Val Phe Glu Ser Asp Val Gln Ala Leu Leu
370 375 380

Asn Asn Val Val Leu Gln Glu Glu Ile Phe Gly Ala Ala Ser Leu Val
385 390 395 400

Val Arg Tyr Asp Ser Pro Asp Gln Leu His Gln Val Ala Asn Ser Leu
405 410 415

Glu Gly Gln Leu Thr Ala Thr Ile His Ala Ser Gln Asp Asp Phe Gln
420 425 430

Glu Val Ser Lys Leu Ile Pro Leu Leu Glu Asp Leu Ala Gly Arg Val
435 440 445

Leu Tyr Gly Gly Trp Pro Thr Gly Val Glu Val Gly His Thr Val Ile
450 455 460

His Gly Gly Pro Tyr Pro Ala Thr Ser Asn Ala Gln Ser Thr Ser Val
465 470 475 480

Gly Thr Leu Ala Ile Glu Arg Phe Met Arg Pro Val Ser Tyr Gln Thr
485 490 495

Phe Pro Ala Glu Leu Leu Pro Asp Pro Val Ser Glu Ala Asn Lys Trp
500 505 510

Ala Val Pro Arg Glu Ile Asp Arg
515 520

<210> 863

<211> 882

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(859)

<223> RXS00419

<400> 863

gctgggttgaa gactcgaaat gagatcgacc caaccggagt ctttgcattc gacatgtccc 60

gccgacttga gctttcttaa gaaagggtt gaactaaaca atg ctt aac gca gtg 115

Met Leu Asn Ala Val																			
1										5									
ggc	aaa	gcc	caa	aac	att	ctc	ctt	ctt	ggg	gga	acc	tct	gag	atc	ggg	163			
Gly	Lys	Ala	Gln	Asn	Ile	Leu	Leu	Leu	Gly	Gly	Thr	Ser	Glu	Ile	Gly				
10					15					20									
att	tcc	att	gtc	tcc	cgc	ttc	ctc	aag	cag	ggg	cca	tcc	cat	gtg	acc	211			
Ile	Ser	Ile	Val	Ser	Arg	Phe	Leu	Lys	Gln	Gly	Pro	Ser	His	Val	Thr				
25					30					35									
ttg	gca	gcg	cgt	aaa	gat	tcc	cca	cgc	gtg	gac	gca	gca	gtc	gca	gag	259			
Leu	Ala	Ala	Arg	Lys	Asp	Ser	Pro	Arg	Val	Asp	Ala	Ala	Val	Ala	Glu				
40					45					50									
atc	aaa	gca	gct	ggc	gct	gct	tcc	gtt	gct	gtt	gtt	gat	ttc	gat	gcg	307			
Ile	Lys	Ala	Ala	Gly	Ala	Ala	Ser	Val	Ala	Val	Val	Asp	Phe	Asp	Ala				
55					60					65									
ctc	gac	acc	gaa	tcc	cac	cct	gca	gcc	atc	gac	gca	gcc	ttt	gaa	aac	355			
Leu	Asp	Thr	Glu	Ser	His	Pro	Ala	Ala	Ile	Asp	Ala	Ala	Phe	Glu	Asn				
70					75					80					85				
ggc	gac	gtt	gac	gta	gca	atc	gtg	gct	ttc	ggc	atc	ctc	ggc	gac	aac	403			
Gly	Asp	Val	Asp	Val	Ala	Ile	Val	Ala	Phe	Gly	Ile	Leu	Gly	Asp	Asn				
90					95					100									
gaa	gca	cag	tgg	cgc	gac	caa	gca	cta	gca	gtg	gaa	gca	acc	acc	gtg	451			
Glu	Ala	Gln	Trp	Arg	Asp	Gln	Ala	Leu	Ala	Val	Glu	Ala	Thr	Thr	Val				
105					110					115									
aac	tac	acc	gcc	ggc	gtt	tcc	gta	ggg	gta	ctg	ctg	ggc	cag	aaa	ttt	499			
Asn	Tyr	Thr	Ala	Gly	Val	Ser	Val	Gly	Val	Leu	Leu	Gly	Gln	Lys	Phe				
120					125					130									
gag	cag	cag	ggc	cac	ggc	acc	atc	gtg	gca	ttg	tcc	tct	gtg	gca	ggc	547			
Glu	Gln	Gln	Gly	His	Gly	Thr	Ile	Val	Ala	Leu	Ser	Ser	Val	Ala	Gly				
135					140					145									
cag	cga	gtc	cgc	cgc	tcc	aac	ttt	gtc	tac	ggc	tcc	gcc	aag	gca	ggg	595			

Gln Arg Val Arg Arg Ser Asn Phe Val Tyr Gly Ser Ala Lys Ala Gly
150 155 160 165
ttc gac ggt ttc tac acc cag ctc ggc gaa gcc ctg cgt gga tcc ggt 643
Phe Asp Gly Phe Tyr Thr Gln Leu Gly Glu Ala Leu Arg Gly Ser Gly
170 175 180
gcc aac gta ttg gtg gtt cgc cca ggc cag gta cgc acc aag atg tcc 691
Ala Asn Val Leu Val Val Arg Pro Gly Gln Val Arg Thr Lys Met Ser
185 190 195
gca gat ggt ggc gaa gcc cca ctg acc gtc aac cgc gaa gac gtg gca 739
Ala Asp Gly Gly Glu Ala Pro Leu Thr Val Asn Arg Glu Asp Val Ala
200 205 210
gat gct gtt tat gat gca gtg gtg aac aag aag gac atc atc ttt gtc 787
Asp Ala Val Tyr Asp Ala Val Val Asn Lys Lys Asp Ile Ile Phe Val
215 220 225
cac cca ctg ttc cag tac gtc tct ttt gcg ttc caa ttc att ccg cga 835
His Pro Leu Phe Gln Tyr Val Ser Phe Ala Phe Gln Phe Ile Pro Arg
230 235 240 245
gca atc ttc cgc aag ctg ccg ttc taacggaagt tacggaagtt acg 882
Ala Ile Phe Arg Lys Leu Pro Phe
250

<210> 864
<211> 253
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 864
Met Leu Asn Ala Val Gly Lys Ala Gln Asn Ile Leu Leu Leu Gly Gly
1 5 10 15
Thr Ser Glu Ile Gly Ile Ser Ile Val Ser Arg Phe Leu Lys Gln Gly
20 25 30
Pro Ser His Val Thr Leu Ala Ala Arg Lys Asp Ser Pro Arg Val Asp
35 40 45

Ala Ala Val Ala Glu Ile Lys Ala Ala Gly Ala Ala Ser Val Ala Val
50 55 60

Val Asp Phe Asp Ala Leu Asp Thr Glu Ser His Pro Ala Ala Ile Asp
65 70 75 80

Ala Ala Phe Glu Asn Gly Asp Val Asp Val Ala Ile Val Ala Phe Gly
85 90 95

Ile Leu Gly Asp Asn Glu Ala Gln Trp Arg Asp Gln Ala Leu Ala Val
100 105 110

Glu Ala Thr Thr Val Asn Tyr Thr Ala Gly Val Ser Val Gly Val Leu
115 120 125

Leu Gly Gln Lys Phe Glu Gln Gln Gly His Gly Thr Ile Val Ala Leu
130 135 140

Ser Ser Val Ala Gly Gln Arg Val Arg Arg Ser Asn Phe Val Tyr Gly
145 150 155 160

Ser Ala Lys Ala Gly Phe Asp Gly Phe Tyr Thr Gln Leu Gly Glu Ala
165 170 175

Leu Arg Gly Ser Gly Ala Asn Val Leu Val Val Arg Pro Gly Gln Val
180 185 190

Arg Thr Lys Met Ser Ala Asp Gly Gly Glu Ala Pro Leu Thr Val Asn
195 200 205

Arg Glu Asp Val Ala Asp Ala Val Tyr Asp Ala Val Val Asn Lys Lys
210 215 220

Asp Ile Ile Phe Val His Pro Leu Phe Gln Tyr Val Ser Phe Ala Phe
225 230 235 240

Gln Phe Ile Pro Arg Ala Ile Phe Arg Lys Leu Pro Phe
245 250

<210> 865

<211> 1673
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1650)
 <223> RXC00416

<400> 865
 ctg gcg tct tac tta agc cca act gcg ctg gtg gtt gcg gtg ttg gct 48
 Leu Ala Ser Tyr Leu Ser Pro Thr Ala Leu Val Val Ala Val Leu Ala

1 5 10 15

att ccg ctg tct gcg acc cgc ctg tat ttg gac gga atc agc gtt gac 96
 Ile Pro Leu Ser Ala Thr Arg Leu Tyr Leu Asp Gly Ile Ser Val Asp

20 25 30

cag ggc ttt aga act cag ttt tta acc cgc atg gct gac gat atc ggc 144
 Gln Gly Phe Arg Thr Gln Phe Leu Thr Arg Met Ala Asp Asp Ile Gly

35 40 45

ttg tcg gac atg aac tac atc gat atg cct acc ttc tac cct gct gga 192
 Leu Ser Asp Met Asn Tyr Ile Asp Met Pro Thr Phe Tyr Pro Ala Gly

50 55 60

tgg ttc tgg ctc ggt ggt cgc ttg gcc aat ctt ttg ggg ctg ccc ggt 240
 Trp Phe Trp Leu Gly Gly Arg Leu Ala Asn Leu Leu Gly Leu Pro Gly

65 70 75 80

tgg gaa gct ttc cag cca tgg gca att gtg tcc atg gca gtt gct gct 288
 Trp Glu Ala Phe Gln Pro Trp Ala Ile Val Ser Met Ala Val Ala Ala

85 90 95

tct gtg tta gtt cca gtg tgg cag cgc atc acc ggt tcc ctg ccg gtg 336
 Ser Val Leu Val Pro Val Trp Gln Arg Ile Thr Gly Ser Leu Pro Val

100 105 110

gca aca ggc att gcg ttg gtg aca acc tgc att atc ttg gcg atg aat 384
 Ala Thr Gly Ile Ala Leu Val Thr Thr Cys Ile Ile Leu Ala Met Asn

115 120 125

tcc gaa gag ccc tac gct gca atc gtt gcg atg ggt att cca gcg atg 432
Ser Glu Glu Pro Tyr Ala Ala Ile Val Ala Met Gly Ile Pro Ala Met

130 135 140

ctc gtg ctg gct tcc cgc att gcc aag ggc gat aag ttt gcg ctt gcc 480
Leu Val Leu Ala Ser Arg Ile Ala Lys Gly Asp Lys Phe Ala Leu Ala

145 150 155 160

ggc ggc att att tac ttg ggt gtt tcg gct act ttc tat act ttg ttc 528
Gly Gly Ile Ile Tyr Leu Gly Val Ser Ala Thr Phe Tyr Thr Leu Phe

165 170 175

acc ggt gct atc gcg ctt tct gcg gtc gcg gtg tgc atc gtg gtg gcg 576
Thr Gly Ala Ile Ala Leu Ser Ala Val Ala Val Cys Ile Val Val Ala

180 185 190

gct att gtg cag cgc tcc atc aaa cca ctg ctg tgg ctt gca gtg ctg 624
Ala Ile Val Gln Arg Ser Ile Lys Pro Leu Leu Trp Leu Ala Val Leu

195 200 205

ggt ggt gga tcc att gtc att gcg ttg att tct tgg ggt cct tac ctt 672
Gly Gly Gly Ser Ile Val Ile Ala Leu Ile Ser Trp Gly Pro Tyr Leu

210 215 220

ctg gcc tcc atc aac gga gcg gag cgc tct ggc gat tcc gca aca cac 720
Leu Ala Ser Ile Asn Gly Ala Glu Arg Ser Gly Asp Ser Ala Thr His

225 230 235 240

tac ctg cct ctt gaa ggc acc caa ttc ccg gtt cct ttc ttg gca tca 768
Tyr Leu Pro Leu Glu Gly Thr Gln Phe Pro Val Pro Phe Leu Ala Ser

245 250 255

agc gtt gtg gga ctg ttg tgt ctt gtt ggc ctg atc tat ttg gtg gtg 816
Ser Val Val Gly Leu Leu Cys Leu Val Gly Leu Ile Tyr Leu Val Val

260 265 270

cgt ttc cac aac aat gag gtg cgc gcg atg tgg gtc ggc atc gca gtg 864
Arg Phe His Asn Asn Glu Val Arg Ala Met Trp Val Gly Ile Ala Val

275 280 285

ttt tat gcc tgg atg ggc atg tcc atg gcg atc acg ctt ttg ggc aac	912
Phe Tyr Ala Trp Met Gly Met Ser Met Ala Ile Thr Leu Leu Gly Asn	
290	300
acg ttg ctt gga ttc cgt ctt gat acg gtg ctg gtg ctt att ttt gcc	960
Thr Leu Leu Gly Phe Arg Leu Asp Thr Val Leu Val Leu Ile Phe Ala	
305	310
acg gct gga gtg ttg ggc att gca gat ttc cgc ctt gcc agt gtg tat	1008
Thr Ala Gly Val Leu Gly Ile Ala Asp Phe Arg Leu Ala Ser Val Tyr	
325	330
cag ctc tac ccc acc caa atc aca gag cgc acg gcc acc cat ctg acc	1056
Gln Leu Tyr Pro Thr Gln Ile Thr Glu Arg Thr Ala Thr His Leu Thr	
340	345
aat cta att gtg gtc ctc gtg ctg ctt ggc ggc ctc tac tac gcg caa	1104
Asn Leu Ile Val Val Leu Val Leu Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Ala Gln	
355	360
gat ctg ccg cag aag aac gca cga gct atc gat ctg gcc tat acc gat	1152
Asp Leu Pro Gln Lys Asn Ala Arg Ala Ile Asp Leu Ala Tyr Thr Asp	
370	375
act gat ggc tac ggc gag cgc gcg gat ctg tat ccg gcc gga gct gca	1200
Thr Asp Gly Tyr Gly Glu Arg Ala Asp Leu Tyr Pro Ala Gly Ala Ala	
385	390
cgt tat tac aag gac atc aac gat cat ctg ctt gat caa gga ttc gag	1248
Arg Tyr Tyr Lys Asp Ile Asn Asp His Leu Leu Asp Gln Gly Phe Glu	
405	410
cct tcc gaa act gtc gtg ctg aca gac gaa ctc gat ttc atg tcc tac	1296
Pro Ser Glu Thr Val Val Leu Thr Asp Glu Leu Asp Phe Met Ser Tyr	
420	425
tac cct tat cgc gga tac caa gct ttt act tcc cac tac gcc aac ccg	1344
Tyr Pro Tyr Arg Gly Tyr Gln Ala Phe Thr Ser His Tyr Ala Asn Pro	
435	440

ctt ggt gag ttc gga aac agg aac gca ttc atc gaa gat ctc gcg atc 1392
Leu Gly Glu Phe Gly Asn Arg Asn Ala Phe Ile Glu Asp Leu Ala Ile

450 455 460

cga agc tgg gat gag ttg gct gat cct caa caa ttc agc gac gcc ttg 1440
Arg Ser Trp Asp Glu Leu Ala Asp Pro Gln Gln Phe Ser Asp Ala Leu

465 470 475 480

aac acc tct cca tgg acg atc cct gag gtg ttc atc ttc cgt ggc tcc 1488
Asn Thr Ser Pro Trp Thr Ile Pro Glu Val Phe Ile Phe Arg Gly Ser

485 490 495

atc gat gat cct gac gcc ggt tgg aaa tac gac gtg gct gaa gat ctg 1536
Ile Asp Asp Pro Asp Ala Gly Trp Lys Tyr Asp Val Ala Glu Asp Leu

500 505 510

tac ccg aac aat cca aac gtg cgc ttc cgc ggc gtg tac ttt aac ccg 1584
Tyr Pro Asn Asn Pro Asn Val Arg Phe Arg Gly Val Tyr Phe Asn Pro

515 520 525

gag tca ttt gat cag atg tgg cag acc aag caa gtg gga cct ttc gtg 1632
Glu Ser Phe Asp Gln Met Trp Gln Thr Lys Gln Val Gly Pro Phe Val

530 535 540

gtg gta acg cac aat gag taattcctca ccaaacgacc caa 1673
Val Val Thr His Asn Glu

545 550

<210> 866

<211> 550

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 866

Leu Ala Ser Tyr Leu Ser Pro Thr Ala Leu Val Val Ala Val Leu Ala

1 5 10 15

Ile Pro Leu Ser Ala Thr Arg Leu Tyr Leu Asp Gly Ile Ser Val Asp

20 25 30

Gln Gly Phe Arg Thr Gln Phe Leu Thr Arg Met Ala Asp Asp Ile Gly
35 40 45

Leu Ser Asp Met Asn Tyr Ile Asp Met Pro Thr Phe Tyr Pro Ala Gly
50 55 60

Trp Phe Trp Leu Gly Gly Arg Leu Ala Asn Leu Leu Gly Leu Pro Gly
65 70 75 80

Trp Glu Ala Phe Gln Pro Trp Ala Ile Val Ser Met Ala Val Ala Ala
85 90 95

Ser Val Leu Val Pro Val Trp Gln Arg Ile Thr Gly Ser Leu Pro Val
100 105 110

Ala Thr Gly Ile Ala Leu Val Thr Thr Cys Ile Ile Leu Ala Met Asn
115 120 125

Ser Glu Glu Pro Tyr Ala Ala Ile Val Ala Met Gly Ile Pro Ala Met
130 135 140

Leu Val Leu Ala Ser Arg Ile Ala Lys Gly Asp Lys Phe Ala Leu Ala
145 150 155 160

Gly Gly Ile Ile Tyr Leu Gly Val Ser Ala Thr Phe Tyr Thr Leu Phe
165 170 175

Thr Gly Ala Ile Ala Leu Ser Ala Val Ala Val Cys Ile Val Val Ala
180 185 190

Ala Ile Val Gln Arg Ser Ile Lys Pro Leu Leu Trp Leu Ala Val Leu
195 200 205

Gly Gly Gly Ser Ile Val Ile Ala Leu Ile Ser Trp Gly Pro Tyr Leu
210 215 220

Leu Ala Ser Ile Asn Gly Ala Glu Arg Ser Gly Asp Ser Ala Thr His
225 230 235 240

Tyr Leu Pro Leu Glu Gly Thr Gln Phe Pro Val Pro Phe Leu Ala Ser
245 250 255

Ser Val Val Gly Leu Leu Cys Leu Val Gly Leu Ile Tyr Leu Val Val
260 265 270

Arg Phe His Asn Asn Glu Val Arg Ala Met Trp Val Gly Ile Ala Val
275 280 285

Phe Tyr Ala Trp Met Gly Met Ser Met Ala Ile Thr Leu Leu Gly Asn
290 295 300

Thr Leu Leu Gly Phe Arg Leu Asp Thr Val Leu Val Leu Ile Phe Ala
305 310 315 320

Thr Ala Gly Val Leu Gly Ile Ala Asp Phe Arg Leu Ala Ser Val Tyr
325 330 335

Gln Leu Tyr Pro Thr Gln Ile Thr Glu Arg Thr Ala Thr His Leu Thr
340 345 350

Asn Leu Ile Val Val Leu Val Leu Leu Gly Gly Leu Tyr Tyr Ala Gln
355 360 365

Asp Leu Pro Gln Lys Asn Ala Arg Ala Ile Asp Leu Ala Tyr Thr Asp
370 375 380

Thr Asp Gly Tyr Gly Glu Arg Ala Asp Leu Tyr Pro Ala Gly Ala Ala
385 390 395 400

Arg Tyr Tyr Lys Asp Ile Asn Asp His Leu Leu Asp Gln Gly Phe Glu
405 410 415

Pro Ser Glu Thr Val Val Leu Thr Asp Glu Leu Asp Phe Met Ser Tyr
420 425 430

Tyr Pro Tyr Arg Gly Tyr Gln Ala Phe Thr Ser His Tyr Ala Asn Pro
435 440 445

Leu Gly Glu Phe Gly Asn Arg Asn Ala Phe Ile Glu Asp Leu Ala Ile
450 455 460

Arg Ser Trp Asp Glu Leu Ala Asp Pro Gln Gln Phe Ser Asp Ala Leu
465 470 475 480

Asn Thr Ser Pro Trp Thr Ile Pro Glu Val Phe Ile Phe Arg Gly Ser
485 490 495

Ile Asp Asp Pro Asp Ala Gly Trp Lys Tyr Asp Val Ala Glu Asp Leu
500 505 510

Tyr Pro Asn Asn Pro Asn Val Arg Phe Arg Gly Val Tyr Phe Asn Pro
515 520 525

Glu Ser Phe Asp Gln Met Trp Gln Thr Lys Gln Val Gly Pro Phe Val
530 535 540

Val Val Thr His Asn Glu
545 550

<210> 867
<211> 1059
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1036)
<223> RXC02206

<400> 867
ggcaggatct gctgctgcgg ctaggagggt tatctcttca ttcacccgat ctaccgtact 60

accttatgac ctcagtagtg tgggtggcgt gaaacagcga atg gtc ggt tca agt 115
Met Val Gly Ser Ser

1 5

ggt ttg cgg gta tcc agg ctc ggt ttg ggc acc tca aca tgg ggc tcg 163
Gly Leu Arg Val Ser Arg Leu Gly Leu Gly Thr Ser Thr Trp Gly Ser

10 15 20

ggc acc gag ctg gct gag gca ggc gat atc ttt aag gcg ttc atc aat 211
Gly Thr Glu Leu Ala Glu Ala Gly Asp Ile Phe Lys Ala Phe Ile Asn

25 30 35

tct ggt ggc acg ctt atc gac gtc tcc ccc aac tac acc acc ggc gtc 259
Ser Gly Gly Thr Leu Ile Asp Val Ser Pro Asn Tyr Thr Thr Gly Val

40	45	50	
gcg gaa gaa atg ctc ggc acg atg ttg gat gcg gaa gtc tct cgt tcg 307			
Ala Glu Glu Met Leu Gly Thr Met Leu Asp Ala Glu Val Ser Arg Ser			
55	60	65	
gct gtc gtc att tcc tcc agc gca ggt gtc aac ccc gct ctg ccg ctc 355			
Ala Val Val Ile Ser Ser Ser Ala Gly Val Asn Pro Ala Leu Pro Leu			
70	75	80	85
ggc cga cgt gtg gat tgc tcc cgc cgc aat ttg att gcc caa tta gat 403			
Gly Arg Arg Val Asp Cys Ser Arg Arg Asn Leu Ile Ala Gln Leu Asp			
90	95	100	
gtc acc ctg cgg gca tta aac act gac tat ttg gat ttg tgg tct gtg 451			
Val Thr Leu Arg Ala Leu Asn Thr Asp Tyr Leu Asp Leu Trp Ser Val			
105	110	115	
ggc tat tgg gat gag ggc acc cca ccg cat gag gtg gcc gat act ttg 499			
Gly Tyr Trp Asp Glu Gly Thr Pro Pro His Glu Val Ala Asp Thr Leu			
120	125	130	
gat tac gcc gtg cgc acc ggc cga gtc cga tat gcc ggt gtc cga gga 547			
Asp Tyr Ala Val Arg Thr Gly Arg Val Arg Tyr Ala Gly Val Arg Gly			
135	140	145	
tat tcc ggt tgg cag tta gcg gtc acc cac gct gca tcc aat cat gca 595			
Tyr Ser Gly Trp Gln Leu Ala Val Thr His Ala Ala Ser Asn His Ala			
150	155	160	165
gcg gcc tcc gcc cgc ccc gtg gtc gtt gca caa aat gaa tac agc ctg 643			
Ala Ala Ser Ala Arg Pro Val Val Val Ala Gln Asn Glu Tyr Ser Leu			
170	175	180	
ctg gaa cgc cgc gca gaa caa gaa ctc ctc cct gcc acc caa cac cta 691			
Leu Glu Arg Arg Ala Glu Gln Glu Leu Leu Pro Ala Thr Gln His Leu			
185	190	195	
ggc gtc gga ttc ttt gct ggc gct ccg ctg ggg caa ggc gtg ctg act 739			
Gly Val Gly Phe Phe Ala Gly Ala Pro Leu Gly Gln Gly Val Leu Thr			

200 205 210

gct aaa tac cgc tcc gaa att ccc cat gat tcc aga gct gca tcc aca 787
Ala Lys Tyr Arg Ser Glu Ile Pro His Asp Ser Arg Ala Ala Ser Thr

215 220 225

gga cgc gac gca gaa gtc caa agc tac cta gat aat cga ggc cgc atc 835
Gly Arg Asp Ala Glu Val Gln Ser Tyr Leu Asp Asn Arg Gly Arg Ile

230 235 240 245

att gtc gat gct ctt gat act gca gcc aaa gga tta ggc att agc ccc 883
Ile Val Asp Ala Leu Asp Thr Ala Ala Lys Gly Leu Gly Ile Ser Pro

250 255 260

gct gtc aca gcc acc acc tgg gtg cgt gat cgt ccc gga gtg aca gct 931
Ala Val Thr Ala Thr Thr Trp Val Arg Asp Arg Pro Gly Val Thr Ala

265 270 275

gtc atc gtg ggc gct cgc aca cat gaa cag ctg tca cat ctt ctc aag 979
Val Ile Val Gly Ala Arg Thr His Glu Gln Leu Ser His Leu Leu Lys

280 285 290

gcg gaa tcg gtg act ttg cca aca cca atc aca caa gcc ctt gat gat 1027
Ala Glu Ser Val Thr Leu Pro Thr Pro Ile Thr Gln Ala Leu Asp Asp

295 300 305

gtc tcc ctg tgacttggtc caattacatt cac 1059
Val Ser Leu

310

<210> 868
<211> 312
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 868
Met Val Gly Ser Ser Gly Leu Arg Val Ser Arg Leu Gly Leu Gly Thr
1 5 10 15

Ser Thr Trp Gly Ser Gly Thr Glu Leu Ala Glu Ala Gly Asp Ile Phe

20

25

30

Lys Ala Phe Ile Asn Ser Gly Gly Thr Leu Ile Asp Val Ser Pro Asn
35 40 45

Tyr Thr Thr Gly Val Ala Glu Glu Met Leu Gly Thr Met Leu Asp Ala
50 55 60

Glu Val Ser Arg Ser Ala Val Val Ile Ser Ser Ser Ala Gly Val Asn
65 70 75 80

Pro Ala Leu Pro Leu Gly Arg Arg Val Asp Cys Ser Arg Arg Asn Leu
85 90 95

Ile Ala Gln Leu Asp Val Thr Leu Arg Ala Leu Asn Thr Asp Tyr Leu
100 105 110

Asp Leu Trp Ser Val Gly Tyr Trp Asp Glu Gly Thr Pro Pro His Glu
115 120 125

Val Ala Asp Thr Leu Asp Tyr Ala Val Arg Thr Gly Arg Val Arg Tyr
130 135 140

Ala Gly Val Arg Gly Tyr Ser Gly Trp Gln Leu Ala Val Thr His Ala
145 150 155 160

Ala Ser Asn His Ala Ala Ala Ser Ala Arg Pro Val Val Val Ala Gln
165 170 175

Asn Glu Tyr Ser Leu Leu Glu Arg Arg Ala Glu Gln Glu Leu Leu Pro
180 185 190

Ala Thr Gln His Leu Gly Val Gly Phe Phe Ala Gly Ala Pro Leu Gly
195 200 205

Gln Gly Val Leu Thr Ala Lys Tyr Arg Ser Glu Ile Pro His Asp Ser
210 215 220

Arg Ala Ala Ser Thr Gly Arg Asp Ala Glu Val Gln Ser Tyr Leu Asp
225 230 235 240

Asn Arg Gly Arg Ile Ile Val Asp Ala Leu Asp Thr Ala Ala Lys Gly

245 250 255

Leu Gly Ile Ser Pro Ala Val Thr Ala Thr Thr Trp Val Arg Asp Arg
260 265 270

Pro Gly Val Thr Ala Val Ile Val Gly Ala Arg Thr His Glu Gln Leu
275 280 285

Ser His Leu Leu Lys Ala Glu Ser Val Thr Leu Pro Thr Pro Ile Thr
290 295 300

Gln Ala Leu Asp Asp Val Ser Leu
305 310

<210> 869
<211> 621
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(598)
<223> RXS03074

<400> 869
tttgtgggca atctggtttt ttcgtaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60

tagcaggaca agcatactgt tttagtctta tgctgtgggc atg act caa agt gct 115
Met Thr Gln Ser Ala

1 5

cca gaa ttc att gcc acc gca gac ctc gta gac atc atc ggc gac aac 163
Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp Ile Ile Gly Asp Asn

10 15 20

gcg caa tca tgc gac act cag ttt caa aac ctt gga ggt gcc aca gaa 211
Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu Gly Gly Ala Thr Glu

25 30 35

ttc cac gga ata ata acc acc gtg aaa tgc ttc caa gac aac gcc ctc 259
Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe Gln Asp Asn Ala Leu

40	45	50	
ctg aaa tcc atc ctg agc gag gat aat cct ggg gga gtg ctg gtt atc			307
Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly Gly Val Leu Val Ile			
55	60	65	
gat ggc gac gca tcc gtg cac acc gcg cta gtt ggc gac atc att gca			355
Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val Gly Asp Ile Ile Ala			
70	75	80	85
gga ctt gga aaa gat cat ggt tgg tcc gga gta att gtc aac gga gca			403
Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val Ile Val Asn Gly Ala			
90	95	100	
att cga gac tcc gca gtc atc ggc acc atg acc ttt ggt tgt aaa gcc			451
Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr Phe Gly Cys Lys Ala			
105	110	115	
ctt gga acc aac ccg cgg aaa tcc act aaa act ggt tcc ggc gaa cga			499
Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr Gly Ser Gly Glu Arg			
120	125	130	
gac gta gtg gta tcg att ggt ggc att gac ttc att cct ggt cat tac			547
Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe Ile Pro Gly His Tyr			
135	140	145	
gtc tac gcg gac tct gac gga att atc gtc acc gag gcg cca att aag			595
Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr Glu Ala Pro Ile Lys			
150	155	160	165
cag taatttgttt tgacgacgca gta			621
Gln			

<210> 870
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 870
 Met Thr Gln Ser Ala Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp

1 5 10 15

 Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu
 20 25 30

 Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
 35 40 45

 Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
 50 55 60

 Gly Val Leu Val Ile Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val
 65 70 75 80

 Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val
 85 90 95

 Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
 100 105 110

 Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
 115 120 125

 Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
 130 135 140

 Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr
 145 150 155 160

 Glu Ala Pro Ile Lys Gln
 165

<210> 871
 <211> 621
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(598)
 <223> FRXA02906

<400> 871

tttgtgggca atctggtttt ttctgaattg tgtgggatga atctcttaaa aattcacatt 60

tagcaggaca agcatactgt tttagtctta tgctgtgggc atg act caa agt gct 115
Met Thr Gln Ser Ala

1 5

cca gaa ttc att gcc acc gca gac ctc gta gac atc atc ggc gac aac 163
Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp Ile Ile Gly Asp Asn

10 15 20

gcg caa tca tgc gac act cag ttt caa aac ctt gga ggt gcc aca gaa 211
Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu Gly Gly Ala Thr Glu

25 30 35

ttc cac gga ata ata acc acc gtg aaa tgc ttc caa gac aac gcc ctc 259
Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe Gln Asp Asn Ala Leu

40 45 50

ctg aaa tcc atc ctg agc gag gat aat cct ggg gga gtg ctg gtt atc 307
Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly Gly Val Leu Val Ile

55 60 65

gat ggc gac gca tcc gtg cac acc gcg cta gtt ggc gac atc att gca 355
Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val Gly Asp Ile Ile Ala

70 75 80 85

gga ctt gga aaa gat cat ggt tgg tcc gga gta att gtc aac gga gca 403
Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val Ile Val Asn Gly Ala

90 95 100

att cga gac tcc gca gtc atc ggc acc atg acc ttt ggt tgt aaa gcc 451
Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr Phe Gly Cys Lys Ala

105 110 115

ctt gga acc aac ccg cgg aaa tcc act aaa act ggt tcc ggc gaa cga 499
Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr Gly Ser Gly Glu Arg

120 125 130

gac gta gtg gta tcg att ggt ggc att gac ttc att cct ggt cat tac 547
Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe Ile Pro Gly His Tyr

135 140 145

gtc tac gcg gac tct gac gga att atc gtc acc gag gcg cca att aag 595
Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr Glu Ala Pro Ile Lys

150 155 160 165

cag taatttgttt tgacgacgca gta 621
Gln

<210> 872
<211> 166
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 872
Met Thr Gln Ser Ala Pro Glu Phe Ile Ala Thr Ala Asp Leu Val Asp
1 5 10 15

Ile Ile Gly Asp Asn Ala Gln Ser Cys Asp Thr Gln Phe Gln Asn Leu
20 25 30

Gly Gly Ala Thr Glu Phe His Gly Ile Ile Thr Thr Val Lys Cys Phe
35 40 45

Gln Asp Asn Ala Leu Leu Lys Ser Ile Leu Ser Glu Asp Asn Pro Gly
50 55 60

Gly Val Leu Val Ile Asp Gly Asp Ala Ser Val His Thr Ala Leu Val
65 70 75 80

Gly Asp Ile Ile Ala Gly Leu Gly Lys Asp His Gly Trp Ser Gly Val
85 90 95

Ile Val Asn Gly Ala Ile Arg Asp Ser Ala Val Ile Gly Thr Met Thr
100 105 110

Phe Gly Cys Lys Ala Leu Gly Thr Asn Pro Arg Lys Ser Thr Lys Thr
115 120 125

Gly Ser Gly Glu Arg Asp Val Val Val Ser Ile Gly Gly Ile Asp Phe
130 135 140

Ile Pro Gly His Tyr Val Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Ile Val Thr
145 150 155 160

Glu Ala Pro Ile Lys Gln
165

<210> 873
<211> 1752
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1729)
<223> RXA02315

<400> 873
cgtttggaac cgcttgctgc cagcaaagat aggcgtgatt ggtggtttga gcgcgtgcgt 60

gaatcgatc cgtacctgga gacgatctag actgttgtgc atg tcc agc acg cca 115
Met Ser Ser Thr Pro

1 5

gct caa gat ctt gcc cgc gcc gtt att gat tcc ctc gca cca cac gtc 163
Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ala Val Ile Asp Ser Leu Ala Pro His Val

10 15 20

act gac gtg gtg tta tgc cca gga tcc agg aac tca ccg ttg tcg ctt 211
Thr Asp Val Val Leu Cys Pro Gly Ser Arg Asn Ser Pro Leu Ser Leu

25 30 35

gag ttg ctg gcg cgg cag gat ctg cgt gtc cat gtg cgt atc gac gag 259
Glu Leu Leu Ala Arg Gln Asp Leu Arg Val His Val Arg Ile Asp Glu

40 45 50

cgc agc gcc tca ttt ttg gcg ctg tcc cta gcg cgt acc cag gcc cgg 307
Arg Ser Ala Ser Phe Leu Ala Leu Ser Leu Ala Arg Thr Gln Ala Arg

55 60 65

ccg gtg gct gtg gtg atg acc tcc ggc acg gct gta gct aac tgc ctg 355

Pro	Val	Ala	Val	Val	Met	Thr	Ser	Gly	Thr	Ala	Val	Ala	Asn	Cys	Leu				
70					75					80					85				
cct	gct	gtt	gct	gaa	gct	gcg	cat	gcc	cat	atc	ccg	ttg	att	gtg	ctc	403			
Pro	Ala	Val	Ala	Glu	Ala	Ala	His	Ala	His	Ile	Pro	Leu	Ile	Val	Leu				
90					95					100									
tct	gct	gac	cgt	cct	gca	cat	ttg	gtg	gga	acg	ggg	gcg	agc	caa	acg	451			
Ser	Ala	Asp	Arg	Pro	Ala	His	Leu	Val	Gly	Thr	Gly	Ala	Ser	Gln	Thr				
105					110					115									
att	aac	cag	acc	ggt	att	ttt	ggt	gat	ctt	gca	ccg	acg	gtc	ggt	atc	499			
Ile	Asn	Gln	Thr	Gly	Ile	Phe	Gly	Asp	Leu	Ala	Pro	Thr	Val	Gly	Ile				
120					125					130									
act	gag	ctg	gat	cag	gta	gcg	cag	att	gct	gaa	agc	ctt	gct	cag	ggg	547			
Thr	Glu	Leu	Asp	Gln	Val	Ala	Gln	Ile	Ala	Glu	Ser	Leu	Ala	Gln	Gly				
135					140					145									
gct	tcc	cag	att	ccg	cgt	cat	ttc	aat	ctt	gca	ctt	gat	gtt	cct	ttg	595			
Ala	Ser	Gln	Ile	Pro	Arg	His	Phe	Asn	Leu	Ala	Leu	Asp	Val	Pro	Leu				
150					155					160					165				
gtt	gct	cct	gaa	ctg	cca	gag	ctt	cat	ggt	gag	gca	gtt	gga	gca	tca	643			
Val	Ala	Pro	Glu	Leu	Pro	Glu	Leu	His	Gly	Glu	Ala	Val	Gly	Ala	Ser				
170					175					180									
tgg	acg	cat	cgc	tgg	atc	aac	cac	ggt	gag	gtg	acc	gtg	gac	ctg	ggg	691			
Trp	Thr	His	Arg	Trp	Ile	Asn	His	Gly	Glu	Val	Thr	Val	Asp	Leu	Gly				
185					190					195									
gag	cac	acc	ctc	gtg	att	gcc	ggt	gat	gaa	gca	tgg	gaa	gtg	gaa	ggg	739			
Glu	His	Thr	Leu	Val	Ile	Ala	Gly	Asp	Glu	Ala	Trp	Glu	Val	Glu	Gly				
200					205					210									
ctg	gaa	gat	gtg	ccc	acc	atc	gct	gaa	cct	act	gca	cca	aag	cct	tat	787			
Leu	Glu	Asp	Val	Pro	Thr	Ile	Ala	Glu	Pro	Thr	Ala	Pro	Lys	Pro	Tyr				
215					220					225									
aat	ccg	gtg	cac	cca	ctg	gct	gct	gaa	atc	ttg	ctg	aag	gag	cag	gtc	835			

Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu Leu Lys Glu Gln Val

230 235 240 245

tcc gcg gaa ggc tat gtg gta aac acc agg cct gat cat gtg atc gtg 883
Ser Ala Glu Gly Tyr Val Val Asn Thr Arg Pro Asp His Val Ile Val

250 255 260

gtg gga cac ccc acg ctg cac cgc gga gtg ttg aag ttg atg tca gat 931
Val Gly His Pro Thr Leu His Arg Gly Val Leu Lys Leu Met Ser Asp

265 270 275

cct ggc att aaa tta act gtg ctt tca cgc acc gat atc atc act gat 979
Pro Gly Ile Lys Leu Thr Val Leu Ser Arg Thr Asp Ile Ile Thr Asp

280 285 290

ccc ggc cgc cat gcc gat cag gtg ggc agc aca gtg aaa gtc acc ggc 1027
Pro Gly Arg His Ala Asp Gln Val Gly Ser Thr Val Lys Val Thr Gly

295 300 305

acc cag gaa aag cag tgg cta aag atc tgt tcg gca gca tca gaa ctt 1075
Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser Ala Ala Ser Glu Leu

310 315 320 325

gcg gcc gat ggt gtg cgt gac gtc ctg gac aac caa gaa ttc ggt ttc 1123
Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn Gln Glu Phe Gly Phe

330 335 340

acc ggc ctc cat gtt gcc gca gcc gtg gcg gat acc tta ggc acc ggc 1171
Thr Gly Leu His Val Ala Ala Ala Val Ala Asp Thr Leu Gly Thr Gly

345 350 355

gat act ctc ttt gct gca gca tcc aac tca atc cgt gac ctc tcc ctg 1219
Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile Arg Asp Leu Ser Leu

360 365 370

gtg ggt atg cct ttt gat ggc gtg gat acc ttc tcc cca cga ggt gtc 1267
Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe Ser Pro Arg Gly Val

375 380 385

gca ggc att gat ggt tct gtt gct caa gca atc ggc act tca ctt gct 1315

Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile Gly Thr Ser Leu Ala	
390	395
400	405
gtg cag tcc cgc cac ccc gat gaa atc cgc gcg cca cgc act gtg gcc	1363
Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala Pro Arg Thr Val Ala	
410	415
420	
ctt ctg ggc gat ctg tgc ttc ctt cac gat att ggc gga ctg ctc atc	1411
Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile Gly Gly Leu Leu Ile	
425	430
435	
ggc cct gat gaa cca cgc cca gaa aac ctc acc atc gtg gtc tcc aac	1459
Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr Ile Val Val Ser Asn	
440	445
450	
gac aac ggt ggc gga atc ttc gaa ctc cta gaa acc ggc gca gat ggt	1507
Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu Thr Gly Ala Asp Gly	
455	460
465	
ctc cgc ccc aac ttc gag cgt gct ttc ggt acc cca cac gac gcg tcc	1555
Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr Pro His Asp Ala Ser	
470	475
480	485
atc gcg gat ctc tgc gca ggc tac ggc att gaa cac caa gtg gta gac	1603
Ile Ala Asp Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Ile Glu His Gln Val Val Asp	
490	495
500	
aac ctc caa gac ctc atc atc gcg cta gtt gat acc acc gaa gta tcc	1651
Asn Leu Gln Asp Leu Ile Ile Ala Leu Val Asp Thr Thr Glu Val Ser	
505	510
515	
gga ttc acc att att gaa gct tgc acc gtc cga gat acc cgc cgt gca	1699
Gly Phe Thr Ile Ile Glu Ala Ser Thr Val Arg Asp Thr Arg Arg Ala	
520	525
530	
caa cag caa gct ctc atg gac acg gtg cac taaatggagt ggtaccaagt	1749
Gln Gln Gln Ala Leu Met Asp Thr Val His	
535	540
gcg	1752

<210> 874

<211> 543

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 874

Met Ser Ser Thr Pro Ala Gln Asp Leu Ala Arg Ala Val Ile Asp Ser
1 5 10 15

Leu Ala Pro His Val Thr Asp Val Val Leu Cys Pro Gly Ser Arg Asn
20 25 30

Ser Pro Leu Ser Leu Glu Leu Leu Ala Arg Gln Asp Leu Arg Val His
35 40 45

Val Arg Ile Asp Glu Arg Ser Ala Ser Phe Leu Ala Leu Ser Leu Ala
50 55 60

Arg Thr Gln Ala Arg Pro Val Ala Val Val Met Thr Ser Gly Thr Ala
65 70 75 80

Val Ala Asn Cys Leu Pro Ala Val Ala Glu Ala Ala His Ala His Ile
85 90 95

Pro Leu Ile Val Leu Ser Ala Asp Arg Pro Ala His Leu Val Gly Thr
100 105 110

Gly Ala Ser Gln Thr Ile Asn Gln Thr Gly Ile Phe Gly Asp Leu Ala
115 120 125

Pro Thr Val Gly Ile Thr Glu Leu Asp Gln Val Ala Gln Ile Ala Glu
130 135 140

Ser Leu Ala Gln Gly Ala Ser Gln Ile Pro Arg His Phe Asn Leu Ala
145 150 155 160

Leu Asp Val Pro Leu Val Ala Pro Glu Leu Pro Glu Leu His Gly Glu
165 170 175

Ala Val Gly Ala Ser Trp Thr His Arg Trp Ile Asn His Gly Glu Val

180	185	190
Thr Val Asp Leu Gly Glu His	Thr Leu Val Ile Ala Gly Asp Glu Ala	
195	200	205
Trp Glu Val Glu Gly Leu Glu Asp Val Pro Thr	Ile Ala Glu Pro Thr	
210	215	220
Ala Pro Lys Pro Tyr Asn Pro Val His Pro Leu Ala Ala Glu Ile Leu		
225	230	235 240
Leu Lys Glu Gln Val Ser Ala Glu Gly Tyr Val Val Asn Thr Arg Pro		
245	250	255
Asp His Val Ile Val Val Gly His Pro Thr Leu His Arg Gly Val Leu		
260	265	270
Lys Leu Met Ser Asp Pro Gly Ile Lys Leu Thr Val Leu Ser Arg Thr		
275	280	285
Asp Ile Ile Thr Asp Pro Gly Arg His Ala Asp Gln Val Gly Ser Thr		
290	295	300
Val Lys Val Thr Gly Thr Gln Glu Lys Gln Trp Leu Lys Ile Cys Ser		
305	310	315 320
Ala Ala Ser Glu Leu Ala Ala Asp Gly Val Arg Asp Val Leu Asp Asn		
325	330	335
Gln Glu Phe Gly Phe Thr Gly Leu His Val Ala Ala Ala Val Ala Asp		
340	345	350
Thr Leu Gly Thr Gly Asp Thr Leu Phe Ala Ala Ala Ser Asn Ser Ile		
355	360	365
Arg Asp Leu Ser Leu Val Gly Met Pro Phe Asp Gly Val Asp Thr Phe		
370	375	380
Ser Pro Arg Gly Val Ala Gly Ile Asp Gly Ser Val Ala Gln Ala Ile		
385	390	395 400
Gly Thr Ser Leu Ala Val Gln Ser Arg His Pro Asp Glu Ile Arg Ala		

405

410

415

Pro Arg Thr Val Ala Leu Leu Gly Asp Leu Ser Phe Leu His Asp Ile
420 425 430

Gly Gly Leu Leu Ile Gly Pro Asp Glu Pro Arg Pro Glu Asn Leu Thr
435 440 445

Ile Val Val Ser Asn Asp Asn Gly Gly Gly Ile Phe Glu Leu Leu Glu
450 455 460

Thr Gly Ala Asp Gly Leu Arg Pro Asn Phe Glu Arg Ala Phe Gly Thr
465 470 475 480

Pro His Asp Ala Ser Ile Ala Asp Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Ile Glu
485 490 495

His Gln Val Val Asp Asn Leu Gln Asp Leu Ile Ile Ala Leu Val Asp
500 505 510

Thr Thr Glu Val Ser Gly Phe Thr Ile Ile Glu Ala Ser Thr Val Arg
515 520 525

Asp Thr Arg Arg Ala Gln Gln Gln Ala Leu Met Asp Thr Val His
530 535 540

<210> 875

<211> 1080

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1057)

<223> RXA02319

<400> 875

atgtgggtga gataaccgac cgtgatgtcg ccctagcaaa agtcacgac gcccacgcca 60

agaccttggc catttcggca gaggcttaag gttaaagatt atg agc aac tac agc 115
Met Ser Asn Tyr Ser

	1	5	
acc gac aac cct ttt gat ccc acc caa tgg gcc acc gtt cca ggt ttt			163
Thr Asp Asn Pro Phe Asp Pro Thr Gln Trp Ala Thr Val Pro Gly Phe			
	10	15	20
gaa gaa ttc acc gac atc acc tac cac cgc cac gtg ggc acc acc cgc			211
Glu Glu Phe Thr Asp Ile Thr Tyr His Arg His Val Gly Thr Thr Arg			
	25	30	35
gcc gat ggc atc gtg cgc atc gcc ttc gac cgc ccc gaa gtt cgc aat			259
Ala Asp Gly Ile Val Arg Ile Ala Phe Asp Arg Pro Glu Val Arg Asn			
	40	45	50
gct ttc cgc ccc cac acc gtc gac gag ctt tac caa gcc ctc gac cac			307
Ala Phe Arg Pro His Thr Val Asp Glu Leu Tyr Gln Ala Leu Asp His			
	55	60	65
gcg cgc cgg acc cca gat gtt gga acc atc ctg ctc acc ggc aac ggc			355
Ala Arg Arg Thr Pro Asp Val Gly Thr Ile Leu Leu Thr Gly Asn Gly			
	70	75	80
			85
ccc agc gaa aaa gac ggt ggc tgg gcg ttc tgc tcc ggc ggc gac caa			403
Pro Ser Glu Lys Asp Gly Gly Trp Ala Phe Cys Ser Gly Gly Asp Gln			
	90	95	100
cgc atc cgc ggg cgc tcc ggc tac caa tac gcc acc gaa cac gcg cgc			451
Arg Ile Arg Gly Arg Ser Gly Tyr Gln Tyr Ala Thr Glu His Ala Arg			
	105	110	115
gac gat gcc acc gct gat gtc ttc acg gta gat att gcc cgc acc aaa			499
Asp Asp Ala Thr Ala Asp Val Phe Thr Val Asp Ile Ala Arg Thr Lys			
	120	125	130
gtt gaa ggc gga cgc ctc cac att ttg gaa gtc caa cgc ctc atc cgc			547
Val Glu Gly Gly Arg Leu His Ile Leu Glu Val Gln Arg Leu Ile Arg			
	135	140	145
acc atg cct aaa gtt gtc atc gca gta gtc aac ggc tgg gca gcc ggc			595
Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn Gly Trp Ala Ala Gly			

150	155	160	165	
ggg ggc cac tcc ctc cat gtc gtt tgc gac ctc acc atc gct tcc cgc	643			
Gly Gly His Ser Leu His Val Val Cys Asp Leu Thr Ile Ala Ser Arg				
	170	175	180	
caa gaa gca cgc ttc aag caa acc gac gct gac gtg gga tcc ttc gac	691			
Gln Glu Ala Arg Phe Lys Gln Thr Asp Ala Asp Val Gly Ser Phe Asp				
	185	190	195	
gct ggc tac ggc tcc gcc tac cta gcg aaa atg gtc gga cag aaa aac	739			
Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Tyr Leu Ala Lys Met Val Gly Gln Lys Asn				
	200	205	210	
gcc cgc gaa atc ttc ttc ctc gga cgc acc tac gac gcc gaa cgc atg	787			
Ala Arg Glu Ile Phe Phe Leu Gly Arg Thr Tyr Asp Ala Glu Arg Met				
	215	220	225	
caa caa atg ggc gca gtc aac atc gtg gcc gac cac ggc gac cta gaa	835			
Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp His Gly Asp Leu Glu				
230	235	240	245	
aaa gaa gcc atc caa gca gcc cgc gaa atc aac acc aaa tcc ccc acc	883			
Lys Glu Ala Ile Gln Ala Ala Arg Glu Ile Asn Thr Lys Ser Pro Thr				
	250	255	260	
ggg caa cgc atg ctg aaa ttc gcc ttc aat ctc acc gac gat ggc ctc	931			
Gly Gln Arg Met Leu Lys Phe Ala Phe Asn Leu Thr Asp Asp Gly Leu				
	265	270	275	
atg gga caa caa gtc ttc gcc ggc gaa gcc acc cgc ctg gcc tac atg	979			
Met Gly Gln Gln Val Phe Ala Gly Glu Ala Thr Arg Leu Ala Tyr Met				
	280	285	290	
acg gat gaa gcc gta gag ggt aag gaa gca ttc cta gaa aag cgc gaa	1027			
Thr Asp Glu Ala Val Glu Gly Lys Glu Ala Phe Leu Glu Lys Arg Glu				
	295	300	305	
ccc aac tgg aat gaa ttc cct tac tac tac tagtgagtgc atggggtcct	1077			
Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr				

310

315

aaa

1080

<210> 876

<211> 319

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 876

Met Ser Asn Tyr Ser Thr Asp Asn Pro Phe Asp Pro Thr Gln Trp Ala
1 5 10 15

Thr Val Pro Gly Phe Glu Glu Phe Thr Asp Ile Thr Tyr His Arg His
20 25 30

Val Gly Thr Thr Arg Ala Asp Gly Ile Val Arg Ile Ala Phe Asp Arg
35 40 45

Pro Glu Val Arg Asn Ala Phe Arg Pro His Thr Val Asp Glu Leu Tyr
50 55 60

Gln Ala Leu Asp His Ala Arg Arg Thr Pro Asp Val Gly Thr Ile Leu
65 70 75 80

Leu Thr Gly Asn Gly Pro Ser Glu Lys Asp Gly Gly Trp Ala Phe Cys
85 90 95

Ser Gly Gly Asp Gln Arg Ile Arg Gly Arg Ser Gly Tyr Gln Tyr Ala
100 105 110

Thr Glu His Ala Arg Asp Asp Ala Thr Ala Asp Val Phe Thr Val Asp
115 120 125

Ile Ala Arg Thr Lys Val Glu Gly Gly Arg Leu His Ile Leu Glu Val
130 135 140

Gln Arg Leu Ile Arg Thr Met Pro Lys Val Val Ile Ala Val Val Asn
145 150 155 160

Gly Trp Ala Ala Gly Gly Gly His Ser Leu His Val Val Cys Asp Leu

165

170

175

Thr Ile Ala Ser Arg Gln Glu Ala Arg Phe Lys Gln Thr Asp Ala Asp
180 185 190

Val Gly Ser Phe Asp Ala Gly Tyr Gly Ser Ala Tyr Leu Ala Lys Met
195 200 205

Val Gly Gln Lys Asn Ala Arg Glu Ile Phe Phe Leu Gly Arg Thr Tyr
210 215 220

Asp Ala Glu Arg Met Gln Gln Met Gly Ala Val Asn Ile Val Ala Asp
225 230 235 240

His Gly Asp Leu Glu Lys Glu Ala Ile Gln Ala Ala Arg Glu Ile Asn
245 250 255

Thr Lys Ser Pro Thr Gly Gln Arg Met Leu Lys Phe Ala Phe Asn Leu
260 265 270

Thr Asp Asp Gly Leu Met Gly Gln Gln Val Phe Ala Gly Glu Ala Thr
275 280 285

Arg Leu Ala Tyr Met Thr Asp Glu Ala Val Glu Gly Lys Glu Ala Phe
290 295 300

Leu Glu Lys Arg Glu Pro Asn Trp Asn Glu Phe Pro Tyr Tyr Tyr
305 310 315

<210> 877

<211> 1017

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(994)

<223> RXS00393

<400> 877

tctattcatt tcacaatagc gtttcacact ccccatagc ctgccgaacg tatttcaagc 60

aattgcgcga tcgagtatgt gatggggaaa gatagagggt atg tct cac acg gaa	115
Met Ser His Thr Glu	
1 5	
ccc cag ccg aat tct gta act ttg tcc gat tgg att caa ggc gca cgc	163
Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp Ile Gln Gly Ala Arg	
10 15 20	
ccg cgt acc tgg gca aat gcg ttc gcg cct gtc att gcc ggt tca ggt	211
Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly	
25 30 35	
gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg	259
Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala	
40 45 50	
ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat	307
Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp	
55 60 65	
tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac cgc acc ggt cct ctg	355
Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu	
70 75 80 85	
cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg	403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala	
90 95 100	
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc ggc acc gcg ctg agc	451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser	
105 110 115	
ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc ggc atc ctg tgt gtg ctg	499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu	
120 125 130	
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg	547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly	
135 140 145	
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg	595

Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met
150 155 160 165
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc 643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala
170 175 180
gcc gca gtt ggc gtg ggg tcg atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac 691
Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn
185 190 195
aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc ctc 739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu
200 205 210
gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg 787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu
215 220 225
att tcc acg ccg ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg 835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp
230 235 240 245
cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca 883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala
250 255 260
ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccc gtc atc 931
Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Val Ile
265 270 275
ggc tca aca ggg cgc gcc atg gcg ttg tgg gcc gtg ctc acg ggc ctg 979
Gly Ser Thr Gly Arg Ala Met Ala Leu Trp Ala Val Leu Thr Gly Leu
280 285 290
gca tta gcg ttt agc taaaacgctt ttcgacgctc ccc 1017
Ala Leu Ala Phe Ser
295

<210> 878

<211> 298

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 878

Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp
1 5 10 15

Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
20 25 30

Ile Ala Gly Ser Gly Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp
35 40 45

Lys Ala Leu Leu Ala Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val
50 55 60

Asn Tyr Ala Asn Asp Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp
65 70 75 80

Arg Thr Gly Pro Leu Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys
85 90 95

Lys Val Lys Ala Ala Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala
100 105 110

Gly Thr Ala Leu Ser Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly
115 120 125

Ile Leu Cys Val Leu Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro
130 135 140

Tyr Gly Tyr Arg Gly Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly
145 150 155 160

Leu Val Ala Val Met Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser
165 170 175

Trp Ala Gly Leu Ala Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly
180 185 190

Val Asn Leu Ala Asn Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr

Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val Ile Ala Gly Ser Gly	
25 30 35	
gtc gcc gct ttt cat gat ggt ttt gtg tgg tgg aag gcc ttg ctg gcg	259
Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp Lys Ala Leu Leu Ala	
40 45 50	
ctt gtc gtg gcg tgg gct ttg atc atc ggt gtg aat tac gcc aat gat	307
Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val Asn Tyr Ala Asn Asp	
55 60 65	
tac tct gat ggc att cgt ggc acc gat gaa gac cgc acc ggt cct ctg	355
Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp Arg Thr Gly Pro Leu	
70 75 80 85	
cga ctc act ggt tct ggg ttg gct gag ccg aag aaa gtg aaa gct gcg	403
Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys Lys Val Lys Ala Ala	
90 95 100	
gcg ttt att tct ttc ggt atc gca ggt gtc gcc ggc acc gcg ctg agc	451
Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala Gly Thr Ala Leu Ser	
105 110 115	
ctg ttg agc gcg tgg tgg ctg atc ctc atc ggc atc ctg tgt gtg ctg	499
Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly Ile Leu Cys Val Leu	
120 125 130	
ggc gcg tgg ttc tac acc ggc ggt aaa aat cct tat ggt tac cgc ggg	547
Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro Tyr Gly Tyr Arg Gly	
135 140 145	
ctc ggc gag att gct gtg ttc atc ttc ttc ggc ctc gtc gcg gtc atg	595
Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly Leu Val Ala Val Met	
150 155 160 165	
gga acg cag ttc acc caa acc ggt tcc gtc agc tgg gcc ggt ttg gcc	643
Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser Trp Ala Gly Leu Ala	
170 175 180	
gcc gca gtt ggc gtg ggg tcg atg tct gct ggc gtg aac ttg gcc aac	691

Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly Val Asn Leu Ala Asn

185 190 195

aat att cgc gat att cca acc gat agc aag acc gga aaa att acc etc 739
Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ile Thr Leu

200 205 210

gcg gtc cgc ctg ggc gat gcg ggt gct cgt aag ctg ttc ctc gcg ctg 787
Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys Leu Phe Leu Ala Leu

215 220 225

att tcc acg ccg ttc atc atg tcc atc tgc ctg gcg ttt gtc gcc tgg 835
Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu Ala Phe Val Ala Trp

230 235 240 245

cca gcg ctg atc gcg atc atc gtt ttc ccg ctg gca ctg aaa gcc gca 883
Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu Ala Leu Lys Ala Ala

250 255 260

ggg ccg atc cgc aac aac gcc acc ggc aag gat ctc atc ccg tca tgc 931
Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp Leu Ile Pro Ser Ser

265 270 275

gct caa cag ggc gcg cca tgg cgt tgt ggg ccg tgc tca cgg gcc tgg 979
Ala Gln Gln Gly Ala Pro Trp Arg Cys Gly Pro Cys Ser Arg Ala Trp

280 285 290

cat tagcgtttag ctaaaacgct ttt 1005
His

<210> 880

<211> 294

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 880

Met Ser His Thr Glu Pro Gln Pro Asn Ser Val Thr Leu Ser Asp Trp

1 5 10 15

Ile Gln Gly Ala Arg Pro Arg Thr Trp Ala Asn Ala Phe Ala Pro Val
20 25 30

Ile Ala Gly Ser Gly Val Ala Ala Phe His Asp Gly Phe Val Trp Trp
35 40 45

Lys Ala Leu Leu Ala Leu Val Val Ala Trp Ala Leu Ile Ile Gly Val
50 55 60

Asn Tyr Ala Asn Asp Tyr Ser Asp Gly Ile Arg Gly Thr Asp Glu Asp
65 70 75 80

Arg Thr Gly Pro Leu Arg Leu Thr Gly Ser Gly Leu Ala Glu Pro Lys
85 90 95

Lys Val Lys Ala Ala Ala Phe Ile Ser Phe Gly Ile Ala Gly Val Ala
100 105 110

Gly Thr Ala Leu Ser Leu Leu Ser Ala Trp Trp Leu Ile Leu Ile Gly
115 120 125

Ile Leu Cys Val Leu Gly Ala Trp Phe Tyr Thr Gly Gly Lys Asn Pro
130 135 140

Tyr Gly Tyr Arg Gly Leu Gly Glu Ile Ala Val Phe Ile Phe Phe Gly
145 150 155 160

Leu Val Ala Val Met Gly Thr Gln Phe Thr Gln Thr Gly Ser Val Ser
165 170 175

Trp Ala Gly Leu Ala Ala Ala Val Gly Val Gly Ser Met Ser Ala Gly
180 185 190

Val Asn Leu Ala Asn Asn Ile Arg Asp Ile Pro Thr Asp Ser Lys Thr
195 200 205

Gly Lys Ile Thr Leu Ala Val Arg Leu Gly Asp Ala Gly Ala Arg Lys
210 215 220

Leu Phe Leu Ala Leu Ile Ser Thr Pro Phe Ile Met Ser Ile Cys Leu
225 230 235 240

Ala Phe Val Ala Trp Pro Ala Leu Ile Ala Ile Ile Val Phe Pro Leu
245 250 255

Ala Leu Lys Ala Ala Gly Pro Ile Arg Asn Asn Ala Thr Gly Lys Asp
260 265 270

Leu Ile Pro Ser Ser Ala Gln Gln Gly Ala Pro Trp Arg Cys Gly Pro
275 280 285

Cys Ser Arg Ala Trp His
290

<210> 881
<211> 843
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(820)
<223> RXA00391

<400> 881
atcttgtaga tcccaccgca attctgggag atctcgagga cgcaatctct ggaagaaaac 60

tttctcccc atccctgtac aagataaaac ccgtgcacag ttg ctg cgc gat tct 115
Leu Leu Arg Asp Ser

1 5

caa cga gtt ggc ctc gcc atc gat cct tcg atc gct ttg gtg atg gcc 163
Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile Ala Leu Val Met Ala

10 15 20

act tct ggt tct aca ggt acc ccg aag ggc gct cag ctc act ccg ttg 211
Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala Gln Leu Thr Pro Leu

25 30 35

aat ttg gtg agt tcc gcc gat gct acg cat cag ttt tta ggt ggc gaa 259
Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln Phe Leu Gly Gly Glu

40 45 50

ggc cag tgg ttg ctt gcc atg cca gca cac cac att gca ggc atg cag 307

Gly	Gln	Trp	Leu	Leu	Ala	Met	Pro	Ala	His	His	Ile	Ala	Gly	Met	Gln	
55			60			65										
gtg	ctt	ctt	cga	agc	ctc	att	gct	gga	gtt	gag	cca	cta	gct	att	gat	355
Val	Leu	Leu	Arg	Ser	Leu	Ile	Ala	Gly	Val	Glu	Pro	Leu	Ala	Ile	Asp	
70			75			80						85				
ctc	agc	aca	ggt	ttt	cac	att	gac	gct	ttc	gca	ggc	gcc	gcg	gca	gaa	403
Leu	Ser	Thr	Gly	Phe	His	Ile	Asp	Ala	Phe	Ala	Gly	Ala	Ala	Ala	Glu	
			90			95						100				
ctg	aaa	aat	acc	ggc	gac	cgc	gtc	tat	aca	tcc	ttg	act	cca	atg	cag	451
Leu	Lys	Asn	Thr	Gly	Asp	Arg	Val	Tyr	Thr	Ser	Leu	Thr	Pro	Met	Gln	
105			110			115										
tta	ctt	aaa	gca	atg	gac	tcc	ttg	caa	ggc	att	gaa	gcc	ctg	aaa	ctt	499
Leu	Leu	Lys	Ala	Met	Asp	Ser	Leu	Gln	Gly	Ile	Glu	Ala	Leu	Lys	Leu	
120			125			130										
ttt	gat	gtc	att	ctt	gtt	ggc	ggg	gct	gca	ttg	tct	aag	cag	gcc	cga	547
Phe	Asp	Val	Ile	Leu	Val	Gly	Gly	Ala	Ala	Leu	Ser	Lys	Gln	Ala	Arg	
135			140			145										
att	tct	gcg	gag	cag	cta	gac	atc	aac	att	gtc	acc	acc	tac	ggc	tcc	595
Ile	Ser	Ala	Glu	Gln	Leu	Asp	Ile	Asn	Ile	Val	Thr	Thr	Tyr	Gly	Ser	
150			155			160						165				
tca	gag	act	tca	ggt	ggc	tgc	gtt	tat	gat	ggc	aag	ccc	att	ccc	ggc	643
Ser	Glu	Thr	Ser	Gly	Gly	Cys	Val	Tyr	Asp	Gly	Lys	Pro	Ile	Pro	Gly	
			170			175						180				
gcg	aaa	gtc	cgt	att	tcg	gat	gag	cgc	att	gag	ttg	ggt	ggc	ccg	atg	691
Ala	Lys	Val	Arg	Ile	Ser	Asp	Glu	Arg	Ile	Glu	Leu	Gly	Gly	Pro	Met	
185			190			195										
att	gcg	cag	ggc	tac	aga	aat	gca	cct	gaa	cat	ccg	gat	ttc	gcc	aac	739
Ile	Ala	Gln	Gly	Tyr	Arg	Asn	Ala	Pro	Glu	His	Pro	Asp	Phe	Ala	Asn	
200			205			210										
gag	ggt	tgg	ttt	acc	acc	tct	gat	tca	ggt	gaa	ctc	cac	gac	ggg	att	787

Glu Gly Trp Phe Thr Thr Ser Asp Ser Gly Glu Leu His Asp Gly Ile

215

220

225

etc acc gtg act ggt cgc gtg gat acc cgt cat tgattccggt ggattgaagt 840
Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His

230

235

240

tgc

843

<210> 882

<211> 240

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 882

Leu Leu Arg Asp Ser Gln Arg Val Gly Leu Ala Ile Asp Pro Ser Ile
1 5 10 15

Ala Leu Val Met Ala Thr Ser Gly Ser Thr Gly Thr Pro Lys Gly Ala
20 25 30

Gln Leu Thr Pro Leu Asn Leu Val Ser Ser Ala Asp Ala Thr His Gln
35 40 45

Phe Leu Gly Gly Glu Gly Gln Trp Leu Leu Ala Met Pro Ala His His
50 55 60

Ile Ala Gly Met Gln Val Leu Leu Arg Ser Leu Ile Ala Gly Val Glu
65 70 75 80

Pro Leu Ala Ile Asp Leu Ser Thr Gly Phe His Ile Asp Ala Phe Ala
85 90 95

Gly Ala Ala Ala Glu Leu Lys Asn Thr Gly Asp Arg Val Tyr Thr Ser
100 105 110

Leu Thr Pro Met Gln Leu Leu Lys Ala Met Asp Ser Leu Gln Gly Ile
115 120 125

Glu Ala Leu Lys Leu Phe Asp Val Ile Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu
130 135 140

Ser Lys Gln Ala Arg Ile Ser Ala Glu Gln Leu Asp Ile Asn Ile Val
145 150 155 160

Thr Thr Tyr Gly Ser Ser Glu Thr Ser Gly Gly Cys Val Tyr Asp Gly
165 170 175

Lys Pro Ile Pro Gly Ala Lys Val Arg Ile Ser Asp Glu Arg Ile Glu
180 185 190

Leu Gly Gly Pro Met Ile Ala Gln Gly Tyr Arg Asn Ala Pro Glu His
195 200 205

Pro Asp Phe Ala Asn Glu Gly Trp Phe Thr Thr Ser Asp Ser Gly Glu
210 215 220

Leu His Asp Gly Ile Leu Thr Val Thr Gly Arg Val Asp Thr Arg His
225 230 235 240

<210> 883

<211> 384

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(361)

<223> RXS02908

<400> 883

gccaacgagg gttggtttac cacctctgat tcaggtgaac tccacgacgg gattctcacc 60

gtgactggtc gcgtggatac ccgtcattga ttccggtgga ttg aag ttg cac cca 115
Leu Lys Leu His Pro

1 5

gag gta ctg gaa cgt gcc atc gca gat att aaa ggt gtc acc gcg gcg 163
Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys Gly Val Thr Ala Ala

10 15 20

tgt gtt gtg ggt att ccc gat ccc cga tta ggc caa gca att gtg gcc 211
Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly Gln Ala Ile Val Ala

25 30 35

gcg tac tcc gga tcg atc agt ccg tct gaa gtt att gaa ggc ctc gac 259
Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val Ile Glu Gly Leu Asp

40 45 50

gat cta cct cgt tgg cag ctt ccc aaa cgg ctg aag cat ctg gaa tct 307
Asp Leu Pro Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu Lys His Leu Glu Ser

55 60 65

ttg ccc agc att ggt cct gga aaa gct gat cga cgt gct atc gcg aag 355
Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg Arg Ala Ile Ala Lys

70 75 80 85

ctg ttt tagtcttcat tcttgctggc tgc 384
Leu Phe

<210> 884

<211> 87

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 884

Leu Lys Leu His Pro Glu Val Leu Glu Arg Ala Ile Ala Asp Ile Lys
1 5 10 15

Gly Val Thr Ala Ala Cys Val Val Gly Ile Pro Asp Pro Arg Leu Gly
20 25 30

Gln Ala Ile Val Ala Ala Tyr Ser Gly Ser Ile Ser Pro Ser Glu Val
35 40 45

Ile Glu Gly Leu Asp Asp Leu Pro Arg Trp Gln Leu Pro Lys Arg Leu
50 55 60

Lys His Leu Glu Ser Leu Pro Ser Ile Gly Pro Gly Lys Ala Asp Arg
65 70 75 80

Arg Ala Ile Ala Lys Leu Phe
85

<210> 885
<211> 705
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(682)
<223> RXA00997

<400> 885
cccatctgtg gcagatcgaa tgcacccacc gcggagaagt cgtcgcacga accacactgc 60

gcaccatggt gctgaacaag tagccctata ctggggcacc atg act aca tgg aaa 115
Met Thr Thr Trp Lys

1 5

gag ctc aca gat aac aac cca gcg cac tca gaa aac tac gcg cag cgc 163
Glu Leu Thr Asp Asn Asn Pro Ala His Ser Glu Asn Tyr Ala Gln Arg

10 15 20

tgg cga aac ctc gcc gca gca ggc aat gat att tac ggc gaa gcc cgc 211
Trp Arg Asn Leu Ala Ala Ala Gly Asn Asp Ile Tyr Gly Glu Ala Arg

25 30 35

ctc att gat gcc atg gca ccc agg gga gcg aaa atc ttg gat gct ggc 259
Leu Ile Asp Ala Met Ala Pro Arg Gly Ala Lys Ile Leu Asp Ala Gly

40 45 50

tgc ggc cag gga cgc atc ggt ggc tac ctg tcc aag caa ggc cac gat 307
Cys Gly Gln Gly Arg Ile Gly Gly Tyr Leu Ser Lys Gln Gly His Asp

55 60 65

gtt cta ggc aca gac ctt gat ccc atc ctg att gat tac gcc aag cag 355
Val Leu Gly Thr Asp Leu Asp Pro Ile Leu Ile Asp Tyr Ala Lys Gln

70 75 80 85

gac ttt cca gaa gct cgc tgg gtg gtg gga gat ctc tct gtt gat cag 403
Asp Phe Pro Glu Ala Arg Trp Val Val Gly Asp Leu Ser Val Asp Gln

90	95	100	
atc tca gag act gat ttt gat ctc att gtc tcc gcc ggc aac gtc atg			451
Ile Ser Glu Thr Asp Phe Asp Leu Ile Val Ser Ala Gly Asn Val Met			
105	110	115	
ggc ttt ctc gct gag gat ggt cgc gaa cct gca cta gcc aac att cac			499
Gly Phe Leu Ala Glu Asp Gly Arg Glu Pro Ala Leu Ala Asn Ile His			
120	125	130	
cgc gca ctg ggc gcc gat ggc cgc gct gtc atc ggt ttc ggc gca gga			547
Arg Ala Leu Gly Ala Asp Gly Arg Ala Val Ile Gly Phe Gly Ala Gly			
135	140	145	
cgt gga tgg gtc ttt gga gac ttc ctc gaa gtc gca gaa cgc gtg ggc			595
Arg Gly Trp Val Phe Gly Asp Phe Leu Glu Val Ala Glu Arg Val Gly			
150	155	160	165
ctc gag ttg gaa aat gct ttt gag tct tgg gat ctt aag cct ttt gtc			643
Leu Glu Leu Glu Asn Ala Phe Glu Ser Trp Asp Leu Lys Pro Phe Val			
170	175	180	
caa ggc tct gag ttc tta gtg gcg gta ttt acc aag aag taacacctct			692
Gln Gly Ser Glu Phe Leu Val Ala Val Phe Thr Lys Lys			
185	190		
atcttgacc tga			705

<210> 886

<211> 194

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 886

Met	Thr	Thr	Trp	Lys	Glu	Leu	Thr	Asp	Asn	Asn	Pro	Ala	His	Ser	Glu
1				5					10					15	

Asn	Tyr	Ala	Gln	Arg	Trp	Arg	Asn	Leu	Ala	Ala	Ala	Gly	Asn	Asp	Ile
			20					25					30		

Tyr Gly Glu Ala Arg Leu Ile Asp Ala Met Ala Pro Arg Gly Ala Lys

35 40 45
 Ile Leu Asp Ala Gly Cys Gly Gln Gly Arg Ile Gly Gly Tyr Leu Ser
 50 55 60
 Lys Gln Gly His Asp Val Leu Gly Thr Asp Leu Asp Pro Ile Leu Ile
 65 70 75 80
 Asp Tyr Ala Lys Gln Asp Phe Pro Glu Ala Arg Trp Val Val Gly Asp
 85 90 95
 Leu Ser Val Asp Gln Ile Ser Glu Thr Asp Phe Asp Leu Ile Val Ser
 100 105 110
 Ala Gly Asn Val Met Gly Phe Leu Ala Glu Asp Gly Arg Glu Pro Ala
 115 120 125
 Leu Ala Asn Ile His Arg Ala Leu Gly Ala Asp Gly Arg Ala Val Ile
 130 135 140
 Gly Phe Gly Ala Gly Arg Gly Trp Val Phe Gly Asp Phe Leu Glu Val
 145 150 155 160
 Ala Glu Arg Val Gly Leu Glu Leu Glu Asn Ala Phe Glu Ser Trp Asp
 165 170 175
 Leu Lys Pro Phe Val Gln Gly Ser Glu Phe Leu Val Ala Val Phe Thr
 180 185 190
 Lys Lys

<210> 887
 <211> 861
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(838)
 <223> RXA02189

<400> 887

aatggcaaaa atgggcacat acgatactga tgggaccaat gggaaaacct caagccacca 60

attgagccag ttctctcaag caaacgata ctggtgggat gtg gac gcg gcc gac 115
Val Asp Ala Ala Asp

1 5

tat cac gaa cgc cac cct tct tat tta ggc acg gat tcc gct cac ggc 163
Tyr His Glu Arg His Pro Ser Tyr Leu Gly Thr Asp Ser Ala His Gly

10 15 20

gag ttc tac tgg tgc ccc gag atg ctg cat gaa aaa gat gta cgt ctt 211
Glu Phe Tyr Trp Cys Pro Glu Met Leu His Glu Lys Asp Val Arg Leu

25 30 35

ctt ggc act ccc gca gca ctc tcc ggc aag aaa att tta gag atc ggt 259
Leu Gly Thr Pro Ala Ala Leu Ser Gly Lys Lys Ile Leu Glu Ile Gly

40 45 50

tgc ggc tcg gca ccg tgt gct cgg tgg ctg gcc aat gat gtt ccg aat 307
Cys Gly Ser Ala Pro Cys Ala Arg Trp Leu Ala Asn Asp Val Pro Asn

55 60 65

gcc ttt gtc acc gct ttc gac att tct tca caa atg ctc aaa tac gca 355
Ala Phe Val Thr Ala Phe Asp Ile Ser Ser Gln Met Leu Lys Tyr Ala

70 75 80 85

ggt cac gac cat aac gta cac ctc gta cag gcc gat gca atg tca ctc 403
Gly His Asp His Asn Val His Leu Val Gln Ala Asp Ala Met Ser Leu

90 95 100

ccc tac gcc gac agt tcc ttt gac gtg gtc ttt tcc gtt ttc ggc gcc 451
Pro Tyr Ala Asp Ser Ser Phe Asp Val Val Phe Ser Val Phe Gly Ala

105 110 115

atc ccc ttt gtg gag gat tcc gcc gca ctc atg aag gaa atc gcg cgc 499
Ile Pro Phe Val Glu Asp Ser Ala Ala Leu Met Lys Glu Ile Ala Arg

120 125 130

gtc ctc aaa ccc ggc gga cgc ctc att ttc tcc atc acc cac ccg atg 547
Val Leu Lys Pro Gly Gly Arg Leu Ile Phe Ser Ile Thr His Pro Met

135	140	145	
cgc tgg att ttc ctc gac gat ccc ggc ccc gca ggc ctc acc gcg atc			595
Arg Trp Ile Phe Leu Asp Asp Pro Gly Pro Ala Gly Leu Thr Ala Ile			
150	155	160	165
acc agc tac ttc gac cag cgc ggc tac gtc gaa gaa gac gag gaa acc			643
Thr Ser Tyr Phe Asp Gln Arg Gly Tyr Val Glu Glu Asp Glu Glu Thr			
	170	175	180
ggc gct tta agc tat gcg gaa cag cac cgc acc atg ggc gcg cgg atc			691
Gly Ala Leu Ser Tyr Ala Glu Gln His Arg Thr Met Gly Ala Arg Ile			
	185	190	195
aat gag ctt atc gac gcc tcc ctc cac tta gat cac ctc atc gaa cca			739
Asn Glu Leu Ile Asp Ala Ser Leu His Leu Asp His Leu Ile Glu Pro			
200	205	210	
gaa tgg cca gat gag ttg gaa gaa aac tgg ggc caa tgg tca cca ctt			787
Glu Trp Pro Asp Glu Leu Glu Glu Asn Trp Gly Gln Trp Ser Pro Leu			
215	220	225	
cga gga aag ctc ttc ccc ggg aca gca atc ttc ctc gcc acg tac cgc			835
Arg Gly Lys Leu Phe Pro Gly Thr Ala Ile Phe Leu Ala Thr Tyr Arg			
230	235	240	245
ccc taataaacca acggcgctca ttt			861
Pro			

<210> 888

<211> 246

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 888

Val	Asp	Ala	Ala	Asp	Tyr	His	Glu	Arg	His	Pro	Ser	Tyr	Leu	Gly	Thr
1				5					10					15	

Asp	Ser	Ala	His	Gly	Glu	Phe	Tyr	Trp	Cys	Pro	Glu	Met	Leu	His	Glu
			20					25					30		

Lys Asp Val Arg Leu Leu Gly Thr Pro Ala Ala Leu Ser Gly Lys Lys
35 40 45

Ile Leu Glu Ile Gly Cys Gly Ser Ala Pro Cys Ala Arg Trp Leu Ala
50 55 60

Asn Asp Val Pro Asn Ala Phe Val Thr Ala Phe Asp Ile Ser Ser Gln
65 70 75 80

Met Leu Lys Tyr Ala Gly His Asp His Asn Val His Leu Val Gln Ala
85 90 95

Asp Ala Met Ser Leu Pro Tyr Ala Asp Ser Ser Phe Asp Val Val Phe
100 105 110

Ser Val Phe Gly Ala Ile Pro Phe Val Glu Asp Ser Ala Ala Leu Met
115 120 125

Lys Glu Ile Ala Arg Val Leu Lys Pro Gly Gly Arg Leu Ile Phe Ser
130 135 140

Ile Thr His Pro Met Arg Trp Ile Phe Leu Asp Asp Pro Gly Pro Ala
145 150 155 160

Gly Leu Thr Ala Ile Thr Ser Tyr Phe Asp Gln Arg Gly Tyr Val Glu
165 170 175

Glu Asp Glu Glu Thr Gly Ala Leu Ser Tyr Ala Glu Gln His Arg Thr
180 185 190

Met Gly Ala Arg Ile Asn Glu Leu Ile Asp Ala Ser Leu His Leu Asp
195 200 205

His Leu Ile Glu Pro Glu Trp Pro Asp Glu Leu Glu Glu Asn Trp Gly
210 215 220

Gln Trp Ser Pro Leu Arg Gly Lys Leu Phe Pro Gly Thr Ala Ile Phe
225 230 235 240

Leu Ala Thr Tyr Arg Pro

245

<210> 889
 <211> 813
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(790)
 <223> RXA02311

<400> 889
 cattttgggt atcggttggt tgtccatcgg tggagctaag ggcgctaagc atcgagcca 60

aataacctcc cactaaagct cctgggttag actcgaacgc gtg gct aaa gca gat 115
 Val Ala Lys Ala Asp

1 5

tta gac aag gac ccc ttc gac gta gcg tca atg ttc gat gac gtc gga 163
 Leu Asp Lys Asp Pro Phe Asp Val Ala Ser Met Phe Asp Asp Val Gly

10 15 20

aag aac tac gat ctc acc aat acc gtg ctt tct ttt ggt cag gac cgt 211
 Lys Asn Tyr Asp Leu Thr Asn Thr Val Leu Ser Phe Gly Gln Asp Arg

25 30 35

gtg tgg cga aag cgc act agg cag cgc ctg gac ctc aag cca ggg gag 259
 Val Trp Arg Lys Arg Thr Arg Gln Arg Leu Asp Leu Lys Pro Gly Glu

40 45 50

aag gtg ctt gat cta gct gca gga aca gcc gtt tcc acc gtg gag ttg 307
 Lys Val Leu Asp Leu Ala Ala Gly Thr Ala Val Ser Thr Val Glu Leu

55 60 65

gca aaa tcc ggc gcg ttt tgt gtg gcg tgt gat ttc tcc cag ggc atg 355
 Ala Lys Ser Gly Ala Phe Cys Val Ala Cys Asp Phe Ser Gln Gly Met

70 75 80 85

ctc gcc gca ggt aaa gac cgc gat gtg tcc aag gtt gtg ggc gat ggc 403
 Leu Ala Ala Gly Lys Asp Arg Asp Val Ser Lys Val Val Gly Asp Gly

90	95	100	
atg cag ttg ccg ttt gca gac aac agc ttt gat gct gtg acc att tct			451
Met Gln Leu Pro Phe Ala Asp Asn Ser Phe Asp Ala Val Thr Ile Ser			
105	110	115	
tat ggt ctg cgc aat att cac gat ttc cgc gct ggc ctg aaa gaa atg			499
Tyr Gly Leu Arg Asn Ile His Asp Phe Arg Ala Gly Leu Lys Glu Met			
120	125	130	
gcc cgc gtg act aaa cct ggt gga cgc ctc acc gtg gcg gag ttc tcc			547
Ala Arg Val Thr Lys Pro Gly Gly Arg Leu Thr Val Ala Glu Phe Ser			
135	140	145	
acc ccc gtg atc cct gtg ttc ggc acc gtg tac aag gag tac ctc atg			595
Thr Pro Val Ile Pro Val Phe Gly Thr Val Tyr Lys Glu Tyr Leu Met			
150	155	160	165
cgc ctg ctg ccc cag gcg gcg cgc gca gta tcg tcc aac ccg gag gcc			643
Arg Leu Leu Pro Gln Ala Ala Arg Ala Val Ser Ser Asn Pro Glu Ala			
170	175	180	
tac att tac ctg gct gat tcc atc cgc gca tgg cct agc cag gcg gaa			691
Tyr Ile Tyr Leu Ala Asp Ser Ile Arg Ala Trp Pro Ser Gln Ala Glu			
185	190	195	
cta gca cgg gag atc aac cag aat ggt tgg tca gat tgc ggt tgg cag			739
Leu Ala Arg Glu Ile Asn Gln Asn Gly Trp Ser Asp Cys Gly Trp Gln			
200	205	210	
aac ctg acc ttc ggc atc gtc gcg ctg cac tcg gcg att aaa cca gag			787
Asn Leu Thr Phe Gly Ile Val Ala Leu His Ser Ala Ile Lys Pro Glu			
215	220	225	
aac tagtcgagtc ccacagaggg gag			813
Asn			
230			
<210> 890			
<211> 230			
<212> PRT			

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 890

Val Ala Lys Ala Asp Leu Asp Lys Asp Pro Phe Asp Val Ala Ser Met
1 5 10 15

Phe Asp Asp Val Gly Lys Asn Tyr Asp Leu Thr Asn Thr Val Leu Ser
20 25 30

Phe Gly Gln Asp Arg Val Trp Arg Lys Arg Thr Arg Gln Arg Leu Asp
35 40 45

Leu Lys Pro Gly Glu Lys Val Leu Asp Leu Ala Ala Gly Thr Ala Val
50 55 60

Ser Thr Val Glu Leu Ala Lys Ser Gly Ala Phe Cys Val Ala Cys Asp
65 70 75 80

Phe Ser Gln Gly Met Leu Ala Ala Gly Lys Asp Arg Asp Val Ser Lys
85 90 95

Val Val Gly Asp Gly Met Gln Leu Pro Phe Ala Asp Asn Ser Phe Asp
100 105 110

Ala Val Thr Ile Ser Tyr Gly Leu Arg Asn Ile His Asp Phe Arg Ala
115 120 125

Gly Leu Lys Glu Met Ala Arg Val Thr Lys Pro Gly Gly Arg Leu Thr
130 135 140

Val Ala Glu Phe Ser Thr Pro Val Ile Pro Val Phe Gly Thr Val Tyr
145 150 155 160

Lys Glu Tyr Leu Met Arg Leu Leu Pro Gln Ala Ala Arg Ala Val Ser
165 170 175

Ser Asn Pro Glu Ala Tyr Ile Tyr Leu Ala Asp Ser Ile Arg Ala Trp
180 185 190

Pro Ser Gln Ala Glu Leu Ala Arg Glu Ile Asn Gln Asn Gly Trp Ser
195 200 205

Asp Cys Gly Trp Gln Asn Leu Thr Phe Gly Ile Val Ala Leu His Ser
210 215 220

Ala Ile Lys Pro Glu Asn
225 230

<210> 891
<211> 876
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(853)
<223> RXN02912

<400> 891
catcggtgtc gggtcactga tgggtggccaa gaaggttgga taacagggtt aatcttgggt 60

gatattgaaa tgacgtattc ctgattgggc tgaaaaatct gtg aca tca cct gaa 115
Val Thr Ser Pro Glu

1 5

tta caa aac atc ctt aac aat tat tgg agc ggc agg gca gag gct tac 163
Leu Gln Asn Ile Leu Asn Asn Tyr Trp Ser Gly Arg Ala Glu Ala Tyr

10 15 20

cac ctc aac caa acc caa agc gag cgt gca caa ttt gaa cgc ccc atc 211
His Leu Asn Gln Thr Gln Ser Glu Arg Ala Gln Phe Glu Arg Pro Ile

25 30 35

tgg gaa aag gtg tgg tgc aag gct ttg cct atc gtg tgc gaa gaa gcg 259
Trp Glu Lys Val Trp Ser Lys Ala Leu Pro Ile Val Ser Glu Glu Ala

40 45 50

gta aag gtt ctc gat ctt ggc tgt ggc gct ggt tat gtc acc cac ctt 307
Val Lys Val Leu Asp Leu Gly Cys Gly Ala Gly Tyr Val Thr His Leu

55 60 65

cta agc gat tgc gga tac gaa aca atc ggc gtt gat ggt tct gag gaa 355

Leu	Ser	Asp	Cys	Gly	Tyr	Glu	Thr	Ile	Gly	Val	Asp	Gly	Ser	Glu	Glu	
70						75				80					85	
atg	atc	aat	caa	gct	acg	cag	gag	aat	ggg	ctt	cgc	agg	tcg	acg	ggg	403
Met	Ile	Asn	Gln	Ala	Thr	Gln	Glu	Asn	Gly	Leu	Arg	Arg	Ser	Thr	Gly	
				90					95					100		
cgg	gcg	act	gcc	att	ttt	cag	gtc	ggg	gat	gcg	cat	gat	ccc	gag	ttc	451
Arg	Ala	Thr	Ala	Ile	Phe	Gln	Val	Gly	Asp	Ala	His	Asp	Pro	Glu	Phe	
			105					110				115				
cgg	gaa	ggc	tct	ttt	gat	gcg	ata	acc	agc	cgg	tat	gtg	ttg	tgg	act	499
Arg	Glu	Gly	Ser	Phe	Asp	Ala	Ile	Thr	Ser	Arg	Tyr	Val	Leu	Trp	Thr	
	120						125				130					
ctg	ctg	gat	ccc	cag	gca	gcg	att	aat	cgt	tgg	gtg	tct	ttg	cta	aaa	547
Leu	Leu	Asp	Pro	Gln	Ala	Ala	Ile	Asn	Arg	Trp	Val	Ser	Leu	Leu	Lys	
	135					140				145						
cct	ggt	ggg	gtt	att	gcg	tgc	gta	gat	gcg	gct	tgg	tat	ccg	aag	ggc	595
Pro	Gly	Gly	Val	Ile	Ala	Cys	Val	Asp	Ala	Ala	Trp	Tyr	Pro	Lys	Gly	
150					155				160					165		
att	gat	gct	ggc	acg	gaa	gta	gat	tca	gtg	gat	ggg	ccg	agt	gct	ttc	643
Ile	Asp	Ala	Gly	Thr	Glu	Val	Asp	Ser	Val	Asp	Gly	Pro	Ser	Ala	Phe	
			170						175				180			
gta	gag	acc	tat	acc	ccg	gaa	ctt	ttg	agg	aat	ctt	ccc	atg	tca	acg	691
Val	Glu	Thr	Tyr	Thr	Pro	Glu	Leu	Leu	Arg	Asn	Leu	Pro	Met	Ser	Thr	
		185							190				195			
acc	tcc	act	ggc	cac	aat	ttc	gca	gag	ctt	ttc	cac	aac	gct	ggc	ctc	739
Thr	Ser	Thr	Gly	His	Asn	Phe	Ala	Glu	Leu	Phe	His	Asn	Ala	Gly	Leu	
	200						205				210					
aaa	gaa	gtc	aca	ttg	aca	ccc	att	gag	ggg	ctg	gct	gaa	ctt	gac	cag	787
Lys	Glu	Val	Thr	Leu	Thr	Pro	Ile	Glu	Gly	Leu	Ala	Glu	Leu	Asp	Gln	
	215					220				225						
cga	ttt	ggc	ctc	tca	cca	ggg	cat	gag	tcg	act	ccg	cag	ttc	cta	ttc	835

Arg Phe Gly Leu Ser Pro Gly His Glu Ser Thr Pro Gln Phe Leu Phe

230 235 240 245

agg gga att aaa tcc agt tagtgctgtt ttaagcggtc gag 876

Arg Gly Ile Lys Ser Ser

250

<210> 892

<211> 251

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 892

Val Thr Ser Pro Glu Leu Gln Asn Ile Leu Asn Asn Tyr Trp Ser Gly

1 5 10 15

Arg Ala Glu Ala Tyr His Leu Asn Gln Thr Gln Ser Glu Arg Ala Gln

20 25 30

Phe Glu Arg Pro Ile Trp Glu Lys Val Trp Ser Lys Ala Leu Pro Ile

35 40 45

Val Ser Glu Glu Ala Val Lys Val Leu Asp Leu Gly Cys Gly Ala Gly

50 55 60

Tyr Val Thr His Leu Leu Ser Asp Cys Gly Tyr Glu Thr Ile Gly Val

65 70 75 80

Asp Gly Ser Glu Glu Met Ile Asn Gln Ala Thr Gln Glu Asn Gly Leu

85 90 95

Arg Arg Ser Thr Gly Arg Ala Thr Ala Ile Phe Gln Val Gly Asp Ala

100 105 110

His Asp Pro Glu Phe Arg Glu Gly Ser Phe Asp Ala Ile Thr Ser Arg

115 120 125

Tyr Val Leu Trp Thr Leu Leu Asp Pro Gln Ala Ala Ile Asn Arg Trp

130 135 140

Val Ser Leu Leu Lys Pro Gly Gly Val Ile Ala Cys Val Asp Ala Ala

145	150	155	160
Trp Tyr Pro Lys Gly Ile Asp Ala Gly Thr Glu Val Asp Ser Val Asp	165	170	175

Gly Pro Ser Ala Phe Val Glu Thr Tyr Thr Pro Glu Leu Leu Arg Asn
180 185 190

Leu Pro Met Ser Thr Thr Ser Thr Gly His Asn Phe Ala Glu Leu Phe
195 200 205

His Asn Ala Gly Leu Lys Glu Val Thr Leu Thr Pro Ile Glu Gly Leu
210 215 220

Ala Glu Leu Asp Gln Arg Phe Gly Leu Ser Pro Gly His Glu Ser Thr
225 230 235 240

Pro Gln Phe Leu Phe Arg Gly Ile Lys Ser Ser
245 250

<210> 893
<211> 585
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(562)
<223> RXS00998
```

<400> 893
aatcggccta aaaggtgtga ccatttgggg gtagtggcga ttttaccagg tcacaggagg 60

tgaaaatcca accatttttag gccgactaga gtaattaatt atg act tcc cgc gat 115
Met Thr Ser Arg Asp

1 5

gat caa ccc caa gat ctg ctt tcg ctt gca gaa ctt gcc gcc acc aga 163
Asp Gln Pro Gln Asp Leu Leu Ser Leu Ala Glu Leu Ala Ala Thr Arg

10 15 20

gct tta acc aca gac gaa ctt gaa gca ctc aac aac gcc aat tat ggc 211

Ala Leu Thr Thr Asp Glu Leu Glu Ala Leu Asn Asn Ala Asn Tyr Gly
25 30 35

ctc gac cgc aat ctg ggg ctg cgc tac acc acc atc gag ccc ggc cgg 259
Leu Asp Arg Asn Leu Gly Leu Arg Tyr Thr Thr Ile Glu Pro Gly Arg
40 45 50

gtg gtc agc gaa ctt cac gtg gca tcc aag cac ctg caa gtg gtg ggc 307
Val Val Ser Glu Leu His Val Ala Ser Lys His Leu Gln Val Val Gly
55 60 65

ttg gtc aac ggt ggt gtc tac gcc gcc atc gcc gaa tcc act gga tca 355
Leu Val Asn Gly Gly Val Tyr Ala Ala Ile Ala Glu Ser Thr Gly Ser
70 75 80 85

gtc gcc agc atg att tcc gcc cct gga aaa atg gtc gtc ggc atc aac 403
Val Ala Ser Met Ile Ser Ala Pro Gly Lys Met Val Val Gly Ile Asn
90 95 100

aac aac acc gac ttc att tct gct gtg agc tcc ggt gtc atc gtg gcc 451
Asn Asn Thr Asp Phe Ile Ser Ala Val Ser Ser Gly Val Ile Val Ala
105 110 115

gaa gca acg ccg att cag cta ggt ggc cgc acc cat ctg tgg cag atc 499
Glu Ala Thr Pro Ile Gln Leu Gly Gly Arg Thr His Leu Trp Gln Ile
120 125 130

gaa tgc acc cac cgc gga gaa gtc gtc gca cga acc aca ctg cgc acc 547
Glu Cys Thr His Arg Gly Glu Val Val Ala Arg Thr Thr Leu Arg Thr
135 140 145

atg gtg ctg aac aag tagccctata ctcgggcacc atg 585
Met Val Leu Asn Lys

150

<210> 894

<211> 154

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 894

Met Thr Ser Arg Asp Asp Gln Pro Gln Asp Leu Leu Ser Leu Ala Glu
1 5 10 15

Leu Ala Ala Thr Arg Ala Leu Thr Thr Asp Glu Leu Glu Ala Leu Asn
20 25 30

Asn Ala Asn Tyr Gly Leu Asp Arg Asn Leu Gly Leu Arg Tyr Thr Thr
35 40 45

Ile Glu Pro Gly Arg Val Val Ser Glu Leu His Val Ala Ser Lys His
50 55 60

Leu Gln Val Val Gly Leu Val Asn Gly Gly Val Tyr Ala Ala Ile Ala
65 70 75 80

Glu Ser Thr Gly Ser Val Ala Ser Met Ile Ser Ala Pro Gly Lys Met
85 90 95

Val Val Gly Ile Asn Asn Asn Thr Asp Phe Ile Ser Ala Val Ser Ser
100 105 110

Gly Val Ile Val Ala Glu Ala Thr Pro Ile Gln Leu Gly Gly Arg Thr
115 120 125

His Leu Trp Gln Ile Glu Cys Thr His Arg Gly Glu Val Val Ala Arg
130 135 140

Thr Thr Leu Arg Thr Met Val Leu Asn Lys
145 150

<210> 895

<211> 1098

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1075)

<223> RXA01215

<400> 895

tcgaaggctg ggtgcaaaag aagcgccctg gaaccgctgc agcacaagcc gcagaagccg 60

cccaaaacgt ccacaaccag gaaggctaag caggatcctc atg act gct cac tgg 115
Met Thr Ala His Trp

1 5

aaa caa aac caa aag aac ctc atg ctg ttt tgc ggt cgt gcg cac cca 163
Lys Gln Asn Gln Lys Asn Leu Met Leu Phe Ser Gly Arg Ala His Pro

10 15 20

gaa ctg gca gaa gct gta gct aaa gag ctc gac gtc aac gtc acc cca 211
Glu Leu Ala Glu Ala Val Ala Lys Glu Leu Asp Val Asn Val Thr Pro

25 30 35

atg acg gca cgc gat ttc gcc aac ggt gaa atc tac gtc cgc ttc gag 259
Met Thr Ala Arg Asp Phe Ala Asn Gly Glu Ile Tyr Val Arg Phe Glu

40 45 50

gaa tca gtt cgt ggc tcc gac tgc ttc gtc ctg cag tcc cac acc cag 307
Glu Ser Val Arg Gly Ser Asp Cys Phe Val Leu Gln Ser His Thr Gln

55 60 65

cct ctc aac aag tgg ctc atg gaa cag ctg ctg atg atc gac gct ttg 355
Pro Leu Asn Lys Trp Leu Met Glu Gln Leu Leu Met Ile Asp Ala Leu

70 75 80 85

aag cgt ggt tcc gca aag cgc atc acc gcg atc ctg ccg ttc tac cca 403
Lys Arg Gly Ser Ala Lys Arg Ile Thr Ala Ile Leu Pro Phe Tyr Pro

90 95 100

tat gcc cgc cag gac aag aag cac cgc ggc cgc gag cca att tct gct 451
Tyr Ala Arg Gln Asp Lys Lys His Arg Gly Arg Glu Pro Ile Ser Ala

105 110 115

cgc ctc atc gcc gac ctc atg ctc acc gct ggc gcg gac cgt atc gtg 499
Arg Leu Ile Ala Asp Leu Met Leu Thr Ala Gly Ala Asp Arg Ile Val

120 125 130

tcc gtg gac ttg cac acc gat cag atc cag ggc ttc ttc gac ggc cca 547
Ser Val Asp Leu His Thr Asp Gln Ile Gln Gly Phe Phe Asp Gly Pro

135	140	145	
gtc gat cac atg cac gcc atg ccg atc ctc acc gat cac atc aag gaa			595
Val Asp His Met His Ala Met Pro Ile Leu Thr Asp His Ile Lys Glu			
150	155	160	165
aac tac aac ctg gac aac atc tgc gtg gtc tcc cct gac gca ggt cgc			643
Asn Tyr Asn Leu Asp Asn Ile Cys Val Val Ser Pro Asp Ala Gly Arg			
	170	175	180
gtg aag gtt gca gag aag tgg gct aac acc ttg ggc gat gcc cca atg			691
Val Lys Val Ala Glu Lys Trp Ala Asn Thr Leu Gly Asp Ala Pro Met			
	185	190	195
gcg ttc gtg cac aag acc cgc tcc acc gag gta gca aac cag gtt gtc			739
Ala Phe Val His Lys Thr Arg Ser Thr Glu Val Ala Asn Gln Val Val			
200	205	210	
gcc aac cgc gtc gtc ggt gac gtc gac ggc aag gac tgc gtg ctt ctc			787
Ala Asn Arg Val Val Gly Asp Val Asp Gly Lys Asp Cys Val Leu Leu			
215	220	225	
gac gac atg atc gac act ggc ggc acc atc gcc ggc gct gtg ggc gtc			835
Asp Asp Met Ile Asp Thr Gly Gly Thr Ile Ala Gly Ala Val Gly Val			
230	235	240	245
ctg aag aag gct ggc gca aag tca gtc gtc atc gcc tgc acc cac ggt			883
Leu Lys Lys Ala Gly Ala Lys Ser Val Val Ile Ala Cys Thr His Gly			
	250	255	260
gtg ttc tct gac cca gcc cgc gag cgc ctg tct gca tgc ggt gct gaa			931
Val Phe Ser Asp Pro Ala Arg Glu Arg Leu Ser Ala Cys Gly Ala Glu			
	265	270	275
gaa gtc atc acc acc gac acc ctg cca cag tcc acc gag ggc tgg agc			979
Glu Val Ile Thr Thr Asp Thr Leu Pro Gln Ser Thr Glu Gly Trp Ser			
280	285	290	
aac ctg acc gtt ttg tgc atc gca ccg ctg ctg gct cgc acc atc aac			1027
Asn Leu Thr Val Leu Ser Ile Ala Pro Leu Leu Ala Arg Thr Ile Asn			

295 300 305

gag atc ttc gaa aac ggt tcc gtc acc acc ctc ttc gag ggc gag gcc 1075
 Glu Ile Phe Glu Asn Gly Ser Val Thr Thr Leu Phe Glu Gly Glu Ala

310 315 320 325

taaacaccca tgcccaccac gga 1098

<210> 896
 <211> 325
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 896
 Met Thr Ala His Trp Lys Gln Asn Gln Lys Asn Leu Met Leu Phe Ser
 1 5 10 15

Gly Arg Ala His Pro Glu Leu Ala Glu Ala Val Ala Lys Glu Leu Asp
 20 25 30

Val Asn Val Thr Pro Met Thr Ala Arg Asp Phe Ala Asn Gly Glu Ile
 35 40 45

Tyr Val Arg Phe Glu Glu Ser Val Arg Gly Ser Asp Cys Phe Val Leu
 50 55 60

Gln Ser His Thr Gln Pro Leu Asn Lys Trp Leu Met Glu Gln Leu Leu
 65 70 75 80

Met Ile Asp Ala Leu Lys Arg Gly Ser Ala Lys Arg Ile Thr Ala Ile
 85 90 95

Leu Pro Phe Tyr Pro Tyr Ala Arg Gln Asp Lys Lys His Arg Gly Arg
 100 105 110

Glu Pro Ile Ser Ala Arg Leu Ile Ala Asp Leu Met Leu Thr Ala Gly
 115 120 125

Ala Asp Arg Ile Val Ser Val Asp Leu His Thr Asp Gln Ile Gln Gly
 130 135 140

Phe Phe Asp Gly Pro Val Asp His Met His Ala Met Pro Ile Leu Thr

145 150 155 160
 Asp His Ile Lys Glu Asn Tyr Asn Leu Asp Asn Ile Cys Val Val Ser
 165 170 175
 Pro Asp Ala Gly Arg Val Lys Val Ala Glu Lys Trp Ala Asn Thr Leu
 180 185 190
 Gly Asp Ala Pro Met Ala Phe Val His Lys Thr Arg Ser Thr Glu Val
 195 200 205
 Ala Asn Gln Val Val Ala Asn Arg Val Val Gly Asp Val Asp Gly Lys
 210 215 220
 Asp Cys Val Leu Leu Asp Asp Met Ile Asp Thr Gly Gly Thr Ile Ala
 225 230 235 240
 Gly Ala Val Gly Val Leu Lys Lys Ala Gly Ala Lys Ser Val Val Ile
 245 250 255
 Ala Cys Thr His Gly Val Phe Ser Asp Pro Ala Arg Glu Arg Leu Ser
 260 265 270
 Ala Cys Gly Ala Glu Glu Val Ile Thr Thr Asp Thr Leu Pro Gln Ser
 275 280 285
 Thr Glu Gly Trp Ser Asn Leu Thr Val Leu Ser Ile Ala Pro Leu Leu
 290 295 300
 Ala Arg Thr Ile Asn Glu Ile Phe Glu Asn Gly Ser Val Thr Thr Leu
 305 310 315 320
 Phe Glu Gly Glu Ala
 325

<210> 897

<211> 1470

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1447)

<223> RXN00558

<400> 897

gaacaggcac cgcaggaaga atgcggcggtt ttcggcggtt gggcgccagg tgaggaagtc 60

tcgaaactta cctactttgg cctcttcgca cttcagcacc gtg gtc aag aag ccc 115
Val Val Lys Lys Pro

1 5

gcg ggc atc gca gta ggc gat ggc gaa cag atc ctg gtt ttc aaa gat 163
Ala Gly Ile Ala Val Gly Asp Gly Glu Gln Ile Leu Val Phe Lys Asp

10 15 20

ttg ggc cta gtc tcc caa gtt ttc gac caa cca att ctg gaa tcc ctc 211
Leu Gly Leu Val Ser Gln Val Phe Asp Gln Pro Ile Leu Glu Ser Leu

25 30 35

cgc gga aac atc gcc atc gga cac acc cga tac acc acc gcc ggc gga 259
Arg Gly Asn Ile Ala Ile Gly His Thr Arg Tyr Thr Thr Ala Gly Gly

40 45 50

aac acc tgg gaa aat gcc cag cct atg ttc cgc atg gca cca gat ggc 307
Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg Met Ala Pro Asp Gly

55 60 65

acc gat atc gcc ctt gga cac aac ggc aac ctg att aat tac atc gag 355
Thr Asp Ile Ala Leu Gly His Asn Gly Asn Leu Ile Asn Tyr Ile Glu

70 75 80 85

ttg ttg gac aaa gcc acc gaa ctt ggc ctc gtc gat ccc gcc aag aag 403
Leu Leu Asp Lys Ala Thr Glu Leu Gly Leu Val Asp Pro Ala Lys Lys

90 95 100

cca tca gat acc gat gtg ctc act gga ctg ctc gca agc ggc gtc cat 451
Pro Ser Asp Thr Asp Val Leu Thr Gly Leu Leu Ala Ser Gly Val His

105 110 115

gac gga aat aat ctc ttt gat tcc gcc aag gaa ctc ctc ccc agc gtc 499
Asp Gly Asn Asn Leu Phe Asp Ser Ala Lys Glu Leu Leu Pro Ser Val

120 125 130

aag gga gcc tac tgc ctc acc ttc acc gac gga cac acc ctg tac gca 547
Lys Gly Ala Tyr Cys Leu Thr Phe Thr Asp Gly His Thr Leu Tyr Ala

135 140 145

gcg cgt gat cca ttc ggc atc cgc cca ctg tcc atc ggc cgc ctc gag 595
Ala Arg Asp Pro Phe Gly Ile Arg Pro Leu Ser Ile Gly Arg Leu Glu

150 155 160 165

cgc ggc tgg gta gtc gca tct gaa acc gca gcg ctc gac atc gta ggt 643
Arg Gly Trp Val Val Ala Ser Glu Thr Ala Ala Leu Asp Ile Val Gly

170 175 180

gcc tcg cat gtg cgc gag gtc gaa cca ggc gaa ctg att gct atc gac 691
Ala Ser His Val Arg Glu Val Glu Pro Gly Glu Leu Ile Ala Ile Asp

185 190 195

gaa tcc ggc ctc aag tcc gca cga ttc gcc gag aca acc cgc aaa ggt 739
Glu Ser Gly Leu Lys Ser Ala Arg Phe Ala Glu Thr Thr Arg Lys Gly

200 205 210

tgc gtc ttc gaa tac gtt tac ctg gct cgt cca gac tcc gtg atc aag 787
Cys Val Phe Glu Tyr Val Tyr Leu Ala Arg Pro Asp Ser Val Ile Lys

215 220 225

gga aga aac gtc aac gaa gcc cga ctt gaa atc ggc cgc aag ctc gct 835
Gly Arg Asn Val Asn Glu Ala Arg Leu Glu Ile Gly Arg Lys Leu Ala

230 235 240 245

gca gaa gca cca gca gtc ggc gat cta gtc atc cca acc cca gaa tca 883
Ala Glu Ala Pro Ala Val Gly Asp Leu Val Ile Pro Thr Pro Glu Ser

250 255 260

ggc acc cca gca gca gtt gga ttc gcc caa gca tct ggc atc cca ttc 931
Gly Thr Pro Ala Ala Val Gly Phe Ala Gln Ala Ser Gly Ile Pro Phe

265 270 275

ggc caa ggc atg gtc aaa aac gcc tac gtt ggc cga acc ttc atc cag 979
Gly Gln Gly Met Val Lys Asn Ala Tyr Val Gly Arg Thr Phe Ile Gln

280 285 290

cct tcc gac act ctc cgc caa ctg gga atc cgc ctc aag ctg aac cca 1027
Pro Ser Asp Thr Leu Arg Gln Leu Gly Ile Arg Leu Lys Leu Asn Pro

295 300 305

ttg cgc gag gtt atc gcc gga aag cgc ctt gtg gtt gtg gat gat tcc 1075
Leu Arg Glu Val Ile Ala Gly Lys Arg Leu Val Val Val Asp Asp Ser

310 315 320 325

atc gtc cgc ggt aac acc caa cgc gcc gtg atc cgc atg ttg cgc gaa 1123
Ile Val Arg Gly Asn Thr Gln Arg Ala Val Ile Arg Met Leu Arg Glu

330 335 340

gcc ggt gca gct gag gtt cac gta cgc atc gcc tca cca ccc gtg aaa 1171
Ala Gly Ala Ala Glu Val His Val Arg Ile Ala Ser Pro Pro Val Lys

345 350 355

tgg cca tgc ttc tac ggc atc gat ttt gcc acc cca ggc gaa ctc att 1219
Trp Pro Cys Phe Tyr Gly Ile Asp Phe Ala Thr Pro Gly Glu Leu Ile

360 365 370

gcc aac gct gtc acc agt gac aac gaa gca gaa atg gta gaa gca gtc 1267
Ala Asn Ala Val Thr Ser Asp Asn Glu Ala Glu Met Val Glu Ala Val

375 380 385

cgc tcc gca atc ggc gca gac acc ctc ggc tac gtc tcc atc gac tcc 1315
Arg Ser Ala Ile Gly Ala Asp Thr Leu Gly Tyr Val Ser Ile Asp Ser

390 395 400 405

atg gtt gca gca acc gag caa cca gcc aac gaa ctc tgc atc gcc tgc 1363
Met Val Ala Ala Thr Glu Gln Pro Ala Asn Glu Leu Cys Ile Ala Cys

410 415 420

ttc gac ggc aaa tac ccc atg ggt ctg cca cag gga aac agc aac gca 1411
Phe Asp Gly Lys Tyr Pro Met Gly Leu Pro Gln Gly Asn Ser Asn Ala

425 430 435

gac cta gtc cgc aag atg caa gca acc gcc tca agt taagatcggt 1457
Asp Leu Val Arg Lys Met Gln Ala Thr Ala Ser Ser

440 445

aggcgatagg ggt

1470

<210> 898

<211> 449

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 898

Val Val Lys Lys Pro Ala Gly Ile Ala Val Gly Asp Gly Glu Gln Ile
1 5 10 15

Leu Val Phe Lys Asp Leu Gly Leu Val Ser Gln Val Phe Asp Gln Pro
20 25 30

Ile Leu Glu Ser Leu Arg Gly Asn Ile Ala Ile Gly His Thr Arg Tyr
35 40 45

Thr Thr Ala Gly Gly Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg
50 55 60

Met Ala Pro Asp Gly Thr Asp Ile Ala Leu Gly His Asn Gly Asn Leu
65 70 75 80

Ile Asn Tyr Ile Glu Leu Leu Asp Lys Ala Thr Glu Leu Gly Leu Val
85 90 95

Asp Pro Ala Lys Lys Pro Ser Asp Thr Asp Val Leu Thr Gly Leu Leu
100 105 110

Ala Ser Gly Val His Asp Gly Asn Asn Leu Phe Asp Ser Ala Lys Glu
115 120 125

Leu Leu Pro Ser Val Lys Gly Ala Tyr Cys Leu Thr Phe Thr Asp Gly
130 135 140

His Thr Leu Tyr Ala Ala Arg Asp Pro Phe Gly Ile Arg Pro Leu Ser
145 150 155 160

Ile Gly Arg Leu Glu Arg Gly Trp Val Val Ala Ser Glu Thr Ala Ala
165 170 175

Leu Asp Ile Val Gly Ala Ser His Val Arg Glu Val Glu Pro Gly Glu
180 185 190

Leu Ile Ala Ile Asp Glu Ser Gly Leu Lys Ser Ala Arg Phe Ala Glu
195 200 205

Thr Thr Arg Lys Gly Cys Val Phe Glu Tyr Val Tyr Leu Ala Arg Pro
210 215 220

Asp Ser Val Ile Lys Gly Arg Asn Val Asn Glu Ala Arg Leu Glu Ile
225 230 235 240

Gly Arg Lys Leu Ala Ala Glu Ala Pro Ala Val Gly Asp Leu Val Ile
245 250 255

Pro Thr Pro Glu Ser Gly Thr Pro Ala Ala Val Gly Phe Ala Gln Ala
260 265 270

Ser Gly Ile Pro Phe Gly Gln Gly Met Val Lys Asn Ala Tyr Val Gly
275 280 285

Arg Thr Phe Ile Gln Pro Ser Asp Thr Leu Arg Gln Leu Gly Ile Arg
290 295 300

Leu Lys Leu Asn Pro Leu Arg Glu Val Ile Ala Gly Lys Arg Leu Val
305 310 315 320

Val Val Asp Asp Ser Ile Val Arg Gly Asn Thr Gln Arg Ala Val Ile
325 330 335

Arg Met Leu Arg Glu Ala Gly Ala Ala Glu Val His Val Arg Ile Ala
340 345 350

Ser Pro Pro Val Lys Trp Pro Cys Phe Tyr Gly Ile Asp Phe Ala Thr
355 360 365

Pro Gly Glu Leu Ile Ala Asn Ala Val Thr Ser Asp Asn Glu Ala Glu
370 375 380

Met Val Glu Ala Val Arg Ser Ala Ile Gly Ala Asp Thr Leu Gly Tyr

385 390 395 400

Val Ser Ile Asp Ser Met Val Ala Ala Thr Glu Gln Pro Ala Asn Glu
405 410 415

Leu Cys Ile Ala Cys Phe Asp Gly Lys Tyr Pro Met Gly Leu Pro Gln
420 425 430

Gly Asn Ser Asn Ala Asp Leu Val Arg Lys Met Gln Ala Thr Ala Ser
435 440 445

Ser

<210> 899

<211> 524

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (61)..(501)

<223> FRXA00558

<400> 899

gggcgccagg tgaggaagta tcgcagctca cctactttgg cctcttcgca gttcagcacc 60

gtg gtc aag aag ccc gcg ggc atc gca gta ggc gat ggc gaa cag atc 108
Val Val Lys Lys Pro Ala Gly Ile Ala Val Gly Asp Gly Glu Gln Ile

1 5 10 15

ctg gtt ttc aaa gat ttg ggc cta gtc tcc caa gtt ttc gac caa cca 156
Leu Val Phe Lys Asp Leu Gly Leu Val Ser Gln Val Phe Asp Gln Pro

20 25 30

att ctg gaa tcc ctc cgc gga aac atc gcc atc gga cac acc cga tac 204
Ile Leu Glu Ser Leu Arg Gly Asn Ile Ala Ile Gly His Thr Arg Tyr

35 40 45

acc acc gcc ggc gga aac acc tgg gaa aat gcc cag cct atg ttc cgc 252
Thr Thr Ala Gly Gly Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg

Thr Thr Ala Gly Gly Asn Thr Trp Glu Asn Ala Gln Pro Met Phe Arg
50 55 60

Met Ala Pro Asp Gly Thr Asp Ile Ala Leu Gly His Asn Gly Asn Leu
65 70 75 80

Ile Asn Tyr Ile Glu Leu Leu Asp Lys Ala Thr Glu Leu Gly Leu Val
85 90 95

Asp Pro Ala Lys Lys Pro Ser Asp Thr Asp Val Leu Thr Gly Leu Leu
100 105 110

Ala Ser Gly Val His Asp Gly Asn Asn Leu Phe Asp Ser Ala Lys Glu
115 120 125

Leu Leu Pro Ser Val Lys Gly Ala Tyr Cys Leu Thr Phe Thr Asp Gly
130 135 140

His Thr Leu
145

<210> 901
<211> 1386
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1363)
<223> RXN00626

<400> 901
tcattttaag gcgcttttcg acgccacttt caaccatttc cgaaccgcca agaatactgg 60

aatagcttgg atcaagtttt gcaggataaa ctgtgcaacc atg cgc att ctg gta 115
Met Arg Ile Leu Val

1 5

atc ggc tcg ggc gcc cgt gag cac gcc ctc ctc cgt gga ctg tca act 163
Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu Arg Gly Leu Ser Thr

10 15 20

gac cct gca acc act gaa ctc cac gtt gcc cca ggt aac gct ggt ctt 211

Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro Gly Asn Ala Gly Leu	
25 30 35	
gga tcg atc gca act gtc cac cct ggc atc aag gct gat gat cca gag	259
Gly Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys Ala Asp Asp Pro Glu	
40 45 50	
gct gtc act gcg ttg gct aaa gaa ctg aac tct gat ctg gtt gtt atc	307
Ala Val Thr Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser Asp Leu Val Val Ile	
55 60 65	
ggc cca gag atc cct ttg gtt gcg ggt gtt gct gat gca ctt cgc gcg	355
Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala Asp Ala Leu Arg Ala	
70 75 80 85	
gcg ggt atc gct gtg ttt ggt cct aac aag gac gct gct cgt atc gag	403
Ala Gly Ile Ala Val Phe Gly Pro Asn Lys Asp Ala Ala Arg Ile Glu	
90 95 100	
ggc tcc aag gct ttc gct aag gat gtc atg gct gcg cag ggt gtt cgt	451
Gly Ser Lys Ala Phe Ala Lys Asp Val Met Ala Ala Gln Gly Val Arg	
105 110 115	
act gct cat gct gag act att act cct ggt gcg tct tct gaa gat att	499
Thr Ala His Ala Glu Thr Ile Thr Pro Gly Ala Ser Ser Glu Asp Ile	
120 125 130	
gat gct gcc ata gat cgt ttc ggc cca acg tgg gtt gtc aag gat gat	547
Asp Ala Ala Ile Asp Arg Phe Gly Pro Thr Trp Val Val Lys Asp Asp	
135 140 145	
ggt ttg tct gcg ggc aag ggt gtt gtg gtt acc ccc gat cgt gca gca	595
Gly Leu Ser Ala Gly Lys Gly Val Val Val Thr Pro Asp Arg Ala Ala	
150 155 160 165	
gca cgt gct cac gta gat gca gtg ctt gag ggc gga aat cca gtt ttg	643
Ala Arg Ala His Val Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly Asn Pro Val Leu	
170 175 180	
ctg gag tcc ttc ctt gat ggc cct gag gtt tcc ctg ttc tgc ctg gtt	691

Leu Glu Ser Phe Leu Asp Gly Pro Glu Val Ser Leu Phe Cys Leu Val
185 190 195

gat ggc gag acg gta gtt cct ctg ctg cca gcg cag gat cac aag cgt 739
Asp Gly Glu Thr Val Val Pro Leu Leu Pro Ala Gln Asp His Lys Arg

200 205 210

gcg tac gac aac gat gag ggc cca aac act ggt ggc atg ggt gct tat 787
Ala Tyr Asp Asn Asp Glu Gly Pro Asn Thr Gly Gly Met Gly Ala Tyr

215 220 225

gcg ccg ctt cct tgg ctg cct gaa gat ggc gtc cag cgc att gtc gat 835
Ala Pro Leu Pro Trp Leu Pro Glu Asp Gly Val Gln Arg Ile Val Asp

230 235 240 245

gag gtc tgc gtt cct gtt gct cgt gag atg gtg gca cgt ggt tgc gcg 883
Glu Val Cys Val Pro Val Ala Arg Glu Met Val Ala Arg Gly Cys Ala

250 255 260

tac tcc ggt ctg ctt tac gca ggt atc gca tgg ggt gca gaa ggc cct 931
Tyr Ser Gly Leu Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Trp Gly Ala Glu Gly Pro

265 270 275

gca gta gtg gag ttc aac tgc cgc ttc ggc gat cca gaa acc cag gct 979
Ala Val Val Glu Phe Asn Cys Arg Phe Gly Asp Pro Glu Thr Gln Ala

280 285 290

gta ctg gca cta ctg aag act cct cta gca gta ctg ctc aac gca gtt 1027
Val Leu Ala Leu Leu Lys Thr Pro Leu Ala Val Leu Leu Asn Ala Val

295 300 305

gct act gga acc ttg gca gag cag cca gca ctg gag tgg gag gat gct 1075
Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu Glu Trp Glu Asp Ala

310 315 320 325

tac gcc ctg act gtg gtg ttg gct tct tac aac tac cca gag gca cct 1123
Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn Tyr Pro Glu Ala Pro

330 335 340

cgt act ggt gat gtc atc cgc aac gct gat gca gat aac gtt ctt cac 1171

Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala Asp Asn Val Leu His

345 350 355

gct ggt acc gca ctc aat gct gaa ggc gag ctg gtc tct gcg ggc ggt 1219
Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu Val Ser Ala Gly Gly

360 365 370

cgt gtt ctt aac gtg atc ggt gtg ggt gag acc ctg gag gct gca cgc 1267
Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr Leu Glu Ala Ala Arg

375 380 385

gat aac gcg tac acc acc atc aag gac att gaa ctt gag gga agc cac 1315
Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu Leu Glu Gly Ser His

390 395 400 405

tac cgc agc gat atc gca ttg gct gca tta gag ggt cgt atc tcg atc 1363
Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu Gly Arg Ile Ser Ile

410 415 420

taaaagcagt acgcagatag gct 1386

<210> 902

<211> 421

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 902

Met Arg Ile Leu Val Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu
1 5 10 15

Arg Gly Leu Ser Thr Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro
20 25 30

Gly Asn Ala Gly Leu Gly Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys
35 40 45

Ala Asp Asp Pro Glu Ala Val Thr Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser
50 55 60

Asp Leu Val Val Ile Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala

65	70	75	80
Asp Ala Leu Arg	Ala Ala Gly Ile	Ala Val Phe Gly	Pro Asn Lys Asp
	85	90	95
Ala Ala Arg Ile	Glu Gly Ser Lys	Ala Phe Ala Lys	Asp Val Met Ala
	100	105	110
Ala Gln Gly Val	Arg Thr Ala His	Ala Glu Thr Ile	Thr Pro Gly Ala
	115	120	125
Ser Ser Glu Asp	Ile Asp Ala Ala	Ile Asp Arg Phe	Gly Pro Thr Trp
	130	135	140
Val Val Lys Asp	Asp Gly Leu Ser	Ala Gly Lys Gly	Val Val Val Thr
	145	150	155
Pro Asp Arg Ala	Ala Ala Arg Ala	His Val Asp Ala	Val Leu Glu Gly
	165	170	175
Gly Asn Pro Val	Leu Leu Glu Ser	Phe Leu Asp Gly	Pro Glu Val Ser
	180	185	190
Leu Phe Cys Leu	Val Asp Gly Glu	Thr Val Val Pro	Leu Leu Pro Ala
	195	200	205
Gln Asp His Lys	Arg Ala Tyr Asp	Asn Asp Glu Gly	Pro Asn Thr Gly
	210	215	220
Gly Met Gly Ala	Tyr Ala Pro Leu	Pro Trp Leu Pro	Glu Asp Gly Val
	225	230	235
Gln Arg Ile Val	Asp Glu Val Cys	Val Pro Val Ala	Arg Glu Met Val
	245	250	255
Ala Arg Gly Cys	Ala Tyr Ser Gly	Leu Leu Tyr Ala	Gly Ile Ala Trp
	260	265	270
Gly Ala Glu Gly	Pro Ala Val Val	Glu Phe Asn Cys	Arg Phe Gly Asp
	275	280	285
Pro Glu Thr Gln	Ala Val Leu Ala	Leu Leu Lys Thr	Pro Leu Ala Val

290 295 300
 Leu Leu Asn Ala Val Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu
 305 310 315 320
 Glu Trp Glu Asp Ala Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn
 325 330 335
 Tyr Pro Glu Ala Pro Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala
 340 345 350
 Asp Asn Val Leu His Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu
 355 360 365
 Val Ser Ala Gly Gly Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr
 370 375 380
 Leu Glu Ala Ala Arg Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu
 385 390 395 400
 Leu Glu Gly Ser His Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu
 405 410 415
 Gly Arg Ile Ser Ile
 420
 <210> 903
 <211> 364
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(364)
 <223> FRXA00629
 <400> 903
 tcattttaag gcgcttttcg acgccacttt caaccatttc cgaaccgcca agaatactgg 60
 aatagcttgg atcaagtttt gcaggataaa ctgtgcaacc atg cgc att ctg gta 115
 Met Arg Ile Leu Val

	1	5	
atc ggc tcg ggc gcc cgt gag cac gcc ctc ctc cgt gga ctg tca act			163
Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu Arg Gly Leu Ser Thr			
	10	15	20
gac cct gca acc act gaa ctc cac gtt gcc cca ggt aac gct ggt ctt			211
Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro Gly Asn Ala Gly Leu			
	25	30	35
gga tcg atc gca act gtc cac cct ggc atc aag gct gat gat cca gag			259
Gly Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys Ala Asp Asp Pro Glu			
	40	45	50
gct gtc act gcg ttg gct aaa gaa ctg aac tct gat ctg gtt gtt atc			307
Ala Val Thr Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser Asp Leu Val Val Ile			
	55	60	65
ggc cca gag atc cct ttg gtt gcg ggt gtt gct gat gca ctt cgc gcg			355
Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala Asp Ala Leu Arg Ala			
	70	75	80
			85
gcg ggt atc			364
Ala Gly Ile			

<210> 904
 <211> 88
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 904
 Met Arg Ile Leu Val Ile Gly Ser Gly Ala Arg Glu His Ala Leu Leu
 1 5 10 15

Arg Gly Leu Ser Thr Asp Pro Ala Thr Thr Glu Leu His Val Ala Pro
 20 25 30

Gly Asn Ala Gly Leu Gly Ser Ile Ala Thr Val His Pro Gly Ile Lys
 35 40 45

Ala Asp Asp Pro Glu Ala Val Thr Ala Leu Ala Lys Glu Leu Asn Ser

50 55 60

Asp Leu Val Val Ile Gly Pro Glu Ile Pro Leu Val Ala Gly Val Ala
65 70 75 80

Asp Ala Leu Arg Ala Ala Gly Ile
85

<210> 905
<211> 803
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(780)
<223> FRXA00626

<400> 905
gat cgt gca gca gca cgt gct cac gta gat gca gtg ctt gag ggc gga 48
Asp Arg Ala Ala Ala Arg Ala His Val Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly
1 5 10 15
aat cca gtt ttg ctg gag tcc ttc ctt gat ggc cct gag gtt tcc ctg 96
Asn Pro Val Leu Leu Glu Ser Phe Leu Asp Gly Pro Glu Val Ser Leu
20 25 30
ttc ttc ctg gtt gat ggc gag acg gta gtt cct ctg ctg cca gcg cag 144
Phe Phe Leu Val Asp Gly Glu Thr Val Val Pro Leu Leu Pro Ala Gln
35 40 45
gat cac aag cgt gcg tac gac aac gat gag ggc cca aac act ggt ggc 192
Asp His Lys Arg Ala Tyr Asp Asn Asp Glu Gly Pro Asn Thr Gly Gly
50 55 60
atg ggt gct tat gcg ccg ctt cct tgg ctg cct gaa gat ggc gtc cag 240
Met Gly Ala Tyr Ala Pro Leu Pro Trp Leu Pro Glu Asp Gly Val Gln
65 70 75 80
cgc att gtc gat gag gtc tgc gtt cct gtt gct cgt gag atg gtg gca 288
Arg Ile Val Asp Glu Val Cys Val Pro Val Ala Arg Glu Met Val Ala

85	90	95	
cgt ggt tgc gcg tac tcc ggt ctg ctt tac gca ggt atc gca tgg ggt			336
Arg Gly Cys Ala Tyr Ser Gly Leu Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Trp Gly			
100	105	110	
gca gaa ggc cct gca gta gtg gag ttc aac tgc cgc ttc ggc gat cca			384
Ala Glu Gly Pro Ala Val Val Glu Phe Asn Cys Arg Phe Gly Asp Pro			
115	120	125	
gaa acc cag gct gta ctg gca cta ctg aag act cct cta gca gta ctg			432
Glu Thr Gln Ala Val Leu Ala Leu Leu Lys Thr Pro Leu Ala Val Leu			
130	135	140	
ctc aac gca gtt gct act gga acc ttg gca gag cag cca gca ctg gag			480
Leu Asn Ala Val Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu Glu			
145	150	155	160
tgg gag gat gct tac gcc ctg act gtg gtg ttg gct tct tac aac tac			528
Trp Glu Asp Ala Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn Tyr			
165	170	175	
cca gag gca cct cgt act ggt gat gtc atc cgc aac gct gat gca gat			576
Pro Glu Ala Pro Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala Asp			
180	185	190	
aac gtt ctt cac gct ggt acc gca ctc aat gct gaa ggc gag ctg gtc			624
Asn Val Leu His Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu Val			
195	200	205	
tct gcg ggc ggt cgt gtt ctt aac gtg atc ggt gtg ggt gag acc ctg			672
Ser Ala Gly Gly Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr Leu			
210	215	220	
gag gct gca cgc gat aac gcg tac acc acc atc aag gac att gaa ctt			720
Glu Ala Ala Arg Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu Leu			
225	230	235	240
gag gga agc cac tac cgc agc gat atc gca ttg gct gca tta gag ggt			768
Glu Gly Ser His Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu Gly			

245 250 255

cgt atc tcg atc taaaagcagt acgcagatag gct 803
Arg Ile Ser Ile

260

<210> 906
<211> 260
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 906
Asp Arg Ala Ala Ala Arg Ala His Val Asp Ala Val Leu Glu Gly Gly
1 5 10 15

Asn Pro Val Leu Leu Glu Ser Phe Leu Asp Gly Pro Glu Val Ser Leu
20 25 30

Phe Phe Leu Val Asp Gly Glu Thr Val Val Pro Leu Leu Pro Ala Gln
35 40 45

Asp His Lys Arg Ala Tyr Asp Asn Asp Glu Gly Pro Asn Thr Gly Gly
50 55 60

Met Gly Ala Tyr Ala Pro Leu Pro Trp Leu Pro Glu Asp Gly Val Gln
65 70 75 80

Arg Ile Val Asp Glu Val Cys Val Pro Val Ala Arg Glu Met Val Ala
85 90 95

Arg Gly Cys Ala Tyr Ser Gly Leu Leu Tyr Ala Gly Ile Ala Trp Gly
100 105 110

Ala Glu Gly Pro Ala Val Val Glu Phe Asn Cys Arg Phe Gly Asp Pro
115 120 125

Glu Thr Gln Ala Val Leu Ala Leu Leu Lys Thr Pro Leu Ala Val Leu
130 135 140

Leu Asn Ala Val Ala Thr Gly Thr Leu Ala Glu Gln Pro Ala Leu Glu
145 150 155 160

Trp Glu Asp Ala Tyr Ala Leu Thr Val Val Leu Ala Ser Tyr Asn Tyr
165 170 175

Pro Glu Ala Pro Arg Thr Gly Asp Val Ile Arg Asn Ala Asp Ala Asp
180 185 190

Asn Val Leu His Ala Gly Thr Ala Leu Asn Ala Glu Gly Glu Leu Val
195 200 205

Ser Ala Gly Gly Arg Val Leu Asn Val Ile Gly Val Gly Glu Thr Leu
210 215 220

Glu Ala Ala Arg Asp Asn Ala Tyr Thr Thr Ile Lys Asp Ile Glu Leu
225 230 235 240

Glu Gly Ser His Tyr Arg Ser Asp Ile Ala Leu Ala Ala Leu Glu Gly
245 250 255

Arg Ile Ser Ile
260

<210> 907
<211> 714
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(691)
<223> RXA02623

<400> 907
aatcctgaag aggaagaatc cgacgaagaa attgagacag aaactgaggc tgaagaaacc 60

aatgatggtt ccgaggccga agaccgttaa catatctggt gtg aat tct gac tct 115
Val Asn Ser Asp Ser

1 5

acg acc acc att gtc gtg cta gct tcc gga aca ggc acc ctc ctt cag 163
Thr Thr Thr Ile Val Val Leu Ala Ser Gly Thr Gly Thr Leu Leu Gln

10 15 20

tca ctc att gaa gcg caa ggt acc tat tcg atc gtg ggc gtt gtc tct 211

Ser	Leu	Ile	Glu	Ala	Gln	Gly	Thr	Tyr	Ser	Ile	Val	Gly	Val	Val	Ser	
25				30				35								
gac	gtc	gaa	tgc	cct	gca	ctt	tcc	aga	gcc	gca	gat	gca	ggg	att	gat	259
Asp	Val	Glu	Cys	Pro	Ala	Leu	Ser	Arg	Ala	Ala	Asp	Ala	Gly	Ile	Asp	
40				45				50								
act	gca	gtt	gtt	ccg	ctt	gga	aaa	gat	cgt	gca	cag	tgg	aac	cac	gag	307
Thr	Ala	Val	Val	Pro	Leu	Gly	Lys	Asp	Arg	Ala	Gln	Trp	Asn	His	Glu	
55				60				65								
ctt	gca	gac	gca	gtt	gca	gta	agc	gac	cca	gat	ttg	gtg	gtc	tct	gcg	355
Leu	Ala	Asp	Ala	Val	Ala	Val	Ser	Asp	Pro	Asp	Leu	Val	Val	Ser	Ala	
70				75				80				85				
gga	ttc	atg	aaa	att	ttg	ggc	gaa	ggg	ttc	ctc	tca	agg	ttc	ccg	tcc	403
Gly	Phe	Met	Lys	Ile	Leu	Gly	Glu	Gly	Phe	Leu	Ser	Arg	Phe	Pro	Ser	
90				95				100								
cgc	atc	atc	aac	acc	cac	cca	gct	tta	ttg	cct	tct	ttc	cct	ggg	gcc	451
Arg	Ile	Ile	Asn	Thr	His	Pro	Ala	Leu	Leu	Pro	Ser	Phe	Pro	Gly	Ala	
105				110				115								
cac	gcg	gtt	cgc	gat	gct	ttg	gca	tac	ggg	gtg	aaa	gtg	tca	ggg	tcg	499
His	Ala	Val	Arg	Asp	Ala	Leu	Ala	Tyr	Gly	Val	Lys	Val	Ser	Gly	Ser	
120				125				130								
aca	gtt	cac	ctt	gtc	gat	gct	ggg	gtg	gat	acc	ggc	cca	att	att	gct	547
Thr	Val	His	Leu	Val	Asp	Ala	Gly	Val	Asp	Thr	Gly	Pro	Ile	Ile	Ala	
135				140				145								
caa	cga	gca	gtg	ccg	gta	gaa	gtg	aat	gat	gat	gaa	tcc	agc	ctg	cat	595
Gln	Arg	Ala	Val	Pro	Val	Glu	Val	Asn	Asp	Asp	Glu	Ser	Ser	Leu	His	
150				155				160				165				
gaa	aga	atc	aag	cag	gtt	gag	cgt	aaa	ctc	att	gta	gaa	gtc	ctg	aac	643
Glu	Arg	Ile	Lys	Gln	Val	Glu	Arg	Lys	Leu	Ile	Val	Glu	Val	Leu	Asn	
170				175				180								
agc	gtg	gaa	ttt	tcg	cgt	cag	ggg	ggc	gta	caa	ctc	aac	tgg	aga	ggc	691

Ser Val Glu Phe Ser Arg Gln Gly Gly Val Gln Leu Asn Trp Arg Gly

185

190

195

taaataccttc atgagcgatg atc

714

<210> 908

<211> 197

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 908

Val Asn Ser Asp Ser Thr Thr Thr Ile Val Val Leu Ala Ser Gly Thr
1 5 10 15

Gly Thr Leu Leu Gln Ser Leu Ile Glu Ala Gln Gly Thr Tyr Ser Ile
20 25 30

Val Gly Val Val Ser Asp Val Glu Cys Pro Ala Leu Ser Arg Ala Ala
35 40 45

Asp Ala Gly Ile Asp Thr Ala Val Val Pro Leu Gly Lys Asp Arg Ala
50 55 60

Gln Trp Asn His Glu Leu Ala Asp Ala Val Ala Val Ser Asp Pro Asp
65 70 75 80

Leu Val Val Ser Ala Gly Phe Met Lys Ile Leu Gly Glu Gly Phe Leu
85 90 95

Ser Arg Phe Pro Ser Arg Ile Ile Asn Thr His Pro Ala Leu Leu Pro
100 105 110

Ser Phe Pro Gly Ala His Ala Val Arg Asp Ala Leu Ala Tyr Gly Val
115 120 125

Lys Val Ser Gly Ser Thr Val His Leu Val Asp Ala Gly Val Asp Thr
130 135 140

Gly Pro Ile Ile Ala Gln Arg Ala Val Pro Val Glu Val Asn Asp Asp
145 150 155 160

Glu Ser Ser Leu His Glu Arg Ile Lys Gln Val Glu Arg Lys Leu Ile
165 170 175

Val Glu Val Leu Asn Ser Val Glu Phe Ser Arg Gln Gly Gly Val Gln
180 185 190

Leu Asn Trp Arg Gly
195

<210> 909
<211> 1347
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1324)
<223> RXA01442

<400> 909
aattaagcaa cctttttaac aggttttagag ctttcacgag gtggcgctcag ataaagtga 60

caccaatatt tctgacatct tccaacggag gctaaaaggc atg tac atc cca gag 115
Met Tyr Ile Pro Glu

1 5

tcg atc ggc acc cct ttg acc ccc aat gcc acg aaa gtg atg ctg ctg 163
Ser Ile Gly Thr Pro Leu Thr Pro Asn Ala Thr Lys Val Met Leu Leu

10 15 20

gga tca gga gaa tta ggc aaa gaa gta gcc atc gct ttc cag cgt ctc 211
Gly Ser Gly Glu Leu Gly Lys Glu Val Ala Ile Ala Phe Gln Arg Leu

25 30 35

ggc ctg gaa gtc cat gca gtt gat cgc tac gaa cat gcc cca gcc cac 259
Gly Leu Glu Val His Ala Val Asp Arg Tyr Glu His Ala Pro Ala His

40 45 50

cag gtc gct cac ttc tcc tat gtc atc gac atg aca gat gca gcc cag 307
Gln Val Ala His Phe Ser Tyr Val Ile Asp Met Thr Asp Ala Ala Gln

55 60 65

gtg cgg gaa ttg gtg gag cgt gtg cgc cca gat ttt gtc att cct gaa 355
Val Arg Glu Leu Val Glu Arg Val Arg Pro Asp Phe Val Ile Pro Glu

70 75 80 85

atc gaa gca ctg gca acc gat gaa ctg gtg aag atc gaa gaa gag ggg 403
Ile Glu Ala Leu Ala Thr Asp Glu Leu Val Lys Ile Glu Glu Glu Gly

90 95 100

cta gct acc atc gtg ccc act gca cgt gca gcc aag ctg acc atg aac 451
Leu Ala Thr Ile Val Pro Thr Ala Arg Ala Ala Lys Leu Thr Met Asn

105 110 115

cgc gaa ggc atc cgc aag ctg gcg gca gag gaa ctg ggt ctt cca acc 499
Arg Glu Gly Ile Arg Lys Leu Ala Ala Glu Glu Leu Gly Leu Pro Thr

120 125 130

tcc aac tat gag ttc tgc tcc act ttc gag gaa ttc tcc gca gct gct 547
Ser Asn Tyr Glu Phe Cys Ser Thr Phe Glu Glu Phe Ser Ala Ala Ala

135 140 145

gaa aag ctt ggt tac ccc aac gtg gtg aaa cca gtg atg agt tct tcc 595
Glu Lys Leu Gly Tyr Pro Asn Val Val Lys Pro Val Met Ser Ser Ser

150 155 160 165

ggc aag ggc caa tct gtt ttg cgt agt tca gac gat ctg cag gca gca 643
Gly Lys Gly Gln Ser Val Leu Arg Ser Ser Asp Asp Leu Gln Ala Ala

170 175 180

tgg gat tat gcg atg agc ggt gca cgc gtg gcc aac tcc cgc gtc atc 691
Trp Asp Tyr Ala Met Ser Gly Ala Arg Val Ala Asn Ser Arg Val Ile

185 190 195

gtg gaa gct ttc gtg gaa ttc gat tac gag atc acc ctg ttg aca gta 739
Val Glu Ala Phe Val Glu Phe Asp Tyr Glu Ile Thr Leu Leu Thr Val

200 205 210

agg tcc atc gat ccc acc acc tct aag cct gcg acc tgg ttc tgt gag 787
Arg Ser Ile Asp Pro Thr Thr Ser Lys Pro Ala Thr Trp Phe Cys Glu

215 220 225

ccc att ggg cac cgc caa gaa gac ggc gac tac gtg gaa tcc tgg cag	835
Pro Ile Gly His Arg Gln Glu Asp Gly Asp Tyr Val Glu Ser Trp Gln	
230	235
cca atg gag atg act cct cgc gcg ctg gaa aac gca cgc tca gta gcc	883
Pro Met Glu Met Thr Pro Arg Ala Leu Glu Asn Ala Arg Ser Val Ala	
250	255
gca cgc atc acc aac gca ttg ggc gga cgc ggc gta ttt ggt gtg gag	931
Ala Arg Ile Thr Asn Ala Leu Gly Gly Arg Gly Val Phe Gly Val Glu	
265	270
ctc ttt gtc tcc ggc gat gac gtg tac ttc tct gaa gtc tcc cca cgc	979
Leu Phe Val Ser Gly Asp Asp Val Tyr Phe Ser Glu Val Ser Pro Arg	
280	285
cca cac gac acc ggc ctt gtc acc ctt gcc acc cag cgt ttc tct gaa	1027
Pro His Asp Thr Gly Leu Val Thr Leu Ala Thr Gln Arg Phe Ser Glu	
295	300
ttt gaa ctc cac gcc aag gca att ctg gga ttg cct gtt gat gtc acc	1075
Phe Glu Leu His Ala Lys Ala Ile Leu Gly Leu Pro Val Asp Val Thr	
310	315
ctg att tct cca ggt gcc tcc gct gtc atc tac ggt ggc atc gaa tct	1123
Leu Ile Ser Pro Gly Ala Ser Ala Val Ile Tyr Gly Gly Ile Glu Ser	
330	335
gaa ggc gtg agc tac acc ggg ttg gct gaa gcg ctg gca gtg gct gaa	1171
Glu Gly Val Ser Tyr Thr Gly Leu Ala Glu Ala Leu Ala Val Ala Glu	
345	350
act gat ctt cgt atc ttt gcc aag cca gag gcc ttc acc aag cgt cgc	1219
Thr Asp Leu Arg Ile Phe Ala Lys Pro Glu Ala Phe Thr Lys Arg Arg	
360	365
atg ggt gtt gca gtg tcc acc gct gag gat gtg gct gca gcc agg gac	1267
Met Gly Val Ala Val Ser Thr Ala Glu Asp Val Ala Ala Ala Arg Asp	
375	380
	385

cgc gcc act ttg gct gcc gcg gcg atc aag gtt cat cca gga aat tcc 1315
Arg Ala Thr Leu Ala Ala Ala Ala Ile Lys Val His Pro Gly Asn Ser

390 395 400 405

gca gag gct taacatgctg ggaaagcatc ggg 1347
Ala Glu Ala

<210> 910

<211> 408

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 910

Met Tyr Ile Pro Glu Ser Ile Gly Thr Pro Leu Thr Pro Asn Ala Thr
1 5 10 15

Lys Val Met Leu Leu Gly Ser Gly Glu Leu Gly Lys Glu Val Ala Ile
20 25 30

Ala Phe Gln Arg Leu Gly Leu Glu Val His Ala Val Asp Arg Tyr Glu
35 40 45

His Ala Pro Ala His Gln Val Ala His Phe Ser Tyr Val Ile Asp Met
50 55 60

Thr Asp Ala Ala Gln Val Arg Glu Leu Val Glu Arg Val Arg Pro Asp
65 70 75 80

Phe Val Ile Pro Glu Ile Glu Ala Leu Ala Thr Asp Glu Leu Val Lys
85 90 95

Ile Glu Glu Glu Gly Leu Ala Thr Ile Val Pro Thr Ala Arg Ala Ala
100 105 110

Lys Leu Thr Met Asn Arg Glu Gly Ile Arg Lys Leu Ala Ala Glu Glu
115 120 125

Leu Gly Leu Pro Thr Ser Asn Tyr Glu Phe Cys Ser Thr Phe Glu Glu
130 135 140

Phe Ser Ala Ala Ala Glu Lys Leu Gly Tyr Pro Asn Val Val Lys Pro
145 150 155 160

Val Met Ser Ser Ser Gly Lys Gly Gln Ser Val Leu Arg Ser Ser Asp
165 170 175

Asp Leu Gln Ala Ala Trp Asp Tyr Ala Met Ser Gly Ala Arg Val Ala
180 185 190

Asn Ser Arg Val Ile Val Glu Ala Phe Val Glu Phe Asp Tyr Glu Ile
195 200 205

Thr Leu Leu Thr Val Arg Ser Ile Asp Pro Thr Thr Ser Lys Pro Ala
210 215 220

Thr Trp Phe Cys Glu Pro Ile Gly His Arg Gln Glu Asp Gly Asp Tyr
225 230 235 240

Val Glu Ser Trp Gln Pro Met Glu Met Thr Pro Arg Ala Leu Glu Asn
245 250 255

Ala Arg Ser Val Ala Ala Arg Ile Thr Asn Ala Leu Gly Gly Arg Gly
260 265 270

Val Phe Gly Val Glu Leu Phe Val Ser Gly Asp Asp Val Tyr Phe Ser
275 280 285

Glu Val Ser Pro Arg Pro His Asp Thr Gly Leu Val Thr Leu Ala Thr
290 295 300

Gln Arg Phe Ser Glu Phe Glu Leu His Ala Lys Ala Ile Leu Gly Leu
305 310 315 320

Pro Val Asp Val Thr Leu Ile Ser Pro Gly Ala Ser Ala Val Ile Tyr
325 330 335

Gly Gly Ile Glu Ser Glu Gly Val Ser Tyr Thr Gly Leu Ala Glu Ala
340 345 350

Leu Ala Val Ala Glu Thr Asp Leu Arg Ile Phe Ala Lys Pro Glu Ala

355 360 365

Phe Thr Lys Arg Arg Met Gly Val Ala Val Ser Thr Ala Glu Asp Val
370 375 380

Ala Ala Ala Arg Asp Arg Ala Thr Leu Ala Ala Ala Ala Ile Lys Val
385 390 395 400

His Pro Gly Asn Ser Ala Glu Ala
405

<210> 911
<211> 2409
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2386)
<223> RXN00537

<400> 911
accggaaca tgccgtcgaa aagctaaccg gcccatctat tgatggcctg gagctgttcc 60

tgccgccgt tggcaccatc gcggttaag aggagtaaat atg agc act ttt gtc 115
Met Ser Thr Phe Val
1 5

aat gac acc gtc gaa gac gca atc aag acc cct gag ctg gat cag cca 163
Asn Asp Thr Val Glu Asp Ala Ile Lys Thr Pro Glu Leu Asp Gln Pro
10 15 20

ttt gag gct ctt ggt ctg aaa gac gac gag tac gcg cgc atc aag gaa 211
Phe Glu Ala Leu Gly Leu Lys Asp Asp Glu Tyr Ala Arg Ile Lys Glu
25 30 35

atc ctt ggc cgc cgc cca acc gac gcc gag ctg acc gtt tac tcc gtc 259
Ile Leu Gly Arg Arg Pro Thr Asp Ala Glu Leu Thr Val Tyr Ser Val
40 45 50

atg tgg tcg gag cac tgc tcc tac aag tcc tcc aag gtt cac ctg cgt 307

Met Trp Ser Glu His Cys Ser Tyr Lys Ser Ser Lys Val His Leu Arg	
55	60
65	
tac ttc ggt gaa acc acc act gag gaa atg gct tcc aag att ctt gcc	355
Tyr Phe Gly Glu Thr Thr Thr Glu Glu Met Ala Ser Lys Ile Leu Ala	
70	75
80	85
ggc atc ggc gag aac gct ggt gtg gtc gac atc gga gac ggc aac gcc	403
Gly Ile Gly Glu Asn Ala Gly Val Val Asp Ile Gly Asp Gly Asn Ala	
90	95
100	
gtg acc ttc cgc gtg gag tcc cac aac cac cca tcc ttc gta gag cca	451
Val Thr Phe Arg Val Glu Ser His Asn His Pro Ser Phe Val Glu Pro	
105	110
115	
cac cag ggc gct gcg acc ggc gtc ggc ggc atc gtc cgc gac att atg	499
His Gln Gly Ala Ala Thr Gly Val Gly Gly Ile Val Arg Asp Ile Met	
120	125
130	
gct atg ggc gca cgc cca atc gct gtg atg gat cag ctg cgt ttc ggt	547
Ala Met Gly Ala Arg Pro Ile Ala Val Met Asp Gln Leu Arg Phe Gly	
135	140
145	
gca ctg gac aac cca gac acc cag cgt gtg ttt cct ggc gtt gtt gac	595
Ala Leu Asp Asn Pro Asp Thr Gln Arg Val Phe Pro Gly Val Val Asp	
150	155
160	165
ggc att tcc cat tac ggc aac tgc ctc ggc ctg cca aac atc ggt ggc	643
Gly Ile Ser His Tyr Gly Asn Cys Leu Gly Leu Pro Asn Ile Gly Gly	
170	175
180	
gaa acc gtc ttc gac gat tcc tac gca ggt aac cca ctg gtc aac gca	691
Glu Thr Val Phe Asp Asp Ser Tyr Ala Gly Asn Pro Leu Val Asn Ala	
185	190
195	
ctg tgc gtg ggt acc ctc aag gtg gaa gac ctc aag ctt gca ttc gca	739
Leu Cys Val Gly Thr Leu Lys Val Glu Asp Leu Lys Leu Ala Phe Ala	
200	205
210	
tcc ggc acc ggc aac aag gtg atc ctg ttc ggt tcc cgc acc ggc ctt	787

Ser Gly Thr Gly Asn Lys Val Ile Leu Phe Gly Ser Arg Thr Gly Leu
215 220 225

gat ggc atc ggt ggc gtg tcc gtc ctg ggt tcc gca tcc ttc gaa gaa 835
Asp Gly Ile Gly Gly Val Ser Val Leu Gly Ser Ala Ser Phe Glu Glu

230 235 240 245

ggc gaa gag cgc aag ctc cca gct gtt cag gtt ggc gat cct ttc gca 883
Gly Glu Glu Arg Lys Leu Pro Ala Val Gln Val Gly Asp Pro Phe Ala

250 255 260

gag aag gta ctc atc gag tgc tgc ctc gag ctg tac aag gct ggc gtc 931
Glu Lys Val Leu Ile Glu Cys Cys Leu Glu Leu Tyr Lys Ala Gly Val

265 270 275

gtg gtc ggt att cag gac ctc ggt ggc ggc gga ctt gcg tgt gca acc 979
Val Val Gly Ile Gln Asp Leu Gly Gly Gly Gly Leu Ala Cys Ala Thr

280 285 290

tct gag ctg gca gcc gca ggc gac ggc ggc atg cgc gtc aac cta gac 1027
Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gly Asp Gly Gly Met Arg Val Asn Leu Asp

295 300 305

aac gtc cca ctg cgc gca gag aac atg tct gca gct gaa atc ctg gct 1075
Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met Ser Ala Ala Glu Ile Leu Ala

310 315 320 325

tcc gag tcc cag gag cgc atg tgt gct gtt gtc acc cct gaa aac gtt 1123
Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala Val Val Thr Pro Glu Asn Val

330 335 340

gag cgt ttc ctc gag atc tgt gca aag tgg gat gtc acc tgc gca gaa 1171
Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys Trp Asp Val Thr Cys Ala Glu

345 350 355

atc ggc gaa gtt acc gac gag aag gac cgc tac gtt gtg gtc cac aac 1219
Ile Gly Glu Val Thr Asp Glu Lys Asp Arg Tyr Val Val Val His Asn

360 365 370

ggt gaa gtt gtt atc gac gca cct cca tca acc atc gat gaa ggc cct 1267

Gly Glu Val Val Ile Asp Ala Pro Pro Ser Thr Ile Asp Glu Gly Pro
375 380 385

gtc tac aac cgc cca gtt gct cgc cct gag aac cag gac gaa ctg cag 1315
Val Tyr Asn Arg Pro Val Ala Arg Pro Glu Asn Gln Asp Glu Leu Gln

390 395 400 405

ctc gaa ggc gag atc gct cgc cca gtc gac gtt gaa gag atc aag gct 1363
Leu Glu Gly Glu Ile Ala Arg Pro Val Asp Val Glu Glu Ile Lys Ala

410 415 420

gct tgg ctg aag ctt gtc gct tca cca gca ctt gca tcc cgc gcg ttt 1411
Ala Trp Leu Lys Leu Val Ala Ser Pro Ala Leu Ala Ser Arg Ala Phe

425 430 435

atc acc gag cag tac gac cgc tac gtc cgc ggc aac acc gtt cag gca 1459
Ile Thr Glu Gln Tyr Asp Arg Tyr Val Arg Gly Asn Thr Val Gln Ala

440 445 450

aag aac gcc aat gct ggc gtc ttg cgt atc gac gaa gag acc aac cgt 1507
Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu Arg Ile Asp Glu Glu Thr Asn Arg

455 460 465

ggc gtt gcg atc tcc gcc gac gca tcc ggc cgt tac acc aag ctc gag 1555
Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala Ser Gly Arg Tyr Thr Lys Leu Glu

470 475 480 485

cca aac act ggc gcg cag ctt gca ctg gct gag gct tac cgc aac gtg 1603
Pro Asn Thr Gly Ala Gln Leu Ala Leu Ala Glu Ala Tyr Arg Asn Val

490 495 500

gtc tcc acc ggt gca cgc cca gtg gct gtc acc aac tgc ctg aac ttc 1651
Val Ser Thr Gly Ala Arg Pro Val Ala Val Thr Asn Cys Leu Asn Phe

505 510 515

ggt tcc cca gaa aac gct ggt gtt atg tgg cag ttc aag gaa gca gtc 1699
Gly Ser Pro Glu Asn Ala Gly Val Met Trp Gln Phe Lys Glu Ala Val

520 525 530

cac ggt ctg gca gac gga tcc aag ctt ttg ggc att cca gtg tcc ggc 1747

His Gly Leu Ala Asp Gly Ser Lys Leu Leu Gly Ile Pro Val Ser Gly
535 540 545

ggt aac gtc tcc ttc tac aac cag act ggt gac gag ccc atc ctg cca 1795
Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln Thr Gly Asp Glu Pro Ile Leu Pro

550 555 560 565

acc cca gtc gtg ggt gtt ttg gga gtc ttg gac aac gtc gag cag agc 1843
Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly Val Leu Asp Asn Val Glu Gln Ser

570 575 580

atc ggc aac gtc ctc cca tcc gag gac aac gat ctc tac ctc ctg ggt 1891
Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu Asp Asn Asp Leu Tyr Leu Leu Gly

585 590 595

gag acc ttc gat gag ttc ggt ggc tcc atc tgg cag cag gtt tct ggc 1939
Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly Ser Ile Trp Gln Gln Val Ser Gly

600 605 610

gct ggc ctc aac ggt ctg cca cca gta gtt gac ctg ctc aac gag cag 1987
Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro Val Val Asp Leu Leu Asn Glu Gln

615 620 625

cgt ctt gca gac ctg ttc gtc ggt tct gat ctg ttt gct gca tcc cac 2035
Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly Ser Asp Leu Phe Ala Ala Ser His

630 635 640 645

gat ctg tct gag ggc ggc ctt ggc cag acc ctc gca gag ctt gcg atc 2083
Asp Leu Ser Glu Gly Gly Leu Gly Gln Thr Leu Ala Glu Leu Ala Ile

650 655 660

cac cag aaa aag gga atg gat gtt gat ctc tcc cag atc cac cca tcc 2131
His Gln Lys Lys Gly Met Asp Val Asp Leu Ser Gln Ile His Pro Ser

665 670 675

ctg ttc acc tca ctg ttt gct gag tcc gct tcc cgc atc gtg gtt gca 2179
Leu Phe Thr Ser Leu Phe Ala Glu Ser Ala Ser Arg Ile Val Val Ala

680 685 690

acc aac cgc ggc gaa gag ttg gaa aag cgc gca gca gag ctg ggt gtt 2227

Thr Asn Arg Gly Glu Glu Leu Glu Lys Arg Ala Ala Glu Leu Gly Val

695

700

705

cca gtg ttc aag ctg ggc tgc acc aac gat tca gcc gtc atc gct gtc 2275
Pro Val Phe Lys Leu Gly Cys Thr Asn Asp Ser Ala Val Ile Ala Val

710

715

720

725

aag ggc gca gac gtt gag ttc act gtt tcc gtg gag gaa ctc cgc gaa 2323
Lys Gly Ala Asp Val Glu Phe Thr Val Ser Val Glu Glu Leu Arg Glu

730

735

740

gca tgg acc aac act ttg cct gag gcc ttc ggt cac gca gtt gga gct 2371
Ala Trp Thr Asn Thr Leu Pro Glu Ala Phe Gly His Ala Val Gly Ala

745

750

755

aac gca gta gtt gca taattttctg ctgtgaagcc ggg 2409
Asn Ala Val Val Ala

760

<210> 912

<211> 762

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 912

Met Ser Thr Phe Val Asn Asp Thr Val Glu Asp Ala Ile Lys Thr Pro
1 5 10 15

Glu Leu Asp Gln Pro Phe Glu Ala Leu Gly Leu Lys Asp Asp Glu Tyr
20 25 30

Ala Arg Ile Lys Glu Ile Leu Gly Arg Arg Pro Thr Asp Ala Glu Leu
35 40 45

Thr Val Tyr Ser Val Met Trp Ser Glu His Cys Ser Tyr Lys Ser Ser
50 55 60

Lys Val His Leu Arg Tyr Phe Gly Glu Thr Thr Thr Glu Glu Met Ala
65 70 75 80

Ser Lys Ile Leu Ala Gly Ile Gly Glu Asn Ala Gly Val Val Asp Ile

85

90

95

Gly Asp Gly Asn Ala Val Thr Phe Arg Val Glu Ser His Asn His Pro
100 105 110

Ser Phe Val Glu Pro His Gln Gly Ala Ala Thr Gly Val Gly Gly Ile
115 120 125

Val Arg Asp Ile Met Ala Met Gly Ala Arg Pro Ile Ala Val Met Asp
130 135 140

Gln Leu Arg Phe Gly Ala Leu Asp Asn Pro Asp Thr Gln Arg Val Phe
145 150 155 160

Pro Gly Val Val Asp Gly Ile Ser His Tyr Gly Asn Cys Leu Gly Leu
165 170 175

Pro Asn Ile Gly Gly Glu Thr Val Phe Asp Asp Ser Tyr Ala Gly Asn
180 185 190

Pro Leu Val Asn Ala Leu Cys Val Gly Thr Leu Lys Val Glu Asp Leu
195 200 205

Lys Leu Ala Phe Ala Ser Gly Thr Gly Asn Lys Val Ile Leu Phe Gly
210 215 220

Ser Arg Thr Gly Leu Asp Gly Ile Gly Gly Val Ser Val Leu Gly Ser
225 230 235 240

Ala Ser Phe Glu Glu Gly Glu Glu Arg Lys Leu Pro Ala Val Gln Val
245 250 255

Gly Asp Pro Phe Ala Glu Lys Val Leu Ile Glu Cys Cys Leu Glu Leu
260 265 270

Tyr Lys Ala Gly Val Val Val Gly Ile Gln Asp Leu Gly Gly Gly Gly
275 280 285

Leu Ala Cys Ala Thr Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gly Asp Gly Gly Met
290 295 300

Arg Val Asn Leu Asp Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met Ser Ala
305 310 315 320

Ala Glu Ile Leu Ala Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala Val Val
325 330 335

Thr Pro Glu Asn Val Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys Trp Asp
340 345 350

Val Thr Cys Ala Glu Ile Gly Glu Val Thr Asp Glu Lys Asp Arg Tyr
355 360 365

Val Val Val His Asn Gly Glu Val Val Ile Asp Ala Pro Pro Ser Thr
370 375 380

Ile Asp Glu Gly Pro Val Tyr Asn Arg Pro Val Ala Arg Pro Glu Asn
385 390 395 400

Gln Asp Glu Leu Gln Leu Glu Gly Glu Ile Ala Arg Pro Val Asp Val
405 410 415

Glu Glu Ile Lys Ala Ala Trp Leu Lys Leu Val Ala Ser Pro Ala Leu
420 425 430

Ala Ser Arg Ala Phe Ile Thr Glu Gln Tyr Asp Arg Tyr Val Arg Gly
435 440 445

Asn Thr Val Gln Ala Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu Arg Ile Asp
450 455 460

Glu Glu Thr Asn Arg Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala Ser Gly Arg
465 470 475 480

Tyr Thr Lys Leu Glu Pro Asn Thr Gly Ala Gln Leu Ala Leu Ala Glu
485 490 495

Ala Tyr Arg Asn Val Val Ser Thr Gly Ala Arg Pro Val Ala Val Thr
500 505 510

Asn Cys Leu Asn Phe Gly Ser Pro Glu Asn Ala Gly Val Met Trp Gln
515 520 525

Phe Lys Glu Ala Val His Gly Leu Ala Asp Gly Ser Lys Leu Leu Gly
530 535 540

Ile Pro Val Ser Gly Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln Thr Gly Asp
545 550 555 560

Glu Pro Ile Leu Pro Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly Val Leu Asp
565 570 575

Asn Val Glu Gln Ser Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu Asp Asn Asp
580 585 590

Leu Tyr Leu Leu Gly Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly Ser Ile Trp
595 600 605

Gln Gln Val Ser Gly Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro Val Val Asp
610 615 620

Leu Leu Asn Glu Gln Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly Ser Asp Leu
625 630 635 640

Phe Ala Ala Ser His Asp Leu Ser Glu Gly Gly Leu Gly Gln Thr Leu
645 650 655

Ala Glu Leu Ala Ile His Gln Lys Lys Gly Met Asp Val Asp Leu Ser
660 665 670

Gln Ile His Pro Ser Leu Phe Thr Ser Leu Phe Ala Glu Ser Ala Ser
675 680 685

Arg Ile Val Val Ala Thr Asn Arg Gly Glu Glu Leu Glu Lys Arg Ala
690 695 700

Ala Glu Leu Gly Val Pro Val Phe Lys Leu Gly Cys Thr Asn Asp Ser
705 710 715 720

Ala Val Ile Ala Val Lys Gly Ala Asp Val Glu Phe Thr Val Ser Val
725 730 735

Glu Glu Leu Arg Glu Ala Trp Thr Asn Thr Leu Pro Glu Ala Phe Gly
740 745 750

His Ala Val Gly Ala Asn Ala Val Val Ala
755 760

<210> 913
<211> 638
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (54)..(638)
<223> FRXA02805

<400> 913
tgtgatggat cagctgcgtt tcgggtgcac tggacaaccc agacaccag cgt gtg ttt 59
Val Phe

1

cct ggc gtt gtt gac ggc att tcc cat tac ggc aac tgc ctc ggc ctg 107
Pro Gly Val Val Asp Gly Ile Ser His Tyr Gly Asn Cys Leu Gly Leu

5 10 15

cca aac atc ggt ggc gaa acc gtc ttc gac gat tcc tac gca ggt aac 155
Pro Asn Ile Gly Gly Glu Thr Val Phe Asp Asp Ser Tyr Ala Gly Asn

20 25 30

cca ctg gtc aac gca ctg tgc gtg ggt acc ctc aag gtg gaa gac ctc 203
Pro Leu Val Asn Ala Leu Cys Val Gly Thr Leu Lys Val Glu Asp Leu

35 40 45 50

aag ctt gca ttc gca tcc ggc acc ggc aac aag gtg atc ctg ttc ggt 251
Lys Leu Ala Phe Ala Ser Gly Thr Gly Asn Lys Val Ile Leu Phe Gly

55 60 65

tcc cgc acc ggc ctt gat ggc atc ggt ggc gtg tcc gtc ctg ggt tcc 299
Ser Arg Thr Gly Leu Asp Gly Ile Gly Gly Val Ser Val Leu Gly Ser

70 75 80

gca tcc ttc gaa gaa ggc gaa gag cgc aag ctc cca gct gtt cag gtt 347
Ala Ser Phe Glu Glu Gly Glu Glu Arg Lys Leu Pro Ala Val Gln Val

85 90 95

ggc gat cct ttc gca gag aag gta ctc atc gag tgc tgc ctc gag ctg 395
Gly Asp Pro Phe Ala Glu Lys Val Leu Ile Glu Cys Cys Leu Glu Leu

100 105 110

tac aag gct ggc gtc gtg gtc ggt att cag gac ctc ggt ggc ggc gga 443
Tyr Lys Ala Gly Val Val Val Gly Ile Gln Asp Leu Gly Gly Gly Gly

115 120 125 130

ctt gcg tgt gca acc tct gag ctg gca gcc gca ggc gac ggc ggc atg 491
Leu Ala Cys Ala Thr Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gly Asp Gly Gly Met

135 140 145

cgc gtc aac cta gac aac gtc cca ctg cgc gca gag aac atg tct gca 539
Arg Val Asn Leu Asp Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met Ser Ala

150 155 160

gct gaa atc ctg gct tcc gag tcc cag gag cgc atg tgt gct gtt gtc 587
Ala Glu Ile Leu Ala Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala Val Val

165 170 175

acc cct gaa aac gtt gag cgt ttc ctc gag atc tgt gca aag tgg gat 635
Thr Pro Glu Asn Val Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys Trp Asp

180 185 190

gtc 638
Val

195

<210> 914

<211> 195

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 914

Val Phe Pro Gly Val Val Asp Gly Ile Ser His Tyr Gly Asn Cys Leu

1 5 10 15

Gly Leu Pro Asn Ile Gly Gly Glu Thr Val Phe Asp Asp Ser Tyr Ala

20 25 30

Gly Asn Pro Leu Val Asn Ala Leu Cys Val Gly Thr Leu Lys Val Glu
35 40 45

Asp Leu Lys Leu Ala Phe Ala Ser Gly Thr Gly Asn Lys Val Ile Leu
50 55 60

Phe Gly Ser Arg Thr Gly Leu Asp Gly Ile Gly Gly Val Ser Val Leu
65 70 75 80

Gly Ser Ala Ser Phe Glu Glu Gly Glu Glu Arg Lys Leu Pro Ala Val
85 90 95

Gln Val Gly Asp Pro Phe Ala Glu Lys Val Leu Ile Glu Cys Cys Leu
100 105 110

Glu Leu Tyr Lys Ala Gly Val Val Val Gly Ile Gln Asp Leu Gly Gly
115 120 125

Gly Gly Leu Ala Cys Ala Thr Ser Glu Leu Ala Ala Ala Gly Asp Gly
130 135 140

Gly Met Arg Val Asn Leu Asp Asn Val Pro Leu Arg Ala Glu Asn Met
145 150 155 160

Ser Ala Ala Glu Ile Leu Ala Ser Glu Ser Gln Glu Arg Met Cys Ala
165 170 175

Val Val Thr Pro Glu Asn Val Glu Arg Phe Leu Glu Ile Cys Ala Lys
180 185 190

Trp Asp Val
195

<210> 915

<211> 697

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (23)..(697)

<223> FRXA00537

<220>

<221> misc_feature

<222> 120

<223> n = a, c, t, or g

<220>

<221> VARIANT

<222> 33

<223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser

<400> 915

caacagcact tgcacccgc gc gtg tat cac cga gca gta ctg aac gct acg 52
Val Tyr His Arg Ala Val Leu Asn Ala Thr

1 5 10

tcc gcg gca aca ccg ttc aag caa aag aac gcc aat gct ggc gtc ttg 100
Ser Ala Ala Thr Pro Phe Lys Gln Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu

15 20 25

cgt atc gac gaa gag acc anc cgt ggc gtt gcg atc tcc gcc gac gca 148
Arg Ile Asp Glu Glu Thr Xaa Arg Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala

30 35 40

tcc ggc cgt tac acc aag ctc gag cca aac act ggc gcg cag ctt gca 196
Ser Gly Arg Tyr Thr Lys Leu Glu Pro Asn Thr Gly Ala Gln Leu Ala

45 50 55

ctg gct gag gct tac cgc aac gtg gtc tcc acc ggt gca cgc cca gtg 244
Leu Ala Glu Ala Tyr Arg Asn Val Val Ser Thr Gly Ala Arg Pro Val

60 65 70

gct gtc acc aac tgc ctg aac ttc ggt tcc cca gaa aac gct ggt gtt 292
Ala Val Thr Asn Cys Leu Asn Phe Gly Ser Pro Glu Asn Ala Gly Val

75 80 85 90

atg tgg cag ttc aag gaa gca gtc cac ggt ctg gca gac gga tcc aag 340
Met Trp Gln Phe Lys Glu Ala Val His Gly Leu Ala Asp Gly Ser Lys

95 100 105

ctt ttg ggc att cca gtg tcc ggc ggt aac gtc tcc ttc tac aac cag 388
Leu Leu Gly Ile Pro Val Ser Gly Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln

110 115 120

act ggt gac gag ccc atc ctg cca acc cca gtc gtg ggt gtt ttg gga 436
Thr Gly Asp Glu Pro Ile Leu Pro Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly

125 130 135

gtc ttg gac aac gtc gag cag agc atc ggc aac gtc ctc cca tcc gag 484
Val Leu Asp Asn Val Glu Gln Ser Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu

140 145 150

gac aac gat ctc tac ctc ctg ggt gag acc ttc gat gag ttc ggt ggc 532
Asp Asn Asp Leu Tyr Leu Leu Gly Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly

155 160 165 170

tcc atc tgg cag cag gtt tct ggc gct ggc ctc aac ggt ctg cca cca 580
Ser Ile Trp Gln Gln Val Ser Gly Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro

175 180 185

gta gtt gac ctg ctc aac gag cag cgt ctt gca gac ctg ttc gtc ggt 628
Val Val Asp Leu Leu Asn Glu Gln Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly

190 195 200

tct gat ctg ttt gct gca tcc cac gat ctg tct gag ggc ggc ctt ggc 676
Ser Asp Leu Phe Ala Ala Ser His Asp Leu Ser Glu Gly Gly Leu Gly

205 210 215

cag acc ctc gca gag ctt gcg 697
Gln Thr Leu Ala Glu Leu Ala

220 225

<210> 916
<211> 225
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 33
<223> Xaa = Ile, Thr, Asn, or Ser

<400> 916
Val Tyr His Arg Ala Val Leu Asn Ala Thr Ser Ala Ala Thr Pro Phe

1	5	10	15
Lys Gln Lys Asn Ala Asn Ala Gly Val Leu Arg Ile Asp Glu Glu Thr	20	25	30
Xaa Arg Gly Val Ala Ile Ser Ala Asp Ala Ser Gly Arg Tyr Thr Lys	35	40	45
Leu Glu Pro Asn Thr Gly Ala Gln Leu Ala Leu Ala Glu Ala Tyr Arg	50	55	60
Asn Val Val Ser Thr Gly Ala Arg Pro Val Ala Val Thr Asn Cys Leu	65	70	75
Asn Phe Gly Ser Pro Glu Asn Ala Gly Val Met Trp Gln Phe Lys Glu	85	90	95
Ala Val His Gly Leu Ala Asp Gly Ser Lys Leu Leu Gly Ile Pro Val	100	105	110
Ser Gly Gly Asn Val Ser Phe Tyr Asn Gln Thr Gly Asp Glu Pro Ile	115	120	125
Leu Pro Thr Pro Val Val Gly Val Leu Gly Val Leu Asp Asn Val Glu	130	135	140
Gln Ser Ile Gly Asn Val Leu Pro Ser Glu Asp Asn Asp Leu Tyr Leu	145	150	155
Leu Gly Glu Thr Phe Asp Glu Phe Gly Gly Ser Ile Trp Gln Gln Val	165	170	175
Ser Gly Ala Gly Leu Asn Gly Leu Pro Pro Val Val Asp Leu Leu Asn	180	185	190
Glu Gln Arg Leu Ala Asp Leu Phe Val Gly Ser Asp Leu Phe Ala Ala	195	200	205
Ser His Asp Leu Ser Glu Gly Gly Leu Gly Gln Thr Leu Ala Glu Leu	210	215	220

Ala
225

<210> 917
<211> 302
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(279)
<223> FRXA00561

<400> 917
ctc ttc cca gat cca ccc atc cct gtt cac ctc act tgt ttg ctg agt 48
Leu Phe Pro Asp Pro Pro Ile Pro Val His Leu Thr Cys Leu Leu Ser

1 5 10 15

ccc gct tcc cgc atc gtg gtt gca acc aac cgc ggc gaa gag ttg gaa 96
Pro Ala Ser Arg Ile Val Val Ala Thr Asn Arg Gly Glu Glu Leu Glu

20 25 30

aag cgc gca gca gag ctg ggt gtt cca gtg ttc aag ctg ggc tgc acc 144
Lys Arg Ala Ala Glu Leu Gly Val Pro Val Phe Lys Leu Gly Cys Thr

35 40 45

aac gat tca gcc gtc atc gct gtc aag ggc gca gac gtt gag ttc act 192
Asn Asp Ser Ala Val Ile Ala Val Lys Gly Ala Asp Val Glu Phe Thr

50 55 60

gtt tcc gtg gag gaa ctc cgc gaa gca tgg acc aac act ttg cct gag 240
Val Ser Val Glu Glu Leu Arg Glu Ala Trp Thr Asn Thr Leu Pro Glu

65 70 75 80

gcc ttc ggt cac gca gtt gga gct aac gca gta gtt gca taattttctg 289
Ala Phe Gly His Ala Val Gly Ala Asn Ala Val Val Ala

85 90

ctgtgaagcc ggg 302

<210> 918
<211> 93

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 918

Leu Phe Pro Asp Pro Pro Ile Pro Val His Leu Thr Cys Leu Leu Ser
1 5 10 15

Pro Ala Ser Arg Ile Val Val Ala Thr Asn Arg Gly Glu Glu Leu Glu
20 25 30

Lys Arg Ala Ala Glu Leu Gly Val Pro Val Phe Lys Leu Gly Cys Thr
35 40 45

Asn Asp Ser Ala Val Ile Ala Val Lys Gly Ala Asp Val Glu Phe Thr
50 55 60

Val Ser Val Glu Glu Leu Arg Glu Ala Trp Thr Asn Thr Leu Pro Glu
65 70 75 80

Ala Phe Gly His Ala Val Gly Ala Asn Ala Val Val Ala
85 90

<210> 919

<211> 792

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(769)

<223> RXA00541

<400> 919

atgattccgt caccgaagct gacctaaaga aaattgctga aacctcctc gcaaacaccg 60

tcacgaaga cticgatgtg gtgggagttg aggtcgcgaa gtg agc gcc aaa atc 115
Val Ser Ala Lys Ile

1 5

ggt gtc att acc ttc cca ggc acc ctt gac gat gta gat gca gca cgc 163
Gly Val Ile Thr Phe Pro Gly Thr Leu Asp Asp Val Asp Ala Ala Arg

10 15 20

gct gct cgc atc gca ggt gca gaa gta atc agc ctg tgg cac gct gac	211
Ala Ala Arg Ile Ala Gly Ala Glu Val Ile Ser Leu Trp His Ala Asp	
25 30 35	
gag gat ctc aag ggc gtc gac gca gtt gtc gtt ccc ggt gga ttc tcc	259
Glu Asp Leu Lys Gly Val Asp Ala Val Val Val Pro Gly Gly Phe Ser	
40 45 50	
tac ggc gat tac ctg cgc acc ggt gca atc tct gca ctg gcg cca gta	307
Tyr Gly Asp Tyr Leu Arg Thr Gly Ala Ile Ser Ala Leu Ala Pro Val	
55 60 65	
atg cag tcc gtg att gag cag gcc ggt aag ggt atg cca gtc ttg ggc	355
Met Gln Ser Val Ile Glu Gln Ala Gly Lys Gly Met Pro Val Leu Gly	
70 75 80 85	
att tgc aac ggc ttc cag atc ctc acc gaa gca cgc ctg ctt cca ggc	403
Ile Cys Asn Gly Phe Gln Ile Leu Thr Glu Ala Arg Leu Leu Pro Gly	
90 95 100	
gcg ctg acc cgc aac aag ggt ctg cac ttt cac tgt gta gac gca cac	451
Ala Leu Thr Arg Asn Lys Gly Leu His Phe His Cys Val Asp Ala His	
105 110 115	
ctc gtt gta gag aac aac acc act gca tgg acc aac act ttg gaa aag	499
Leu Val Val Glu Asn Asn Thr Thr Ala Trp Thr Asn Thr Leu Glu Lys	
120 125 130	
ggt cag cag atc ctt att cct gca aag cac ggt gaa ggt cgc ttc cag	547
Gly Gln Gln Ile Leu Ile Pro Ala Lys His Gly Glu Gly Arg Phe Gln	
135 140 145	
gca gac gca gag acc atc gcc cag ctt gag ggt gaa ggc cgc gtg gtg	595
Ala Asp Ala Glu Thr Ile Ala Gln Leu Glu Gly Glu Gly Arg Val Val	
150 155 160 165	
ttc cgt tac acc gat aac ttc aac ggt tcc gtc aac gat atc gcc ggt	643
Phe Arg Tyr Thr Asp Asn Phe Asn Gly Ser Val Asn Asp Ile Ala Gly	
170 175 180	
atc act aat gaa act ggt cgc atc gtc ggt ctc atg ccg cac ccg gaa	691

Ile Thr Asn Glu Thr Gly Arg Ile Val Gly Leu Met Pro His Pro Glu

185 190 195

cat gcc gtc gaa aag cta acc ggc cca tct att gat ggc ctg gag ctg 739
His Ala Val Glu Lys Leu Thr Gly Pro Ser Ile Asp Gly Leu Glu Leu

200 205 210

ttc ctg tcc gcc gtt ggc acc atc gcg gct taagaggagt aaatatgagc 789
Phe Leu Ser Ala Val Gly Thr Ile Ala Ala

215 220

act 792

<210> 920

<211> 223

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 920

Val Ser Ala Lys Ile Gly Val Ile Thr Phe Pro Gly Thr Leu Asp Asp
1 5 10 15

Val Asp Ala Ala Arg Ala Ala Arg Ile Ala Gly Ala Glu Val Ile Ser
20 25 30

Leu Trp His Ala Asp Glu Asp Leu Lys Gly Val Asp Ala Val Val Val
35 40 45

Pro Gly Gly Phe Ser Tyr Gly Asp Tyr Leu Arg Thr Gly Ala Ile Ser
50 55 60

Ala Leu Ala Pro Val Met Gln Ser Val Ile Glu Gln Ala Gly Lys Gly
65 70 75 80

Met Pro Val Leu Gly Ile Cys Asn Gly Phe Gln Ile Leu Thr Glu Ala
85 90 95

Arg Leu Leu Pro Gly Ala Leu Thr Arg Asn Lys Gly Leu His Phe His
100 105 110

Cys Val Asp Ala His Leu Val Val Glu Asn Asn Thr Thr Ala Trp Thr

	115		120		125	
Asn Thr Leu Glu Lys Gly Gln Gln Ile Leu Ile Pro Ala Lys His Gly						
130			135		140	
Glu Gly Arg Phe Gln Ala Asp Ala Glu Thr Ile Ala Gln Leu Glu Gly						
145			150		155	160
Glu Gly Arg Val Val Phe Arg Tyr Thr Asp Asn Phe Asn Gly Ser Val						
		165		170		175
Asn Asp Ile Ala Gly Ile Thr Asn Glu Thr Gly Arg Ile Val Gly Leu						
	180		185		190	
Met Pro His Pro Glu His Ala Val Glu Lys Leu Thr Gly Pro Ser Ile						
	195		200		205	
Asp Gly Leu Glu Leu Phe Leu Ser Ala Val Gly Thr Ile Ala Ala						
210			215		220	
<210>	921					
<211>	1014					
<212>	DNA					
<213>	Corynebacterium glutamicum					
<220>						
<221>	CDS					
<222>	(101)..(991)					
<223>	RXA00620					
<400>	921					
ggtgatccat gtcaggaagc cagcggtgaa accggcagtg aaaccagcgg tgaatgctaa	60					
aattttccga acacaccgga ggggtctaga ctgcctaac atg cgt cct gaa ctc	115					
	Met Arg Pro Glu Leu					
	1					5
tcc cag tac aag cac ctg tcg gca ggc aag gtc cgt gag atc tac gag	163					
Ser Gln Tyr Lys His Leu Ser Ala Gly Lys Val Arg Glu Ile Tyr Glu						
	10		15		20	
atc gac gac aag cac atc ctc atg gtg gct tcc gat cgt atc tct gca	211					

Ile Asp Asp Lys His Ile Leu Met Val Ala Ser Asp Arg Ile Ser Ala	
25	30
35	
tac gat ttc atc ctc gat acc gaa att cca gac aag ggt cga gtg etc	259
Tyr Asp Phe Ile Leu Asp Thr Glu Ile Pro Asp Lys Gly Arg Val Leu	
40	45
50	
act gcg atg agc cag ttc ttc ttc gac acc atc gat ttt cct aat cac	307
Thr Ala Met Ser Gln Phe Phe Phe Asp Thr Ile Asp Phe Pro Asn His	
55	60
65	
ctt gca ggt ccc gct gat gat cca cgt atc cca gaa gaa gtt ttg gga	355
Leu Ala Gly Pro Ala Asp Asp Pro Arg Ile Pro Glu Glu Val Leu Gly	
70	75
80	85
cga gca atg gtg tgc aag aag ctc aac atg ctt cct ttt gaa tgc gtg	403
Arg Ala Met Val Cys Lys Lys Leu Asn Met Leu Pro Phe Glu Cys Val	
90	95
100	
gtt cgt gga tac ctc act ggc tct gga ctt gtt gaa tac aag cag acc	451
Val Arg Gly Tyr Leu Thr Gly Ser Gly Leu Val Glu Tyr Lys Gln Thr	
105	110
115	
agc tcc gtg tgt gga gtt gag ctc cca gaa ggc ctc gtt gaa tct tct	499
Ser Ser Val Cys Gly Val Glu Leu Pro Glu Gly Leu Val Glu Ser Ser	
120	125
130	
cag ctg cct gag cca atc ttt acc cca gcc acc aag gct gac atc ggc	547
Gln Leu Pro Glu Pro Ile Phe Thr Pro Ala Thr Lys Ala Asp Ile Gly	
135	140
145	
gac cac gac atc aat gtc tcc ttt gac gtt gtt gaa gaa cgt ctc ggc	595
Asp His Asp Ile Asn Val Ser Phe Asp Val Val Glu Glu Arg Leu Gly	
150	155
160	165
gaa gct cgt gcg aac cag ttg cgc gat gcc tct att gct att tac aag	643
Glu Ala Arg Ala Asn Gln Leu Arg Asp Ala Ser Ile Ala Ile Tyr Lys	
170	175
180	
gct gct gct gag atc gcc cgt gac cgt ggc gtc atc ctt gcc gac acc	691

Ala Ala Ala Glu Ile Ala Arg Asp Arg Gly Val Ile Leu Ala Asp Thr

185 190 195

aaa ttt gag ttc ggc atc gat gaa gat ggc acc ctc gtg ctt ggt gat 739
Lys Phe Glu Phe Gly Ile Asp Glu Asp Gly Thr Leu Val Leu Gly Asp

200 205 210

gaa gtc ctt acc cca gat tcc tcc cgc tac tgg cct ttg gaa ggc tat 787
Glu Val Leu Thr Pro Asp Ser Ser Arg Tyr Trp Pro Leu Glu Gly Tyr

215 220 225

gaa gca gga tct gtg caa cca agc ttt gat aag caa ttc gtg cgc aac 835
Glu Ala Gly Ser Val Gln Pro Ser Phe Asp Lys Gln Phe Val Arg Asn

230 235 240 245

tgg ctc acc ggc cct aaa tct ggc tgg gac aag gat tcc ggc ttg gag 883
Trp Leu Thr Gly Pro Lys Ser Gly Trp Asp Lys Asp Ser Gly Leu Glu

250 255 260

cca cca gct ctg cca ggt tcc gtt gtt gag gca acc cgc gag cgc tac 931
Pro Pro Ala Leu Pro Gly Ser Val Val Glu Ala Thr Arg Glu Arg Tyr

265 270 275

atc gag gcc tac gag ctg att tct ggt cag aag ttc tgc cag tgg att 979
Ile Glu Ala Tyr Glu Leu Ile Ser Gly Gln Lys Phe Cys Gln Trp Ile

280 285 290

ggt tct tgc gtc taagctgctt gattttccct aaa 1014
Gly Ser Cys Val

295

<210> 922

<211> 297

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 922

Met Arg Pro Glu Leu Ser Gln Tyr Lys His Leu Ser Ala Gly Lys Val

1 5 10 15

Arg Glu Ile Tyr Glu Ile Asp Asp Lys His Ile Leu Met Val Ala Ser
20 25 30

Asp Arg Ile Ser Ala Tyr Asp Phe Ile Leu Asp Thr Glu Ile Pro Asp
35 40 45

Lys Gly Arg Val Leu Thr Ala Met Ser Gln Phe Phe Phe Asp Thr Ile
50 55 60

Asp Phe Pro Asn His Leu Ala Gly Pro Ala Asp Asp Pro Arg Ile Pro
65 70 75 80

Glu Glu Val Leu Gly Arg Ala Met Val Cys Lys Lys Leu Asn Met Leu
85 90 95

Pro Phe Glu Cys Val Val Arg Gly Tyr Leu Thr Gly Ser Gly Leu Val
100 105 110

Glu Tyr Lys Gln Thr Ser Ser Val Cys Gly Val Glu Leu Pro Glu Gly
115 120 125

Leu Val Glu Ser Ser Gln Leu Pro Glu Pro Ile Phe Thr Pro Ala Thr
130 135 140

Lys Ala Asp Ile Gly Asp His Asp Ile Asn Val Ser Phe Asp Val Val
145 150 155 160

Glu Glu Arg Leu Gly Glu Ala Arg Ala Asn Gln Leu Arg Asp Ala Ser
165 170 175

Ile Ala Ile Tyr Lys Ala Ala Ala Glu Ile Ala Arg Asp Arg Gly Val
180 185 190

Ile Leu Ala Asp Thr Lys Phe Glu Phe Gly Ile Asp Glu Asp Gly Thr
195 200 205

Leu Val Leu Gly Asp Glu Val Leu Thr Pro Asp Ser Ser Arg Tyr Trp
210 215 220

Pro Leu Glu Gly Tyr Glu Ala Gly Ser Val Gln Pro Ser Phe Asp Lys
225 230 235 240

Gln Phe Val Arg Asn Trp Leu Thr Gly Pro Lys Ser Gly Trp Asp Lys
245 250 255

Asp Ser Gly Leu Glu Pro Pro Ala Leu Pro Gly Ser Val Val Glu Ala
260 265 270

Thr Arg Glu Arg Tyr Ile Glu Ala Tyr Glu Leu Ile Ser Gly Gln Lys
275 280 285

Phe Cys Gln Trp Ile Gly Ser Cys Val
290 295

<210> 923

<211> 1293

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1270)

<223> RXN00770

<400> 923

ccatgggtct gccacagga aacagcaacg cagacctagt ccgcaagatg caagcaaccg 60

cctcaagtta agatcggtag gcgatagggg ttgagcattt ttg ctc tcc ccg tat 115
Leu Leu Ser Pro Tyr

1 5

gcg tgg ggg ttg tcc cgc gca ctt tta gac agt tat gtt cct aat aag 163
Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala Leu Leu Asp Ser Tyr Val Pro Asn Lys

10 15 20

ttc caa acc cca gca gga gaa gcg aag tac acg atg agt gat cac cag 211
Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu Ala Lys Tyr Thr Met Ser Asp His Gln

25 30 35

gac acc acc gcc gaa ggc gtt tca tac gca gca gca gga gtc gac atc 259
Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ala Ala Gly Val Asp Ile

40 45 50

gaa gcc ggc gat cgt gcc gtc gaa ctc ttt gca cca atg gcc aag cgc 307

Glu	Ala	Gly	Asp	Arg	Ala	Val	Glu	Leu	Phe	Ala	Pro	Met	Ala	Lys	Arg		
55						60						65					
gcc	acc	cgc	cca	gag	gtt	ctt	ggc	aac	ctc	gga	ggc	ttc	gca	gga	ctc	355	
Ala	Thr	Arg	Pro	Glu	Val	Leu	Gly	Asn	Leu	Gly	Gly	Phe	Ala	Gly	Leu		
70						75						80			85		
ttt	gag	ctc	gga	aaa	tac	aag	aag	cca	atc	ctc	gca	gca	gga	tct	gac	403	
Phe	Glu	Leu	Gly	Lys	Tyr	Lys	Lys	Pro	Ile	Leu	Ala	Ala	Gly	Ser	Asp		
			90						95						100		
gga	gtc	ggc	acc	aag	ctt	gtc	atc	gcc	cag	atg	atg	gac	aag	cac	gac	451	
Gly	Val	Gly	Thr	Lys	Leu	Val	Ile	Ala	Gln	Met	Met	Asp	Lys	His	Asp		
			105						110						115		
acc	atc	ggc	atc	gac	ctt	gtt	gca	atg	tgt	gtg	gat	gac	ctc	gtt	gtc	499	
Thr	Ile	Gly	Ile	Asp	Leu	Val	Ala	Met	Cys	Val	Asp	Asp	Leu	Val	Val		
120						125						130					
acc	ggc	gca	gag	cca	ctg	ttc	ctc	cag	gac	tac	atc	gcc	atc	ggc	aag	547	
Thr	Gly	Ala	Glu	Pro	Leu	Phe	Leu	Gln	Asp	Tyr	Ile	Ala	Ile	Gly	Lys		
135						140						145					
gtt	gtc	cca	gag	cac	gtt	gct	gag	atc	gtc	tcc	ggc	atc	gca	gaa	ggc	595	
Val	Val	Pro	Glu	His	Val	Ala	Glu	Ile	Val	Ser	Gly	Ile	Ala	Glu	Gly		
150						155						160			165		
tgt	gtc	cag	gca	ggc	tgt	gct	ctg	ctc	ggc	ggc	gaa	acc	gca	gaa	cac	643	
Cys	Val	Gln	Ala	Gly	Cys	Ala	Leu	Leu	Gly	Gly	Glu	Thr	Ala	Glu	His		
			170						175						180		
cca	ggt	gtt	atg	gaa	cca	gac	cac	tac	gat	gtc	tcc	gca	act	gca	gtc	691	
Pro	Gly	Val	Met	Glu	Pro	Asp	His	Tyr	Asp	Val	Ser	Ala	Thr	Ala	Val		
			185						190						195		
ggc	gtt	gtc	gaa	gca	gat	gaa	ctg	cta	gga	cca	gac	cgc	gtc	cgc	gca	739	
Gly	Val	Val	Glu	Ala	Asp	Glu	Leu	Leu	Gly	Pro	Asp	Arg	Val	Arg	Ala		
200						205						210					
ggc	gac	gtc	ctc	atc	ggc	atg	gct	tcc	tcc	ggc	ctg	cac	tcc	aac	ggt	787	

Gly Asp Val Leu Ile Gly Met Ala Ser Ser Gly Leu His Ser Asn Gly
215 220 225

tac tcc ctg gct cgc cac gtc ctc ctg gaa aag gca ggc ctg gcg ctt 835
Tyr Ser Leu Ala Arg His Val Leu Leu Glu Lys Ala Gly Leu Ala Leu

230 235 240 245

gac gga cac atc gaa gaa ctc gga cgc acc ctc ggt gaa gaa ctt ctc 883
Asp Gly His Ile Glu Glu Leu Gly Arg Thr Leu Gly Glu Glu Leu Leu

250 255 260

gag cca acc cgc atc tac gcc aag gac tgc ctg gca ctg atc gca gag 931
Glu Pro Thr Arg Ile Tyr Ala Lys Asp Cys Leu Ala Leu Ile Ala Glu

265 270 275

tgc gaa gtt cac acc ttc tgc cac gtc acc ggc ggc ggc ctc gca ggc 979
Cys Glu Val His Thr Phe Cys His Val Thr Gly Gly Gly Leu Ala Gly

280 285 290

aac ctc gag cgg gtt gtc cca gaa ggg ctc gtc gca gaa atg tcc cga 1027
Asn Leu Glu Arg Val Val Pro Glu Gly Leu Val Ala Glu Met Ser Arg

295 300 305

gca act tgg acc cca ggc caa atc ttc cgc acc atc tcc tct gtg ggc 1075
Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile Phe Arg Thr Ile Ser Ser Val Gly

310 315 320 325

aag gtt tcc cgc gaa gaa atg gaa aag acc ttc aac atg ggt gtc ggc 1123
Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu Lys Thr Phe Asn Met Gly Val Gly

330 335 340

atg gtt gca gtc gtt gct gaa aag gac cgc gac cgc gcc ctg gca atg 1171
Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys Asp Arg Asp Arg Ala Leu Ala Met

345 350 355

ctc acc gca cgt cac att gac tgc tgg gaa atc gga acc gta cgc aac 1219
Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys Trp Glu Ile Gly Thr Val Arg Asn

360 365 370

ggt gaa gag gga gag cct cgc gtg atc ctc aac ggc gag cac cct ggc 1267

Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val Ile Leu Asn Gly Glu His Pro Gly

375

380

385

tac taagcccaac tgtctgctct aag

1293

Tyr

390

<210> 924

<211> 390

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 924

Leu Leu Ser Pro Tyr Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala Leu Leu Asp Ser

1

5

10

15

Tyr Val Pro Asn Lys Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu Ala Lys Tyr Thr

20

25

30

Met Ser Asp His Gln Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ala

35

40

45

Ala Gly Val Asp Ile Glu Ala Gly Asp Arg Ala Val Glu Leu Phe Ala

50

55

60

Pro Met Ala Lys Arg Ala Thr Arg Pro Glu Val Leu Gly Asn Leu Gly

65

70

75

80

Gly Phe Ala Gly Leu Phe Glu Leu Gly Lys Tyr Lys Lys Pro Ile Leu

85

90

95

Ala Ala Gly Ser Asp Gly Val Gly Thr Lys Leu Val Ile Ala Gln Met

100

105

110

Met Asp Lys His Asp Thr Ile Gly Ile Asp Leu Val Ala Met Cys Val

115

120

125

Asp Asp Leu Val Val Thr Gly Ala Glu Pro Leu Phe Leu Gln Asp Tyr

130

135

140

Ile Ala Ile Gly Lys Val Val Pro Glu His Val Ala Glu Ile Val Ser

145 150 155 160
 Gly Ile Ala Glu Gly Cys Val Gln Ala Gly Cys Ala Leu Leu Gly Gly
 165 170 175
 Glu Thr Ala Glu His Pro Gly Val Met Glu Pro Asp His Tyr Asp Val
 180 185 190
 Ser Ala Thr Ala Val Gly Val Val Glu Ala Asp Glu Leu Leu Gly Pro
 195 200 205
 Asp Arg Val Arg Ala Gly Asp Val Leu Ile Gly Met Ala Ser Ser Gly
 210 215 220
 Leu His Ser Asn Gly Tyr Ser Leu Ala Arg His Val Leu Leu Glu Lys
 225 230 235 240
 Ala Gly Leu Ala Leu Asp Gly His Ile Glu Glu Leu Gly Arg Thr Leu
 245 250 255
 Gly Glu Glu Leu Leu Glu Pro Thr Arg Ile Tyr Ala Lys Asp Cys Leu
 260 265 270
 Ala Leu Ile Ala Glu Cys Glu Val His Thr Phe Cys His Val Thr Gly
 275 280 285
 Gly Gly Leu Ala Gly Asn Leu Glu Arg Val Val Pro Glu Gly Leu Val
 290 295 300
 Ala Glu Met Ser Arg Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile Phe Arg Thr
 305 310 315 320
 Ile Ser Ser Val Gly Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu Lys Thr Phe
 325 330 335
 Asn Met Gly Val Gly Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys Asp Arg Asp
 340 345 350
 Arg Ala Leu Ala Met Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys Trp Glu Ile
 355 360 365
 Gly Thr Val Arg Asn Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val Ile Leu Asn

370 375 380

Gly Glu His Pro Gly Tyr
385 390

<210> 925
<211> 818
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (15)..(818)
<223> FRXA00557

<400> 925
tgggttgagc attt ttg ctc tcc ccg tat gcg tgg ggg ttg tcc cgc gca 50
Leu Leu Ser Pro Tyr Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala
1 5 10

ctt tta gac agt tat gtt cct aat aag ttc caa acc cca gca gga gaa 98
Leu Leu Asp Ser Tyr Val Pro Asn Lys Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu
15 20 25

gcg aag tac acg atg agt gat cac cag gac acc acc gcc gaa ggc gtt 146
Ala Lys Tyr Thr Met Ser Asp His Gln Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val
30 35 40

tca tac gca gca gca gga gtc gac atc gaa gcc ggc gat cgt gcc gtc 194
Ser Tyr Ala Ala Ala Gly Val Asp Ile Glu Ala Gly Asp Arg Ala Val
45 50 55 60

gaa ctc ttt gca cca atg gcc aag cgc gcc acc cgc cca gag gtt ctt 242
Glu Leu Phe Ala Pro Met Ala Lys Arg Ala Thr Arg Pro Glu Val Leu
65 70 75

ggc aac ctc gga ggc ttc gca gga ctc ttt gag ctc gga aaa tac aag 290
Gly Asn Leu Gly Gly Phe Ala Gly Leu Phe Glu Leu Gly Lys Tyr Lys
80 85 90

aag cca atc ctc gca gca gga tct gac gga gtc ggc acc aag ctt gtc 338
Lys Pro Ile Leu Ala Ala Gly Ser Asp Gly Val Gly Thr Lys Leu Val

95	100	105	
atc gcc cag atg atg gac aag cac gac acc atc ggc atc gac ctt gtt 386			
Ile Ala Gln Met Met Asp Lys His Asp Thr Ile Gly Ile Asp Leu Val			
110	115	120	
gca atg tgt gtg gat gac ctc gtt gtc acc ggc gca gag cca ctg ttc 434			
Ala Met Cys Val Asp Asp Leu Val Val Thr Gly Ala Glu Pro Leu Phe			
125	130	135	140
ctc cag gac tac atc gcc atc ggc aag gtt gtc cca gag cac gtt gct 482			
Leu Gln Asp Tyr Ile Ala Ile Gly Lys Val Val Pro Glu His Val Ala			
145	150	155	
gag atc gtc tcc ggt atc gca gaa ggc tgt gtc cag gca ggc tgt gct 530			
Glu Ile Val Ser Gly Ile Ala Glu Gly Cys Val Gln Ala Gly Cys Ala			
160	165	170	
ctg ctc ggt ggc gaa acc gca gaa cac cca ggt gtt atg gaa cca gac 578			
Leu Leu Gly Gly Glu Thr Ala Glu His Pro Gly Val Met Glu Pro Asp			
175	180	185	
cac tac gat gtc tcc gca act gca gtc ggc gtt gtc gaa gca gat gaa 626			
His Tyr Asp Val Ser Ala Thr Ala Val Gly Val Val Glu Ala Asp Glu			
190	195	200	
ctg cta gga cca gac cgc gtc cgc gca ggc gac gtc ctc atc ggc atg 674			
Leu Leu Gly Pro Asp Arg Val Arg Ala Gly Asp Val Leu Ile Gly Met			
205	210	215	220
gct tcc tcc ggt ctg cac tcc aac ggt tac tcc ctg gct cgc cac gtc 722			
Ala Ser Ser Gly Leu His Ser Asn Gly Tyr Ser Leu Ala Arg His Val			
225	230	235	
ctc ctg gaa aag gca ggc ctg gcg ctt gac gga cac atc gaa gaa ctc 770			
Leu Leu Glu Lys Ala Gly Leu Ala Leu Asp Gly His Ile Glu Glu Leu			
240	245	250	
gga cgc acc ccc ggt gaa gaa ctt ctc gag cca acc cgc atg tac gcc 818			
Gly Arg Thr Pro Gly Glu Glu Leu Leu Glu Pro Thr Arg Met Tyr Ala			

255

260

265

<210> 926

<211> 268

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 926

Leu Leu Ser Pro Tyr Ala Trp Gly Leu Ser Arg Ala Leu Leu Asp Ser
1 5 10 15

Tyr Val Pro Asn Lys Phe Gln Thr Pro Ala Gly Glu Ala Lys Tyr Thr
20 25 30

Met Ser Asp His Gln Asp Thr Thr Ala Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ala
35 40 45

Ala Gly Val Asp Ile Glu Ala Gly Asp Arg Ala Val Glu Leu Phe Ala
50 55 60

Pro Met Ala Lys Arg Ala Thr Arg Pro Glu Val Leu Gly Asn Leu Gly
65 70 75 80

Gly Phe Ala Gly Leu Phe Glu Leu Gly Lys Tyr Lys Lys Pro Ile Leu
85 90 95

Ala Ala Gly Ser Asp Gly Val Gly Thr Lys Leu Val Ile Ala Gln Met
100 105 110

Met Asp Lys His Asp Thr Ile Gly Ile Asp Leu Val Ala Met Cys Val
115 120 125

Asp Asp Leu Val Val Thr Gly Ala Glu Pro Leu Phe Leu Gln Asp Tyr
130 135 140

Ile Ala Ile Gly Lys Val Val Pro Glu His Val Ala Glu Ile Val Ser
145 150 155 160

Gly Ile Ala Glu Gly Cys Val Gln Ala Gly Cys Ala Leu Leu Gly Gly
165 170 175

Glu Thr Ala Glu His Pro Gly Val Met Glu Pro Asp His Tyr Asp Val

180	185	190	
Ser Ala Thr Ala Val Gly Val Val Glu Ala Asp Glu Leu Leu Gly Pro			
195	200	205	
Asp Arg Val Arg Ala Gly Asp Val Leu Ile Gly Met Ala Ser Ser Gly			
210	215	220	
Leu His Ser Asn Gly Tyr Ser Leu Ala Arg His Val Leu Leu Glu Lys			
225	230	235	240
Ala Gly Leu Ala Leu Asp Gly His Ile Glu Glu Leu Gly Arg Thr Pro			
245	250	255	
Gly Glu Glu Leu Leu Glu Pro Thr Arg Met Tyr Ala			
260	265		
<210> 927			
<211> 338			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(315)			
<223> FRXA00770			
<400> 927			
gtc acc ggc ggc ggc ctc gca ggc aac ctc gag cgg gtt gtc cca gaa			48
Val Thr Gly Gly Gly Leu Ala Gly Asn Leu Glu Arg Val Val Pro Glu			
1	5	10	15
ggg ctc gtc gca gaa atg tcc cga gca act tgg acc cca ggc caa atc			
Gly Leu Val Ala Glu Met Ser Arg Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile			
20	25	30	
ttc cgc acc atc tcc tct gtg ggc aag gtt tcc cgc gaa gaa atg gaa			
Phe Arg Thr Ile Ser Ser Val Gly Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu			
35	40	45	
aag acc ttc aac atg ggt gtc ggc atg gtt gca gtc gtt gct gaa aag			
192			

Lys Thr Phe Asn Met Gly Val Gly Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys
50 55 60

gac cgc gac cgc gcc ctg gca atg ctc acc gca cgt cac att gac tgc 240
Asp Arg Asp Arg Ala Leu Ala Met Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys

65 70 75 80

tgg gaa atc gga acc gta cgc aac ggt gaa gag gga gag cct cgc gtg 288
Trp Glu Ile Gly Thr Val Arg Asn Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val

85 90 95

atc ctc aac ggc gag cac cct ggc tac taagcccaac tgtctgtctt 335
Ile Leu Asn Gly Glu His Pro Gly Tyr

100 105

aag 338

<210> 928
<211> 105
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 928
Val Thr Gly Gly Gly Leu Ala Gly Asn Leu Glu Arg Val Val Pro Glu
1 5 10 15

Gly Leu Val Ala Glu Met Ser Arg Ala Thr Trp Thr Pro Gly Gln Ile
20 25 30

Phe Arg Thr Ile Ser Ser Val Gly Lys Val Ser Arg Glu Glu Met Glu
35 40 45

Lys Thr Phe Asn Met Gly Val Gly Met Val Ala Val Val Ala Glu Lys
50 55 60

Asp Arg Asp Arg Ala Leu Ala Met Leu Thr Ala Arg His Ile Asp Cys
65 70 75 80

Trp Glu Ile Gly Thr Val Arg Asn Gly Glu Glu Gly Glu Pro Arg Val
85 90 95

Ile Leu Asn Gly Glu His Pro Gly Tyr

100

105

<210> 929
<211> 1320
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1297)
<223> RXN02345

<400> 929
accaccgacc ctatgtaac aaccagggttc ccaaggctcg aaaagtggaa gcgctgctca 60

aagatcttac attttgggtga aggcgttata gttaggactt gtg act tct aca gga 115
Val Thr Ser Thr Gly

1 5

aac caa gcc cac gct cca gga atg ccc atc gtc gca gta att ggt gac 163
Asn Gln Ala His Ala Pro Gly Met Pro Ile Val Ala Val Ile Gly Asp

10 15 20

ggc caa tta gcc cgc atg atg cag acc tcc gcc atc gaa ctc gga caa 211
Gly Gln Leu Ala Arg Met Met Gln Thr Ser Ala Ile Glu Leu Gly Gln

25 30 35

tca ctg cga gtt cta gct gga gcg ccg gat tcc tcc gca gct caa gta 259
Ser Leu Arg Val Leu Ala Gly Ala Pro Asp Ser Ser Ala Ala Gln Val

40 45 50

gct gct gat gtt gtt ctc ggc gat tac acc aac att gat gat ctg cgc 307
Ala Ala Asp Val Val Leu Gly Asp Tyr Thr Asn Ile Asp Asp Leu Arg

55 60 65

gtc gcc atc gaa ggc gcc gat gtg atg acc ttc gac cac gag cac gtc 355
Val Ala Ile Glu Gly Ala Asp Val Met Thr Phe Asp His Glu His Val

70 75 80 85

ccc aac gaa cac ctg cac caa ctc atc gca gaa ggc gtc aac gtt cag 403
Pro Asn Glu His Leu His Gln Leu Ile Ala Glu Gly Val Asn Val Gln

90 95 100

cca cgc cca gaa gcg ctg gtc aac gca caa gac aaa ctt gtc atg cgc 451
Pro Arg Pro Glu Ala Leu Val Asn Ala Gln Asp Lys Leu Val Met Arg

105 110 115

aag cgt cta cgt gaa ctc ggc gca cca gtc cca cca ttt gct gcc att 499
Lys Arg Leu Arg Glu Leu Gly Ala Pro Val Pro Pro Phe Ala Ala Ile

120 125 130

gaa tca gtc gaa gat gca gtg gga ttc ttc gaa gca gtt gat ggc caa 547
Glu Ser Val Glu Asp Ala Val Gly Phe Phe Glu Ala Val Asp Gly Gln

135 140 145

gtt tgc ctc aaa gca cgc cgt ggc gga tac gac ggc aag ggc gta tgg 595
Val Cys Leu Lys Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Asp Gly Lys Gly Val Trp

150 155 160 165

ttc cca gcc gat gta gca gag ctt cag tcg ctt gtg gca gag ctt ctc 643
Phe Pro Ala Asp Val Ala Glu Leu Gln Ser Leu Val Ala Glu Leu Leu

170 175 180

gac ggc ggc acc cca ctc atg gca gaa aag aaa gtt gcc ctc aac agg 691
Asp Gly Gly Thr Pro Leu Met Ala Glu Lys Lys Val Ala Leu Asn Arg

185 190 195

gaa ctg tcc gcc atg gtt gcc cgc acc cca agt gga gaa acc aaa gcg 739
Glu Leu Ser Ala Met Val Ala Arg Thr Pro Ser Gly Glu Thr Lys Ala

200 205 210

tgg cca gtc gta gaa tca gtg cag aag aac ggt gtg tgt gca gaa gca 787
Trp Pro Val Val Glu Ser Val Gln Lys Asn Gly Val Cys Ala Glu Ala

215 220 225

atc gct ccc gca cct gaa cta tcc gca gaa ctg cag gaa tcc acc aga 835
Ile Ala Pro Ala Pro Glu Leu Ser Ala Glu Leu Gln Glu Ser Thr Arg

230 235 240 245

gga ttg gcc cag aag atc gcc acg gaa ctc ggc gtc act ggt gtc ttg 883
Gly Leu Ala Gln Lys Ile Ala Thr Glu Leu Gly Val Thr Gly Val Leu

250 255 260

gca gtg gag ctt ttt gaa acc ctc gac caa aac ggg cag cca gag atc 931
Ala Val Glu Leu Phe Glu Thr Leu Asp Gln Asn Gly Gln Pro Glu Ile

265 270 275

ttt gtc aac gag ctc gcc atg cgt tca cac aac acc ggc cac tgg act 979
Phe Val Asn Glu Leu Ala Met Arg Ser His Asn Thr Gly His Trp Thr

280 285 290

caa gat ggc tgc gtg acc agc caa ttc gag cag cac ctc cgc gca gtc 1027
Gln Asp Gly Cys Val Thr Ser Gln Phe Glu Gln His Leu Arg Ala Val

295 300 305

ctc gac tac cca ctg ggt gct acc gac act ttg gct gat tac acc gtg 1075
Leu Asp Tyr Pro Leu Gly Ala Thr Asp Thr Leu Ala Asp Tyr Thr Val

310 315 320 325

atg gcc aac gtg ctc ggt gcc gac acc gac cca gag atg ccc atg gca 1123
Met Ala Asn Val Leu Gly Ala Asp Thr Asp Pro Glu Met Pro Met Ala

330 335 340

acc cgc atg gtg gaa gtg ggg cgc aag tac cca gat gcc aag att cac 1171
Thr Arg Met Val Glu Val Gly Arg Lys Tyr Pro Asp Ala Lys Ile His

345 350 355

ctc tac ggc aag gga cat cgc ccg gga cga aag att ggc cac gtc aac 1219
Leu Tyr Gly Lys Gly His Arg Pro Gly Arg Lys Ile Gly His Val Asn

360 365 370

atg gtg gga tcc gac ctt gaa aag acc cga gcc gaa gcc ctg gcc tgc 1267
Met Val Gly Ser Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ala Glu Ala Leu Ala Cys

375 380 385

gca tac ttc ctt gtc aac gct cgc tgg gat taggtctttt ctgagcgcta 1317
Ala Tyr Phe Leu Val Asn Ala Arg Trp Asp

390 395

gca 1320

<210> 930
 <211> 399
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 930

Val Thr Ser Thr Gly Asn Gln Ala His Ala Pro Gly Met Pro Ile Val
 1 5 10 15

Ala Val Ile Gly Asp Gly Gln Leu Ala Arg Met Met Gln Thr Ser Ala
 20 25 30

Ile Glu Leu Gly Gln Ser Leu Arg Val Leu Ala Gly Ala Pro Asp Ser
 35 40 45

Ser Ala Ala Gln Val Ala Ala Asp Val Val Leu Gly Asp Tyr Thr Asn
 50 55 60

Ile Asp Asp Leu Arg Val Ala Ile Glu Gly Ala Asp Val Met Thr Phe
 65 70 75 80

Asp His Glu His Val Pro Asn Glu His Leu His Gln Leu Ile Ala Glu
 85 90 95

Gly Val Asn Val Gln Pro Arg Pro Glu Ala Leu Val Asn Ala Gln Asp
 100 105 110

Lys Leu Val Met Arg Lys Arg Leu Arg Glu Leu Gly Ala Pro Val Pro
 115 120 125

Pro Phe Ala Ala Ile Glu Ser Val Glu Asp Ala Val Gly Phe Phe Glu
 130 135 140

Ala Val Asp Gly Gln Val Cys Leu Lys Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Asp
 145 150 155 160

Gly Lys Gly Val Trp Phe Pro Ala Asp Val Ala Glu Leu Gln Ser Leu
 165 170 175

Val Ala Glu Leu Leu Asp Gly Gly Thr Pro Leu Met Ala Glu Lys Lys
 180 185 190

Val Ala Leu Asn Arg Glu Leu Ser Ala Met Val Ala Arg Thr Pro Ser

195	200	205
Gly Glu Thr Lys Ala Trp Pro Val Val Glu Ser Val Gln Lys Asn Gly		
210	215	220
Val Cys Ala Glu Ala Ile Ala Pro Ala Pro Glu Leu Ser Ala Glu Leu		
225	230	235
Gln Glu Ser Thr Arg Gly Leu Ala Gln Lys Ile Ala Thr Glu Leu Gly		
	245	250
		255
Val Thr Gly Val Leu Ala Val Glu Leu Phe Glu Thr Leu Asp Gln Asn		
	260	265
		270
Gly Gln Pro Glu Ile Phe Val Asn Glu Leu Ala Met Arg Ser His Asn		
275	280	285
Thr Gly His Trp Thr Gln Asp Gly Cys Val Thr Ser Gln Phe Glu Gln		
290	295	300
His Leu Arg Ala Val Leu Asp Tyr Pro Leu Gly Ala Thr Asp Thr Leu		
305	310	315
		320
Ala Asp Tyr Thr Val Met Ala Asn Val Leu Gly Ala Asp Thr Asp Pro		
	325	330
		335
Glu Met Pro Met Ala Thr Arg Met Val Glu Val Gly Arg Lys Tyr Pro		
	340	345
		350
Asp Ala Lys Ile His Leu Tyr Gly Lys Gly His Arg Pro Gly Arg Lys		
355	360	365
Ile Gly His Val Asn Met Val Gly Ser Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ala		
370	375	380
Glu Ala Leu Ala Cys Ala Tyr Phe Leu Val Asn Ala Arg Trp Asp		
385	390	395

<210> 931
 <211> 833
 <212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(810)

<223> FRXA02345

<400> 931

ttt gct gcc att gaa tca gtc gaa gat gca gtg gga ttc ttc gaa gca 48
Phe Ala Ala Ile Glu Ser Val Glu Asp Ala Val Gly Phe Phe Glu Ala

1 5 10 15

gtt gat ggc caa gtt tgc ctc aaa gca cgc cgt ggc gga tac gac ggc 96
Val Asp Gly Gln Val Cys Leu Lys Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Asp Gly

20 25 30

aag ggc gta tgg ttc cca gcc gat gta gca gag ctt cag tcg ctt gtg 144
Lys Gly Val Trp Phe Pro Ala Asp Val Ala Glu Leu Gln Ser Leu Val

35 40 45

gca gag ctt ctc gac ggc ggc acc cca ctc atg gca gaa aag aaa gtt 192
Ala Glu Leu Leu Asp Gly Gly Thr Pro Leu Met Ala Glu Lys Lys Val

50 55 60

gcc ctc aac agg gaa ctg tcc gcc atg gtt gcc cgc acc cca agt gga 240
Ala Leu Asn Arg Glu Leu Ser Ala Met Val Ala Arg Thr Pro Ser Gly

65 70 75 80

gaa acc aaa cgc tgg cca gtc gta gaa tca gtg cag aag aac ggt gtg 288
Glu Thr Lys Ala Trp Pro Val Val Glu Ser Val Gln Lys Asn Gly Val

85 90 95

tgt gca gaa gca atc gct ccc gca cct gaa cta tcc gca gaa ctg cag 336
Cys Ala Glu Ala Ile Ala Pro Ala Pro Glu Leu Ser Ala Glu Leu Gln

100 105 110

gaa tcc acc aga gga ttg gcc cag aag atc gcc acg gaa ctc ggc gtc 384
Glu Ser Thr Arg Gly Leu Ala Gln Lys Ile Ala Thr Glu Leu Gly Val

115 120 125

act ggt gtc ttg gca gtg gag ctt ttt gaa acc ctc gac caa aac ggg 432

Thr Gly Val Leu Ala Val Glu Leu Phe Glu Thr Leu Asp Gln Asn Gly

130 135 140

cag cca gag atc ttt gtc aac gag ctc gcc atg cgt tca cac aac acc 480
Gln Pro Glu Ile Phe Val Asn Glu Leu Ala Met Arg Ser His Asn Thr

145 150 155 160

ggc cac tgg act caa gat ggc tgc gtg acc agc caa ttc gag cag cac 528
Gly His Trp Thr Gln Asp Gly Cys Val Thr Ser Gln Phe Glu Gln His

165 170 175

ctc cgc gca gtc ctc gac tac cca ctg ggt gct acc gac act ttg gct 576
Leu Arg Ala Val Leu Asp Tyr Pro Leu Gly Ala Thr Asp Thr Leu Ala

180 185 190

gat tac acc gtg atg gcc aac gtg ctc ggt gcc gac acc gac cca gag 624
Asp Tyr Thr Val Met Ala Asn Val Leu Gly Ala Asp Thr Asp Pro Glu

195 200 205

atg ccc atg gca acc cgc atg gtg gaa gtg ggg cgc aag tac cca gat 672
Met Pro Met Ala Thr Arg Met Val Glu Val Gly Arg Lys Tyr Pro Asp

210 215 220

gcc aag att cac ctc tac ggc aag gga cat cgc ccg gga cga aag att 720
Ala Lys Ile His Leu Tyr Gly Lys Gly His Arg Pro Gly Arg Lys Ile

225 230 235 240

ggc cac gtc aac atg gtg gga tcc gac ctt gaa aag acc cga gcc gaa 768
Gly His Val Asn Met Val Gly Ser Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ala Glu

245 250 255

gcc ctg gcc tgc gca tac ttc ctt gtc aac gct cgc tgg gat 810
Ala Leu Ala Cys Ala Tyr Phe Leu Val Asn Ala Arg Trp Asp

260 265 270

taggtctttt ctgagcgcta gca 833

<210> 932
<211> 270
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 932

Phe Ala Ala Ile Glu Ser Val Glu Asp Ala Val Gly Phe Phe Glu Ala
1 5 10 15

Val Asp Gly Gln Val Cys Leu Lys Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Asp Gly
20 25 30

Lys Gly Val Trp Phe Pro Ala Asp Val Ala Glu Leu Gln Ser Leu Val
35 40 45

Ala Glu Leu Leu Asp Gly Gly Thr Pro Leu Met Ala Glu Lys Lys Val
50 55 60

Ala Leu Asn Arg Glu Leu Ser Ala Met Val Ala Arg Thr Pro Ser Gly
65 70 75 80

Glu Thr Lys Ala Trp Pro Val Val Glu Ser Val Gln Lys Asn Gly Val
85 90 95

Cys Ala Glu Ala Ile Ala Pro Ala Pro Glu Leu Ser Ala Glu Leu Gln
100 105 110

Glu Ser Thr Arg Gly Leu Ala Gln Lys Ile Ala Thr Glu Leu Gly Val
115 120 125

Thr Gly Val Leu Ala Val Glu Leu Phe Glu Thr Leu Asp Gln Asn Gly
130 135 140

Gln Pro Glu Ile Phe Val Asn Glu Leu Ala Met Arg Ser His Asn Thr
145 150 155 160

Gly His Trp Thr Gln Asp Gly Cys Val Thr Ser Gln Phe Glu Gln His
165 170 175

Leu Arg Ala Val Leu Asp Tyr Pro Leu Gly Ala Thr Asp Thr Leu Ala
180 185 190

Asp Tyr Thr Val Met Ala Asn Val Leu Gly Ala Asp Thr Asp Pro Glu
195 200 205

Met Pro Met Ala Thr Arg Met Val Glu Val Gly Arg Lys Tyr Pro Asp
210 215 220

Ala Lys Ile His Leu Tyr Gly Lys Gly His Arg Pro Gly Arg Lys Ile
225 230 235 240

Gly His Val Asn Met Val Gly Ser Asp Leu Glu Lys Thr Arg Ala Glu
245 250 255

Ala Leu Ala Cys Ala Tyr Phe Leu Val Asn Ala Arg Trp Asp
260 265 270

<210> 933
<211> 618
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(595)
<223> RXN02350

<400> 933
aagcatttct ccaacacttt tgatggacag attaacgctt aaaaggcctg ttatagactg 60

ataaacgat acgtactttt cgcgcttaag gagaatttca gtg ggt cct cta gtt 115
Val Gly Pro Leu Val
1 5

ggt ttg atc atg ggt tcg gat tcg gat tgg gac act gta gcg cca gct 163
Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp Thr Val Ala Pro Ala
10 15 20

gca gag gta ctc gct gag ttt ggc att cct ttt gaa gtc gga gtt gtc 211
Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe Glu Val Gly Val Val
25 30 35

tct gca cac cgc acc cca gag aag atg ctc aac tac gca aag act gca 259
Ser Ala His Arg Thr Pro Glu Lys Met Leu Asn Tyr Ala Lys Thr Ala
40 45 50

cat gag cgc ggc atc aag acg atc atc gcg tgt gct ggc ggc gct gca 307

His Glu Arg Gly Ile Lys Thr Ile Ile Ala Cys Ala Gly Gly Ala Ala

55

60

65

cac ctg cca ggc atg gtg gct gca gca act cca ctt cca gtc atc ggt 355

His Leu Pro Gly Met Val Ala Ala Ala Thr Pro Leu Pro Val Ile Gly

70

75

80

85

gtt cca cgc gca ttg aag gat ctc gac ggt ttg gat tcc ttg ctg tcc 403

Val Pro Arg Ala Leu Lys Asp Leu Asp Gly Leu Asp Ser Leu Leu Ser

90

95

100

atc gtc cag atg cca ggc ggc gtt cca gtc gcc act gtc tcc atc ggt 451

Ile Val Gln Met Pro Gly Gly Val Pro Val Ala Thr Val Ser Ile Gly

105

110

115

ggc gcg aag aat gca ggc cta ctt gcc gtt cgt att ctc ggt gct ggt 499

Gly Ala Lys Asn Ala Gly Leu Leu Ala Val Arg Ile Leu Gly Ala Gly

120

125

130

gat cct tct ttg gtc acg aag atg gcc gat tac caa gag aat atg gcg 547

Asp Pro Ser Leu Val Thr Lys Met Ala Asp Tyr Gln Glu Asn Met Ala

135

140

145

aag gaa gtt gaa gcc aag gac gaa gca ctg aag aag cgc ttg ctc ggc 595

Lys Glu Val Glu Ala Lys Asp Glu Ala Leu Lys Lys Arg Leu Leu Gly

150

155

160

165

taatgaatcc gatcgtggtg ctg 618

<210> 934

<211> 165

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 934

Val Gly Pro Leu Val Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp

1

5

10

15

Thr Val Ala Pro Ala Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe

20

25

30

Glu Val Gly Val Val Ser Ala His Arg Thr Pro Glu Lys Met Leu Asn
35 40 45

Tyr Ala Lys Thr Ala His Glu Arg Gly Ile Lys Thr Ile Ile Ala Cys
50 55 60

Ala Gly Gly Ala Ala His Leu Pro Gly Met Val Ala Ala Ala Thr Pro
65 70 75 80

Leu Pro Val Ile Gly Val Pro Arg Ala Leu Lys Asp Leu Asp Gly Leu
85 90 95

Asp Ser Leu Leu Ser Ile Val Gln Met Pro Gly Gly Val Pro Val Ala
100 105 110

Thr Val Ser Ile Gly Gly Ala Lys Asn Ala Gly Leu Leu Ala Val Arg
115 120 125

Ile Leu Gly Ala Gly Asp Pro Ser Leu Val Thr Lys Met Ala Asp Tyr
130 135 140

Gln Glu Asn Met Ala Lys Glu Val Glu Ala Lys Asp Glu Ala Leu Lys
145 150 155 160

Lys Arg Leu Leu Gly
165

<210> 935

<211> 223

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(223)

<223> FRXA02346

<400> 935

aagcatttct ccaacacttt tgaaggacag attaacgctt aaaaggcctg ttatagactg 60

ataaacgat acgtaacttt cgcgttaag gagaatttca gtg ggt cct cta gtt 115
Val Gly Pro Leu Val

1 5

ggt ttg atc atg ggt tcg gat tcg gat tgg gac act gta gcg cca gct 163
Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp Thr Val Ala Pro Ala

10 15 20

gca gag gta ctc gct gag ttt ggc att cct ttt gaa gtc gga gtt gtc 211
Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe Glu Val Gly Val Val

25 30 35

tct gca cac cgc 223
Ser Ala His Arg

40

<210> 936
<211> 41
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 936
Val Gly Pro Leu Val Gly Leu Ile Met Gly Ser Asp Ser Asp Trp Asp
1 5 10 15

Thr Val Ala Pro Ala Ala Glu Val Leu Ala Glu Phe Gly Ile Pro Phe
20 25 30

Glu Val Gly Val Val Ser Ala His Arg
35 40

<210> 937
<211> 252
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (20)..(229)
<223> FRXA02350

<400> 937
atactaggat ctcgacggt ttg gat tcc ttg ctg tcc atc gtc cag atg cca 52
Leu Asp Ser Leu Leu Ser Ile Val Gln Met Pro

	1	5	10	
ggc ggc gtt cca gtc gcc act gtc tcc atc ggt ggc gcg aag aat gca				100
Gly Gly Val Pro Val Ala Thr Val Ser Ile Gly Gly Ala Lys Asn Ala				
	15	20	25	
ggc cta ctt gcc gtt cgt att ctc ggt gct ggt gat cct tct ttg gtc				148
Gly Leu Leu Ala Val Arg Ile Leu Gly Ala Gly Asp Pro Ser Leu Val				
	30	35	40	
acg aag atg gcc gat tac caa gag aat atg gcg aag gaa gtt gaa gcc				196
Thr Lys Met Ala Asp Tyr Gln Glu Asn Met Ala Lys Glu Val Glu Ala				
	45	50	55	
aag gac gaa gca ctg aag aag cgc ttg ctc ggc taatgaatcc gatcgtggtg				249
Lys Asp Glu Ala Leu Lys Lys Arg Leu Leu Gly				
	60	65	70	
ctg				252

<210> 938
 <211> 70
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 938
 Leu Asp Ser Leu Leu Ser Ile Val Gln Met Pro Gly Gly Val Pro Val
 1 5 10 15

Ala Thr Val Ser Ile Gly Gly Ala Lys Asn Ala Gly Leu Leu Ala Val
 20 25 30

Arg Ile Leu Gly Ala Gly Asp Pro Ser Leu Val Thr Lys Met Ala Asp
 35 40 45

Tyr Gln Glu Asn Met Ala Lys Glu Val Glu Ala Lys Asp Glu Ala Leu
 50 55 60

Lys Lys Arg Leu Leu Gly
 65 70

<210> 939
 <211> 999
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(976)
 <223> RXA01087

<400> 939
 ggcccttgga gagaactcgg ccccgaaaggt cttgcttcct accaagaaac ccaaaccatt 60

tatctctaata ccaaactgca cctatatata aggagtaaaa atg caa acc ctt gct 115
 Met Gln Thr Leu Ala

1 5

gct att gtt cgt gcc acg aag caa cct ttt gag atc acc acc att gat 163
 Ala Ile Val Arg Ala Thr Lys Gln Pro Phe Glu Ile Thr Thr Ile Asp

10 15 20

ctg gat gca cca cga cca gat gaa gtt caa atc cgt gtt att gct gcc 211
 Leu Asp Ala Pro Arg Pro Asp Glu Val Gln Ile Arg Val Ile Ala Ala

25 30 35

gga gtg cgc cac act gac gca att gtt cgt gat cag att tac cca act 259
 Gly Val Arg His Thr Asp Ala Ile Val Arg Asp Gln Ile Tyr Pro Thr

40 45 50

ttt ctt ccc gca gtt ttc ggc cac gaa ggc gcc gga gta gtt gtc gcc 307
 Phe Leu Pro Ala Val Phe Gly His Glu Gly Ala Gly Val Val Val Ala

55 60 65

gtg ggt tct gca gtc acc tcg gtg aaa cca gat gac aag gta gtg ctg 355
 Val Gly Ser Ala Val Thr Ser Val Lys Pro Asp Asp Lys Val Val Leu

70 75 80 85

gga ttc aac tct tgt ggc cag tgc ttg aag tgt ttg ggc ggt aag cct 403
 Gly Phe Asn Ser Cys Gly Gln Cys Leu Lys Cys Leu Gly Gly Lys Pro

90 95 100

gcg tac tgt gag aaa ttc tat gac cgc aac ttc gca tgc acc cgc gat 451

Ala Tyr Cys Glu Lys Phe Tyr Asp Arg Asn Phe Ala Cys Thr Arg Asp	
105	110
115	
gcc ggg cac act act ttg ttt acc cgt gca aca aaa gag cag gca gag	499
Ala Gly His Thr Thr Leu Phe Thr Arg Ala Thr Lys Glu Gln Ala Glu	
120	125
130	
gcc atc atc gac acc ctt gat gat gtt ttc tac gat gcg gat gcg ggt	547
Ala Ile Ile Asp Thr Leu Asp Asp Val Phe Tyr Asp Ala Asp Ala Gly	
135	140
145	
ttc ctg gca tac cca gca act ccc cca gag gct tcg gga gta agc gtg	595
Phe Leu Ala Tyr Pro Ala Thr Pro Pro Glu Ala Ser Gly Val Ser Val	
150	155
160	165
ttg gtt gtc gcg gct ggt acc tct gat ctc ccc caa gca aag gaa gca	643
Leu Val Val Ala Ala Gly Thr Ser Asp Leu Pro Gln Ala Lys Glu Ala	
170	175
180	
cta cac act gcc tcc tac ttg ggg cgc tcc acc tca ctg att gtt gat	691
Leu His Thr Ala Ser Tyr Leu Gly Arg Ser Thr Ser Leu Ile Val Asp	
185	190
195	
ttt gga gtg gct ggc atc cac cgc ctg ctt tca tac gaa gaa gaa ctc	739
Phe Gly Val Ala Gly Ile His Arg Leu Leu Ser Tyr Glu Glu Glu Leu	
200	205
210	
cgc gct gcg ggc gtg ctc atc gtt gcc gct gga atg gat ggt gcg cta	787
Arg Ala Ala Gly Val Leu Ile Val Ala Ala Gly Met Asp Gly Ala Leu	
215	220
225	
ccc gga gtt gtc gca ggc tta gtg tcc gca cct gtc gtc gca ctg cca	835
Pro Gly Val Val Ala Gly Leu Val Ser Ala Pro Val Val Ala Leu Pro	
230	235
240	245
acc tcc gtg gga tac ggc gca ggt gct gga gga atc gca cca ctt ctg	883
Thr Ser Val Gly Tyr Gly Ala Gly Ala Gly Gly Ile Ala Pro Leu Leu	
250	255
260	
acc atg ctt aac gcc tgc gcg ccg gga gtt gga gtg gtc aac att gat	931

Thr Met Leu Asn Ala Cys Ala Pro Gly Val Gly Val Val Asn Ile Asp

265 270 275

aac ggc tat gga gca gga cac ctg gct gcg cag att gcg gcg agg 976
Asn Gly Tyr Gly Ala Gly His Leu Ala Ala Gln Ile Ala Ala Arg

280 285 290

taagggtttc gcaggagacg aac 999

<210> 940

<211> 292

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 940

Met Gln Thr Leu Ala Ala Ile Val Arg Ala Thr Lys Gln Pro Phe Glu
1 5 10 15

Ile Thr Thr Ile Asp Leu Asp Ala Pro Arg Pro Asp Glu Val Gln Ile
20 25 30

Arg Val Ile Ala Ala Gly Val Arg His Thr Asp Ala Ile Val Arg Asp
35 40 45

Gln Ile Tyr Pro Thr Phe Leu Pro Ala Val Phe Gly His Glu Gly Ala
50 55 60

Gly Val Val Val Ala Val Gly Ser Ala Val Thr Ser Val Lys Pro Asp
65 70 75 80

Asp Lys Val Val Leu Gly Phe Asn Ser Cys Gly Gln Cys Leu Lys Cys
85 90 95

Leu Gly Gly Lys Pro Ala Tyr Cys Glu Lys Phe Tyr Asp Arg Asn Phe
100 105 110

Ala Cys Thr Arg Asp Ala Gly His Thr Thr Leu Phe Thr Arg Ala Thr
115 120 125

Lys Glu Gln Ala Glu Ala Ile Ile Asp Thr Leu Asp Asp Val Phe Tyr
130 135 140

Asp Ala Asp Ala Gly Phe Leu Ala Tyr Pro Ala Thr Pro Pro Glu Ala
145 150 155 160

Ser Gly Val Ser Val Leu Val Val Ala Ala Gly Thr Ser Asp Leu Pro
165 170 175

Gln Ala Lys Glu Ala Leu His Thr Ala Ser Tyr Leu Gly Arg Ser Thr
180 185 190

Ser Leu Ile Val Asp Phe Gly Val Ala Gly Ile His Arg Leu Leu Ser
195 200 205

Tyr Glu Glu Glu Leu Arg Ala Ala Gly Val Leu Ile Val Ala Ala Gly
210 215 220

Met Asp Gly Ala Leu Pro Gly Val Val Ala Gly Leu Val Ser Ala Pro
225 230 235 240

Val Val Ala Leu Pro Thr Ser Val Gly Tyr Gly Ala Gly Ala Gly Gly
245 250 255

Ile Ala Pro Leu Leu Thr Met Leu Asn Ala Cys Ala Pro Gly Val Gly
260 265 270

Val Val Asn Ile Asp Asn Gly Tyr Gly Ala Gly His Leu Ala Ala Gln
275 280 285

Ile Ala Ala Arg
290

<210> 941
<211> 1551
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1528)
<223> RXA00619

<400> 941

tcaaaggaag acaccattga aggtgtgcgc aaaatcggag aattcatcaa aaaatagcag 60

cgactagggtt agtttcggtt cgtggggaat aataatttgc gtg gct gat aaa aag 115
Val Ala Asp Lys Lys

1 5

aag atc gca aac gtc ctg tcg aac cgt tac gcc tcc gcg gaa ctt tct 163
Lys Ile Ala Asn Val Leu Ser Asn Arg Tyr Ala Ser Ala Glu Leu Ser

10 15 20

aac ctg tgg agt gcc gaa gag aag atc atc atg gag cgc cag ctc tgg 211
Asn Leu Trp Ser Ala Glu Glu Lys Ile Ile Met Glu Arg Gln Leu Trp

25 30 35

atc gcc gtg atg aaa gcc cag aaa gat ttg gga gtt gag atc cct gcc 259
Ile Ala Val Met Lys Ala Gln Lys Asp Leu Gly Val Glu Ile Pro Ala

40 45 50

gag gca att gaa tcc tat gaa gca gtg atc gac cag gtt gat ttg gca 307
Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Glu Ala Val Ile Asp Gln Val Asp Leu Ala

55 60 65

agc atc gcc gat cgt gag cgc gtc acc cgc cac gat gtg aag gcc cgc 355
Ser Ile Ala Asp Arg Glu Arg Val Thr Arg His Asp Val Lys Ala Arg

70 75 80 85

atc gaa gaa ttc aat gca ctg gct ggc cat gag cac atc cac aag ggc 403
Ile Glu Glu Phe Asn Ala Leu Ala Gly His Glu His Ile His Lys Gly

90 95 100

atg acc tcc cgc gac ctc acc gaa aat gtt gaa cag ctg cag atc cac 451
Met Thr Ser Arg Asp Leu Thr Glu Asn Val Glu Gln Leu Gln Ile His

105 110 115

cgc tcc ctt gag ctg gtc cgc aac aag ggc att gca gtt gtt gca gct 499
Arg Ser Leu Glu Leu Val Arg Asn Lys Gly Ile Ala Val Val Ala Ala

120 125 130

atc gga tcc cgc gca gcg cag tac caa agc ctg gtc atg gct ggc cgt 547
Ile Gly Ser Arg Ala Ala Gln Tyr Gln Ser Leu Val Met Ala Gly Arg

135	140	145	
tcc cac aac gtg gca gcg cag gca act acc ttg ggc aag cgt ttc gca	595		
Ser His Asn Val Ala Ala Gln Ala Thr Thr Leu Gly Lys Arg Phe Ala			
150	155	160	165
acc gca gct gat gaa atg ctc gtg gca ctt gag cgc gtc acc gaa ctg	643		
Thr Ala Ala Asp Glu Met Leu Val Ala Leu Glu Arg Val Thr Glu Leu			
	170	175	180
ctc aac cgc tac cca ctt cgc gga atc aag ggc cca atg gga acc gcc	691		
Leu Asn Arg Tyr Pro Leu Arg Gly Ile Lys Gly Pro Met Gly Thr Ala			
	185	190	195
caa gac atg ctt gac ctc atg gaa ggc gac gag gct cgt ctc tcc gat	739		
Gln Asp Met Leu Asp Leu Met Glu Gly Asp Glu Ala Arg Leu Ser Asp			
	200	205	210
ctg gaa acc cgc atc gca gca cac ctc ggc ttt gat cgc gtc ttc gac	787		
Leu Glu Thr Arg Ile Ala Ala His Leu Gly Phe Asp Arg Val Phe Asp			
	215	220	225
tcc gtc ggc cag gtc tac cca cgt tcc ctt gac ttc gat gca gta tct	835		
Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp Phe Asp Ala Val Ser			
	230	235	240
gct ctg gtt cag ctt ggc tcc ggc cca tca tcg ctg tcc cac acc att	883		
Ala Leu Val Gln Leu Gly Ser Gly Pro Ser Ser Leu Ser His Thr Ile			
	250	255	260
cgt ctc atg gcc ggc acc gaa act gtt acc gaa ggt ttt aag gaa ggc	931		
Arg Leu Met Ala Gly Thr Glu Thr Val Thr Glu Gly Phe Lys Glu Gly			
	265	270	275
cag gtc ggt tcc tct gca atg cct cac aag atg aac gct cgc tcc tgt	979		
Gln Val Gly Ser Ser Ala Met Pro His Lys Met Asn Ala Arg Ser Cys			
	280	285	290
gag cgc gtg ggc ggc ctg cag gtt att ctt cgc gga tac ctc acc atg	1027		
Glu Arg Val Gly Gly Leu Gln Val Ile Leu Arg Gly Tyr Leu Thr Met			

295	300	305	
gtt gct gat ctt tcc ggc cag cag tgg aac gaa ggc gat gtc ttc tgc			1075
Val Ala Asp Leu Ser Gly Gln Gln Trp Asn Glu Gly Asp Val Phe Cys			
310	315	320	325
tcc gtg atc cgc cgc gtt gca ctg cca gac gca ttc ttc gcg att gac			1123
Ser Val Ile Arg Arg Val Ala Leu Pro Asp Ala Phe Phe Ala Ile Asp			
	330	335	340
gga atg ttt gaa act ttc ctg aca gtc ctg gat gaa ttc ggt gca ttc			1171
Gly Met Phe Glu Thr Phe Leu Thr Val Leu Asp Glu Phe Gly Ala Phe			
	345	350	355
cct gcc atg atc gag cgc gaa ctt gag cgt tac ctg cca ttc ctg gca			1219
Pro Ala Met Ile Glu Arg Glu Leu Glu Arg Tyr Leu Pro Phe Leu Ala			
	360	365	370
act acc cgt atc ctc atg gcc gct gtc cgc gca ggc gtt ggc cgc gaa			1267
Thr Thr Arg Ile Leu Met Ala Ala Val Arg Ala Gly Val Gly Arg Glu			
	375	380	385
acc gca cac gaa gta atc aag gaa aac gct gtc gcg gtt gcc ctc aac			1315
Thr Ala His Glu Val Ile Lys Glu Asn Ala Val Ala Val Ala Leu Asn			
390	395	400	405
atg cgc gaa aat ggc ggt gac cag gac ctt atc cag cgc ctc gct gct			1363
Met Arg Glu Asn Gly Gly Asp Gln Asp Leu Ile Gln Arg Leu Ala Ala			
	410	415	420
gat gag cgc ctc cca atg agc gaa gct gac ctt gag gca gcg ctg gct			1411
Asp Glu Arg Leu Pro Met Ser Glu Ala Asp Leu Glu Ala Ala Leu Ala			
	425	430	435
gac cgc cac gcc ttc atc ggt gcc gct gag tcc cag gtc tcc cgt gtg			1459
Asp Arg His Ala Phe Ile Gly Ala Ala Glu Ser Gln Val Ser Arg Val			
	440	445	450
ctc gac cgc att cag gtg ctt gtc gac gcc cac ccc ggc gcc gca gac			1507
Leu Asp Arg Ile Gln Val Leu Val Asp Ala His Pro Gly Ala Ala Asp			

455	460	465													
tac cga cca ggt gag att ctt taaaggtttt taacggcggtt cac			1551												
Tyr Arg Pro Gly Glu Ile Leu															
470	475														
<210> 942															
<211> 476															
<212> PRT															
<213> Corynebacterium glutamicum															
<400> 942															
Val	Ala	Asp	Lys	Lys	Lys	Ile	Ala	Asn	Val	Leu	Ser	Asn	Arg	Tyr	Ala
1				5					10					15	
Ser	Ala	Glu	Leu	Ser	Asn	Leu	Trp	Ser	Ala	Glu	Glu	Lys	Ile	Ile	Met
			20					25					30		
Glu	Arg	Gln	Leu	Trp	Ile	Ala	Val	Met	Lys	Ala	Gln	Lys	Asp	Leu	Gly
	35					40						45			
Val	Glu	Ile	Pro	Ala	Glu	Ala	Ile	Glu	Ser	Tyr	Glu	Ala	Val	Ile	Asp
	50					55					60				
Gln	Val	Asp	Leu	Ala	Ser	Ile	Ala	Asp	Arg	Glu	Arg	Val	Thr	Arg	His
65					70					75				80	
Asp	Val	Lys	Ala	Arg	Ile	Glu	Glu	Phe	Asn	Ala	Leu	Ala	Gly	His	Glu
				85					90					95	
His	Ile	His	Lys	Gly	Met	Thr	Ser	Arg	Asp	Leu	Thr	Glu	Asn	Val	Glu
			100					105					110		
Gln	Leu	Gln	Ile	His	Arg	Ser	Leu	Glu	Leu	Val	Arg	Asn	Lys	Gly	Ile
	115						120					125			
Ala	Val	Val	Ala	Ala	Ile	Gly	Ser	Arg	Ala	Ala	Gln	Tyr	Gln	Ser	Leu
	130					135					140				
Val	Met	Ala	Gly	Arg	Ser	His	Asn	Val	Ala	Ala	Gln	Ala	Thr	Thr	Leu
145					150				155						160

Gly Lys Arg Phe Ala Thr Ala Ala Asp Glu Met Leu Val Ala Leu Glu
165 170 175

Arg Val Thr Glu Leu Leu Asn Arg Tyr Pro Leu Arg Gly Ile Lys Gly
180 185 190

Pro Met Gly Thr Ala Gln Asp Met Leu Asp Leu Met Glu Gly Asp Glu
195 200 205

Ala Arg Leu Ser Asp Leu Glu Thr Arg Ile Ala Ala His Leu Gly Phe
210 215 220

Asp Arg Val Phe Asp Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp
225 230 235 240

Phe Asp Ala Val Ser Ala Leu Val Gln Leu Gly Ser Gly Pro Ser Ser
245 250 255

Leu Ser His Thr Ile Arg Leu Met Ala Gly Thr Glu Thr Val Thr Glu
260 265 270

Gly Phe Lys Glu Gly Gln Val Gly Ser Ser Ala Met Pro His Lys Met
275 280 285

Asn Ala Arg Ser Cys Glu Arg Val Gly Gly Leu Gln Val Ile Leu Arg
290 295 300

Gly Tyr Leu Thr Met Val Ala Asp Leu Ser Gly Gln Gln Trp Asn Glu
305 310 315 320

Gly Asp Val Phe Cys Ser Val Ile Arg Arg Val Ala Leu Pro Asp Ala
325 330 335

Phe Phe Ala Ile Asp Gly Met Phe Glu Thr Phe Leu Thr Val Leu Asp
340 345 350

Glu Phe Gly Ala Phe Pro Ala Met Ile Glu Arg Glu Leu Glu Arg Tyr
355 360 365

Leu Pro Phe Leu Ala Thr Thr Arg Ile Leu Met Ala Ala Val Arg Ala

370 375 380

Gly Val Gly Arg Glu Thr Ala His Glu Val Ile Lys Glu Asn Ala Val
385 390 395 400

Ala Val Ala Leu Asn Met Arg Glu Asn Gly Gly Asp Gln Asp Leu Ile
405 410 415

Gln Arg Leu Ala Ala Asp Glu Arg Leu Pro Met Ser Glu Ala Asp Leu
420 425 430

Glu Ala Ala Leu Ala Asp Arg His Ala Phe Ile Gly Ala Ala Glu Ser
435 440 445

Gln Val Ser Arg Val Leu Asp Arg Ile Gln Val Leu Val Asp Ala His
450 455 460

Pro Gly Ala Ala Asp Tyr Arg Pro Gly Glu Ile Leu
465 470 475

<210> 943
<211> 1683
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1660)
<223> RXA02622

<400> 943
atcaagcagg ttgagcgtaa actcattgta gaagtcctga acagcgtgga attttcgct 60

cagggtggcg tacaactcaa ctggagaggc taaatccttc atg agc gat gat cgt 115
Met Ser Asp Asp Arg

1 5

aag gca att aaa cgc gca cta att agc gtg tat gac aag act ggc ctg 163
Lys Ala Ile Lys Arg Ala Leu Ile Ser Val Tyr Asp Lys Thr Gly Leu

10 15 20

gag gat cta gcc cag gca ctt cac cgc gag aac gtg gaa att gtt tcc 211

Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu His Arg Glu Asn Val Glu Ile Val Ser	
25	30
35	
acc gga tcc act gcg gcg aag att gct gag ctt ggt att cct gtt acc	259
Thr Gly Ser Thr Ala Ala Lys Ile Ala Glu Leu Gly Ile Pro Val Thr	
40	45
50	
ccg gtt gag gag ctc acc ggt ttc cct gag tgc ctt gag ggc cgt gtg	307
Pro Val Glu Glu Leu Thr Gly Phe Pro Glu Cys Leu Glu Gly Arg Val	
55	60
65	
aag aca ctg cac cct aag gtt cac gct ggc atc ttg gcg gac acc cgc	355
Lys Thr Leu His Pro Lys Val His Ala Gly Ile Leu Ala Asp Thr Arg	
70	75
80	85
aag gaa gac cac ctg cgt cag ctc aag gaa ctt gag gtc gcc cca ttc	403
Lys Glu Asp His Leu Arg Gln Leu Lys Glu Leu Glu Val Ala Pro Phe	
90	95
100	
cag ctt gtc gtg gtg aac ctg tac cca ttt gct gag acc gtt gcg tcc	451
Gln Leu Val Val Val Asn Leu Tyr Pro Phe Ala Glu Thr Val Ala Ser	
105	110
115	
ggc gcc gat ttc gat gct tgc gtt gag cag atc gac atc gga ggc cca	499
Gly Ala Asp Phe Asp Ala Cys Val Glu Gln Ile Asp Ile Gly Gly Pro	
120	125
130	
tcc atg gtt cgt gct gcg gca aag aac cac cca tct gtc gct gtg gtt	547
Ser Met Val Arg Ala Ala Ala Lys Asn His Pro Ser Val Ala Val Val	
135	140
145	
gtt tca ccg aac cgc tac gag gat gtc cag gaa gct ttg aag acc ggt	595
Val Ser Pro Asn Arg Tyr Glu Asp Val Gln Glu Ala Leu Lys Thr Gly	
150	155
160	165
gga ttc tcc cgc gcg gag cgc acc aag ttg gct gct gag gct ttc cgc	643
Gly Phe Ser Arg Ala Glu Arg Thr Lys Leu Ala Ala Glu Ala Phe Arg	
170	175
180	
cac acc gca acc tac gat gtc acc gtt gca acc tgg atg agc gag cag	691

His Thr Ala Thr Tyr Asp Val Thr Val Ala Thr Trp Met Ser Glu Gln	
185	190
195	
ctg gct gcc gaa gat tct gag act gag ttc cca ggt tgg atc ggc acc	739
Leu Ala Ala Glu Asp Ser Glu Thr Glu Phe Pro Gly Trp Ile Gly Thr	
200	205
210	
acc aac acc ttg tcc cgc agc ttg cgt tac ggt gag aac cct cac cag	787
Thr Asn Thr Leu Ser Arg Ser Leu Arg Tyr Gly Glu Asn Pro His Gln	
215	220
225	
tct gca gct ttg tac gtg ggc aac acc cgc gga ctt gca cag gct aag	835
Ser Ala Ala Leu Tyr Val Gly Asn Thr Arg Gly Leu Ala Gln Ala Lys	
230	235
240	245
cag ttc cac ggc aag gaa atg agc tac aac aac tac acc gat tct gat	883
Gln Phe His Gly Lys Glu Met Ser Tyr Asn Asn Tyr Thr Asp Ser Asp	
250	255
260	
gct gca tgg cgt gca gcg tgg gat cac gag cgt cct tgt gta gct atc	931
Ala Ala Trp Arg Ala Ala Trp Asp His Glu Arg Pro Cys Val Ala Ile	
265	270
275	
atc aag cat gca aac cct tgt ggc att gct gtt tct gat gag tcc atc	979
Ile Lys His Ala Asn Pro Cys Gly Ile Ala Val Ser Asp Glu Ser Ile	
280	285
290	
gca gcg gca cac cgc gag gca cac gca tgt gac tct gtg tcc gca ttc	1027
Ala Ala Ala His Arg Glu Ala His Ala Cys Asp Ser Val Ser Ala Phe	
295	300
305	
ggt ggc gtc atc gcg tcc aac cgt gaa gtc agc gtt gag atg gct aac	1075
Gly Gly Val Ile Ala Ser Asn Arg Glu Val Ser Val Glu Met Ala Asn	
310	315
320	325
cag gtt gca gag atc ttc act gag gtc atc atc gct cct tcc tat gaa	1123
Gln Val Ala Glu Ile Phe Thr Glu Val Ile Ile Ala Pro Ser Tyr Glu	
330	335
340	
gag ggc gct gtg gag atc ctg agc cag aag aag aac atc cgt att ctt	1171

Glu Gly Ala Val Glu Ile Leu Ser Gln Lys Lys Asn Ile Arg Ile Leu
345 350 355

cag gct gaa gca cct gtg cgt aag ggc ttt gag tcc cgt gag atc tcc 1219
Gln Ala Glu Ala Pro Val Arg Lys Gly Phe Glu Ser Arg Glu Ile Ser

360 365 370

ggc ggt ctg ctt gtt cag gaa cgc gac ttg atc cac gct gag ggc gac 1267
Gly Gly Leu Leu Val Gln Glu Arg Asp Leu Ile His Ala Glu Gly Asp

375 380 385

aac tcc gca aac tgg act ctt gct gcc ggc tct gct gtt tct cct gag 1315
Asn Ser Ala Asn Trp Thr Leu Ala Ala Gly Ser Ala Val Ser Pro Glu

390 395 400 405

gtt ctg aag gac ctg gag ttc gcg tgg act gca gtt cgt tcc gtg aag 1363
Val Leu Lys Asp Leu Glu Phe Ala Trp Thr Ala Val Arg Ser Val Lys

410 415 420

tcc aac gca att ctg ttg gct aag aac ggc gct acc gtt ggc gtt ggc 1411
Ser Asn Ala Ile Leu Leu Ala Lys Asn Gly Ala Thr Val Gly Val Gly

425 430 435

atg gga cag gtc aac cgc gtt gac tct gct cgc ttg gct gtc gac cgt 1459
Met Gly Gln Val Asn Arg Val Asp Ser Ala Arg Leu Ala Val Asp Arg

440 445 450

gca ggt gca gag cgc gct acc ggt tcc gtt gct gct tcc gat gcg ttc 1507
Ala Gly Ala Glu Arg Ala Thr Gly Ser Val Ala Ala Ser Asp Ala Phe

455 460 465

ttc cca ttc gct gat ggc ttt gag gtt ctc gct gag gct ggc atc act 1555
Phe Pro Phe Ala Asp Gly Phe Glu Val Leu Ala Glu Ala Gly Ile Thr

470 475 480 485

gct gtt gtg cag cct ggt gga tcc att cgc gac aac gag gtc att gag 1603
Ala Val Val Gln Pro Gly Gly Ser Ile Arg Asp Asn Glu Val Ile Glu

490 495 500

gca gcc aac aag gct ggc gtg acc atg tac ctg act ggt gcg cga cac 1651

Ala Ala Asn Lys Ala Gly Val Thr Met Tyr Leu Thr Gly Ala Arg His

505 510 515

ttc gct cac taaagttttt aaagatttcg ctt
Phe Ala His

1683

520

<210> 944

<211> 520

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 944

Met Ser Asp Asp Arg Lys Ala Ile Lys Arg Ala Leu Ile Ser Val Tyr
1 5 10 15

Asp Lys Thr Gly Leu Glu Asp Leu Ala Gln Ala Leu His Arg Glu Asn
20 25 30

Val Glu Ile Val Ser Thr Gly Ser Thr Ala Ala Lys Ile Ala Glu Leu
35 40 45

Gly Ile Pro Val Thr Pro Val Glu Glu Leu Thr Gly Phe Pro Glu Cys
50 55 60

Leu Glu Gly Arg Val Lys Thr Leu His Pro Lys Val His Ala Gly Ile
65 70 75 80

Leu Ala Asp Thr Arg Lys Glu Asp His Leu Arg Gln Leu Lys Glu Leu
85 90 95

Glu Val Ala Pro Phe Gln Leu Val Val Val Asn Leu Tyr Pro Phe Ala
100 105 110

Glu Thr Val Ala Ser Gly Ala Asp Phe Asp Ala Cys Val Glu Gln Ile
115 120 125

Asp Ile Gly Gly Pro Ser Met Val Arg Ala Ala Ala Lys Asn His Pro
130 135 140

Ser Val Ala Val Val Val Ser Pro Asn Arg Tyr Glu Asp Val Gln Glu

145 150 155 160
 Ala Leu Lys Thr Gly Gly Phe Ser Arg Ala Glu Arg Thr Lys Leu Ala
 165 170 175
 Ala Glu Ala Phe Arg His Thr Ala Thr Tyr Asp Val Thr Val Ala Thr
 180 185 190
 Trp Met Ser Glu Gln Leu Ala Ala Glu Asp Ser Glu Thr Glu Phe Pro
 195 200 205
 Gly Trp Ile Gly Thr Thr Asn Thr Leu Ser Arg Ser Leu Arg Tyr Gly
 210 215 220
 Glu Asn Pro His Gln Ser Ala Ala Leu Tyr Val Gly Asn Thr Arg Gly
 225 230 235 240
 Leu Ala Gln Ala Lys Gln Phe His Gly Lys Glu Met Ser Tyr Asn Asn
 245 250 255
 Tyr Thr Asp Ser Asp Ala Ala Trp Arg Ala Ala Trp Asp His Glu Arg
 260 265 270
 Pro Cys Val Ala Ile Ile Lys His Ala Asn Pro Cys Gly Ile Ala Val
 275 280 285
 Ser Asp Glu Ser Ile Ala Ala Ala His Arg Glu Ala His Ala Cys Asp
 290 295 300
 Ser Val Ser Ala Phe Gly Gly Val Ile Ala Ser Asn Arg Glu Val Ser
 305 310 315 320
 Val Glu Met Ala Asn Gln Val Ala Glu Ile Phe Thr Glu Val Ile Ile
 325 330 335
 Ala Pro Ser Tyr Glu Glu Gly Ala Val Glu Ile Leu Ser Gln Lys Lys
 340 345 350
 Asn Ile Arg Ile Leu Gln Ala Glu Ala Pro Val Arg Lys Gly Phe Glu
 355 360 365
 Ser Arg Glu Ile Ser Gly Gly Leu Leu Val Gln Glu Arg Asp Leu Ile

370

375

380

His Ala Glu Gly Asp Asn Ser Ala Asn Trp Thr Leu Ala Ala Gly Ser
385 390 395 400

Ala Val Ser Pro Glu Val Leu Lys Asp Leu Glu Phe Ala Trp Thr Ala
405 410 415

Val Arg Ser Val Lys Ser Asn Ala Ile Leu Leu Ala Lys Asn Gly Ala
420 425 430

Thr Val Gly Val Gly Met Gly Gln Val Asn Arg Val Asp Ser Ala Arg
435 440 445

Leu Ala Val Asp Arg Ala Gly Ala Glu Arg Ala Thr Gly Ser Val Ala
450 455 460

Ala Ser Asp Ala Phe Phe Pro Phe Ala Asp Gly Phe Glu Val Leu Ala
465 470 475 480

Glu Ala Gly Ile Thr Ala Val Val Gln Pro Gly Gly Ser Ile Arg Asp
485 490 495

Asn Glu Val Ile Glu Ala Ala Asn Lys Ala Gly Val Thr Met Tyr Leu
500 505 510

Thr Gly Ala Arg His Phe Ala His
515 520

<210> 945

<211> 1641

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1618)

<223> RXN00488

<400> 945

gttgtggaat agcgtgtgag ctgcagcggg tatccgattt aaggacaagc tactaaagtt 60

tagataattg tggacacact atgaggagga actgtcgcac atg aca acc cag agc 115

															Met	Thr	Thr	Gln	Ser																
															1					5															
cga	gtt	tct	acc	gga	gga	gac	aac	cca	aac	aag	gtt	gcc	ctt	gtt	gga	163																			
Arg	Val	Ser	Thr	Gly	Gly	Asp	Asn	Pro	Asn	Lys	Val	Ala	Leu	Val	Gly																				
															10					15					20										
tta	acc	ttt	gat	gac	gta	ctt	ttg	ctt	cca	gat	gcg	tcg	gac	gtt	gtt	211																			
Leu	Thr	Phe	Asp	Asp	Val	Leu	Leu	Leu	Pro	Asp	Ala	Ser	Asp	Val	Val																				
															25					30					35										
cct	tca	gag	gta	gat	acc	tcg	acg	cag	tta	aca	cgt	aat	att	cgc	ctt	259																			
Pro	Ser	Glu	Val	Asp	Thr	Ser	Thr	Gln	Leu	Thr	Arg	Asn	Ile	Arg	Leu																				
															40					45					50										
aac	acc	cct	att	ctt	tct	gcc	gca	atg	gat	act	gtc	acc	gag	gct	cgc	307																			
Asn	Thr	Pro	Ile	Leu	Ser	Ala	Ala	Met	Asp	Thr	Val	Thr	Glu	Ala	Arg																				
															55					60					65										
atg	gct	atc	ggc	atg	gca	cgc	cat	ggc	ggc	att	ggg	gtt	ttg	cac	cgc	355																			
Met	Ala	Ile	Gly	Met	Ala	Arg	His	Gly	Gly	Ile	Gly	Val	Leu	His	Arg																				
															70					75					80					85					
aac	ctg	tct	att	caa	gag	cag	gca	gaa	aac	ggt	gag	ctg	gtg	aag	cgt	403																			
Asn	Leu	Ser	Ile	Gln	Glu	Gln	Ala	Glu	Asn	Val	Glu	Leu	Val	Lys	Arg																				
															90					95					100										
tct	gag	tct	gga	atg	gtc	act	gat	cct	ggt	acc	tgt	act	cct	gac	atg	451																			
Ser	Glu	Ser	Gly	Met	Val	Thr	Asp	Pro	Val	Thr	Cys	Thr	Pro	Asp	Met																				
															105					110					115										
agc	atc	caa	gaa	gtg	gat	gat	ctg	tgt	gca	cgc	ttc	cgc	att	tcc	ggt	499																			
Ser	Ile	Gln	Glu	Val	Asp	Asp	Leu	Cys	Ala	Arg	Phe	Arg	Ile	Ser	Gly																				
															120					125					130										
ctg	cct	ggt	gtt	gat	gag	gcc	gga	aag	ttg	ggt	ggt	att	tgc	acc	aac	547																			
Leu	Pro	Val	Val	Asp	Glu	Ala	Gly	Lys	Leu	Val	Gly	Ile	Cys	Thr	Asn																				
															135					140					145										
cgc	gat	atg	cgt	ttt	gaa	agc	gac	atg	aac	cgt	cgt	gtc	gct	gaa	gtt	595																			

Arg	Asp	Met	Arg	Phe	Glu	Ser	Asp	Met	Asn	Arg	Arg	Val	Ala	Glu	Val		
150			155			160			165								
atg	acc	cca	atg	cct	ttg	gtt	gtt	gct	gaa	gag	ggc	gtc	acc	aag	gag	643	
Met	Thr	Pro	Met	Pro	Leu	Val	Val	Ala	Glu	Glu	Gly	Val	Thr	Lys	Glu		
170			175			180											
cag	gct	ctt	gct	ttg	ctg	tct	gca	aac	aag	gtg	gag	aag	ctt	cct	atc	691	
Gln	Ala	Leu	Ala	Leu	Leu	Ser	Ala	Asn	Lys	Val	Glu	Lys	Leu	Pro	Ile		
185			190			195											
atc	gca	aag	gac	ggc	aag	ctt	gtc	ggc	ctg	atc	acg	gtg	aag	gac	ttc	739	
Ile	Ala	Lys	Asp	Gly	Lys	Leu	Val	Gly	Leu	Ile	Thr	Val	Lys	Asp	Phe		
200			205			210											
gtt	aag	act	gag	cag	cac	ccg	aac	gca	tcc	aag	gat	gca	tca	ggc	cgt	787	
Val	Lys	Thr	Glu	Gln	His	Pro	Asn	Ala	Ser	Lys	Asp	Ala	Ser	Gly	Arg		
215			220			225											
ctg	ctg	gtt	gcg	gct	ggc	atc	ggc	acg	ggc	gag	gag	tca	ttc	cag	cga	835	
Leu	Leu	Val	Ala	Ala	Gly	Ile	Gly	Thr	Gly	Glu	Glu	Ser	Phe	Gln	Arg		
230			235			240			245								
gct	ggc	gcg	ctt	gcc	gac	gcc	ggc	gtc	gac	att	ttg	gtc	gta	gac	tct	883	
Ala	Gly	Ala	Leu	Ala	Asp	Ala	Gly	Val	Asp	Ile	Leu	Val	Val	Asp	Ser		
250			255			260											
gca	cac	gcc	cat	agc	cgt	gga	gtt	ttg	gac	atg	gtg	tcc	cgc	gtg	aag	931	
Ala	His	Ala	His	Ser	Arg	Gly	Val	Leu	Asp	Met	Val	Ser	Arg	Val	Lys		
265			270			275											
aag	tcg	ttc	ccc	aag	gtc	gat	atc	gtt	ggc	ggc	aac	ttg	gcg	acc	cgc	979	
Lys	Ser	Phe	Pro	Lys	Val	Asp	Ile	Val	Gly	Gly	Asn	Leu	Ala	Thr	Arg		
280			285			290											
gag	gct	gcg	cag	gcc	atg	att	gaa	gct	ggc	gca	gac	gct	atc	aag	gtg	1027	
Glu	Ala	Ala	Gln	Ala	Met	Ile	Glu	Ala	Gly	Ala	Asp	Ala	Ile	Lys	Val		
295			300			305											
ggc	att	ggc	cca	ggc	tct	att	tgc	acc	act	cgc	gtt	gtc	gca	ggc	gtc	1075	

Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile Cys Thr Thr Arg Val Val Ala Gly Val	
310	315 320 325
ggt gca cct cag atc act gcg atc atg gag gca gct gtt cca gct cac	1123
Gly Ala Pro Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala Ala Val Pro Ala His	
330 335 340	
aag gct ggc gtt cct atc atc gcc gat ggc ggc atg cag ttc tct ggt	1171
Lys Ala Gly Val Pro Ile Ile Ala Asp Gly Gly Met Gln Phe Ser Gly	
345 350 355	
gat atc gct aag gct ttg gct gct ggc gct aac tcc gtg atg ctg ggc	1219
Asp Ile Ala Lys Ala Leu Ala Ala Gly Ala Asn Ser Val Met Leu Gly	
360 365 370	
tcc atg ctg gct ggt acc gct gag gct cct ggt gag acc atc acc atc	1267
Ser Met Leu Ala Gly Thr Ala Glu Ala Pro Gly Glu Thr Ile Thr Ile	
375 380 385	
aac ggc aag cag tac aag cgt tac cgc ggc atg ggc tcc atg ggc gct	1315
Asn Gly Lys Gln Tyr Lys Arg Tyr Arg Gly Met Gly Ser Met Gly Ala	
390 395 400 405	
atg cag ggc cgt gga ctt agt ggt gag aag cgt tcc tac tcc aag gac	1363
Met Gln Gly Arg Gly Leu Ser Gly Glu Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Asp	
410 415 420	
cgt tac ttc cag tct gac gtt aag agc gaa gac aag ctc gtt cca gaa	1411
Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Val Lys Ser Glu Asp Lys Leu Val Pro Glu	
425 430 435	
ggc atc gaa ggt cgc gtg cct ttc cgc ggt ccc atc gga gac atc att	1459
Gly Ile Glu Gly Arg Val Pro Phe Arg Gly Pro Ile Gly Asp Ile Ile	
440 445 450	
cac cag cag gtc ggt gga ctt cgt gca gca atg ggc tac acc ggt tcc	1507
His Gln Gln Val Gly Gly Leu Arg Ala Ala Met Gly Tyr Thr Gly Ser	
455 460 465	
tcc acc att gaa gag ctg cac aac gct cgt ttc gtg cag atc acc agc	1555

Ser Thr Ile Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe Val Gln Ile Thr Ser
470 475 480 485

gcg ggt ctg aag gaa tcc cac ccg cac cac atc cag cag act gtg gaa 1603
Ala Gly Leu Lys Glu Ser His Pro His His Ile Gln Gln Thr Val Glu

490 495 500

gct cct aac tac cac tagattttgc tcacttaaagc 1641
Ala Pro Asn Tyr His

505

<210> 946
<211> 506
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 946
Met Thr Thr Gln Ser Arg Val Ser Thr Gly Gly Asp Asn Pro Asn Lys
1 5 10 15

Val Ala Leu Val Gly Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu Leu Pro Asp
20 25 30

Ala Ser Asp Val Val Pro Ser Glu Val Asp Thr Ser Thr Gln Leu Thr
35 40 45

Arg Asn Ile Arg Leu Asn Thr Pro Ile Leu Ser Ala Ala Met Asp Thr
50 55 60

Val Thr Glu Ala Arg Met Ala Ile Gly Met Ala Arg His Gly Gly Ile
65 70 75 80

Gly Val Leu His Arg Asn Leu Ser Ile Gln Glu Gln Ala Glu Asn Val
85 90 95

Glu Leu Val Lys Arg Ser Glu Ser Gly Met Val Thr Asp Pro Val Thr
100 105 110

Cys Thr Pro Asp Met Ser Ile Gln Glu Val Asp Asp Leu Cys Ala Arg
115 120 125

Phe Arg Ile Ser Gly Leu Pro Val Val Asp Glu Ala Gly Lys Leu Val

130	135	140
Gly Ile Cys Thr Asn Arg Asp Met Arg Phe Glu Ser Asp Met Asn Arg		
145	150	155 160
Arg Val Ala Glu Val Met Thr Pro Met Pro Leu Val Val Ala Glu Glu		
	165	170 175
Gly Val Thr Lys Glu Gln Ala Leu Ala Leu Leu Ser Ala Asn Lys Val		
	180	185 190
Glu Lys Leu Pro Ile Ile Ala Lys Asp Gly Lys Leu Val Gly Leu Ile		
	195	200 205
Thr Val Lys Asp Phe Val Lys Thr Glu Gln His Pro Asn Ala Ser Lys		
	210	215 220
Asp Ala Ser Gly Arg Leu Leu Val Ala Ala Gly Ile Gly Thr Gly Glu		
225	230	235 240
Glu Ser Phe Gln Arg Ala Gly Ala Leu Ala Asp Ala Gly Val Asp Ile		
	245	250 255
Leu Val Val Asp Ser Ala His Ala His Ser Arg Gly Val Leu Asp Met		
	260	265 270
Val Ser Arg Val Lys Lys Ser Phe Pro Lys Val Asp Ile Val Gly Gly		
	275	280 285
Asn Leu Ala Thr Arg Glu Ala Ala Gln Ala Met Ile Glu Ala Gly Ala		
	290	295 300
Asp Ala Ile Lys Val Gly Ile Gly Pro Gly Ser Ile Cys Thr Thr Arg		
305	310	315 320
Val Val Ala Gly Val Gly Ala Pro Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala		
	325	330 335
Ala Val Pro Ala His Lys Ala Gly Val Pro Ile Ile Ala Asp Gly Gly		
	340	345 350
Met Gln Phe Ser Gly Asp Ile Ala Lys Ala Leu Ala Ala Gly Ala Asn		

355 360 365
 Ser Val Met Leu Gly Ser Met Leu Ala Gly Thr Ala Glu Ala Pro Gly
 370 375 380
 Glu Thr Ile Thr Ile Asn Gly Lys Gln Tyr Lys Arg Tyr Arg Gly Met
 385 390 395 400
 Gly Ser Met Gly Ala Met Gln Gly Arg Gly Leu Ser Gly Glu Lys Arg
 405 410 415
 Ser Tyr Ser Lys Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Val Lys Ser Glu Asp
 420 425 430
 Lys Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu Gly Arg Val Pro Phe Arg Gly Pro
 435 440 445
 Ile Gly Asp Ile Ile His Gln Gln Val Gly Gly Leu Arg Ala Ala Met
 450 455 460
 Gly Tyr Thr Gly Ser Ser Thr Ile Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe
 465 470 475 480
 Val Gln Ile Thr Ser Ala Gly Leu Lys Glu Ser His Pro His His Ile
 485 490 495
 Gln Gln Thr Val Glu Ala Pro Asn Tyr His
 500 505

<210> 947

<211> 574

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(574)

<223> FRXA00492

<400> 947

gttgtggaat agcgtgtgag ctgcagcgggt tatccgattt aaggacaagc tactaaagtt 60

tagataattg tggacacact atgaggagga actgtcgcac atg aca acc cag agc	115
Met Thr Thr Gln Ser	
1 5	
cga gtt tct acc gga gga gac aac cca aac aag gtt gcc ctt gtt gga	163
Arg Val Ser Thr Gly Gly Asp Asn Pro Asn Lys Val Ala Leu Val Gly	
10 15 20	
tta acc ttt gat gac gta ctt ttg ctt cca gat gcg tcg gac gtt gtt	211
Leu Thr Phe Asp Asp Val Leu Leu Leu Pro Asp Ala Ser Asp Val Val	
25 30 35	
cct tca gag gta gat acc tcg acg cag tta aca cgt aat att cgc ctt	259
Pro Ser Glu Val Asp Thr Ser Thr Gln Leu Thr Arg Asn Ile Arg Leu	
40 45 50	
aac acc cct att ctt tct gcc gca atg gat act gtc acc gag gct cgc	307
Asn Thr Pro Ile Leu Ser Ala Ala Met Asp Thr Val Thr Glu Ala Arg	
55 60 65	
atg gct atc ggc atg gca cgc cat ggc ggc att ggt gtt ttg cac cgc	355
Met Ala Ile Gly Met Ala Arg His Gly Gly Ile Gly Val Leu His Arg	
70 75 80 85	
aac ctg tct att caa gag cag gca gaa aac gtt gag ctg gtg aag cgt	403
Asn Leu Ser Ile Gln Glu Gln Ala Glu Asn Val Glu Leu Val Lys Arg	
90 95 100	
tct gag tct gga atg gtc act gat cct gtt acc tgt act cct gac atg	451
Ser Glu Ser Gly Met Val Thr Asp Pro Val Thr Cys Thr Pro Asp Met	
105 110 115	
agc atc caa gaa gtg gat gat ctg tgt gca cgc ttc cgc att tcc ggt	499
Ser Ile Gln Glu Val Asp Asp Leu Cys Ala Arg Phe Arg Ile Ser Gly	
120 125 130	
ctg cct gtt gtt gat gag gcc gga aag ttg gtt ggt att tgc acc aac	547
Leu Pro Val Val Asp Glu Ala Gly Lys Leu Val Gly Ile Cys Thr Asn	
135 140 145	
cgc gat atg cgt ttt gaa agc gac atg	574

Arg Asp Met Arg Phe Glu Ser Asp Met

150

155

<210> 948

<211> 158

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 948

Met	Thr	Thr	Gln	Ser	Arg	Val	Ser	Thr	Gly	Gly	Asp	Asn	Pro	Asn	Lys
1				5					10					15	

Val	Ala	Leu	Val	Gly	Leu	Thr	Phe	Asp	Asp	Val	Leu	Leu	Leu	Pro	Asp
			20					25						30	

Ala	Ser	Asp	Val	Val	Pro	Ser	Glu	Val	Asp	Thr	Ser	Thr	Gln	Leu	Thr
		35					40						45		

Arg	Asn	Ile	Arg	Leu	Asn	Thr	Pro	Ile	Leu	Ser	Ala	Ala	Met	Asp	Thr
	50					55					60				

Val	Thr	Glu	Ala	Arg	Met	Ala	Ile	Gly	Met	Ala	Arg	His	Gly	Gly	Ile
65					70					75					80

Gly	Val	Leu	His	Arg	Asn	Leu	Ser	Ile	Gln	Glu	Gln	Ala	Glu	Asn	Val
			85						90					95	

Glu	Leu	Val	Lys	Arg	Ser	Glu	Ser	Gly	Met	Val	Thr	Asp	Pro	Val	Thr
			100					105					110		

Cys	Thr	Pro	Asp	Met	Ser	Ile	Gln	Glu	Val	Asp	Asp	Leu	Cys	Ala	Arg
		115					120					125			

Phe	Arg	Ile	Ser	Gly	Leu	Pro	Val	Val	Asp	Glu	Ala	Gly	Lys	Leu	Val
	130					135					140				

Gly	Ile	Cys	Thr	Asn	Arg	Asp	Met	Arg	Phe	Glu	Ser	Asp	Met
145					150					155			

<210> 949

<211> 557

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(534)

<223> FRXA00488

<400> 949

cag atc act gcg atc atg gag gca gct gtt cca gct cac aag gct ggc 48
Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala Ala Val Pro Ala His Lys Ala Gly

1 5 10 15

gtt cct atc atc gcc gat ggc ggc atg cag ttc tct ggt gat atc gct 96
Val Pro Ile Ile Ala Asp Gly Gly Met Gln Phe Ser Gly Asp Ile Ala

20 25 30

aag gct ttg gct gct ggc gct aac tcc gtg atg ctg ggc tcc atg ctg 144
Lys Ala Leu Ala Ala Gly Ala Asn Ser Val Met Leu Gly Ser Met Leu

35 40 45

gct ggt acc gct gag gct cct ggt gag acc atc acc atc aac ggc aag 192
Ala Gly Thr Ala Glu Ala Pro Gly Glu Thr Ile Thr Ile Asn Gly Lys

50 55 60

cag tac aag cgt tac cgc ggc atg ggc tcc atg ggc gct atg cag ggc 240
Gln Tyr Lys Arg Tyr Arg Gly Met Gly Ser Met Gly Ala Met Gln Gly

65 70 75 80

cgt gga ctt agt ggt gag aag cgt tcc tac tcc aag gac cgt tac ttc 288
Arg Gly Leu Ser Gly Glu Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Asp Arg Tyr Phe

85 90 95

cag tct gac gtt aag agc gaa gac aag ctc gtt cca gaa ggc atc gaa 336
Gln Ser Asp Val Lys Ser Glu Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu

100 105 110

ggt cgc gtg cct ttc cgc ggt ccc atc gga gac atc att cac cag cag 384
Gly Arg Val Pro Phe Arg Gly Pro Ile Gly Asp Ile Ile His Gln Gln

115 120 125

gtc ggt gga ctt cgt gca gca atg ggc tac acc ggt tcc tcc acc att 432
Val Gly Gly Leu Arg Ala Ala Met Gly Tyr Thr Gly Ser Ser Thr Ile

130 135 140

gaa gag ctg cac aac gct cgt ttc gtg cag atc acc agc gcg ggt ctg 480
Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe Val Gln Ile Thr Ser Ala Gly Leu

145 150 155 160

aag gaa tcc cac ccg cac cac atc cag cag act gtg gaa gct cct aac 528
Lys Glu Ser His Pro His His Ile Gln Gln Thr Val Glu Ala Pro Asn

165 170 175

tac cac tagattttgc tcacttaaac agc 557
Tyr His

<210> 950
<211> 178
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 950
Gln Ile Thr Ala Ile Met Glu Ala Ala Val Pro Ala His Lys Ala Gly
1 5 10 15

Val Pro Ile Ile Ala Asp Gly Gly Met Gln Phe Ser Gly Asp Ile Ala
20 25 30

Lys Ala Leu Ala Ala Gly Ala Asn Ser Val Met Leu Gly Ser Met Leu
35 40 45

Ala Gly Thr Ala Glu Ala Pro Gly Glu Thr Ile Thr Ile Asn Gly Lys
50 55 60

Gln Tyr Lys Arg Tyr Arg Gly Met Gly Ser Met Gly Ala Met Gln Gly
65 70 75 80

Arg Gly Leu Ser Gly Glu Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Asp Arg Tyr Phe
85 90 95

Gln Ser Asp Val Lys Ser Glu Asp Lys Leu Val Pro Glu Gly Ile Glu

100	105	110
Gly Arg Val Pro Phe Arg Gly Pro Ile Gly Asp Ile Ile His Gln Gln		
115	120	125
Val Gly Gly Leu Arg Ala Ala Met Gly Tyr Thr Gly Ser Ser Thr Ile		
130	135	140
Glu Glu Leu His Asn Ala Arg Phe Val Gln Ile Thr Ser Ala Gly Leu		
145	150	155
Lys Glu Ser His Pro His His Ile Gln Gln Thr Val Glu Ala Pro Asn		
165	170	175
Tyr His		
<210> 951		
<211> 1554		
<212> DNA		
<213> Corynebacterium glutamicum		
<220>		
<221> CDS		
<222> (101)..(1531)		
<223> RXA02469		
<400> 951		
cgtcgaaaag cagtagtaaa gcagcaggaa ggtggtggaa agagcaattg aggtaccctt 60		
gccgtgttca gggataactg attaatcaac taggagaccc atg cgt ttt ctt aac 115		
Met Arg Phe Leu Asn		
1 5		
aat tcc aat ccg ccc tat gag ctg aca tat tcc gat gtg ttt atg gtg 163		
Asn Ser Asn Pro Pro Tyr Glu Leu Thr Tyr Ser Asp Val Phe Met Val		
10 15 20		
cct tcg cgt tct gac gta ggc tcc cgc atg tcc gtg gat ctg cgc acc 211		
Pro Ser Arg Ser Asp Val Gly Ser Arg Met Ser Val Asp Leu Arg Thr		
25 30 35		

aat gac gga act gga aca acc atc ccg ctc gtt gtg gca aac atg act	259
Asn Asp Gly Thr Gly Thr Thr Ile Pro Leu Val Val Ala Asn Met Thr	
40 45 50	
gct gtt gct ggc cga cgc atg gct gag acc att gcg cgc cgc ggt ggc	307
Ala Val Ala Gly Arg Arg Met Ala Glu Thr Ile Ala Arg Arg Gly Gly	
55 60 65	
atg gcg att ctt ccg cag gat gtg ccc gcc gat att gct gca gag act	355
Met Ala Ile Leu Pro Gln Asp Val Pro Ala Asp Ile Ala Ala Glu Thr	
70 75 80 85	
atc gcg aat gtg aag aaa gcg gac ctg gtt ttt gat acc cca att acc	403
Ile Ala Asn Val Lys Lys Ala Asp Leu Val Phe Asp Thr Pro Ile Thr	
90 95 100	
gta aaa ccg cac cac acc gtg ggt tat gca cgc aac ttg atc cac aag	451
Val Lys Pro His His Thr Val Gly Tyr Ala Arg Asn Leu Ile His Lys	
105 110 115	
cgt gcg cac ggt gca gcc att gtt ttg gag ggc gat cag ccg gtc ggc	499
Arg Ala His Gly Ala Ala Ile Val Leu Glu Gly Asp Gln Pro Val Gly	
120 125 130	
atc gtc acc gac aag gac ctc gaa ggc gca gac aac ttc act cag gtg	547
Ile Val Thr Asp Lys Asp Leu Glu Gly Ala Asp Asn Phe Thr Gln Val	
135 140 145	
ggc acc ctc atg tcc acc tcc cta ttg acg ctg cct gag gat att tcc	595
Gly Thr Leu Met Ser Thr Ser Leu Leu Thr Leu Pro Glu Asp Ile Ser	
150 155 160 165	
ccc gaa gac gcc ttc gga atc ctc cac gaa cac agc cgc aaa ctc gcc	643
Pro Glu Asp Ala Phe Gly Ile Leu His Glu His Ser Arg Lys Leu Ala	
170 175 180	
ccc gtc gtc gcg gct gac ggc tca ctc cgc ggc atc ctc acc cgc acc	691
Pro Val Val Ala Ala Asp Gly Ser Leu Arg Gly Ile Leu Thr Arg Thr	
185 190 195	
ggc gcc ctg cgc gcc acc atg tac aag ccg gct atc gac gcc aac ggc	739

Gly Ala Leu Arg Ala Thr Met Tyr Lys Pro Ala Ile Asp Ala Asn Gly	
200	205
210	
cgc ctg cga gtc ggc gcc gcc atc ggc atc aac ggc gac atc gaa gga	787
Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Ile Gly Ile Asn Gly Asp Ile Glu Gly	
215	220
225	
cgc acc aaa acg ctt ctc gac gcc ggc gcc gac gtt cta gtc gtc gac	835
Arg Thr Lys Thr Leu Leu Asp Ala Gly Ala Asp Val Leu Val Val Asp	
230	235
240	245
aca gca cac ggc cac caa tcc acc atg atc agc gcc ctc aaa cgc atc	883
Thr Ala His Gly His Gln Ser Thr Met Ile Ser Ala Leu Lys Arg Ile	
250	255
260	
cgc gca ctc gac gtc aac gtc ccc atc gtt gct ggc aac gtg gtc acc	931
Arg Ala Leu Asp Val Asn Val Pro Ile Val Ala Gly Asn Val Val Thr	
265	270
275	
gcc gat ggt gtc cgc gac cta gtt gaa gca ggc gca aac atc atc aag	979
Ala Asp Gly Val Arg Asp Leu Val Glu Ala Gly Ala Asn Ile Ile Lys	
280	285
290	
gta ggc gtt gga cca ggc gca atg tgc acc acc cgc atg caa acc ggc	1027
Val Gly Val Gly Pro Gly Ala Met Cys Thr Thr Arg Met Gln Thr Gly	
295	300
305	
gtt ggc cga cca cag ttc tcc gca gtg ctg gaa tgc gca gcc gaa gcc	1075
Val Gly Arg Pro Gln Phe Ser Ala Val Leu Glu Cys Ala Ala Glu Ala	
310	315
320	325
cgc aaa ctc ggc gca cac gta tgg gca gac ggc gga gtc cgc gac ccc	1123
Arg Lys Leu Gly Ala His Val Trp Ala Asp Gly Gly Val Arg Asp Pro	
330	335
340	
cgc gac gtc gcc ctg gca ctc gca gct ggc gcc tcc aac gtg atg gtc	1171
Arg Asp Val Ala Leu Ala Leu Ala Ala Gly Ala Ser Asn Val Met Val	
345	350
355	
gga tcc tgg ttc tcc gga acc tac gaa tcc ccc ggc gac ctc cgc ttc	1219

Gly Ser Trp Phe Ser Gly Thr Tyr Glu Ser Pro Gly Asp Leu Arg Phe
360 365 370

gaa tcc gac gga cgc atg tac aaa gaa tcc ttc ggt atg gca tcc cgg 1267
Glu Ser Asp Gly Arg Met Tyr Lys Glu Ser Phe Gly Met Ala Ser Arg

375 380 385

cgc gcc gtg gaa agc cga aac caa aag gtc gaa gct ttc gaa aaa gca 1315
Arg Ala Val Glu Ser Arg Asn Gln Lys Val Glu Ala Phe Glu Lys Ala

390 395 400 405

cgc cgc gca atg ttc gaa gaa ggc atc tcc act gcc cgc atc tac att 1363
Arg Arg Ala Met Phe Glu Glu Gly Ile Ser Thr Ala Arg Ile Tyr Ile

410 415 420

gac aaa cgc cac ggc gga gtc gag gac ctg gta gat caa atc atc tcc 1411
Asp Lys Arg His Gly Gly Val Glu Asp Leu Val Asp Gln Ile Ile Ser

425 430 435

ggt gtc cgc tcc tca ttc acc tac gca ggc gcc gat tcg att gaa acc 1459
Gly Val Arg Ser Ser Phe Thr Tyr Ala Gly Ala Asp Ser Ile Glu Thr

440 445 450

ttc ttc gaa cgc gcc acc gtc gga gtt caa tcc acc gaa ggc tac gca 1507
Phe Phe Glu Arg Ala Thr Val Gly Val Gln Ser Thr Glu Gly Tyr Ala

455 460 465

gaa gga aag cca cgc gct tcg cgt taagtgttgt tgtgcctttg aga 1554
Glu Gly Lys Pro Arg Ala Ser Arg

470 475

<210> 952
<211> 477
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 952
Met Arg Phe Leu Asn Asn Ser Asn Pro Pro Tyr Glu Leu Thr Tyr Ser
1 5 10 15

Asp Val Phe Met Val Pro Ser Arg Ser Asp Val Gly Ser Arg Met Ser
20 25 30

Val Asp Leu Arg Thr Asn Asp Gly Thr Gly Thr Thr Ile Pro Leu Val
35 40 45

Val Ala Asn Met Thr Ala Val Ala Gly Arg Arg Met Ala Glu Thr Ile
50 55 60

Ala Arg Arg Gly Gly Met Ala Ile Leu Pro Gln Asp Val Pro Ala Asp
65 70 75 80

Ile Ala Ala Glu Thr Ile Ala Asn Val Lys Lys Ala Asp Leu Val Phe
85 90 95

Asp Thr Pro Ile Thr Val Lys Pro His His Thr Val Gly Tyr Ala Arg
100 105 110

Asn Leu Ile His Lys Arg Ala His Gly Ala Ala Ile Val Leu Glu Gly
115 120 125

Asp Gln Pro Val Gly Ile Val Thr Asp Lys Asp Leu Glu Gly Ala Asp
130 135 140

Asn Phe Thr Gln Val Gly Thr Leu Met Ser Thr Ser Leu Leu Thr Leu
145 150 155 160

Pro Glu Asp Ile Ser Pro Glu Asp Ala Phe Gly Ile Leu His Glu His
165 170 175

Ser Arg Lys Leu Ala Pro Val Val Ala Ala Asp Gly Ser Leu Arg Gly
180 185 190

Ile Leu Thr Arg Thr Gly Ala Leu Arg Ala Thr Met Tyr Lys Pro Ala
195 200 205

Ile Asp Ala Asn Gly Arg Leu Arg Val Gly Ala Ala Ile Gly Ile Asn
210 215 220

Gly Asp Ile Glu Gly Arg Thr Lys Thr Leu Leu Asp Ala Gly Ala Asp
225 230 235 240

Val Leu Val Val Asp Thr Ala His Gly His Gln Ser Thr Met Ile Ser
245 250 255

Ala Leu Lys Arg Ile Arg Ala Leu Asp Val Asn Val Pro Ile Val Ala
260 265 270

Gly Asn Val Val Thr Ala Asp Gly Val Arg Asp Leu Val Glu Ala Gly
275 280 285

Ala Asn Ile Ile Lys Val Gly Val Gly Pro Gly Ala Met Cys Thr Thr
290 295 300

Arg Met Gln Thr Gly Val Gly Arg Pro Gln Phe Ser Ala Val Leu Glu
305 310 315 320

Cys Ala Ala Glu Ala Arg Lys Leu Gly Ala His Val Trp Ala Asp Gly
325 330 335

Gly Val Arg Asp Pro Arg Asp Val Ala Leu Ala Leu Ala Ala Gly Ala
340 345 350

Ser Asn Val Met Val Gly Ser Trp Phe Ser Gly Thr Tyr Glu Ser Pro
355 360 365

Gly Asp Leu Arg Phe Glu Ser Asp Gly Arg Met Tyr Lys Glu Ser Phe
370 375 380

Gly Met Ala Ser Arg Arg Ala Val Glu Ser Arg Asn Gln Lys Val Glu
385 390 395 400

Ala Phe Glu Lys Ala Arg Arg Ala Met Phe Glu Glu Gly Ile Ser Thr
405 410 415

Ala Arg Ile Tyr Ile Asp Lys Arg His Gly Gly Val Glu Asp Leu Val
420 425 430

Asp Gln Ile Ile Ser Gly Val Arg Ser Ser Phe Thr Tyr Ala Gly Ala
435 440 445

Asp Ser Ile Glu Thr Phe Phe Glu Arg Ala Thr Val Gly Val Gln Ser
450 455 460

Thr Glu Gly Tyr Ala Glu Gly Lys Pro Arg Ala Ser Arg
465 470 475

<210> 953
<211> 1692
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1669)
<223> RXN00487

<400> 953
agggcgccag gggcatccag ccattaaagc ttttcgacga gccctcgccc atgtggccaa 60

agaatcttat ttggaggctc gtctagtaga gtgagttctt gtg agc ctt cag aca 115
Val Ser Leu Gln Thr

1 5

aat cat cgc cca gta ctc gtc gtt gac ttc ggc gca cag tac gcg cag 163
Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly Ala Gln Tyr Ala Gln

10 15 20

ctg atc gca cgt cgt gtg cgt gag gcc ggc atc tac tcc gaa gtc atc 211
Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile Tyr Ser Glu Val Ile

25 30 35

ccg cac acc gcc acc gca gac gat gtg cgc gct aaa aat gca gca gcc 259
Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala Lys Asn Ala Ala Ala

40 45 50

ctc gtc ctt tcc ggt ggc cca tcc tcc gtg tat gcc gag gga gca cca 307
Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr Ala Glu Gly Ala Pro

55 60 65

tcc ctt gac get gag att ctt gat ctc gga ttg cca gta ttt ggc att 355
Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu Pro Val Phe Gly Ile

70 75 80 85

tgc tac ggc ttc caa gcc atg acc cac gcg ctt ggt ggc acc gtt gcc 403

Cys	Tyr	Gly	Phe	Gln	Ala	Met	Thr	His	Ala	Leu	Gly	Gly	Thr	Val	Ala		
				90					95					100			
aac	acc	ggt	aag	cgc	gaa	tac	gga	cgc	acc	gac	atc	aac	gtt	gcc	ggt	451	
Asn	Thr	Gly	Lys	Arg	Glu	Tyr	Gly	Arg	Thr	Asp	Ile	Asn	Val	Ala	Gly		
				105					110					115			
ggc	gtc	ctc	cac	gaa	ggc	ctc	gaa	gcc	tgc	cac	aag	gtg	tgg	atg	agc	499	
Gly	Val	Leu	His	Glu	Gly	Leu	Glu	Ala	Cys	His	Lys	Val	Trp	Met	Ser		
				120					125					130			
cac	ggc	gac	gcc	gtc	tct	gaa	gcc	cca	gaa	ggt	ttc	gta	gtc	acc	gcg	547	
His	Gly	Asp	Ala	Val	Ser	Glu	Ala	Pro	Glu	Gly	Phe	Val	Val	Thr	Ala		
				135					140					145			
tcc	tcc	gaa	ggt	gcg	cct	gtc	gca	gct	ttc	gaa	aac	aag	gaa	cgc	aaa	595	
Ser	Ser	Glu	Gly	Ala	Pro	Val	Ala	Ala	Phe	Glu	Asn	Lys	Glu	Arg	Lys		
				150					155					160		165	
atg	gct	ggc	gtg	cag	tac	cac	cca	gag	gta	ttg	cac	tca	cca	cac	ggc	643	
Met	Ala	Gly	Val	Gln	Tyr	His	Pro	Glu	Val	Leu	His	Ser	Pro	His	Gly		
				170					175					180			
cag	gca	gtt	ctg	acc	cgc	ttc	ctc	act	gag	atc	gca	ggt	cta	gag	cag	691	
Gln	Ala	Val	Leu	Thr	Arg	Phe	Leu	Thr	Glu	Ile	Ala	Gly	Leu	Glu	Gln		
				185					190					195			
aac	tgg	acc	gca	gca	aac	atc	gct	gaa	gaa	ctc	atc	gaa	aag	gtc	cgc	739	
Asn	Trp	Thr	Ala	Ala	Asn	Ile	Ala	Glu	Glu	Leu	Ile	Glu	Lys	Val	Arg		
				200					205					210			
gag	cag	atc	ggc	gaa	gat	ggc	cgc	gct	att	tgt	ggc	cta	tcc	ggt	ggt	787	
Glu	Gln	Ile	Gly	Glu	Asp	Gly	Arg	Ala	Ile	Cys	Gly	Leu	Ser	Gly	Gly		
				215					220					225			
gtg	gac	tcc	gct	gtt	gcc	ggt	gct	ttg	gtg	cag	cgc	gcc	att	ggt	gac	835	
Val	Asp	Ser	Ala	Val	Ala	Gly	Ala	Leu	Val	Gln	Arg	Ala	Ile	Gly	Asp		
				230					235					240		245	
cgt	ttg	acc	tgt	gtc	ttt	gtt	gac	cac	ggt	ctg	ctg	cgt	gcc	ggt	gag	883	

Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu Leu Arg Ala Gly Glu	
250	255
260	
cgc gag cag gtg gaa aaa gac ttc gtc gca gca acc ggc gcc aag ctg	931
Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala Thr Gly Ala Lys Leu	
265	270
275	
gtt acc gtt gat gag cgc cag gca ttc cta tcc aag ctg gcc gga gtt	979
Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser Lys Leu Ala Gly Val	
280	285
290	
acc gaa cca gaa gca aag cgc aag gct atc ggc gct gag ttc atc cgc	1027
Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly Ala Glu Phe Ile Arg	
295	300
305	
tcc ttc gag cgc gca gtt gcc ggt gtg ctg gaa gaa gct cca gaa ggt	1075
Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu Glu Ala Pro Glu Gly	
310	315
320	325
tcc acc gtg gac ttc ctg gtt cag ggc acc ctg tac cca gac gtc gtg	1123
Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu Tyr Pro Asp Val Val	
330	335
340	
gaa tcc ggt ggt gga tct ggt acc gca aac atc aag agc cac cac aac	1171
Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile Lys Ser His His Asn	
345	350
355	
gtc ggt gga ctg cca gac gat gtg gaa ttc aag ctt gtt gag cca ctg	1219
Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys Leu Val Glu Pro Leu	
360	365
370	
cgt gac ctc ttc aaa gac gaa gtc cgt gcc gtt ggc cgt gaa ctt ggc	1267
Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val Gly Arg Glu Leu Gly	
375	380
385	
ctg cct gag gaa atc gtt ggc cgc cag cca ttc cca gga cca gga ctt	1315
Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe Pro Gly Pro Gly Leu	
390	395
400	405
ggg atc cgc atc atc ggt gaa gtc acc gaa gat cgc cta gaa acc ctc	1363

Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp Arg Leu Glu Thr Leu
410 415 420

cgc cac gct gac ctg atc gcc cgc acc gag ctc acc gaa gcc gga ctt 1411
Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu Thr Glu Ala Gly Leu
425 430 435

gac ggc gtg atc tgg cag tgc cca gta gtc ctc ctg gca gat gtc cgc 1459
Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu Leu Ala Asp Val Arg
440 445 450

tct gtt ggt gtt caa ggc gat ggc cgc acc tac gga cac cca atc gtg 1507
Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg Thr Tyr Gly His Pro Ile Val
455 460 465

ctg cgc cca gtg tct tcc gaa gac gca atg acc gcc gac tgg acc cgc 1555
Leu Arg Pro Val Ser Ser Glu Asp Ala Met Thr Ala Asp Trp Thr Arg
470 475 480 485

ctg cca tac gag gtt ctg gag aag atc tcc acc cgc atc acc aac gaa 1603
Leu Pro Tyr Glu Val Leu Glu Lys Ile Ser Thr Arg Ile Thr Asn Glu
490 495 500

gtt cca gat gtg aac cgc gtg gtg ctg gac gta acc tcc aag cca cca 1651
Val Pro Asp Val Asn Arg Val Val Leu Asp Val Thr Ser Lys Pro Pro
505 510 515

gga acc atc gaa tgg gag taggccttaa atgagccttc gtt 1692
Gly Thr Ile Glu Trp Glu
520

<210> 954
<211> 523
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 954
Val Ser Leu Gln Thr Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly
1 5 10 15

Ala Gln Tyr Ala Gln Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile
20 25 30

Tyr Ser Glu Val Ile Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala
35 40 45

Lys Asn Ala Ala Ala Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr
50 55 60

Ala Glu Gly Ala Pro Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu
65 70 75 80

Pro Val Phe Gly Ile Cys Tyr Gly Phe Gln Ala Met Thr His Ala Leu
85 90 95

Gly Gly Thr Val Ala Asn Thr Gly Lys Arg Glu Tyr Gly Arg Thr Asp
100 105 110

Ile Asn Val Ala Gly Gly Val Leu His Glu Gly Leu Glu Ala Cys His
115 120 125

Lys Val Trp Met Ser His Gly Asp Ala Val Ser Glu Ala Pro Glu Gly
130 135 140

Phe Val Val Thr Ala Ser Ser Glu Gly Ala Pro Val Ala Ala Phe Glu
145 150 155 160

Asn Lys Glu Arg Lys Met Ala Gly Val Gln Tyr His Pro Glu Val Leu
165 170 175

His Ser Pro His Gly Gln Ala Val Leu Thr Arg Phe Leu Thr Glu Ile
180 185 190

Ala Gly Leu Glu Gln Asn Trp Thr Ala Ala Asn Ile Ala Glu Glu Leu
195 200 205

Ile Glu Lys Val Arg Glu Gln Ile Gly Glu Asp Gly Arg Ala Ile Cys
210 215 220

Gly Leu Ser Gly Gly Val Asp Ser Ala Val Ala Gly Ala Leu Val Gln
225 230 235 240

Arg Ala Ile Gly Asp Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu
245 250 255

Leu Arg Ala Gly Glu Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala
260 265 270

Thr Gly Ala Lys Leu Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser
275 280 285

Lys Leu Ala Gly Val Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly
290 295 300

Ala Glu Phe Ile Arg Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu
305 310 315 320

Glu Ala Pro Glu Gly Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu
325 330 335

Tyr Pro Asp Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile
340 345 350

Lys Ser His His Asn Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys
355 360 365

Leu Val Glu Pro Leu Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val
370 375 380

Gly Arg Glu Leu Gly Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe
385 390 395 400

Pro Gly Pro Gly Leu Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp
405 410 415

Arg Leu Glu Thr Leu Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu
420 425 430

Thr Glu Ala Gly Leu Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu
435 440 445

Leu Ala Asp Val Arg Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg Thr Tyr
450 455 460

Gly His Pro Ile Val Leu Arg Pro Val Ser Ser Glu Asp Ala Met Thr
465 470 475 480

Ala Asp Trp Thr Arg Leu Pro Tyr Glu Val Leu Glu Lys Ile Ser Thr
485 490 495

Arg Ile Thr Asn Glu Val Pro Asp Val Asn Arg Val Val Leu Asp Val
500 505 510

Thr Ser Lys Pro Pro Gly Thr Ile Glu Trp Glu
515 520

<210> 955

<211> 1486

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1486)

<223> FRXA00487

<400> 955

agggcgccag gggcatccag ccattaaagc ttttcgacga gccctcgccc atgtggccaa 60

agaatcttat ttggaggctc gtctagtaga gtgagttctt gtg agc ctt cag aca 115
Val Ser Leu Gln Thr

1 5

aat cat cgc cca gta ctc gtc gtt gac ttc ggc gca cag tac gcg cag 163
Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly Ala Gln Tyr Ala Gln

10 15 20

ctg atc gca cgt cgt gtg cgt gag gcc ggc atc tac tcc gaa gtc atc 211
Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile Tyr Ser Glu Val Ile

25 30 35

ccg cac acc gcc acc gca gac gat gtg cgc gct aaa aat gca gca gcc 259
Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala Lys Asn Ala Ala Ala

40 45 50

ctc gtc ctt tcc ggt ggc cca tcc tcc gtg tat gcc gag gga gca cca 307
Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr Ala Glu Gly Ala Pro

55 60 65

tcc ctt gac gct gag att ctt gat ctc gga ttg cca gta ttt ggc att 355
Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu Pro Val Phe Gly Ile

70 75 80 85

tgc tac ggc ttc caa gcc atg acc cac gcg ctt ggt ggc acc gtt gcc 403
Cys Tyr Gly Phe Gln Ala Met Thr His Ala Leu Gly Gly Thr Val Ala

90 95 100

aac acc ggt aag cgc gaa tac gga cgc acc gac atc aac gtt gcc ggt 451
Asn Thr Gly Lys Arg Glu Tyr Gly Arg Thr Asp Ile Asn Val Ala Gly

105 110 115

ggc gtc ctc cac gaa ggc ctc gaa gcc tgc cac aag gtg tgg atg agc 499
Gly Val Leu His Glu Gly Leu Glu Ala Cys His Lys Val Trp Met Ser

120 125 130

cac ggc gac gcc gtc tct gaa gcc cca gaa ggt ttc gta gtc acc gcg 547
His Gly Asp Ala Val Ser Glu Ala Pro Glu Gly Phe Val Val Thr Ala

135 140 145

tcc tcc gaa ggt gcg cct gtc gca gct ttc gaa aac aag gaa cgc aaa 595
Ser Ser Glu Gly Ala Pro Val Ala Ala Phe Glu Asn Lys Glu Arg Lys

150 155 160 165

atg gct ggc gtg cag tac cac cca gag gta ttg cac tca cca cac ggc 643
Met Ala Gly Val Gln Tyr His Pro Glu Val Leu His Ser Pro His Gly

170 175 180

cag gca gtt ctg acc cgc ttc ctc act gag atc gca ggt cta gag cag 691
Gln Ala Val Leu Thr Arg Phe Leu Thr Glu Ile Ala Gly Leu Glu Gln

185 190 195

aac tgg acc gca gca aac atc gct gaa gaa ctc atc gaa aag gtc cgc 739
Asn Trp Thr Ala Ala Asn Ile Ala Glu Glu Leu Ile Glu Lys Val Arg

200 205 210

gag cag atc ggc gaa gat ggc cgc gct att tgt ggc cta tcc ggt ggt 787
Glu Gln Ile Gly Glu Asp Gly Arg Ala Ile Cys Gly Leu Ser Gly Gly

215 220 225

gtg gac tcc gct gtt gcc ggt gct ttg gtg cag cgc gcc att ggt gac 835
Val Asp Ser Ala Val Ala Gly Ala Leu Val Gln Arg Ala Ile Gly Asp

230 235 240 245

cgt ttg acc tgt gtc ttt gtt gac cac ggt ctg ctg cgt gcc ggt gag 883
Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu Leu Arg Ala Gly Glu

250 255 260

cgc gag cag gtg gaa aaa gac ttc gtc gca gca acc ggc gcc aag ctg 931
Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala Thr Gly Ala Lys Leu

265 270 275

gtt acc gtt gat gag cgc cag gca ttc cta tcc aag ctg gcc gga gtt 979
Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser Lys Leu Ala Gly Val

280 285 290

acc gaa cca gaa gca aag cgc aag gct atc ggc gct gag ttc atc cgc 1027
Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly Ala Glu Phe Ile Arg

295 300 305

tcc ttc gag cgc gca gtt gcc ggt gtg ctg gaa gaa gct cca gaa ggt 1075
Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu Glu Ala Pro Glu Gly

310 315 320 325

tcc acc gtg gac ttc ctg gtt cag ggc acc ctg tac cca gac gtc gtg 1123
Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu Tyr Pro Asp Val Val

330 335 340

gaa tcc ggt ggt gga tct ggt acc gca aac atc aag agc cac cac aac 1171
Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile Lys Ser His His Asn

345 350 355

gtc ggt gga ctg cca gac gat gtg gaa ttc aag ctt gtt gag cca ctg 1219
Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys Leu Val Glu Pro Leu

360 365 370

cgt gac ctc ttc aaa gac gaa gtc cgt gcc gtt ggc cgt gaa ctt ggc 1267
Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val Gly Arg Glu Leu Gly

375 380 385

ctg cct gag gaa atc gtt ggc cgc cag cca ttc cca gga cca gga ctt 1315
Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe Pro Gly Pro Gly Leu

390 395 400 405

ggc atc cgc atc atc ggt gaa gtc acc gaa gat cgc cta gaa acc ctc 1363
Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp Arg Leu Glu Thr Leu

410 415 420

cgc cac gct gac ctg atc gcc cgc acc gag ctc acc gaa gcc gga ctt 1411
Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu Thr Glu Ala Gly Leu

425 430 435

gac ggc gtg atc tgg cag tgc cca gta gtc ctc ctg gca gat gtc cgc 1459
Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu Leu Ala Asp Val Arg

440 445 450

tct gtt ggt gtt caa ggc gat ggc cgc 1486
Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg

455 460

<210> 956

<211> 462

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 956

Val Ser Leu Gln Thr Asn His Arg Pro Val Leu Val Val Asp Phe Gly
1 5 10 15

Ala Gln Tyr Ala Gln Leu Ile Ala Arg Arg Val Arg Glu Ala Gly Ile
20 25 30

Tyr Ser Glu Val Ile Pro His Thr Ala Thr Ala Asp Asp Val Arg Ala
35 40 45

Lys Asn Ala Ala Ala Leu Val Leu Ser Gly Gly Pro Ser Ser Val Tyr

50 55 60
 Ala Glu Gly Ala Pro Ser Leu Asp Ala Glu Ile Leu Asp Leu Gly Leu
 65 70 75 80
 Pro Val Phe Gly Ile Cys Tyr Gly Phe Gln Ala Met Thr His Ala Leu
 85 90 95
 Gly Gly Thr Val Ala Asn Thr Gly Lys Arg Glu Tyr Gly Arg Thr Asp
 100 105 110
 Ile Asn Val Ala Gly Gly Val Leu His Glu Gly Leu Glu Ala Cys His
 115 120 125
 Lys Val Trp Met Ser His Gly Asp Ala Val Ser Glu Ala Pro Glu Gly
 130 135 140
 Phe Val Val Thr Ala Ser Ser Glu Gly Ala Pro Val Ala Ala Phe Glu
 145 150 155 160
 Asn Lys Glu Arg Lys Met Ala Gly Val Gln Tyr His Pro Glu Val Leu
 165 170 175
 His Ser Pro His Gly Gln Ala Val Leu Thr Arg Phe Leu Thr Glu Ile
 180 185 190
 Ala Gly Leu Glu Gln Asn Trp Thr Ala Ala Asn Ile Ala Glu Glu Leu
 195 200 205
 Ile Glu Lys Val Arg Glu Gln Ile Gly Glu Asp Gly Arg Ala Ile Cys
 210 215 220
 Gly Leu Ser Gly Gly Val Asp Ser Ala Val Ala Gly Ala Leu Val Gln
 225 230 235 240
 Arg Ala Ile Gly Asp Arg Leu Thr Cys Val Phe Val Asp His Gly Leu
 245 250 255
 Leu Arg Ala Gly Glu Arg Glu Gln Val Glu Lys Asp Phe Val Ala Ala
 260 265 270
 Thr Gly Ala Lys Leu Val Thr Val Asp Glu Arg Gln Ala Phe Leu Ser

275 280 285
 Lys Leu Ala Gly Val Thr Glu Pro Glu Ala Lys Arg Lys Ala Ile Gly
 290 295 300
 Ala Glu Phe Ile Arg Ser Phe Glu Arg Ala Val Ala Gly Val Leu Glu
 305 310 315 320
 Glu Ala Pro Glu Gly Ser Thr Val Asp Phe Leu Val Gln Gly Thr Leu
 325 330 335
 Tyr Pro Asp Val Val Glu Ser Gly Gly Gly Ser Gly Thr Ala Asn Ile
 340 345 350
 Lys Ser His His Asn Val Gly Gly Leu Pro Asp Asp Val Glu Phe Lys
 355 360 365
 Leu Val Glu Pro Leu Arg Asp Leu Phe Lys Asp Glu Val Arg Ala Val
 370 375 380
 Gly Arg Glu Leu Gly Leu Pro Glu Glu Ile Val Gly Arg Gln Pro Phe
 385 390 395 400
 Pro Gly Pro Gly Leu Gly Ile Arg Ile Ile Gly Glu Val Thr Glu Asp
 405 410 415
 Arg Leu Glu Thr Leu Arg His Ala Asp Leu Ile Ala Arg Thr Glu Leu
 420 425 430
 Thr Glu Ala Gly Leu Asp Gly Val Ile Trp Gln Cys Pro Val Val Leu
 435 440 445
 Leu Ala Asp Val Arg Ser Val Gly Val Gln Gly Asp Gly Arg
 450 455 460

<210> 957

<211> 693

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(670)

<223> RXA02237

<400> 957

gacgagctgg gcattgctca gacccgtcgt cttcgtggac tgggtgaccg tcagcgtcgc 60

gcacttctcg agcgttttcgg cttcaggat taattcttca gtg tcg ggc gat aac 115
Val Ser Gly Asp Asn

1 5

caa cta gga cgg ctc gta att ctt gcg ggc ccc tca gcg gtc ggt aaa 163
Gln Leu Gly Arg Leu Val Ile Leu Ala Gly Pro Ser Ala Val Gly Lys

10 15 20

tcg act gtg gtt gat cgc ctc cgc aat gac gtt cca aac ctg tat ttc 211
Ser Thr Val Val Asp Arg Leu Arg Asn Asp Val Pro Asn Leu Tyr Phe

25 30 35

agt gtg tcg atg acc act agg gca cct cgt cct ggt gaa gtc gat gga 259
Ser Val Ser Met Thr Thr Arg Ala Pro Arg Pro Gly Glu Val Asp Gly

40 45 50

cgt gac tac ttc tat gtc act gca cag gaa ttt cag gac aaa atc gac 307
Arg Asp Tyr Phe Tyr Val Thr Ala Gln Glu Phe Gln Asp Lys Ile Asp

55 60 65

tgt gga gag atg ctt gaa tgg gca gat atc cac ggc ggt ttg cag cgt 355
Cys Gly Glu Met Leu Glu Trp Ala Asp Ile His Gly Gly Leu Gln Arg

70 75 80 85

tca ggc act cca gca ggt ccc gtc aat gag gct cgc caa aat ggt cgg 403
Ser Gly Thr Pro Ala Gly Pro Val Asn Glu Ala Arg Gln Asn Gly Arg

90 95 100

cca gta ttg gtt gag gtt gat ctt gca gga gcc cga aac atc gct agc 451
Pro Val Leu Val Glu Val Asp Leu Ala Gly Ala Arg Asn Ile Ala Ser

105 110 115

tta att cca gat gca gaa acc atc ttc ctt gct cca cct tca tgg gaa 499
Leu Ile Pro Asp Ala Glu Thr Ile Phe Leu Ala Pro Pro Ser Trp Glu

120	125	130	
g t t t t g g t t g a a c g c c t c a c t g g a c g t g g c a c c g a a a g c g a a g a c g t t 547			
Val Leu Val Glu Arg Leu Thr Gly Arg Gly Thr Glu Ser Glu Asp Val			
135	140	145	
a t t g c t c g c a g g c t c g a g a c c g c a c g c g a a g a a t t g g c t g c t c a g a g c 595			
Ile Ala Arg Arg Leu Glu Thr Ala Arg Glu Glu Leu Ala Ala Gln Ser			
150	155	160	165
g a a t t t a a g c a c g t c a t t a t c a a t g a t g a t g t g g a t a c a g c c g t c a a g 643			
Glu Phe Lys His Val Ile Ile Asn Asp Asp Val Asp Thr Ala Val Lys			
	170	175	180
g c t a t t g a g g a t g t t c t c c t c g g c g c t a g c c a a a a c a t a g a g c g g t 690			
Ala Ile Glu Asp Val Leu Leu Gly Ala			
	185	190	
a g g 693			
<210> 958			
<211> 190			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 958			
Val Ser Gly Asp Asn Gln Leu Gly Arg Leu Val Ile Leu Ala Gly Pro			
1	5	10	15
Ser Ala Val Gly Lys Ser Thr Val Val Asp Arg Leu Arg Asn Asp Val			
20	25	30	
Pro Asn Leu Tyr Phe Ser Val Ser Met Thr Thr Arg Ala Pro Arg Pro			
35	40	45	
Gly Glu Val Asp Gly Arg Asp Tyr Phe Tyr Val Thr Ala Gln Glu Phe			
50	55	60	
Gln Asp Lys Ile Asp Cys Gly Glu Met Leu Glu Trp Ala Asp Ile His			
65	70	75	80
Gly Gly Leu Gln Arg Ser Gly Thr Pro Ala Gly Pro Val Asn Glu Ala			

85

90

95

Arg Gln Asn Gly Arg Pro Val Leu Val Glu Val Asp Leu Ala Gly Ala
100 105 110

Arg Asn Ile Ala Ser Leu Ile Pro Asp Ala Glu Thr Ile Phe Leu Ala
115 120 125

Pro Pro Ser Trp Glu Val Leu Val Glu Arg Leu Thr Gly Arg Gly Thr
130 135 140

Glu Ser Glu Asp Val Ile Ala Arg Arg Leu Glu Thr Ala Arg Glu Glu
145 150 155 160

Leu Ala Ala Gln Ser Glu Phe Lys His Val Ile Ile Asn Asp Asp Val
165 170 175

Asp Thr Ala Val Lys Ala Ile Glu Asp Val Leu Leu Gly Ala
180 185 190

<210> 959

<211> 1413

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1390)

<223> RXA01446

<400> 959

gatgattaaa aacctcacat gggatagtaa gatgaaataa cgtctgtgtg cgcacacgcg 60

tgcatactcc aacttcattg atcggatgtg acgtaaacca atg gct gca atc gtt 115
Met Ala Ala Ile Val

1 5

att gtc ggc gct caa tgg ggc gat gaa ggc aaa ggt aag gcc acg gat 163
Ile Val Gly Ala Gln Trp Gly Asp Glu Gly Lys Gly Lys Ala Thr Asp

10 15 20

att ctc ggc gga ctc gtc gat tac gtg gtt aag ccc aat ggc ggt aac 211
Ile Leu Gly Gly Leu Val Asp Tyr Val Val Lys Pro Asn Gly Gly Asn

25	30	35	
aac gct gga cac act gtt gtg gtc ggc ggc gag aag tac gag cta aag			259
Asn Ala Gly His Thr Val Val Val Gly Gly Glu Lys Tyr Glu Leu Lys			
40	45	50	
ctc ctt cct gcc ggc gtc ctc tcc gaa acg gcc acc cca att ttg ggc			307
Leu Leu Pro Ala Gly Val Leu Ser Glu Thr Ala Thr Pro Ile Leu Gly			
55	60	65	
aac ggc gtt gtg atc aac ctt gag gca ctg ttc gaa gaa atc gac ggc			355
Asn Gly Val Val Ile Asn Leu Glu Ala Leu Phe Glu Glu Ile Asp Gly			
70	75	80	85
ctt gag gct cgc ggt gcg gat gca tcc cgc ctg cgc atc tct gca aac			403
Leu Glu Ala Arg Gly Ala Asp Ala Ser Arg Leu Arg Ile Ser Ala Asn			
90	95	100	
gct cac ctg gtt gct cca tac cac cag gtg atg gac cgt gtt cag gaa			451
Ala His Leu Val Ala Pro Tyr His Gln Val Met Asp Arg Val Gln Glu			
105	110	115	
cgc ttc ctg ggc aag cgc gca atc ggc acc acc ggc cgt ggc atc ggc			499
Arg Phe Leu Gly Lys Arg Ala Ile Gly Thr Thr Gly Arg Gly Ile Gly			
120	125	130	
cca acc tac gcg gac aaa gta tcc cgc gtg gga atc cgt gtt caa gac			547
Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Val Ser Arg Val Gly Ile Arg Val Gln Asp			
135	140	145	
att ttc gac gaa tcc atc ctt cgt caa aaa gtc gaa tcc gcc ctg gat			595
Ile Phe Asp Glu Ser Ile Leu Arg Gln Lys Val Glu Ser Ala Leu Asp			
150	155	160	165
tac aaa aac cag gtg ctg gtg aag atg tac aac cgc aag gcc atc gtc			643
Tyr Lys Asn Gln Val Leu Val Lys Met Tyr Asn Arg Lys Ala Ile Val			
170	175	180	
gct gag gaa atc gtg cag tac ttc ctc tcc tac gct gat cgt ctg cgc			691
Ala Glu Glu Ile Val Gln Tyr Phe Leu Ser Tyr Ala Asp Arg Leu Arg			

185	190	195	
ccc atg gtc atc gat gcc acc ttg gtg ctc aac gag gca ctt gat cag			739
Pro Met Val Ile Asp Ala Thr Leu Val Leu Asn Glu Ala Leu Asp Gln			
200	205	210	
ggc aag cac gtt ctt atg gaa ggt ggc cag gca acc atg ctc gac gtg			787
Gly Lys His Val Leu Met Glu Gly Gly Gln Ala Thr Met Leu Asp Val			
215	220	225	
gac cac ggc acc tac cca ttc gtc acc tcc tcc aac cca acc gcc ggt			835
Asp His Gly Thr Tyr Pro Phe Val Thr Ser Ser Asn Pro Thr Ala Gly			
230	235	240	245
ggc gca agt gtt ggt tca ggt atc ggc cca acc aag atc acc agc tcc			883
Gly Ala Ser Val Gly Ser Gly Ile Gly Pro Thr Lys Ile Thr Ser Ser			
250	255	260	
ttg ggt atc atc aag gcc tac acc act cgt gtt ggt gcc ggc cca ttc			931
Leu Gly Ile Ile Lys Ala Tyr Thr Thr Arg Val Gly Ala Gly Pro Phe			
265	270	275	
cca act gag ctg ttt gat aag tgg ggc gag tac ctg cag acc gtc ggt			979
Pro Thr Glu Leu Phe Asp Lys Trp Gly Glu Tyr Leu Gln Thr Val Gly			
280	285	290	
ggc gag gtc ggc gtg aac acc ggc cgt aag cgt cgc tgt ggc tgg tac			1027
Gly Glu Val Gly Val Asn Thr Gly Arg Lys Arg Arg Cys Gly Trp Tyr			
295	300	305	
gac tcc gtg att gct cgt tac gca tcc cgc gtc aac gga ttc acc gac			1075
Asp Ser Val Ile Ala Arg Tyr Ala Ser Arg Val Asn Gly Phe Thr Asp			
310	315	320	325
tac ttc ctg acc aag cta gac gtg ctc acc ggc atc ggt gaa atc cca			1123
Tyr Phe Leu Thr Lys Leu Asp Val Leu Thr Gly Ile Gly Glu Ile Pro			
330	335	340	
atc tgc gta gct tac gac gtt gat ggt gtt cgc cac gat gaa atg cca			1171
Ile Cys Val Ala Tyr Asp Val Asp Gly Val Arg His Asp Glu Met Pro			

345 350 355
 ctg acc cag tca gag ttc cac cac gca acc cca atc ttt gaa acc atg 1219
 Leu Thr Gln Ser Glu Phe His His Ala Thr Pro Ile Phe Glu Thr Met

360 365 370
 cct gca tgg gac gaa gac atc acc gac tgc aag acc ttc gag gat ctt 1267
 Pro Ala Trp Asp Glu Asp Ile Thr Asp Cys Lys Thr Phe Glu Asp Leu

375 380 385
 cca caa aag gcc cag gac tac gtc cga cgt ctg gaa gaa ctc tct ggt 1315
 Pro Gln Lys Ala Gln Asp Tyr Val Arg Arg Leu Glu Glu Leu Ser Gly

390 395 400 405
 gct cgc ttc tcc tac atc ggt gtt gga cct ggt cgc gat cag acc atc 1363
 Ala Arg Phe Ser Tyr Ile Gly Val Gly Pro Gly Arg Asp Gln Thr Ile

410 415 420
 gtc ctg cat gac gta cta gct gac aac tagtactgat aaacatcagt 1410
 Val Leu His Asp Val Leu Ala Asp Asn

425 430
 gag 1413

<210> 960
 <211> 430
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 960
 Met Ala Ala Ile Val Ile Val Gly Ala Gln Trp Gly Asp Glu Gly Lys
 1 5 10 15

Gly Lys Ala Thr Asp Ile Leu Gly Gly Leu Val Asp Tyr Val Val Lys
 20 25 30

Pro Asn Gly Gly Asn Asn Ala Gly His Thr Val Val Val Gly Gly Glu
 35 40 45

Lys Tyr Glu Leu Lys Leu Leu Pro Ala Gly Val Leu Ser Glu Thr Ala
 50 55 60

Thr Pro Ile Leu Gly Asn Gly Val Val Ile Asn Leu Glu Ala Leu Phe
65 70 75 80

Glu Glu Ile Asp Gly Leu Glu Ala Arg Gly Ala Asp Ala Ser Arg Leu
85 90 95

Arg Ile Ser Ala Asn Ala His Leu Val Ala Pro Tyr His Gln Val Met
100 105 110

Asp Arg Val Gln Glu Arg Phe Leu Gly Lys Arg Ala Ile Gly Thr Thr
115 120 125

Gly Arg Gly Ile Gly Pro Thr Tyr Ala Asp Lys Val Ser Arg Val Gly
130 135 140

Ile Arg Val Gln Asp Ile Phe Asp Glu Ser Ile Leu Arg Gln Lys Val
145 150 155 160

Glu Ser Ala Leu Asp Tyr Lys Asn Gln Val Leu Val Lys Met Tyr Asn
165 170 175

Arg Lys Ala Ile Val Ala Glu Glu Ile Val Gln Tyr Phe Leu Ser Tyr
180 185 190

Ala Asp Arg Leu Arg Pro Met Val Ile Asp Ala Thr Leu Val Leu Asn
195 200 205

Glu Ala Leu Asp Gln Gly Lys His Val Leu Met Glu Gly Gly Gln Ala
210 215 220

Thr Met Leu Asp Val Asp His Gly Thr Tyr Pro Phe Val Thr Ser Ser
225 230 235 240

Asn Pro Thr Ala Gly Gly Ala Ser Val Gly Ser Gly Ile Gly Pro Thr
245 250 255

Lys Ile Thr Ser Ser Leu Gly Ile Ile Lys Ala Tyr Thr Thr Arg Val
260 265 270

Gly Ala Gly Pro Phe Pro Thr Glu Leu Phe Asp Lys Trp Gly Glu Tyr

275 280 285
 Leu Gln Thr Val Gly Gly Glu Val Gly Val Asn Thr Gly Arg Lys Arg
 290 295 300
 Arg Cys Gly Trp Tyr Asp Ser Val Ile Ala Arg Tyr Ala Ser Arg Val
 305 310 315 320
 Asn Gly Phe Thr Asp Tyr Phe Leu Thr Lys Leu Asp Val Leu Thr Gly
 325 330 335
 Ile Gly Glu Ile Pro Ile Cys Val Ala Tyr Asp Val Asp Gly Val Arg
 340 345 350
 His Asp Glu Met Pro Leu Thr Gln Ser Glu Phe His His Ala Thr Pro
 355 360 365
 Ile Phe Glu Thr Met Pro Ala Trp Asp Glu Asp Ile Thr Asp Cys Lys
 370 375 380
 Thr Phe Glu Asp Leu Pro Gln Lys Ala Gln Asp Tyr Val Arg Arg Leu
 385 390 395 400
 Glu Glu Leu Ser Gly Ala Arg Phe Ser Tyr Ile Gly Val Gly Pro Gly
 405 410 415
 Arg Asp Gln Thr Ile Val Leu His Asp Val Leu Ala Asp Asn
 420 425 430

 <210> 961
 <211> 1551
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1528)
 <223> RXA00619

 <400> 961
 tcaaaggaag acaccattga aggtgtgcgc aaaatcggag aattcatcaa aaaatagcag 60

 cgactaggtt agtttcggtt cgtggggaat aataatttgc gtg gct gat aaa aag 115

	Val Ala Asp Lys Lys	
	1	5
aag atc gca aac gtc ctg tgc aac cgt tac gcc tcc gcg gaa ctt tct		163
Lys Ile Ala Asn Val Leu Ser Asn Arg Tyr Ala Ser Ala Glu Leu Ser		
10	15	20
aac ctg tgg agt gcc gaa gag aag atc atc atg gag cgc cag ctc tgg		211
Asn Leu Trp Ser Ala Glu Glu Lys Ile Ile Met Glu Arg Gln Leu Trp		
25	30	35
atc gcc gtg atg aaa gcc cag aaa gat ttg gga gtt gag atc cct gcc		259
Ile Ala Val Met Lys Ala Gln Lys Asp Leu Gly Val Glu Ile Pro Ala		
40	45	50
gag gca att gaa tcc tat gaa gca gtg atc gac cag gtt gat ttg gca		307
Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Glu Ala Val Ile Asp Gln Val Asp Leu Ala		
55	60	65
agc atc gcc gat cgt gag cgc gtc acc cgc cac gat gtg aag gcc cgc		355
Ser Ile Ala Asp Arg Glu Arg Val Thr Arg His Asp Val Lys Ala Arg		
70	75	80
atc gaa gaa ttc aat gca ctg gct ggc cat gag cac atc cac aag ggc		403
Ile Glu Glu Phe Asn Ala Leu Ala Gly His Glu His Ile His Lys Gly		
90	95	100
atg acc tcc cgc gac ctc acc gaa aat gtt gaa cag ctg cag atc cac		451
Met Thr Ser Arg Asp Leu Thr Glu Asn Val Glu Gln Leu Gln Ile His		
105	110	115
cgc tcc ctt gag ctg gtc cgc aac aag ggc att gca gtt gtt gca gct		499
Arg Ser Leu Glu Leu Val Arg Asn Lys Gly Ile Ala Val Val Ala Ala		
120	125	130
atc gga tcc cgc gca gcg cag tac caa agc ctg gtc atg gct ggc cgt		547
Ile Gly Ser Arg Ala Ala Gln Tyr Gln Ser Leu Val Met Ala Gly Arg		
135	140	145
tcc cac aac gtg gca gcg cag gca act acc ttg ggc aag cgt ttc gca		595

Ser His Asn Val Ala Ala Gln Ala Thr Thr Leu Gly Lys Arg Phe Ala
150 155 160 165
acc gca gct gat gaa atg ctc gtg gca ctt gag cgc gtc acc gaa ctg 643
Thr Ala Ala Asp Glu Met Leu Val Ala Leu Glu Arg Val Thr Glu Leu
170 175 180
ctc aac cgc tac cca ctt cgc gga atc aag ggc cca atg gga acc gcc 691
Leu Asn Arg Tyr Pro Leu Arg Gly Ile Lys Gly Pro Met Gly Thr Ala
185 190 195
caa gac atg ctt gac ctc atg gaa ggc gac gag gct cgt ctc tcc gat 739
Gln Asp Met Leu Asp Leu Met Glu Gly Asp Glu Ala Arg Leu Ser Asp
200 205 210
ctg gaa acc cgc atc gca gca cac ctc ggc ttt gat cgc gtc ttc gac 787
Leu Glu Thr Arg Ile Ala Ala His Leu Gly Phe Asp Arg Val Phe Asp
215 220 225
tcc gtc ggc cag gtc tac cca cgt tcc ctt gac ttc gat gca gta tct 835
Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp Phe Asp Ala Val Ser
230 235 240 245
gct ctg gtt cag ctt ggc tcc ggc cca tca tcg ctg tcc cac acc att 883
Ala Leu Val Gln Leu Gly Ser Gly Pro Ser Ser Leu Ser His Thr Ile
250 255 260
cgt ctc atg gcc ggc acc gaa act gtt acc gaa ggt ttt aag gaa ggc 931
Arg Leu Met Ala Gly Thr Glu Thr Val Thr Glu Gly Phe Lys Glu Gly
265 270 275
cag gtc ggt tcc tct gca atg cct cac aag atg aac gct cgc tcc tgt 979
Gln Val Gly Ser Ser Ala Met Pro His Lys Met Asn Ala Arg Ser Cys
280 285 290
gag cgc gtg ggc ggc ctg cag gtt att ctt cgc gga tac ctc acc atg 1027
Glu Arg Val Gly Gly Leu Gln Val Ile Leu Arg Gly Tyr Leu Thr Met
295 300 305
gtt gct gat ctt tcc ggc cag cag tgg aac gaa ggc gat gtc ttc tgc 1075

Val	Ala	Asp	Leu	Ser	Gly	Gln	Gln	Trp	Asn	Glu	Gly	Asp	Val	Phe	Cys	
310					315					320					325	
tcc	gtg	atc	cgc	cgc	gtt	gca	ctg	cca	gac	gca	ttc	ttc	gcg	att	gac	1123
Ser	Val	Ile	Arg	Arg	Val	Ala	Leu	Pro	Asp	Ala	Phe	Phe	Ala	Ile	Asp	
					330					335					340	
gga	atg	ttt	gaa	act	ttc	ctg	aca	gtc	ctg	gat	gaa	ttc	ggt	gca	ttc	1171
Gly	Met	Phe	Glu	Thr	Phe	Leu	Thr	Val	Leu	Asp	Glu	Phe	Gly	Ala	Phe	
					345					350					355	
cct	gcc	atg	atc	gag	cgc	gaa	ctt	gag	cgt	tac	ctg	cca	ttc	ctg	gca	1219
Pro	Ala	Met	Ile	Glu	Arg	Glu	Leu	Glu	Arg	Tyr	Leu	Pro	Phe	Leu	Ala	
					360					365					370	
act	acc	cgt	atc	ctc	atg	gcc	gct	gtc	cgc	gca	ggc	gtt	ggc	cgc	gaa	1267
Thr	Thr	Arg	Ile	Leu	Met	Ala	Ala	Val	Arg	Ala	Gly	Val	Gly	Arg	Glu	
					375					380					385	
acc	gca	cac	gaa	gta	atc	aag	gaa	aac	gct	gtc	gcg	gtt	gcc	ctc	aac	1315
Thr	Ala	His	Glu	Val	Ile	Lys	Glu	Asn	Ala	Val	Ala	Val	Ala	Leu	Asn	
390					395					400					405	
atg	cgc	gaa	aat	ggc	ggt	gac	cag	gac	ctt	atc	cag	cgc	ctc	gct	gct	1363
Met	Arg	Glu	Asn	Gly	Gly	Asp	Gln	Asp	Leu	Ile	Gln	Arg	Leu	Ala	Ala	
					410					415					420	
gat	gag	cgc	ctc	cca	atg	agc	gaa	gct	gac	ctt	gag	gca	gcg	ctg	gct	1411
Asp	Glu	Arg	Leu	Pro	Met	Ser	Glu	Ala	Asp	Leu	Glu	Ala	Ala	Leu	Ala	
					425					430					435	
gac	cgc	cac	gcc	ttc	atc	ggt	gcc	gct	gag	tcc	cag	gtc	tcc	cgt	gtg	1459
Asp	Arg	His	Ala	Phe	Ile	Gly	Ala	Ala	Glu	Ser	Gln	Val	Ser	Arg	Val	
					440					445					450	
ctc	gac	cgc	att	cag	gtg	ctt	gtc	gac	gcc	cac	ccc	ggc	gcc	gca	gac	1507
Leu	Asp	Arg	Ile	Gln	Val	Leu	Val	Asp	Ala	His	Pro	Gly	Ala	Ala	Asp	
					455					460					465	
tac	cga	cca	ggt	gag	att	ctt	taaaggtttt	taacggcggtt	cac							1551

Tyr Arg Pro Gly Glu Ile Leu

470

475

<210> 962

<211> 476

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 962

Val Ala Asp Lys Lys Lys Ile Ala Asn Val Leu Ser Asn Arg Tyr Ala
1 5 10 15

Ser Ala Glu Leu Ser Asn Leu Trp Ser Ala Glu Glu Lys Ile Ile Met
20 25 30

Glu Arg Gln Leu Trp Ile Ala Val Met Lys Ala Gln Lys Asp Leu Gly
35 40 45

Val Glu Ile Pro Ala Glu Ala Ile Glu Ser Tyr Glu Ala Val Ile Asp
50 55 60

Gln Val Asp Leu Ala Ser Ile Ala Asp Arg Glu Arg Val Thr Arg His
65 70 75 80

Asp Val Lys Ala Arg Ile Glu Glu Phe Asn Ala Leu Ala Gly His Glu
85 90 95

His Ile His Lys Gly Met Thr Ser Arg Asp Leu Thr Glu Asn Val Glu
100 105 110

Gln Leu Gln Ile His Arg Ser Leu Glu Leu Val Arg Asn Lys Gly Ile
115 120 125

Ala Val Val Ala Ala Ile Gly Ser Arg Ala Ala Gln Tyr Gln Ser Leu
130 135 140

Val Met Ala Gly Arg Ser His Asn Val Ala Ala Gln Ala Thr Thr Leu
145 150 155 160

Gly Lys Arg Phe Ala Thr Ala Ala Asp Glu Met Leu Val Ala Leu Glu
165 170 175

Arg Val Thr Glu Leu Leu Asn Arg Tyr Pro Leu Arg Gly Ile Lys Gly
180 185 190

Pro Met Gly Thr Ala Gln Asp Met Leu Asp Leu Met Glu Gly Asp Glu
195 200 205

Ala Arg Leu Ser Asp Leu Glu Thr Arg Ile Ala Ala His Leu Gly Phe
210 215 220

Asp Arg Val Phe Asp Ser Val Gly Gln Val Tyr Pro Arg Ser Leu Asp
225 230 235 240

Phe Asp Ala Val Ser Ala Leu Val Gln Leu Gly Ser Gly Pro Ser Ser
245 250 255

Leu Ser His Thr Ile Arg Leu Met Ala Gly Thr Glu Thr Val Thr Glu
260 265 270

Gly Phe Lys Glu Gly Gln Val Gly Ser Ser Ala Met Pro His Lys Met
275 280 285

Asn Ala Arg Ser Cys Glu Arg Val Gly Gly Leu Gln Val Ile Leu Arg
290 295 300

Gly Tyr Leu Thr Met Val Ala Asp Leu Ser Gly Gln Gln Trp Asn Glu
305 310 315 320

Gly Asp Val Phe Cys Ser Val Ile Arg Arg Val Ala Leu Pro Asp Ala
325 330 335

Phe Phe Ala Ile Asp Gly Met Phe Glu Thr Phe Leu Thr Val Leu Asp
340 345 350

Glu Phe Gly Ala Phe Pro Ala Met Ile Glu Arg Glu Leu Glu Arg Tyr
355 360 365

Leu Pro Phe Leu Ala Thr Thr Arg Ile Leu Met Ala Ala Val Arg Ala
370 375 380

Gly Val Gly Arg Glu Thr Ala His Glu Val Ile Lys Glu Asn Ala Val

385 390 395 400

Ala Val Ala Leu Asn Met Arg Glu Asn Gly Gly Asp Gln Asp Leu Ile
405 410 415

Gln Arg Leu Ala Ala Asp Glu Arg Leu Pro Met Ser Glu Ala Asp Leu
420 425 430

Glu Ala Ala Leu Ala Asp Arg His Ala Phe Ile Gly Ala Ala Glu Ser
435 440 445

Gln Val Ser Arg Val Leu Asp Arg Ile Gln Val Leu Val Asp Ala His
450 455 460

Pro Gly Ala Ala Asp Tyr Arg Pro Gly Glu Ile Leu
465 470 475

<210> 963
<211> 666
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(643)
<223> RXA00688

<400> 963
gcggaaccgc aatcttgatt cttgtatctg ttgcactgac cacagtgaag cagattgaga 60

gccagctcct gcaaagcaac tacgaaggac ttctaaaata atg cga ctc gta ctc 115
Met Arg Leu Val Leu

1 5

ctc gga cct ccc ggt gct ggt aag ggc acc cag gct gca att ctc tct 163
Leu Gly Pro Pro Gly Ala Gly Lys Gly Thr Gln Ala Ala Ile Leu Ser

10 15 20

gag aag ctt ggc att cct cac att tct act ggc gat ctt ttc cgc gcc 211
Glu Lys Leu Gly Ile Pro His Ile Ser Thr Gly Asp Leu Phe Arg Ala

25 30 35

aac att ggc gaa ggt acc cct ctg ggt atc gag gcc aag cag tac atc 259
Asn Ile Gly Glu Gly Thr Pro Leu Gly Ile Glu Ala Lys Gln Tyr Ile

40 45 50

gac gct ggc aag ctg gtt cca acc gac gtg act gca cgt atg gtt gct 307
Asp Ala Gly Lys Leu Val Pro Thr Asp Val Thr Ala Arg Met Val Ala

55 60 65

tcc cgc ctt gct gag tcc gat gct gca gaa ggc ttc ctt ttg gat ggt 355
Ser Arg Leu Ala Glu Ser Asp Ala Ala Glu Gly Phe Leu Leu Asp Gly

70 75 80 85

ttc cca cgc acc gtt gag cag gct gac atc ttg gct aac ctg ctt tcc 403
Phe Pro Arg Thr Val Glu Gln Ala Asp Ile Leu Ala Asn Leu Leu Ser

90 95 100

gaa gct ggc cag acc ctc gat ggt gtt gtt aac tac cag gtt tct gaa 451
Glu Ala Gly Gln Thr Leu Asp Gly Val Val Asn Tyr Gln Val Ser Glu

105 110 115

gac gtc gtc gtg gag cgc atg ctg tcc cgt ggt cgc gct gat gac aac 499
Asp Val Val Val Glu Arg Met Leu Ser Arg Gly Arg Ala Asp Asp Asn

120 125 130

gaa gag acc atc cgc acc cgt ctc ggt gtc tac cgc gac gag act gct 547
Glu Glu Thr Ile Arg Thr Arg Leu Gly Val Tyr Arg Asp Glu Thr Ala

135 140 145

cct ctg atc gat cac tac ggt gac aag atc atc aac att gag gct gaa 595
Pro Leu Ile Asp His Tyr Gly Asp Lys Ile Ile Asn Ile Glu Ala Glu

150 155 160 165

ggc gaa gtc gaa gag atc aac gct cgt acc ctc aag gca ctg ggc aaa 643
Gly Glu Val Glu Glu Ile Asn Ala Arg Thr Leu Lys Ala Leu Gly Lys

170 175 180

taagatttct tctctagtgc tgc 666

<210> 964

<211> 181

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 964

Met Arg Leu Val Leu Leu Gly Pro Pro Gly Ala Gly Lys Gly Thr Gln
1 5 10 15

Ala Ala Ile Leu Ser Glu Lys Leu Gly Ile Pro His Ile Ser Thr Gly
20 25 30

Asp Leu Phe Arg Ala Asn Ile Gly Glu Gly Thr Pro Leu Gly Ile Glu
35 40 45

Ala Lys Gln Tyr Ile Asp Ala Gly Lys Leu Val Pro Thr Asp Val Thr
50 55 60

Ala Arg Met Val Ala Ser Arg Leu Ala Glu Ser Asp Ala Ala Glu Gly
65 70 75 80

Phe Leu Leu Asp Gly Phe Pro Arg Thr Val Glu Gln Ala Asp Ile Leu
85 90 95

Ala Asn Leu Leu Ser Glu Ala Gly Gln Thr Leu Asp Gly Val Val Asn
100 105 110

Tyr Gln Val Ser Glu Asp Val Val Val Glu Arg Met Leu Ser Arg Gly
115 120 125

Arg Ala Asp Asp Asn Glu Glu Thr Ile Arg Thr Arg Leu Gly Val Tyr
130 135 140

Arg Asp Glu Thr Ala Pro Leu Ile Asp His Tyr Gly Asp Lys Ile Ile
145 150 155 160

Asn Ile Glu Ala Glu Gly Glu Val Glu Glu Ile Asn Ala Arg Thr Leu
165 170 175

Lys Ala Leu Gly Lys
180

<210> 965

<211> 531

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(508)

<223> RXA00266

<400> 965

agtaggggat cgtccagcga agcggtcgca gaggctgtga ggaagctcta agtcgactta 60

agtgcgcgaa gcagaccacc attaggtaga atcacccaac atg act gaa cgt act 115
Met Thr Glu Arg Thr

1 5

ctc atc ctt atc aag cca gac ggt gtt acc aac gga cac gtc ggc gaa 163
Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn Gly His Val Gly Glu

10 15 20

atc atc gca cgt att gag cgc aag ggc ctg aag ctc gct gct ctg gat 211
Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys Leu Ala Ala Leu Asp

25 30 35

ctg cgt gtt gca gac cgc gag acc gct gaa aag cac tac gaa gag cac 259
Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys His Tyr Glu Glu His

40 45 50

gct gac aag cca ttc ttc ggt gag ctc gtt gaa ttc atc acc tct gca 307
Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu Phe Ile Thr Ser Ala

55 60 65

cct ctg atc gca ggc atc gtc gaa ggc gag cgt gca atc gat gca tgg 355
Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg Ala Ile Asp Ala Trp

70 75 80 85

cgt cag ctt gct ggt ggc acc gac cca gtt gct aag gca acc cca ggc 403
Arg Gln Leu Ala Gly Gly Thr Asp Pro Val Ala Lys Ala Thr Pro Gly

90 95 100

acc atc cgc ggc gat ttc gca ctg act gtt gga gag aac gtt gtt cac 451
Thr Ile Arg Gly Asp Phe Ala Leu Thr Val Gly Glu Asn Val Val His

105 110 115

ggt tct gat tcc cca gag tcc gct gag cgc gag atc tcc atc tgg ttc 499
Gly Ser Asp Ser Pro Glu Ser Ala Glu Arg Glu Ile Ser Ile Trp Phe

120 125 130

cct aac ctg taatttttac ggtagaaaa aaa 531
Pro Asn Leu

135

<210> 966

<211> 136

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 966

Met Thr Glu Arg Thr Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn
1 5 10 15

Gly His Val Gly Glu Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys
20 25 30

Leu Ala Ala Leu Asp Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys
35 40 45

His Tyr Glu Glu His Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu
50 55 60

Phe Ile Thr Ser Ala Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg
65 70 75 80

Ala Ile Asp Ala Trp Arg Gln Leu Ala Gly Gly Thr Asp Pro Val Ala
85 90 95

Lys Ala Thr Pro Gly Thr Ile Arg Gly Asp Phe Ala Leu Thr Val Gly
100 105 110

Glu Asn Val Val His Gly Ser Asp Ser Pro Glu Ser Ala Glu Arg Glu
115 120 125

Ile Ser Ile Trp Phe Pro Asn Leu
130 135

<210> 967
 <211> 1245
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1222)
 <223> RXA00489

<400> 967
 cagcccgatt tcttcattga aatcgggctg tttctggttg tgctcgctat ctcggtataa 60

gtcttcgtcg tatacgacca tttaaggag gcccgtcaca atg cgt gac cac gtt 115
 Met Arg Asp His Val

1 5

gaa atc ggt atc ggc cgt gag gca cga cgc acc tac agc ttg gac gat 163
 Glu Ile Gly Ile Gly Arg Glu Ala Arg Arg Thr Tyr Ser Leu Asp Asp

10 15 20

att tct gtc gtt tct agc cgc cgc acc cgt tca tcc aaa gat gtc gac 211
 Ile Ser Val Val Ser Ser Arg Arg Thr Arg Ser Ser Lys Asp Val Asp

25 30 35

acc act tgg cat att gac gcc tac aag ttt gat ctg ccg ttc atg aat 259
 Thr Thr Trp His Ile Asp Ala Tyr Lys Phe Asp Leu Pro Phe Met Asn

40 45 50

cac cca agt gat gca ttg gca agc cct gag ttt gtc att gaa atg ggc 307
 His Pro Ser Asp Ala Leu Ala Ser Pro Glu Phe Val Ile Glu Met Gly

55 60 65

aag cag ggt ggc ctt ggc gtg atc aac gct gag ggt ctg tgg ggt cgc 355
 Lys Gln Gly Gly Leu Gly Val Ile Asn Ala Glu Gly Leu Trp Gly Arg

70 75 80 85

cat gct gat ctc gat gag gcg atc gca aag gtg att gct gcg tat gag 403
 His Ala Asp Leu Asp Glu Ala Ile Ala Lys Val Ile Ala Ala Tyr Glu

90 95 100

gaa ggc gac cag gct gca gcc act cgc act ctt cag gag ctg cac gca 451
Glu Gly Asp Gln Ala Ala Ala Thr Arg Thr Leu Gln Glu Leu His Ala

105 110 115

gcg cca ctg gat act gag ctg ctg agt gag cgc att gcg cag gtt cgt 499
Ala Pro Leu Asp Thr Glu Leu Leu Ser Glu Arg Ile Ala Gln Val Arg

120 125 130

gat tcc ggt gag atc gtt gct gtg cgc gtg tct cca caa aat gtt cgt 547
Asp Ser Gly Glu Ile Val Ala Val Arg Val Ser Pro Gln Asn Val Arg

135 140 145

gag atc gca cca atc gtc atc aag gca ggt gct gat ctg ctg gtt atc 595
Glu Ile Ala Pro Ile Val Ile Lys Ala Gly Ala Asp Leu Leu Val Ile

150 155 160 165

cag ggc acc ctg atc tct gca gag cac gtc aac acc ggt gga gag gcc 643
Gln Gly Thr Leu Ile Ser Ala Glu His Val Asn Thr Gly Gly Glu Ala

170 175 180

ctg aac cta aag gaa ttc atc ggt tct ttg gat gtt cct gtc atc gct 691
Leu Asn Leu Lys Glu Phe Ile Gly Ser Leu Asp Val Pro Val Ile Ala

185 190 195

ggt ggc gtg aac gat tac acc acc gcg ttg cac atg atg cgt acc ggt 739
Gly Gly Val Asn Asp Tyr Thr Thr Ala Leu His Met Met Arg Thr Gly

200 205 210

gct gtg ggc atc atc gtc ggt ggc ggc gag aac acc aac agc cta gca 787
Ala Val Gly Ile Ile Val Gly Gly Gly Glu Asn Thr Asn Ser Leu Ala

215 220 225

ttg ggc atg gag gta tcc atg gcc act gcg att gct gat gtc gct gcg 835
Leu Gly Met Glu Val Ser Met Ala Thr Ala Ile Ala Asp Val Ala Ala

230 235 240 245

gca cgt cgt gat tac ctg gat gag acc ggt gga cgt tac gtg cac atc 883
Ala Arg Arg Asp Tyr Leu Asp Glu Thr Gly Gly Arg Tyr Val His Ile

250 255 260

att gca gat gga agc att gaa aac tcc ggt gat gta gtc aag gct att 931
Ile Ala Asp Gly Ser Ile Glu Asn Ser Gly Asp Val Val Lys Ala Ile

265 270 275

gcc tgt ggc gca gat gct gtg gtg ctg ggt tca ccg ttg gct cgc gct 979
Ala Cys Gly Ala Asp Ala Val Val Leu Gly Ser Pro Leu Ala Arg Ala

280 285 290

gaa gaa gct gct gga aag ggc tac ttc tgg cca gca gtg gca gcg cac 1027
Glu Glu Ala Ala Gly Lys Gly Tyr Phe Trp Pro Ala Val Ala Ala His

295 300 305

cct cgt ttc cca cgc ggt gtg gtt act gag tcc gtg gac ttg gat gag 1075
Pro Arg Phe Pro Arg Gly Val Val Thr Glu Ser Val Asp Leu Asp Glu

310 315 320 325

gca gca cca agc ttg gag cag att ctg cat ggt ccg tct acg atg ccg 1123
Ala Ala Pro Ser Leu Glu Gln Ile Leu His Gly Pro Ser Thr Met Pro

330 335 340

tgg ggt gtg gaa aac ttc gaa ggt gga tta aag cgt gcg ctg gct aag 1171
Trp Gly Val Glu Asn Phe Glu Gly Gly Leu Lys Arg Ala Leu Ala Lys

345 350 355

tgt ggc tac acc gat ttg aag agc ttc caa aag gta agc ctg cac gtt 1219
Cys Gly Tyr Thr Asp Leu Lys Ser Phe Gln Lys Val Ser Leu His Val

360 365 370

aac taggtgtgtg tactcgctc ttc 1245
Asn

<210> 968

<211> 374

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 968

Met Arg Asp His Val Glu Ile Gly Ile Gly Arg Glu Ala Arg Arg Thr

1	5	10	15
Tyr Ser Leu Asp Asp Ile Ser Val Val Ser Ser Arg Arg Thr Arg Ser	20	25	30
Ser Lys Asp Val Asp Thr Thr Trp His Ile Asp Ala Tyr Lys Phe Asp	35	40	45
Leu Pro Phe Met Asn His Pro Ser Asp Ala Leu Ala Ser Pro Glu Phe	50	55	60
Val Ile Glu Met Gly Lys Gln Gly Gly Leu Gly Val Ile Asn Ala Glu	65	70	75
Gly Leu Trp Gly Arg His Ala Asp Leu Asp Glu Ala Ile Ala Lys Val	85	90	95
Ile Ala Ala Tyr Glu Glu Gly Asp Gln Ala Ala Ala Thr Arg Thr Leu	100	105	110
Gln Glu Leu His Ala Ala Pro Leu Asp Thr Glu Leu Leu Ser Glu Arg	115	120	125
Ile Ala Gln Val Arg Asp Ser Gly Glu Ile Val Ala Val Arg Val Ser	130	135	140
Pro Gln Asn Val Arg Glu Ile Ala Pro Ile Val Ile Lys Ala Gly Ala	145	150	155
Asp Leu Leu Val Ile Gln Gly Thr Leu Ile Ser Ala Glu His Val Asn	165	170	175
Thr Gly Gly Glu Ala Leu Asn Leu Lys Glu Phe Ile Gly Ser Leu Asp	180	185	190
Val Pro Val Ile Ala Gly Gly Val Asn Asp Tyr Thr Thr Ala Leu His	195	200	205
Met Met Arg Thr Gly Ala Val Gly Ile Ile Val Gly Gly Gly Glu Asn	210	215	220

Thr Asn Ser Leu Ala Leu Gly Met Glu Val Ser Met Ala Thr Ala Ile
225 230 235 240

Ala Asp Val Ala Ala Ala Arg Arg Asp Tyr Leu Asp Glu Thr Gly Gly
245 250 255

Arg Tyr Val His Ile Ile Ala Asp Gly Ser Ile Glu Asn Ser Gly Asp
260 265 270

Val Val Lys Ala Ile Ala Cys Gly Ala Asp Ala Val Val Leu Gly Ser
275 280 285

Pro Leu Ala Arg Ala Glu Glu Ala Ala Gly Lys Gly Tyr Phe Trp Pro
290 295 300

Ala Val Ala Ala His Pro Arg Phe Pro Arg Gly Val Val Thr Glu Ser
305 310 315 320

Val Asp Leu Asp Glu Ala Ala Pro Ser Leu Glu Gln Ile Leu His Gly
325 330 335

Pro Ser Thr Met Pro Trp Gly Val Glu Asn Phe Glu Gly Gly Leu Lys
340 345 350

Arg Ala Leu Ala Lys Cys Gly Tyr Thr Asp Leu Lys Ser Phe Gln Lys
355 360 365

Val Ser Leu His Val Asn
370

<210> 969

<211> 1545

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1531)

<223> RXN02281

<400> 969

aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt cttgcatacg 60

cctataaaag cacagttttg aatccacagg gcatcagggc	gtg cag aaa gat agt	115
	Val Gln Lys Asp Ser	
	1 5	
gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc	163	
Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu		
	10 15 20	
att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac	211	
Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn		
	25 30 35	
aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc	259	
Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr		
	40 45 50	
gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc	307	
Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly		
	55 60 65	
tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc	355	
Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg		
	70 75 80 85	
gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat	403	
Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn		
	90 95 100	
tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg	451	
Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro		
	105 110 115	
gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt	499	
Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly		
	120 125 130	
gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac	547	
Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp		
	135 140 145	

gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg	595
Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro	
150	155
ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc	643
Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile	
170	175
gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg	691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu	
185	190
ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg	739
Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met	
200	205
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca	787
Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro	
215	220
aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa	835
Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu	
230	235
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc	883
Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile	
250	255
acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca	931
Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro	
265	270
tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa	979
Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu	
280	285
gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc	1027
Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg	
295	300
	305

atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att	1075
Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile	
310 315 320 325	
ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa	1123
Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu	
330 335 340	
atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc gac	1171
Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser Asp	
345 350 355	
aac agc ctc atg cgc acc ggt acg gtc tta tcc acc gac gac cga aac	1219
Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser Thr Asp Asp Arg Asn	
360 365 370	
tgg gaa tgg cac acc cca gaa aac ctc tgg aac tgg ctc aaa gga tcc	1267
Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn Trp Leu Lys Gly Ser	
375 380 385	
acc gcc gca gct gtt gac atg gaa tct tcc acc ttg gcc acc aac gga	1315
Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr Leu Ala Thr Asn Gly	
390 395 400 405	
tat cga ttc cgc att cca tac ggc acc ctg ctg agc gtc tct gac ctg	1363
Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu Ser Val Ser Asp Leu	
410 415 420	
cca cta cac gca gtg ccg aaa ctt tcc gcg caa gcg cag gcg ttt tac	1411
Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln Ala Gln Ala Phe Tyr	
425 430 435	
ttc aac tcc aag gaa gcc cac gtc atg tgt gct gtt cgt gca atg gaa	1459
Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala Val Arg Ala Met Glu	
440 445 450	
tac ctg gca gta gat cct gaa cgg ttg cgt acc cgt aaa ctg cgc agg	1507
Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr Arg Lys Leu Arg Arg	
455 460 465	

acc ttg ggt gag gtg ccg ttt cgc taaagtctcg gaga 1545
Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg

470 475

<210> 970

<211> 477

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 970

Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp
1 5 10 15

Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala
20 25 30

Lys Glu Thr Leu Asn Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val
35 40 45

Tyr Pro Lys Leu Thr Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg
50 55 60

Thr Glu Pro Phe Gly Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr
65 70 75 80

Leu Ser Lys Pro Arg Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu
85 90 95

Arg Leu Thr Ser Asn Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp
100 105 110

Ile Arg Ile Pro Pro Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu
115 120 125

Ala Arg Arg Ala Gly Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu
130 135 140

Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
145 150 155 160

Gly Pro Glu Leu Pro Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile
165 170 175

Ala Cys Ala Arg Ile Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val
180 185 190

Gln Lys Tyr Ile Leu Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe
195 200 205

Val His Phe Ala Met Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val
210 215 220

Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
225 230 235 240

Ser Leu Gly Thr Glu Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro
245 250 255

Arg Tyr Asp Leu Ile Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn
260 265 270

Ile Gly Val Gly Pro Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala
275 280 285

Val Leu Arg Pro Glu Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met
290 295 300

Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
305 310 315 320

Arg Glu Asp His Ile Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile
325 330 335

Pro Ala Ile Pro Glu Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu
340 345 350

Ile Tyr Gly Ser Asp Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser
355 360 365

Thr Asp Asp Arg Asn Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn
370 375 380

Trp Leu Lys Gly Ser Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr
385 390 395 400

Leu Ala Thr Asn Gly Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu
405 410 415

Ser Val Ser Asp Leu Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln
420 425 430

Ala Gln Ala Phe Tyr Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala
435 440 445

Val Arg Ala Met Glu Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr
450 455 460

Arg Lys Leu Arg Arg Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg
465 470 475

<210> 971
<211> 1191
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1168)
<223> FRXA02281

<400> 971
aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt cttgcatacg 60

cctataaaag cacagttttg aatccacagg gcatcagggc gtg cag aaa gat agt 115
Val Gln Lys Asp Ser

1 5

gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc 163
Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu

10 15 20

att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac 211
Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn

25	30	35	
aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc			259
Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr			
40	45	50	
gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc			307
Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly			
55	60	65	
tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc			355
Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg			
70	75	80	85
gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat			403
Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn			
90	95	100	
tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg			451
Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro			
105	110	115	
gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt			499
Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly			
120	125	130	
gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac			547
Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp			
135	140	145	
gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg			595
Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro			
150	155	160	165
ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc			643
Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile			
170	175	180	
gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg			691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu			

185	190	195	
ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg 739 Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met			
200	205	210	
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca 787 Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro			
215	220	225	
aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa 835 Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu			
230	235	240	245
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc 883 Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile			
250	255	260	
acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca 931 Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro			
265	270	275	
tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa 979 Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu			
280	285	290	
gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc 1027 Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg			
295	300	305	
atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att 1075 Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile			
310	315	320	325
ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa 1123 Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu			
330	335	340	
atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc 1168 Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser			

345 350 355

tagtattcta tagtgcacc taa 1191

<210> 972
<211> 356
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 972
Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp
1 5 10 15

Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala
20 25 30

Lys Glu Thr Leu Asn Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val
35 40 45

Tyr Pro Lys Leu Thr Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg
50 55 60

Thr Glu Pro Phe Gly Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr
65 70 75 80

Leu Ser Lys Pro Arg Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu
85 90 95

Arg Leu Thr Ser Asn Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp
100 105 110

Ile Arg Ile Pro Pro Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu
115 120 125

Ala Arg Arg Ala Gly Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu
130 135 140

Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
145 150 155 160

Gly Pro Glu Leu Pro Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile

165

170

175

Ala Cys Ala Arg Ile Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val
180 185 190

Gln Lys Tyr Ile Leu Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe
195 200 205

Val His Phe Ala Met Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val
210 215 220

Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
225 230 235 240

Ser Leu Gly Thr Glu Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro
245 250 255

Arg Tyr Asp Leu Ile Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn
260 265 270

Ile Gly Val Gly Pro Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala
275 280 285

Val Leu Arg Pro Glu Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met
290 295 300

Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
305 310 315 320

Arg Glu Asp His Ile Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile
325 330 335

Pro Ala Ile Pro Glu Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu
340 345 350

Ile Tyr Gly Ser
355

<210> 973
<211> 1302
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1279)

<223> RXA00147

<400> 973

attgcatata atgcaatgaa ttgaataaac tacattcagg gttatcaacc agccaatttc 60

ttttaaaaag gcagacacac gaaaggcgac aacagtcacc gtg agt aaa gac acc 115
Val Ser Lys Asp Thr

1 5

acc acc tac cag gga gtc acc gag atc gga tcc gtt ccg gca tac ctg 163
Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser Val Pro Ala Tyr Leu

10 15 20

gtt ctt gca gac gga cgt acc ttc acc gga ttt ggc ttt gga gct atc 211
Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe Gly Phe Gly Ala Ile

25 30 35

ggc acc acc ctt ggt gag gca gtg ttc act acc gcc atg acc ggt tac 259
Gly Thr Thr Leu Gly Glu Ala Val Phe Thr Thr Ala Met Thr Gly Tyr

40 45 50

caa gaa acc atg acc gat cct tcc tat cac cgc cag att gtt gtg gct 307
Gln Glu Thr Met Thr Asp Pro Ser Tyr His Arg Gln Ile Val Val Ala

55 60 65

acc gca cca cag atc ggc aac acc ggc tgg aac gat gag gac aac gag 355
Thr Ala Pro Gln Ile Gly Asn Thr Gly Trp Asn Asp Glu Asp Asn Glu

70 75 80 85

tcc cgc gac ggc aag att tgg gtt gca ggc ctt gtt atc cgc gac ctc 403
Ser Arg Asp Gly Lys Ile Trp Val Ala Gly Leu Val Ile Arg Asp Leu

90 95 100

gca gca cgt gtg tcc aac tgg cgc gcc acc acc tcc ttg cag cag gaa 451
Ala Ala Arg Val Ser Asn Trp Arg Ala Thr Thr Ser Leu Gln Gln Glu

105 110 115

atg gca ggc cag ggc atc gtc ggc atc ggc gga atc gac acc cgc gca 499
Met Ala Gly Gln Gly Ile Val Gly Ile Gly Gly Ile Asp Thr Arg Ala

120 125 130

ctg gtt cgc cac ctg cgc aat gaa ggt tcc att gca gcg ggc atc ttc 547
Leu Val Arg His Leu Arg Asn Glu Gly Ser Ile Ala Ala Gly Ile Phe

135 140 145

tcc ggc gct gac gca cag cgc cca gtt gaa gaa ctc gta gag atc gtc 595
Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu Leu Val Glu Ile Val

150 155 160 165

aag aat cag cca gca atg acc ggc gca aac ctc tcc gtt gag gtc tct 643
Lys Asn Gln Pro Ala Met Thr Gly Ala Asn Leu Ser Val Glu Val Ser

170 175 180

gct gat gaa acc tac gtc atc gaa gct gaa ggc gaa gag cgc cac acc 691
Ala Asp Glu Thr Tyr Val Ile Glu Ala Glu Gly Glu Glu Arg His Thr

185 190 195

gtc gtg gcc tac gac ctg ggc att aag caa aac acc cca cgt cgt ttc 739
Val Val Ala Tyr Asp Leu Gly Ile Lys Gln Asn Thr Pro Arg Arg Phe

200 205 210

tct gca cgc ggt gtt cgc acc gtc atc gtg cct gct gaa acc cca ttc 787
Ser Ala Arg Gly Val Arg Thr Val Ile Val Pro Ala Glu Thr Pro Phe

215 220 225

gag gat atc aag cag tac aac cca tca ggc gtg ttc atc tcc aac ggc 835
Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val Phe Ile Ser Asn Gly

230 235 240 245

cct ggc gat cct gca gca gca gac gtc atg gtt gat atc gtc cgc gaa 883
Pro Gly Asp Pro Ala Ala Ala Asp Val Met Val Asp Ile Val Arg Glu

250 255 260

gtt ctt gaa gcc gac att cca ttc ttt ggc atc tgc ttc ggc aac cag 931
Val Leu Glu Ala Asp Ile Pro Phe Phe Gly Ile Cys Phe Gly Asn Gln

265 270 275

att ctt ggc cgc gca ttc ggc atg gag acc tac aag ctg aag ttc ggc 979
Ile Leu Gly Arg Ala Phe Gly Met Glu Thr Tyr Lys Leu Lys Phe Gly

280 285 290

cac cgc ggc atc aac gtt cca gtg aag aac cac atc acc ggc aag atc 1027
His Arg Gly Ile Asn Val Pro Val Lys Asn His Ile Thr Gly Lys Ile

295 300 305

gac atc acc gcc cag aac cac ggc ttc gca ctc aag ggt gaa gca ggc 1075
Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu Lys Gly Glu Ala Gly

310 315 320 325

cag gaa ttc gag acc gat ttc ggc act gca att gtc acc cac acc tgc 1123
Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile Val Thr His Thr Cys

330 335 340

ctc aac gac ggc gtc gtt gaa ggt att gcg ctg aag tcc gga cgc gca 1171
Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu Lys Ser Gly Arg Ala

345 350 355

tac tcc gtt cag tac cac cca gag gcc gct gcc ggc cca aat gat gca 1219
Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala Gly Pro Asn Asp Ala

360 365 370

agc ccc ctg ttt gac cag ttt gtt gag ctg atg gat gca gac gct cag 1267
Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met Asp Ala Asp Ala Gln

375 380 385

aag aaa ggc gca taaataacat gccaaagcgt tca 1302
Lys Lys Gly Ala

390

<210> 974

<211> 393

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 974

Val Ser Lys Asp Thr Thr Thr Tyr Gln Gly Val Thr Glu Ile Gly Ser

1	5	10	15
Val Pro Ala Tyr Leu Val Leu Ala Asp Gly Arg Thr Phe Thr Gly Phe	20	25	30
Gly Phe Gly Ala Ile Gly Thr Thr Leu Gly Glu Ala Val Phe Thr Thr	35	40	45
Ala Met Thr Gly Tyr Gln Glu Thr Met Thr Asp Pro Ser Tyr His Arg	50	55	60
Gln Ile Val Val Ala Thr Ala Pro Gln Ile Gly Asn Thr Gly Trp Asn	65	70	75
Asp Glu Asp Asn Glu Ser Arg Asp Gly Lys Ile Trp Val Ala Gly Leu	85	90	95
Val Ile Arg Asp Leu Ala Ala Arg Val Ser Asn Trp Arg Ala Thr Thr	100	105	110
Ser Leu Gln Gln Glu Met Ala Gly Gln Gly Ile Val Gly Ile Gly Gly	115	120	125
Ile Asp Thr Arg Ala Leu Val Arg His Leu Arg Asn Glu Gly Ser Ile	130	135	140
Ala Ala Gly Ile Phe Ser Gly Ala Asp Ala Gln Arg Pro Val Glu Glu	145	150	155
Leu Val Glu Ile Val Lys Asn Gln Pro Ala Met Thr Gly Ala Asn Leu	165	170	175
Ser Val Glu Val Ser Ala Asp Glu Thr Tyr Val Ile Glu Ala Glu Gly	180	185	190
Glu Glu Arg His Thr Val Val Ala Tyr Asp Leu Gly Ile Lys Gln Asn	195	200	205
Thr Pro Arg Arg Phe Ser Ala Arg Gly Val Arg Thr Val Ile Val Pro	210	215	220

Ala Glu Thr Pro Phe Glu Asp Ile Lys Gln Tyr Asn Pro Ser Gly Val
225 230 235 240

Phe Ile Ser Asn Gly Pro Gly Asp Pro Ala Ala Ala Asp Val Met Val
245 250 255

Asp Ile Val Arg Glu Val Leu Glu Ala Asp Ile Pro Phe Phe Gly Ile
260 265 270

Cys Phe Gly Asn Gln Ile Leu Gly Arg Ala Phe Gly Met Glu Thr Tyr
275 280 285

Lys Leu Lys Phe Gly His Arg Gly Ile Asn Val Pro Val Lys Asn His
290 295 300

Ile Thr Gly Lys Ile Asp Ile Thr Ala Gln Asn His Gly Phe Ala Leu
305 310 315 320

Lys Gly Glu Ala Gly Gln Glu Phe Glu Thr Asp Phe Gly Thr Ala Ile
325 330 335

Val Thr His Thr Cys Leu Asn Asp Gly Val Val Glu Gly Ile Ala Leu
340 345 350

Lys Ser Gly Arg Ala Tyr Ser Val Gln Tyr His Pro Glu Ala Ala Ala
355 360 365

Gly Pro Asn Asp Ala Ser Pro Leu Phe Asp Gln Phe Val Glu Leu Met
370 375 380

Asp Ala Asp Ala Gln Lys Lys Gly Ala
385 390

<210> 975

<211> 1059

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1036)

<223> RXA00145

<400> 975

ccccaccgca cgcgcggaag acgtttccgt catgcttaca gaaatcgacg gccgcgatgc 60

agtcacgctc acccgagaag actctgaagg ggattcctag atg aag cac ctc cta 115
Met Lys His Leu Leu

1 5

tcc att agc gat ctt tcc aaa gat gag att gtt gga ttg ctg gat gaa 163
Ser Ile Ser Asp Leu Ser Lys Asp Glu Ile Val Gly Leu Leu Asp Glu

10 15 20

gcg gat cgc ttt aag gag gtg ctc gaa gga cgt gaa gta aag aag ctg 211
Ala Asp Arg Phe Lys Glu Val Leu Glu Gly Arg Glu Val Lys Lys Leu

25 30 35

ccc acg ctg cgt ggt cgc acc att ttt acc ttg ttc tat gag aac tcc 259
Pro Thr Leu Arg Gly Arg Thr Ile Phe Thr Leu Phe Tyr Glu Asn Ser

40 45 50

acg cgc acc cgt tcg tcc ttt gaa acc gca gga aag tgg atg agc gcc 307
Thr Arg Thr Arg Ser Ser Phe Glu Thr Ala Gly Lys Trp Met Ser Ala

55 60 65

gat gtg att aac att tcg gcc tca tca tcc agc gtg aag aag ggc gag 355
Asp Val Ile Asn Ile Ser Ala Ser Ser Ser Ser Val Lys Lys Gly Glu

70 75 80 85

tcg ctg aaa gat acc ggc ttg act ttg tcg gca atc ggc gcg gat gcg 403
Ser Leu Lys Asp Thr Gly Leu Thr Leu Ser Ala Ile Gly Ala Asp Ala

90 95 100

atc atc atg cgc cac cca gcc tca ggc gcc gcg cag cag ctt gcg cag 451
Ile Ile Met Arg His Pro Ala Ser Gly Ala Ala Gln Gln Leu Ala Gln

105 110 115

ttc gtc gca cca ggt ggc aac ggc ccc agc gtg atc aac gcg ggt gac 499
Phe Val Ala Pro Gly Gly Asn Gly Pro Ser Val Ile Asn Ala Gly Asp

120 125 130

ggt tcg cac cag cac ccc acc cag gcg ctt ctc gac gct tta acc atc 547
Gly Ser His Gln His Pro Thr Gln Ala Leu Leu Asp Ala Leu Thr Ile

135 140 145

cgg cag cgc acc ggc cgc att gag gga ctc aaa gtt gtc atc gtg ggc 595
Arg Gln Arg Thr Gly Arg Ile Glu Gly Leu Lys Val Val Ile Val Gly

150 155 160 165

gac tgt ttg cac tcc cgg gtg gtg cgc tcc aat gtg gat ctg ctg tcc 643
Asp Cys Leu His Ser Arg Val Val Arg Ser Asn Val Asp Leu Leu Ser

170 175 180

act ttg ggc gca gag gta gtg ctg gtt gct cct ccg aca ctg ctt cct 691
Thr Leu Gly Ala Glu Val Val Leu Val Ala Pro Pro Thr Leu Leu Pro

185 190 195

att ggt gtg gag aac tgg cca gtc cga ttc tcc tac gac atg gac gca 739
Ile Gly Val Glu Asn Trp Pro Val Arg Phe Ser Tyr Asp Met Asp Ala

200 205 210

gaa att gcc gac gcc gac gta gtg atg atg ctg cgc gtt cag caa gaa 787
Glu Ile Ala Asp Ala Asp Val Val Met Met Leu Arg Val Gln Gln Glu

215 220 225

cgc atg cag ggt ggt ttc ttc ccc tca cac cgt gag tac gca acg ctg 835
Arg Met Gln Gly Gly Phe Phe Pro Ser His Arg Glu Tyr Ala Thr Leu

230 235 240 245

tac ggc atg tcc aaa gag cgc gaa gct cgc ctc aag gac tcc gcc atc 883
Tyr Gly Met Ser Lys Glu Arg Glu Ala Arg Leu Lys Asp Ser Ala Ile

250 255 260

atc atg cac ccc ggc ccc atg ctt cgt ggc atg gaa att aac ttc cag 931
Ile Met His Pro Gly Pro Met Leu Arg Gly Met Glu Ile Asn Phe Gln

265 270 275

gtg gca gac gca cca cgc acc gcg gta ctg cag cag gta agc aac ggt 979
Val Ala Asp Ala Pro Arg Thr Ala Val Leu Gln Gln Val Ser Asn Gly

280 285 290

gtg cac atg cgc atg gcc att ttg ttc gcc ctg gtc gca ggc tct gac 1027

Val His Met Arg Met Ala Ile Leu Phe Ala Leu Val Ala Gly Ser Asp

295

300

305

gcg act atc taatcgcgac catctgatcg cga
Ala Thr Ile

1059

310

<210> 976

<211> 312

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 976

Met Lys His Leu Leu Ser Ile Ser Asp Leu Ser Lys Asp Glu Ile Val
1 5 10 15

Gly Leu Leu Asp Glu Ala Asp Arg Phe Lys Glu Val Leu Glu Gly Arg
20 25 30

Glu Val Lys Lys Leu Pro Thr Leu Arg Gly Arg Thr Ile Phe Thr Leu
35 40 45

Phe Tyr Glu Asn Ser Thr Arg Thr Arg Ser Ser Phe Glu Thr Ala Gly
50 55 60

Lys Trp Met Ser Ala Asp Val Ile Asn Ile Ser Ala Ser Ser Ser Ser
65 70 75 80

Val Lys Lys Gly Glu Ser Leu Lys Asp Thr Gly Leu Thr Leu Ser Ala
85 90 95

Ile Gly Ala Asp Ala Ile Ile Met Arg His Pro Ala Ser Gly Ala Ala
100 105 110

Gln Gln Leu Ala Gln Phe Val Ala Pro Gly Gly Asn Gly Pro Ser Val
115 120 125

Ile Asn Ala Gly Asp Gly Ser His Gln His Pro Thr Gln Ala Leu Leu
130 135 140

Asp Ala Leu Thr Ile Arg Gln Arg Thr Gly Arg Ile Glu Gly Leu Lys

145 150 155 160

Val Val Ile Val Gly Asp Cys Leu His Ser Arg Val Val Arg Ser Asn
165 170 175

Val Asp Leu Leu Ser Thr Leu Gly Ala Glu Val Val Leu Val Ala Pro
180 185 190

Pro Thr Leu Leu Pro Ile Gly Val Glu Asn Trp Pro Val Arg Phe Ser
195 200 205

Tyr Asp Met Asp Ala Glu Ile Ala Asp Ala Asp Val Val Met Met Leu
210 215 220

Arg Val Gln Gln Glu Arg Met Gln Gly Gly Phe Phe Pro Ser His Arg
225 230 235 240

Glu Tyr Ala Thr Leu Tyr Gly Met Ser Lys Glu Arg Glu Ala Arg Leu
245 250 255

Lys Asp Ser Ala Ile Ile Met His Pro Gly Pro Met Leu Arg Gly Met
260 265 270

Glu Ile Asn Phe Gln Val Ala Asp Ala Pro Arg Thr Ala Val Leu Gln
275 280 285

Gln Val Ser Asn Gly Val His Met Arg Met Ala Ile Leu Phe Ala Leu
290 295 300

Val Ala Gly Ser Asp Ala Thr Ile
305 310

<210> 977

<211> 1464

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1441)

<223> RXA00146

<400> 977

atggccattt tgttcgcctt ggctgcaggc tctgacgca ctatctaac ggcacatct 60

gatcgcgaaa ttctagaaaa ggtaacgagg gattaaagaa gtg gtt gac agc aac 115
Val Val Asp Ser Asn

1 5

acc cag tat cca gaa acc ggc gca ctg gca ccg gct cct gca gac tca 163
Thr Gln Tyr Pro Glu Thr Gly Ala Leu Ala Pro Ala Pro Ala Asp Ser

10 15 20

ctc cta atc agc aac gtt ttg gtc tac ggc gaa ggc gag cca acg aat 211
Leu Leu Ile Ser Asn Val Leu Val Tyr Gly Glu Gly Glu Pro Thr Asn

25 30 35

gtg ttt gtt aaa gat ggt gtg atc gca gct atc ggc ggc act cat gag 259
Val Phe Val Lys Asp Gly Val Ile Ala Ala Ile Gly Gly Thr His Glu

40 45 50

gct gac cgc acc atc gac ggc aat ggg gga gtt ctc ctt cca ggt ttc 307
Ala Asp Arg Thr Ile Asp Gly Asn Gly Gly Val Leu Leu Pro Gly Phe

55 60 65

gtg gac atg cac gtt cac ctg cgt gag cca ggc cgc gaa gac act gaa 355
Val Asp Met His Val His Leu Arg Glu Pro Gly Arg Glu Asp Thr Glu

70 75 80 85

acc att gcc act ggt tct gcc gcc gca gcc aag ggc gga ttc acc gca 403
Thr Ile Ala Thr Gly Ser Ala Ala Ala Ala Lys Gly Gly Phe Thr Ala

90 95 100

gta ttc acc atg gcg aac acc act cca gtg atg gat cag ccg gtt atc 451
Val Phe Thr Met Ala Asn Thr Thr Pro Val Met Asp Gln Pro Val Ile

105 110 115

gcg gaa tcc gta tgg ttc aag ggc caa aac att ggc ctg tgc gac gtg 499
Ala Glu Ser Val Trp Phe Lys Gly Gln Asn Ile Gly Leu Cys Asp Val

120 125 130

cat cca gtt gga tcc atc acc aag ggt ctt gag ggc aag gag ctt act 547
His Pro Val Gly Ser Ile Thr Lys Gly Leu Glu Gly Lys Glu Leu Thr

135	140	145	
gag ttc ggc atg atg gct cgc tct gaa gcc aag gtg cgc atg ttc tct			595
Glu Phe Gly Met Met Ala Arg Ser Glu Ala Lys Val Arg Met Phe Ser			
150	155	160	165
gat gat ggc aag tgc gtc gat gat cct cag gtc atg cgc cgc gcg ctg			643
Asp Asp Gly Lys Cys Val Asp Asp Pro Gln Val Met Arg Arg Ala Leu			
	170	175	180
gaa tac gcc aag ggc atg gac gtt ttg atc gcc cag cac gct gag gat			691
Glu Tyr Ala Lys Gly Met Asp Val Leu Ile Ala Gln His Ala Glu Asp			
	185	190	195
cac cgc ctg act gag ggc gct tca gca cac gag ggt gaa aac gca gct			739
His Arg Leu Thr Glu Gly Ala Ser Ala His Glu Gly Glu Asn Ala Ala			
	200	205	210
cgt ctg ggt ctg cgc ggc tgg cca cgt gtg gct gag gaa tcc atc gtg			787
Arg Leu Gly Leu Arg Gly Trp Pro Arg Val Ala Glu Glu Ser Ile Val			
	215	220	225
gtg cgc gat gcc atc atg gct cgt gac tac ggc aac cgc gtg cac atc			835
Val Arg Asp Ala Ile Met Ala Arg Asp Tyr Gly Asn Arg Val His Ile			
230	235	240	245
tgc cac gcc tcc act gaa ggc acc gtg gag ttg ctt cgt tgg gct aag			883
Cys His Ala Ser Thr Glu Gly Thr Val Glu Leu Leu Arg Trp Ala Lys			
	250	255	260
tcc cag ggc att cca atc acc gcg gaa gtc acc ccg cac cac ctc acc			931
Ser Gln Gly Ile Pro Ile Thr Ala Glu Val Thr Pro His His Leu Thr			
	265	270	275
ttg acc gat gag cgc ctg gaa acc tac gac gcg gtc aac aaa gtc aat			979
Leu Thr Asp Glu Arg Leu Glu Thr Tyr Asp Ala Val Asn Lys Val Asn			
	280	285	290
ccg cca ctg cgc gaa agc cgc gat gcc gaa gcg ctc aag aag gcg ctt			1027
Pro Pro Leu Arg Glu Ser Arg Asp Ala Glu Ala Leu Lys Lys Ala Leu			

295	300	305	
ctc gac ggc acc atc gat gtt gtt gca acc gac cac gct cct cac ggt			1075
Leu Asp Gly Thr Ile Asp Val Val Ala Thr Asp His Ala Pro His Gly			
310	315	320	325
tcc gaa gat aag tgc tgt gaa ttc gaa aac gcc aag cca ggc atg ctc			1123
Ser Glu Asp Lys Cys Cys Glu Phe Glu Asn Ala Lys Pro Gly Met Leu			
	330	335	340
gga ttg gaa acc tca ctg tcc atc atc gtg gac acc ttc gtt gcc acc			1171
Gly Leu Glu Thr Ser Leu Ser Ile Ile Val Asp Thr Phe Val Ala Thr			
	345	350	355
gga ctt gca gac tgg cgc ttt gtt gcg cgc gtg atg agt gaa cgc cca			1219
Gly Leu Ala Asp Trp Arg Phe Val Ala Arg Val Met Ser Glu Arg Pro			
	360	365	370
gca gaa atc acc cgt cta cca ggc cag ggt cgc cca atc gca gaa ggt			1267
Ala Glu Ile Thr Arg Leu Pro Gly Gln Gly Arg Pro Ile Ala Glu Gly			
	375	380	385
gag cca gca aac ctc gcg att gtt gat cca gga aaa acc tgg aca gca			1315
Glu Pro Ala Asn Leu Ala Ile Val Asp Pro Gly Lys Thr Trp Thr Ala			
390	395	400	405
tcc ggt gca gac ttt gcg tcc aag gct gaa aat acc cca ttt gag ggc			1363
Ser Gly Ala Asp Phe Ala Ser Lys Ala Glu Asn Thr Pro Phe Glu Gly			
	410	415	420
caa gaa ttc agt gcc aag gtc aca cac acc gtg ctt cgt ggc aag gtg			1411
Gln Glu Phe Ser Ala Lys Val Thr His Thr Val Leu Arg Gly Lys Val			
	425	430	435
act tgt gca gac gga gtt gca caa aac gct taacgggtgg gtgcatagta			1461
Thr Cys Ala Asp Gly Val Ala Gln Asn Ala			
	440	445	
tgc			1464

<210> 978
 <211> 447
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 978

Val Val Asp Ser Asn Thr Gln Tyr Pro Glu Thr Gly Ala Leu Ala Pro
 1 5 10 15

Ala Pro Ala Asp Ser Leu Leu Ile Ser Asn Val Leu Val Tyr Gly Glu
 20 25 30

Gly Glu Pro Thr Asn Val Phe Val Lys Asp Gly Val Ile Ala Ala Ile
 35 40 45

Gly Gly Thr His Glu Ala Asp Arg Thr Ile Asp Gly Asn Gly Gly Val
 50 55 60

Leu Leu Pro Gly Phe Val Asp Met His Val His Leu Arg Glu Pro Gly
 65 70 75 80

Arg Glu Asp Thr Glu Thr Ile Ala Thr Gly Ser Ala Ala Ala Ala Lys
 85 90 95

Gly Gly Phe Thr Ala Val Phe Thr Met Ala Asn Thr Thr Pro Val Met
 100 105 110

Asp Gln Pro Val Ile Ala Glu Ser Val Trp Phe Lys Gly Gln Asn Ile
 115 120 125

Gly Leu Cys Asp Val His Pro Val Gly Ser Ile Thr Lys Gly Leu Glu
 130 135 140

Gly Lys Glu Leu Thr Glu Phe Gly Met Met Ala Arg Ser Glu Ala Lys
 145 150 155 160

Val Arg Met Phe Ser Asp Asp Gly Lys Cys Val Asp Asp Pro Gln Val
 165 170 175

Met Arg Arg Ala Leu Glu Tyr Ala Lys Gly Met Asp Val Leu Ile Ala
 180 185 190

Gln His Ala Glu Asp His Arg Leu Thr Glu Gly Ala Ser Ala His Glu

195	200	205
Gly Glu Asn Ala Ala Arg Leu Gly Leu Arg Gly Trp Pro Arg Val Ala		
210	215	220
Glu Glu Ser Ile Val Val Arg Asp Ala Ile Met Ala Arg Asp Tyr Gly		
225	230	235
Asn Arg Val His Ile Cys His Ala Ser Thr Glu Gly Thr Val Glu Leu		
245	250	255
Leu Arg Trp Ala Lys Ser Gln Gly Ile Pro Ile Thr Ala Glu Val Thr		
260	265	270
Pro His His Leu Thr Leu Thr Asp Glu Arg Leu Glu Thr Tyr Asp Ala		
275	280	285
Val Asn Lys Val Asn Pro Pro Leu Arg Glu Ser Arg Asp Ala Glu Ala		
290	295	300
Leu Lys Lys Ala Leu Leu Asp Gly Thr Ile Asp Val Val Ala Thr Asp		
305	310	315
His Ala Pro His Gly Ser Glu Asp Lys Cys Cys Glu Phe Glu Asn Ala		
325	330	335
Lys Pro Gly Met Leu Gly Leu Glu Thr Ser Leu Ser Ile Ile Val Asp		
340	345	350
Thr Phe Val Ala Thr Gly Leu Ala Asp Trp Arg Phe Val Ala Arg Val		
355	360	365
Met Ser Glu Arg Pro Ala Glu Ile Thr Arg Leu Pro Gly Gln Gly Arg		
370	375	380
Pro Ile Ala Glu Gly Glu Pro Ala Asn Leu Ala Ile Val Asp Pro Gly		
385	390	395
Lys Thr Trp Thr Ala Ser Gly Ala Asp Phe Ala Ser Lys Ala Glu Asn		
405	410	415
Thr Pro Phe Glu Gly Gln Glu Phe Ser Ala Lys Val Thr His Thr Val		

420 425 430

Leu Arg Gly Lys Val Thr Cys Ala Asp Gly Val Ala Gln Asn Ala
435 440 445

<210> 979
<211> 1025
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1002)
<223> RXA02208

<400> 979
ctc gga gtc gtc gac ggc gtc gca cct cta aac cgc acc atg gaa aaa 48
Leu Gly Val Val Asp Gly Val Ala Pro Leu Asn Arg Thr Met Glu Lys

1 5 10 15

atc atc gca gtg cac gat gat tcc ctc tcc cag gaa gtc ttc ggc gtc 96
Ile Ile Ala Val His Asp Asp Ser Leu Ser Gln Glu Val Phe Gly Val

20 25 30

acc ttc cca cga cca cta ggc ctc gcc gca ggt ttc gac aaa aac gca 144
Thr Phe Pro Arg Pro Leu Gly Leu Ala Ala Gly Phe Asp Lys Asn Ala

35 40 45

tca atg gct gat gcc tgg ggt gcc gtt gga ttc gga tac gcc gaa ctt 192
Ser Met Ala Asp Ala Trp Gly Ala Val Gly Phe Gly Tyr Ala Glu Leu

50 55 60

ggc acc gtc acc gcc ttc cca cag cca gga aac ccc acc ccg cgc ctt 240
Gly Thr Val Thr Ala Phe Pro Gln Pro Gly Asn Pro Thr Pro Arg Leu

65 70 75 80

ttc cgc ctg cct gcc gac aaa gct atc ttg aac cgc atg gga ttc aac 288
Phe Arg Leu Pro Ala Asp Lys Ala Ile Leu Asn Arg Met Gly Phe Asn

85 90 95

aac ctg ggt gca gca gaa gtc gca aaa aac ctg cgc aac cgg aaa tcc 336

Asn Leu Gly Ala Ala Glu Val Ala Lys Asn Leu Arg Asn Arg Lys Ser
100 105 110

acc gat gtc atc ggc atc aac atc ggt aaa acc aaa gtg gtt ccc gct 384
Thr Asp Val Ile Gly Ile Asn Ile Gly Lys Thr Lys Val Val Pro Ala

115 120 125

gaa cac gca gta gat gac tac cgc cgt tct gca tct ttg tta ggt gat 432
Glu His Ala Val Asp Asp Tyr Arg Arg Ser Ala Ser Leu Leu Gly Asp

130 135 140

ctt gct gat tac ctg gtt gtc aac gtt tcc tcc ccc aac act ccg ggt 480
Leu Ala Asp Tyr Leu Val Val Asn Val Ser Ser Pro Asn Thr Pro Gly

145 150 155 160

ctc cgc gat ctg cag gct gtg gaa tct ttg cga cca atc ctc gcc gca 528
Leu Arg Asp Leu Gln Ala Val Glu Ser Leu Arg Pro Ile Leu Ala Ala

165 170 175

gtg cag gaa tcc acc acc gtc cca gtc ttg gtg aaa atc gca cca gac 576
Val Gln Glu Ser Thr Thr Val Pro Val Leu Val Lys Ile Ala Pro Asp

180 185 190

ctc tcc gac gaa gac atc gac gcc gta gct gac ctg gca gtt gag ctc 624
Leu Ser Asp Glu Asp Ile Asp Ala Val Ala Asp Leu Ala Val Glu Leu

195 200 205

aaa ctc gcc gga atc gta gcc acc aat acc acc att tcc cgc gaa ggc 672
Lys Leu Ala Gly Ile Val Ala Thr Asn Thr Thr Ile Ser Arg Glu Gly

210 215 220

ctc aac act cct tca ggt gaa gtc gaa gcc atg ggt gct ggc gga atc 720
Leu Asn Thr Pro Ser Gly Glu Val Glu Ala Met Gly Ala Gly Gly Ile

225 230 235 240

tcc ggt gct cca gta gca gcc cga tct ttg gag gta ctc aag cgc ctc 768
Ser Gly Ala Pro Val Ala Ala Arg Ser Leu Glu Val Leu Lys Arg Leu

245 250 255

tac gca cgg gta ggc aaa gag atg gtg ttg atc tct gtc ggt ggc atc 816

Tyr Ala Arg Val Gly Lys Glu Met Val Leu Ile Ser Val Gly Gly Ile

260 265 270

agc acc cct gag caa gcc tgg gaa cgc atc acc tcc ggc gca acc ctt 864
Ser Thr Pro Glu Gln Ala Trp Glu Arg Ile Thr Ser Gly Ala Thr Leu

275 280 285

ctg cag gga tac acc cca ttc atc tac ggt ggc ccc gat tgg atc aga 912
Leu Gln Gly Tyr Thr Pro Phe Ile Tyr Gly Gly Pro Asp Trp Ile Arg

290 295 300

gat atc cac ctt ggt atc gcc aag cag ctg aaa gct cac ggt ctg cgc 960
Asp Ile His Leu Gly Ile Ala Lys Gln Leu Lys Ala His Gly Leu Arg

305 310 315 320

aac atc gct gac gct gtg ggc agc gaa ttg gag tgg aag aac 1002
Asn Ile Ala Asp Ala Val Gly Ser Glu Leu Glu Trp Lys Asn

325 330

taaacagacc aaacacacgt gcc 1025

<210> 980

<211> 334

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 980

Leu Gly Val Val Asp Gly Val Ala Pro Leu Asn Arg Thr Met Glu Lys
1 5 10 15

Ile Ile Ala Val His Asp Asp Ser Leu Ser Gln Glu Val Phe Gly Val
20 25 30

Thr Phe Pro Arg Pro Leu Gly Leu Ala Ala Gly Phe Asp Lys Asn Ala
35 40 45

Ser Met Ala Asp Ala Trp Gly Ala Val Gly Phe Gly Tyr Ala Glu Leu
50 55 60

Gly Thr Val Thr Ala Phe Pro Gln Pro Gly Asn Pro Thr Pro Arg Leu

65	70	75	80
Phe Arg Leu Pro Ala Asp Lys Ala Ile Leu Asn Arg Met Gly Phe Asn	85	90	95
Asn Leu Gly Ala Ala Glu Val Ala Lys Asn Leu Arg Asn Arg Lys Ser	100	105	110
Thr Asp Val Ile Gly Ile Asn Ile Gly Lys Thr Lys Val Val Pro Ala	115	120	125
Glu His Ala Val Asp Asp Tyr Arg Arg Ser Ala Ser Leu Leu Gly Asp	130	135	140
Leu Ala Asp Tyr Leu Val Val Asn Val Ser Ser Pro Asn Thr Pro Gly	145	150	155
Leu Arg Asp Leu Gln Ala Val Glu Ser Leu Arg Pro Ile Leu Ala Ala	165	170	175
Val Gln Glu Ser Thr Thr Val Pro Val Leu Val Lys Ile Ala Pro Asp	180	185	190
Leu Ser Asp Glu Asp Ile Asp Ala Val Ala Asp Leu Ala Val Glu Leu	195	200	205
Lys Leu Ala Gly Ile Val Ala Thr Asn Thr Thr Ile Ser Arg Glu Gly	210	215	220
Leu Asn Thr Pro Ser Gly Glu Val Glu Ala Met Gly Ala Gly Gly Ile	225	230	235
Ser Gly Ala Pro Val Ala Ala Arg Ser Leu Glu Val Leu Lys Arg Leu	245	250	255
Tyr Ala Arg Val Gly Lys Glu Met Val Leu Ile Ser Val Gly Gly Ile	260	265	270
Ser Thr Pro Glu Gln Ala Trp Glu Arg Ile Thr Ser Gly Ala Thr Leu	275	280	285
Leu Gln Gly Tyr Thr Pro Phe Ile Tyr Gly Gly Pro Asp Trp Ile Arg			

290 295 300

Asp Ile His Leu Gly Ile Ala Lys Gln Leu Lys Ala His Gly Leu Arg
305 310 315 320

Asn Ile Ala Asp Ala Val Gly Ser Glu Leu Glu Trp Lys Asn
325 330

<210> 981
<211> 675
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(652)
<223> RXA01660

<400> 981
gaaaactggt gtttttcggc cgtgtccacc ccaggttcta tgctgtaaca aacgcgggtt 60

taaacctcaa tcatcaaatt aggggaagggc tgggaaatcc atg tca tct aat tcc 115
Met Ser Ser Asn Ser

1 5

att aac gca gaa gcg cgc gct gag ctt gct gaa ctg atc aaa gag cta 163
Ile Asn Ala Glu Ala Arg Ala Glu Leu Ala Glu Leu Ile Lys Glu Leu

10 15 20

gct gtc gtc cac ggt gaa gtc acc ttg tct tcg ggc aag aag gct gat 211
Ala Val Val His Gly Glu Val Thr Leu Ser Ser Gly Lys Lys Ala Asp

25 30 35

tac tac atc gat gtc cgt cgt gcc acc ttg cac gcg cgc gca tct cgc 259
Tyr Tyr Ile Asp Val Arg Arg Ala Thr Leu His Ala Arg Ala Ser Arg

40 45 50

ctg atc ggt cag ctg ctg cgc gaa gcc acc gct gac tgg gac tat gac 307
Leu Ile Gly Gln Leu Leu Arg Glu Ala Thr Ala Asp Trp Asp Tyr Asp

55 60 65

gca gtt ggc ggc ctg acc ttg ggc gct gac ccg gtt gcc acc gcc atc 355

Ala Val Gly Gly Leu Thr Leu Gly Ala Asp Pro Val Ala Thr Ala Ile
70 75 80 85
atg cac gcc gac ggc cgc gat atc aac gcg ttt gtg gtg cgc aag gag 403
Met His Ala Asp Gly Arg Asp Ile Asn Ala Phe Val Val Arg Lys Glu
90 95 100
gcc aag aag cac ggc atg cag cgt cgc att gag ggc cct gac ctg acg 451
Ala Lys Lys His Gly Met Gln Arg Arg Ile Glu Gly Pro Asp Leu Thr
105 110 115
ggc aag aag gtg ctc gtg gtg gaa gat acc acc acc acc gga aat tcc 499
Gly Lys Lys Val Leu Val Val Glu Asp Thr Thr Thr Thr Gly Asn Ser
120 125 130
cct ctg aca gct gtt gcc gcg ttg cgt gaa gct ggc att gag gtt gtg 547
Pro Leu Thr Ala Val Ala Ala Leu Arg Glu Ala Gly Ile Glu Val Val
135 140 145
ggc gtt gcc acc gtg gtc gat cgc gca acc ggt gca gat gag gtt atc 595
Gly Val Ala Thr Val Val Asp Arg Ala Thr Gly Ala Asp Glu Val Ile
150 155 160 165
gca gcg gaa ggc ctt cct tac cgc agc ttg ctg gga ctt tct gat ctt 643
Ala Ala Glu Gly Leu Pro Tyr Arg Ser Leu Leu Gly Leu Ser Asp Leu
170 175 180
gga ctc aac taacaccccc ggccccacgg agt 675
Gly Leu Asn

<210> 982
<211> 184
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 982
Met Ser Ser Asn Ser Ile Asn Ala Glu Ala Arg Ala Glu Leu Ala Glu
1 5 10 15

Leu Ile Lys Glu Leu Ala Val Val His Gly Glu Val Thr Leu Ser Ser

20 25 30

Gly Lys Lys Ala Asp Tyr Tyr Ile Asp Val Arg Arg Ala Thr Leu His
35 40 45

Ala Arg Ala Ser Arg Leu Ile Gly Gln Leu Leu Arg Glu Ala Thr Ala
50 55 60

Asp Trp Asp Tyr Asp Ala Val Gly Gly Leu Thr Leu Gly Ala Asp Pro
65 70 75 80

Val Ala Thr Ala Ile Met His Ala Asp Gly Arg Asp Ile Asn Ala Phe
85 90 95

Val Val Arg Lys Glu Ala Lys Lys His Gly Met Gln Arg Arg Ile Glu
100 105 110

Gly Pro Asp Leu Thr Gly Lys Lys Val Leu Val Val Glu Asp Thr Thr
115 120 125

Thr Thr Gly Asn Ser Pro Leu Thr Ala Val Ala Ala Leu Arg Glu Ala
130 135 140

Gly Ile Glu Val Val Gly Val Ala Thr Val Val Asp Arg Ala Thr Gly
145 150 155 160

Ala Asp Glu Val Ile Ala Ala Glu Gly Leu Pro Tyr Arg Ser Leu Leu
165 170 175

Gly Leu Ser Asp Leu Gly Leu Asn
180

<210> 983

<211> 957

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(934)

<223> RXA02235

<400> 983

gtgtcacgcg agctgtccag ggcatagagg cctgctga gggcgttgc agcgtccgcg 60

cgctgcagga actcgaccac gcagtcagg ctttaagccct atg aca ttc ggc gag 115
Met Thr Phe Gly Glu

1 5

aag ctt ctg aac gcc gcc tcc acc cgt ggc agg cta tgc gtg ggc att 163
Lys Leu Leu Asn Ala Ala Ser Thr Arg Gly Arg Leu Cys Val Gly Ile

10 15 20

gat ccc cac gaa agc ctg ctg acg tcc tgg ggg ctg ccg gta aac gta 211
Asp Pro His Glu Ser Leu Leu Thr Ser Trp Gly Leu Pro Val Asn Val

25 30 35

gac gga ctt gcg gag ttc tcc cgc gcc tgc gtg gag gct ttc gcc gac 259
Asp Gly Leu Ala Glu Phe Ser Arg Ala Cys Val Glu Ala Phe Ala Asp

40 45 50

acc gtg gca ttg gtg aag cct cag gtg gcg ttc tat gag cgt ttc ggt 307
Thr Val Ala Leu Val Lys Pro Gln Val Ala Phe Tyr Glu Arg Phe Gly

55 60 65

tcc gct ggc ttt gcc atc ttg gaa gaa acc att cag acg ctg cgt gag 355
Ser Ala Gly Phe Ala Ile Leu Glu Glu Thr Ile Gln Thr Leu Arg Glu

70 75 80 85

cgt ggc tgt ttg gtg gtc tct gac gcc aaa cgc ggc gat att ggc tcc 403
Arg Gly Cys Leu Val Val Ser Asp Ala Lys Arg Gly Asp Ile Gly Ser

90 95 100

acc atg gct ggc tat gcc tca gcg tgg tta gat cca gcg tca ccg ctg 451
Thr Met Ala Gly Tyr Ala Ser Ala Trp Leu Asp Pro Ala Ser Pro Leu

105 110 115

tct agc gac gct gtg acg gtc tct ccc tac ctt ggt ttt cat tcc ttg 499
Ser Ser Asp Ala Val Thr Val Ser Pro Tyr Leu Gly Phe His Ser Leu

120 125 130

gac cca gtg ttc gaa ctt gcc gag caa cac ggc agg gga gtg ttt gtc 547
Asp Pro Val Phe Glu Leu Ala Glu Gln His Gly Arg Gly Val Phe Val

135	140	145	
ttg gcc gcg acc tca aac cct gag gcc cgc gaa ctc cag gac cag caa Leu Ala Ala Thr Ser Asn Pro Glu Ala Arg Glu Leu Gln Asp Gln Gln			595
150	155	160	165
aac gct gac ggc gtg agc att tcc cag cag atc gtg gat cag gca gcg Asn Ala Asp Gly Val Ser Ile Ser Gln Gln Ile Val Asp Gln Ala Ala			643
	170	175	180
gcg ctt aac gcg cct tat atg gcc cag ggc aag gct ggc aac att ggc Ala Leu Asn Ala Pro Tyr Met Ala Gln Gly Lys Ala Gly Asn Ile Gly			691
	185	190	195
gtc gtc atc ggc gcc acc ttg tcc aaa cca cca cgc tta tcg acg ctc Val Val Ile Gly Ala Thr Leu Ser Lys Pro Pro Arg Leu Ser Thr Leu			739
200	205	210	
ggg ggc gcc att ttg atg ccc ggc gtc ggc gcc cag ggc ggc acg gca Gly Gly Ala Ile Leu Met Pro Gly Val Gly Ala Gln Gly Gly Thr Ala			787
215	220	225	
agc gac gtt gat gag att gcg gga gac atg gct cat ctt gca ttc cca Ser Asp Val Asp Glu Ile Ala Gly Asp Met Ala His Leu Ala Phe Pro			835
230	235	240	245
aat gtc tct aga agt att ttg gcg aca ggc cca gat atc gct gaa atg Asn Val Ser Arg Ser Ile Leu Ala Thr Gly Pro Asp Ile Ala Glu Met			883
	250	255	260
aag aat tct gtg gca aaa aat gct gca gac ttt cct ggt ttc ccc agg Lys Asn Ser Val Ala Lys Asn Ala Ala Asp Phe Pro Gly Phe Pro Arg			931
265	270	275	
tca tagtcgcgga aacggccctt aat Ser			957

<210> 984
 <211> 278
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 984

Met Thr Phe Gly Glu Lys Leu Leu Asn Ala Ala Ser Thr Arg Gly Arg
1 5 10 15

Leu Cys Val Gly Ile Asp Pro His Glu Ser Leu Leu Thr Ser Trp Gly
20 25 30

Leu Pro Val Asn Val Asp Gly Leu Ala Glu Phe Ser Arg Ala Cys Val
35 40 45

Glu Ala Phe Ala Asp Thr Val Ala Leu Val Lys Pro Gln Val Ala Phe
50 55 60

Tyr Glu Arg Phe Gly Ser Ala Gly Phe Ala Ile Leu Glu Glu Thr Ile
65 70 75 80

Gln Thr Leu Arg Glu Arg Gly Cys Leu Val Val Ser Asp Ala Lys Arg
85 90 95

Gly Asp Ile Gly Ser Thr Met Ala Gly Tyr Ala Ser Ala Trp Leu Asp
100 105 110

Pro Ala Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ala Val Thr Val Ser Pro Tyr Leu
115 120 125

Gly Phe His Ser Leu Asp Pro Val Phe Glu Leu Ala Glu Gln His Gly
130 135 140

Arg Gly Val Phe Val Leu Ala Ala Thr Ser Asn Pro Glu Ala Arg Glu
145 150 155 160

Leu Gln Asp Gln Gln Asn Ala Asp Gly Val Ser Ile Ser Gln Gln Ile
165 170 175

Val Asp Gln Ala Ala Ala Leu Asn Ala Pro Tyr Met Ala Gln Gly Lys
180 185 190

Ala Gly Asn Ile Gly Val Val Ile Gly Ala Thr Leu Ser Lys Pro Pro
195 200 205

Arg Leu Ser Thr Leu Gly Gly Ala Ile Leu Met Pro Gly Val Gly Ala
210 215 220

Gln Gly Gly Thr Ala Ser Asp Val Asp Glu Ile Ala Gly Asp Met Ala
225 230 235 240

His Leu Ala Phe Pro Asn Val Ser Arg Ser Ile Leu Ala Thr Gly Pro
245 250 255

Asp Ile Ala Glu Met Lys Asn Ser Val Ala Lys Asn Ala Ala Asp Phe
260 265 270

Pro Gly Phe Pro Arg Ser
275

<210> 985
<211> 852
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(829)
<223> RXN01892

<400> 985
ggtctcagtg gcttcttggg tgctgtgatt ttttcaaggc gtaccccggtg gccgatgtta 60

aaagcggttg gcacaacccc tactgaagga gaacaccact gtg acc acc tcg agt 115
Val Thr Thr Ser Ser

1 5

gaa caa ccc cgt aca gga tac aag cga gtg atg tta aag ctc gga ggt 163
Glu Gln Pro Arg Thr Gly Tyr Lys Arg Val Met Leu Lys Leu Gly Gly

10 15 20

gaa atg ttt ggt ggt ggc aaa gtc ggc gtc gat cct gat gta gta gac 211
Glu Met Phe Gly Gly Gly Lys Val Gly Val Asp Pro Asp Val Val Asp

25 30 35

aat gtt gca cgt cag atc gct gaa gtt gct aaa act gga gca gag att 259

Asn Val Ala Arg Gln Ile Ala Glu Val Ala Lys Thr Gly Ala Glu Ile
40 45 50

gcc gtt gtt atc ggt ggc gga aac ttc ttc cgc gga gct gag ctt cag 307
Ala Val Val Ile Gly Gly Gly Asn Phe Phe Arg Gly Ala Glu Leu Gln
55 60 65

cag cgt ggc atg gac cgc gca cgg tcc gat tac atg ggt atg ctc ggc 355
Gln Arg Gly Met Asp Arg Ala Arg Ser Asp Tyr Met Gly Met Leu Gly
70 75 80 85

aca gtc atg aac tgc ctc gcc ttg cag gac ttc ctc ggt cag cat ggc 403
Thr Val Met Asn Cys Leu Ala Leu Gln Asp Phe Leu Gly Gln His Gly
90 95 100

gtt gaa tgc cgt gtc cag acc gcc atc aac atg gca cag gtc gca gaa 451
Val Glu Cys Arg Val Gln Thr Ala Ile Asn Met Ala Gln Val Ala Glu
105 110 115

cca tat ctg cca ctg cgc gca gaa cgc cac ctg gaa aag ggc cgc gtt 499
Pro Tyr Leu Pro Leu Arg Ala Glu Arg His Leu Glu Lys Gly Arg Val
120 125 130

gtc atc ttc ggt gct ggc atg ggt atg ccg tac ttt tcc acg gac acc 547
Val Ile Phe Gly Ala Gly Met Gly Met Pro Tyr Phe Ser Thr Asp Thr
135 140 145

act gct gca cag cgt gcg ttg gaa atc ggc tgt gac gtc cta ctg atg 595
Thr Ala Ala Gln Arg Ala Leu Glu Ile Gly Cys Asp Val Leu Leu Met
150 155 160 165

gct aag gct gtt gac ggt gtg tac agc gat gat cct cgt acc aac cca 643
Ala Lys Ala Val Asp Gly Val Tyr Ser Asp Asp Pro Arg Thr Asn Pro
170 175 180

gat gct gag ctc ttc acc gaa att act cca aag gaa gta att gag aag 691
Asp Ala Glu Leu Phe Thr Glu Ile Thr Pro Lys Glu Val Ile Glu Lys
185 190 195

ggc ctg aag gtt gcc gat gca act gca ttc agc ctc tgc atg gac aac 739

Gly Leu Lys Val Ala Asp Ala Thr Ala Phe Ser Leu Cys Met Asp Asn

200 205 210

aag atg cct atc ttg gtg ttt aac ctg ctt act gaa ggc aac att gct 787
Lys Met Pro Ile Leu Val Phe Asn Leu Leu Thr Glu Gly Asn Ile Ala

215 220 225

cgc gcc atc agc ggt gaa cgt atc ggt act ctg gtc gag tcc 829
Arg Ala Ile Ser Gly Glu Arg Ile Gly Thr Leu Val Glu Ser

230 235 240

tgatacattt agtcttataa aca 852

<210> 986

<211> 243

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 986

Val Thr Thr Ser Ser Glu Gln Pro Arg Thr Gly Tyr Lys Arg Val Met
1 5 10 15

Leu Lys Leu Gly Gly Glu Met Phe Gly Gly Gly Lys Val Gly Val Asp
20 25 30

Pro Asp Val Val Asp Asn Val Ala Arg Gln Ile Ala Glu Val Ala Lys
35 40 45

Thr Gly Ala Glu Ile Ala Val Val Ile Gly Gly Gly Asn Phe Phe Arg
50 55 60

Gly Ala Glu Leu Gln Gln Arg Gly Met Asp Arg Ala Arg Ser Asp Tyr
65 70 75 80

Met Gly Met Leu Gly Thr Val Met Asn Cys Leu Ala Leu Gln Asp Phe
85 90 95

Leu Gly Gln His Gly Val Glu Cys Arg Val Gln Thr Ala Ile Asn Met
100 105 110

Ala Gln Val Ala Glu Pro Tyr Leu Pro Leu Arg Ala Glu Arg His Leu

[illegible]

Ser	Glu	Gln	Pro	Arg	Thr	Gly	Tyr	Lys	Arg	Val	Met	Leu	Lys	Leu	Glu				
5					10					15					20				
ggt	gaa	atg	ttt	ggt	ggt	ggc	aaa	gtc	ggc	gtc	gat	cct	gat	gta	gta	154			
Gly	Glu	Met	Phe	Gly	Gly	Gly	Lys	Val	Gly	Val	Asp	Pro	Asp	Val	Val				
				25					30					35					
gac	aat	gtt	gca	cgt	cag	atc	gct	gaa	gtt	gct	aaa	act	gga	gca	gag	202			
Asp	Asn	Val	Ala	Arg	Gln	Ile	Ala	Glu	Val	Ala	Lys	Thr	Gly	Ala	Glu				
			40						45					50					
att	gcc	gtt	gtt	atc	ggt	ggc	gga	aac	ttc	ttc	cgc	gga	gct	gag	ctt	250			
Ile	Ala	Val	Val	Ile	Gly	Gly	Gly	Asn	Phe	Phe	Arg	Gly	Ala	Glu	Leu				
		55					60						65						
cag	cag	cgt	ggc	atg	gac	cgc	gca	cgg	tcc	gat	tac	atg	ggt	atg	ctc	298			
Gln	Gln	Arg	Gly	Met	Asp	Arg	Ala	Arg	Ser	Asp	Tyr	Met	Gly	Met	Leu				
		70					75						80						
ggc	aca	gtc	atg	aac	tgc	ctc	gcc	ttg	cag	gac	ttc	ctc	ggt	cag	cat	346			
Gly	Thr	Val	Met	Asn	Cys	Leu	Ala	Leu	Gln	Asp	Phe	Leu	Gly	Gln	His				
		85					90						95		100				
ggc	gtt	gaa	tgc	cgt	gtc	cag	acc	gcc	atc	aac	atg	gca	cag	gtc	gca	394			
Gly	Val	Glu	Cys	Arg	Val	Gln	Thr	Ala	Ile	Asn	Met	Ala	Gln	Val	Ala				
				105						110				115					
gaa	cca	tat	ctg	cca	ctg	cgc	gca	gaa	cgc	cac	ctg	gaa	aag	ggc	cgc	442			
Glu	Pro	Tyr	Leu	Pro	Leu	Arg	Ala	Glu	Arg	His	Leu	Glu	Lys	Gly	Arg				
			120							125				130					
gtt	gtc	atc	ttc	ggt	gct	ggc	atg	ggt	atg	ccg	tac	ttt	tcc	acg	gac	490			
Val	Val	Ile	Phe	Gly	Ala	Gly	Met	Gly	Met	Pro	Tyr	Phe	Ser	Thr	Asp				
			135							140				145					
acc	act	gct	gca	cag	cgt	gcg	ttg	gaa	atc	ggc	tgt	gac	gtc	cta	ctg	538			
Thr	Thr	Ala	Ala	Gln	Arg	Ala	Leu	Glu	Ile	Gly	Cys	Asp	Val	Leu	Leu				
		150								155				160					
atg	gct	aag	gct	gtt	gac	ggt	gtg	tac	agc	gat	gat	cct	cgt	acc	aac	586			

Met Ala Lys Ala Val Asp Gly Val Tyr Ser Asp Asp Pro Arg Thr Asn
165 170 175 180
cca gat gct gag ctc ttc acc gaa att act cca aag gaa gta att gag 634
Pro Asp Ala Glu Leu Phe Thr Glu Ile Thr Pro Lys Glu Val Ile Glu
185 190 195
aag ggc ctg aag gtt gcc gat gca act gca ttc agc ctc tgc atg gac 682
Lys Gly Leu Lys Val Ala Asp Ala Thr Ala Phe Ser Leu Cys Met Asp
200 205 210
aac aag atg cct atc ttg gtg ttt aac ctg ctt act gaa ggc aac att 730
Asn Lys Met Pro Ile Leu Val Phe Asn Leu Leu Thr Glu Gly Asn Ile
215 220 225
gct cgc gcc atc agc ggt gaa cgt atc ggt act ctg gtc gag tcc 775
Ala Arg Ala Ile Ser Gly Glu Arg Ile Gly Thr Leu Val Glu Ser
230 235 240
tgatacattt agtccttataa aca 798
<210> 988
<211> 243
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 988
Val Thr Thr Ser Ser Glu Gln Pro Arg Thr Gly Tyr Lys Arg Val Met
1 5 10 15
Leu Lys Leu Glu Gly Glu Met Phe Gly Gly Gly Lys Val Gly Val Asp
20 25 30
Pro Asp Val Val Asp Asn Val Ala Arg Gln Ile Ala Glu Val Ala Lys
35 40 45
Thr Gly Ala Glu Ile Ala Val Val Ile Gly Gly Gly Asn Phe Phe Arg
50 55 60
Gly Ala Glu Leu Gln Gln Arg Gly Met Asp Arg Ala Arg Ser Asp Tyr

[illegible]

<222> (101)..(775)

<223> RXA00105

<400> 989

catcttgatc tgtcgccctg aacttgcaga tgaacttctc gagatgtgcg cgaagttcta 60

cgaggagaat ggaacttact aacgctgtta tgatgacggc atg act gtt cca acg 115
Met Thr Val Pro Thr

1 5

cct tat gaa gac ctt ctt cgg aag att gct gaa gaa ggg tcc cac aag 163
Pro Tyr Glu Asp Leu Leu Arg Lys Ile Ala Glu Glu Gly Ser His Lys

10 15 20

gac gac cgc acc ggc acc ggc act act tct tta ttc gga caa caa atc 211
Asp Asp Arg Thr Gly Thr Gly Thr Thr Ser Leu Phe Gly Gln Gln Ile

25 30 35

cgc ttt gat ctc aat gaa ggt ttt ccc ctt ctg acc acc aag aag gtc 259
Arg Phe Asp Leu Asn Glu Gly Phe Pro Leu Leu Thr Thr Lys Lys Val

40 45 50

cat ttc cac tct gtt gtg ggt gag ctt ttg tgg ttc ctt cag ggg gat 307
His Phe His Ser Val Val Gly Glu Leu Leu Trp Phe Leu Gln Gly Asp

55 60 65

tcc aac gtc aaa tgg ctg cag gat aac aac atc cgc att tgg aat gaa 355
Ser Asn Val Lys Trp Leu Gln Asp Asn Asn Ile Arg Ile Trp Asn Glu

70 75 80 85

tgg gca gat gag gac ggc gag ctg ggc cct gtt tat ggt gtc cag tgg 403
Trp Ala Asp Glu Asp Gly Glu Leu Gly Pro Val Tyr Gly Val Gln Trp

90 95 100

cgt tct tgg cca acc cct gat ggt cgt cac att gac cag atc tca ggt 451
Arg Ser Trp Pro Thr Pro Asp Gly Arg His Ile Asp Gln Ile Ser Gly

105 110 115

gct tta gaa act ctg cga aac aac cct gat tca cgt cgc aat att gtc 499
Ala Leu Glu Thr Leu Arg Asn Asn Pro Asp Ser Arg Arg Asn Ile Val

120	125	130	
tcg gcg tgg aat gtt tcc gag ctt gaa aac atg gct ctt ccc cct tgt			547
Ser Ala Trp Asn Val Ser Glu Leu Glu Asn Met Ala Leu Pro Pro Cys			
135	140	145	
cac ttg ctt ttc cag ctc tat gtc gcc gat ggc aaa ctg tct tgc cag			595
His Leu Leu Phe Gln Leu Tyr Val Ala Asp Gly Lys Leu Ser Cys Gln			
150	155	160	165
ctc tac cag cgt tct gcg gac atg ttc ctg ggt gtg cct ttc aac atc			643
Leu Tyr Gln Arg Ser Ala Asp Met Phe Leu Gly Val Pro Phe Asn Ile			
170	175	180	
gca tct tat gca ctg ctc acc cac atg ttt gcc cag cag gca ggc ttg			691
Ala Ser Tyr Ala Leu Leu Thr His Met Phe Ala Gln Gln Ala Gly Leu			
185	190	195	
gaa gtc ggc gag ttc att tgg act ggc ggc gac tgc cac att tat gac			739
Glu Val Gly Glu Phe Ile Trp Thr Gly Gly Asp Cys His Ile Tyr Asp			
200	205	210	
aac cac aag gaa cag gtc gcg gag cag ctg agc cga taagctcgcc			785
Asn His Lys Glu Gln Val Ala Glu Gln Leu Ser Arg			
215	220	225	
cctacccac ctt			798

<210> 990

<211> 225

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 990

Met Thr Val Pro Thr Pro Tyr Glu Asp Leu Leu Arg Lys Ile Ala Glu

1 5 10 15

Glu Gly Ser His Lys Asp Asp Arg Thr Gly Thr Gly Thr Thr Ser Leu

20 25 30

Phe Gly Gln Gln Ile Arg Phe Asp Leu Asn Glu Gly Phe Pro Leu Leu

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(709)

<223> RXA00131

<400> 991

aggctctcgg cggtcagctc accgaactga ccaaggagca ggctgagtag atcggcggtg 60

acgttgcagg ccattcaag ccggagcact accgtacta atg att gtc agc att 115
Met Ile Val Ser Ile

1 5

gag gga atc gac ggc gcc ggc aaa aac acc ctg gtt tcg gca tta acg 163
Glu Gly Ile Asp Gly Ala Gly Lys Asn Thr Leu Val Ser Ala Leu Thr

10 15 20

cag gtt att gat gca aaa gtc ctt gca ttc cca cgt tat gaa acc tcg 211
Gln Val Ile Asp Ala Lys Val Leu Ala Phe Pro Arg Tyr Glu Thr Ser

25 30 35

att cac gcc caa ttg gcc gcg gaa gca ctc cac ggc cgc atg ggc gac 259
Ile His Ala Gln Leu Ala Ala Glu Ala Leu His Gly Arg Met Gly Asp

40 45 50

ctc acc gac agc gcc tac gcc atg gcc acg ctt ttc gcc ctc gac cgc 307
Leu Thr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Ala Thr Leu Phe Ala Leu Asp Arg

55 60 65

cac ttc gcg att gat gac tta aat gcg ccc ggc gtg gtg ctg ctc gac 355
His Phe Ala Ile Asp Asp Leu Asn Ala Pro Gly Val Val Leu Leu Asp

70 75 80 85

cga tac gtc gcc tcc aac gcg gct tat acc gcc gcc aga ttg ctt gac 403
Arg Tyr Val Ala Ser Asn Ala Ala Tyr Thr Ala Ala Arg Leu Leu Asp

90 95 100

gac gac gcc ccc cgc tgg gtt gcc gac ctg gaa ttc ggg cgg ctt ggg 451
Asp Asp Ala Pro Arg Trp Val Ala Asp Leu Glu Phe Gly Arg Leu Gly

105 110 115

ctc cca cgt ccg acg ctt caa gtg ttg ttg gat acc ccc gcg gag gta 499
Leu Pro Arg Pro Thr Leu Gln Val Leu Leu Asp Thr Pro Ala Glu Val

120 125 130

gcg caa gat agg gct aga cgt cga gaa gcg ctt gac tcc gcg cgt gcg 547
Ala Gln Asp Arg Ala Arg Arg Arg Glu Ala Leu Asp Ser Ala Arg Ala

135 140 145

cgg gac cgc tat gaa tcg gat tcg gcg ctg cag caa cgc acc gcc gag 595
Arg Asp Arg Tyr Glu Ser Asp Ser Ala Leu Gln Gln Arg Thr Ala Glu

150 155 160 165

cac tat cgc cgc ctc gcg gcg gac aac tgg gaa tca ccg tgg atc gtg 643
His Tyr Arg Arg Leu Ala Ala Asp Asn Trp Glu Ser Pro Trp Ile Val

170 175 180

gtt gcc cct gat gaa gac ccc ggc cac gtt gcg cag aga atc gtg gaa 691
Val Ala Pro Asp Glu Asp Pro Gly His Val Ala Gln Arg Ile Val Glu

185 190 195

ttc ctg ggt act ata aac taatccaat tagcaggaag gat 732
Phe Leu Gly Thr Ile Asn

200

<210> 992

<211> 203

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 992

Met Ile Val Ser Ile Glu Gly Ile Asp Gly Ala Gly Lys Asn Thr Leu
1 5 10 15

Val Ser Ala Leu Thr Gln Val Ile Asp Ala Lys Val Leu Ala Phe Pro
20 25 30

Arg Tyr Glu Thr Ser Ile His Ala Gln Leu Ala Ala Glu Ala Leu His
35 40 45

Gly Arg Met Gly Asp Leu Thr Asp Ser Ala Tyr Ala Met Ala Thr Leu
50 55 60

Phe Ala Leu Asp Arg His Phe Ala Ile Asp Asp Leu Asn Ala Pro Gly
65 70 75 80

Val Val Leu Leu Asp Arg Tyr Val Ala Ser Asn Ala Ala Tyr Thr Ala
85 90 95

Ala Arg Leu Leu Asp Asp Asp Ala Pro Arg Trp Val Ala Asp Leu Glu
100 105 110

Phe Gly Arg Leu Gly Leu Pro Arg Pro Thr Leu Gln Val Leu Leu Asp
115 120 125

Thr Pro Ala Glu Val Ala Gln Asp Arg Ala Arg Arg Arg Glu Ala Leu
130 135 140

Asp Ser Ala Arg Ala Arg Asp Arg Tyr Glu Ser Asp Ser Ala Leu Gln
145 150 155 160

Gln Arg Thr Ala Glu His Tyr Arg Arg Leu Ala Ala Asp Asn Trp Glu
165 170 175

Ser Pro Trp Ile Val Val Ala Pro Asp Glu Asp Pro Gly His Val Ala
180 185 190

Gln Arg Ile Val Glu Phe Leu Gly Thr Ile Asn
195 200

<210> 993

<211> 531

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(508)

<223> RXA00266

<400> 993

agtaggggat cgtccagcga agcggctcgca gaggctgtga ggaagctcta agtcgactta 60

agtgcgcgaa gcagaccacc attaggtaga atcacccaac atg act gaa cgt act 115

Met Thr Glu Arg Thr																				
1										5										
ctc atc ctt atc aag cca gac ggt gtt acc aac gga cac gtc ggc gaa	163																			
Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn Gly His Val Gly Glu																				
10					15					20										
atc atc gca cgt att gag cgc aag ggc ctg aag ctc gct gct ctg gat	211																			
Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys Leu Ala Ala Leu Asp																				
25					30					35										
ctg cgt gtt gca gac cgc gag acc gct gaa aag cac tac gaa gag cac	259																			
Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys His Tyr Glu Glu His																				
40					45					50										
gct gac aag cca ttc ttc ggt gag ctc gtt gaa ttc atc acc tct gca	307																			
Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu Phe Ile Thr Ser Ala																				
55					60					65										
cct ctg atc gca ggc atc gtc gaa ggc gag cgt gca atc gat gca tgg	355																			
Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg Ala Ile Asp Ala Trp																				
70					75					80					85					
cgt cag ctt gct ggt ggc acc gac cca gtt gct aag gca acc cca ggc	403																			
Arg Gln Leu Ala Gly Gly Thr Asp Pro Val Ala Lys Ala Thr Pro Gly																				
90					95					100										
acc atc cgc ggc gat ttc gca ctg act gtt gga gag aac gtt gtt cac	451																			
Thr Ile Arg Gly Asp Phe Ala Leu Thr Val Gly Glu Asn Val Val His																				
105					110					115										
ggt tct gat tcc cca gag tcc gct gag cgc gag atc tcc atc tgg ttc	499																			
Gly Ser Asp Ser Pro Glu Ser Ala Glu Arg Glu Ile Ser Ile Trp Phe																				
120					125					130										
cct aac ctg taatttttac ggtagaaaa aaa	531																			
Pro Asn Leu																				
135																				

<210> 994

<211> 136
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 994
 Met Thr Glu Arg Thr Leu Ile Leu Ile Lys Pro Asp Gly Val Thr Asn
 1 5 10 15

Gly His Val Gly Glu Ile Ile Ala Arg Ile Glu Arg Lys Gly Leu Lys
 20 25 30

Leu Ala Ala Leu Asp Leu Arg Val Ala Asp Arg Glu Thr Ala Glu Lys
 35 40 45

His Tyr Glu Glu His Ala Asp Lys Pro Phe Phe Gly Glu Leu Val Glu
 50 55 60

Phe Ile Thr Ser Ala Pro Leu Ile Ala Gly Ile Val Glu Gly Glu Arg
 65 70 75 80

Ala Ile Asp Ala Trp Arg Gln Leu Ala Gly Gly Thr Asp Pro Val Ala
 85 90 95

Lys Ala Thr Pro Gly Thr Ile Arg Gly Asp Phe Ala Leu Thr Val Gly
 100 105 110

Glu Asn Val Val His Gly Ser Asp Ser Pro Glu Ser Ala Glu Arg Glu
 115 120 125

Ile Ser Ile Trp Phe Pro Asn Leu
 130 135

<210> 995
 <211> 831
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(808)
 <223> RXA00718

<400> 995

gcaccaagct gcacaccgtt cagcttgggtg atcagaagcc aggttccctt cgtgcactga 60

actcctctga gctgaccagc ttatacaagg tggccaact gtg acg gaa att tcc 115
Val Thr Glu Ile Ser

1 5

aac atg cct gcc ggt ggc ctc atc gta gcc atc gac ggg ccg tct ggc 163
Asn Met Pro Ala Gly Gly Leu Ile Val Ala Ile Asp Gly Pro Ser Gly

10 15 20

acc gga aaa tcc acc aca tcc cgc gcg ctc gca acc cgt ctc tcg gcc 211
Thr Gly Lys Ser Thr Thr Ser Arg Ala Leu Ala Thr Arg Leu Ser Ala

25 30 35

aag tac cta gat act ggt gcg atg tac cgc gtc gca acg ctt cat gtg 259
Lys Tyr Leu Asp Thr Gly Ala Met Tyr Arg Val Ala Thr Leu His Val

40 45 50

ctt aac cag ggg att gac cct gca gat agc gca gcc gtg atc gct gca 307
Leu Asn Gln Gly Ile Asp Pro Ala Asp Ser Ala Ala Val Ile Ala Ala

55 60 65

acc gct gta ttg ccg ttg tcg att tct gac gat ccc gcc tcc act gag 355
Thr Ala Val Leu Pro Leu Ser Ile Ser Asp Asp Pro Ala Ser Thr Glu

70 75 80 85

gtg ttg ctc gcg ggc gtc gat gtg caa aag gac atc cgc gga cca gaa 403
Val Leu Leu Ala Gly Val Asp Val Gln Lys Asp Ile Arg Gly Pro Glu

90 95 100

gtc acc caa aat gtc tcc gca gtg tcc gcg atc cct gag gtt cgt gaa 451
Val Thr Gln Asn Val Ser Ala Val Ser Ala Ile Pro Glu Val Arg Glu

105 110 115

aac ttg gtg gcg ttg cag cgc gca ctc gcc gcc aaa gca cat cgc tgc 499
Asn Leu Val Ala Leu Gln Arg Ala Leu Ala Ala Lys Ala His Arg Cys

120 125 130

gtc gtc gaa ggc aga gac atc gga acg gca gtg ctt gtc gac gcg ccc 547
Val Val Glu Gly Arg Asp Ile Gly Thr Ala Val Leu Val Asp Ala Pro

135 140 145

atc aag gcg ttt ctc acc gcc tca gcg gaa gtc cgc gcc cag cga cgc 595
Ile Lys Ala Phe Leu Thr Ala Ser Ala Glu Val Arg Ala Gln Arg Arg

150 155 160 165

ttt gac caa gac acc gca gca ggt cgc gac gta gat ttc gac gct gtg 643
Phe Asp Gln Asp Thr Ala Ala Gly Arg Asp Val Asp Phe Asp Ala Val

170 175 180

ctg gca gat gtt gtt cgc cgc gat gaa cta gat tcc acc cgt gcc gcc 691
Leu Ala Asp Val Val Arg Arg Asp Glu Leu Asp Ser Thr Arg Ala Ala

185 190 195

tca ccg ctg aaa cca gca gat gat gca cac atc gtg gac acc tct gat 739
Ser Pro Leu Lys Pro Ala Asp Asp Ala His Ile Val Asp Thr Ser Asp

200 205 210

atg acc atg gat caa gta ctt gat cac ctc atc cac cta gtg gaa gcc 787
Met Thr Met Asp Gln Val Leu Asp His Leu Ile His Leu Val Glu Ala

215 220 225

tcc gct gaa agg agc aac cag tgactgataa acacaccatg cct 831
Ser Ala Glu Arg Ser Asn Gln

230

235

<210> 996

<211> 236

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 996

Val Thr Glu Ile Ser Asn Met Pro Ala Gly Gly Leu Ile Val Ala Ile

1

5

10

15

Asp Gly Pro Ser Gly Thr Gly Lys Ser Thr Thr Ser Arg Ala Leu Ala

20

25

30

Thr Arg Leu Ser Ala Lys Tyr Leu Asp Thr Gly Ala Met Tyr Arg Val

35

40

45

Ala Thr Leu His Val Leu Asn Gln Gly Ile Asp Pro Ala Asp Ser Ala
50 55 60

Ala Val Ile Ala Ala Thr Ala Val Leu Pro Leu Ser Ile Ser Asp Asp
65 70 75 80

Pro Ala Ser Thr Glu Val Leu Leu Ala Gly Val Asp Val Gln Lys Asp
85 90 95

Ile Arg Gly Pro Glu Val Thr Gln Asn Val Ser Ala Val Ser Ala Ile
100 105 110

Pro Glu Val Arg Glu Asn Leu Val Ala Leu Gln Arg Ala Leu Ala Ala
115 120 125

Lys Ala His Arg Cys Val Val Glu Gly Arg Asp Ile Gly Thr Ala Val
130 135 140

Leu Val Asp Ala Pro Ile Lys Ala Phe Leu Thr Ala Ser Ala Glu Val
145 150 155 160

Arg Ala Gln Arg Arg Phe Asp Gln Asp Thr Ala Ala Gly Arg Asp Val
165 170 175

Asp Phe Asp Ala Val Leu Ala Asp Val Val Arg Arg Asp Glu Leu Asp
180 185 190

Ser Thr Arg Ala Ala Ser Pro Leu Lys Pro Ala Asp Asp Ala His Ile
195 200 205

Val Asp Thr Ser Asp Met Thr Met Asp Gln Val Leu Asp His Leu Ile
210 215 220

His Leu Val Glu Ala Ser Ala Glu Arg Ser Asn Gln
225 230 235

<210> 997

<211> 1785

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (101)..(1762)
 <223> RXA01599

<400> 997

caccgaacgt ttaagttttc cgcaccgcct gactcgaaaa gatctttttt aaagagctgt 60

tcgatgttta ggttcaacca ggaaggctgt ctcagacatc atg acc tct agt cga 115
 Met Thr Ser Ser Arg

1 5

aaa gtc cgt ccc acc aaa cac att ttc gtc acc ggt gga gtt gtt tcc 163
 Lys Val Arg Pro Thr Lys His Ile Phe Val Thr Gly Gly Val Val Ser

10 15 20

tca ctc ggc aaa ggc ctg acc gca gca agc ctt ggt caa ttg ctg att 211
 Ser Leu Gly Lys Gly Leu Thr Ala Ala Ser Leu Gly Gln Leu Leu Ile

25 30 35

gca cgg gga ctg tcg gtg acc atg cag aag ctg gat cca tac ctc aat 259
 Ala Arg Gly Leu Ser Val Thr Met Gln Lys Leu Asp Pro Tyr Leu Asn

40 45 50

gtt gat ccg ggc acc atg aat cct ttt gaa cac ggt gaa gtc ttt gtc 307
 Val Asp Pro Gly Thr Met Asn Pro Phe Glu His Gly Glu Val Phe Val

55 60 65

acc gaa gac ggg gca gaa aca gac ctg gat ttg ggc cac tac gag cgt 355
 Thr Glu Asp Gly Ala Glu Thr Asp Leu Asp Leu Gly His Tyr Glu Arg

70 75 80 85

ttc ctc gat cgc aac ctg ggg ctc aac gcc aat gtc acc acc ggc aag 403
 Phe Leu Asp Arg Asn Leu Gly Leu Asn Ala Asn Val Thr Thr Gly Lys

90 95 100

gtg tat tcc act gtg atc gcc aag gag cgc agg gga gag tac ctg ggt 451
 Val Tyr Ser Thr Val Ile Ala Lys Glu Arg Arg Gly Glu Tyr Leu Gly

105 110 115

aaa act gtg cag gtc atc cca cac atc act gat gag atc aaa gct cgt 499
 Lys Thr Val Gln Val Ile Pro His Ile Thr Asp Glu Ile Lys Ala Arg

120	125	130	
att ttg agc atg ggc gaa cca gat gct cat ggt aac gcc cca gac gtg 547			
Ile Leu Ser Met Gly Glu Pro Asp Ala His Gly Asn Ala Pro Asp Val			
135	140	145	
gtg atc tct gag gtc ggt ggc acc gtc ggt gac att gaa tcc cag cca 595			
Val Ile Ser Glu Val Gly Gly Thr Val Gly Asp Ile Glu Ser Gln Pro			
150	155	160	165
ttc ctt gaa gca gct cgc cag gta cgc cat gaa att ggt cgt gaa aac 643			
Phe Leu Glu Ala Ala Arg Gln Val Arg His Glu Ile Gly Arg Glu Asn			
170	175	180	
tgc ttc ttc atc cac tgt tct ttg gtg cca tac ttg gct acc tca ggt 691			
Cys Phe Phe Ile His Cys Ser Leu Val Pro Tyr Leu Ala Thr Ser Gly			
185	190	195	
gag ctg aag acc aaa ccc acc cag cat tct gtc gca gag ctg cgc ggc 739			
Glu Leu Lys Thr Lys Pro Thr Gln His Ser Val Ala Glu Leu Arg Gly			
200	205	210	
atc ggt att ttg ccg gat gct ctc gtg ctt cgt tgc gat cgg gag gtc 787			
Ile Gly Ile Leu Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg Cys Asp Arg Glu Val			
215	220	225	
cct caa ggt ctg aaa gat aag atc gcg atg atg tgc gat gtt gat tat 835			
Pro Gln Gly Leu Lys Asp Lys Ile Ala Met Met Cys Asp Val Asp Tyr			
230	235	240	245
gaa ggc gtt gta tct tgc cct gat tcc agt tct att tac aac att cca 883			
Glu Gly Val Val Ser Cys Pro Asp Ser Ser Ser Ile Tyr Asn Ile Pro			
250	255	260	
gat gtc ctc tac cgc gag cac ctg gac acc ttc att att cgt cgc ctg 931			
Asp Val Leu Tyr Arg Glu His Leu Asp Thr Phe Ile Ile Arg Arg Leu			
265	270	275	
ggc ctt ccg ttc cgt gat gtt gac tgg agc acc tgg cac gat ctg ctg 979			
Gly Leu Pro Phe Arg Asp Val Asp Trp Ser Thr Trp His Asp Leu Leu			

280	285	290	
gaa cgg gtg aac aac cca cgc cat gag ctc acc gtc ggc atc gtg ggc 1027			
Glu Arg Val Asn Asn Pro Arg His Glu Leu Thr Val Gly Ile Val Gly			
295	300	305	
aag tac att gat ctt ccc gat gct tat ctc tca gtg gtg gaa gct gtt 1075			
Lys Tyr Ile Asp Leu Pro Asp Ala Tyr Leu Ser Val Val Glu Ala Val			
310	315	320	325
cgc gct gca ggc tac gcc aat tgg acg cgc acc aat atc aag tgg att 1123			
Arg Ala Ala Gly Tyr Ala Asn Trp Thr Arg Thr Asn Ile Lys Trp Ile			
	330	335	340
acc tca gat gat tgc gaa acc cca tct ggc gcc atg aaa gcg ctc agc 1171			
Thr Ser Asp Asp Cys Glu Thr Pro Ser Gly Ala Met Lys Ala Leu Ser			
	345	350	355
ggg ttg gat gcc atc gtg gtt ccc gga ggt ttc ggt atc cga ggt atc 1219			
Gly Leu Asp Ala Ile Val Val Pro Gly Gly Phe Gly Ile Arg Gly Ile			
	360	365	370
gaa ggc aaa atc ggt gcg att acg ttt gca cgt gag cac aag atc ccg 1267			
Glu Gly Lys Ile Gly Ala Ile Thr Phe Ala Arg Glu His Lys Ile Pro			
	375	380	385
ctt ctt ggc cta tgc ctt ggc ctg cag tgc acc gtc atc gag gca gca 1315			
Leu Leu Gly Leu Cys Leu Gly Leu Gln Cys Thr Val Ile Glu Ala Ala			
390	395	400	405
cgc cag gca gga ctg gag cag gca tca tcc act gag ttt gac cca gct 1363			
Arg Gln Ala Gly Leu Glu Gln Ala Ser Ser Thr Glu Phe Asp Pro Ala			
	410	415	420
gca acg cag cca gtg atc gcc acc atg gaa gag cag aaa gct gct gtg 1411			
Ala Thr Gln Pro Val Ile Ala Thr Met Glu Glu Gln Lys Ala Ala Val			
	425	430	435
tcg ggt gaa gct gat ctg ggt ggc acc atg cgt ctt ggc gca tat cct 1459			
Ser Gly Glu Ala Asp Leu Gly Gly Thr Met Arg Leu Gly Ala Tyr Pro			

440 445 450

gca acc ctg gag gaa ggc tcc tta gta gcg gaa ctg tat ggc aca acg 1507
Ala Thr Leu Glu Glu Gly Ser Leu Val Ala Glu Leu Tyr Gly Thr Thr

455 460 465

gaa gtc tcc gag cgc cac cgt cac cgc tat gag gtc aat aat gcc tac 1555
Glu Val Ser Glu Arg His Arg His Arg Tyr Glu Val Asn Asn Ala Tyr

470 475 480 485

cgc gcc cag att gct gaa ggt tca gat ttg gtc ttc tcc gga acc tca 1603
Arg Ala Gln Ile Ala Glu Gly Ser Asp Leu Val Phe Ser Gly Thr Ser

490 495 500

cct gat gga cat ttg gtg gag ttc gtg gag tac ccc aaa gag gtg cat 1651
Pro Asp Gly His Leu Val Glu Phe Val Glu Tyr Pro Lys Glu Val His

505 510 515

cct tat ctg gtg gca acc cag gcg cac cct gag tac aaa tct cgt cca 1699
Pro Tyr Leu Val Ala Thr Gln Ala His Pro Glu Tyr Lys Ser Arg Pro

520 525 530

acc cat gct cat cca ctg ttt tac ggc ctg gtg aag acc gct ttg gag 1747
Thr His Ala His Pro Leu Phe Tyr Gly Leu Val Lys Thr Ala Leu Glu

535 540 545

ctg cgt gtc cac cct tagatctaca atgtgatcat ggt 1785
Leu Arg Val His Pro

550

<210> 998
<211> 554
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 998
Met Thr Ser Ser Arg Lys Val Arg Pro Thr Lys His Ile Phe Val Thr
1 5 10 15

Gly Gly Val Val Ser Ser Leu Gly Lys Gly Leu Thr Ala Ala Ser Leu

20 25 30

Gly Gln Leu Leu Ile Ala Arg Gly Leu Ser Val Thr Met Gln Lys Leu
35 40 45

Asp Pro Tyr Leu Asn Val Asp Pro Gly Thr Met Asn Pro Phe Glu His
50 55 60

Gly Glu Val Phe Val Thr Glu Asp Gly Ala Glu Thr Asp Leu Asp Leu
65 70 75 80

Gly His Tyr Glu Arg Phe Leu Asp Arg Asn Leu Gly Leu Asn Ala Asn
85 90 95

Val Thr Thr Gly Lys Val Tyr Ser Thr Val Ile Ala Lys Glu Arg Arg
100 105 110

Gly Glu Tyr Leu Gly Lys Thr Val Gln Val Ile Pro His Ile Thr Asp
115 120 125

Glu Ile Lys Ala Arg Ile Leu Ser Met Gly Glu Pro Asp Ala His Gly
130 135 140

Asn Ala Pro Asp Val Val Ile Ser Glu Val Gly Gly Thr Val Gly Asp
145 150 155 160

Ile Glu Ser Gln Pro Phe Leu Glu Ala Ala Arg Gln Val Arg His Glu
165 170 175

Ile Gly Arg Glu Asn Cys Phe Phe Ile His Cys Ser Leu Val Pro Tyr
180 185 190

Leu Ala Thr Ser Gly Glu Leu Lys Thr Lys Pro Thr Gln His Ser Val
195 200 205

Ala Glu Leu Arg Gly Ile Gly Ile Leu Pro Asp Ala Leu Val Leu Arg
210 215 220

Cys Asp Arg Glu Val Pro Gln Gly Leu Lys Asp Lys Ile Ala Met Met
225 230 235 240

Cys Asp Val Asp Tyr Glu Gly Val Val Ser Cys Pro Asp Ser Ser Ser

245

250

255

Ile Tyr Asn Ile Pro Asp Val Leu Tyr Arg Glu His Leu Asp Thr Phe
260 265 270

Ile Ile Arg Arg Leu Gly Leu Pro Phe Arg Asp Val Asp Trp Ser Thr
275 280 285

Trp His Asp Leu Leu Glu Arg Val Asn Asn Pro Arg His Glu Leu Thr
290 295 300

Val Gly Ile Val Gly Lys Tyr Ile Asp Leu Pro Asp Ala Tyr Leu Ser
305 310 315 320

Val Val Glu Ala Val Arg Ala Ala Gly Tyr Ala Asn Trp Thr Arg Thr
325 330 335

Asn Ile Lys Trp Ile Thr Ser Asp Asp Cys Glu Thr Pro Ser Gly Ala
340 345 350

Met Lys Ala Leu Ser Gly Leu Asp Ala Ile Val Val Pro Gly Gly Phe
355 360 365

Gly Ile Arg Gly Ile Glu Gly Lys Ile Gly Ala Ile Thr Phe Ala Arg
370 375 380

Glu His Lys Ile Pro Leu Leu Gly Leu Cys Leu Gly Leu Gln Cys Thr
385 390 395 400

Val Ile Glu Ala Ala Arg Gln Ala Gly Leu Glu Gln Ala Ser Ser Thr
405 410 415

Glu Phe Asp Pro Ala Ala Thr Gln Pro Val Ile Ala Thr Met Glu Glu
420 425 430

Gln Lys Ala Ala Val Ser Gly Glu Ala Asp Leu Gly Gly Thr Met Arg
435 440 445

Leu Gly Ala Tyr Pro Ala Thr Leu Glu Glu Gly Ser Leu Val Ala Glu
450 455 460

Leu Tyr Gly Thr Thr Glu Val Ser Glu Arg His Arg His Arg Tyr Glu
465 470 475 480

Val Asn Asn Ala Tyr Arg Ala Gln Ile Ala Glu Gly Ser Asp Leu Val
485 490 495

Phe Ser Gly Thr Ser Pro Asp Gly His Leu Val Glu Phe Val Glu Tyr
500 505 510

Pro Lys Glu Val His Pro Tyr Leu Val Ala Thr Gln Ala His Pro Glu
515 520 525

Tyr Lys Ser Arg Pro Thr His Ala His Pro Leu Phe Tyr Gly Leu Val
530 535 540

Lys Thr Ala Leu Glu Leu Arg Val His Pro
545 550

<210> 999
<211> 3462
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(3439)
<223> RXN02234

<400> 999
accagaggc cgctgccggc ccaaatgatg caagccccct gtttgaccag tttgttgagc 60

tgatggatgc agacgctcag aagaaaggcg cataaataac atg cca aag cgt tca 115
Met Pro Lys Arg Ser

1 5

gat att aac cac gtc ctc gtc atc ggt tcc ggc ccc atc gtc att ggc 163
Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly Pro Ile Val Ile Gly

10 15 20

cag gca tgt gaa ttc gac tac tcc ggc acc cag gct tgc cgc gtg ctg 211
Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln Ala Cys Arg Val Leu

25 30 35

aag gaa gag gga ctg cgc gtc acc ctc atc aac tcc aac cca gca acg 259
Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn Ser Asn Pro Ala Thr

40 45 50

atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac acc tac gtg gag cca atc 307
Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr Tyr Val Glu Pro Ile

55 60 65

gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct aag gaa atc gag cag ggc 355
Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala Lys Glu Ile Glu Gln Gly

70 75 80 85

cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt ggt ggc cag act gca ctt 403
His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu Gly Gly Gln Thr Ala Leu

90 95 100

aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctc ggc atc ctg gaa aag tac ggc 451
Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly Ile Leu Glu Lys Tyr Gly

105 110 115

gtt gaa ctc atc ggt gca gac atc gat gcc att gag cgc ggc gaa gat 499
Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala Ile Glu Arg Gly Glu Asp

120 125 130

cgc cag aag ttc aag gat att gtc acc acc atc ggt ggc gaa tcc gcg 547
Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr Ile Gly Gly Glu Ser Ala

135 140 145

cgt tcc cgc gtc tgc cac aac atg gaa gaa gtc cac gag act gtc gca 595
Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val His Glu Thr Val Ala

150 155 160 165

gaa ctc ggc ctt cca gta gtc gtg cgt cca tcc ttc act atg ggt ggc 643
Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro Ser Phe Thr Met Gly Gly

170 175 180

ctg ggc tcc ggt ctt gca tac aac acc gaa gac ctt gag cgc atc gct 691
Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu Asp Leu Glu Arg Ile Ala

185 190 195

ggt ggc gga ctt gct gca tct cct gaa gca aac gtc ttg atc gaa gaa 739
Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala Asn Val Leu Ile Glu Glu

200 205 210

tcc atc ctt ggt tgg aag gaa ttc gag ctc gag ctc atg cgc gat acc 787
Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu Glu Leu Met Arg Asp Thr

215 220 225

gca gac aac gtt gtg gtt atc tgc tcc att gaa aac gtc gac gca ctg 835
Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu Asn Val Asp Ala Leu

230 235 240 245

ggc gtg cac acc ggc gac tct gtc acc gtg gca cct gcc ctg acc ctg 883
Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val Ala Pro Ala Leu Thr Leu

250 255 260

act gac cgt gaa ttc cag aag atg cgc gat cag ggt atc gcc atc atc 931
Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp Gln Gly Ile Ala Ile Ile

265 270 275

cgc gag gtc ggc gtg gac acc ggt gga tgt aac atc cag ttc gcc atc 979
Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys Asn Ile Gln Phe Ala Ile

280 285 290

aac cca gtt gat ggc cgc atc atc acc att gag atg aac cca cgt gtg 1027
Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile Glu Met Asn Pro Arg Val

295 300 305

tct cgt tcc tcc gct ctg gca tcc aag gca acg ggc ttc cca att gcc 1075
Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr Gly Phe Pro Ile Ala

310 315 320 325

aag atg gct gcc aag ctg gct atc gga tac acc ctg gat gag atc acc 1123
Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr Leu Asp Glu Ile Thr

330 335 340

aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg ttt gag ccc acc atc gac 1171
Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe Glu Pro Thr Ile Asp

345 350 355

tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct ttc gag aag ttt gtc ggc 1219
Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe Glu Lys Phe Val Gly

360 365 370

gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag tcc gtc ggt gag gtc atg 1267
Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser Val Gly Glu Val Met

375 380 385

tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg aac aag gca ctg cgt tcc 1315
Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn Lys Ala Leu Arg Ser

390 395 400 405

ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc aag cct gat gag ttc ttc 1363
Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys Pro Asp Glu Phe Phe

410 415 420

gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct gtt ctg gaa gat ctc aag 1411
Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val Leu Glu Asp Leu Lys

425 430 435

cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt gag ctg gca atg cgc ctt 1459
Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu Leu Ala Met Arg Leu

440 445 450

ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca tct tct att gat cct tgg 1507
Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser Ser Ile Asp Pro Trp

455 460 465

ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag ttc cgc cag aag ctc gtt 1555
Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe Arg Gln Lys Leu Val

470 475 480 485

gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg cgc gaa gca aag ttc atg 1603
Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu Arg Glu Ala Lys Phe Met

490 495 500

ggt ctg tcc gac ctg cag atc gca gcc ctt cgc cca gag ttc gct ggc 1651
Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu Arg Pro Glu Phe Ala Gly

505 510 515

gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc cta ggc atc cgc cca gta 1699
Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser Leu Gly Ile Arg Pro Val

520 525 530

ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag ttt gaa gct aag act ccg 1747
Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu Phe Glu Ala Lys Thr Pro

535 540 545

tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca gca gct gag tct gag gtc 1795
Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala Ala Glu Ser Glu Val

550 555 560 565

gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg atc ttg ggc tcc ggt cca 1843
Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile Leu Gly Ser Gly Pro

570 575 580

aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac tac tcc tgt gtt cac gca 1891
Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr Ser Cys Val His Ala

585 590 595

gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa act gtc atg gtc aac tgc 1939
Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr Val Met Val Asn Cys

600 605 610

aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac acc gct gac cgc ctg tac 1987
Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr Ala Asp Arg Leu Tyr

615 620 625

ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg gag gtc tac cac gct gag 2035
Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu Val Tyr His Ala Glu

630 635 640 645

gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc gtc cag ctt ggt ggc cag 2083
Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val Gln Leu Gly Gly Gln

650 655 660

act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag aag gct ggc gtc cct gtc 2131
Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys Lys Ala Gly Val Pro Val

665 670 675

att ggt acc tcc cca gag gca atc gac atg gct gag gac cgt ggc gag 2179
Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met Ala Glu Asp Arg Gly Glu

680 685 690

ttc ggt gca ctg ctg aac cgc gag cag ctt cct gct cca gca ttc ggc 2227
Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu Pro Ala Pro Ala Phe Gly

695 700 705

acc gca acc tct ttc gaa gag gct cgc aca gta gcc gat gag atc agc 2275
Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr Val Ala Asp Glu Ile Ser

710 715 720 725

tac cca gtg ctg gtt cgc cct tcc tac gtc ttg ggt ggc cgt ggc atg 2323
Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val Leu Gly Gly Arg Gly Met

730 735 740

gag att gtc tac gat gag gct tcc ctc gag gat tac atc aac cgc gca 2371
Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu Asp Tyr Ile Asn Arg Ala

745 750 755

act gag ttg tct tct gac cac cca gtg ctg gtt gac cgc ttc cta gac 2419
Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu Val Asp Arg Phe Leu Asp

760 765 770

aac gct att gag atc gac gtc gac gca ctg tgc gac ggc gac gag gtc 2467
Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu Cys Asp Gly Asp Glu Val

775 780 785

tac ctg gca ggc gtc atg gag cac atc gag gaa gcc ggc att cac tcc 2515
Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu Glu Ala Gly Ile His Ser

790 795 800 805

ggt gac tcc gca tgt gca ctt cct cca atg act ttg ggc gca cag gac 2563
Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met Thr Leu Gly Ala Gln Asp

810 815 820

atc gag aag gtc cgc gaa gca acc aag aag ctg gct ctg ggc atc ggt 2611
Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu Ala Leu Gly Ile Gly

825 830 835

gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca ctc aag gac gac atc ctc 2659
Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu Lys Asp Asp Ile Leu

840 845 850

tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc cgc acc gtg ccg ttc gtc 2707
Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg Thr Val Pro Phe Val

855 860 865

tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag gca gca tcc cgt atc gca 2755
Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala Ala Ser Arg Ile Ala

870 875 880 885

gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat gag ggc atg att cct acc 2803
Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu Gly Met Ile Pro Thr

890 895 900

gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac gct cca atc gct gtg aag 2851
Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala Pro Ile Ala Val Lys

905 910 915

gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt cgc cca gat gga aag acc 2899
Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg Pro Asp Gly Lys Thr

920 925 930

ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag tcc act ggc gag gtc atg 2947
Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser Thr Gly Glu Val Met

935 940 945

ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat gca aag gct gaa gct ggc 2995
Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala Lys Ala Glu Ala Gly

950 955 960 965

gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc gtc ttc gtg acc gtg gct 3043
Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val Phe Val Thr Val Ala

970 975 980

aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca atc cag cgc ctg gcg ttg 3091
Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro Ile Gln Arg Leu Ala Leu

985 990 995

atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc acc gca ggc atg ctg cgc 3139
Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr Ala Gly Met Leu Arg

1000 1005 1010

cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc aag gct tcc gac atc cgc 3187
Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys Ala Ser Asp Ile Arg

1015 1020 1025

gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat cgt atc cgc gaa ggc gaa 3235
Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg Ile Arg Glu Gly Glu

1030 1035 1040 1045

gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt tct gct ggc gct cgc cac 3283
Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser Ala Gly Ala Arg His

1050 1055 1060

gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg acc gtg ggt gtt ccg ctg 3331
Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val Thr Val Gly Val Pro Leu

1065 1070 1075

atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct gtc cag ggc ata gag gcc 3379
Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val Gln Gly Ile Glu Ala

1080 1085 1090

ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg ctg cag gaa ctc gac cac 3427
Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu Gln Glu Leu Asp His

1095 1100 1105

gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc gag 3462
Ala Val Lys Ala

1110

<210> 1000

<211> 1113

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1000

Met Pro Lys Arg Ser Asp Ile Asn His Val Leu Val Ile Gly Ser Gly

1	5	10	15
Pro Ile Val Ile Gly Gln Ala Cys Glu Phe Asp Tyr Ser Gly Thr Gln	20	25	30
Ala Cys Arg Val Leu Lys Glu Glu Gly Leu Arg Val Thr Leu Ile Asn	35	40	45
Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His Thr	50	55	60
Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala Lys	65	70	75
Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu Gly	85	90	95
Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly Ile	100	105	110
Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala Ile	115	120	125
Glu Arg Gly Glu Asp Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr Ile	130	135	140
Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu Val	145	150	155
His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro Ser	165	170	175
Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu Asp	180	185	190
Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala Asn	195	200	205
Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu Glu	210	215	220

Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile Glu
225 230 235 240

Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val Ala
245 250 255

Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp Gln
260 265 270

Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys Asn
275 280 285

Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile Glu
290 295 300

Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala Thr
305 310 315 320

Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr Thr
325 330 335

Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala Phe
340 345 350

Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala Phe
355 360 365

Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys Ser
370 375 380

Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu Asn
385 390 395 400

Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr Lys
405 410 415

Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala Val
420 425 430

Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val Glu
435 440 445

Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala Ser
450 455 460

Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln Phe
465 470 475 480

Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu Arg
485 490 495

Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu Arg
500 505 510

Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser Leu
515 520 525

Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu Phe
530 535 540

Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro Ala
545 550 555 560

Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu Ile
565 570 575

Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp Tyr
580 585 590

Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu Thr
595 600 605

Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp Thr
610 615 620

Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met Glu
625 630 635 640

Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile Val
645 650 655

Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys Lys
660 665 670

Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met Ala
675 680 685

Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu Pro
690 695 700

Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr Val
705 710 715 720

Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val Leu
725 730 735

Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu Asp
740 745 750

Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu Val
755 760 765

Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu Cys
770 775 780

Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu Glu
785 790 795 800

Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met Thr
805 810 815

Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys Leu
820 825 830

Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala Leu
835 840 845

Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser Arg
850 855 860

Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys Ala
865 870 875 880

Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp Glu
885 890 895

Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp Ala
900 905 910

Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg Arg
915 920 925

Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys Ser
930 935 940

Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr Ala
945 950 955 960

Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr Val
965 970 975

Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro Ile
980 985 990

Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly Thr
995 1000 1005

Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu Lys
1010 1015 1020

Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp Arg
1025 1030 1035 1040

Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly Ser
1045 1050 1055

Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val Thr
1060 1065 1070

Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala Val
1075 1080 1085

Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala Leu
1090 1095 1100

Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala
1105 1110

<210> 1001
 <211> 3221
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(3198)
 <223> FRXA02234

<400> 1001
 ggc tcc aac cca gca acg atc atg acc gac cca gaa atg gct gac cac 48
 Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His

1 5 10 15

acc tac gtg gag cca atc gag ccg gaa tac atc gac aag att ttc gct 96
 Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala

20 25 30

aag gaa atc gag cag ggc cac cca atc gac gcc gtc ctg gca acc ctt 144
 Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu

35 40 45

ggt ggc cag act gca ctt aac gca gct atc cag ctg gat cgc ctc ggc 192
 Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly

50 55 60

atc ctg gaa aag tac ggc gtt gaa ctc atc ggt gca gac atc gat gcc 240
 Ile Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala

65 70 75 80

att gag cgc ggc gaa gat cgc cag aag ttc aag gat att gtc acc acc 288
 Ile Glu Arg Gly Glu Asp Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr

85 90 95

atc ggt ggc gaa tcc gcg cgt tcc cgc gtc tgc cac aac atg gaa gaa 336
 Ile Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu

100 105 110

gtc cac gag act gtc gca gaa ctc ggc ctt cca gta gtc gtg cgt cca 384

Val His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro

115 120 125

tcc ttc act atg ggt ggc ctg ggc tcc ggt ctt gca tac aac acc gaa 432
Ser Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu

130 135 140

gac ctt gag cgc atc gct ggt ggc gga ctt gct gca tct cct gaa gca 480
Asp Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala

145 150 155 160

aac gtc ttg atc gaa gaa tcc atc ctt ggt tgg aag gaa ttc gag ctc 528
Asn Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu

165 170 175

gag ctc atg cgc gat acc gca gac aac gtt gtg gtt atc tgc tcc att 576
Glu Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile

180 185 190

gaa aac gtc gac gca ctg ggc gtg cac acc ggc gac tct gtc acc gtg 624
Glu Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val

195 200 205

gca cct gcc ctg acc ctg act gac cgt gaa ttc cag aag atg cgc gat 672
Ala Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp

210 215 220

cag ggt atc gcc atc atc cgc gag gtc ggc gtg gac acc ggt gga tgt 720
Gln Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys

225 230 235 240

aac atc cag ttc gcc atc aac cca gtt gat ggc cgc atc atc acc att 768
Asn Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile

245 250 255

gag atg aac cca cgt gtg tct cgt tcc tcc gct ctg gca tcc aag gca 816
Glu Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala

260 265 270

acg ggc ttc cca att gcc aag atg gct gcc aag ctg gct atc gga tac 864

Thr Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr	
275	280
285	
acc ctg gat gag atc acc aac gac atc act ggt gaa acc cca gct gcg	912
Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala	
290	295
300	
ttt gag ccc acc atc gac tac gtc gtg gtc aag gcc cca cgc ttt gct	960
Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala	
305	310
315	320
ttc gag aag ttt gtc ggc gct gat gac act ttg acc acc acc atg aag	1008
Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys	
325	330
335	
tcc gtc ggt gag gtc atg tcc ctg ggc cgc aac tac att gca gca ctg	1056
Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu	
340	345
350	
aac aag gca ctg cgt tcc ctg gaa acc aag cag cag ggt ttc tgg acc	1104
Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr	
355	360
365	
aag cct gat gag ttc ttc gca ggg gag cgc gct acc gat aag gca gct	1152
Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala	
370	375
380	
gtt ctg gaa gat ctc aag cgc cca acc gaa ggc cgc ctc tac gac gtt	1200
Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val	
385	390
395	400
gag ctg gca atg cgc ctt ggc gca agc gtg gaa gaa ctc tac gaa gca	1248
Glu Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala	
405	410
415	
tct tct att gat cct tgg ttc ctc gcc gag ctt gaa gct ctc gtg cag	1296
Ser Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln	
420	425
430	
ttc cgc cag aag ctc gtt gac gca cca ttc cta aac gaa gat ctc ctg	1344

Phe Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu
435 440 445

cgc gaa gca aag ttc atg ggt ctg tcc gac ctg cag atc gca gcc ctt 1392
Arg Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu
450 455 460

cgc cca gag ttc gct ggc gaa gac ggc gta cgc acc ttg cgt ctg tcc 1440
Arg Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser
465 470 475 480

cta ggc atc cgc cca gta ttc aag act gtg gat acc tgt gca gca gag 1488
Leu Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu
485 490 495

ttt gaa gct aag act ccg tac cac tac tcc gca tac gag ctg gat cca 1536
Phe Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro
500 505 510

gca gct gag tct gag gtc gca cca cag act gag cgt gaa aag gtc ctg 1584
Ala Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu
515 520 525

atc ttg ggc tcc ggt cca aac cgc atc ggc cag ggc atc gag ttc gac 1632
Ile Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp
530 535 540

tac tcc tgt gtt cac gca gct ctt gag ctc tcc cgc gtc ggc tac gaa 1680
Tyr Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu
545 550 555 560

act gtc atg gtc aac tgc aac cca gag acc gtg tcc acc gac tac gac 1728
Thr Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp
565 570 575

acc gct gac cgc ctg tac ttc gag cca ctg acc ttc gaa gac gtc atg 1776
Thr Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met
580 585 590

gag gtc tac cac gct gag gcg cag tcc ggc acc gtc gca ggt gtt atc 1824

Glu Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile	
595	600
605	
gtc cag ctt ggt ggc cag act cct ctg ggc ttg gca gat cgt ttg aag	1872
Val Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys	
610	615
620	
aag gct ggc gtc cct gtc att ggt acc tcc cca gag gca atc gac atg	1920
Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met	
625	630
635	640
gct gag gac cgt ggc gag ttc ggt gca ctg ctg aac cgc gag cag ctt	1968
Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu	
645	650
655	
cct gct cca gca ttc ggc acc gca acc tct ttc gaa gag gct cgc aca	2016
Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr	
660	665
670	
gta gcc gat gag atc agc tac cca gtg ctg gtt cgc cct tcc tac gtc	2064
Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val	
675	680
685	
ttg ggt ggc cgt ggc atg gag att gtc tac gat gag gct tcc ctc gag	2112
Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu	
690	695
700	
gat tac atc aac cgc gca act gag ttg tct tct gac cac cca gtg ctg	2160
Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu	
705	710
715	720
gtt gac cgc ttc cta gac aac gct att gag atc gac gtc gac gca ctg	2208
Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu	
725	730
735	
tgc gac ggc gac gag gtc tac ctg gca ggc gtc atg gag cac atc gag	2256
Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu	
740	745
750	
gaa gcc ggc att cac tcc ggt gac tcc gca tgt gca ctt cct cca atg	2304

Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met
755 760 765

act ttg ggc gca cag gac atc gag aag gtc cgc gaa gca acc aag aag 2352
Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys

770 775 780

ctg gct ctg ggc atc ggt gta cag ggc ctg atg aac gtc cag tac gca 2400
Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala

785 790 795 800

ctc aag gac gac atc ctc tac gtc atc gag gca aac cca cgt gca tcc 2448
Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser

805 810 815

cgc acc gtg ccg ttc gtc tcc aag gca acg ggc gtc aac ctg gcc aag 2496
Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys

820 825 830

gca gca tcc cgt atc gca gtg ggc gcc acc atc aag gat ctc caa gat 2544
Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp

835 840 845

gag ggc atg att cct acc gag tac gac ggc ggc tcc ttg cca ctg gac 2592
Glu Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp

850 855 860

gct cca atc gct gtg aag gaa gca gtg ttg ccg ttc aac cgc ttc cgt 2640
Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg

865 870 875 880

cgc cca gat gga aag acc ctg gac acc ctg ctt tcc cca gag atg aag 2688
Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys

885 890 895

tcc act ggc gag gtc atg ggc ttg gcc aac aac ttc ggc gct gca tat 2736
Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr

900 905 910

gca aag gct gaa gct ggc gcg ttt ggt gca ttg cca acc gaa ggc acc 2784

Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr
915 920 925

gtc ttc gtg acc gtg gct aac cgc gac aag cgc acc ctg atc ctg cca 2832
Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro

930 935 940

atc cag cgc ctg gcg ttg atg ggc tac aag atc ctc gcc acc gaa ggc 2880
Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly

945 950 955 960

acc gca ggc atg ctg cgc cgc aac ggc att gag tgt gaa gtt gtg ctc 2928
Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu

965 970 975

aag gct tcc gac atc cgc gaa ggt gta gag ggc aag tcc atc gtg gat 2976
Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp

980 985 990

cgt atc cgc gaa ggc gaa gtt gac ctc atc ctc aac acc cca gct ggt 3024
Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly

995 1000 1005

tct gct ggc gct cgc cac gat ggc tac gat atc cgc gca gca gca gtg 3072
Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val

1010 1015 1020

acc gtg ggt gtt ccg ctg atc acc act gtt cag ggt gtc acc gca gct 3120
Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala

1025 1030 1035 1040

gtc cag ggc ata gag gcc ctg cgt gag ggc gtt gtc agc gtc cgc gcg 3168
Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala

1045 1050 1055

ctg cag gaa ctc gac cac gca gtc aag gct taagccctat gacattcggc 3218
Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala

1060 1065

gag 3221

<210> 1002
 <211> 1066
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1002
 Gly Ser Asn Pro Ala Thr Ile Met Thr Asp Pro Glu Met Ala Asp His
 1 5 10 15

Thr Tyr Val Glu Pro Ile Glu Pro Glu Tyr Ile Asp Lys Ile Phe Ala
 20 25 30

Lys Glu Ile Glu Gln Gly His Pro Ile Asp Ala Val Leu Ala Thr Leu
 35 40 45

Gly Gly Gln Thr Ala Leu Asn Ala Ala Ile Gln Leu Asp Arg Leu Gly
 50 55 60

Ile Leu Glu Lys Tyr Gly Val Glu Leu Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala
 65 70 75 80

Ile Glu Arg Gly Glu Asp Arg Gln Lys Phe Lys Asp Ile Val Thr Thr
 85 90 95

Ile Gly Gly Glu Ser Ala Arg Ser Arg Val Cys His Asn Met Glu Glu
 100 105 110

Val His Glu Thr Val Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Val Val Arg Pro
 115 120 125

Ser Phe Thr Met Gly Gly Leu Gly Ser Gly Leu Ala Tyr Asn Thr Glu
 130 135 140

Asp Leu Glu Arg Ile Ala Gly Gly Gly Leu Ala Ala Ser Pro Glu Ala
 145 150 155 160

Asn Val Leu Ile Glu Glu Ser Ile Leu Gly Trp Lys Glu Phe Glu Leu
 165 170 175

Glu Leu Met Arg Asp Thr Ala Asp Asn Val Val Val Ile Cys Ser Ile

180	185	190
Glu Asn Val Asp Ala Leu Gly Val His Thr Gly Asp Ser Val Thr Val		
195	200	205
Ala Pro Ala Leu Thr Leu Thr Asp Arg Glu Phe Gln Lys Met Arg Asp		
210	215	220
Gln Gly Ile Ala Ile Ile Arg Glu Val Gly Val Asp Thr Gly Gly Cys		
225	230	235
		240
Asn Ile Gln Phe Ala Ile Asn Pro Val Asp Gly Arg Ile Ile Thr Ile		
245	250	255
Glu Met Asn Pro Arg Val Ser Arg Ser Ser Ala Leu Ala Ser Lys Ala		
260	265	270
Thr Gly Phe Pro Ile Ala Lys Met Ala Ala Lys Leu Ala Ile Gly Tyr		
275	280	285
Thr Leu Asp Glu Ile Thr Asn Asp Ile Thr Gly Glu Thr Pro Ala Ala		
290	295	300
Phe Glu Pro Thr Ile Asp Tyr Val Val Val Lys Ala Pro Arg Phe Ala		
305	310	315
		320
Phe Glu Lys Phe Val Gly Ala Asp Asp Thr Leu Thr Thr Thr Met Lys		
325	330	335
Ser Val Gly Glu Val Met Ser Leu Gly Arg Asn Tyr Ile Ala Ala Leu		
340	345	350
Asn Lys Ala Leu Arg Ser Leu Glu Thr Lys Gln Gln Gly Phe Trp Thr		
355	360	365
Lys Pro Asp Glu Phe Phe Ala Gly Glu Arg Ala Thr Asp Lys Ala Ala		
370	375	380
Val Leu Glu Asp Leu Lys Arg Pro Thr Glu Gly Arg Leu Tyr Asp Val		
385	390	395
		400
Glu Leu Ala Met Arg Leu Gly Ala Ser Val Glu Glu Leu Tyr Glu Ala		

405

410

415

Ser Ser Ile Asp Pro Trp Phe Leu Ala Glu Leu Glu Ala Leu Val Gln
420 425 430

Phe Arg Gln Lys Leu Val Asp Ala Pro Phe Leu Asn Glu Asp Leu Leu
435 440 445

Arg Glu Ala Lys Phe Met Gly Leu Ser Asp Leu Gln Ile Ala Ala Leu
450 455 460

Arg Pro Glu Phe Ala Gly Glu Asp Gly Val Arg Thr Leu Arg Leu Ser
465 470 475 480

Leu Gly Ile Arg Pro Val Phe Lys Thr Val Asp Thr Cys Ala Ala Glu
485 490 495

Phe Glu Ala Lys Thr Pro Tyr His Tyr Ser Ala Tyr Glu Leu Asp Pro
500 505 510

Ala Ala Glu Ser Glu Val Ala Pro Gln Thr Glu Arg Glu Lys Val Leu
515 520 525

Ile Leu Gly Ser Gly Pro Asn Arg Ile Gly Gln Gly Ile Glu Phe Asp
530 535 540

Tyr Ser Cys Val His Ala Ala Leu Glu Leu Ser Arg Val Gly Tyr Glu
545 550 555 560

Thr Val Met Val Asn Cys Asn Pro Glu Thr Val Ser Thr Asp Tyr Asp
565 570 575

Thr Ala Asp Arg Leu Tyr Phe Glu Pro Leu Thr Phe Glu Asp Val Met
580 585 590

Glu Val Tyr His Ala Glu Ala Gln Ser Gly Thr Val Ala Gly Val Ile
595 600 605

Val Gln Leu Gly Gly Gln Thr Pro Leu Gly Leu Ala Asp Arg Leu Lys
610 615 620

Lys Ala Gly Val Pro Val Ile Gly Thr Ser Pro Glu Ala Ile Asp Met
625 630 635 640

Ala Glu Asp Arg Gly Glu Phe Gly Ala Leu Leu Asn Arg Glu Gln Leu
645 650 655

Pro Ala Pro Ala Phe Gly Thr Ala Thr Ser Phe Glu Glu Ala Arg Thr
660 665 670

Val Ala Asp Glu Ile Ser Tyr Pro Val Leu Val Arg Pro Ser Tyr Val
675 680 685

Leu Gly Gly Arg Gly Met Glu Ile Val Tyr Asp Glu Ala Ser Leu Glu
690 695 700

Asp Tyr Ile Asn Arg Ala Thr Glu Leu Ser Ser Asp His Pro Val Leu
705 710 715 720

Val Asp Arg Phe Leu Asp Asn Ala Ile Glu Ile Asp Val Asp Ala Leu
725 730 735

Cys Asp Gly Asp Glu Val Tyr Leu Ala Gly Val Met Glu His Ile Glu
740 745 750

Glu Ala Gly Ile His Ser Gly Asp Ser Ala Cys Ala Leu Pro Pro Met
755 760 765

Thr Leu Gly Ala Gln Asp Ile Glu Lys Val Arg Glu Ala Thr Lys Lys
770 775 780

Leu Ala Leu Gly Ile Gly Val Gln Gly Leu Met Asn Val Gln Tyr Ala
785 790 795 800

Leu Lys Asp Asp Ile Leu Tyr Val Ile Glu Ala Asn Pro Arg Ala Ser
805 810 815

Arg Thr Val Pro Phe Val Ser Lys Ala Thr Gly Val Asn Leu Ala Lys
820 825 830

Ala Ala Ser Arg Ile Ala Val Gly Ala Thr Ile Lys Asp Leu Gln Asp
835 840 845

Glu Gly Met Ile Pro Thr Glu Tyr Asp Gly Gly Ser Leu Pro Leu Asp
850 855 860

Ala Pro Ile Ala Val Lys Glu Ala Val Leu Pro Phe Asn Arg Phe Arg
865 870 875 880

Arg Pro Asp Gly Lys Thr Leu Asp Thr Leu Leu Ser Pro Glu Met Lys
885 890 895

Ser Thr Gly Glu Val Met Gly Leu Ala Asn Asn Phe Gly Ala Ala Tyr
900 905 910

Ala Lys Ala Glu Ala Gly Ala Phe Gly Ala Leu Pro Thr Glu Gly Thr
915 920 925

Val Phe Val Thr Val Ala Asn Arg Asp Lys Arg Thr Leu Ile Leu Pro
930 935 940

Ile Gln Arg Leu Ala Leu Met Gly Tyr Lys Ile Leu Ala Thr Glu Gly
945 950 955 960

Thr Ala Gly Met Leu Arg Arg Asn Gly Ile Glu Cys Glu Val Val Leu
965 970 975

Lys Ala Ser Asp Ile Arg Glu Gly Val Glu Gly Lys Ser Ile Val Asp
980 985 990

Arg Ile Arg Glu Gly Glu Val Asp Leu Ile Leu Asn Thr Pro Ala Gly
995 1000 1005

Ser Ala Gly Ala Arg His Asp Gly Tyr Asp Ile Arg Ala Ala Ala Val
1010 1015 1020

Thr Val Gly Val Pro Leu Ile Thr Thr Val Gln Gly Val Thr Ala Ala
1025 1030 1035 1040

Val Gln Gly Ile Glu Ala Leu Arg Glu Gly Val Val Ser Val Arg Ala
1045 1050 1055

Leu Gln Glu Leu Asp His Ala Val Lys Ala
1060 1065

<210> 1003
 <211> 424
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(424)
 <223> RXN00450

<400> 1003
 ttgtcgatga catggatttg gatccttccg aacaattgct gcgcacgcgc gaagaactcg 60

gttttgataa tgatctggct cgggtgggtgg gattcgacta gtg ggc gtt tta cct 115
 Val Gly Val Leu Pro

1 5

gtg cag gcg cgc atc aaa gac gat gag cgc cgc atg cgc cat gct ttg 163
 Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg Met Arg His Ala Leu

10 15 20

gat att gct cgc caa acc cct gag ggg gac gtt ccc gtt ggc gcc gtc 211
 Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val Pro Val Gly Ala Val

25 30 35

att tac gcg cgc acc ggg gag atc ctg gcg acc gca acg aac cgt cga 259
 Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr Ala Thr Asn Arg Arg

40 45 50

gaa gca gac cgc gat ccc acg gcc cac gcc gaa att att gct tta cga 307
 Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Ile Ala Leu Arg

55 60 65

cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc 355
 Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr

70 75 80 85

gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc ggc gcc ttg gtg 403
 Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val

90 95 100

ggt gct cga atc gga cgc atc 424
Gly Ala Arg Ile Gly Arg Ile

105

<210> 1004
<211> 108
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1004
Val Gly Val Leu Pro Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg
1 5 10 15

Met Arg His Ala Leu Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val
20 25 30

Pro Val Gly Ala Val Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr
35 40 45

Ala Thr Asn Arg Arg Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu
50 55 60

Ile Ile Ala Leu Arg Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg
65 70 75 80

Leu Ser Asp Cys Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys
85 90 95

Ala Gly Ala Leu Val Gly Ala Arg Ile Gly Arg Ile
100 105

<210> 1005
<211> 418
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(418)
<223> FRXA00450

<400> 1005

tttgcgatga catggatttg gatccttccg aacaattgct gcgcacgcgc gaagaactcg 60

gttttgataa tgatctggct cgggtggtgg gattcgacta gtg ggc gtt tta cct 115
Val Gly Val Leu Pro

1 5

gtg cag gcg cgc atc aaa gac gat gag cgc cgc atg cgc cat gct ttg 163
Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg Met Arg His Ala Leu

10 15 20

gat att gct cgc caa acc cct gag ggg gac gtt ccc gtt ggc gcc gtc 211
Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val Pro Val Gly Ala Val

25 30 35

att tac gcg ccg acc ggg gag atc ctg gcg acc gca acg aac cgt cga 259
Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr Ala Thr Asn Arg Arg

40 45 50

gaa gca gac cgc gat ccc acg gcc cac gcc gaa att att gct tta cga 307
Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Ile Ala Leu Arg

55 60 65

cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc 355
Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr

70 75 80 85

gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc ggc gcc ttg gtg 403
Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val

90 95 100

ggg gct cga atc gga 418
Gly Ala Arg Ile Gly

105

<210> 1006

<211> 106

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1006

Val Gly Val Leu Pro Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg

1	5	10	15
Met Arg His Ala Leu Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val			
	20	25	30
Pro Val Gly Ala Val Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr			
	35	40	45
Ala Thr Asn Arg Arg Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu			
	50	55	60
Ile Ile Ala Leu Arg Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg			
	65	70	75
			80
Leu Ser Asp Cys Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys			
	85	90	95
Ala Gly Ala Leu Val Gly Ala Arg Ile Gly			
	100	105	
<210> 1007			
<211> 1368			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1345)			
<223> RXN02272			
<400> 1007			
tatttaactc cacactaata cctgtcaagc aatagaatag atagcatctg gatcctccag 60			
agtttgaaaa tatgccttga catgtagaaa tggagttctt gtg cgc att aca aac 115			
Val Arg Ile Thr Asn			
1 5			
gcc cag gtt aag aac tac gca gag tta gtt gat atc acc ata gag ggt 163			
Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp Ile Thr Ile Glu Gly			
10 15 20			
gaa aaa att tcc tcg att acc ccc tct tca att cga tca gaa gaa gat 211			

Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile Arg Ser Glu Glu Asp	
25	30
35	
cac cgc gcg gac gat tac gat gcc gca gga aga ctg gtc gca ccc cag	259
His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg Leu Val Ala Pro Gln	
40	45
50	
ttc gcc gaa gca cac atc cac ctt gac tac gca aac acc gct gga atc	307
Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala Asn Thr Ala Gly Ile	
55	60
65	
cct cgc gaa aac tct tcc ggc aca ctt ttt gaa gcc atc gaa atc tgg	355
Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu Ala Ile Glu Ile Trp	
70	75
80	85
gcc gac cgc aag acc caa ggc ttc cac atc aaa gaa gac att aaa gcg	403
Ala Asp Arg Lys Thr Gln Gly Phe His Ile Lys Glu Asp Ile Lys Ala	
90	95
100	
aag gcc ctc cag gca gcc cgt cgg gca gca gaa cac ggc gtt ggt ttc	451
Lys Ala Leu Gln Ala Ala Arg Arg Ala Ala Glu His Gly Val Gly Phe	
105	110
115	
atc cgc act cac gta gat gtc acc gat ccc acg ttt gct gga ttc gaa	499
Ile Arg Thr His Val Asp Val Thr Asp Pro Thr Phe Ala Gly Phe Glu	
120	125
130	
gca att gcg gag ctg cgc gat gaa gtc cgc gag tgg tgc gat atc cag	547
Ala Ile Ala Glu Leu Arg Asp Glu Val Arg Glu Trp Cys Asp Ile Gln	
135	140
145	
att gtc gcc ttc ccg caa aat ggc att tac gcc tac gaa ggt ggc cag	595
Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala Tyr Glu Gly Gly Gln	
150	155
160	165
aag cta atc tca gat gca atg tct gca ggt gca gat gtc gtt ggt ggc	643
Lys Leu Ile Ser Asp Ala Met Ser Ala Gly Ala Asp Val Val Gly Gly	
170	175
180	
atc cca cac ctt gaa ccc acc cga gac gat ggc gtc gag tcg gtg aaa	691

Ile Pro His Leu Glu Pro Thr Arg Asp Asp Gly Val Glu Ser Val Lys	
185	190
195	
tgg ctg ttc gac ctt gca gag aag cac tca gcc ccc atc gat atc cac	739
Trp Leu Phe Asp Leu Ala Glu Lys His Ser Ala Pro Ile Asp Ile His	
200	205
210	
act gat gaa att gac gat cca cat tcc cga ttt gtc gaa gtc ctc gcc	787
Thr Asp Glu Ile Asp Asp Pro His Ser Arg Phe Val Glu Val Leu Ala	
215	220
225	
gca gaa gcc gca aaa cgt gac atg ggc gca caa acc gtg gtg tct cat	835
Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln Thr Val Val Ser His	
230	235
240	245
tct gtg gcg atg gcc tat tac tca cct ggc tac atg gcg cga ctt tta	883
Ser Val Ala Met Ala Tyr Tyr Ser Pro Gly Tyr Met Ala Arg Leu Leu	
250	255
260	
ccc aag ctc gca gca tca aag gtt cgt ttt gca gta tgc ccc aat gaa	931
Pro Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Arg Phe Ala Val Cys Pro Asn Glu	
265	270
275	
aac ctc cat ctg caa gga ctt ggt ttc caa gga ccc gtc ccc cga ggt	979
Asn Leu His Leu Gln Gly Leu Gly Phe Gln Gly Pro Val Pro Arg Gly	
280	285
290	
gtt gca ccg gta aag caa ctt acc gaa tgg gga att cca gta agt ttt	1027
Val Ala Pro Val Lys Gln Leu Thr Glu Trp Gly Ile Pro Val Ser Phe	
295	300
305	
tgc cag gac tca ctc aat gac ccc ttc tac ccc atg ggc gat gga gat	1075
Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro Met Gly Asp Gly Asp	
310	315
320	325
cta ctc cgc att ctc gat tct gga tta cac gtg tcc cac atg ctc aca	1123
Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val Ser His Met Leu Thr	
330	335
340	
gcc agc cac ttg aag aat gca cta tgc ttc atc acc acc aat cca gcc	1171

Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile Thr Thr Asn Pro Ala

345 350 355

gga aac cta ggc ctg gac aat tac gac att gca gaa aac tcc ccg gcg 1219
Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala Glu Asn Ser Pro Ala

360 365 370

aac ctg ctg gtt ctt gat gcg agc agc gag aag gaa gct gta cag aga 1267
Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys Glu Ala Val Gln Arg

375 380 385

aaa gct tcc gta ctt ttg agc atc cac cgc ggc aaa aag gtg ctc tcc 1315
Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly Lys Lys Val Leu Ser

390 395 400 405

agg gag ccc gaa cag gtg gac tgg aac atc taacagccca gttgggcctc 1365
Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile

410 415

ctt 1368

<210> 1008

<211> 415

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1008

Val Arg Ile Thr Asn Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp
1 5 10 15

Ile Thr Ile Glu Gly Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile
20 25 30

Arg Ser Glu Glu Asp His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg
35 40 45

Leu Val Ala Pro Gln Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala
50 55 60

Asn Thr Ala Gly Ile Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu
65 70 75 80

Ala Ile Glu Ile Trp Ala Asp Arg Lys Thr Gln Gly Phe His Ile Lys
85 90 95

Glu Asp Ile Lys Ala Lys Ala Leu Gln Ala Ala Arg Arg Ala Ala Glu
100 105 110

His Gly Val Gly Phe Ile Arg Thr His Val Asp Val Thr Asp Pro Thr
115 120 125

Phe Ala Gly Phe Glu Ala Ile Ala Glu Leu Arg Asp Glu Val Arg Glu
130 135 140

Trp Cys Asp Ile Gln Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala
145 150 155 160

Tyr Glu Gly Gly Gln Lys Leu Ile Ser Asp Ala Met Ser Ala Gly Ala
165 170 175

Asp Val Val Gly Gly Ile Pro His Leu Glu Pro Thr Arg Asp Asp Gly
180 185 190

Val Glu Ser Val Lys Trp Leu Phe Asp Leu Ala Glu Lys His Ser Ala
195 200 205

Pro Ile Asp Ile His Thr Asp Glu Ile Asp Asp Pro His Ser Arg Phe
210 215 220

Val Glu Val Leu Ala Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln
225 230 235 240

Thr Val Val Ser His Ser Val Ala Met Ala Tyr Tyr Ser Pro Gly Tyr
245 250 255

Met Ala Arg Leu Leu Pro Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Arg Phe Ala
260 265 270

Val Cys Pro Asn Glu Asn Leu His Leu Gln Gly Leu Gly Phe Gln Gly
275 280 285

Pro Val Pro Arg Gly Val Ala Pro Val Lys Gln Leu Thr Glu Trp Gly

290 295 300

Ile Pro Val Ser Phe Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro
305 310 315 320

Met Gly Asp Gly Asp Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val
325 330 335

Ser His Met Leu Thr Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile
340 345 350

Thr Thr Asn Pro Ala Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala
355 360 365

Glu Asn Ser Pro Ala Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys
370 375 380

Glu Ala Val Gln Arg Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly
385 390 395 400

Lys Lys Val Leu Ser Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile
405 410 415

<210> 1009
<211> 1368
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1345)
<223> FRXA02272

<400> 1009
tatttaactc cacactaata cctgtcaagc aatagaatag atagcatctg gatcctccag 60

agtttgaaaa taigccttga catgtagaaa tggagttctt gtg cgc att aca aac 115
Val Arg Ile Thr Asn

1 5

gcc cag gtt aag aac tac gca gag tta gtt gat atc acc ata gag ggt 163
Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp Ile Thr Ile Glu Gly

10 15 20

gaa aaa att tcc tcg att acc ccc tct tca att cga tca gaa gaa gat 211
Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile Arg Ser Glu Glu Asp

25 30 35

cac cgc gcg gac gat tac gat gcc gca gga aga ctg gtc gca ccc cag 259
His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg Leu Val Ala Pro Gln

40 45 50

ttc gcc gaa gca cac atc cac ctt gac tac gca aac acc gct gga atc 307
Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala Asn Thr Ala Gly Ile

55 60 65

cct cgc gaa aac tct tcc ggc aca ctt ttt gaa gcc atc gaa atc tgg 355
Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu Ala Ile Glu Ile Trp

70 75 80 85

gcc gac cgc aag acc caa ggc ttc cac atc aaa gaa gac att aaa gcg 403
Ala Asp Arg Lys Thr Gln Gly Phe His Ile Lys Glu Asp Ile Lys Ala

90 95 100

aag gcc ctc cag gca gcc cgt cgg gca gca gaa cac ggc gtt ggt ttc 451
Lys Ala Leu Gln Ala Ala Arg Arg Ala Ala Glu His Gly Val Gly Phe

105 110 115

atc cgc act cac gta gat gtc acc gat ccc acg ttt gct gga ttc gaa 499
Ile Arg Thr His Val Asp Val Thr Asp Pro Thr Phe Ala Gly Phe Glu

120 125 130

gca att gcg gag ctg cgc gat gaa gtc cgc gag tgg tgc gat atc cag 547
Ala Ile Ala Glu Leu Arg Asp Glu Val Arg Glu Trp Cys Asp Ile Gln

135 140 145

att gtc gcc ttc ccg caa aat ggc att tac gcc tac gaa ggt ggc cag 595
Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala Tyr Glu Gly Gly Gln

150 155 160 165

aag cta atc tca gat gca atg tct gca ggt gca gat gtc gtt ggt ggc 643
Lys Leu Ile Ser Asp Ala Met Ser Ala Gly Ala Asp Val Val Gly Gly

170 175 180

atc cca cac ctt gaa ccc acc cga gac gat ggc gtc gag tcg gtg aaa 691
Ile Pro His Leu Glu Pro Thr Arg Asp Asp Gly Val Glu Ser Val Lys

185 190 195

tgg ctg ttc gac ctt gca gag aag cac tca gcc ccc atc gat atc cac 739
Trp Leu Phe Asp Leu Ala Glu Lys His Ser Ala Pro Ile Asp Ile His

200 205 210

act gat gaa att gac gat cca cat tcc cga ttt gtc gaa gtc ctc gcc 787
Thr Asp Glu Ile Asp Asp Pro His Ser Arg Phe Val Glu Val Leu Ala

215 220 225

gca gaa gcc gca aaa cgt gac atg ggc gca caa acc gtg gtg tct cat 835
Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln Thr Val Val Ser His

230 235 240 245

tct gtg gcg atg gcc tat tac tca cct ggc tac atg gcg cga ctt tta 883
Ser Val Ala Met Ala Tyr Tyr Ser Pro Gly Tyr Met Ala Arg Leu Leu

250 255 260

ccc aag ctc gca gca tca aag gtt cgt ttt gca gta tgc ccc aat gaa 931
Pro Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Arg Phe Ala Val Cys Pro Asn Glu

265 270 275

aac ctc cat ctg caa gga ctt ggt ttc caa gga ccc gtc ccc cga ggt 979
Asn Leu His Leu Gln Gly Leu Gly Phe Gln Gly Pro Val Pro Arg Gly

280 285 290

gtt gca ccg gta aag caa ctt acc gaa tgg gga att cca gta agt ttt 1027
Val Ala Pro Val Lys Gln Leu Thr Glu Trp Gly Ile Pro Val Ser Phe

295 300 305

tgc cag gac tca ctc aat gac ccc ttc tac ccc atg ggc gat gga gat 1075
Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro Met Gly Asp Gly Asp

310 315 320 325

cta ctc cgc att ctc gat tct gga tta cac gtg tcc cac atg ctc aca 1123
Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val Ser His Met Leu Thr

330 335 340

gcc agc cac ttg aag aat gca cta teg ttc atc acc acc aat cca gcc 1171
Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile Thr Thr Asn Pro Ala

345 350 355

gga aac cta ggc ctg gac aat tac gac att gca gaa aac tcc ccg gcg 1219
Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala Glu Asn Ser Pro Ala

360 365 370

aac ctg ctg gtt ctt gat gcg agc agc gag aag gaa gct gta cag aga 1267
Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys Glu Ala Val Gln Arg

375 380 385

aaa gct tcc gta ctt ttg agc atc cac cgc ggc aaa aag gtg ctc tcc 1315
Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly Lys Lys Val Leu Ser

390 395 400 405

agg gag ccc gaa cag gtg gac tgg aac atc taacagccca gttgggcctc 1365
Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile

410 415

ctt 1368

<210> 1010
<211> 415
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1010
Val Arg Ile Thr Asn Ala Gln Val Lys Asn Tyr Ala Glu Leu Val Asp
1 5 10 15

Ile Thr Ile Glu Gly Glu Lys Ile Ser Ser Ile Thr Pro Ser Ser Ile
20 25 30

Arg Ser Glu Glu Asp His Arg Ala Asp Asp Tyr Asp Ala Ala Gly Arg
35 40 45

Leu Val Ala Pro Gln Phe Ala Glu Ala His Ile His Leu Asp Tyr Ala
50 55 60

Asn Thr Ala Gly Ile Pro Arg Glu Asn Ser Ser Gly Thr Leu Phe Glu
65 70 75 80

Ala Ile Glu Ile Trp Ala Asp Arg Lys Thr Gln Gly Phe His Ile Lys
85 90 95

Glu Asp Ile Lys Ala Lys Ala Leu Gln Ala Ala Arg Arg Ala Ala Glu
100 105 110

His Gly Val Gly Phe Ile Arg Thr His Val Asp Val Thr Asp Pro Thr
115 120 125

Phe Ala Gly Phe Glu Ala Ile Ala Glu Leu Arg Asp Glu Val Arg Glu
130 135 140

Trp Cys Asp Ile Gln Ile Val Ala Phe Pro Gln Asn Gly Ile Tyr Ala
145 150 155 160

Tyr Glu Gly Gly Gln Lys Leu Ile Ser Asp Ala Met Ser Ala Gly Ala
165 170 175

Asp Val Val Gly Gly Ile Pro His Leu Glu Pro Thr Arg Asp Asp Gly
180 185 190

Val Glu Ser Val Lys Trp Leu Phe Asp Leu Ala Glu Lys His Ser Ala
195 200 205

Pro Ile Asp Ile His Thr Asp Glu Ile Asp Asp Pro His Ser Arg Phe
210 215 220

Val Glu Val Leu Ala Ala Glu Ala Ala Lys Arg Asp Met Gly Ala Gln
225 230 235 240

Thr Val Val Ser His Ser Val Ala Met Ala Tyr Tyr Ser Pro Gly Tyr
245 250 255

Met Ala Arg Leu Leu Pro Lys Leu Ala Ala Ser Lys Val Arg Phe Ala
260 265 270

Val Cys Pro Asn Glu Asn Leu His Leu Gln Gly Leu Gly Phe Gln Gly
275 280 285

Pro Val Pro Arg Gly Val Ala Pro Val Lys Gln Leu Thr Glu Trp Gly
290 295 300

Ile Pro Val Ser Phe Cys Gln Asp Ser Leu Asn Asp Pro Phe Tyr Pro
305 310 315 320

Met Gly Asp Gly Asp Leu Leu Arg Ile Leu Asp Ser Gly Leu His Val
325 330 335

Ser His Met Leu Thr Ala Ser His Leu Lys Asn Ala Leu Ser Phe Ile
340 345 350

Thr Thr Asn Pro Ala Gly Asn Leu Gly Leu Asp Asn Tyr Asp Ile Ala
355 360 365

Glu Asn Ser Pro Ala Asn Leu Leu Val Leu Asp Ala Ser Ser Glu Lys
370 375 380

Glu Ala Val Gln Arg Lys Ala Ser Val Leu Leu Ser Ile His Arg Gly
385 390 395 400

Lys Lys Val Leu Ser Arg Glu Pro Glu Gln Val Asp Trp Asn Ile
405 410 415

<210> 1011

<211> 580

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(580)

<223> RXN03004

<400> 1011

gctagcacga taaaaatcag cgccagcacc acgcgccccca ggaacctcat cgcagcaacc 60

cgtggcccaa ccctgaacgc tgaacgctac actgggttgac gtg ctt ctt tca gat 115
Val Leu Leu Ser Asp

1 5

cgt gac att cgt aaa tca att gac gca ggc gac ttg gga att gaa cct 163
Arg Asp Ile Arg Lys Ser Ile Asp Ala Gly Asp Leu Gly Ile Glu Pro

10	15	20	
ttc gac gct gag ctg att cag ccg tcg agt gtc gat gtc cgc atg gac Phe Asp Ala Glu Leu Ile Gln Pro Ser Ser Val Asp Val Arg Met Asp			211
25	30	35	
cgc tac ttc cgg gtt ttc aat aac tct aag tac acc cac att gac cct Arg Tyr Phe Arg Val Phe Asn Asn Ser Lys Tyr Thr His Ile Asp Pro			259
40	45	50	
aag ttg aat cag gat gag ctg acc agc ctt gtt gag gtt gag gac ggc Lys Leu Asn Gln Asp Glu Leu Thr Ser Leu Val Glu Val Glu Asp Gly			307
55	60	65	
gag ggc ttt gtg ctg cat ccg ggt gag ttt gtg ctg gcg tcc acg ctg Glu Gly Phe Val Leu His Pro Gly Glu Phe Val Leu Ala Ser Thr Leu			355
70	75	80	85
gaa aag ttc act ttg cct gcg cat ctg gct ggt cgt ttg gag ggt aag Glu Lys Phe Thr Leu Pro Ala His Leu Ala Gly Arg Leu Glu Gly Lys			403
90	95	100	
tcg tct ctt ggt cgt ctt ggc ttg ttg acg cac tct act gct ggt ttc Ser Ser Leu Gly Arg Leu Gly Leu Leu Thr His Ser Thr Ala Gly Phe			451
105	110	115	
att gat cct ggt ttt agt ggt tac atc acg ttg gag ttg tcc aat gtg Ile Asp Pro Gly Phe Ser Gly Tyr Ile Thr Leu Glu Leu Ser Asn Val			499
120	125	130	
gct aat ctg ccg atc acg ttg tgg ccg ggt atg aag gtg ggg cag ctg Ala Asn Leu Pro Ile Thr Leu Trp Pro Gly Met Lys Val Gly Gln Leu			547
135	140	145	
gct ttg ttc cag atg agt tcc cct gcg gag act Ala Leu Phe Gln Met Ser Ser Pro Ala Glu Thr			580
150	155	160	

<210> 1012
 <211> 160
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1012

Val Leu Leu Ser Asp Arg Asp Ile Arg Lys Ser Ile Asp Ala Gly Asp
1 5 10 15

Leu Gly Ile Glu Pro Phe Asp Ala Glu Leu Ile Gln Pro Ser Ser Val
20 25 30

Asp Val Arg Met Asp Arg Tyr Phe Arg Val Phe Asn Asn Ser Lys Tyr
35 40 45

Thr His Ile Asp Pro Lys Leu Asn Gln Asp Glu Leu Thr Ser Leu Val
50 55 60

Glu Val Glu Asp Gly Glu Gly Phe Val Leu His Pro Gly Glu Phe Val
65 70 75 80

Leu Ala Ser Thr Leu Glu Lys Phe Thr Leu Pro Ala His Leu Ala Gly
85 90 95

Arg Leu Glu Gly Lys Ser Ser Leu Gly Arg Leu Gly Leu Leu Thr His
100 105 110

Ser Thr Ala Gly Phe Ile Asp Pro Gly Phe Ser Gly Tyr Ile Thr Leu
115 120 125

Glu Leu Ser Asn Val Ala Asn Leu Pro Ile Thr Leu Trp Pro Gly Met
130 135 140

Lys Val Gly Gln Leu Ala Leu Phe Gln Met Ser Ser Pro Ala Glu Thr
145 150 155 160

<210> 1013

<211> 225

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(202)

<223> RXN03137

<400> 1013

cggcgagttc atttgactg gcggcgactg ccacatttat gacaaccaca aggaacaggt 60

cgcgagcag ctgagccgat aagctcgccc ctacccacc ttg gag ctc aac aag 115
Leu Glu Leu Asn Lys

1 5

gca gcg tac atg ttt gag tac agc ttc gat gac atc acc gtg tcc ggc 163
Ala Ala Tyr Met Phe Glu Tyr Ser Phe Asp Asp Ile Thr Val Ser Gly

10 15 20

tac gat cca cac cca ttg atc cgc ggc aag gtc gcc gta tgatcggtgc 212
Tyr Asp Pro His Pro Leu Ile Arg Gly Lys Val Ala Val

25 30

gatttgggca caa 225

<210> 1014

<211> 34

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1014

Leu Glu Leu Asn Lys Ala Ala Tyr Met Phe Glu Tyr Ser Phe Asp Asp
1 5 10 15

Ile Thr Val Ser Gly Tyr Asp Pro His Pro Leu Ile Arg Gly Lys Val
20 25 30

Ala Val

<210> 1015

<211> 613

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(613)

<223> RXN03171

<400> 1015

atactttgtt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttcgcccgcg 60

cggtcttctt ctgggcggca atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile

1 5

gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag 163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu

10 15 20

cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc 211
Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala

25 30 35

atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac 259
Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp

40 45 50

acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca 307
Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro

55 60 65

ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca 355
Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro

70 75 80 85

gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc 403
Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala

90 95 100

cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca 451
Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro

105 110 115

cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc 499
Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala

120 125 130

acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt ggc 547
 Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly

135 140 145

gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg 595
 Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val

150 155 160 165

gac gca ttg gcg gaa tct 613
 Asp Ala Leu Ala Glu Ser

170

<210> 1016
 <211> 171
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1016
 Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
 1 5 10 15

Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala
 20 25 30

Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
 35 40 45

Val Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
 50 55 60

Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu
 65 70 75 80

Gly Met Ile Asp Pro Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly
 85 90 95

Phe Ile Gly Leu Ala Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr
 100 105 110

Leu Glu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val

115 120 125

Asp Pro Met Leu Ala Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu
130 135 140

Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser
145 150 155 160

Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser
165 170

<210> 1017
<211> 613
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(613)
<223> FRXA02857

<400> 1017
atactttgtt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttcgcccgcg 60

cggtcttctt ctgggcggca atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile
1 5

gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag 163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu
10 15 20

cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc 211
Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala
25 30 35

atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac 259
Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp
40 45 50

acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca 307

Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro
55 60 65

ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca 355
Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro

70 75 80 85

gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc 403
Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala

90 95 100

cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca 451
Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro

105 110 115

cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc 499
Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala

120 125 130

acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt ggc 547
Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly

135 140 145

gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg 595
Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val

150 155 160 165

gac gca ttg gcg gaa tct 613
Asp Ala Leu Ala Glu Ser

170

<210> 1018
<211> 171
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1018
Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
1 5 10 15

Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala

20 25 30

Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
35 40 45

Val Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
50 55 60

Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu
65 70 75 80

Gly Met Ile Asp Pro Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly
85 90 95

Phe Ile Gly Leu Ala Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr
100 105 110

Leu Glu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val
115 120 125

Asp Pro Met Leu Ala Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu
130 135 140

Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser
145 150 155 160

Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser
165 170

<210> 1019

<211> 678

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(655)

<223> RXA02771

<400> 1019

gtttgtgata gatgcacag tcggtaacgt tgttgtaaat acagacctag ccggtatcgg 60

atggaacatg gaccgttggt ccagaagtga ggaataagta gtg agc gaa caa gct	115		
Val Ser Glu Gln Ala			
1	5		
cta agc acc ttc gac agg gca cgt gag gcc ctg gac aag aaa acc cga	163		
Leu Ser Thr Phe Asp Arg Ala Arg Glu Ala Leu Asp Lys Lys Thr Arg			
10	15	20	
tat gtg cag gat ttc cca gaa aaa ggt gtg ctt ttt gaa gac ctc acc	211		
Tyr Val Gln Asp Phe Pro Glu Lys Gly Val Leu Phe Glu Asp Leu Thr			
25	30	35	
ccg gtg ttg ggc gat gca gaa tca ttt gtg gcc gtg gtg gac gcc atg	259		
Pro Val Leu Gly Asp Ala Glu Ser Phe Val Ala Val Val Asp Ala Met			
40	45	50	
gct gaa gct gca gaa aaa ctg aat gca gaa atc atc ggt ggc ttg gat	307		
Ala Glu Ala Ala Glu Lys Leu Asn Ala Glu Ile Ile Gly Gly Leu Asp			
55	60	65	
gcg cga gga ttc ctc ctc gga tct gct gtc gct tac aaa ctc ggc cta	355		
Ala Arg Gly Phe Leu Leu Gly Ser Ala Val Ala Tyr Lys Leu Gly Leu			
70	75	80	85
ggt gtg ctg gct atc cgc aag aag gga aag ctc ccc cca cct gtg gtg	403		
Gly Val Leu Ala Ile Arg Lys Lys Gly Lys Leu Pro Pro Pro Val Val			
90	95	100	
acc cag gag tat gaa ctt gaa tac ggc act gca gca ctc gag ctg ccc	451		
Thr Gln Glu Tyr Glu Leu Glu Tyr Gly Thr Ala Ala Leu Glu Leu Pro			
105	110	115	
agt gaa gga atc gac att gct ggt aaa aac atc gtt ttg atc gac gat	499		
Ser Glu Gly Ile Asp Ile Ala Gly Lys Asn Ile Val Leu Ile Asp Asp			
120	125	130	
gtg ctg gca acc ggc ggc acc ttg ggc gct gca cgt aaa cta att gaa	547		
Val Leu Ala Thr Gly Gly Thr Leu Gly Ala Ala Arg Lys Leu Ile Glu			
135	140	145	
tcg tgt gac gga cat gtt tcc gga tat gtt ctt gcc att gag gtc cca	595		

Ser Cys Asp Gly His Val Ser Gly Tyr Val Leu Ala Ile Glu Val Pro
150 155 160 165
ggc ctc ggc ggt agg gat aat ctt ggt gat agg ccc gtc att gtg gtc 643
Gly Leu Gly Gly Arg Asp Asn Leu Gly Asp Arg Pro Val Ile Val Val
170 175 180
aga gat cct cag tagaaggatc gaaagaaagg cgg 678
Arg Asp Pro Gln
185
<210> 1020
<211> 185
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1020
Val Ser Glu Gln Ala Leu Ser Thr Phe Asp Arg Ala Arg Glu Ala Leu
1 5 10 15
Asp Lys Lys Thr Arg Tyr Val Gln Asp Phe Pro Glu Lys Gly Val Leu
20 25 30
Phe Glu Asp Leu Thr Pro Val Leu Gly Asp Ala Glu Ser Phe Val Ala
35 40 45
Val Val Asp Ala Met Ala Glu Ala Ala Glu Lys Leu Asn Ala Glu Ile
50 55 60
Ile Gly Gly Leu Asp Ala Arg Gly Phe Leu Leu Gly Ser Ala Val Ala
65 70 75 80
Tyr Lys Leu Gly Leu Gly Val Leu Ala Ile Arg Lys Lys Gly Lys Leu
85 90 95
Pro Pro Pro Val Val Thr Gln Glu Tyr Glu Leu Glu Tyr Gly Thr Ala
100 105 110
Ala Leu Glu Leu Pro Ser Glu Gly Ile Asp Ile Ala Gly Lys Asn Ile
115 120 125
Val Leu Ile Asp Asp Val Leu Ala Thr Gly Gly Thr Leu Gly Ala Ala

130 135 140

Arg Lys Leu Ile Glu Ser Cys Asp Gly His Val Ser Gly Tyr Val Leu
145 150 155 160

Ala Ile Glu Val Pro Gly Leu Gly Gly Arg Asp Asn Leu Gly Asp Arg
165 170 175

Pro Val Ile Val Val Arg Asp Pro Gln
180 185

<210> 1021
<211> 723
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(700)
<223> RXA01512

<400> 1021
gggtaaaagc gataatggaa ggttggaagt ggtgcggcaa agtggcaagc ttaagatcac 60

tgattgacac ctgaatctac aacacaaggg gaacgcgacg atg agc aac aac gta 115
Met Ser Asn Asn Val
1 5

gaa atg gcc gac cac aaa gat ctc aat gtt cca gcc aac cca tac ggc 163
Glu Met Ala Asp His Lys Asp Leu Asn Val Pro Ala Asn Pro Tyr Gly
10 15 20

acc gac att gaa tca gta ttg atc agc gaa gag aag ctc aag cag cgc 211
Thr Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Ser Glu Glu Lys Leu Lys Gln Arg
25 30 35

atc gcc gaa atg gcc aag cgc gtc tcc gaa gag ttc aaa gac gcc gaa 259
Ile Ala Glu Met Ala Lys Arg Val Ser Glu Glu Phe Lys Asp Ala Glu
40 45 50

gaa gac ctc atc ctg gtg tgc gtg ctc aag ggc gcg ttc tac ttc ctg 307
Glu Asp Leu Ile Leu Val Cys Val Leu Lys Gly Ala Phe Tyr Phe Leu

55	60	65	
gca gat ttc tcc cgc atg ctc gac atc ccc acc cag tcc gag ttc atg			355
Ala Asp Phe Ser Arg Met Leu Asp Ile Pro Thr Gln Ser Glu Phe Met			
70	75	80	85
gcg gtg tcc tct tac gga aac tcc acc tcc tct tca ggc gtg gtg cgc			403
Ala Val Ser Ser Tyr Gly Asn Ser Thr Ser Ser Ser Gly Val Val Arg			
	90	95	100
atc ctc aag gac ctg gac aag gaa att gaa ggc cgc gac gtt ttg atc			451
Ile Leu Lys Asp Leu Asp Lys Glu Ile Glu Gly Arg Asp Val Leu Ile			
105	110	115	
gtg gaa gac atc atc gat tcc gga ctg acc ctg tcc tgg ctg atg cgc			499
Val Glu Asp Ile Ile Asp Ser Gly Leu Thr Leu Ser Trp Leu Met Arg			
120	125	130	
aac ctg aaa aac cgc aac cct aag tcc ctc aac gtg atc acc ttg ctg			547
Asn Leu Lys Asn Arg Asn Pro Lys Ser Leu Asn Val Ile Thr Leu Leu			
135	140	145	
cgt aag cca gag cgc ctg acc acc aac atc gac atg ttc gac att gga			595
Arg Lys Pro Glu Arg Leu Thr Thr Asn Ile Asp Met Phe Asp Ile Gly			
150	155	160	165
ttt gat att cca aat gag ttt gtt gtg ggc tac gga ctt gat ttc gca			643
Phe Asp Ile Pro Asn Glu Phe Val Val Gly Tyr Gly Leu Asp Phe Ala			
170	175	180	
gaa cgc tac cgc gac ctg cca tat gtg ggc acc ctc gag cct cac gtg			691
Glu Arg Tyr Arg Asp Leu Pro Tyr Val Gly Thr Leu Glu Pro His Val			
185	190	195	
tac tcc gac tagtaatacaa aagtgcgaaa gag			723
Tyr Ser Asp			
200			
<210> 1022			
<211> 200			
<212> PRT			

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1022

Met Ser Asn Asn Val Glu Met Ala Asp His Lys Asp Leu Asn Val Pro
1 5 10 15

Ala Asn Pro Tyr Gly Thr Asp Ile Glu Ser Val Leu Ile Ser Glu Glu
20 25 30

Lys Leu Lys Gln Arg Ile Ala Glu Met Ala Lys Arg Val Ser Glu Glu
35 40 45

Phe Lys Asp Ala Glu Glu Asp Leu Ile Leu Val Cys Val Leu Lys Gly
50 55 60

Ala Phe Tyr Phe Leu Ala Asp Phe Ser Arg Met Leu Asp Ile Pro Thr
65 70 75 80

Gln Ser Glu Phe Met Ala Val Ser Ser Tyr Gly Asn Ser Thr Ser Ser
85 90 95

Ser Gly Val Val Arg Ile Leu Lys Asp Leu Asp Lys Glu Ile Glu Gly
100 105 110

Arg Asp Val Leu Ile Val Glu Asp Ile Ile Asp Ser Gly Leu Thr Leu
115 120 125

Ser Trp Leu Met Arg Asn Leu Lys Asn Arg Asn Pro Lys Ser Leu Asn
130 135 140

Val Ile Thr Leu Leu Arg Lys Pro Glu Arg Leu Thr Thr Asn Ile Asp
145 150 155 160

Met Phe Asp Ile Gly Phe Asp Ile Pro Asn Glu Phe Val Val Gly Tyr
165 170 175

Gly Leu Asp Phe Ala Glu Arg Tyr Arg Asp Leu Pro Tyr Val Gly Thr
180 185 190

Leu Glu Pro His Val Tyr Ser Asp
195 200

<210> 1023
 <211> 597
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(574)
 <223> RXA02031

<400> 1023
 tgcttgggcg ttaacgattc tatatatact tcctagaaa tcaagtgagc attcatctca 60

ttgcagaacg ttgaagcatc attgactagg atatgtagac atg aca gag gaa cgc 115
 Met Thr Glu Glu Arg

1 5

gag att ctg acc tat gag atg ttc gga aca gca atg cgg gag ctg gcc 163
 Glu Ile Leu Thr Tyr Glu Met Phe Gly Thr Ala Met Arg Glu Leu Ala

10 15 20

caa gaa att att gat gac tac cag cca gat tgc gtg ctg tcc att gcg 211
 Gln Glu Ile Ile Asp Asp Tyr Gln Pro Asp Cys Val Leu Ser Ile Ala

25 30 35

cgt ggt ggt ctt cta atc ggt ggc gca ctt ggt tat gcg ctg ggt atc 259
 Arg Gly Gly Leu Leu Ile Gly Gly Ala Leu Gly Tyr Ala Leu Gly Ile

40 45 50

aag aat gta tcg gtg atc aat gtg gag ttc tac acc gat att gga gag 307
 Lys Asn Val Ser Val Ile Asn Val Glu Phe Tyr Thr Asp Ile Gly Glu

55 60 65

cac ttg gag gag cca atg atg ctg cct cca act cca aaa gct gtt gat 355
 His Leu Glu Glu Pro Met Met Leu Pro Pro Thr Pro Lys Ala Val Asp

70 75 80 85

ctc tcg gga atg cgt gtg ctc gtc gct gac gat gtc gcg gat acc gga 403
 Leu Ser Gly Met Arg Val Leu Val Ala Asp Asp Val Ala Asp Thr Gly

90 95 100

aag act ctt gag ttg gtc agg gac ttc ctg ggt gac caa gtt gtc gaa 451

Lys Thr Leu Glu Leu Val Arg Asp Phe Leu Gly Asp Gln Val Val Glu

105

110

115

gtg cgc act gca gtg atc tat cac aag cca aac agt gtg ttt aag ccg 499
Val Arg Thr Ala Val Ile Tyr His Lys Pro Asn Ser Val Phe Lys Pro

120

125

130

gag tat gtg tgg cgt gag act gat aag tgg att aac ttc cca tgg tct 547
Glu Tyr Val Trp Arg Glu Thr Asp Lys Trp Ile Asn Phe Pro Trp Ser

135

140

145

acc ctg cct cca gtg gag cct tct aag taatttttca cccgtgaaag 594
Thr Leu Pro Pro Val Glu Pro Ser Lys

150

155

tgc

597

<210> 1024

<211> 158

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1024

Met Thr Glu Glu Arg Glu Ile Leu Thr Tyr Glu Met Phe Gly Thr Ala
1 5 10 15

Met Arg Glu Leu Ala Gln Glu Ile Ile Asp Asp Tyr Gln Pro Asp Cys
20 25 30

Val Leu Ser Ile Ala Arg Gly Gly Leu Leu Ile Gly Gly Ala Leu Gly
35 40 45

Tyr Ala Leu Gly Ile Lys Asn Val Ser Val Ile Asn Val Glu Phe Tyr
50 55 60

Thr Asp Ile Gly Glu His Leu Glu Glu Pro Met Met Leu Pro Pro Thr
65 70 75 80

Pro Lys Ala Val Asp Leu Ser Gly Met Arg Val Leu Val Ala Asp Asp
85 90 95

Val Ala Asp Thr Gly Lys Thr Leu Glu Leu Val Arg Asp Phe Leu Gly
100 105 110

Asp Gln Val Val Glu Val Arg Thr Ala Val Ile Tyr His Lys Pro Asn
115 120 125

Ser Val Phe Lys Pro Glu Tyr Val Trp Arg Glu Thr Asp Lys Trp Ile
130 135 140

Asn Phe Pro Trp Ser Thr Leu Pro Pro Val Glu Pro Ser Lys
145 150 155

<210> 1025

<211> 753

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(730)

<223> RXA00981

<400> 1025

aaccaatggc tgggtactga tgtggtgatc agtgccagcagc ttcttctttc tactagtgtc 60

ggatagaagt acccccagtc cagaatgaag gtcaccacca atg tca gag aat ttg 115
Met Ser Glu Asn Leu

1 5

cca gcg ccc gag aat ctc ctg gac gcc gag aga att cag atg atc aag 163
Pro Ala Pro Glu Asn Leu Leu Asp Ala Glu Arg Ile Gln Met Ile Lys

10 15 20

aac ttc cgc aac gaa tta acg ggg ttc atg ctc aac tac caa ttt ggc 211
Asn Phe Arg Asn Glu Leu Thr Gly Phe Met Leu Asn Tyr Gln Phe Gly

25 30 35

att gat gag atc ctg acc aag atc aac atc ctg aaa act gaa ttc agc 259
Ile Asp Glu Ile Leu Thr Lys Ile Asn Ile Leu Lys Thr Glu Phe Ser

40 45 50

cag ctg cac gaa tac gca cct atc gag cac gta tct tca cga ttg aag 307
Gln Leu His Glu Tyr Ala Pro Ile Glu His Val Ser Ser Arg Leu Lys

55

60

65

aca cca gaa agc atc gtc aaa aag gtc atc cga aaa gga gac gag ctc 355
Thr Pro Glu Ser Ile Val Lys Lys Val Ile Arg Lys Gly Asp Glu Leu

70

75

80

85

tcc ctc gca gct atc aaa gac aca gtg ttt gat atc gca ggc att cga 403
Ser Leu Ala Ala Ile Lys Asp Thr Val Phe Asp Ile Ala Gly Ile Arg

90

95

100

atc gtc tgc agt ttc ctc aaa gat gcc tac gca atc gcc gat atg ctg 451
Ile Val Cys Ser Phe Leu Lys Asp Ala Tyr Ala Ile Ala Asp Met Leu

105

110

115

acc aac caa aaa gac gtc acg gtc atc gag gcc aaa gac tac atc gct 499
Thr Asn Gln Lys Asp Val Thr Val Ile Glu Ala Lys Asp Tyr Ile Ala

120

125

130

aac cca aag ccg aac ggc tac aag agt ttg cac ctt atc ctc caa gtg 547
Asn Pro Lys Pro Asn Gly Tyr Lys Ser Leu His Leu Ile Leu Gln Val

135

140

145

cct gtc ttc ctg tct aac tcc gtg gaa aag gtc aat gtt gaa gtc cag 595
Pro Val Phe Leu Ser Asn Ser Val Glu Lys Val Asn Val Glu Val Gln

150

155

160

165

atc cgc acc att gcc atg gac ttc tgg gca agc ctc gag cac aaa atc 643
Ile Arg Thr Ile Ala Met Asp Phe Trp Ala Ser Leu Glu His Lys Ile

170

175

180

tac tac aaa ttt gaa caa gaa gtt cct cag tca atc ctt gat gag ctc 691
Tyr Tyr Lys Phe Glu Gln Glu Val Pro Gln Ser Ile Leu Asp Glu Leu

185

190

195

agt gaa gat gga aag aat cca cgg gga agt gaa gtc act taaacctcca 740
Ser Glu Asp Gly Lys Asn Pro Arg Gly Ser Glu Val Thr

200

205

210

gttgaaacca ctg

753

<210> 1026

<211> 210

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1026

Met	Ser	Glu	Asn	Leu	Pro	Ala	Pro	Glu	Asn	Leu	Leu	Asp	Ala	Glu	Arg
1				5					10					15	

Ile	Gln	Met	Ile	Lys	Asn	Phe	Arg	Asn	Glu	Leu	Thr	Gly	Phe	Met	Leu
			20					25					30		

Asn	Tyr	Gln	Phe	Gly	Ile	Asp	Glu	Ile	Leu	Thr	Lys	Ile	Asn	Ile	Leu
		35						40				45			

Lys	Thr	Glu	Phe	Ser	Gln	Leu	His	Glu	Tyr	Ala	Pro	Ile	Glu	His	Val
	50					55					60				

Ser	Ser	Arg	Leu	Lys	Thr	Pro	Glu	Ser	Ile	Val	Lys	Lys	Val	Ile	Arg
65					70					75					80

Lys	Gly	Asp	Glu	Leu	Ser	Leu	Ala	Ala	Ile	Lys	Asp	Thr	Val	Phe	Asp
			85						90					95	

Ile	Ala	Gly	Ile	Arg	Ile	Val	Cys	Ser	Phe	Leu	Lys	Asp	Ala	Tyr	Ala
		100						105					110		

Ile	Ala	Asp	Met	Leu	Thr	Asn	Gln	Lys	Asp	Val	Thr	Val	Ile	Glu	Ala
		115						120					125		

Lys	Asp	Tyr	Ile	Ala	Asn	Pro	Lys	Pro	Asn	Gly	Tyr	Lys	Ser	Leu	His
	130					135					140				

Leu	Ile	Leu	Gln	Val	Pro	Val	Phe	Leu	Ser	Asn	Ser	Val	Glu	Lys	Val
145				150						155				160	

Asn	Val	Glu	Val	Gln	Ile	Arg	Thr	Ile	Ala	Met	Asp	Phe	Trp	Ala	Ser
			165						170					175	

Leu	Glu	His	Lys	Ile	Tyr	Tyr	Lys	Phe	Glu	Gln	Glu	Val	Pro	Gln	Ser

180 185 190

Ile Leu Asp Glu Leu Ser Glu Asp Gly Lys Asn Pro Arg Gly Ser Glu
195 200 205

Val Thr
210

<210> 1027
<211> 1158
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1135)
<223> RXN02772

<400> 1027
tgaggtccca ggctcggcg gtagggataa tcttggtgat aggcccgta ttgtggtcag 60

agatcctcag tagaaggatc gaaagaaagg cggcaggaaa atg agt ctg gag cgc 115
Met Ser Leu Glu Arg
1 5

aac aca caa aaa tct tcc atg ggt gtg cga agc atg tca gcc agg ctt 163
Asn Thr Gln Lys Ser Ser Met Gly Val Arg Ser Met Ser Ala Arg Leu
10 15 20

gcc cgc agc ctc aca gga aac cgc gtt cgc acc aac cct gtg ctg gat 211
Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr Asn Pro Val Leu Asp
25 30 35

cgc ctg ctg agc atc cac cgg caa ttt cac cca cgc gcc gac gta caa 259
Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro Arg Ala Asp Val Gln
40 45 50

gtg ttg gaa cgt gca tat gac acc gcg gaa cgt ctt cat gat ggt gtg 307
Val Leu Glu Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg Leu His Asp Gly Val
55 60 65

att cga aaa tcg ggc gat ccg tat att acc cac ccg ttg gct gtc gcc 355

Ile	Arg	Lys	Ser	Gly	Asp	Pro	Tyr	Ile	Thr	His	Pro	Leu	Ala	Val	Ala	
70						75					80					85
acc	atc	gcc	gcg	gaa	atc	ggc	atg	gac	acc	acc	acg	ctc	gtc	gca	gcc	403
Thr	Ile	Ala	Ala	Glu	Ile	Gly	Met	Asp	Thr	Thr	Thr	Leu	Val	Ala	Ala	
						90					95					100
ttg	ttg	cat	gac	acg	gtg	gaa	gac	acc	gac	tac	tct	ttg	gac	gat	ctc	451
Leu	Leu	His	Asp	Thr	Val	Glu	Asp	Thr	Asp	Tyr	Ser	Leu	Asp	Asp	Leu	
						105										115
acc	cga	gat	ttc	gga	gaa	gaa	ggt	gcc	agg	ctt	gtc	gac	ggg	gtc	acc	499
Thr	Arg	Asp	Phe	Gly	Glu	Glu	Val	Ala	Arg	Leu	Val	Asp	Gly	Val	Thr	
						120										130
aag	ctc	gac	aaa	gtc	gca	cta	ggg	gct	gcc	gcg	gag	gcc	gaa	acg	att	547
Lys	Leu	Asp	Lys	Val	Ala	Leu	Gly	Ala	Ala	Ala	Glu	Ala	Glu	Thr	Ile	
						135										145
cgc	aaa	atg	atc	gtc	gcc	atg	agc	cag	gac	ccc	cgc	gtg	ctg	gtg	att	595
Arg	Lys	Met	Ile	Val	Ala	Met	Ser	Gln	Asp	Pro	Arg	Val	Leu	Val	Ile	
150						155										165
aaa	gtg	gcc	gac	cgt	ttg	cac	aat	atg	cgc	acc	atg	cgg	ttc	ctg	ccg	643
Lys	Val	Ala	Asp	Arg	Leu	His	Asn	Met	Arg	Thr	Met	Arg	Phe	Leu	Pro	
						170										180
ccg	gaa	aag	caa	gct	aaa	aaa	gca	cgc	caa	acc	ctt	gaa	gtg	att	gct	691
Pro	Glu	Lys	Gln	Ala	Lys	Lys	Ala	Arg	Gln	Thr	Leu	Glu	Val	Ile	Ala	
						185										195
cct	ttg	gca	cac	cgc	ctg	ggc	atg	gcc	agc	gtg	aaa	tgg	gaa	ttg	gaa	739
Pro	Leu	Ala	His	Arg	Leu	Gly	Met	Ala	Ser	Val	Lys	Trp	Glu	Leu	Glu	
						200										210
gat	cta	tcc	ttt	gcc	att	ttg	tac	ccc	aag	aag	tac	gaa	gag	atc	gtg	787
Asp	Leu	Ser	Phe	Ala	Ile	Leu	Tyr	Pro	Lys	Lys	Tyr	Glu	Glu	Ile	Val	
						215										225
cgf	ctt	ggt	gcc	gac	cgc	gcg	ccc	tct	aga	gac	cgg	tac	ctc	aaa	gaa	835

Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp Arg Tyr Leu Lys Glu
230 235 240 245
att att gat caa gtc acc ggt ggc ttg cgc gaa aac aac atc gcg gca 883
Ile Ile Asp Gln Val Thr Gly Gly Leu Arg Glu Asn Asn Ile Ala Ala
250 255 260
gaa gtg ctt ggt cga cca aag cac tac tgg tct atc tat caa aag atg 931
Glu Val Leu Gly Arg Pro Lys His Tyr Trp Ser Ile Tyr Gln Lys Met
265 270 275
atc gtt cgc ggt cgt gat ttt gac gat att ttt gat ctt gtt ggc atc 979
Ile Val Arg Gly Arg Asp Phe Asp Asp Ile Phe Asp Leu Val Gly Ile
280 285 290
cgc atc ctg gta gac aac gtg aac aac tgt gta cgc cgc cat cgg tgt 1027
Arg Ile Leu Val Asp Asn Val Asn Asn Cys Val Arg Arg His Arg Cys
295 300 305
cgt gca ctc cct gtt caa tgc tct gcc tgg ccg att caa aga cta tat 1075
Arg Ala Leu Pro Val Gln Cys Ser Ala Trp Pro Ile Gln Arg Leu Tyr
310 315 320 325
ttc agc ccc gcg ctt cgg tgt cta cca atc cct gca cac cac cgt gat 1123
Phe Ser Pro Ala Leu Arg Cys Leu Pro Ile Pro Ala His His Arg Asp
330 335 340
ggg acc tgg cgg taagcctctg gaagttcagg cac 1158
Gly Thr Trp Arg
345
<210> 1028
<211> 345
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1028
Met Ser Leu Glu Arg Asn Thr Gln Lys Ser Ser Met Gly Val Arg Ser
1 5 10 15
Met Ser Ala Arg Leu Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr

20 25 30

Asn Pro Val Leu Asp Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro
35 40 45

Arg Ala Asp Val Gln Val Leu Glu Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg
50 55 60

Leu His Asp Gly Val Ile Arg Lys Ser Gly Asp Pro Tyr Ile Thr His
65 70 75 80

Pro Leu Ala Val Ala Thr Ile Ala Ala Glu Ile Gly Met Asp Thr Thr
85 90 95

Thr Leu Val Ala Ala Leu Leu His Asp Thr Val Glu Asp Thr Asp Tyr
100 105 110

Ser Leu Asp Asp Leu Thr Arg Asp Phe Gly Glu Glu Val Ala Arg Leu
115 120 125

Val Asp Gly Val Thr Lys Leu Asp Lys Val Ala Leu Gly Ala Ala Ala
130 135 140

Glu Ala Glu Thr Ile Arg Lys Met Ile Val Ala Met Ser Gln Asp Pro
145 150 155 160

Arg Val Leu Val Ile Lys Val Ala Asp Arg Leu His Asn Met Arg Thr
165 170 175

Met Arg Phe Leu Pro Pro Glu Lys Gln Ala Lys Lys Ala Arg Gln Thr
180 185 190

Leu Glu Val Ile Ala Pro Leu Ala His Arg Leu Gly Met Ala Ser Val
195 200 205

Lys Trp Glu Leu Glu Asp Leu Ser Phe Ala Ile Leu Tyr Pro Lys Lys
210 215 220

Tyr Glu Glu Ile Val Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp
225 230 235 240

Arg Tyr Leu Lys Glu Ile Ile Asp Gln Val Thr Gly Gly Leu Arg Glu

245 250 255

Asn Asn Ile Ala Ala Glu Val Leu Gly Arg Pro Lys His Tyr Trp Ser
260 265 270

Ile Tyr Gln Lys Met Ile Val Arg Gly Arg Asp Phe Asp Asp Ile Phe
275 280 285

Asp Leu Val Gly Ile Arg Ile Leu Val Asp Asn Val Asn Asn Cys Val
290 295 300

Arg Arg His Arg Cys Arg Ala Leu Pro Val Gln Cys Ser Ala Trp Pro
305 310 315 320

Ile Gln Arg Leu Tyr Phe Ser Pro Ala Leu Arg Cys Leu Pro Ile Pro
325 330 335

Ala His His Arg Asp Gly Thr Trp Arg
340 345

<210> 1029
<211> 903
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(880)
<223> FRXA02772

<220>
<221> misc_feature
<222> 850, 853
<223> n = a, c, t, or g

<400> 1029
cattgtggtc agagatcctc agtagaagga tcgaaagaaa ggcggcagga aaatgagtct 60

ggagcgcaac acacaaaaat cttccatggg tgtgcgaagc atg tca gcc agg ctt 115
Met Ser Ala Arg Leu

1 5

gcc cgc agc ctc aca gga aac cgc gtt cgc acc aac cct gtg ctg gat 163

Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr Asn Pro Val Leu Asp	
10 15 20	
ccg ctg ctg agc atc cac cgg caa ttt cac cca cgc gcc gac gta caa	211
Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro Arg Ala Asp Val Gln	
25 30 35	
gtg ttg gaa cgt gca tat gac acc gcg gaa cgt ctt cat gat ggt gtg	259
Val Leu Glu Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg Leu His Asp Gly Val	
40 45 50	
att cga aaa tcg ggc gat ccg tat att acc cac ccg ttg gct gtc gcc	307
Ile Arg Lys Ser Gly Asp Pro Tyr Ile Thr His Pro Leu Ala Val Ala	
55 60 65	
acc atc gcc gcg gaa atc ggc atg gac acc acc acg ctc gtc gca gcc	355
Thr Ile Ala Ala Glu Ile Gly Met Asp Thr Thr Thr Leu Val Ala Ala	
70 75 80 85	
ttg ttg cat gac acg gtg gaa gac acc gac tac tct ttg gac gat ctc	403
Leu Leu His Asp Thr Val Glu Asp Thr Asp Tyr Ser Leu Asp Asp Leu	
90 95 100	
acc cga gat ttc gga gaa gaa gtt gcc agg ctt gtc gac ggt gtc acc	451
Thr Arg Asp Phe Gly Glu Glu Val Ala Arg Leu Val Asp Gly Val Thr	
105 110 115	
aag ctc gac aaa gtc gca cta ggt gct gcc gcg gag gcc gaa acg att	499
Lys Leu Asp Lys Val Ala Leu Gly Ala Ala Ala Glu Ala Glu Thr Ile	
120 125 130	
cgc aaa atg atc gtc gcc atg agc cag gac ccc cgc gtg ctg gtg att	547
Arg Lys Met Ile Val Ala Met Ser Gln Asp Pro Arg Val Leu Val Ile	
135 140 145	
aaa gtg gcc gac cgt ttg cac aat atg cgc acc atg cgg ttc ctg ccg	595
Lys Val Ala Asp Arg Leu His Asn Met Arg Thr Met Arg Phe Leu Pro	
150 155 160 165	
ccg gaa aag caa gct aaa aaa gca cgc caa acc ctt gaa gtg att gct	643

Pro Glu Lys Gln Ala Lys Lys Ala Arg Gln Thr Leu Glu Val Ile Ala
170 175 180

cct ttg gca cac cgc ctg ggc atg gcc agc gtg aaa tgg gaa ttg gaa 691
Pro Leu Ala His Arg Leu Gly Met Ala Ser Val Lys Trp Glu Leu Glu
185 190 195

gat cta tcc ttt gcc att ttg tac ccc aag aag tac gaa gag atc gtg 739
Asp Leu Ser Phe Ala Ile Leu Tyr Pro Lys Lys Tyr Glu Glu Ile Val
200 205 210

cgt ctt gtt gcc gac cgc gcg ccc tct aga gac cgg tac ctc aaa gaa 787
Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp Arg Tyr Leu Lys Glu
215 220 225

att att gat caa gtc acc ggt ggc ttg cgc gaa aac aac atc gcg gca 835
Ile Ile Asp Gln Val Thr Gly Gly Leu Arg Glu Asn Asn Ile Ala Ala
230 235 240 245

gaa gtg ctt ggt cgn ccn aag cac tct ggt ctt tct ttc aaa aga 880
Glu Val Leu Gly Arg Pro Lys His Ser Gly Leu Ser Phe Lys Arg
250 255 260

tgatcgttcg cggtcgtgat ttt 903

<210> 1030
<211> 260
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1030
Met Ser Ala Arg Leu Ala Arg Ser Leu Thr Gly Asn Arg Val Arg Thr
1 5 10 15

Asn Pro Val Leu Asp Pro Leu Leu Ser Ile His Arg Gln Phe His Pro
20 25 30

Arg Ala Asp Val Gln Val Leu Glu Arg Ala Tyr Asp Thr Ala Glu Arg
35 40 45

Leu His Asp Gly Val Ile Arg Lys Ser Gly Asp Pro Tyr Ile Thr His

50 55 60
 Pro Leu Ala Val Ala Thr Ile Ala Ala Glu Ile Gly Met Asp Thr Thr
 65 70 75 80
 Thr Leu Val Ala Ala Leu Leu His Asp Thr Val Glu Asp Thr Asp Tyr
 85 90 95
 Ser Leu Asp Asp Leu Thr Arg Asp Phe Gly Glu Glu Val Ala Arg Leu
 100 105 110
 Val Asp Gly Val Thr Lys Leu Asp Lys Val Ala Leu Gly Ala Ala Ala
 115 120 125
 Glu Ala Glu Thr Ile Arg Lys Met Ile Val Ala Met Ser Gln Asp Pro
 130 135 140
 Arg Val Leu Val Ile Lys Val Ala Asp Arg Leu His Asn Met Arg Thr
 145 150 155 160
 Met Arg Phe Leu Pro Pro Glu Lys Gln Ala Lys Lys Ala Arg Gln Thr
 165 170 175
 Leu Glu Val Ile Ala Pro Leu Ala His Arg Leu Gly Met Ala Ser Val
 180 185 190
 Lys Trp Glu Leu Glu Asp Leu Ser Phe Ala Ile Leu Tyr Pro Lys Lys
 195 200 205
 Tyr Glu Glu Ile Val Arg Leu Val Ala Asp Arg Ala Pro Ser Arg Asp
 210 215 220
 Arg Tyr Leu Lys Glu Ile Ile Asp Gln Val Thr Gly Gly Leu Arg Glu
 225 230 235 240
 Asn Asn Ile Ala Ala Glu Val Leu Gly Arg Pro Lys His Ser Gly Leu
 245 250 255
 Ser Phe Lys Arg
 260

<210> 1031

<211> 262
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(262)
 <223> FRXA02773

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 71, 74, 155, 162, 192, 214, 225, 230, 233
 <223> n = a, c, t, or g

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 19
 <223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 21
 <223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 31
 <223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 42
 <223> Xaa = Val, Ala, Asp, or Gly

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 44
 <223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 45
 <223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val

<400> 1031
 tcaaagaat tattgatcaa gtcaccggtg gcttgcgcgga aaacaacatc gcggcagaag 60

tgcttggctcg nccnaagcac tctgggtcttt ctttcaaaag atg atc gtt cgc ggt 115
Met Ile Val Arg Gly

1 5

cgt gat ttt gac gat att ttt gat ctt gtt ggc atc cgc ntc ctg gna 163
Arg Asp Phe Asp Asp Ile Phe Asp Leu Val Gly Ile Arg Xaa Leu Xaa

10 15 20

gac aac gtg aac aac tgg gta cgc cgc cnt cgg tgt cgt gca etc ccn 211
Asp Asn Val Asn Asn Trp Val Arg Arg Xaa Arg Cys Arg Ala Leu Pro

25 30 35

gln caa tgc tct gnc tgg ncg ntt caa aga cta tat ttc agc ccc gcg 259
Val Gln Cys Ser Xaa Trp Xaa Xaa Gln Arg Leu Tyr Phe Ser Pro Ala

40 45 50

ctt 262
Leu

<210> 1032
<211> 54
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 19
<223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val

<220>
<221> VARIANT
<222> 21
<223> Xaa = Val, Ala, Glu, or Gly

<220>
<221> VARIANT
<222> 31
<223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg

<220>

<221> VARIANT
 <222> 42
 <223> Xaa = Val, Ala, Asp, or Gly

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 44
 <223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 45
 <223> Xaa = Phe, Leu, Ile, or Val

<400> 1032
 Met Ile Val Arg Gly Arg Asp Phe Asp Asp Ile Phe Asp Leu Val Gly
 1 5 10 15

Ile Arg Xaa Leu Xaa Asp Asn Val Asn Asn Trp Val Arg Arg Xaa Arg
 20 25 30

Cys Arg Ala Leu Pro Val Gln Cys Ser Xaa Trp Xaa Xaa Gln Arg Leu
 35 40 45

Tyr Phe Ser Pro Ala Leu
 50

<210> 1033
 <211> 654
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(631)
 <223> RXA01835

<400> 1033
 tcaacatcta ttctctctgc gatttgcattg ggatatatat taaaaattct agccgaaagt 60

ttctctcgtg aatacaacttt ccccgcgctt tcgcaaagct atg aat act gcc gcg 115
 Met Asn Thr Ala Ala

1 5

tgg gca cac cgc cac cac gta cgc aaa ggc ggt gga att ccg tat gtc	163
Trp Ala His Arg His His Val Arg Lys Gly Gly Gly Ile Pro Tyr Val	
10 15 20	
agc cat ctt tat tca gtg atg tac ttg ctg gcc agc gtc act aat gat	211
Ser His Leu Tyr Ser Val Met Tyr Leu Leu Ala Ser Val Thr Asn Asp	
25 30 35	
gaa gat gtg ctc atc gcc ggg ctg ctc cac gac acc ctc gaa gac gta	259
Glu Asp Val Leu Ile Ala Gly Leu Leu His Asp Thr Leu Glu Asp Val	
40 45 50	
ccc gag gaa tac aat tct gcc caa ctt gaa gct gat ttt ggt ccg cgg	307
Pro Glu Glu Tyr Asn Ser Ala Gln Leu Glu Ala Asp Phe Gly Pro Arg	
55 60 65	
gtg cgc gag ttg gtg gaa gag ctc acc aaa cag ccc tta aaa agc tgg	355
Val Arg Glu Leu Val Glu Glu Leu Thr Lys Gln Pro Leu Lys Ser Trp	
70 75 80 85	
aaa gcg cgt gcc gac gct tac ctc ctg cac ctc agc gca ggt gcc agc	403
Lys Ala Arg Ala Asp Ala Tyr Leu Leu His Leu Ser Ala Gly Ala Ser	
90 95 100	
tta gag gct gtc tta atc tcc acc gca gat aaa ctg cat aat ctc atg	451
Leu Glu Ala Val Leu Ile Ser Thr Ala Asp Lys Leu His Asn Leu Met	
105 110 115	
tcc atc ttg gat gac ctt gaa ata cac ggt gaa gat tta tgg caa cgc	499
Ser Ile Leu Asp Asp Leu Glu Ile His Gly Glu Asp Leu Trp Gln Arg	
120 125 130	
ttt aac gct ggc aaa gag cag caa atc tgg tgg tat agc gag gtt tat	547
Phe Asn Ala Gly Lys Glu Gln Gln Ile Trp Trp Tyr Ser Glu Val Tyr	
135 140 145	
cag ata tct ctc cag cgc tta ggg ttc aat gag ttg aat aaa caa ctg	595
Gln Ile Ser Leu Gln Arg Leu Gly Phe Asn Glu Leu Asn Lys Gln Leu	
150 155 160 165	
ggg ttg tgc gtc gaa aag ctc tta aag caa agc gcc taggcgctcg	641

Gly Leu Cys Val Glu Lys Leu Leu Lys Gln Ser Ala

170

175

gcggcgtcga taa

654

<210> 1034

<211> 177

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1034

Met Asn Thr Ala Ala Trp Ala His Arg His His Val Arg Lys Gly Gly
1 5 10 15

Gly Ile Pro Tyr Val Ser His Leu Tyr Ser Val Met Tyr Leu Leu Ala
20 25 30

Ser Val Thr Asn Asp Glu Asp Val Leu Ile Ala Gly Leu Leu His Asp
35 40 45

Thr Leu Glu Asp Val Pro Glu Glu Tyr Asn Ser Ala Gln Leu Glu Ala
50 55 60

Asp Phe Gly Pro Arg Val Arg Glu Leu Val Glu Glu Leu Thr Lys Gln
65 70 75 80

Pro Leu Lys Ser Trp Lys Ala Arg Ala Asp Ala Tyr Leu Leu His Leu
85 90 95

Ser Ala Gly Ala Ser Leu Glu Ala Val Leu Ile Ser Thr Ala Asp Lys
100 105 110

Leu His Asn Leu Met Ser Ile Leu Asp Asp Leu Glu Ile His Gly Glu
115 120 125

Asp Leu Trp Gln Arg Phe Asn Ala Gly Lys Glu Gln Gln Ile Trp Trp
130 135 140

Tyr Ser Glu Val Tyr Gln Ile Ser Leu Gln Arg Leu Gly Phe Asn Glu
145 150 155 160

Leu Asn Lys Gln Leu Gly Leu Cys Val Glu Lys Leu Leu Lys Gln Ser
165 170 175

Ala

<210> 1035
<211> 1395
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1372)
<223> RXA01483

<400> 1035
gggtgcccgga taaggatgaag catctttgcg cgcaatccaa ggtctgctgc gcccttcgcg 60

gcgtgcacgc catgagcaac ttcggaggct gaaaaagtag atg tac ccc tat tcc 115
Met Tyr Pro Tyr Ser
1 5

gac gca gac gct ttt cga cgc cag cct gag cgc gcc aag tcc agc caa 163
Asp Ala Asp Ala Phe Arg Arg Gln Pro Glu Arg Ala Lys Ser Ser Gln
10 15 20

ctg cgt acc agc gcc gta gac acc cgc agc gcg ttc gcc cgc gac cgg 211
Leu Arg Thr Ser Ala Val Asp Thr Arg Ser Ala Phe Ala Arg Asp Arg
25 30 35

gct cgc gtg ctg cat tct gct gct ctt cga cgc ctc gcg gat aaa acc 259
Ala Arg Val Leu His Ser Ala Ala Leu Arg Arg Leu Ala Asp Lys Thr
40 45 50

caa gtg gtt ggc ccc aat gat ggt gat act ccg cgc acc cgg ctg acg 307
Gln Val Val Gly Pro Asn Asp Gly Asp Thr Pro Arg Thr Arg Leu Thr
55 60 65

cac tct ttg gaa gta gct caa att gca cgg gga atc gga gct gga ctg 355
His Ser Leu Glu Val Ala Gln Ile Ala Arg Gly Ile Gly Ala Gly Leu

70	75	80	85	
gat ttg gat cct gat ctg tgc gat ctg gca ggg ctg tgc cat gac att				403
Asp Leu Asp Pro Asp Leu Cys Asp Leu Ala Gly Leu Cys His Asp Ile				
	90	95	100	
ggg cat ccg ccg tat gga cac aac ggt gaa aac gcg ttg aat gaa gtt				451
Gly His Pro Pro Tyr Gly His Asn Gly Glu Asn Ala Leu Asn Glu Val				
	105	110	115	
gct gcg gcc tgt gga gga ttt gag ggc aac gcc caa acc ttg cgt att				499
Ala Ala Ala Cys Gly Gly Phe Glu Gly Asn Ala Gln Thr Leu Arg Ile				
	120	125	130	
ctc acg cgt ctg gag cca aaa att gtc tct gat gag ggg gag agc ttt				547
Leu Thr Arg Leu Glu Pro Lys Ile Val Ser Asp Glu Gly Glu Ser Phe				
	135	140	145	
ggg ctg aac ttg tcg cgg gct gct ctt gat gct gca tgt aag tat ccg				595
Gly Leu Asn Leu Ser Arg Ala Ala Leu Asp Ala Ala Cys Lys Tyr Pro				
	150	155	160	165
tgg gct aaa aca aat gcg gat ggc agt gtc aat aag aaa tac agt gct				643
Trp Ala Lys Thr Asn Ala Asp Gly Ser Val Asn Lys Lys Tyr Ser Ala				
	170	175	180	
tat gac gag gac gca gaa atc ctc gct tgg att aga caa ggc cat gag				691
Tyr Asp Glu Asp Ala Glu Ile Leu Ala Trp Ile Arg Gln Gly His Glu				
	185	190	195	
gat ctt cgc cca ccg atc gaa gcg cag gtc atg gac ttt tct gat gac				739
Asp Leu Arg Pro Pro Ile Glu Ala Gln Val Met Asp Phe Ser Asp Asp				
	200	205	210	
att gcc tac tcg gtg cac gat gtg gaa gac ggt att gta tcc ggg cgt				787
Ile Ala Tyr Ser Val His Asp Val Glu Asp Gly Ile Val Ser Gly Arg				
	215	220	225	
atc gac tta aaa gtg ctg tgg gac ctg gtt gaa tta gca gct ttg gca				835
Ile Asp Leu Lys Val Leu Trp Asp Leu Val Glu Leu Ala Ala Leu Ala				

230	235	240	245	
gac aaa gga gca gct gct ttc gga ggt tgc cct gca gag ctc atc gag				883
Asp Lys Gly Ala Ala Ala Phe Gly Gly Ser Pro Ala Glu Leu Ile Glu				
	250	255	260	
ggt gca gca tgc ttg cgg gaa ctt ccg gtg gtg gct gcc gct gcg gat				931
Gly Ala Ala Ser Leu Arg Glu Leu Pro Val Val Ala Ala Ala Ala Asp				
	265	270	275	
ttt gat ttc tca ctg cgt tcc tac gct gcg ctg aag gcg atg act tca				979
Phe Asp Phe Ser Leu Arg Ser Tyr Ala Ala Leu Lys Ala Met Thr Ser				
	280	285	290	
gaa cta gtg gga aga tac gtt ggc tct acc atc gag tca aca aag aaa				1027
Glu Leu Val Gly Arg Tyr Val Gly Ser Thr Ile Glu Ser Thr Lys Lys				
	295	300	305	
aca cac gct ggc att gat gtg gga cgc atg cac ggc gat ttg atc att				1075
Thr His Ala Gly Ile Asp Val Gly Arg Met His Gly Asp Leu Ile Ile				
	310	315	320	325
cca gaa aca gcg gcc agt gaa gta aaa ctg ctc aaa acg tta gcg gtt				1123
Pro Glu Thr Ala Ala Ser Glu Val Lys Leu Leu Lys Thr Leu Ala Val				
	330	335	340	
ctc tac gtg atg gat gac cca ggg cac ctt gcg cgc caa aac agg caa				1171
Leu Tyr Val Met Asp Asp Pro Gly His Leu Ala Arg Gln Asn Arg Gln				
	345	350	355	
cgg gat cgt atc ttc cgg gtt ttt gac tac ctg gtg ctg ggg gct ccg				1219
Arg Asp Arg Ile Phe Arg Val Phe Asp Tyr Leu Val Leu Gly Ala Pro				
	360	365	370	
gga tgc ttg gat ccg atg tat cgc cag tgg ttt att gaa gcg gat tca				1267
Gly Ser Leu Asp Pro Met Tyr Arg Gln Trp Phe Ile Glu Ala Asp Ser				
	375	380	385	
gaa tgc gaa cag atc cgt gtg att gtt gat cag att gcg tgc atg acg				1315
Glu Ser Glu Gln Ile Arg Val Ile Val Asp Gln Ile Ala Ser Met Thr				

390 395 400 405

gag tct cgt ctg gaa cgc ctt gcc cgg aat gct gct gac atc tca gga 1363

Glu Ser Arg Leu Glu Arg Leu Ala Arg Asn Ala Ala Asp Ile Ser Gly

410 415 420

ttt ttg gga taattggtta gagcagcagt aag 1395

Phe Leu Gly

<210> 1036

<211> 424

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1036

Met Tyr Pro Tyr Ser Asp Ala Asp Ala Phe Arg Arg Gln Pro Glu Arg

1 5 10 15

Ala Lys Ser Ser Gln Leu Arg Thr Ser Ala Val Asp Thr Arg Ser Ala

20 25 30

Phe Ala Arg Asp Arg Ala Arg Val Leu His Ser Ala Ala Leu Arg Arg

35 40 45

Leu Ala Asp Lys Thr Gln Val Val Gly Pro Asn Asp Gly Asp Thr Pro

50 55 60

Arg Thr Arg Leu Thr His Ser Leu Glu Val Ala Gln Ile Ala Arg Gly

65 70 75 80

Ile Gly Ala Gly Leu Asp Leu Asp Pro Asp Leu Cys Asp Leu Ala Gly

85 90 95

Leu Cys His Asp Ile Gly His Pro Pro Tyr Gly His Asn Gly Glu Asn

100 105 110

Ala Leu Asn Glu Val Ala Ala Ala Cys Gly Gly Phe Glu Gly Asn Ala

115 120 125

Gln Thr Leu Arg Ile Leu Thr Arg Leu Glu Pro Lys Ile Val Ser Asp

130 135 140

Glu Gly Glu Ser Phe Gly Leu Asn Leu Ser Arg Ala Ala Leu Asp Ala
145 150 155 160

Ala Cys Lys Tyr Pro Trp Ala Lys Thr Asn Ala Asp Gly Ser Val Asn
165 170 175

Lys Lys Tyr Ser Ala Tyr Asp Glu Asp Ala Glu Ile Leu Ala Trp Ile
180 185 190

Arg Gln Gly His Glu Asp Leu Arg Pro Pro Ile Glu Ala Gln Val Met
195 200 205

Asp Phe Ser Asp Asp Ile Ala Tyr Ser Val His Asp Val Glu Asp Gly
210 215 220

Ile Val Ser Gly Arg Ile Asp Leu Lys Val Leu Trp Asp Leu Val Glu
225 230 235 240

Leu Ala Ala Leu Ala Asp Lys Gly Ala Ala Ala Phe Gly Gly Ser Pro
245 250 255

Ala Glu Leu Ile Glu Gly Ala Ala Ser Leu Arg Glu Leu Pro Val Val
260 265 270

Ala Ala Ala Ala Asp Phe Asp Phe Ser Leu Arg Ser Tyr Ala Ala Leu
275 280 285

Lys Ala Met Thr Ser Glu Leu Val Gly Arg Tyr Val Gly Ser Thr Ile
290 295 300

Glu Ser Thr Lys Lys Thr His Ala Gly Ile Asp Val Gly Arg Met His
305 310 315 320

Gly Asp Leu Ile Ile Pro Glu Thr Ala Ala Ser Glu Val Lys Leu Leu
325 330 335

Lys Thr Leu Ala Val Leu Tyr Val Met Asp Asp Pro Gly His Leu Ala
340 345 350

Arg Gln Asn Arg Gln Arg Asp Arg Ile Phe Arg Val Phe Asp Tyr Leu

355 360 365

Val Leu Gly Ala Pro Gly Ser Leu Asp Pro Met Tyr Arg Gln Trp Phe
370 375 380

Ile Glu Ala Asp Ser Glu Ser Glu Gln Ile Arg Val Ile Val Asp Gln
385 390 395 400

Ile Ala Ser Met Thr Glu Ser Arg Leu Glu Arg Leu Ala Arg Asn Ala
405 410 415

Ala Asp Ile Ser Gly Phe Leu Gly
420

<210> 1037
<211> 1131
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1108)
<223> RXN01027

<400> 1037
aatagatgga agtagttttt cattcactta tgtgcgcgtt tttaatctgg ttctaccaa 60

gaactgtgtg caccacaacg cggaagggtga atgcaccca atg gca aat aag aac 115
Met Ala Asn Lys Asn
1 5

aat aag cct cat gag gtg gac aaa gac caa gat tca gcc atg ctg atc 163
Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp Ser Ala Met Leu Ile
10 15 20

aac ggt cgc ctg caa cag atc ccg gcg cgt ccc act gag gaa ttc acc 211
Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro Thr Glu Glu Phe Thr
25 30 35

cgc cca act ctt gca gca ggt gca gta ctg tgg cgc ggc gac atc acc 259
Arg Pro Thr Leu Ala Ala Gly Ala Val Leu Trp Arg Gly Asp Ile Thr

40	45	50	
aac ccg gac agc atc gag gtc gct gtc atc cac cgc ccg cac tat gat			307
Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His Arg Pro His Tyr Asp			
55	60	65	
gac tgg tcc ctg gcc aag ggc aaa gtc gat ccc ggc gag tct att ccg			355
Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro Gly Glu Ser Ile Pro			
70	75	80	85
aca acc gcg gcc cgt gaa atc ctt gaa gaa act ggc tac gac atc cgt			403
Thr Thr Ala Ala Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr Gly Tyr Asp Ile Arg			
90	95	100	
ctg ggc aag ctg atc ggc aag gtt act tac cct gtg ctc gac cga acc			451
Leu Gly Lys Leu Ile Gly Lys Val Thr Tyr Pro Val Leu Asp Arg Thr			
105	110	115	
aaa gtg gtc tac tac tgg act gcc cag gtt ctt ggt gga gag ttt gtc			499
Lys Val Val Tyr Tyr Trp Thr Ala Gln Val Leu Gly Gly Glu Phe Val			
120	125	130	
ccc aac gat gaa gtt gat gaa atc cgt tgg ctg tct gtt gat gaa gca			547
Pro Asn Asp Glu Val Asp Glu Ile Arg Trp Leu Ser Val Asp Glu Ala			
135	140	145	
tgc gag ttg ctc agc tac caa gta gat acc gaa gtt ctg gcc aag gca			595
Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala			
150	155	160	165
gca aag cgt ttc cgc act cct tcc acc act cgg gtg ctg tat gtt cgc			643
Ala Lys Arg Phe Arg Thr Pro Ser Thr Thr Arg Val Leu Tyr Val Arg			
170	175	180	
cat gct cat gca cat ggt cgc caa acc tgg ggt ggc gac gac aat aag			691
His Ala His Ala His Gly Arg Gln Thr Trp Gly Gly Asp Asp Asn Lys			
185	190	195	
cgc cca ttg gac aaa aag ggg cgt cga caa gca gaa atg ctc gta ccc			739
Arg Pro Leu Asp Lys Lys Gly Arg Arg Gln Ala Glu Met Leu Val Pro			

200	205	210	
atg ttg ttg ccc ttc aaa ccc acc gca att tac tcg gcg gtg ccc gat 787			
Met Leu Leu Pro Phe Lys Pro Thr Ala Ile Tyr Ser Ala Val Pro Asp			
215	220	225	
cgc tgc caa gcc acc gcg ctc ccc ctt gcc gat gag ctc ggc ctc gac 835			
Arg Cys Gln Ala Thr Ala Leu Pro Leu Ala Asp Glu Leu Gly Leu Asp			
230	235	240	245
gtg tcc gtc aac cga ctg ttc ggc gac gac gcc tgg gaa acc gat ccc 883			
Val Ser Val Asn Arg Leu Phe Gly Asp Asp Ala Trp Glu Thr Asp Pro			
	250	255	260
gag gcc tgc aag aag cgc ttc acc gac gtg gtc gcg caa ggt ggc gtg 931			
Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val Ala Gln Gly Gly Val			
	265	270	275
ccg atg atc gtt ggg cag ggc gac atc att ccg gaa atg atc aaa tgg 979			
Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro Glu Met Ile Lys Trp			
280	285	290	
ttc tcc gag aac ggc acc ctc cct atc gat gag aag atc aag gcg aaa 1027			
Phe Ser Glu Asn Gly Thr Leu Pro Ile Asp Glu Lys Ile Lys Ala Lys			
295	300	305	
aag ggc agc gtg tgg gtg ttg agc ttt cac gac ggt gtg ttc acc ggc 1075			
Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp Gly Val Phe Thr Gly			
310	315	320	325
gct gat tac ctg gcg agt tcc ctg ccg gtt aaa taggagcgcg tttaaggcct 1128			
Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys			
	330	335	
cca 1131			
<210> 1038			
<211> 336			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			

<400> 1038

Met Ala Asn Lys Asn Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp
1 5 10 15

Ser Ala Met Leu Ile Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro
20 25 30

Thr Glu Glu Phe Thr Arg Pro Thr Leu Ala Ala Gly Ala Val Leu Trp
35 40 45

Arg Gly Asp Ile Thr Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His
50 55 60

Arg Pro His Tyr Asp Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro
65 70 75 80

Gly Glu Ser Ile Pro Thr Thr Ala Ala Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr
85 90 95

Gly Tyr Asp Ile Arg Leu Gly Lys Leu Ile Gly Lys Val Thr Tyr Pro
100 105 110

Val Leu Asp Arg Thr Lys Val Val Tyr Tyr Trp Thr Ala Gln Val Leu
115 120 125

Gly Gly Glu Phe Val Pro Asn Asp Glu Val Asp Glu Ile Arg Trp Leu
130 135 140

Ser Val Asp Glu Ala Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu
145 150 155 160

Val Leu Ala Lys Ala Ala Lys Arg Phe Arg Thr Pro Ser Thr Thr Arg
165 170 175

Val Leu Tyr Val Arg His Ala His Ala His Gly Arg Gln Thr Trp Gly
180 185 190

Gly Asp Asp Asn Lys Arg Pro Leu Asp Lys Lys Gly Arg Arg Gln Ala
195 200 205

Glu Met Leu Val Pro Met Leu Leu Pro Phe Lys Pro Thr Ala Ile Tyr
210 215 220

Ser Ala Val Pro Asp Arg Cys Gln Ala Thr Ala Leu Pro Leu Ala Asp
225 230 235 240

Glu Leu Gly Leu Asp Val Ser Val Asn Arg Leu Phe Gly Asp Asp Ala
245 250 255

Trp Glu Thr Asp Pro Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val
260 265 270

Ala Gln Gly Gly Val Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro
275 280 285

Glu Met Ile Lys Trp Phe Ser Glu Asn Gly Thr Leu Pro Ile Asp Glu
290 295 300

Lys Ile Lys Ala Lys Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp
305 310 315 320

Gly Val Phe Thr Gly Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys
325 330 335

<210> 1039
<211> 757
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(757)
<223> FRXA01024

<400> 1039
aatagatgga agtagttttt cattcactta tgtgcgcgtt tttaatctgg ttctaccaa 60

gaactgtgtg caccacaacg cggaaggtga atcgaccca atg gca aat aag aac 115
Met Ala Asn Lys Asn

1 5

aat aag cct cat gag gtg gac aaa gac caa gat tca gcc atg ctg atc 163

Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp Ser Ala Met Leu Ile	
10 15 20	
aac ggt cgc ctg caa cag atc ccg gcg cgt ccc act gag gaa ttc acc	211
Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro Thr Glu Glu Phe Thr	
25 30 35	
cgc cca act ctt gca gca ggt gca gta ctg tgg cgc ggc gac atc acc	259
Arg Pro Thr Leu Ala Ala Gly Ala Val Leu Trp Arg Gly Asp Ile Thr	
40 45 50	
aac ccg gac agc atc gag gtc gct gtc atc cac cgc ccg cac tat gat	307
Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His Arg Pro His Tyr Asp	
55 60 65	
gac tgg tcc ctg gcc aag ggc aaa gtc gat ccc ggc gag tct att ccg	355
Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro Gly Glu Ser Ile Pro	
70 75 80 85	
aca acc gcg gcc cgt gaa atc ctt gaa gaa act ggc tac gac atc cgt	403
Thr Thr Ala Ala Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr Gly Tyr Asp Ile Arg	
90 95 100	
ctg ggc aag ctg atc ggc aag gtt act tac cct gtg ctc gac cga acc	451
Leu Gly Lys Leu Ile Gly Lys Val Thr Tyr Pro Val Leu Asp Arg Thr	
105 110 115	
aaa gtg gtc tac tac tgg act gcc cag gtt ctt ggt gga gag ttt gtc	499
Lys Val Val Tyr Tyr Trp Thr Ala Gln Val Leu Gly Gly Glu Phe Val	
120 125 130	
ccc aac gat gaa gtt gat gaa atc cgt tgg ctg tct gtt gat gaa gca	547
Pro Asn Asp Glu Val Asp Glu Ile Arg Trp Leu Ser Val Asp Glu Ala	
135 140 145	
tgc gag ttg ctc agc tac caa gta gat acc gaa gtt ctg gcc aag gca	595
Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu Val Leu Ala Lys Ala	
150 155 160 165	
gca aag cgt ttc cgc act cct tcc acc act cgg gtg ctg tat gtt cgc	643

Ala Lys Arg Phe Arg Thr Pro Ser Thr Thr Arg Val Leu Tyr Val Arg

170 175 180

cat gct cat gca cat ggt cgc caa acc tgg ggt ggc gac gac aat aag 691
His Ala His Ala His Gly Arg Gln Thr Trp Gly Gly Asp Asp Asn Lys

185 190 195

cgc cca ttg gac aaa aag ggg cgt cga caa gca gaa atg ctc gta ccc 739
Arg Pro Leu Asp Lys Lys Gly Arg Arg Gln Ala Glu Met Leu Val Pro

200 205 210

atg ttg ttg ccc ttc aaa 757
Met Leu Leu Pro Phe Lys

215

<210> 1040

<211> 219

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1040

Met Ala Asn Lys Asn Asn Lys Pro His Glu Val Asp Lys Asp Gln Asp
1 5 10 15

Ser Ala Met Leu Ile Asn Gly Arg Leu Gln Gln Ile Pro Ala Arg Pro
20 25 30

Thr Glu Glu Phe Thr Arg Pro Thr Leu Ala Ala Gly Ala Val Leu Trp
35 40 45

Arg Gly Asp Ile Thr Asn Pro Asp Ser Ile Glu Val Ala Val Ile His
50 55 60

Arg Pro His Tyr Asp Asp Trp Ser Leu Ala Lys Gly Lys Val Asp Pro
65 70 75 80

Gly Glu Ser Ile Pro Thr Thr Ala Ala Arg Glu Ile Leu Glu Glu Thr
85 90 95

Gly Tyr Asp Ile Arg Leu Gly Lys Leu Ile Gly Lys Val Thr Tyr Pro

100 105 110

Val Leu Asp Arg Thr Lys Val Val Tyr Tyr Trp Thr Ala Gln Val Leu
115 120 125

Gly Gly Glu Phe Val Pro Asn Asp Glu Val Asp Glu Ile Arg Trp Leu
130 135 140

Ser Val Asp Glu Ala Cys Glu Leu Leu Ser Tyr Gln Val Asp Thr Glu
145 150 155 160

Val Leu Ala Lys Ala Ala Lys Arg Phe Arg Thr Pro Ser Thr Thr Arg
165 170 175

Val Leu Tyr Val Arg His Ala His Ala His Gly Arg Gln Thr Trp Gly
180 185 190

Gly Asp Asp Asn Lys Arg Pro Leu Asp Lys Lys Gly Arg Arg Gln Ala
195 200 205

Glu Met Leu Val Pro Met Leu Leu Pro Phe Lys
210 215

<210> 1041
<211> 257
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(234)
<223> FRXA01027

<400> 1041
acc gat ccc gag gcc tgc aag aag cgc ttc acc gac gtg gtc gcg caa 48
Thr Asp Pro Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val Ala Gln

1 5 10 15

ggt ggc gtg ccg atg atc gtt ggg cag ggc gac atc att ccg gaa atg 96
Gly Gly Val Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro Glu Met

20 25 30

atc aaa tgg ttc tcc gag aac ggc acc ctc cct atc gat gag aag atc 144
Ile Lys Trp Phe Ser Glu Asn Gly Thr Leu Pro Ile Asp Glu Lys Ile

35 40 45

aag gcg aaa aag ggc agc gtg tgg gtg ttg agc ttt cac gac ggt gtg 192
Lys Ala Lys Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp Gly Val

50 55 60

ttc acc ggc gct gat tac ctg gcg agt tcc ctg ccg gtt aaa 234
Phe Thr Gly Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys

65 70 75

taggagcgcg tttaaggcct cca 257

<210> 1042

<211> 78

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1042

Thr Asp Pro Glu Ala Cys Lys Lys Arg Phe Thr Asp Val Val Ala Gln
1 5 10 15

Gly Gly Val Pro Met Ile Val Gly Gln Gly Asp Ile Ile Pro Glu Met
20 25 30

Ile Lys Trp Phe Ser Glu Asn Gly Thr Leu Pro Ile Asp Glu Lys Ile
35 40 45

Lys Ala Lys Lys Gly Ser Val Trp Val Leu Ser Phe His Asp Gly Val
50 55 60

Phe Thr Gly Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Ser Leu Pro Val Lys
65 70 75

<210> 1043

<211> 651

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(628)

<223> RXA01528

<400> 1043

cacccaaacc caaacctctc agtcgaataa gcagaagtct caggacaacc gcaggggtaa 60

gggtcgtagg tctccaacca ggaggcgttc caacacgagg gtg aat cag gcg tgg 115
Val Asn Gln Ala Trp

1 5

cag cag tcc cgt ttg gtt act tct gat gag act tcc gca ggt ggt ctc 163
Gln Gln Ser Arg Leu Val Thr Ser Asp Glu Thr Ser Ala Gly Gly Leu

10 15 20

gtg gtg tca ggt ttg gct gag gcg gtc aac gct aac aat gag gtt gat 211
Val Val Ser Gly Leu Ala Glu Ala Val Asn Ala Asn Asn Glu Val Asp

25 30 35

ctg tcg aag att tat gtt gcg ttg att ggt cgc ctt gat cgt cgt ggt 259
Leu Ser Lys Ile Tyr Val Ala Leu Ile Gly Arg Leu Asp Arg Arg Gly

40 45 50

cgt ttg ttg tgg tcg atg ccg aag ggc cat gtt gag cct ggt gag gat 307
Arg Leu Leu Trp Ser Met Pro Lys Gly His Val Glu Pro Gly Glu Asp

55 60 65

aag gct gcg act gct gag cgt gag gtg tgg gag gag acc ggc atc cac 355
Lys Ala Ala Thr Ala Glu Arg Glu Val Trp Glu Glu Thr Gly Ile His

70 75 80 85

ggt gag gtg ttc act gag ttg ggt gtg att gat tat tgg ttc gtt tcg 403
Gly Glu Val Phe Thr Glu Leu Gly Val Ile Asp Tyr Trp Phe Val Ser

90 95 100

gaa ggg aag cgg atc cat aag acg gtg cat cat cat ttg ttg cgt tat 451
Glu Gly Lys Arg Ile His Lys Thr Val His His His Leu Leu Arg Tyr

105 110 115

gtt gat ggc gat ttg aat gat gag gat cca gaa gtc act gag gtg gcg 499
Val Asp Gly Asp Leu Asn Asp Glu Asp Pro Glu Val Thr Glu Val Ala

120 125 130

tgg att ccg gcg aat cag ttg att gag cat ttg gct ttt gcg gat gag 547
Trp Ile Pro Ala Asn Gln Leu Ile Glu His Leu Ala Phe Ala Asp Glu

135 140 145

cgg aag ttg gct agg cag gcg cat gat ttg ttg cct gag ttt gct ttg 595
Arg Lys Leu Ala Arg Gln Ala His Asp Leu Leu Pro Glu Phe Ala Leu

150 155 160 165

aag gaa aag gcg gag gga agg tcc acc cca agg tgattccgaa ccccaaccg 648
Lys Glu Lys Ala Glu Gly Arg Ser Thr Pro Arg

170 175

aac 651

<210> 1044

<211> 176

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1044

Val Asn Gln Ala Trp Gln Gln Ser Arg Leu Val Thr Ser Asp Glu Thr
1 5 10 15

Ser Ala Gly Gly Leu Val Val Ser Gly Leu Ala Glu Ala Val Asn Ala
20 25 30

Asn Asn Glu Val Asp Leu Ser Lys Ile Tyr Val Ala Leu Ile Gly Arg
35 40 45

Leu Asp Arg Arg Gly Arg Leu Leu Trp Ser Met Pro Lys Gly His Val
50 55 60

Glu Pro Gly Glu Asp Lys Ala Ala Thr Ala Glu Arg Glu Val Trp Glu
65 70 75 80

Glu Thr Gly Ile His Gly Glu Val Phe Thr Glu Leu Gly Val Ile Asp
85 90 95

Tyr Trp Phe Val Ser Glu Gly Lys Arg Ile His Lys Thr Val His His
100 105 110

His Leu Leu Arg Tyr Val Asp Gly Asp Leu Asn Asp Glu Asp Pro Glu
115 120 125

Val Thr Glu Val Ala Trp Ile Pro Ala Asn Gln Leu Ile Glu His Leu
130 135 140

Ala Phe Ala Asp Glu Arg Lys Leu Ala Arg Gln Ala His Asp Leu Leu
145 150 155 160

Pro Glu Phe Ala Leu Lys Glu Lys Ala Glu Gly Arg Ser Thr Pro Arg
165 170 175

<210> 1045
<211> 541
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(541)
<223> RXA00072

<400> 1045
acggccagga cgatccagtg cacaggccag caccagcaaa gtccacatcg caagcattaa 60

aagaatctct cgaaagacac aaaagagggtg agtcgcaaca atg agc ttt caa cta 115
Met Ser Phe Gln Leu

1 5

gtt aac gcc ctg aaa aat act ggt tcg gta aaa gat ccc gag atc tca 163
Val Asn Ala Leu Lys Asn Thr Gly Ser Val Lys Asp Pro Glu Ile Ser

10 15 20

ccc gaa gga cct cgc acg acc aca ccg ttg tca cca gag gta gca aaa 211
Pro Glu Gly Pro Arg Thr Thr Thr Pro Leu Ser Pro Glu Val Ala Lys

25	30	35	
cat aac gag gaa ctc gtc gaa aag cat gct gct gcg ttg tat gac gcc			259
His Asn Glu Glu Leu Val Glu Lys His Ala Ala Ala Leu Tyr Asp Ala			
40	45	50	
agc gcg caa gag atc ctg gaa tgg aca gcc gag cac gcg ccg ggc gct			307
Ser Ala Gln Glu Ile Leu Glu Trp Thr Ala Glu His Ala Pro Gly Ala			
55	60	65	
att gca gtg acc ttg agc atg gaa aac acc gtg ctg gcg gag ctg gct			355
Ile Ala Val Thr Leu Ser Met Glu Asn Thr Val Leu Ala Glu Leu Ala			
70	75	80	85
gcg cgg cac ctg ccg gaa gct gat ttc ctc ttt ttg gac acc ggt tac			403
Ala Arg His Leu Pro Glu Ala Asp Phe Leu Phe Leu Asp Thr Gly Tyr			
90	95	100	
cac ttc aag gag acc ctt gaa gtt gcc cgt cag gta gat gag cgc tat			451
His Phe Lys Glu Thr Leu Glu Val Ala Arg Gln Val Asp Glu Arg Tyr			
105	110	115	
tcc cag aag ctt gtc acc gcg ctg ccg atc ctc aag cgc acg gag cag			499
Ser Gln Lys Leu Val Thr Ala Leu Pro Ile Leu Lys Arg Thr Glu Gln			
120	125	130	
gat tcc att tat ggt ctc aac ctg tac cgc agc aac cca gcg			541
Asp Ser Ile Tyr Gly Leu Asn Leu Tyr Arg Ser Asn Pro Ala			
135	140	145	

<210> 1046
 <211> 147
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1046
 Met Ser Phe Gln Leu Val Asn Ala Leu Lys Asn Thr Gly Ser Val Lys
 1 5 10 15

Asp Pro Glu Ile Ser Pro Glu Gly Pro Arg Thr Thr Thr Pro Leu Ser

20 25 30

Pro Glu Val Ala Lys His Asn Glu Glu Leu Val Glu Lys His Ala Ala
35 40 45

Ala Leu Tyr Asp Ala Ser Ala Gln Glu Ile Leu Glu Trp Thr Ala Glu
50 55 60

His Ala Pro Gly Ala Ile Ala Val Thr Leu Ser Met Glu Asn Thr Val
65 70 75 80

Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg His Leu Pro Glu Ala Asp Phe Leu Phe
85 90 95

Leu Asp Thr Gly Tyr His Phe Lys Glu Thr Leu Glu Val Ala Arg Gln
100 105 110

Val Asp Glu Arg Tyr Ser Gln Lys Leu Val Thr Ala Leu Pro Ile Leu
115 120 125

Lys Arg Thr Glu Gln Asp Ser Ile Tyr Gly Leu Asn Leu Tyr Arg Ser
130 135 140

Asn Pro Ala
145

<210> 1047
<211> 1002
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(979)
<223> RXA01878

<400> 1047
ggttcaggct gcacaagggt ggggagcatg gcctgcttgc accgcaagct tgggcatccg 60

atagtagaaa tctggcatcc aataggtaga ttgggatgct atg gaa gaa ccc tca 115
Met Glu Glu Pro Ser

	1	5	
ggt gca cag ctg ctc ggc ccg gta gaa atc cgt gcg ctg gca gaa aag			163
Gly Ala Gln Leu Leu Gly Pro Val Glu Ile Arg Ala Leu Ala Glu Lys			
	10	15	20
ctc gac gtc aca cca act aag aag ttg ggg cag aac ttt gtt cac gat			211
Leu Asp Val Thr Pro Thr Lys Lys Leu Gly Gln Asn Phe Val His Asp			
	25	30	35
ccc aac acg gtg cgt cgc att gtt gct gcg gca gag ctc acc cca aac			259
Pro Asn Thr Val Arg Arg Ile Val Ala Ala Ala Glu Leu Thr Pro Asn			
	40	45	50
gac cac gtg gtg gaa gtt ggc cct ggt ctg ggc tct ctg acc ctt gcc			307
Asp His Val Val Glu Val Gly Pro Gly Leu Gly Ser Leu Thr Leu Ala			
	55	60	65
ctg gtg gaa tct gct gct tca gta act gcg gtg gaa att gat ccc cgt			355
Leu Val Glu Ser Ala Ala Ser Val Thr Ala Val Glu Ile Asp Pro Arg			
	70	75	80
			85
ttg gct gcg gaa ttg ccg gag act ttt cag tgg cgc gcg ccg gcc ctt			403
Leu Ala Ala Glu Leu Pro Glu Thr Phe Gln Trp Arg Ala Pro Ala Leu			
	90	95	100
gct cac aag ttg agc atc gtg ctg aaa gac gcc ctg aag gtt caa caa			451
Ala His Lys Leu Ser Ile Val Leu Lys Asp Ala Leu Lys Val Gln Gln			
	105	110	115
tcc gat atg gct gtt caa ccc acc gcc ttg gtg gct aac ttg ccg tac			499
Ser Asp Met Ala Val Gln Pro Thr Ala Leu Val Ala Asn Leu Pro Tyr			
	120	125	130
aac gtc tct gtc cct gtc ttg ttg cac atg atg gag gag ttt ccc acc			547
Asn Val Ser Val Pro Val Leu Leu His Met Met Glu Glu Phe Pro Thr			
	135	140	145
atc aac aag gtg ctt gtc atg gtg cag gca gag gtt gct gat cgt ttg			595
Ile Asn Lys Val Leu Val Met Val Gln Ala Glu Val Ala Asp Arg Leu			

150	155	160	165	
gct gcg gat cca gga tcg aag att tat ggt gtg cct agc gtg aag gcg				643
Ala Ala Asp Pro Gly Ser Lys Ile Tyr Gly Val Pro Ser Val Lys Ala				
	170	175	180	
tcc ttc tac ggt cca gtt act cgc gcc ggg tcg att ggt aag aat gtc				691
Ser Phe Tyr Gly Pro Val Thr Arg Ala Gly Ser Ile Gly Lys Asn Val				
	185	190	195	
ttt tgg cca gct cca aag atc gaa tcc ggt ttg gtg aag atc gtg cgc				739
Phe Trp Pro Ala Pro Lys Ile Glu Ser Gly Leu Val Lys Ile Val Arg				
	200	205	210	
gaa gac acc gcg tgg aag cag gac gat gag acg cgt aag aag gtg tgg				787
Glu Asp Thr Ala Trp Lys Gln Asp Asp Glu Thr Arg Lys Lys Val Trp				
	215	220	225	
ccg atc att gat gct gct ttc ttg cag cgc cgt aaa acc cta aga gct				835
Pro Ile Ile Asp Ala Ala Phe Leu Gln Arg Arg Lys Thr Leu Arg Ala				
	230	235	240	245
gcg ctt tct gga cac tac ggt tct ggc cag gca gct gag gaa gct ttg				883
Ala Leu Ser Gly His Tyr Gly Ser Gly Gln Ala Ala Glu Glu Ala Leu				
	250	255	260	
cgg gcc gct gat att gat cca acg ctt cgt ggc gaa aag ctt gat gtc				931
Arg Ala Ala Asp Ile Asp Pro Thr Leu Arg Gly Glu Lys Leu Asp Val				
	265	270	275	
act gac tat gtg cgc cta gct ggg gtg ttg cag caa aag gat gag aag				979
Thr Asp Tyr Val Arg Leu Ala Gly Val Leu Gln Gln Lys Asp Glu Lys				
	280	285	290	
tgaaaattac cgctaaggcg tgg				1002

<210> 1048

<211> 293

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1048

Met Glu Glu Pro Ser Gly Ala Gln Leu Leu Gly Pro Val Glu Ile Arg
1 5 10 15

Ala Leu Ala Glu Lys Leu Asp Val Thr Pro Thr Lys Lys Leu Gly Gln
20 25 30

Asn Phe Val His Asp Pro Asn Thr Val Arg Arg Ile Val Ala Ala Ala
35 40 45

Glu Leu Thr Pro Asn Asp His Val Val Glu Val Gly Pro Gly Leu Gly
50 55 60

Ser Leu Thr Leu Ala Leu Val Glu Ser Ala Ala Ser Val Thr Ala Val
65 70 75 80

Glu Ile Asp Pro Arg Leu Ala Ala Glu Leu Pro Glu Thr Phe Gln Trp
85 90 95

Arg Ala Pro Ala Leu Ala His Lys Leu Ser Ile Val Leu Lys Asp Ala
100 105 110

Leu Lys Val Gln Gln Ser Asp Met Ala Val Gln Pro Thr Ala Leu Val
115 120 125

Ala Asn Leu Pro Tyr Asn Val Ser Val Pro Val Leu Leu His Met Met
130 135 140

Glu Glu Phe Pro Thr Ile Asn Lys Val Leu Val Met Val Gln Ala Glu
145 150 155 160

Val Ala Asp Arg Leu Ala Ala Asp Pro Gly Ser Lys Ile Tyr Gly Val
165 170 175

Pro Ser Val Lys Ala Ser Phe Tyr Gly Pro Val Thr Arg Ala Gly Ser
180 185 190

Ile Gly Lys Asn Val Phe Trp Pro Ala Pro Lys Ile Glu Ser Gly Leu
195 200 205

Val Lys Ile Val Arg Glu Asp Thr Ala Trp Lys Gln Asp Asp Glu Thr
210 215 220

Arg Lys Lys Val Trp Pro Ile Ile Asp Ala Ala Phe Leu Gln Arg Arg
225 230 235 240

Lys Thr Leu Arg Ala Ala Leu Ser Gly His Tyr Gly Ser Gly Gln Ala
245 250 255

Ala Glu Glu Ala Leu Arg Ala Ala Asp Ile Asp Pro Thr Leu Arg Gly
260 265 270

Glu Lys Leu Asp Val Thr Asp Tyr Val Arg Leu Ala Gly Val Leu Gln
275 280 285

Gln Lys Asp Glu Lys
290

<210> 1049
<211> 1545
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1531)
<223> RXN02281

<400> 1049
aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt ctgcatacg 60

cctataaaag cacagttttg aatccacagg gcatcagggc gtg cag aaa gat agt 115
Val Gln Lys Asp Ser

1 5

gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc 163
Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu

10 15 20

att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac 211
Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn

25 30 35

aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc 259

Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr
40 45 50

gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc 307
Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly

55 60 65

tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc 355
Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg

70 75 80 85

gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat 403
Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn

90 95 100

tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg 451
Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro

105 110 115

gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt 499
Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly

120 125 130

gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac 547
Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp

135 140 145

gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg 595
Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro

150 155 160 165

ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc 643
Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile

170 175 180

gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg 691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu

185 190 195

ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg 739

Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met	
200	205
210	
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca	787
Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro	
215	220
225	
aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa	835
Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu	
230	235
240	245
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc	883
Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile	
250	255
260	
acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca	931
Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro	
265	270
275	
tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa	979
Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu	
280	285
290	
gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc	1027
Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg	
295	300
305	
atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att	1075
Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile	
310	315
320	325
ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa	1123
Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu	
330	335
340	
atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc gac	1171
Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser Asp	
345	350
355	
aac agc ctc atg cgc acc ggt acg gtc tta tcc acc gac gac cga aac	1219

Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser Thr Asp Asp Arg Asn

360 365 370

tgg gaa tgg cac acc cca gaa aac ctc tgg aac tgg ctc aaa gga tcc 1267
Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn Trp Leu Lys Gly Ser

375 380 385

acc gcc gca gct gtt gac atg gaa tct tcc acc ttg gcc acc aac gga 1315
Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr Leu Ala Thr Asn Gly

390 395 400 405

tat cga ttc cgc att cca tac ggc acc ctg ctg agc gtc tct gac ctg 1363
Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu Ser Val Ser Asp Leu

410 415 420

cca cta cac gca gtg cgc aaa ctt tcc gcg caa gcg cag gcg ttt tac 1411
Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln Ala Gln Ala Phe Tyr

425 430 435

ttc aac tcc aag gaa gcc cac gtc atg tgt gct gtt cgt gca atg gaa 1459
Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala Val Arg Ala Met Glu

440 445 450

tac ctg gca gta gat cct gaa cgg ttg cgt acc cgt aaa ctg cgc agg 1507
Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr Arg Lys Leu Arg Arg

455 460 465

acc ttg ggt gag gtg cgc ttt cgc taaagtctcg gaga 1545
Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg

470 475

<210> 1050

<211> 477

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1050

Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp

1 5 10 15

Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala
20 25 30

Lys Glu Thr Leu Asn Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val
35 40 45

Tyr Pro Lys Leu Thr Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg
50 55 60

Thr Glu Pro Phe Gly Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr
65 70 75 80

Leu Ser Lys Pro Arg Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu
85 90 95

Arg Leu Thr Ser Asn Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp
100 105 110

Ile Arg Ile Pro Pro Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu
115 120 125

Ala Arg Arg Ala Gly Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu
130 135 140

Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
145 150 155 160

Gly Pro Glu Leu Pro Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile
165 170 175

Ala Cys Ala Arg Ile Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val
180 185 190

Gln Lys Tyr Ile Leu Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe
195 200 205

Val His Phe Ala Met Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val
210 215 220

Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
225 230 235 240

Ser Leu Gly Thr Glu Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro
245 250 255

Arg Tyr Asp Leu Ile Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn
260 265 270

Ile Gly Val Gly Pro Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala
275 280 285

Val Leu Arg Pro Glu Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met
290 295 300

Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
305 310 315 320

Arg Glu Asp His Ile Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile
325 330 335

Pro Ala Ile Pro Glu Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu
340 345 350

Ile Tyr Gly Ser Asp Asn Ser Leu Met Arg Thr Gly Thr Val Leu Ser
355 360 365

Thr Asp Asp Arg Asn Trp Glu Trp His Thr Pro Glu Asn Leu Trp Asn
370 375 380

Trp Leu Lys Gly Ser Thr Ala Ala Ala Val Asp Met Glu Ser Ser Thr
385 390 395 400

Leu Ala Thr Asn Gly Tyr Arg Phe Arg Ile Pro Tyr Gly Thr Leu Leu
405 410 415

Ser Val Ser Asp Leu Pro Leu His Ala Val Pro Lys Leu Ser Ala Gln
420 425 430

Ala Gln Ala Phe Tyr Phe Asn Ser Lys Glu Ala His Val Met Cys Ala
435 440 445

Val Arg Ala Met Glu Tyr Leu Ala Val Asp Pro Glu Arg Leu Arg Thr
450 455 460

Arg Lys Leu Arg Arg Thr Leu Gly Glu Val Pro Phe Arg
465 470 475

<210> 1051
<211> 1191
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1168)
<223> FRXA02281

<400> 1051
aagatcaaca acgccgccga ggtcaacttg gaaattatca cgtgaggatt cttgcatacg 60

cctataaaag cacagttttg aatccacagg gcatcagggc gtg cag aaa gat agt 115
Val Gln Lys Asp Ser

1 5

gtg gtg cgc atg gaa gca aca acg atc gat gac gca atc gcg aag ctc 163
Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp Ala Ile Ala Lys Leu

10 15 20

att gac atc tac gac acc tcg acc aaa ctg gcc aaa gaa acc ctc aac 211
Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala Lys Glu Thr Leu Asn

25 30 35

aat gag gac tac gcc gca tac gcc gat gtt gtt tac ccc aaa ctc acc 259
Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val Tyr Pro Lys Leu Thr

40 45 50

gtt gac gtg ctg gaa tgg aaa ccc atc gac cgc acc gaa ccc ttc ggc 307
Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg Thr Glu Pro Phe Gly

55 60 65

tat gtg gat cga gcc ggg cga tac tcc gcc acc ttg tcc aaa cca cgc 355
Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr Leu Ser Lys Pro Arg

70 75 80 85

gtg att gag cgt tac ctc cgc gaa caa ctc gag cgt ctc acc agt aat 403

Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu Arg Leu Thr Ser Asn	
90 95 100	
tat ccc tgc aag att tac gta tct gag tca gat atc cgc atc cca ccg	451
Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp Ile Arg Ile Pro Pro	
105 110 115	
gag tac att cgc ggc gca cct tcc gct acc gaa gct cgc cgt gct ggt	499
Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu Ala Arg Arg Ala Gly	
120 125 130	
gat gtt gca gat atc atc cca cgc ccc acc ctg gat gaa gtc cac gac	547
Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu Asp Glu Val His Asp	
135 140 145	
gca att atc gac ggc gac tgg cac gcc ttc aac ggc ccc gaa ctc ccg	595
Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn Gly Pro Glu Leu Pro	
150 155 160 165	
ctt ttc cac ttc ggg ccg caa cgc ttc gac atc gcc tgc gcc cgc atc	643
Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile Ala Cys Ala Arg Ile	
170 175 180	
gag cac tac acc ggc atc aac gtg gaa cac gtg cag aag tac att ctg	691
Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val Gln Lys Tyr Ile Leu	
185 190 195	
ttc acc aac tac gcc atg cac acc acc gag ttc gtg cat ttt gcc atg	739
Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe Val His Phe Ala Met	
200 205 210	
tcc gaa ctc acc tcg gaa gac tcc cgc tac gtg ggt cta tcc ttg cca	787
Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val Gly Leu Ser Leu Pro	
215 220 225	
aac ggg cag gta att gac cga gag acc gcc acc agc ctc ggt acg gaa	835
Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr Ser Leu Gly Thr Glu	
230 235 240 245	
acc ctt gat ctg act agc cgt ttc caa atg cct cgt tac gat ctc atc	883

Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro Arg Tyr Asp Leu Ile
250 255 260

acc gaa gcc ggt gac ggt att acc att atc aac atc ggt gtg ggc cca 931
Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn Ile Gly Val Gly Pro

265 270 275

tcc aat gca aaa act atc acc gac tgc ctt gct gtg ctc cgc cca gaa 979
Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala Val Leu Arg Pro Glu

280 285 290

gcc tgg gtg atg atc ggc cac tgt gct ggc atg gac gcc cgc atg cgc 1027
Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met Asp Ala Arg Met Arg

295 300 305

atc ggc gac ctc atc ctt ggc aac gcc tac cag cgc gaa gac cac att 1075
Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln Arg Glu Asp His Ile

310 315 320 325

ctg aat acc cgc atc cca ctt ggt aat ccg atc ccg gca ata cca gaa 1123
Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile Pro Ala Ile Pro Glu

330 335 340

atc caa aaa gct cta gaa gcc agc gtc gac gaa atc tac gga tcc 1168
Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu Ile Tyr Gly Ser

345 350 355

tagtattcta tagtgtcacc taa 1191

<210> 1052
<211> 356
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1052
Val Gln Lys Asp Ser Val Val Arg Met Glu Ala Thr Thr Ile Asp Asp
1 5 10 15
Ala Ile Ala Lys Leu Ile Asp Ile Tyr Asp Thr Ser Thr Lys Leu Ala
20 25 30

Lys Glu Thr Leu Asn Asn Glu Asp Tyr Ala Ala Tyr Ala Asp Val Val
35 40 45

Tyr Pro Lys Leu Thr Val Asp Val Leu Glu Trp Lys Pro Ile Asp Arg
50 55 60

Thr Glu Pro Phe Gly Tyr Val Asp Arg Ala Gly Arg Tyr Ser Ala Thr
65 70 75 80

Leu Ser Lys Pro Arg Val Ile Glu Arg Tyr Leu Arg Glu Gln Leu Glu
85 90 95

Arg Leu Thr Ser Asn Tyr Pro Cys Lys Ile Tyr Val Ser Glu Ser Asp
100 105 110

Ile Arg Ile Pro Pro Glu Tyr Ile Arg Gly Ala Pro Ser Ala Thr Glu
115 120 125

Ala Arg Arg Ala Gly Asp Val Ala Asp Ile Ile Pro Arg Pro Thr Leu
130 135 140

Asp Glu Val His Asp Ala Ile Ile Asp Gly Asp Trp His Ala Phe Asn
145 150 155 160

Gly Pro Glu Leu Pro Leu Phe His Phe Gly Pro Gln Arg Phe Asp Ile
165 170 175

Ala Cys Ala Arg Ile Glu His Tyr Thr Gly Ile Asn Val Glu His Val
180 185 190

Gln Lys Tyr Ile Leu Phe Thr Asn Tyr Ala Met His Thr Thr Glu Phe
195 200 205

Val His Phe Ala Met Ser Glu Leu Thr Ser Glu Asp Ser Arg Tyr Val
210 215 220

Gly Leu Ser Leu Pro Asn Gly Gln Val Ile Asp Arg Glu Thr Ala Thr
225 230 235 240

Ser Leu Gly Thr Glu Thr Leu Asp Leu Thr Ser Arg Phe Gln Met Pro

245 250 255

Arg Tyr Asp Leu Ile Thr Glu Ala Gly Asp Gly Ile Thr Ile Ile Asn
260 265 270

Ile Gly Val Gly Pro Ser Asn Ala Lys Thr Ile Thr Asp Cys Leu Ala
275 280 285

Val Leu Arg Pro Glu Ala Trp Val Met Ile Gly His Cys Ala Gly Met
290 295 300

Asp Ala Arg Met Arg Ile Gly Asp Leu Ile Leu Gly Asn Ala Tyr Gln
305 310 315 320

Arg Glu Asp His Ile Leu Asn Thr Arg Ile Pro Leu Gly Asn Pro Ile
325 330 335

Pro Ala Ile Pro Glu Ile Gln Lys Ala Leu Glu Ala Ser Val Asp Glu
340 345 350

Ile Tyr Gly Ser
355

<210> 1053
<211> 1146
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1123)
<223> RXN01240

<400> 1053
ttgtttctcac atctaccggt atctttgttg gtttttagtac ccgatagtga gttttgatcc 60

ctgcacagga aagtttagcgg cgctactatg aacgatcgat atg tct gac aac act 115
Met Ser Asp Asn Thr

1 5

ctc tcc caa ttt ggc agt tac tac cac gaa ttc cga cgt gcc cat ccc 163
Leu Ser Gln Phe Gly Ser Tyr Tyr His Glu Phe Arg Arg Ala His Pro

10	15	20	
atg gcc gac gtc gaa ttc ctc cta gca att gaa gaa tta ctt acg gac			211
Met Ala Asp Val Glu Phe Leu Leu Ala Ile Glu Glu Leu Leu Thr Asp			
25	30	35	
ggc ggt gtc acc ttc gat cgc gtc acc aca cgc atc aaa gaa tgg tca			259
Gly Gly Val Thr Phe Asp Arg Val Thr Thr Arg Ile Lys Glu Trp Ser			
40	45	50	
agc ctg aaa gcc aag gct cgc aag cgt cgc aac gat ggc tcg ttg atc			307
Ser Leu Lys Ala Lys Ala Arg Lys Arg Arg Asn Asp Gly Ser Leu Ile			
55	60	65	
tac cct gat ccg cgc aaa gac atc cac gac atg atc ggt gtt cgg atc			355
Tyr Pro Asp Pro Arg Lys Asp Ile His Asp Met Ile Gly Val Arg Ile			
70	75	80	85
acc acg tac cac tcc acg gaa ata ccc gtg gcc cta aaa gtg ctc caa			403
Thr Thr Tyr His Ser Thr Glu Ile Pro Val Ala Leu Lys Val Leu Gln			
90	95	100	
gac tcc ttc atc gtc cac aaa tcc gta gac aaa gcc gct gaa act cgc			451
Asp Ser Phe Ile Val His Lys Ser Val Asp Lys Ala Ala Glu Thr Arg			
105	110	115	
atc tca ggc ggc ttt ggt tac ggc tcc cac cac ctg att ctg gaa gtc			499
Ile Ser Gly Gly Phe Gly Tyr Gly Ser His His Leu Ile Leu Glu Val			
120	125	130	
gat gac acc tcc gat gac ctc cag gac tac aaa ggc ctc gtc ttt gaa			547
Asp Asp Thr Ser Asp Asp Leu Gln Asp Tyr Lys Gly Leu Val Phe Glu			
135	140	145	
gtt cag gtg cgc acc gtg ctg caa cac gcc tgg gca gag ttc gaa cac			595
Val Gln Val Arg Thr Val Leu Gln His Ala Trp Ala Glu Phe Glu His			
150	155	160	165
gat atc cgc tat aaa cgc gcc gat gtg tcc aac cca gaa gac ttc agc			643
Asp Ile Arg Tyr Lys Arg Ala Asp Val Ser Asn Pro Glu Asp Phe Ser			

170	175	180	
gca gaa gta gac cgc atg ttc acc ctc gct gcc gga ctc atc gaa tta 691			
Ala Glu Val Asp Arg Met Phe Thr Leu Ala Ala Gly Leu Ile Glu Leu			
185	190	195	
gcg gac caa caa ttc gac caa atc gcc gca ctc aaa gaa acc agc cga 739			
Ala Asp Gln Gln Phe Asp Gln Ile Ala Ala Leu Lys Glu Thr Ser Arg			
200	205	210	
gtt gct gat gaa tcc gtc gaa ctc acc gca gag aca ctt ccc ggc gtt 787			
Val Ala Asp Glu Ser Val Glu Leu Thr Ala Glu Thr Leu Pro Gly Val			
215	220	225	
ctt gcc atg ctc att ggc aac cgc ttc ccc cgc cca cgc tcc aca aac 835			
Leu Ala Met Leu Ile Gly Asn Arg Phe Pro Arg Pro Arg Ser Thr Asn			
230	235	240	245
tac cgc ttc ctc gaa gac atc ctg gtg gcc aac tcc att acc tct gtg 883			
Tyr Arg Phe Leu Glu Asp Ile Leu Val Ala Asn Ser Ile Thr Ser Val			
250	255	260	
gtg cag ctg cgc gag ctg ctc aac ccc acc gac att gaa gtg ctg ttg 931			
Val Gln Leu Arg Glu Leu Leu Asn Pro Thr Asp Ile Glu Val Leu Leu			
265	270	275	
aaa gta atg aac tac cgc ttc cac cca ggc cag atc cgc atc atc gac 979			
Lys Val Met Asn Tyr Arg Phe His Pro Gly Gln Ile Arg Ile Ile Asp			
280	285	290	
gat tta cta ctc aaa cga ttt ggc caa tca cac atc gat gcc acc gtc 1027			
Asp Leu Leu Leu Lys Arg Phe Gly Gln Ser His Ile Asp Ala Thr Val			
295	300	305	
gcc acc gac tcc caa cca ctc aac gcc aaa cgc cac agg cag cta aaa 1075			
Ala Thr Asp Ser Gln Pro Leu Asn Ala Lys Arg His Arg Gln Leu Lys			
310	315	320	325
cgc aag cta gag ctc atg acc caa gct cat ctt gtg gaa cca cca aac 1123			
Arg Lys Leu Glu Leu Met Thr Gln Ala His Leu Val Glu Pro Pro Asn			

330

335

340

taaagttccc ccaaagtttag ccc

1146

<210> 1054

<211> 341

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1054

Met	Ser	Asp	Asn	Thr	Leu	Ser	Gln	Phe	Gly	Ser	Tyr	Tyr	His	Glu	Phe
1				5					10					15	

Arg	Arg	Ala	His	Pro	Met	Ala	Asp	Val	Glu	Phe	Leu	Leu	Ala	Ile	Glu
			20					25						30	

Glu	Leu	Leu	Thr	Asp	Gly	Gly	Val	Thr	Phe	Asp	Arg	Val	Thr	Thr	Arg
			35				40					45			

Ile	Lys	Glu	Trp	Ser	Ser	Leu	Lys	Ala	Lys	Ala	Arg	Lys	Arg	Arg	Asn
	50					55					60				

Asp	Gly	Ser	Leu	Ile	Tyr	Pro	Asp	Pro	Arg	Lys	Asp	Ile	His	Asp	Met
65					70					75					80

Ile	Gly	Val	Arg	Ile	Thr	Thr	Tyr	His	Ser	Thr	Glu	Ile	Pro	Val	Ala
			85						90					95	

Leu	Lys	Val	Leu	Gln	Asp	Ser	Phe	Ile	Val	His	Lys	Ser	Val	Asp	Lys
			100					105						110	

Ala	Ala	Glu	Thr	Arg	Ile	Ser	Gly	Gly	Phe	Gly	Tyr	Gly	Ser	His	His
		115					120					125			

Leu	Ile	Leu	Glu	Val	Asp	Asp	Thr	Ser	Asp	Asp	Leu	Gln	Asp	Tyr	Lys
	130						135					140			

Gly	Leu	Val	Phe	Glu	Val	Gln	Val	Arg	Thr	Val	Leu	Gln	His	Ala	Trp
145				150						155					160

Ala	Glu	Phe	Glu	His	Asp	Ile	Arg	Tyr	Lys	Arg	Ala	Asp	Val	Ser	Asn

165

170

175

Pro Glu Asp Phe Ser Ala Glu Val Asp Arg Met Phe Thr Leu Ala Ala
180 185 190

Gly Leu Ile Glu Leu Ala Asp Gln Gln Phe Asp Gln Ile Ala Ala Leu
195 200 205

Lys Glu Thr Ser Arg Val Ala Asp Glu Ser Val Glu Leu Thr Ala Glu
210 215 220

Thr Leu Pro Gly Val Leu Ala Met Leu Ile Gly Asn Arg Phe Pro Arg
225 230 235 240

Pro Arg Ser Thr Asn Tyr Arg Phe Leu Glu Asp Ile Leu Val Ala Asn
245 250 255

Ser Ile Thr Ser Val Val Gln Leu Arg Glu Leu Leu Asn Pro Thr Asp
260 265 270

Ile Glu Val Leu Leu Lys Val Met Asn Tyr Arg Phe His Pro Gly Gln
275 280 285

Ile Arg Ile Ile Asp Asp Leu Leu Leu Lys Arg Phe Gly Gln Ser His
290 295 300

Ile Asp Ala Thr Val Ala Thr Asp Ser Gln Pro Leu Asn Ala Lys Arg
305 310 315 320

His Arg Gln Leu Lys Arg Lys Leu Glu Leu Met Thr Gln Ala His Leu
325 330 335

Val Glu Pro Pro Asn
340

<210> 1055

<211> 1234

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1234)

<223> RXN02008

<400> 1055

tactggtccta tctatcaaaa gatgatcggt cgcggtcgtg attttgacga tatttttgat 60

cttgttggca tccgcatcct ggtagacaac gtgaacaact gtg tac gcc gcc atc 115
Val Tyr Ala Ala Ile

1 5

ggt gtc gtg cac tcc ctg ttc aat gct ctg cct ggc cga ttc aaa gac 163
Gly Val Val His Ser Leu Phe Asn Ala Leu Pro Gly Arg Phe Lys Asp

10 15 20

tat att tca gcc ccg cgc ttc ggt gtc tac caa tcc ctg cac acc acc 211
Tyr Ile Ser Ala Pro Arg Phe Gly Val Tyr Gln Ser Leu His Thr Thr

25 30 35

gtg atg gga cct ggc ggt aag cct ctg gaa gtt cag gca cgt acc cac 259
Val Met Gly Pro Gly Gly Lys Pro Leu Glu Val Gln Ala Arg Thr His

40 45 50

gac atg cac tac aac gcc gaa ttc ggc att gca gcg cac tgg cga tac 307
Asp Met His Tyr Asn Ala Glu Phe Gly Ile Ala Ala His Trp Arg Tyr

55 60 65

aaa gaa acc aaa ggc agc cac agt ggc gag caa gcc gaa gtg gat caa 355
Lys Glu Thr Lys Gly Ser His Ser Gly Glu Gln Ala Glu Val Asp Gln

70 75 80 85

atg gcg tgg atg cgc caa ctt ctg gac tgg caa aaa gaa gca gcc gac 403
Met Ala Trp Met Arg Gln Leu Leu Asp Trp Gln Lys Glu Ala Ala Asp

90 95 100

ccc aac gag ttc ctg gac agc ctg cgc tac gat ctg act tcc aag cag 451
Pro Asn Glu Phe Leu Asp Ser Leu Arg Tyr Asp Leu Thr Ser Lys Gln

105 110 115

atc ttc gtg ttc aca ccc aaa ggt gat gtg gtc aac ctg ccg gtg aac 499
Ile Phe Val Phe Thr Pro Lys Gly Asp Val Val Asn Leu Pro Val Asn

120	125	130	
tcc acc ccg gtg gac ttc gcc tac gcg gtg cac acc gaa gtg ggg cac			547
Ser Thr Pro Val Asp Phe Ala Tyr Ala Val His Thr Glu Val Gly His			
135	140	145	
cgc tgc atc ggc gcc aaa atc aac ggc aaa ctg gtc gct ttg gaa acg			595
Arg Cys Ile Gly Ala Lys Ile Asn Gly Lys Leu Val Ala Leu Glu Thr			
150	155	160	165
aaa ctc aaa tcc ggc gat cgt gtt gaa gtc ttt acc tcc aag gac caa			643
Lys Leu Lys Ser Gly Asp Arg Val Glu Val Phe Thr Ser Lys Asp Gln			
170	175	180	
aac gct ggc cca agt agg gga tgg caa gaa ttt gtt gtc tca cct cgt			691
Asn Ala Gly Pro Ser Arg Gly Trp Gln Glu Phe Val Val Ser Pro Arg			
185	190	195	
gca aag gcc aag att cgc cag tgg ttt gcc aag gaa cga cgc gaa gaa			739
Ala Lys Ala Lys Ile Arg Gln Trp Phe Ala Lys Glu Arg Arg Glu Glu			
200	205	210	
tac cta gaa gcc gga cgc gat gcg ctg gca gca gtt att cag cgt ggc			787
Tyr Leu Glu Ala Gly Arg Asp Ala Leu Ala Ala Val Ile Gln Arg Gly			
215	220	225	
ggc ctg cca atg cac cgc ttg ttc acc gcg tcc tcc atg aag acg gtg			835
Gly Leu Pro Met His Arg Leu Phe Thr Ala Ser Ser Met Lys Thr Val			
230	235	240	245
gca aca gag ctg cac tac cca gat gta gat gcg ctc tac aca gcc atc			883
Ala Thr Glu Leu His Tyr Pro Asp Val Asp Ala Leu Tyr Thr Ala Ile			
250	255	260	
ggc tcc ggt tct gta tct gcg caa cac gta gtc aac cgt ctc atg gct			931
Gly Ser Gly Ser Val Ser Ala Gln His Val Val Asn Arg Leu Met Ala			
265	270	275	
atc ttt ggt gac gaa gaa gat gcc gaa gac gca ttg gtt gca cgc acc			979
Ile Phe Gly Asp Glu Glu Asp Ala Glu Asp Ala Leu Val Ala Arg Thr			

280	285	290	
cca ttc agc gag ctg gtc aac tcc cgt gcc acc acg gaa agc agc acc	1027		
Pro Phe Ser Glu Leu Val Asn Ser Arg Ala Thr Thr Glu Ser Ser Thr			
295	300	305	
ggc atc ctg gtc gaa ggc agc cca gat gtc atg gct aag ctc gct aaa	1075		
Gly Ile Leu Val Glu Gly Ser Pro Asp Val Met Ala Lys Leu Ala Lys			
310	315	320	325
tgc tgt atg cca gtg cca gga gat gaa atc ttt gga ttc gtc acc cgt	1123		
Cys Cys Met Pro Val Pro Gly Asp Glu Ile Phe Gly Phe Val Thr Arg			
330	335	340	
ggc ggc ggt gtc tcc gta cac cga aca gac tgc acg aat gtg gaa aag	1171		
Gly Gly Gly Val Ser Val His Arg Thr Asp Cys Thr Asn Val Glu Lys			
345	350	355	
ctc aaa gaa gag cca gaa cgc att gtc tcc gtc tcc tgg gct tcg gaa	1219		
Leu Lys Glu Glu Pro Glu Arg Ile Val Ser Val Ser Trp Ala Ser Glu			
360	365	370	
ggc caa ggt tca gta	1234		
Gly Gln Gly Ser Val			

375

<210> 1056
 <211> 378
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1056
 Val Tyr Ala Ala Ile Gly Val Val His Ser Leu Phe Asn Ala Leu Pro
 1 5 10 15
 Gly Arg Phe Lys Asp Tyr Ile Ser Ala Pro Arg Phe Gly Val Tyr Gln
 20 25 30
 Ser Leu His Thr Thr Val Met Gly Pro Gly Gly Lys Pro Leu Glu Val
 35 40 45

Gln Ala Arg Thr His Asp Met His Tyr Asn Ala Glu Phe Gly Ile Ala
50 55 60

Ala His Trp Arg Tyr Lys Glu Thr Lys Gly Ser His Ser Gly Glu Gln
65 70 75 80

Ala Glu Val Asp Gln Met Ala Trp Met Arg Gln Leu Leu Asp Trp Gln
85 90 95

Lys Glu Ala Ala Asp Pro Asn Glu Phe Leu Asp Ser Leu Arg Tyr Asp
100 105 110

Leu Thr Ser Lys Gln Ile Phe Val Phe Thr Pro Lys Gly Asp Val Val
115 120 125

Asn Leu Pro Val Asn Ser Thr Pro Val Asp Phe Ala Tyr Ala Val His
130 135 140

Thr Glu Val Gly His Arg Cys Ile Gly Ala Lys Ile Asn Gly Lys Leu
145 150 155 160

Val Ala Leu Glu Thr Lys Leu Lys Ser Gly Asp Arg Val Glu Val Phe
165 170 175

Thr Ser Lys Asp Gln Asn Ala Gly Pro Ser Arg Gly Trp Gln Glu Phe
180 185 190

Val Val Ser Pro Arg Ala Lys Ala Lys Ile Arg Gln Trp Phe Ala Lys
195 200 205

Glu Arg Arg Glu Glu Tyr Leu Glu Ala Gly Arg Asp Ala Leu Ala Ala
210 215 220

Val Ile Gln Arg Gly Gly Leu Pro Met His Arg Leu Phe Thr Ala Ser
225 230 235 240

Ser Met Lys Thr Val Ala Thr Glu Leu His Tyr Pro Asp Val Asp Ala
245 250 255

Leu Tyr Thr Ala Ile Gly Ser Gly Ser Val Ser Ala Gln His Val Val
260 265 270

Asn Arg Leu Met Ala Ile Phe Gly Asp Glu Glu Asp Ala Glu Asp Ala
275 280 285

Leu Val Ala Arg Thr Pro Phe Ser Glu Leu Val Asn Ser Arg Ala Thr
290 295 300

Thr Glu Ser Ser Thr Gly Ile Leu Val Glu Gly Ser Pro Asp Val Met
305 310 315 320

Ala Lys Leu Ala Lys Cys Cys Met Pro Val Pro Gly Asp Glu Ile Phe
325 330 335

Gly Phe Val Thr Arg Gly Gly Gly Val Ser Val His Arg Thr Asp Cys
340 345 350

Thr Asn Val Glu Lys Leu Lys Glu Glu Pro Glu Arg Ile Val Ser Val
355 360 365

Ser Trp Ala Ser Glu Gly Gln Gly Ser Val
370 375

<210> 1057
<211> 1059
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1036)
<223> RXN01940

<400> 1057
ccagaatcaa tcaccgatac agtggcagcc aaagtcagg ctgaagaagc cgctcaagcc 60

gccagctaaa tccacaaact gaactaagga gttttaccct atg acc acc aag atc 115
Met Thr Thr Lys Ile

1 5

atc ctc gac tgc gat cca gga cac gac gac gct gta gcc atg ctg ctc 163
Ile Leu Asp Cys Asp Pro Gly His Asp Asp Ala Val Ala Met Leu Leu

10 15 20

gca gcc ggc agc cca gaa att gaa ctg ctt gga atc acc acg gtc ggc 211

Ala Ala Gly Ser Pro Glu Ile Glu Leu Leu Gly Ile Thr Thr Val Gly	
25	30
35	
ggc aac cag acc ttg gac aag gtc acc cac aat acg cag gtc gta gcc	259
Gly Asn Gln Thr Leu Asp Lys Val Thr His Asn Thr Gln Val Val Ala	
40	45
50	
acc atc gct gat atc aat gcg ccc atc tac cgc ggt gtc acc cga cca	307
Thr Ile Ala Asp Ile Asn Ala Pro Ile Tyr Arg Gly Val Thr Arg Pro	
55	60
65	
ttg gtg cgc ccc gtt gag gta gcc gaa gat atc cac ggc gat acc ggc	355
Leu Val Arg Pro Val Glu Val Ala Glu Asp Ile His Gly Asp Thr Gly	
70	75
80	85
atg gaa atc cac aag tac gaa ctg cct gaa cca acc aag cag gta gaa	403
Met Glu Ile His Lys Tyr Glu Leu Pro Glu Pro Thr Lys Gln Val Glu	
90	95
100	
gac acc cac gcg gtg gat ttc atc atc gat acc atc atg aat aac gag	451
Asp Thr His Ala Val Asp Phe Ile Ile Asp Thr Ile Met Asn Asn Glu	
105	110
115	
ccc ggc agc gta gcg ctg gtt ccc acc gga cca ctg acc aac atc gcg	499
Pro Gly Ser Val Ala Leu Val Pro Thr Gly Pro Leu Thr Asn Ile Ala	
120	125
130	
ctg gca gtc cgg aaa gaa cca cgc atc gcc gag cga gtc aag gaa gtt	547
Leu Ala Val Arg Lys Glu Pro Arg Ile Ala Glu Arg Val Lys Glu Val	
135	140
145	
gtc ctc atg ggc ggg ggc tac cac gta gga aac tgg acc gcc gta gct	595
Val Leu Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn Trp Thr Ala Val Ala	
150	155
160	165
gaa ttc aac atc aag atc gac ccc gaa gca gcc cac atc gta ttc aac	643
Glu Phe Asn Ile Lys Ile Asp Pro Glu Ala Ala His Ile Val Phe Asn	
170	175
180	
gaa aag tgg cca ctg act atg gtc ggc ctc gac ctt acc cac cag gcg	691

Glu Lys Trp Pro Leu Thr Met Val Gly Leu Asp Leu Thr His Gln Ala
185 190 195

ctc gca aca cct gag atc gaa gcc aag ttc aac gag ctg ggc acc gac 739
Leu Ala Thr Pro Glu Ile Glu Ala Lys Phe Asn Glu Leu Gly Thr Asp

200 205 210

gtc gcc gac ttc gtc gtc gcg ctt ttc gac gct ttc cgc aag aat tac 787
Val Ala Asp Phe Val Val Ala Leu Phe Asp Ala Phe Arg Lys Asn Tyr

215 220 225

cag gac gca cag ggt ttt gat aac cca cca gta cac gac cct tgt gct 835
Gln Asp Ala Gln Gly Phe Asp Asn Pro Pro Val His Asp Pro Cys Ala

230 235 240 245

gtt gca tac ctt gtt gac cca acc gta ttc acc acc cgc aaa gca cca 883
Val Ala Tyr Leu Val Asp Pro Thr Val Phe Thr Thr Arg Lys Ala Pro

250 255 260

ctc gat gtg gag ctg tac ggc gca ctc acc aca ggc atg acc gtt gct 931
Leu Asp Val Glu Leu Tyr Gly Ala Leu Thr Thr Gly Met Thr Val Ala

265 270 275

gat ttc cgc gca ccg gct cca gca gat tgc acc acc caa gta gct gtt 979
Asp Phe Arg Ala Pro Ala Pro Ala Asp Cys Thr Thr Gln Val Ala Val

280 285 290

gac ctg gac ttt gat aaa ttc tgg aac atg gtg atc gat gca gta aag 1027
Asp Leu Asp Phe Asp Lys Phe Trp Asn Met Val Ile Asp Ala Val Lys

295 300 305

cgc atc gga tagacctgtt cacaaggttg tta 1059
Arg Ile Gly

310

<210> 1058
<211> 312
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1058

Met Thr Thr Lys Ile Ile Leu Asp Cys Asp Pro Gly His Asp Asp Ala
1 5 10 15

Val Ala Met Leu Leu Ala Ala Gly Ser Pro Glu Ile Glu Leu Leu Gly
20 25 30

Ile Thr Thr Val Gly Gly Asn Gln Thr Leu Asp Lys Val Thr His Asn
35 40 45

Thr Gln Val Val Ala Thr Ile Ala Asp Ile Asn Ala Pro Ile Tyr Arg
50 55 60

Gly Val Thr Arg Pro Leu Val Arg Pro Val Glu Val Ala Glu Asp Ile
65 70 75 80

His Gly Asp Thr Gly Met Glu Ile His Lys Tyr Glu Leu Pro Glu Pro
85 90 95

Thr Lys Gln Val Glu Asp Thr His Ala Val Asp Phe Ile Ile Asp Thr
100 105 110

Ile Met Asn Asn Glu Pro Gly Ser Val Ala Leu Val Pro Thr Gly Pro
115 120 125

Leu Thr Asn Ile Ala Leu Ala Val Arg Lys Glu Pro Arg Ile Ala Glu
130 135 140

Arg Val Lys Glu Val Val Leu Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn
145 150 155 160

Trp Thr Ala Val Ala Glu Phe Asn Ile Lys Ile Asp Pro Glu Ala Ala
165 170 175

His Ile Val Phe Asn Glu Lys Trp Pro Leu Thr Met Val Gly Leu Asp
180 185 190

Leu Thr His Gln Ala Leu Ala Thr Pro Glu Ile Glu Ala Lys Phe Asn
195 200 205

Glu Leu Gly Thr Asp Val Ala Asp Phe Val Val Ala Leu Phe Asp Ala
210 215 220

Phe Arg Lys Asn Tyr Gln Asp Ala Gln Gly Phe Asp Asn Pro Pro Val
225 230 235 240

His Asp Pro Cys Ala Val Ala Tyr Leu Val Asp Pro Thr Val Phe Thr
245 250 255

Thr Arg Lys Ala Pro Leu Asp Val Glu Leu Tyr Gly Ala Leu Thr Thr
260 265 270

Gly Met Thr Val Ala Asp Phe Arg Ala Pro Ala Pro Ala Asp Cys Thr
275 280 285

Thr Gln Val Ala Val Asp Leu Asp Phe Asp Lys Phe Trp Asn Met Val
290 295 300

Ile Asp Ala Val Lys Arg Ile Gly
305 310

<210> 1059

<211> 602

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(579)

<223> FRXA01940

<400> 1059

aga gta acg ctt gtt tcc acc ggg cca ctg acc aac atc gcg ctg gca 48
Arg Val Thr Leu Val Ser Thr Gly Pro Leu Thr Asn Ile Ala Leu Ala

1 5 10 15

gtc cgg aaa gaa cca cgc atc gcc gag cga gtc aag gaa gtt gtc ctc 96
Val Arg Lys Glu Pro Arg Ile Ala Glu Arg Val Lys Glu Val Val Leu

20 25 30

atg ggc ggg ggc tac cac gta gga aac tgg acc gcc gta gct gaa ttc 144
Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn Trp Thr Ala Val Ala Glu Phe

35 40 45

aac atc aag atc gac ccc gaa gca gcc cac atc gta ttc aac gaa aag 192
Asn Ile Lys Ile Asp Pro Glu Ala Ala His Ile Val Phe Asn Glu Lys

50 55 60

tgg cca ctg act atg gtc ggc ctc gac ctt acc cac cag gcg ctc gca 240
Trp Pro Leu Thr Met Val Gly Leu Asp Leu Thr His Gln Ala Leu Ala

65 70 75 80

aca cct gag atc gaa gcc aag ttc aac gag ctg ggc acc gac gtc gcc 288
Thr Pro Glu Ile Glu Ala Lys Phe Asn Glu Leu Gly Thr Asp Val Ala

85 90 95

gac ttc gtc gtc gcg ctt ttc gac gct ttc cgc aag aat tac cag gac 336
Asp Phe Val Val Ala Leu Phe Asp Ala Phe Arg Lys Asn Tyr Gln Asp

100 105 110

gca cag ggt ttt gat aac cca cca gta cac gac cct tgt gct gtt gca 384
Ala Gln Gly Phe Asp Asn Pro Pro Val His Asp Pro Cys Ala Val Ala

115 120 125

tac ctt gtt gac cca acc gta ttc acc acc cgc aaa gca cca ctc gat 432
Tyr Leu Val Asp Pro Thr Val Phe Thr Thr Arg Lys Ala Pro Leu Asp

130 135 140

gtg gag ctg tac ggc gca ctc acc aca ggc atg acc gtt gct gat ttc 480
Val Glu Leu Tyr Gly Ala Leu Thr Thr Gly Met Thr Val Ala Asp Phe

145 150 155 160

cgc gca ccg gct cca gca gat tgc acc acc caa gta gct gtt gac ctg 528
Arg Ala Pro Ala Pro Ala Asp Cys Thr Thr Gln Val Ala Val Asp Leu

165 170 175

gac ttt gat aaa ttc tgg aac atg gtg atc gat gca gta aag cgc atc 576
Asp Phe Asp Lys Phe Trp Asn Met Val Ile Asp Ala Val Lys Arg Ile

180 185 190

gga tagacctgtt cacaaggttg tta 602
Gly

<210> 1060
 <211> 193
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1060
 Arg Val Thr Leu Val Ser Thr Gly Pro Leu Thr Asn Ile Ala Leu Ala
 1 5 10 15

Val Arg Lys Glu Pro Arg Ile Ala Glu Arg Val Lys Glu Val Val Leu
 20 25 30

Met Gly Gly Gly Tyr His Val Gly Asn Trp Thr Ala Val Ala Glu Phe
 35 40 45

Asn Ile Lys Ile Asp Pro Glu Ala Ala His Ile Val Phe Asn Glu Lys
 50 55 60

Trp Pro Leu Thr Met Val Gly Leu Asp Leu Thr His Gln Ala Leu Ala
 65 70 75 80

Thr Pro Glu Ile Glu Ala Lys Phe Asn Glu Leu Gly Thr Asp Val Ala
 85 90 95

Asp Phe Val Val Ala Leu Phe Asp Ala Phe Arg Lys Asn Tyr Gln Asp
 100 105 110

Ala Gln Gly Phe Asp Asn Pro Pro Val His Asp Pro Cys Ala Val Ala
 115 120 125

Tyr Leu Val Asp Pro Thr Val Phe Thr Thr Arg Lys Ala Pro Leu Asp
 130 135 140

Val Glu Leu Tyr Gly Ala Leu Thr Thr Gly Met Thr Val Ala Asp Phe
 145 150 155 160

Arg Ala Pro Ala Pro Ala Asp Cys Thr Thr Gln Val Ala Val Asp Leu
 165 170 175

Asp Phe Asp Lys Phe Trp Asn Met Val Ile Asp Ala Val Lys Arg Ile

180 185 190

Gly

<210> 1061
<211> 1026
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1003)
<223> RXA02559

<400> 1061
ttagtcctct atggcagcaa gcctgccaga ggagcctatc cagcactaga ccccaactag 60

aacccaaccc caaaaccaga aaacactaag ctcgtagagac atg att cct gtt etc 115
Met Ile Pro Val Leu

1 5

atc gac tgc gac acc ggc atc gac gac gcc ctc gcc ctg atc tac ctg 163
Ile Asp Cys Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala Leu Ala Leu Ile Tyr Leu

10 15 20

gtt gct ttg cat aaa cgt ggt gaa atc caa ctt ttt gga gca acg acc 211
Val Ala Leu His Lys Arg Gly Glu Ile Gln Leu Phe Gly Ala Thr Thr

25 30 35

acc gca gga aat gtt gat gtg aaa caa acc gcc atc aat acc agg tgg 259
Thr Ala Gly Asn Val Asp Val Lys Gln Thr Ala Ile Asn Thr Arg Trp

40 45 50

gtg ttg gat cag tgt gga tta gcg gac atc ccg gtc ctc gca gga caa 307
Val Leu Asp Gln Cys Gly Leu Ala Asp Ile Pro Val Leu Ala Gly Gln

55 60 65

cct gaa cca aag cac gtg ccg cta gtg act act cca gaa aca cac ggc 355
Pro Glu Pro Lys His Val Pro Leu Val Thr Thr Pro Glu Thr His Gly

70 75 80 85

gac cat ggc ctt ggt tat ata aac cca ggt cac gtc gaa att cca gaa	403
Asp His Gly Leu Gly Tyr Ile Asn Pro Gly His Val Glu Ile Pro Glu	
90 95 100	
ggt gac tgg aag cag ctg tgg aaa gaa cac ctc agt aac cca gaa act	451
Gly Asp Trp Lys Gln Leu Trp Lys Glu His Leu Ser Asn Pro Glu Thr	
105 110 115	
aag ctg att gtc acc ggg ccc gcc acc aac ctt gcg gaa ttc ggg cca	499
Lys Leu Ile Val Thr Gly Pro Ala Thr Asn Leu Ala Glu Phe Gly Pro	
120 125 130	
gtg gaa aac gtc acg ctg atg ggt ggc acc tac ctt tat cca ggc aac	547
Val Glu Asn Val Thr Leu Met Gly Gly Thr Tyr Leu Tyr Pro Gly Asn	
135 140 145	
acc act cca acg gca gaa tgg aat acc tgg gtt gat cca cac gga gct	595
Thr Thr Pro Thr Ala Glu Trp Asn Thr Trp Val Asp Pro His Gly Ala	
150 155 160 165	
aaa gaa gca ttc gcg gca gcc caa aag ccc att acg gtg tgt tcc ttg	643
Lys Glu Ala Phe Ala Ala Ala Gln Lys Pro Ile Thr Val Cys Ser Leu	
170 175 180	
ggc gtg acc gag cag ttt acg ctg aac ccg gac atc ctt tct aca ctt	691
Gly Val Thr Glu Gln Phe Thr Leu Asn Pro Asp Ile Leu Ser Thr Leu	
185 190 195	
atc aac acg ctt ggc agc caa ccc atc gca gag cat tta cct gag atg	739
Ile Asn Thr Leu Gly Ser Gln Pro Ile Ala Glu His Leu Pro Glu Met	
200 205 210	
ctg cgc ttt tac ttt gaa ttt cac gaa gtg cag ggc gaa ggt tac ctt	787
Leu Arg Phe Tyr Phe Glu Phe His Glu Val Gln Gly Glu Gly Tyr Leu	
215 220 225	
gct caa att cat gac ctg ctg acc tgc atg att gcc ttg gat aaa atc	835
Ala Gln Ile His Asp Leu Leu Thr Cys Met Ile Ala Leu Asp Lys Ile	
230 235 240 245	
cca ttt tca ggc cgt gaa gta acc gtg gac gtg gag gct gat tcg ccc	883

Pro Phe Ser Gly Arg Glu Val Thr Val Asp Val Glu Ala Asp Ser Pro

250

255

260

ttg atg cgt ggc acc act gtt gca gat att cgc gga cat tgg ggc aag 931
Leu Met Arg Gly Thr Thr Val Ala Asp Ile Arg Gly His Trp Gly Lys

265

270

275

cca gct aac gca ttt ctt gtg gaa acc gca gac att gag gcc gcc cac 979
Pro Ala Asn Ala Phe Leu Val Glu Thr Ala Asp Ile Glu Ala Ala His

280

285

290

gcg gaa ctt cta aga gca gtg gaa tgaataatc cgggtgctgat gca 1026
Ala Glu Leu Leu Arg Ala Val Glu

295

300

<210> 1062

<211> 301

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1062

Met Ile Pro Val Leu Ile Asp Cys Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala Leu
1 5 10 15

Ala Leu Ile Tyr Leu Val Ala Leu His Lys Arg Gly Glu Ile Gln Leu
20 25 30

Phe Gly Ala Thr Thr Thr Ala Gly Asn Val Asp Val Lys Gln Thr Ala
35 40 45

Ile Asn Thr Arg Trp Val Leu Asp Gln Cys Gly Leu Ala Asp Ile Pro
50 55 60

Val Leu Ala Gly Gln Pro Glu Pro Lys His Val Pro Leu Val Thr Thr
65 70 75 80

Pro Glu Thr His Gly Asp His Gly Leu Gly Tyr Ile Asn Pro Gly His
85 90 95

Val Glu Ile Pro Glu Gly Asp Trp Lys Gln Leu Trp Lys Glu His Leu

100	105	110
Ser Asn Pro Glu Thr Lys Leu Ile Val Thr Gly Pro Ala Thr Asn Leu		
115	120	125
Ala Glu Phe Gly Pro Val Glu Asn Val Thr Leu Met Gly Gly Thr Tyr		
130	135	140
Leu Tyr Pro Gly Asn Thr Thr Pro Thr Ala Glu Trp Asn Thr Trp Val		
145	150	155
Asp Pro His Gly Ala Lys Glu Ala Phe Ala Ala Ala Gln Lys Pro Ile		
165	170	175
Thr Val Cys Ser Leu Gly Val Thr Glu Gln Phe Thr Leu Asn Pro Asp		
180	185	190
Ile Leu Ser Thr Leu Ile Asn Thr Leu Gly Ser Gln Pro Ile Ala Glu		
195	200	205
His Leu Pro Glu Met Leu Arg Phe Tyr Phe Glu Phe His Glu Val Gln		
210	215	220
Gly Glu Gly Tyr Leu Ala Gln Ile His Asp Leu Leu Thr Cys Met Ile		
225	230	235
Ala Leu Asp Lys Ile Pro Phe Ser Gly Arg Glu Val Thr Val Asp Val		
245	250	255
Glu Ala Asp Ser Pro Leu Met Arg Gly Thr Thr Val Ala Asp Ile Arg		
260	265	270
Gly His Trp Gly Lys Pro Ala Asn Ala Phe Leu Val Glu Thr Ala Asp		
275	280	285
Ile Glu Ala Ala His Ala Glu Leu Leu Arg Ala Val Glu		
290	295	300

<210> 1063

<211> 1050

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1027)

<223> RXA02497

<400> 1063

tcgatgccgc cgctggcgaa gactcgggga aacctaataa taccgaagaa gaatttgacc 60

gattcacact ttgccaccct agaccgtcta accttttaggt gtg aga tta ggt gta 115
Val Arg Leu Gly Val

1 5

tta gat gtg ggc agc aat act gtc cac cta gtt gca gta gac gcg cgt 163
Leu Asp Val Gly Ser Asn Thr Val His Leu Val Ala Val Asp Ala Arg

10 15 20

ccc ggt gga cac ccc acc ccg atg agc aat tgg cgt acc cca ctg cgc 211
Pro Gly Gly His Pro Thr Pro Met Ser Asn Trp Arg Thr Pro Leu Arg

25 30 35

ctt gtt gag ctt ctt gat gac tcc ggg gcg atc tcc gaa aag ggc atc 259
Leu Val Glu Leu Leu Asp Asp Ser Gly Ala Ile Ser Glu Lys Gly Ile

40 45 50

aac aaa ctc acc tca gca gtc ggg gaa gca gca gac cta gcg aaa acg 307
Asn Lys Leu Thr Ser Ala Val Gly Glu Ala Ala Asp Leu Ala Lys Thr

55 60 65

ctc ggc tgc gct gaa ctg atg cca ttt gct aca tcg gca gtc cgc tcc 355
Leu Gly Cys Ala Glu Leu Met Pro Phe Ala Thr Ser Ala Val Arg Ser

70 75 80 85

gcc acc aac agc gag gca gtg ctc gac cac gtg gag aag gaa acc ggc 403
Ala Thr Asn Ser Glu Ala Val Leu Asp His Val Glu Lys Glu Thr Gly

90 95 100

gtc cgc ctg tcc atc ctt tcc ggt gaa gac gaa gca cgc caa act ttc 451
Val Arg Leu Ser Ile Leu Ser Gly Glu Asp Glu Ala Arg Gln Thr Phe

105 110 115

ctc gca gtt cga cgt tgg tat gga tgg tcc gca ggg cgc ata act aac 499
Leu Ala Val Arg Arg Trp Tyr Gly Trp Ser Ala Gly Arg Ile Thr Asn

120 125 130

ctc gac atc ggt ggc ggc tcc ctg gaa cta tcc tcc gga acc gac gaa 547
Leu Asp Ile Gly Gly Gly Ser Leu Glu Leu Ser Ser Gly Thr Asp Glu

135 140 145

tcc cca gac ctc gcg ttc tca ctg gat ctg ggt gcg ggc cgc ttg acc 595
Ser Pro Asp Leu Ala Phe Ser Leu Asp Leu Gly Ala Gly Arg Leu Thr

150 155 160 165

cac aac tgg ttc gac acc gat cca ccg gca cgt aag aaa atc aac ctc 643
His Asn Trp Phe Asp Thr Asp Pro Pro Ala Arg Lys Lys Ile Asn Leu

170 175 180

ctg cgc gat tat atc gat gcg gaa ctt gca gaa ccc gcc cgc cag atg 691
Leu Arg Asp Tyr Ile Asp Ala Glu Leu Ala Glu Pro Ala Arg Gln Met

185 190 195

cgc acc cta ggg ccc gcg cgc ctg gca gtg gga aca tcc aaa act ttc 739
Arg Thr Leu Gly Pro Ala Arg Leu Ala Val Gly Thr Ser Lys Thr Phe

200 205 210

cgc acc ctg gca cga ctg act ggt gct gcg ccc tca tcc gca gga cca 787
Arg Thr Leu Ala Arg Leu Thr Gly Ala Ala Pro Ser Ser Ala Gly Pro

215 220 225

cac gtc acc cga acc ctc acc gcg ccg ggt ctg cgc cag ctg atc gca 835
His Val Thr Arg Thr Leu Thr Ala Pro Gly Leu Arg Gln Leu Ile Ala

230 235 240 245

ttt atc tca cga atg act gcg gcg gac cgc gct gag ctg gaa ggt atc 883
Phe Ile Ser Arg Met Thr Ala Ala Asp Arg Ala Glu Leu Glu Gly Ile

250 255 260

agc tcg gat cgg tca cat cag atc gtg gca ggt gcg cta gtt gcg gaa 931
Ser Ser Asp Arg Ser His Gln Ile Val Ala Gly Ala Leu Val Ala Glu

265 270 275

gct gcg atg cgt gcg ttg gat att gac aag gta gaa att tgt ccg tgg 979
Ala Ala Met Arg Ala Leu Asp Ile Asp Lys Val Glu Ile Cys Pro Trp

280 285 290

gca ctt cgt gaa ggt gtg atc ctc acc agg atc gac aaa gga ctc gag 1027
Ala Leu Arg Glu Gly Val Ile Leu Thr Arg Ile Asp Lys Gly Leu Glu

295 300 305

taacatttac ccggaaagga gtt 1050

<210> 1064

<211> 309

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1064

Val Arg Leu Gly Val Leu Asp Val Gly Ser Asn Thr Val His Leu Val
1 5 10 15

Ala Val Asp Ala Arg Pro Gly Gly His Pro Thr Pro Met Ser Asn Trp
20 25 30

Arg Thr Pro Leu Arg Leu Val Glu Leu Leu Asp Asp Ser Gly Ala Ile
35 40 45

Ser Glu Lys Gly Ile Asn Lys Leu Thr Ser Ala Val Gly Glu Ala Ala
50 55 60

Asp Leu Ala Lys Thr Leu Gly Cys Ala Glu Leu Met Pro Phe Ala Thr
65 70 75 80

Ser Ala Val Arg Ser Ala Thr Asn Ser Glu Ala Val Leu Asp His Val
85 90 95

Glu Lys Glu Thr Gly Val Arg Leu Ser Ile Leu Ser Gly Glu Asp Glu
100 105 110

Ala Arg Gln Thr Phe Leu Ala Val Arg Arg Trp Tyr Gly Trp Ser Ala
115 120 125

Gly Arg Ile Thr Asn Leu Asp Ile Gly Gly Gly Ser Leu Glu Leu Ser
130 135 140

Ser Gly Thr Asp Glu Ser Pro Asp Leu Ala Phe Ser Leu Asp Leu Gly
145 150 155 160

Ala Gly Arg Leu Thr His Asn Trp Phe Asp Thr Asp Pro Pro Ala Arg
165 170 175

Lys Lys Ile Asn Leu Leu Arg Asp Tyr Ile Asp Ala Glu Leu Ala Glu
180 185 190

Pro Ala Arg Gln Met Arg Thr Leu Gly Pro Ala Arg Leu Ala Val Gly
195 200 205

Thr Ser Lys Thr Phe Arg Thr Leu Ala Arg Leu Thr Gly Ala Ala Pro
210 215 220

Ser Ser Ala Gly Pro His Val Thr Arg Thr Leu Thr Ala Pro Gly Leu
225 230 235 240

Arg Gln Leu Ile Ala Phe Ile Ser Arg Met Thr Ala Ala Asp Arg Ala
245 250 255

Glu Leu Glu Gly Ile Ser Ser Asp Arg Ser His Gln Ile Val Ala Gly
260 265 270

Ala Leu Val Ala Glu Ala Ala Met Arg Ala Leu Asp Ile Asp Lys Val
275 280 285

Glu Ile Cys Pro Trp Ala Leu Arg Glu Gly Val Ile Leu Thr Arg Ile
290 295 300

Asp Lys Gly Leu Glu
305

<210> 1065

<211> 2226

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
<222> (101)..(2203)
<223> RXN01079

<400> 1065

accttaaaac ttaatcaatc aatacaaagt tcacacctct tttgaaaggg acattccttt 60

gactgcatcg ggaaccaccg tcgtgccacg cggagaccag atg gac ttc cac gct 115
Met Asp Phe His Ala

1 5

ctt aac gcg ttg ctc aac ctt tac gat gac aac ggc aag atc cag ttt 163
Leu Asn Ala Leu Leu Asn Leu Tyr Asp Asp Asn Gly Lys Ile Gln Phe

10 15 20

gag aaa gac cgt gaa gct gca aac cag tac ttc ctg cag cac gtc aac 211
Glu Lys Asp Arg Glu Ala Ala Asn Gln Tyr Phe Leu Gln His Val Asn

25 30 35

cag aac acc gtc ttc ttc cac aac ctg cag gaa aag atc gac tac ctg 259
Gln Asn Thr Val Phe Phe His Asn Leu Gln Glu Lys Ile Asp Tyr Leu

40 45 50

gtt gaa aac aag tac tat gac cca atc gtt ctg gac aag tac gac ttc 307
Val Glu Asn Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu Asp Lys Tyr Asp Phe

55 60 65

cag ttc atc aag gac ctc ttc aag cgc gca tac gga ttc aag ttc cgc 355
Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr Gly Phe Lys Phe Arg

70 75 80 85

ttc cag tcc ttc ctc ggt gca tac aag tac tac act tcc tac acc ctg 403
Phe Gln Ser Phe Leu Gly Ala Tyr Lys Tyr Tyr Thr Ser Tyr Thr Leu

90 95 100

aag acc ttc gac ggt cgc cgc tac ctc gag cgt ttc gaa gac cgt gtc 451
Lys Thr Phe Asp Gly Arg Arg Tyr Leu Glu Arg Phe Glu Asp Arg Val

105 110 115

tgc atg gtc gcc ctc acc ctc gct gac ggc gac cgc gca ttg gcc gag 499
Cys Met Val Ala Leu Thr Leu Ala Asp Gly Asp Arg Ala Leu Ala Glu

120	125	130	
aac ctg gtc gat gag atc atg tct ggc cgt ttc caa cca gca acc cca			547
Asn Leu Val Asp Glu Ile Met Ser Gly Arg Phe Gln Pro Ala Thr Pro			
135	140	145	
acc ttc ctg aac tcc ggc aag gca cag cgc ggc gag cca gta tcc tgc			595
Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly Glu Pro Val Ser Cys			
150	155	160	165
ttc ctc ctg cgt atc gaa gac aac atg gag tcc atc gga cgt tcc atc			643
Phe Leu Leu Arg Ile Glu Asp Asn Met Glu Ser Ile Gly Arg Ser Ile			
170	175	180	
aac tct gct ctt cag ctg tcc aag cgt ggc ggt ggc gta gcg ttg ctg			691
Asn Ser Ala Leu Gln Leu Ser Lys Arg Gly Gly Gly Val Ala Leu Leu			
185	190	195	
ctg tcc aac ctt cgt gaa gcc ggt gca ccg att aag aag att gaa aac			739
Leu Ser Asn Leu Arg Glu Ala Gly Ala Pro Ile Lys Lys Ile Glu Asn			
200	205	210	
cag tct tcc ggt gtt atc cca gtg atg aaa ctt ctg gaa gat gct ttc			787
Gln Ser Ser Gly Val Ile Pro Val Met Lys Leu Leu Glu Asp Ala Phe			
215	220	225	
tcc tac gct aac cag ctg ggt gct cgt cag ggt gca ggt gct gtg tac			835
Ser Tyr Ala Asn Gln Leu Gly Ala Arg Gln Gly Ala Gly Ala Val Tyr			
230	235	240	245
ctc aac gct cac cac cca gat atc ctg tcc ttc ctg gat acc aag cgt			883
Leu Asn Ala His His Pro Asp Ile Leu Ser Phe Leu Asp Thr Lys Arg			
250	255	260	
gag aac gcc gat gag aag atc cgc atc aag acc ctg tcc ctg ggt gtt			931
Glu Asn Ala Asp Glu Lys Ile Arg Ile Lys Thr Leu Ser Leu Gly Val			
265	270	275	
gtg att ccg gac atc acc ttc gag ctg gct aag cgc aac gat gac atg			979
Val Ile Pro Asp Ile Thr Phe Glu Leu Ala Lys Arg Asn Asp Asp Met			

280	285	290	
tac ctg ttc tcc cca tac gat gtg gag cgc att tac ggc aag cct ttc			1027
Tyr Leu Phe Ser Pro Tyr Asp Val Glu Arg Ile Tyr Gly Lys Pro Phe			
295	300	305	
gca gac gtc tca atc acc gag cac tac gac gag atg gtg gat gat gac			1075
Ala Asp Val Ser Ile Thr Glu His Tyr Asp Glu Met Val Asp Asp Asp			
310	315	320	325
cgc atc cgc aag acc aag atc aac gcg cgt cag ttc ttc cag acc ctg			1123
Arg Ile Arg Lys Thr Lys Ile Asn Ala Arg Gln Phe Phe Gln Thr Leu			
330	335	340	
gca gaa atc cag ttc gag tcc ggt tac cca tac atc atg tat gaa gac			1171
Ala Glu Ile Gln Phe Glu Ser Gly Tyr Pro Tyr Ile Met Tyr Glu Asp			
345	350	355	
acc gtg aat gca tcc aac cca atc gaa ggt cgc atc acc cac tca aac			1219
Thr Val Asn Ala Ser Asn Pro Ile Glu Gly Arg Ile Thr His Ser Asn			
360	365	370	
ctg tgc tct gag atc ctt cag gtg tcc acc cca tct gaa ttc aac gat			1267
Leu Cys Ser Glu Ile Leu Gln Val Ser Thr Pro Ser Glu Phe Asn Asp			
375	380	385	
gac ctg act tac gca gag gtc ggc gaa gac att tct tgt aac ttg ggt			1315
Asp Leu Thr Tyr Ala Glu Val Gly Glu Asp Ile Ser Cys Asn Leu Gly			
390	395	400	405
tcc ctc aac gtt gca atg gct atg gat gca cca aac ttt gag aag acc			1363
Ser Leu Asn Val Ala Met Ala Met Asp Ala Pro Asn Phe Glu Lys Thr			
410	415	420	
atc gaa acc gaa atc cgc ggc tta act gca gtg cct gag cag acc agc			1411
Ile Glu Thr Glu Ile Arg Gly Leu Thr Ala Val Pro Glu Gln Thr Ser			
425	430	435	
atc gat tcc gtg cct tcc atc cgt aag ggc aac gaa gca gct cac gcc			1459
Ile Asp Ser Val Pro Ser Ile Arg Lys Gly Asn Glu Ala Ala His Ala			

440	445	450	
atc ggc ctt ggc cag atg aac ctt cac ggc tac ttc ggt cgc gag cac 1507			
Ile Gly Leu Gly Gln Met Asn Leu His Gly Tyr Phe Gly Arg Glu His			
455	460	465	
atg cac tac ggc tcc gag gaa gcc ctg gac ttc acc aac gca tac ttt 1555			
Met His Tyr Gly Ser Glu Glu Ala Leu Asp Phe Thr Asn Ala Tyr Phe			
470	475	480	485
gct gcc gtg ctg tac cag tgc ctg cgt gca tcc aac cag atc gct act 1603			
Ala Ala Val Leu Tyr Gln Cys Leu Arg Ala Ser Asn Gln Ile Ala Thr			
	490	495	500
gag cgt gga gag cgt ttc aag aac ttc gaa aac tcc aag tat gca acc 1651			
Glu Arg Gly Glu Arg Phe Lys Asn Phe Glu Asn Ser Lys Tyr Ala Thr			
	505	510	515
ggt gag tac ttc gat gat ttc gat gca aac gac ttc gca cca aag tcc 1699			
Gly Glu Tyr Phe Asp Asp Phe Asp Ala Asn Asp Phe Ala Pro Lys Ser			
	520	525	530
gac aag gtc aag gaa ctc ttt gcc aag tcg aac atc cac acc cca acc 1747			
Asp Lys Val Lys Glu Leu Phe Ala Lys Ser Asn Ile His Thr Pro Thr			
	535	540	545
gtt gag gac tgg gct gcg ctg aag gcc gac gtg atg gag cac ggt ctg 1795			
Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala Asp Val Met Glu His Gly Leu			
550	555	560	565
ttc aac cgt aac ctg caa gcg gtt cca cca acc ggt tcg atc tcc tac 1843			
Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro Pro Thr Gly Ser Ile Ser Tyr			
	570	575	580
atc aac aac tcc acc tcg tcg atc cac cca atc gca tcc aag att gag 1891			
Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His Pro Ile Ala Ser Lys Ile Glu			
	585	590	595
atc cgc aag gaa ggc aag atc ggc cgc gtt tac tac cca gct cca cac 1939			
Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg Val Tyr Tyr Pro Ala Pro His			

600	605	610	
atg gac aat gac aac ctt gag tac ttc gag gac gcc tac gaa atc ggc 1987			
Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe Glu Asp Ala Tyr Glu Ile Gly			
615	620	625	
tac gag aag atc att gac acc tac gct gtg gca acc aag tac gtt gac 2035			
Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala Val Ala Thr Lys Tyr Val Asp			
630	635	640	645
cag ggc ctg tca ctg acc ttg ttc ttc aag gac act gcc acc acc cgt 2083			
Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe Lys Asp Thr Ala Thr Thr Arg			
	650	655	660
gac atc aac cgt gcg cag atc tac gca tgg cgc aag ggc atc aag acc 2131			
Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala Trp Arg Lys Gly Ile Lys Thr			
	665	670	675
ttg tac tac att cgc ctg cgc cag gtt gct ctg gaa ggc act gaa gtt 2179			
Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val Ala Leu Glu Gly Thr Glu Val			
680	685	690	
gac ggc tgc gtc agc tgc atg ctg taaaagcact taaaaatata ccc 2226			
Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu			

695 700

<210> 1066
 <211> 701
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1066
 Met Asp Phe His Ala Leu Asn Ala Leu Leu Asn Leu Tyr Asp Asp Asn
 1 5 10 15

Gly Lys Ile Gln Phe Glu Lys Asp Arg Glu Ala Ala Asn Gln Tyr Phe
 20 25 30

Leu Gln His Val Asn Gln Asn Thr Val Phe Phe His Asn Leu Gln Glu
 35 40 45

Lys Ile Asp Tyr Leu Val Glu Asn Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu
50 55 60

Asp Lys Tyr Asp Phe Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr
65 70 75 80

Gly Phe Lys Phe Arg Phe Gln Ser Phe Leu Gly Ala Tyr Lys Tyr Tyr
85 90 95

Thr Ser Tyr Thr Leu Lys Thr Phe Asp Gly Arg Arg Tyr Leu Glu Arg
100 105 110

Phe Glu Asp Arg Val Cys Met Val Ala Leu Thr Leu Ala Asp Gly Asp
115 120 125

Arg Ala Leu Ala Glu Asn Leu Val Asp Glu Ile Met Ser Gly Arg Phe
130 135 140

Gln Pro Ala Thr Pro Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly
145 150 155 160

Glu Pro Val Ser Cys Phe Leu Leu Arg Ile Glu Asp Asn Met Glu Ser
165 170 175

Ile Gly Arg Ser Ile Asn Ser Ala Leu Gln Leu Ser Lys Arg Gly Gly
180 185 190

Gly Val Ala Leu Leu Leu Ser Asn Leu Arg Glu Ala Gly Ala Pro Ile
195 200 205

Lys Lys Ile Glu Asn Gln Ser Ser Gly Val Ile Pro Val Met Lys Leu
210 215 220

Leu Glu Asp Ala Phe Ser Tyr Ala Asn Gln Leu Gly Ala Arg Gln Gly
225 230 235 240

Ala Gly Ala Val Tyr Leu Asn Ala His His Pro Asp Ile Leu Ser Phe
245 250 255

Leu Asp Thr Lys Arg Glu Asn Ala Asp Glu Lys Ile Arg Ile Lys Thr
260 265 270

Leu Ser Leu Gly Val Val Ile Pro Asp Ile Thr Phe Glu Leu Ala Lys
275 280 285

Arg Asn Asp Asp Met Tyr Leu Phe Ser Pro Tyr Asp Val Glu Arg Ile
290 295 300

Tyr Gly Lys Pro Phe Ala Asp Val Ser Ile Thr Glu His Tyr Asp Glu
305 310 315 320

Met Val Asp Asp Asp Arg Ile Arg Lys Thr Lys Ile Asn Ala Arg Gln
325 330 335

Phe Phe Gln Thr Leu Ala Glu Ile Gln Phe Glu Ser Gly Tyr Pro Tyr
340 345 350

Ile Met Tyr Glu Asp Thr Val Asn Ala Ser Asn Pro Ile Glu Gly Arg
355 360 365

Ile Thr His Ser Asn Leu Cys Ser Glu Ile Leu Gln Val Ser Thr Pro
370 375 380

Ser Glu Phe Asn Asp Asp Leu Thr Tyr Ala Glu Val Gly Glu Asp Ile
385 390 395 400

Ser Cys Asn Leu Gly Ser Leu Asn Val Ala Met Ala Met Asp Ala Pro
405 410 415

Asn Phe Glu Lys Thr Ile Glu Thr Glu Ile Arg Gly Leu Thr Ala Val
420 425 430

Pro Glu Gln Thr Ser Ile Asp Ser Val Pro Ser Ile Arg Lys Gly Asn
435 440 445

Glu Ala Ala His Ala Ile Gly Leu Gly Gln Met Asn Leu His Gly Tyr
450 455 460

Phe Gly Arg Glu His Met His Tyr Gly Ser Glu Glu Ala Leu Asp Phe
465 470 475 480

Thr Asn Ala Tyr Phe Ala Ala Val Leu Tyr Gln Cys Leu Arg Ala Ser
485 490 495

Asn Gln Ile Ala Thr Glu Arg Gly Glu Arg Phe Lys Asn Phe Glu Asn
500 505 510

Ser Lys Tyr Ala Thr Gly Glu Tyr Phe Asp Asp Phe Asp Ala Asn Asp
515 520 525

Phe Ala Pro Lys Ser Asp Lys Val Lys Glu Leu Phe Ala Lys Ser Asn
530 535 540

Ile His Thr Pro Thr Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala Asp Val
545 550 555 560

Met Glu His Gly Leu Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro Pro Thr
565 570 575

Gly Ser Ile Ser Tyr Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His Pro Ile
580 585 590

Ala Ser Lys Ile Glu Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg Val Tyr
595 600 605

Tyr Pro Ala Pro His Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe Glu Asp
610 615 620

Ala Tyr Glu Ile Gly Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala Val Ala
625 630 635 640

Thr Lys Tyr Val Asp Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe Lys Asp
645 650 655

Thr Ala Thr Thr Arg Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala Trp Arg
660 665 670

Lys Gly Ile Lys Thr Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val Ala Leu
675 680 685

Glu Gly Thr Glu Val Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu
690 695 700

<210> 1067

<211> 790

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(790)

<223> FRXA01079

<400> 1067

accttaaaac ttaatcaatc aatacaaagt tcacacctct ttgaaaggg acattccttt 60

gactgcatcg ggaaccaccg tcgtgccacg cggagaccag atg gac ttc cac gct 115
Met Asp Phe His Ala

1 5

ctt aac gcg ttg ctc aac ctt tac gat gac aac ggc aag atc cag ttt 163
Leu Asn Ala Leu Leu Asn Leu Tyr Asp Asp Asn Gly Lys Ile Gln Phe

10 15 20

gag aaa gac cgt gaa gct gca aac cag tac ttc ctg cag cac gtc aac 211
Glu Lys Asp Arg Glu Ala Ala Asn Gln Tyr Phe Leu Gln His Val Asn

25 30 35

cag aac acc gtc ttc ttc cac aac ctg cag gaa aag atc gac tac ctg 259
Gln Asn Thr Val Phe Phe His Asn Leu Gln Glu Lys Ile Asp Tyr Leu

40 45 50

gtt gaa aac aag tac tat gac cca atc gtt ctg gac aag tac gac ttc 307
Val Glu Asn Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu Asp Lys Tyr Asp Phe

55 60 65

cag ttc atc aag gac ctc ttc aag cgc gca tac gga ttc aag ttc cgc 355
Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr Gly Phe Lys Phe Arg

70 75 80 85

ttc cag tcc ttc ctc ggt gca tac aag tac tac act tcc tac acc ctg 403
Phe Gln Ser Phe Leu Gly Ala Tyr Lys Tyr Tyr Thr Ser Tyr Thr Leu

90 95 100

aag acc ttc gac ggt cgc cgc tac ctc gag cgt ttc gaa gac cgt gtc 451
Lys Thr Phe Asp Gly Arg Arg Tyr Leu Glu Arg Phe Glu Asp Arg Val

105 110 115

tgc atg gtc gcc ctc acc ctc gct gac ggc gac cgc gca ttg gcc gag 499
Cys Met Val Ala Leu Thr Leu Ala Asp Gly Asp Arg Ala Leu Ala Glu

120 125 130

aac ctg gtc gat gag atc atg tct ggc cgt ttc caa cca gca acc cca 547
Asn Leu Val Asp Glu Ile Met Ser Gly Arg Phe Gln Pro Ala Thr Pro

135 140 145

acc ttc ctg aac tcc ggc aag gca cag cgc ggc gag cca gta tcc tgc 595
Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly Glu Pro Val Ser Cys

150 155 160 165

ttc ctc ctg cgt atc gaa gac aac atg gag tcc atc gga cgt tcc atc 643
Phe Leu Leu Arg Ile Glu Asp Asn Met Glu Ser Ile Gly Arg Ser Ile

170 175 180

aac tct gct ctt cag ctg tcc aag cgt ggc ggt ggc gta gcg ttg ctg 691
Asn Ser Ala Leu Gln Leu Ser Lys Arg Gly Gly Gly Val Ala Leu Leu

185 190 195

ctg tcc aac ctt cgt gaa gcc ggt gca ccg att aag aag att gaa atc 739
Leu Ser Asn Leu Arg Glu Ala Gly Ala Pro Ile Lys Lys Ile Glu Ile

200 205 210

cag tct tcc ggt gtt atc cca gtg atg aaa ctt ctg gaa gat gct ttc 787
Gln Ser Ser Gly Val Ile Pro Val Met Lys Leu Leu Glu Asp Ala Phe

215 220 225

tcc 790
Ser

230

<210> 1068

<211> 230

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1068

Met Asp Phe His Ala Leu Asn Ala Leu Leu Asn Leu Tyr Asp Asp Asn

1 5 10 15

Gly Lys Ile Gln Phe Glu Lys Asp Arg Glu Ala Ala Asn Gln Tyr Phe
20 25 30

Leu Gln His Val Asn Gln Asn Thr Val Phe Phe His Asn Leu Gln Glu
35 40 45

Lys Ile Asp Tyr Leu Val Glu Asn Lys Tyr Tyr Asp Pro Ile Val Leu
50 55 60

Asp Lys Tyr Asp Phe Gln Phe Ile Lys Asp Leu Phe Lys Arg Ala Tyr
65 70 75 80

Gly Phe Lys Phe Arg Phe Gln Ser Phe Leu Gly Ala Tyr Lys Tyr Tyr
85 90 95

Thr Ser Tyr Thr Leu Lys Thr Phe Asp Gly Arg Arg Tyr Leu Glu Arg
100 105 110

Phe Glu Asp Arg Val Cys Met Val Ala Leu Thr Leu Ala Asp Gly Asp
115 120 125

Arg Ala Leu Ala Glu Asn Leu Val Asp Glu Ile Met Ser Gly Arg Phe
130 135 140

Gln Pro Ala Thr Pro Thr Phe Leu Asn Ser Gly Lys Ala Gln Arg Gly
145 150 155 160

Glu Pro Val Ser Cys Phe Leu Leu Arg Ile Glu Asp Asn Met Glu Ser
165 170 175

Ile Gly Arg Ser Ile Asn Ser Ala Leu Gln Leu Ser Lys Arg Gly Gly
180 185 190

Gly Val Ala Leu Leu Leu Ser Asn Leu Arg Glu Ala Gly Ala Pro Ile
195 200 205

Lys Lys Ile Glu Ile Gln Ser Ser Gly Val Ile Pro Val Met Lys Leu
210 215 220

Leu Glu Asp Ala Phe Ser

225

230

<210> 1069
<211> 1364
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1341)
<223> FRXA01084

<220>
<221> misc_feature
<222> 504, 535
<223> n = a, t, c, or g

<220>
<221> VARIANT
<222> 168
<223> Xaa = Ile or Met

<220>
<221> VARIANT
<222> 179
<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<400> 1069
tcc ttt ctg gat acc aag cgc gag aac gcc gat gag aag atc cgc atc 48
Ser Phe Leu Asp Thr Lys Arg Glu Asn Ala Asp Glu Lys Ile Arg Ile

1 5 10 15

aag acc ctg tcc ctg ggt gtt gtg att ccg gac atc acc ttc gag ctg 96
Lys Thr Leu Ser Leu Gly Val Val Ile Pro Asp Ile Thr Phe Glu Leu

20 25 30

gct aag cgc aac gat gac atg tac ctg ttc tcc cca tac gat gtg gag 144
Ala Lys Arg Asn Asp Asp Met Tyr Leu Phe Ser Pro Tyr Asp Val Glu

35 40 45

cgc att tac ggc aag cct ttc gca gac gtc tca atc acc gag cac tac 192
Arg Ile Tyr Gly Lys Pro Phe Ala Asp Val Ser Ile Thr Glu His Tyr

50 55 60

gac gag atg gtg gat gat gac cgc atc cgc aag acc aag atc aac gcg 240
Asp Glu Met Val Asp Asp Asp Arg Ile Arg Lys Thr Lys Ile Asn Ala

65 70 75 80

cgt cag ttc ttc cag acc ctg gca gaa atc cag ttc gag tcc ggt tac 288
Arg Gln Phe Phe Gln Thr Leu Ala Glu Ile Gln Phe Glu Ser Gly Tyr

85 90 95

cca tac atc atg tat gaa gac acc gtg aat gca tcc aac cca atc gaa 336
Pro Tyr Ile Met Tyr Glu Asp Thr Val Asn Ala Ser Asn Pro Ile Glu

100 105 110

ggt cgc atc acc cac tca aac ctg tgc tct gag atc ctt cag gtg tcc 384
Gly Arg Ile Thr His Ser Asn Leu Cys Ser Glu Ile Leu Gln Val Ser

115 120 125

acc cca tct gaa ttc aac gat gac ctg act tac gca gag gtc ggc gaa 432
Thr Pro Ser Glu Phe Asn Asp Asp Leu Thr Tyr Ala Glu Val Gly Glu

130 135 140

gac att tct tgt aac ttg ggt tcc ctc aac gtt gca atg gct atg gat 480
Asp Ile Ser Cys Asn Leu Gly Ser Leu Asn Val Ala Met Ala Met Asp

145 150 155 160

gca cca aac ttt gag aag acc atn gaa acc gaa atc cgc ggc tta act 528
Ala Pro Asn Phe Glu Lys Thr Xaa Glu Thr Glu Ile Arg Gly Leu Thr

165 170 175

gca gtg nct gag cag acc agc atc gat tcc gtg cct tcc atc cgt aag 576
Ala Val Xaa Glu Gln Thr Ser Ile Asp Ser Val Pro Ser Ile Arg Lys

180 185 190

ggc aac gaa gca gct cac gcc atc ggc ctt ggc cag atg aac ctt cac 624
Gly Asn Glu Ala Ala His Ala Ile Gly Leu Gly Gln Met Asn Leu His

195 200 205

ggc tac ttc ggt cgc gag cac atg cac tac ggc tcc gag gaa gcc ctg 672
Gly Tyr Phe Gly Arg Glu His Met His Tyr Gly Ser Glu Glu Ala Leu

210 215 220

gac ttc acc aac gca tac ttt gct gcc gtg ctg tac cag tgc ctg cgt	720
Asp Phe Thr Asn Ala Tyr Phe Ala Ala Val Leu Tyr Gln Cys Leu Arg	
225 230 235 240	
gca tcc aac cag atc gct act gag cgt gga gag cgt ttc aag aac ttc	768
Ala Ser Asn Gln Ile Ala Thr Glu Arg Gly Glu Arg Phe Lys Asn Phe	
245 250 255	
gaa aac tcc aag tat gca acc ggt gag tac ttc gat gat ttc gat gca	816
Glu Asn Ser Lys Tyr Ala Thr Gly Glu Tyr Phe Asp Asp Phe Asp Ala	
260 265 270	
aac gac ttc gca cca aag tcc gag aag gtc aag gaa ctc ttt gcc aag	864
Asn Asp Phe Ala Pro Lys Ser Asp Lys Val Lys Glu Leu Phe Ala Lys	
275 280 285	
tcg aac atc cac acc cca acc gtt gag gac tgg gct gcg ctg aag gcc	912
Ser Asn Ile His Thr Pro Thr Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala	
290 295 300	
gac gtg atg gag cac ggt ctg ttc aac cgt aac ctg caa gcg gtt cca	960
Asp Val Met Glu His Gly Leu Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro	
305 310 315 320	
cca acc ggt tcg atc tcc tac atc aac aac tcc acc tcg tcg atc cac	1008
Pro Thr Gly Ser Ile Ser Tyr Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His	
325 330 335	
cca atc gca tcc aag att gag atc cgc aag gaa ggc aag atc ggc cgc	1056
Pro Ile Ala Ser Lys Ile Glu Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg	
340 345 350	
gtt tac tac cca gct cca cac atg gac aat gac aac ctt gag tac ttc	1104
Val Tyr Tyr Pro Ala Pro His Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe	
355 360 365	
gag gac gcc tac gaa atc ggc tac gag aag atc att gac acc tac gct	1152
Glu Asp Ala Tyr Glu Ile Gly Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala	
370 375 380	

gtg gca acc aag tac gtt gac cag ggc ctg tca ctg acc ttg ttc ttc 1200
Val Ala Thr Lys Tyr Val Asp Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe

385 390 395 400

aag gac act gcc acc acc cgt gac atc aac cgt gcg cag atc tac gca 1248
Lys Asp Thr Ala Thr Thr Arg Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala

405 410 415

tgg cgc aag ggc atc aag acc ttg tac tac att cgc ctg cgc cag gtt 1296
Trp Arg Lys Gly Ile Lys Thr Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val

420 425 430

gct ctg gaa ggc act gaa gtt gac ggc tgc gtc agc tgc atg ctg 1341
Ala Leu Glu Gly Thr Glu Val Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu

435 440 445

taaaagcact taaaaatatac ccc 1364

<210> 1070
<211> 447
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 168
<223> Xaa = Ile or Met

<220>
<221> VARIANT
<222> 179
<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<400> 1070
Ser Phe Leu Asp Thr Lys Arg Glu Asn Ala Asp Glu Lys Ile Arg Ile
1 5 10 15

Lys Thr Leu Ser Leu Gly Val Val Ile Pro Asp Ile Thr Phe Glu Leu
20 25 30

Ala Lys Arg Asn Asp Asp Met Tyr Leu Phe Ser Pro Tyr Asp Val Glu

35 40 45
 Arg Ile Tyr Gly Lys Pro Phe Ala Asp Val Ser Ile Thr Glu His Tyr
 50 55 60
 Asp Glu Met Val Asp Asp Asp Arg Ile Arg Lys Thr Lys Ile Asn Ala
 65 70 75 80
 Arg Gln Phe Phe Gln Thr Leu Ala Glu Ile Gln Phe Glu Ser Gly Tyr
 85 90 95
 Pro Tyr Ile Met Tyr Glu Asp Thr Val Asn Ala Ser Asn Pro Ile Glu
 100 105 110
 Gly Arg Ile Thr His Ser Asn Leu Cys Ser Glu Ile Leu Gln Val Ser
 115 120 125
 Thr Pro Ser Glu Phe Asn Asp Asp Leu Thr Tyr Ala Glu Val Gly Glu
 130 135 140
 Asp Ile Ser Cys Asn Leu Gly Ser Leu Asn Val Ala Met Ala Met Asp
 145 150 155 160
 Ala Pro Asn Phe Glu Lys Thr Xaa Glu Thr Glu Ile Arg Gly Leu Thr
 165 170 175
 Ala Val Xaa Glu Gln Thr Ser Ile Asp Ser Val Pro Ser Ile Arg Lys
 180 185 190
 Gly Asn Glu Ala Ala His Ala Ile Gly Leu Gly Gln Met Asn Leu His
 195 200 205
 Gly Tyr Phe Gly Arg Glu His Met His Tyr Gly Ser Glu Glu Ala Leu
 210 215 220
 Asp Phe Thr Asn Ala Tyr Phe Ala Ala Val Leu Tyr Gln Cys Leu Arg
 225 230 235 240
 Ala Ser Asn Gln Ile Ala Thr Glu Arg Gly Glu Arg Phe Lys Asn Phe
 245 250 255
 Glu Asn Ser Lys Tyr Ala Thr Gly Glu Tyr Phe Asp Asp Phe Asp Ala

260	265	270
Asn Asp Phe Ala Pro Lys Ser Asp Lys Val Lys Glu Leu Phe Ala Lys		
275	280	285
Ser Asn Ile His Thr Pro Thr Val Glu Asp Trp Ala Ala Leu Lys Ala		
290	295	300
Asp Val Met Glu His Gly Leu Phe Asn Arg Asn Leu Gln Ala Val Pro		
305	310	315
Pro Thr Gly Ser Ile Ser Tyr Ile Asn Asn Ser Thr Ser Ser Ile His		
325	330	335
Pro Ile Ala Ser Lys Ile Glu Ile Arg Lys Glu Gly Lys Ile Gly Arg		
340	345	350
Val Tyr Tyr Pro Ala Pro His Met Asp Asn Asp Asn Leu Glu Tyr Phe		
355	360	365
Glu Asp Ala Tyr Glu Ile Gly Tyr Glu Lys Ile Ile Asp Thr Tyr Ala		
370	375	380
Val Ala Thr Lys Tyr Val Asp Gln Gly Leu Ser Leu Thr Leu Phe Phe		
385	390	395
Lys Asp Thr Ala Thr Thr Arg Asp Ile Asn Arg Ala Gln Ile Tyr Ala		
405	410	415
Trp Arg Lys Gly Ile Lys Thr Leu Tyr Tyr Ile Arg Leu Arg Gln Val		
420	425	430
Ala Leu Glu Gly Thr Glu Val Asp Gly Cys Val Ser Cys Met Leu		
435	440	445

<210> 1071

<211> 1125

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1102)

<223> RXN01920

<400> 1071

cttctgaagg gcttcggttg gggtaagctg gcgatctgaa atcgcgctgc attgtggcgt 60

cgaaaagcaa aaaaatttgt agaagggaag agcgcaccta atg gct gct gat tct 115
Met Ala Ala Asp Ser

1 5

gat ctc agt gtt cac gat gct tac tta aag gag cat gtt gca cct gta 163
Asp Leu Ser Val His Asp Ala Tyr Leu Lys Glu His Val Ala Pro Val

10 15 20

aag gcg atc aac tgg aac tcc atc cca gat tcc aaa gat ctt gaa gtc 211
Lys Ala Ile Asn Trp Asn Ser Ile Pro Asp Ser Lys Asp Leu Glu Val

25 30 35

tgg gat cgt ctg acc ggt aac ttc tgg ctc cca gaa aag gtc cca gta 259
Trp Asp Arg Leu Thr Gly Asn Phe Trp Leu Pro Glu Lys Val Pro Val

40 45 50

tcc aac gac atc aag agc tgg gga acc ctc aac gag gtt gaa aaa gcc 307
Ser Asn Asp Ile Lys Ser Trp Gly Thr Leu Asn Glu Val Glu Lys Ala

55 60 65

gca acc atg cgc gtg ttc acc gga ctt acc ctg ctg gac acc att cag 355
Ala Thr Met Arg Val Phe Thr Gly Leu Thr Leu Leu Asp Thr Ile Gln

70 75 80 85

ggc act gtc ggc gca atc tcc ctg ctt cca gac gca gat tca ctg cac 403
Gly Thr Val Gly Ala Ile Ser Leu Leu Pro Asp Ala Asp Ser Leu His

90 95 100

gaa gaa gcg gtg cta acc aac att gcg ttc atg gaa tcc gtg cac gca 451
Glu Glu Ala Val Leu Thr Asn Ile Ala Phe Met Glu Ser Val His Ala

105 110 115

aag agt tac tcc aac atc ttc atg act ctg gcc tcc acc gcg gaa atc 499
Lys Ser Tyr Ser Asn Ile Phe Met Thr Leu Ala Ser Thr Ala Glu Ile

120	125	130	
aac gat gcg ttc cgt tgg tct gag gaa aat gaa aac ctg cag cgc aag			547
Asn Asp Ala Phe Arg Trp Ser Glu Glu Asn Glu Asn Leu Gln Arg Lys			
135	140	145	
gca aag atc atc ctg tct tac tat gag ggc gat gat cca cta aag cgc			595
Ala Lys Ile Ile Leu Ser Tyr Tyr Glu Gly Asp Asp Pro Leu Lys Arg			
150	155	160	165
aag atc gcc tcc gtg atc ctg gag tcc ttc ctg ttc tac tcc ggc ttc			643
Lys Ile Ala Ser Val Ile Leu Glu Ser Phe Leu Phe Tyr Ser Gly Phe			
170	175	180	
tac ctc cca atg tat tgg tcc agc cac tcc aag ctg gcc aac acc gcc			691
Tyr Leu Pro Met Tyr Trp Ser Ser His Ser Lys Leu Ala Asn Thr Ala			
185	190	195	
gac gtg atc cgc ctg atc atc cgc gat gag gca gtg cac ggc tac tac			739
Asp Val Ile Arg Leu Ile Ile Arg Asp Glu Ala Val His Gly Tyr Tyr			
200	205	210	
att ggc tac aag tat caa aag gct gtc gcg aag gag act cca gag cgt			787
Ile Gly Tyr Lys Tyr Gln Lys Ala Val Ala Lys Glu Thr Pro Glu Arg			
215	220	225	
cag gaa gag ctg aag gag tac acc ttc gat ctg ctc tac gat ctt tac			835
Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu Leu Tyr Asp Leu Tyr			
230	235	240	245
gat aac gaa act cag tac tcc gaa gat ctc tac gac gat ctt gga tgg			883
Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr Asp Asp Leu Gly Trp			
250	255	260	
acc gag gat gtt aag cga ttc ctt cgc tac aac gcc aac aag gcc ctc			931
Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn Ala Asn Lys Ala Leu			
265	270	275	
aac aac ctt ggc tac gaa gga ctc ttc cca gcg gat gaa acc aag gtg			979
Asn Asn Leu Gly Tyr Glu Gly Leu Phe Pro Ala Asp Glu Thr Lys Val			

280	285	290	
tcc cca aac atc ttg tct gcg ctg tca cca aac gct gat gag aac cac	1027		
Ser Pro Asn Ile Leu Ser Ala Leu Ser Pro Asn Ala Asp Glu Asn His			
295	300	305	
gac ttc ttc tcc ggc tcc ggt tcc tct tac gtt att ggt aag gca gaa	1075		
Asp Phe Phe Ser Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Val Ile Gly Lys Ala Glu			
310	315	320	325
aac acc gag gat gat gac tgg gac ttc taacttttaa aaagctgaag	1122		
Asn Thr Glu Asp Asp Asp Trp Asp Phe			
330			
cgc	1125		
<210>	1072		
<211>	334		
<212>	PRT		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<400>	1072		
Met Ala Ala Asp Ser Asp Leu Ser Val His Asp Ala Tyr Leu Lys Glu			
1 5 10 15			
His Val Ala Pro Val Lys Ala Ile Asn Trp Asn Ser Ile Pro Asp Ser			
20 25 30			
Lys Asp Leu Glu Val Trp Asp Arg Leu Thr Gly Asn Phe Trp Leu Pro			
35 40 45			
Glu Lys Val Pro Val Ser Asn Asp Ile Lys Ser Trp Gly Thr Leu Asn			
50 55 60			
Glu Val Glu Lys Ala Ala Thr Met Arg Val Phe Thr Gly Leu Thr Leu			
65 70 75 80			
Leu Asp Thr Ile Gln Gly Thr Val Gly Ala Ile Ser Leu Leu Pro Asp			
85 90 95			
Ala Asp Ser Leu His Glu Glu Ala Val Leu Thr Asn Ile Ala Phe Met			

100	105	110
Glu Ser Val His Ala Lys Ser Tyr Ser Asn Ile Phe Met Thr Leu Ala		
115	120	125
Ser Thr Ala Glu Ile Asn Asp Ala Phe Arg Trp Ser Glu Glu Asn Glu		
130	135	140
Asn Leu Gln Arg Lys Ala Lys Ile Ile Leu Ser Tyr Tyr Glu Gly Asp		
145	150	155
Asp Pro Leu Lys Arg Lys Ile Ala Ser Val Ile Leu Glu Ser Phe Leu		
165	170	175
Phe Tyr Ser Gly Phe Tyr Leu Pro Met Tyr Trp Ser Ser His Ser Lys		
180	185	190
Leu Ala Asn Thr Ala Asp Val Ile Arg Leu Ile Ile Arg Asp Glu Ala		
195	200	205
Val His Gly Tyr Tyr Ile Gly Tyr Lys Tyr Gln Lys Ala Val Ala Lys		
210	215	220
Glu Thr Pro Glu Arg Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu		
225	230	235
Leu Tyr Asp Leu Tyr Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr		
245	250	255
Asp Asp Leu Gly Trp Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn		
260	265	270
Ala Asn Lys Ala Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Glu Gly Leu Phe Pro Ala		
275	280	285
Asp Glu Thr Lys Val Ser Pro Asn Ile Leu Ser Ala Leu Ser Pro Asn		
290	295	300
Ala Asp Glu Asn His Asp Phe Phe Ser Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Val		
305	310	315
Ile Gly Lys Ala Glu Asn Thr Glu Asp Asp Asp Trp Asp Phe		

325

330

<210> 1073
<211> 437
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(414)
<223> FRXA01920

<400> 1073
gcc gac gtg atc cgc ctg atc atc cgc gat gag gca gtg cac ggc tac 48
Ala Asp Val Ile Arg Leu Ile Ile Arg Asp Glu Ala Val His Gly Tyr

1 5 10 15

tac att ggc tac aag tat caa aag gct gtc gcg aag gag act cca gag 96
Tyr Ile Gly Tyr Lys Tyr Gln Lys Ala Val Ala Lys Glu Thr Pro Glu

20 25 30

cgt cag gaa gag ctg aag gag tac acc ttc gat ctg ctc tac gat ctt 144
Arg Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu Leu Tyr Asp Leu

35 40 45

tac gat aac gaa act cag tac tcc gaa gat ctc tac gac gat ctt gga 192
Tyr Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr Asp Asp Leu Gly

50 55 60

tgg acc gag gat gtt aag cga ttc ctt cgc tac aac gcc aac aag gcc 240
Trp Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn Ala Asn Lys Ala

65 70 75 80

ctc aac aac ctt ggc tac gaa gga ctc ttc cca gcg gat gaa acc aag 288
Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Glu Gly Leu Phe Pro Ala Asp Glu Thr Lys

85 90 95

gtg tcc cca aac atc ttg tct gcg ctg tca cca aac gct gat gag aac 336
Val Ser Pro Asn Ile Leu Ser Ala Leu Ser Pro Asn Ala Asp Glu Asn

100 105 110

cac gac ttc ttc tcc ggc tcc ggt tcc tct tac gtt att ggt aag gca 384
His Asp Phe Phe Ser Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Val Ile Gly Lys Ala

115 120 125

gaa aac acc gag gat gat gac tgg gac ttc taacttttaa aaagctgaag 434
Glu Asn Thr Glu Asp Asp Asp Trp Asp Phe

130 135

cgc 437

<210> 1074

<211> 138

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1074

Ala Asp Val Ile Arg Leu Ile Ile Arg Asp Glu Ala Val His Gly Tyr
1 5 10 15

Tyr Ile Gly Tyr Lys Tyr Gln Lys Ala Val Ala Lys Glu Thr Pro Glu
20 25 30

Arg Gln Glu Glu Leu Lys Glu Tyr Thr Phe Asp Leu Leu Tyr Asp Leu
35 40 45

Tyr Asp Asn Glu Thr Gln Tyr Ser Glu Asp Leu Tyr Asp Asp Leu Gly
50 55 60

Trp Thr Glu Asp Val Lys Arg Phe Leu Arg Tyr Asn Ala Asn Lys Ala
65 70 75 80

Leu Asn Asn Leu Gly Tyr Glu Gly Leu Phe Pro Ala Asp Glu Thr Lys
85 90 95

Val Ser Pro Asn Ile Leu Ser Ala Leu Ser Pro Asn Ala Asp Glu Asn
100 105 110

His Asp Phe Phe Ser Gly Ser Gly Ser Ser Tyr Val Ile Gly Lys Ala
115 120 125

Glu Asn Thr Glu Asp Asp Asp Trp Asp Phe

130

135

<210> 1075
<211> 567
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(544)
<223> RXA01080

<400> 1075
ttcagttctt cccttcaacg cccttgaagg gggaaactga taccagcaag cacactaggc 60

ttgcgcacaa acggtattta gaagggaagt gagttcgagg atg cta atc gtg tat 115
Met Leu Ile Val Tyr

1 5

ttt tcc tcg gcc acc gac aac acg cat cgt ttt gta caa aag ctc gat 163
Phe Ser Ser Ala Thr Asp Asn Thr His Arg Phe Val Gln Lys Leu Asp

10 15 20

tta ccc aac gtg cgc atc ccc ctc act agg gtg gaa gaa ccg ctg aaa 211
Leu Pro Asn Val Arg Ile Pro Leu Thr Arg Val Glu Glu Pro Leu Lys

25 30 35

atc aac gag ccc tac gtg cta atc acc ccg acc tat ggt ggt gga gtc 259
Ile Asn Glu Pro Tyr Val Leu Ile Thr Pro Thr Tyr Gly Gly Gly Val

40 45 50

tcc atg act gga gaa aac tcc cgc ccg gtc cca cca caa gtc atc agg 307
Ser Met Thr Gly Glu Asn Ser Arg Pro Val Pro Pro Gln Val Ile Arg

55 60 65

ttt tta aat gat gaa cac aac cgc agc ttc atc agg gca gtt gtt gca 355
Phe Leu Asn Asp Glu His Asn Arg Ser Phe Ile Arg Ala Val Val Ala

70 75 80 85

ggt gga aac tca aac ttc ggc tcc gat ttt ggg ttg gca ggc gag atc 403
Gly Gly Asn Ser Asn Phe Gly Ser Asp Phe Gly Leu Ala Gly Glu Ile

90 95 100
att tcc aag aaa tgt aaa gtg ccc tat gtc tac cgt ttc gag ctc atg 451
Ile Ser Lys Lys Cys Lys Val Pro Tyr Val Tyr Arg Phe Glu Leu Met

105 110 115
ggc aat gag gaa gat gta agt atc ctt cgt gga ggt ctt act caa aac 499
Gly Asn Glu Glu Asp Val Ser Ile Leu Arg Gly Gly Leu Thr Gln Asn

120 125 130
gcc caa gct ttg ggg ctg gaa cca caa gaa cca gtt acc tcg cga 544
Ala Gln Ala Leu Gly Leu Glu Pro Gln Glu Pro Val Thr Ser Arg

135 140 145
taaaccttaa aacttaatca atc 567

<210> 1076
<211> 148
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1076
Met Leu Ile Val Tyr Phe Ser Ser Ala Thr Asp Asn Thr His Arg Phe
1 5 10 15

Val Gln Lys Leu Asp Leu Pro Asn Val Arg Ile Pro Leu Thr Arg Val
20 25 30

Glu Glu Pro Leu Lys Ile Asn Glu Pro Tyr Val Leu Ile Thr Pro Thr
35 40 45

Tyr Gly Gly Gly Val Ser Met Thr Gly Glu Asn Ser Arg Pro Val Pro
50 55 60

Pro Gln Val Ile Arg Phe Leu Asn Asp Glu His Asn Arg Ser Phe Ile
65 70 75 80

Arg Ala Val Val Ala Gly Gly Asn Ser Asn Phe Gly Ser Asp Phe Gly
85 90 95

Leu Ala Gly Glu Ile Ile Ser Lys Lys Cys Lys Val Pro Tyr Val Tyr

100	105	110	
Arg Phe Glu Leu Met Gly Asn Glu Glu Asp Val Ser Ile Leu Arg Gly			
115	120	125	
Gly Leu Thr Gln Asn Ala Gln Ala Leu Gly Leu Glu Pro Gln Glu Pro			
130	135	140	
Val Thr Ser Arg			
145			
<210> 1077			
<211> 650			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(627)			
<223> RXA00867			
<400> 1077			
ttc ggc gac atg gac ttc aag gtt gcc ggc acc gca gac ttc atc acc	48		
Phe Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Ala Asp Phe Ile Thr			
1	5	10	15
gca ctt cag ctg gac acc aag ctg gac ggc att cct tcc aag gtg ctc	96		
Ala Leu Gln Leu Asp Thr Lys Leu Asp Gly Ile Pro Ser Lys Val Leu			
20	25	30	
tcc gat gcg ctt gag cag gca cgc gat gcc cga ctg acc atc ctg aac	144		
Ser Asp Ala Leu Glu Gln Ala Arg Asp Ala Arg Leu Thr Ile Leu Asn			
35	40	45	
acc atg gct gat gtc atc aac gga cct gat gag atg agc aag ttc gct	192		
Thr Met Ala Asp Val Ile Asn Gly Pro Asp Glu Met Ser Lys Phe Ala			
50	55	60	
cct cgc atc acc acc gtg aag atc cca gtg gca aag atc ggt gag ctg	240		
Pro Arg Ile Thr Thr Val Lys Ile Pro Val Ala Lys Ile Gly Glu Leu			

65	70	75	80	
atc gga cca aag ggt aag aac atc aac gct ctt acc gaa gag acc ggc				288
Ile Gly Pro Lys Gly Lys Asn Ile Asn Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly				
	85	90	95	
gca aac atc tcc atc gaa gat gac ggc acc gtg ttc atc tct gca gct				336
Ala Asn Ile Ser Ile Glu Asp Asp Gly Thr Val Phe Ile Ser Ala Ala				
	100	105	110	
gac ggc gca tct gct gaa gcg gcg atc gaa aag atc aac gct ctg gcg				384
Asp Gly Ala Ser Ala Glu Ala Ala Ile Glu Lys Ile Asn Ala Leu Ala				
	115	120	125	
aac cca cag ctg cca aag gtt ggc gag cgc ttc ctc gga acc gtc gtc				432
Asn Pro Gln Leu Pro Lys Val Gly Glu Arg Phe Leu Gly Thr Val Val				
	130	135	140	
aag acc acc gca ttc gga gca ttc gtt tcc ttg ctc cca ggc cgc gac				480
Lys Thr Thr Ala Phe Gly Ala Phe Val Ser Leu Leu Pro Gly Arg Asp				
	145	150	155	160
ggc ctt gtt cac atc tcc aag ctg ggt aac ggc aag cga gta gaa aag				528
Gly Leu Val His Ile Ser Lys Leu Gly Asn Gly Lys Arg Val Glu Lys				
	165	170	175	
gtc gac gat gtg gtg aag gtt ggc gag aag att cag gtc gaa atc gct				576
Val Asp Asp Val Val Lys Val Gly Glu Lys Ile Gln Val Glu Ile Ala				
	180	185	190	
gac atc gac aac cgc ggc aag atc tcc ttg gtc cca gtt gtt gaa gag				624
Asp Ile Asp Asn Arg Gly Lys Ile Ser Leu Val Pro Val Val Glu Glu				
	195	200	205	
gac taattagttc tggctagatc ggg				650
Asp				

<210> 1078

<211> 209

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1078

Phe Gly Asp Met Asp Phe Lys Val Ala Gly Thr Ala Asp Phe Ile Thr
1 5 10 15

Ala Leu Gln Leu Asp Thr Lys Leu Asp Gly Ile Pro Ser Lys Val Leu
20 25 30

Ser Asp Ala Leu Glu Gln Ala Arg Asp Ala Arg Leu Thr Ile Leu Asn
35 40 45

Thr Met Ala Asp Val Ile Asn Gly Pro Asp Glu Met Ser Lys Phe Ala
50 55 60

Pro Arg Ile Thr Thr Val Lys Ile Pro Val Ala Lys Ile Gly Glu Leu
65 70 75 80

Ile Gly Pro Lys Gly Lys Asn Ile Asn Ala Leu Thr Glu Glu Thr Gly
85 90 95

Ala Asn Ile Ser Ile Glu Asp Asp Gly Thr Val Phe Ile Ser Ala Ala
100 105 110

Asp Gly Ala Ser Ala Glu Ala Ala Ile Glu Lys Ile Asn Ala Leu Ala
115 120 125

Asn Pro Gln Leu Pro Lys Val Gly Glu Arg Phe Leu Gly Thr Val Val
130 135 140

Lys Thr Thr Ala Phe Gly Ala Phe Val Ser Leu Leu Pro Gly Arg Asp
145 150 155 160

Gly Leu Val His Ile Ser Lys Leu Gly Asn Gly Lys Arg Val Glu Lys
165 170 175

Val Asp Asp Val Val Lys Val Gly Glu Lys Ile Gln Val Glu Ile Ala
180 185 190

Asp Ile Asp Asn Arg Gly Lys Ile Ser Leu Val Pro Val Val Glu Glu
195 200 205

Asp

<210> 1079
 <211> 630
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(630)
 <223> RXA01416

<400> 1079
 gct ggc gct tcc gaa aac gtt gtc aac cgc gtc aag gac ggt gca cca 48
 Ala Gly Ala Ser Glu Asn Val Val Asn Arg Val Lys Asp Gly Ala Pro
 1 5 10 15
 gca cca acc gaa aag atc gtc tcc gac ggc ctt gaa gca gct aag cca 96
 Ala Pro Thr Glu Lys Ile Val Ser Asp Gly Leu Glu Ala Ala Lys Pro
 20 25 30
 ttc atc gac atc ctg tgc cgc gca cag gaa ggt ctg gca cag cgc gtt 144
 Phe Ile Asp Ile Leu Cys Arg Ala Gln Glu Gly Leu Ala Gln Arg Val
 35 40 45
 gga aac gca gcc aag gaa ttc cca ctg ttc cct cca tac acc gac gag 192
 Gly Asn Ala Ala Lys Glu Phe Pro Leu Phe Pro Pro Tyr Thr Asp Glu
 50 55 60
 gtg tac tcc gca gtg gag cgc aag gta tcc aag aag cta gct tct ttg 240
 Val Tyr Ser Ala Val Glu Arg Lys Val Ser Lys Lys Leu Ala Ser Leu
 65 70 75 80
 ctg acc ctg aag gca aag caa gag cgc gac gac gct acc aac gcc tac 288
 Leu Thr Leu Lys Ala Lys Gln Glu Arg Asp Asp Ala Thr Asn Ala Tyr
 85 90 95
 atg gaa gaa atc gaa gcc gaa ctg ctt cca aag ttc gag gct tcc tac 336
 Met Glu Glu Ile Glu Ala Glu Leu Leu Pro Lys Phe Glu Ala Ser Tyr

100	105	110	
agc tca gca gct gaa gcg tcc aag gaa atc cgt gca gga tac aac gct 384			
Ser Ser Ala Ala Glu Ala Ser Lys Glu Ile Arg Ala Gly Tyr Asn Ala			
115	120	125	
gtc atg aag gcc atc gtg cgc cgc atg atc ctc acc gat cac ttc cgc 432			
Val Met Lys Ala Ile Val Arg Arg Met Ile Leu Thr Asp His Phe Arg			
130	135	140	
atc gac ggc cgc gga gtc acc gac atc cgt gac ctg gca gta gaa gtt 480			
Ile Asp Gly Arg Gly Val Thr Asp Ile Arg Asp Leu Ala Val Glu Val			
145	150	155	160
gag ctc atc cca cgt gcg cac ggt tcc tcc ctc ttc gag cgt ggc gag 528			
Glu Leu Ile Pro Arg Ala His Gly Ser Ser Leu Phe Glu Arg Gly Glu			
165	170	175	
acc cag atc ctt ggt gtc acc acc ctg gac atg ctc aag atg gaa cag 576			
Thr Gln Ile Leu Gly Val Thr Thr Leu Asp Met Leu Lys Met Glu Gln			
180	185	190	
caa atc gac tcc ctg gca cca ggc gat gcg aag cgc tac atg cac cac 624			
Gln Ile Asp Ser Leu Ala Pro Gly Asp Ala Lys Arg Tyr Met His His			
195	200	205	
tac aac 630			
Tyr Asn			
210			
<210> 1080			
<211> 210			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 1080			
Ala Gly Ala Ser Glu Asn Val Val Asn Arg Val Lys Asp Gly Ala Pro			
1	5	10	15
Ala Pro Thr Glu Lys Ile Val Ser Asp Gly Leu Glu Ala Ala Lys Pro			
20	25	30	

Phe Ile Asp Ile Leu Cys Arg Ala Gln Glu Gly Leu Ala Gln Arg Val
35 40 45

Gly Asn Ala Ala Lys Glu Phe Pro Leu Phe Pro Pro Tyr Thr Asp Glu
50 55 60

Val Tyr Ser Ala Val Glu Arg Lys Val Ser Lys Lys Leu Ala Ser Leu
65 70 75 80

Leu Thr Leu Lys Ala Lys Gln Glu Arg Asp Asp Ala Thr Asn Ala Tyr
85 90 95

Met Glu Glu Ile Glu Ala Glu Leu Leu Pro Lys Phe Glu Ala Ser Tyr
100 105 110

Ser Ser Ala Ala Glu Ala Ser Lys Glu Ile Arg Ala Gly Tyr Asn Ala
115 120 125

Val Met Lys Ala Ile Val Arg Arg Met Ile Leu Thr Asp His Phe Arg
130 135 140

Ile Asp Gly Arg Gly Val Thr Asp Ile Arg Asp Leu Ala Val Glu Val
145 150 155 160

Glu Leu Ile Pro Arg Ala His Gly Ser Ser Leu Phe Glu Arg Gly Glu
165 170 175

Thr Gln Ile Leu Gly Val Thr Thr Leu Asp Met Leu Lys Met Glu Gln
180 185 190

Gln Ile Asp Ser Leu Ala Pro Gly Asp Ala Lys Arg Tyr Met His His
195 200 205

Tyr Asn
210

<210> 1081

<211> 757

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(757)

<223> RXA01486

<400> 1081

agagaactgg taaggttttt accgttctag accgcagaaa tcttcgcggc gacaccgatg 60

atcgccgagc agaactaaac atgaggagac ctactcgcat atg agc gat gta aag 115
Met Ser Asp Val Lys

1 5

gac ttc gaa gac acc gaa ttt ggc ctg atc gag gcc gtc gca acc atc 163
Asp Phe Glu Asp Thr Glu Phe Gly Leu Ile Glu Ala Val Ala Thr Ile

10 15 20

gac aac ggt gac ttc gga acc cgc acc atc cgt ttt gaa acc ggc caa 211
Asp Asn Gly Asp Phe Gly Thr Arg Thr Ile Arg Phe Glu Thr Gly Gln

25 30 35

ctt gcc cgc cag gca gat ggt gca gtg acc acc tac ctc gac gat gac 259
Leu Ala Arg Gln Ala Asp Gly Ala Val Thr Thr Tyr Leu Asp Asp Asp

40 45 50

acg atg ctg ctg gca acc acc acc gca tcc aac cag cca cgc gag ggc 307
Thr Met Leu Leu Ala Thr Thr Thr Ala Ser Asn Gln Pro Arg Glu Gly

55 60 65

ttt gac ttc ttc cca ctg acc gtg gac gtt gaa gag cgt atg tac gca 355
Phe Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asp Val Glu Glu Arg Met Tyr Ala

70 75 80 85

gct ggt cgc atc cct ggc tct ttc ttc cgt cgg gag ggt cgc cca tcc 403
Ala Gly Arg Ile Pro Gly Ser Phe Phe Arg Arg Glu Gly Arg Pro Ser

90 95 100

acc gaa gct atc ctg gct tgc cgt ctc atc gac cgc cca ctg cgc cca 451
Thr Glu Ala Ile Leu Ala Cys Arg Leu Ile Asp Arg Pro Leu Arg Pro

105 110 115

acc ttt gtt aag ggc ctg cgc aat gag gtt cag atc gtt gtc acc gtc 499

Thr Phe Val Lys Gly Leu Arg Asn Glu Val Gln Ile Val Val Thr Val

120 125 130

atg tcc atg aac cct gag gat tac tac gat gtc gta gca atc aac gga 547
Met Ser Met Asn Pro Glu Asp Tyr Tyr Asp Val Val Ala Ile Asn Gly

135 140 145

gct tcc gca gca acc cgc atc tcc gga ctt cct gtc tcc ggc gct gtc 595
Ala Ser Ala Ala Thr Arg Ile Ser Gly Leu Pro Val Ser Gly Ala Val

150 155 160 165

ggc ggc gtt cgc atg gca ctg gtt ggt gat gaa aag cac cca gaa ggc 643
Gly Gly Val Arg Met Ala Leu Val Gly Asp Glu Lys His Pro Glu Gly

170 175 180

caa tgg gtt gca ttc cca acc cac gct caa cat gag cag tcc gta ttt 691
Gln Trp Val Ala Phe Pro Thr His Ala Gln His Glu Gln Ser Val Phe

185 190 195

gaa atc gtt gtg gct ggt cgc ctc gtc gag cgc aag cgc ggc aac aag 739
Glu Ile Val Val Ala Gly Arg Leu Val Glu Arg Lys Arg Gly Asn Lys

200 205 210

acc ttc tcc gac gtc gca 757
Thr Phe Ser Asp Val Ala

215

<210> 1082

<211> 219

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1082

Met Ser Asp Val Lys Asp Phe Glu Asp Thr Glu Phe Gly Leu Ile Glu
1 5 10 15

Ala Val Ala Thr Ile Asp Asn Gly Asp Phe Gly Thr Arg Thr Ile Arg
20 25 30

Phe Glu Thr Gly Gln Leu Ala Arg Gln Ala Asp Gly Ala Val Thr Thr

35 40 45
 Tyr Leu Asp Asp Asp Thr Met Leu Leu Ala Thr Thr Thr Ala Ser Asn
 50 55 60
 Gln Pro Arg Glu Gly Phe Asp Phe Phe Pro Leu Thr Val Asp Val Glu
 65 70 75 80
 Glu Arg Met Tyr Ala Ala Gly Arg Ile Pro Gly Ser Phe Phe Arg Arg
 85 90 95
 Glu Gly Arg Pro Ser Thr Glu Ala Ile Leu Ala Cys Arg Leu Ile Asp
 100 105 110
 Arg Pro Leu Arg Pro Thr Phe Val Lys Gly Leu Arg Asn Glu Val Gln
 115 120 125
 Ile Val Val Thr Val Met Ser Met Asn Pro Glu Asp Tyr Tyr Asp Val
 130 135 140
 Val Ala Ile Asn Gly Ala Ser Ala Ala Thr Arg Ile Ser Gly Leu Pro
 145 150 155 160
 Val Ser Gly Ala Val Gly Gly Val Arg Met Ala Leu Val Gly Asp Glu
 165 170 175
 Lys His Pro Glu Gly Gln Trp Val Ala Phe Pro Thr His Ala Gln His
 180 185 190
 Glu Gln Ser Val Phe Glu Ile Val Val Ala Gly Arg Leu Val Glu Arg
 195 200 205
 Lys Arg Gly Asn Lys Thr Phe Ser Asp Val Ala
 210 215

<210> 1083

<211> 651

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(628)

<223> RXA01678

<400> 1083

tattgtccag ggcaggaaa atatctcata gttcaacatc gcaaatatca ccgacttcca 60

cggttatatc tctgcaactg cagctcaccc cggtgcagca atg ctg aaa tgt gca 115
Met Leu Lys Cys Ala

1 5

gtc gat gaa gcc gct ggc gga cgc gcc caa gct ttc gta tcc tca ggc 163
Val Asp Glu Ala Ala Gly Gly Arg Ala Gln Ala Phe Val Ser Ser Gly

10 15 20

gat aac att ggt ggc agc ccg ttc caa tcc tcc att ctt ggt gat gaa 211
Asp Asn Ile Gly Gly Ser Pro Phe Gln Ser Ser Ile Leu Gly Asp Glu

25 30 35

ccc acc ttg gaa gca ctc aac caa atg ggt ctt gat tac tca gca gtg 259
Pro Thr Leu Glu Ala Leu Asn Gln Met Gly Leu Asp Tyr Ser Ala Val

40 45 50

ggc aac cac gaa ttt gat aaa ggc tac gca gac tta agc agt cga gtc 307
Gly Asn His Glu Phe Asp Lys Gly Tyr Ala Asp Leu Ser Ser Arg Val

55 60 65

gct gac ctt gct gat ttt gat tat ctc ggc gca aac gtt gag ggc gaa 355
Ala Asp Leu Ala Asp Phe Asp Tyr Leu Gly Ala Asn Val Glu Gly Glu

70 75 80 85

aac cca gat ctt gca cca tat gga att tct cac ctt gat ggt gtg aag 403
Asn Pro Asp Leu Ala Pro Tyr Gly Ile Ser His Leu Asp Gly Val Lys

90 95 100

gtt gct ttc gta ggc acc gta tcc caa gaa act ccg atg ttg gtc aat 451
Val Ala Phe Val Gly Thr Val Ser Gln Glu Thr Pro Met Leu Val Asn

105 110 115

tct gaa ggc att gag gga atc acg ttt act gac cca ctt gaa gca acc 499
Ser Glu Gly Ile Glu Gly Ile Thr Phe Thr Asp Pro Leu Glu Ala Thr

120 125 130

aac cgt gta gct gat gaa ctc gtg gga agt ggc gca gca gat gtt gtc 547
Asn Arg Val Ala Asp Glu Leu Val Gly Ser Gly Ala Ala Asp Val Val

135 140 145

gtt gcg ctt tac cac gaa ggc att acc ggc acc gaa gca tgg tca gaa 595
Val Ala Leu Tyr His Glu Gly Ile Thr Gly Thr Glu Ala Trp Ser Glu

150 155 160 165

aat atc gac gtt gtt ttc gca ggt cac acc cac taagttcgtg atctaggaac 648
Asn Ile Asp Val Val Phe Ala Gly His Thr His

170 175

cga 651

<210> 1084
<211> 176
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1084
Met Leu Lys Cys Ala Val Asp Glu Ala Ala Gly Gly Arg Ala Gln Ala
1 5 10 15

Phe Val Ser Ser Gly Asp Asn Ile Gly Gly Ser Pro Phe Gln Ser Ser
20 25 30

Ile Leu Gly Asp Glu Pro Thr Leu Glu Ala Leu Asn Gln Met Gly Leu
35 40 45

Asp Tyr Ser Ala Val Gly Asn His Glu Phe Asp Lys Gly Tyr Ala Asp
50 55 60

Leu Ser Ser Arg Val Ala Asp Leu Ala Asp Phe Asp Tyr Leu Gly Ala
65 70 75 80

Asn Val Glu Gly Glu Asn Pro Asp Leu Ala Pro Tyr Gly Ile Ser His
85 90 95

Leu Asp Gly Val Lys Val Ala Phe Val Gly Thr Val Ser Gln Glu Thr

100 105 110
Pro Met Leu Val Asn Ser Glu Gly Ile Glu Gly Ile Thr Phe Thr Asp
115 120 125

Pro Leu Glu Ala Thr Asn Arg Val Ala Asp Glu Leu Val Gly Ser Gly
130 135 140

Ala Ala Asp Val Val Val Ala Leu Tyr His Glu Gly Ile Thr Gly Thr
145 150 155 160

Glu Ala Trp Ser Glu Asn Ile Asp Val Val Phe Ala Gly His Thr His
165 170 175

<210> 1085
<211> 1359
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1336)
<223> RXA01679

<400> 1085
cattaccggc accgaagcat ggtcagaaaa tatcgacgtt gttttcgag gtcacaccca 60

ctaagttcgt gatctaggaa cgcacaacgg tccactaatc atg cag tct gga aac 115
Met Gln Ser Gly Asn

1 5

tac ggg cac gca ctt gcc gat gta gat ttc agc ttc aac cac gac acc 163
Tyr Gly His Ala Leu Ala Asp Val Asp Phe Ser Phe Asn His Asp Thr

10 15 20

ggt gag ctc acc gta gat gat gcc cgc atg ctc gga gtc gac gat atc 211
Gly Glu Leu Thr Val Asp Asp Ala Arg Met Leu Gly Val Asp Asp Ile

25 30 35

aac gcg tgt gaa aac cca gat gac acc att gca gat att gtt gct cag 259

Asn Ala Cys Glu Asn Pro Asp Asp Thr Ile Ala Asp Ile Val Ala Gln
40 45 50

gcg gaa ctt gat gct ggt gaa gcc ggc aaa gaa gta gta gcg acc atc 307
Ala Glu Leu Asp Ala Gly Glu Ala Gly Lys Glu Val Val Ala Thr Ile

55 60 65

gat ggc gat ttt ctc cgc gcc agc gac gaa gga gca gaa tct ggc tcc 355
Asp Gly Asp Phe Leu Arg Ala Ser Asp Glu Gly Ala Glu Ser Gly Ser

70 75 80 85

aac tac ggc gct gaa tcc cag ctc gtc aac atg att gcc agt gct gtg 403
Asn Tyr Gly Ala Glu Ser Gln Leu Val Asn Met Ile Ala Ser Ala Val

90 95 100

cgt tgg tcc atg tcc acc aat acc gcc acc acc gca gac att ggg ctt 451
Arg Trp Ser Met Ser Thr Asn Thr Ala Thr Thr Ala Asp Ile Gly Leu

105 110 115

atg aac gcc gga gga ctc cac act gac cta ttc agc ggc gat gtt acc 499
Met Asn Ala Gly Gly Leu His Thr Asp Leu Phe Ser Gly Asp Val Thr

120 125 130

tac gcc gaa gct ttt gaa atc cag cct ttc tcc ggt gaa gat tca ttt 547
Tyr Ala Glu Ala Phe Glu Ile Gln Pro Phe Ser Gly Glu Asp Ser Phe

135 140 145

gtc acc ctc aag gga tca gtc ttc aaa gat gcc ctt gac cag cag tgg 595
Val Thr Leu Lys Gly Ser Val Phe Lys Asp Ala Leu Asp Gln Gln Trp

150 155 160 165

gaa gaa ggt tct gca cga cca gtg gca gca ctt ggc gta tcc gac aac 643
Glu Glu Gly Ser Ala Arg Pro Val Ala Ala Leu Gly Val Ser Asp Asn

170 175 180

gtt tcc tac acc tac gac atc aac cgt cca atc ggt gac cgc gtc act 691
Val Ser Tyr Thr Tyr Asp Ile Asn Arg Pro Ile Gly Asp Arg Val Thr

185 190 195

tcc gtg acc att gat gat acc cca ctt gat ccg gaa cgc gac tac gtt 739

Ser Val Thr Ile Asp Asp Thr Pro Leu Asp Pro Glu Arg Asp Tyr Val	
200	205
210	
gtt gca gct tcc ctg tac ctc cag tcc ggc aac gaa ggt atg acc gca	787
Val Ala Ala Ser Leu Tyr Leu Gln Ser Gly Asn Glu Gly Met Thr Ala	
215	220
225	
ctg acc cgc gga acc gca cct gca caa acc ggc atc gtg gat gta cag	835
Leu Thr Arg Gly Thr Ala Pro Ala Gln Thr Gly Ile Val Asp Val Gln	
230	235
240	245
tcc acc atc gga tac ttg tcc aac aac aat gtc acc cca cgt act ggt	883
Ser Thr Ile Gly Tyr Leu Ser Asn Asn Asn Val Thr Pro Arg Thr Gly	
250	255
260	
caa gcc cag att tcc atc acc cca tcc ggt gag ttc aat gcg ggt gaa	931
Gln Ala Gln Ile Ser Ile Thr Pro Ser Gly Glu Phe Asn Ala Gly Glu	
265	270
275	
acc atc acc ctt gac atg gca gga ctc cgc tac acc caa ggc gac act	979
Thr Ile Thr Leu Asp Met Ala Gly Leu Arg Tyr Thr Gln Gly Asp Thr	
280	285
290	
gcc acg gaa gta act gtc agc ctt cga gaa gaa att gtt tca gca cca	1027
Ala Thr Glu Val Thr Val Ser Leu Arg Glu Glu Ile Val Ser Ala Pro	
295	300
305	
att gat cct cag ctc gga gaa gct ggc ttt ggc gaa gct gga acc gcg	1075
Ile Asp Pro Gln Leu Gly Glu Ala Gly Phe Gly Glu Ala Gly Thr Ala	
310	315
320	325
aca gtg agc ttg gac att cct gca acc ctt tca ggt act caa aac ctc	1123
Thr Val Ser Leu Asp Ile Pro Ala Thr Leu Ser Gly Thr Gln Asn Leu	
330	335
340	
gtt gtc acc acc gat acc ggc acc cgt att tcc atg cca gtt gag att	1171
Val Val Thr Thr Asp Thr Gly Thr Arg Ile Ser Met Pro Val Glu Ile	
345	350
355	
gtt ggc gca gaa caa cca gca ccg caa cca gca ggt tcc tct gtt tta	1219

Val Gly Ala Glu Gln Pro Ala Pro Gln Pro Ala Gly Ser Ser Val Leu

360

365

370

gga act gga gtg ctc agt gga ctc ctc ggc att gtt gta gga att cta 1267
Gly Thr Gly Val Leu Ser Gly Leu Leu Gly Ile Val Val Gly Ile Leu

375

380

385

gga atg gtc ggt ctg gtg aac tgg att gac cca agc ttc att caa cag 1315
Gly Met Val Gly Leu Val Asn Trp Ile Asp Pro Ser Phe Ile Gln Gln

390

395

400

405

atc cag cag caa atc ttt gct taaatttagt aaaaagcatg cat 1359
Ile Gln Gln Gln Ile Phe Ala

410

<210> 1086

<211> 412

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1086

Met Gln Ser Gly Asn Tyr Gly His Ala Leu Ala Asp Val Asp Phe Ser
1 5 10 15

Phe Asn His Asp Thr Gly Glu Leu Thr Val Asp Asp Ala Arg Met Leu
20 25 30

Gly Val Asp Asp Ile Asn Ala Cys Glu Asn Pro Asp Asp Thr Ile Ala
35 40 45

Asp Ile Val Ala Gln Ala Glu Leu Asp Ala Gly Glu Ala Gly Lys Glu
50 55 60

Val Val Ala Thr Ile Asp Gly Asp Phe Leu Arg Ala Ser Asp Glu Gly
65 70 75 80

Ala Glu Ser Gly Ser Asn Tyr Gly Ala Glu Ser Gln Leu Val Asn Met
85 90 95

Ile Ala Ser Ala Val Arg Trp Ser Met Ser Thr Asn Thr Ala Thr Thr
100 105 110

Ala Asp Ile Gly Leu Met Asn Ala Gly Gly Leu His Thr Asp Leu Phe
115 120 125

Ser Gly Asp Val Thr Tyr Ala Glu Ala Phe Glu Ile Gln Pro Phe Ser
130 135 140

Gly Glu Asp Ser Phe Val Thr Leu Lys Gly Ser Val Phe Lys Asp Ala
145 150 155 160

Leu Asp Gln Gln Trp Glu Glu Gly Ser Ala Arg Pro Val Ala Ala Leu
165 170 175

Gly Val Ser Asp Asn Val Ser Tyr Thr Tyr Asp Ile Asn Arg Pro Ile
180 185 190

Gly Asp Arg Val Thr Ser Val Thr Ile Asp Asp Thr Pro Leu Asp Pro
195 200 205

Glu Arg Asp Tyr Val Val Ala Ala Ser Leu Tyr Leu Gln Ser Gly Asn
210 215 220

Glu Gly Met Thr Ala Leu Thr Arg Gly Thr Ala Pro Ala Gln Thr Gly
225 230 235 240

Ile Val Asp Val Gln Ser Thr Ile Gly Tyr Leu Ser Asn Asn Asn Val
245 250 255

Thr Pro Arg Thr Gly Gln Ala Gln Ile Ser Ile Thr Pro Ser Gly Glu
260 265 270

Phe Asn Ala Gly Glu Thr Ile Thr Leu Asp Met Ala Gly Leu Arg Tyr
275 280 285

Thr Gln Gly Asp Thr Ala Thr Glu Val Thr Val Ser Leu Arg Glu Glu
290 295 300

Ile Val Ser Ala Pro Ile Asp Pro Gln Leu Gly Glu Ala Gly Phe Gly
305 310 315 320

Glu Ala Gly Thr Ala Thr Val Ser Leu Asp Ile Pro Ala Thr Leu Ser

325 330 335

Gly Thr Gln Asn Leu Val Val Thr Thr Asp Thr Gly Thr Arg Ile Ser
340 345 350

Met Pro Val Glu Ile Val Gly Ala Glu Gln Pro Ala Pro Gln Pro Ala
355 360 365

Gly Ser Ser Val Leu Gly Thr Gly Val Leu Ser Gly Leu Leu Gly Ile
370 375 380

Val Val Gly Ile Leu Gly Met Val Gly Leu Val Asn Trp Ile Asp Pro
385 390 395 400

Ser Phe Ile Gln Gln Ile Gln Gln Gln Ile Phe Ala
405 410

<210> 1087
<211> 1071
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1048)
<223> RXN01488

<400> 1087
ccagcgctta aggccggtca ccggccatca agcttgctac atcggtgcc ttatgatggt 60

gccccacctt aaaaataaaa acctgaaagg ttaaaaacgc atg agc aaa aaa gcc 115
Met Ser Lys Lys Ala
1 5

atc ctt gat atc gac acc ggc atc gat gat gcc ctc gca ctt gcc tac 163
Ile Leu Asp Ile Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala Leu Ala Leu Ala Tyr
10 15 20

gca ctg ggc tca cct gaa cta gag ctc att ggt gtc acc acc acc tac 211
Ala Leu Gly Ser Pro Glu Leu Glu Leu Ile Gly Val Thr Thr Thr Tyr
25 30 35

ggt aac gtg cta ctc gaa acc ggt gca gtc aat gac ctg gca ctg ctt	259
Gly Asn Val Leu Leu Glu Thr Gly Ala Val Asn Asp Leu Ala Leu Leu	
40	45
50	
gat ctg ttc ggt gca cca gaa gta cct gtg tac ttg ggt gag cca cac	307
Asp Leu Phe Gly Ala Pro Glu Val Pro Val Tyr Leu Gly Glu Pro His	
55	60
65	
gca cag acc aag gat ggc ttt gaa gtt ctt gag atc tcc gcg ttc att	355
Ala Gln Thr Lys Asp Gly Phe Glu Val Leu Glu Ile Ser Ala Phe Ile	
70	75
80	85
cac gga caa aac ggc atc ggc gaa gtc gag ctg cca gca agc gag tca	403
His Gly Gln Asn Gly Ile Gly Glu Val Glu Leu Pro Ala Ser Glu Ser	
90	95
100	
aag gca ctc ccc ggc gca gtg gat ttc ctc att gat tcc gtc aac acc	451
Lys Ala Leu Pro Gly Ala Val Asp Phe Leu Ile Asp Ser Val Asn Thr	
105	110
115	
cac ggc gat gac ctg gtg atc atc gca act ggt ccc atg acc aac ctg	499
His Gly Asp Asp Leu Val Ile Ile Ala Thr Gly Pro Met Thr Asn Leu	
120	125
130	
tct gcg gca atc gca aag gat cca agc ttt gct tcc aag gct cac gtg	547
Ser Ala Ala Ile Ala Lys Asp Pro Ser Phe Ala Ser Lys Ala His Val	
135	140
145	
gtc atc atg ggt ggc gcc ttg act gtc cca ggc aac gtc agc aca tgg	595
Val Ile Met Gly Gly Ala Leu Thr Val Pro Gly Asn Val Ser Thr Trp	
150	155
160	165
gca gaa gca aac atc aac cag gac cca gat gca gca aac gat ctg ttc	643
Ala Glu Ala Asn Ile Asn Gln Asp Pro Asp Ala Ala Asn Asp Leu Phe	
170	175
180	
cgt tcc ggt gca gat gtc acc atg atc ggt ctt gat gtc acc ctg cag	691
Arg Ser Gly Ala Asp Val Thr Met Ile Gly Leu Asp Val Thr Leu Gln	
185	190
195	
acc ctt ctt acc aag aag cac act gcg cag tgg cgc gaa ctg ggc act	739

Thr Leu Leu Thr Lys Lys His Thr Ala Gln Trp Arg Glu Leu Gly Thr

200 205 210

cca gct gct atc gca ctg gcc gac atg act gat tac tac atc aag gca 787
Pro Ala Ala Ile Ala Leu Ala Asp Met Thr Asp Tyr Tyr Ile Lys Ala

215 220 225

tat gag acc acc gca cca cac ctg ggc ggt tgc ggc ctg cac gac cca 835
Tyr Glu Thr Thr Ala Pro His Leu Gly Gly Cys Gly Leu His Asp Pro

230 235 240 245

ctg gca gta ggc gtt gca gtg gac cca agc ctg gtc act ttg ctc ccc 883
Leu Ala Val Gly Val Ala Val Asp Pro Ser Leu Val Thr Leu Leu Pro

250 255 260

atc aac ctc aag gta gac att gag ggc gag acc cgt gga cgc acc att 931
Ile Asn Leu Lys Val Asp Ile Glu Gly Glu Thr Arg Gly Arg Thr Ile

265 270 275

ggc gat gaa gtc cgc ctc aac gat cca gtg cgc acc tcc cgc gca gct 979
Gly Asp Glu Val Arg Leu Asn Asp Pro Val Arg Thr Ser Arg Ala Ala

280 285 290

gtc gcc gta gac gtg gat cgt ttc ctt tct gaa ttc atg acc cgc atc 1027
Val Ala Val Asp Val Asp Arg Phe Leu Ser Glu Phe Met Thr Arg Ile

295 300 305

ggc cga gtc gca gca cag cag taaaagcagc tctggtgaag gtt 1071
Gly Arg Val Ala Ala Gln Gln

310 315

<210> 1088

<211> 316

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1088

Met Ser Lys Lys Ala Ile Leu Asp Ile Asp Thr Gly Ile Asp Asp Ala

1 5 10 15

Leu Ala Leu Ala Tyr Ala Leu Gly Ser Pro Glu Leu Glu Leu Ile Gly
20 25 30

Val Thr Thr Thr Tyr Gly Asn Val Leu Leu Glu Thr Gly Ala Val Asn
35 40 45

Asp Leu Ala Leu Leu Asp Leu Phe Gly Ala Pro Glu Val Pro Val Tyr
50 55 60

Leu Gly Glu Pro His Ala Gln Thr Lys Asp Gly Phe Glu Val Leu Glu
65 70 75 80

Ile Ser Ala Phe Ile His Gly Gln Asn Gly Ile Gly Glu Val Glu Leu
85 90 95

Pro Ala Ser Glu Ser Lys Ala Leu Pro Gly Ala Val Asp Phe Leu Ile
100 105 110

Asp Ser Val Asn Thr His Gly Asp Asp Leu Val Ile Ile Ala Thr Gly
115 120 125

Pro Met Thr Asn Leu Ser Ala Ala Ile Ala Lys Asp Pro Ser Phe Ala
130 135 140

Ser Lys Ala His Val Val Ile Met Gly Gly Ala Leu Thr Val Pro Gly
145 150 155 160

Asn Val Ser Thr Trp Ala Glu Ala Asn Ile Asn Gln Asp Pro Asp Ala
165 170 175

Ala Asn Asp Leu Phe Arg Ser Gly Ala Asp Val Thr Met Ile Gly Leu
180 185 190

Asp Val Thr Leu Gln Thr Leu Leu Thr Lys Lys His Thr Ala Gln Trp
195 200 205

Arg Glu Leu Gly Thr Pro Ala Ala Ile Ala Leu Ala Asp Met Thr Asp
210 215 220

Tyr Tyr Ile Lys Ala Tyr Glu Thr Thr Ala Pro His Leu Gly Gly Cys
225 230 235 240

Gly Leu His Asp Pro Leu Ala Val Gly Val Ala Val Asp Pro Ser Leu
245 250 255

Val Thr Leu Leu Pro Ile Asn Leu Lys Val Asp Ile Glu Gly Glu Thr
260 265 270

Arg Gly Arg Thr Ile Gly Asp Glu Val Arg Leu Asn Asp Pro Val Arg
275 280 285

Thr Ser Arg Ala Ala Val Ala Val Asp Val Asp Arg Phe Leu Ser Glu
290 295 300

Phe Met Thr Arg Ile Gly Arg Val Ala Ala Gln Gln
305 310 315

<210> 1089

<211> 366

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(343)

<223> RXC00540

<400> 1089

tctccctatc taagggtcgg ctaggtttga ccagtggcaa cagttacact tgtgctcgta 60

aaacattgtc ctccccatct cttgagtaag ggaaaatacc gtg gcc cgt gta gtt 115
Val Ala Arg Val Val

1 5

gtc aat gtc atg cct aag gct gag att ctg gat ccc cag ggg cag gcg 163
Val Asn Val Met Pro Lys Ala Glu Ile Leu Asp Pro Gln Gly Gln Ala

10 15 20

gta cac cgc gcc ctc gga cgt atc gga gtt tct ggc gtt tcc gat gtc 211
Val His Arg Ala Leu Gly Arg Ile Gly Val Ser Gly Val Ser Asp Val

25 30 35

cgt cag gga aag cgc ttc gag ctt gag gta gat gat tcc gtc acc gaa 259
Arg Gln Gly Lys Arg Phe Glu Leu Glu Val Asp Asp Ser Val Thr Glu

40 45 50
gct gac cta aag aaa att gct gaa acc ctc ctc gca aac acc gtc atc 307
Ala Asp Leu Lys Lys Ile Ala Glu Thr Leu Leu Ala Asn Thr Val Ile

55 60 65
gaa gac ttc gat gtg gtg gga gtt gag gtc gcg aag tgagcgccaa 353
Glu Asp Phe Asp Val Val Gly Val Glu Val Ala Lys

70 75 80
aatcgggtgtc att 366

<210> 1090
<211> 81
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1090
Val Ala Arg Val Val Val Asn Val Met Pro Lys Ala Glu Ile Leu Asp
1 5 10 15

Pro Gln Gly Gln Ala Val His Arg Ala Leu Gly Arg Ile Gly Val Ser
20 25 30

Gly Val Ser Asp Val Arg Gln Gly Lys Arg Phe Glu Leu Glu Val Asp
35 40 45

Asp Ser Val Thr Glu Ala Asp Leu Lys Lys Ile Ala Glu Thr Leu Leu
50 55 60

Ala Asn Thr Val Ile Glu Asp Phe Asp Val Val Gly Val Glu Val Ala
65 70 75 80

Lys

<210> 1091
<211> 498
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(475)

<223> RXC00560

<400> 1091

aaggacgact tctggggagc ggtgtggatt ctcacgggga ttctcatgcg gattatcaga 60

catatggaca cttaacggt tcgtactagg ctgatgcttc atg agg att gat ccg 115
Met Arg Ile Asp Pro

1 5

ctg gaa acc cgg caa gcc gta ttg gcc gtc aaa gac tgg att gaa ggg 163
Leu Glu Thr Arg Gln Ala Val Leu Ala Val Lys Asp Trp Ile Glu Gly

10 15 20

gag gga gac gtc aaa aag cct ggt cgt gcg gca ctt gcc gcc gca act 211
Glu Gly Asp Val Lys Lys Pro Gly Arg Ala Ala Leu Ala Ala Ala Thr

25 30 35

cgc ctg agc gtc cga ctg ctc gcg caa cac gcg ccg gga aac agc gtg 259
Arg Leu Ser Val Arg Leu Leu Ala Gln His Ala Pro Gly Asn Ser Val

40 45 50

gag gtg cgg gta ccc cca ttt gtt gcg gtg caa tgc ata gag ggg cca 307
Glu Val Arg Val Pro Pro Phe Val Ala Val Gln Cys Ile Glu Gly Pro

55 60 65

aaa cat aca cgc ggc aca cca ccc aac gtg gtg gag acc gac gcc aag 355
Lys His Thr Arg Gly Thr Pro Pro Asn Val Val Glu Thr Asp Ala Lys

70 75 80 85

acc tgg tta cgc tta gca cct ggg caa acc aca ttt gat gca gaa ttt 403
Thr Trp Leu Arg Leu Ala Pro Gly Gln Thr Thr Phe Asp Ala Glu Phe

90 95 100

gaa agc gga aaa att agc gca tca ggt acc cga gcc aaa gag att gcg 451
Glu Ser Gly Lys Ile Ser Ala Ser Gly Thr Arg Ala Lys Glu Ile Ala

105 110 115

gac tgg tta cca gtg gtc aaa ctt tagatttcct aatgctcatt agt 498

Asp Trp Leu Pro Val Val Lys Leu

120

125

<210> 1092

<211> 125

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1092

Met Arg Ile Asp Pro Leu Glu Thr Arg Gln Ala Val Leu Ala Val Lys

1

5

10

15

Asp Trp Ile Glu Gly Glu Gly Asp Val Lys Lys Pro Gly Arg Ala Ala

20

25

30

Leu Ala Ala Ala Thr Arg Leu Ser Val Arg Leu Leu Ala Gln His Ala

35

40

45

Pro Gly Asn Ser Val Glu Val Arg Val Pro Pro Phe Val Ala Val Gln

50

55

60

Cys Ile Glu Gly Pro Lys His Thr Arg Gly Thr Pro Pro Asn Val Val

65

70

75

80

Glu Thr Asp Ala Lys Thr Trp Leu Arg Leu Ala Pro Gly Gln Thr Thr

85

90

95

Phe Asp Ala Glu Phe Glu Ser Gly Lys Ile Ser Ala Ser Gly Thr Arg

100

105

110

Ala Lys Glu Ile Ala Asp Trp Leu Pro Val Val Lys Leu

115

120

125

<210> 1093

<211> 1305

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1282)

<223> RXC01088

<400> 1093

tgcccttgagt ctaattctcc cgcccggtgcg atgggttttaa gctggactga taaacctttt 60

gtgaaccgaa ttttttaact gatttgaaga agcgagaata atg gga ctg tgg atc 115
Met Gly Leu Trp Ile

1 5

gat gca acc gct ggc gtt gca ggg gat atg ttg ctg gga gca ctc att 163
Asp Ala Thr Ala Gly Val Ala Gly Asp Met Leu Leu Gly Ala Leu Ile

10 15 20

gat gca ggt gca gaa cta gaa aaa atc caa cag gtt gtg gaa gca gtc 211
Asp Ala Gly Ala Glu Leu Glu Lys Ile Gln Gln Val Val Glu Ala Val

25 30 35

atc ccc ggt gac gtg ctc ttg cgc acc gaa gag gta gtg cgc caa ggc 259
Ile Pro Gly Asp Val Leu Leu Arg Thr Glu Glu Val Val Arg Gln Gly

40 45 50

caa cga ggc atc aag ctg cat gtg gac gca caa cat gaa cac cat cat 307
Gln Arg Gly Ile Lys Leu His Val Asp Ala Gln His Glu His His His

55 60 65

cac cgc cac tta agc acc att aaa gaa ctg ctt gtc aat gct gac atc 355
His Arg His Leu Ser Thr Ile Lys Glu Leu Leu Val Asn Ala Asp Ile

70 75 80 85

cct gaa caa acc aag cag gat gcc tta ggc gtt ttt gaa ctc atc gct 403
Pro Glu Gln Thr Lys Gln Asp Ala Leu Gly Val Phe Glu Leu Ile Ala

90 95 100

atc gct gaa gga aaa gtc cac ggc atc gag ccg gag aaa atc cac ttc 451
Ile Ala Glu Gly Lys Val His Gly Ile Glu Pro Glu Lys Ile His Phe

105 110 115

cat gag gta gga gct tgg gat tcc atc gca gac att gtg ggt gtg tgc 499
His Glu Val Gly Ala Trp Asp Ser Ile Ala Asp Ile Val Gly Val Cys

120 125 130

gaa gcg atc agg cag ctt aac cca ggt ttg att gct gca tct ccg att 547
Glu Ala Ile Arg Gln Leu Asn Pro Gly Leu Ile Ala Ala Ser Pro Ile

135	140	145	
gct tta gga ttc gga cgc atc aag gca gct cac gga gat att cca gtg			595
Ala Leu Gly Phe Gly Arg Ile Lys Ala Ala His Gly Asp Ile Pro Val			
150	155	160	165
cca gtt cca gcc gtg gca gag ctg gtg aaa ggc tgg ccc acc caa acc			643
Pro Val Pro Ala Val Ala Glu Leu Val Lys Gly Trp Pro Thr Gln Thr			
	170	175	180
gga gct ctt atg gag agc acc gaa cct gtt ggt gaa tta gcc acc cca			691
Gly Ala Leu Met Glu Ser Thr Glu Pro Val Gly Glu Leu Ala Thr Pro			
	185	190	195
act ggt gtt gcg ttg atc cgt cac ttt gcc acc caa gat ggc cct ttc			739
Thr Gly Val Ala Leu Ile Arg His Phe Ala Thr Gln Asp Gly Pro Phe			
	200	205	210
cca ggt ggc atc atc aat gaa gtt ggc att ggt gca gga aca aaa gat			787
Pro Gly Gly Ile Ile Asn Glu Val Gly Ile Gly Ala Gly Thr Lys Asp			
	215	220	225
aca gaa ggc cgt cca aat ata gtg cgc gca att ttg ttc aac acc tct			835
Thr Glu Gly Arg Pro Asn Ile Val Arg Ala Ile Leu Phe Asn Thr Ser			
230	235	240	245
agg agt aac cca gat acc cgc aca ctg gtg caa tta gaa gcc aat gtt			883
Arg Ser Asn Pro Asp Thr Arg Thr Leu Val Gln Leu Glu Ala Asn Val			
	250	255	260
gat gat caa gac cca cgg ctg tgg cca gga gta ata gag atc ctc ttt			931
Asp Asp Gln Asp Pro Arg Leu Trp Pro Gly Val Ile Glu Ile Leu Phe			
	265	270	275
gcc gct ggc gca gta gat gca tgg ctg act cca att ttg atg aag aag			979
Ala Ala Gly Ala Val Asp Ala Trp Leu Thr Pro Ile Leu Met Lys Lys			
	280	285	290
ggc cgt cct gca cat agg gtg tca gca ttg gtg gat agc tcc gag gtg			1027
Gly Arg Pro Ala His Arg Val Ser Ala Leu Val Asp Ser Ser Glu Val			

295 300 305

gaa gca gtg aaa acc gca tta ttt gca gcc acc acg act ttt ggg atc 1075
Glu Ala Val Lys Thr Ala Leu Phe Ala Ala Thr Thr Thr Phe Gly Ile

310 315 320 325

aga tca tgg gaa gtc gaa cga gaa ggc ttg gac cgt cgt ttc gaa caa 1123
Arg Ser Trp Glu Val Glu Arg Glu Gly Leu Asp Arg Arg Phe Glu Gln

330 335 340

gtc gag gtg gac gga cac acc atc aac atc aaa atc ggt tcc cgt gat 1171
Val Glu Val Asp Gly His Thr Ile Asn Ile Lys Ile Gly Ser Arg Asp

345 350 355

gat caa gta atc agt gca cag tcc gag ttt gaa gat att cgg tct gca 1219
Asp Gln Val Ile Ser Ala Gln Ser Glu Phe Glu Asp Ile Arg Ser Ala

360 365 370

gcg gtg gcc ttg gga att tca gag cgg gaa gtt gtg gca aga att ccg 1267
Ala Val Ala Leu Gly Ile Ser Glu Arg Glu Val Val Ala Arg Ile Pro

375 380 385

caa ggc acc acc gag taacaaccaa aaggtcgact gct 1305
Gln Gly Thr Thr Glu

390

<210> 1094
<211> 394
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1094
Met Gly Leu Trp Ile Asp Ala Thr Ala Gly Val Ala Gly Asp Met Leu
1 5 10 15

Leu Gly Ala Leu Ile Asp Ala Gly Ala Glu Leu Glu Lys Ile Gln Gln
20 25 30

Val Val Glu Ala Val Ile Pro Gly Asp Val Leu Leu Arg Thr Glu Glu
35 40 45

Val Val Arg Gln Gly Gln Arg Gly Ile Lys Leu His Val Asp Ala Gln
50 55 60

His Glu His His His His Arg His Leu Ser Thr Ile Lys Glu Leu Leu
65 70 75 80

Val Asn Ala Asp Ile Pro Glu Gln Thr Lys Gln Asp Ala Leu Gly Val
85 90 95

Phe Glu Leu Ile Ala Ile Ala Glu Gly Lys Val His Gly Ile Glu Pro
100 105 110

Glu Lys Ile His Phe His Glu Val Gly Ala Trp Asp Ser Ile Ala Asp
115 120 125

Ile Val Gly Val Cys Glu Ala Ile Arg Gln Leu Asn Pro Gly Leu Ile
130 135 140

Ala Ala Ser Pro Ile Ala Leu Gly Phe Gly Arg Ile Lys Ala Ala His
145 150 155 160

Gly Asp Ile Pro Val Pro Val Pro Ala Val Ala Glu Leu Val Lys Gly
165 170 175

Trp Pro Thr Gln Thr Gly Ala Leu Met Glu Ser Thr Glu Pro Val Gly
180 185 190

Glu Leu Ala Thr Pro Thr Gly Val Ala Leu Ile Arg His Phe Ala Thr
195 200 205

Gln Asp Gly Pro Phe Pro Gly Gly Ile Ile Asn Glu Val Gly Ile Gly
210 215 220

Ala Gly Thr Lys Asp Thr Glu Gly Arg Pro Asn Ile Val Arg Ala Ile
225 230 235 240

Leu Phe Asn Thr Ser Arg Ser Asn Pro Asp Thr Arg Thr Leu Val Gln
245 250 255

Leu Glu Ala Asn Val Asp Asp Gln Asp Pro Arg Leu Trp Pro Gly Val
260 265 270

Ile Glu Ile Leu Phe Ala Ala Gly Ala Val Asp Ala Trp Leu Thr Pro
275 280 285

Ile Leu Met Lys Lys Gly Arg Pro Ala His Arg Val Ser Ala Leu Val
290 295 300

Asp Ser Ser Glu Val Glu Ala Val Lys Thr Ala Leu Phe Ala Ala Thr
305 310 315 320

Thr Thr Phe Gly Ile Arg Ser Trp Glu Val Glu Arg Glu Gly Leu Asp
325 330 335

Arg Arg Phe Glu Gln Val Glu Val Asp Gly His Thr Ile Asn Ile Lys
340 345 350

Ile Gly Ser Arg Asp Asp Gln Val Ile Ser Ala Gln Ser Glu Phe Glu
355 360 365

Asp Ile Arg Ser Ala Ala Val Ala Leu Gly Ile Ser Glu Arg Glu Val
370 375 380

Val Ala Arg Ile Pro Gln Gly Thr Thr Glu
385 390

<210> 1095

<211> 1419

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1396)

<223> RXC02624

<400> 1095

accggtcag atccgacgtc gccggccaaa accgcaagca cctgcgcaaa cgccacagaa 60

ggcagctcag caatcaaagt tgctgcgttt ccttccaacc gtg ctg att ccg cat 115
Val Leu Ile Pro His

1 5

ggc gtg gcg gtg ctt ttg gtt att att ctc gcc gta gcc tcc cta atg 163

Gly Val Ala Val Leu Leu Val Ile Ile Leu Ala Val Ala Ser Leu Met	
10 15 20	
ttc acc aat tct tca atg gtg aat ctt tgc gca acg att gca cag ctg	211
Phe Thr Asn Ser Ser Met Val Asn Leu Ser Ala Thr Ile Ala Gln Leu	
25 30 35	
tgg ctt tcc cta aat ctc ggt gcg gtg gac ggc agt ggg gaa gtg atc	259
Trp Leu Ser Leu Asn Leu Gly Ala Val Asp Gly Ser Gly Glu Val Ile	
40 45 50	
tca gta ctg ccc acg ctt ccc ggc ttt ata ttc ctc tgg gcc atc gcc	307
Ser Val Leu Pro Thr Leu Pro Gly Phe Ile Phe Leu Trp Ala Ile Ala	
55 60 65	
gcg cgc atc cac cgc gca gtc aaa gat cgt gtc agc atc gcc gac tta	355
Ala Arg Ile His Arg Ala Val Lys Asp Arg Val Ser Ile Ala Asp Leu	
70 75 80 85	
ggc gtc ctc gca gca ctc gtc ctc ggc atc ccg ctt gcg ctc acc gcc	403
Gly Val Leu Ala Ala Leu Val Leu Gly Ile Pro Leu Ala Leu Thr Ala	
90 95 100	
atc gca gcg ttc atg ctt ttc gac gcc tcc agc gtc ctc aac gtc gag	451
Ile Ala Ala Phe Met Leu Phe Asp Ala Ser Ser Val Leu Asn Val Glu	
105 110 115	
gtc ccg cca atc acg cgc ctc cta cgc gtg atg ttg ttc cac ctc agc	499
Val Pro Pro Ile Thr Arg Leu Leu Arg Val Met Leu Phe His Leu Ser	
120 125 130	
gcc ctc ttc ctc ggc atg ggg cca cgc ctg tgg cag gcg ttg gcg cgc	547
Ala Leu Phe Leu Gly Met Gly Pro Arg Leu Trp Gln Ala Leu Ala Arg	
135 140 145	
cgc tac ggt gct cca gaa tgg ctt atc gac gcc atc acc caa gct ttc	595
Arg Tyr Gly Ala Pro Glu Trp Leu Ile Asp Ala Ile Thr Gln Ala Phe	
150 155 160 165	
cgc ttc ctc atc gca ttt gga aca gtc tcc ttg gtt tcc gtg ctc gtg	643

Arg Phe Leu Ile Ala Phe Gly Thr Val Ser Leu Val Ser Val Leu Val	
170	175
180	
atg acc gcg atc aac cac agt gca ttc acc gcg acc atg cag ggt tac	691
Met Thr Ala Ile Asn His Ser Ala Phe Thr Ala Thr Met Gln Gly Tyr	
185	190
195	
gac gac tcc gcc tct gtt gtg gcc ttg atc gtc ctg agc att ctg tat	739
Asp Asp Ser Ala Ser Val Val Ala Leu Ile Val Leu Ser Ile Leu Tyr	
200	205
210	
ctg ccc aac atg atg atc ttt gcg atg ggc aat ctg atc ggc tca ccc	787
Leu Pro Asn Met Met Ile Phe Ala Met Gly Asn Leu Ile Gly Ser Pro	
215	220
225	
ctt tac ttc ggt gac gcc tcc atc agc gtc ttc agc gtg cat tcc gtt	835
Leu Tyr Phe Gly Asp Ala Ser Ile Ser Val Phe Ser Val His Ser Val	
230	235
240	245
cca ttg cca ccg ctt ccc atc ctc gca gct ctc ccc agc gaa gcc ctc	883
Pro Leu Pro Pro Leu Pro Ile Leu Ala Ala Leu Pro Ser Glu Ala Leu	
250	255
260	
tca tgg gca gtg gcc tta ctg gtc atc cct gca att att gcc acc tgg	931
Ser Trp Ala Val Ala Leu Leu Val Ile Pro Ala Ile Ile Ala Thr Trp	
265	270
275	
gtc tgc gtg aga aac ccc atg cgc ctt gcc gtg aac aca aca gca gca	979
Val Cys Val Arg Asn Pro Met Arg Leu Ala Val Asn Thr Thr Ala Ala	
280	285
290	
gtc att tca gca ctg tgt ttc ctc gtc ctg gca gtt ttc gcc ggc gga	1027
Val Ile Ser Ala Leu Cys Phe Leu Val Leu Ala Val Phe Ala Gly Gly	
295	300
305	
acc ttg ggc gta tac aac tac gtc gga ctc aac ctc ctg gcg tca gtt	1075
Thr Leu Gly Val Tyr Asn Tyr Val Gly Leu Asn Leu Leu Ala Ser Val	
310	315
320	325
ggc cta gtt ttc gtc tat ttc gcc ctc gtt gga ctc ctc atc gcc gga	1123

Gly Leu Val Phe Val Tyr Phe Ala Leu Val Gly Leu Leu Ile Ala Gly

330

335

340

atc gac aag ctg cgc aac cct gta gaa gtt aag tct gtt aag gct gtg 1171
Ile Asp Lys Leu Arg Asn Pro Val Glu Val Lys Ser Val Lys Ala Val

345

350

355

gct gtt gtg gag ccc gag cct gaa gaa gtt gaa gag gac gaa gag gag 1219
Ala Val Val Glu Pro Glu Pro Glu Glu Val Glu Glu Asp Glu Glu Glu

360

365

370

cat gtt gaa gaa gaa gta gat gag gag gaa gag gaa gtt gag gaa ggg 1267
His Val Glu Glu Glu Val Asp Glu Glu Glu Glu Glu Val Glu Glu Gly

375

380

385

gta gaa gag gtc gaa gaa gac gac gca gag gat cct gaa gag aat cct 1315
Val Glu Glu Val Glu Glu Asp Asp Ala Glu Asp Pro Glu Glu Asn Pro

390

395

400

405

gaa gag gaa gaa tcc gac gaa gaa att gag aca gaa act gag gct gaa 1363
Glu Glu Glu Glu Ser Asp Glu Glu Ile Glu Thr Glu Thr Glu Ala Glu

410

415

420

gaa acc aat gat ggt tcc gag gcc gaa gac cgt taacatatct gttgtgaatt 1416
Glu Thr Asn Asp Gly Ser Glu Ala Glu Asp Arg

425

430

ctg 1419

<210> 1096

<211> 432

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1096

Val Leu Ile Pro His Gly Val Ala Val Leu Leu Val Ile Ile Leu Ala
1 5 10 15

Val Ala Ser Leu Met Phe Thr Asn Ser Ser Met Val Asn Leu Ser Ala
20 25 30

Thr Ile Ala Gln Leu Trp Leu Ser Leu Asn Leu Gly Ala Val Asp Gly
35 40 45

Ser Gly Glu Val Ile Ser Val Leu Pro Thr Leu Pro Gly Phe Ile Phe
50 55 60

Leu Trp Ala Ile Ala Ala Arg Ile His Arg Ala Val Lys Asp Arg Val
65 70 75 80

Ser Ile Ala Asp Leu Gly Val Leu Ala Ala Leu Val Leu Gly Ile Pro
85 90 95

Leu Ala Leu Thr Ala Ile Ala Ala Phe Met Leu Phe Asp Ala Ser Ser
100 105 110

Val Leu Asn Val Glu Val Pro Pro Ile Thr Arg Leu Leu Arg Val Met
115 120 125

Leu Phe His Leu Ser Ala Leu Phe Leu Gly Met Gly Pro Arg Leu Trp
130 135 140

Gln Ala Leu Ala Arg Arg Tyr Gly Ala Pro Glu Trp Leu Ile Asp Ala
145 150 155 160

Ile Thr Gln Ala Phe Arg Phe Leu Ile Ala Phe Gly Thr Val Ser Leu
165 170 175

Val Ser Val Leu Val Met Thr Ala Ile Asn His Ser Ala Phe Thr Ala
180 185 190

Thr Met Gln Gly Tyr Asp Asp Ser Ala Ser Val Val Ala Leu Ile Val
195 200 205

Leu Ser Ile Leu Tyr Leu Pro Asn Met Met Ile Phe Ala Met Gly Asn
210 215 220

Leu Ile Gly Ser Pro Leu Tyr Phe Gly Asp Ala Ser Ile Ser Val Phe
225 230 235 240

Ser Val His Ser Val Pro Leu Pro Pro Leu Pro Ile Leu Ala Ala Leu

				245					250					255					
Pro	Ser	Glu	Ala	Leu	Ser	Trp	Ala	Val	Ala	Leu	Leu	Val	Ile	Pro	Ala				
			260					265					270						
Ile	Ile	Ala	Thr	Trp	Val	Cys	Val	Arg	Asn	Pro	Met	Arg	Leu	Ala	Val				
		275					280					285							
Asn	Thr	Thr	Ala	Ala	Val	Ile	Ser	Ala	Leu	Cys	Phe	Leu	Val	Leu	Ala				
	290					295					300								
Val	Phe	Ala	Gly	Gly	Thr	Leu	Gly	Val	Tyr	Asn	Tyr	Val	Gly	Leu	Asn				
305					310					315					320				
Leu	Leu	Ala	Ser	Val	Gly	Leu	Val	Phe	Val	Tyr	Phe	Ala	Leu	Val	Gly				
				325					330					335					
Leu	Leu	Ile	Ala	Gly	Ile	Asp	Lys	Leu	Arg	Asn	Pro	Val	Glu	Val	Lys				
		340						345					350						
Ser	Val	Lys	Ala	Val	Ala	Val	Val	Glu	Pro	Glu	Pro	Glu	Glu	Val	Glu				
	355						360					365							
Glu	Asp	Glu	Glu	Glu	His	Val	Glu	Glu	Glu	Val	Asp	Glu	Glu	Glu	Glu				
	370					375					380								
Glu	Val	Glu	Glu	Gly	Val	Glu	Glu	Val	Glu	Glu	Asp	Asp	Ala	Glu	Asp				
385				390					395						400				
Pro	Glu	Glu	Asn	Pro	Glu	Glu	Glu	Glu	Ser	Asp	Glu	Glu	Ile	Glu	Thr				
			405						410					415					
Glu	Thr	Glu	Ala	Glu	Glu	Thr	Asn	Asp	Gly	Ser	Glu	Ala	Glu	Asp	Arg				
			420					425						430					

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(580)

<223> RXC02665

<400> 1097

caaggcgacc caatggcggtt taaagtaaca accccattg atatgatgct ggcacaacgc 60

atcacgcgacg aagccgaacc cacaatatatt gaggtaccag gtg act aac cca atc 115
Val Thr Asn Pro Ile

1 5

atc ccc cgc gta gga atc gcc aca gac gcc cac caa atc gaa gcg gga 163
Ile Pro Arg Val Gly Ile Ala Thr Asp Ala His Gln Ile Glu Ala Gly

10 15 20

aaa ccc tgc tgg atc gcc tgc ctc ctc ttt gaa ggc gtc gac ggc tgc 211
Lys Pro Cys Trp Ile Ala Cys Leu Leu Phe Glu Gly Val Asp Gly Cys

25 30 35

gaa ggc cac tcc gac ggt gat gtt gta gct cat gca att gtg gat gct 259
Glu Gly His Ser Asp Gly Asp Val Val Ala His Ala Ile Val Asp Ala

40 45 50

ctc ctt tct gcc tct ggt ctg ggg gat ttg ggc tct ttc gtt ggt gtg 307
Leu Leu Ser Ala Ser Gly Leu Gly Asp Leu Gly Ser Phe Val Gly Val

55 60 65

ggg aga cct gaa tac gat ggt gtt tct ggt aca cag ttg ttg aag gaa 355
Gly Arg Pro Glu Tyr Asp Gly Val Ser Gly Thr Gln Leu Leu Lys Glu

70 75 80 85

gtt cgg gag ctg ctt tcg gca cac ggg tac gtc att gga aat gtc gcc 403
Val Arg Glu Leu Leu Ser Ala His Gly Tyr Val Ile Gly Asn Val Ala

90 95 100

gcc caa ctg gtt ggc caa acc ccc aaa ttt gga ccc cgc cgc gaa gaa 451
Ala Gln Leu Val Gly Gln Thr Pro Lys Phe Gly Pro Arg Arg Glu Glu

105 110 115

gca caa caa gtc atc tcc gaa atc atc ggc gca cca tgc tca ctg tct 499
Ala Gln Gln Val Ile Ser Glu Ile Ile Gly Ala Pro Cys Ser Leu Ser

120 125 130

gcc acc acc act gat cac atg gga ttc act ggt cgc agc gag ggt cgt 547
Ala Thr Thr Thr Asp His Met Gly Phe Thr Gly Arg Ser Glu Gly Arg

135 140 145

gca tcg gta gca acg gca gtg gtg tgg aag gct taagttttct gtagggattg 600
Ala Ser Val Ala Thr Ala Val Val Trp Lys Ala

150 155 160

ggc 603

<210> 1098
<211> 160
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1098
Val Thr Asn Pro Ile Ile Pro Arg Val Gly Ile Ala Thr Asp Ala His
1 5 10 15

Gln Ile Glu Ala Gly Lys Pro Cys Trp Ile Ala Cys Leu Leu Phe Glu
20 25 30

Gly Val Asp Gly Cys Glu Gly His Ser Asp Gly Asp Val Val Ala His
35 40 45

Ala Ile Val Asp Ala Leu Leu Ser Ala Ser Gly Leu Gly Asp Leu Gly
50 55 60

Ser Phe Val Gly Val Gly Arg Pro Glu Tyr Asp Gly Val Ser Gly Thr
65 70 75 80

Gln Leu Leu Lys Glu Val Arg Glu Leu Leu Ser Ala His Gly Tyr Val
85 90 95

Ile Gly Asn Val Ala Ala Gln Leu Val Gly Gln Thr Pro Lys Phe Gly
100 105 110

Pro Arg Arg Glu Glu Ala Gln Gln Val Ile Ser Glu Ile Ile Gly Ala

	115						120						125																		
Pro	Cys	Ser	Leu	Ser	Ala	Thr	Thr	Thr	Asp	His	Met	Gly	Phe	Thr	Gly																
	130					135					140																				
Arg	Ser	Glu	Gly	Arg	Ala	Ser	Val	Ala	Thr	Ala	Val	Val	Trp	Lys	Ala																
145					150					155					160																
<210> 1099																															
<211> 1689																															
<212> DNA																															
<213> Corynebacterium glutamicum																															
<220>																															
<221> CDS																															
<222> (101)..(1666)																															
<223> RXC02770																															
<400> 1099																															
tcgccggggc aaaaaccgta taattacagt cctattacga ttcggggaaa ggctgggtac 60																															
ttcacacatg ttgtttcgga agtcacgcag cgcggtaatc atg ttg gtt gca gcg 115																															
												Met		Leu		Val		Ala		Ala											
														1						5											
tta gtg atg aca agc tgt ggt gat ggg gaa ccg gaa cca acc agc cac 163																															
Leu		Val		Met		Thr		Ser		Cys		Gly		Asp		Gly		Glu		Pro		Glu		Pro		Thr		Ser		His	
										10					15					20											
caa aca agc ctt ttc ggc tac gca gtt aac tct tcg ctg gct aca acc 211																															
Gln		Thr		Ser		Leu		Phe		Gly		Tyr		Ala		Val		Asn		Ser		Ser		Leu		Ala		Thr		Thr	
										25					30					35											
aac gcg gcg tcg ctg ttg gga gtg gct aat gat gct ggt ctt ttg gct 259																															
Asn		Ala		Ala		Ser		Leu		Leu		Gly		Val		Ala		Asn		Asp		Ala		Gly		Leu		Leu		Ala	
										40					45					50											
gcc aga gtg tat ccg ggt gtg tat gtt cag ggt cct tct ggg cag atg 307																															
Ala		Arg		Val		Tyr		Pro		Gly		Val		Tyr		Val		Gln		Gly		Pro		Ser		Gly		Gln		Met	

55	60	65	
att ccc aac act gat ctt gct tcc acg cag gta ttg ccg ggt att aac			355
Ile Pro Asn Thr Asp Leu Ala Ser Thr Gln Val Leu Pro Gly Ile Asn			
70	75	80	85
cgc cag gtg att tac act atc aat gaa gat gcc acc tac tca gat ggt			403
Arg Gln Val Ile Tyr Thr Ile Asn Glu Asp Ala Thr Tyr Ser Asp Gly			
	90	95	100
cag cct gtg gtg tgt gat gat ttt ctg ctc tct gcg aca gct ggg cag			451
Gln Pro Val Val Cys Asp Asp Phe Leu Leu Ser Ala Thr Ala Gly Gln			
	105	110	115
atg ccg gaa ctg ttc cag tcc cat gtg cca ttg acc tcg cag att gag			499
Met Pro Glu Leu Phe Gln Ser His Val Pro Leu Thr Ser Gln Ile Glu			
	120	125	130
cga gtg gac tgt gta tct ggt tct aaa gta gcc acc gtg gtg ttc aag			547
Arg Val Asp Cys Val Ser Gly Ser Lys Val Ala Thr Val Val Phe Lys			
	135	140	145
gaa gac ctc ggt gag cgt tgg cgt tat ctt ttt gag cag ggc gat ttg			595
Glu Asp Leu Gly Glu Arg Trp Arg Tyr Leu Phe Glu Gln Gly Asp Leu			
150	155	160	165
ttg cca gcc cat gcc gtt gct tcc aaa gca ggt atg acc ttg gag gag			643
Leu Pro Ala His Ala Val Ala Ser Lys Ala Gly Met Thr Leu Glu Glu			
	170	175	180
ctt aat cag gcg ttg aag gat aag gat cct gaa gcg ttg act gaa cct			691
Leu Asn Gln Ala Leu Lys Asp Lys Asp Pro Glu Ala Leu Thr Glu Pro			
	185	190	195
gct cgt gtg tgg agc gaa ggt ttc cag ctg tcc cag ttt gat cca gag			739
Ala Arg Val Trp Ser Glu Gly Phe Gln Leu Ser Gln Phe Asp Pro Glu			
	200	205	210
ctg cag acg gct ttt ggc ccg tac aag gtg gat tct gtg ggt gaa ttc			787
Leu Gln Thr Ala Phe Gly Pro Tyr Lys Val Asp Ser Val Gly Glu Phe			

215	220	225	
ggc gaa gtc aag ctg gta cgc aat gag ttt tac agt ggc gac cag gcg			835
Gly Glu Val Lys Leu Val Arg Asn Glu Phe Tyr Ser Gly Asp Gln Ala			
230	235	240	245
gtt gaa gca gaa atc acg atg tgg cct aaa ggc tcg gat ctc agc gcc			883
Val Glu Ala Glu Ile Thr Met Trp Pro Lys Gly Ser Asp Leu Ser Ala			
	250	255	260
att gcg gat aat gga aac ctt cag atc gca cat gtt gtg gcg tgg gag			931
Ile Ala Asp Asn Gly Asn Leu Gln Ile Ala His Val Val Ala Trp Glu			
	265	270	275
agc gag ccg tgg gta aat cgc gat gac cca ttg aat cct tat gac att			979
Ser Glu Pro Trp Val Asn Arg Asp Asp Pro Leu Asn Pro Tyr Asp Ile			
	280	285	290
aag gaa gag gtc ggt gtt ttg act gag cag ctc acc ttg gcc agt gcc			1027
Lys Glu Glu Val Gly Val Leu Thr Glu Gln Leu Thr Leu Ala Ser Ala			
	295	300	305
ggt gtg ttt tac gct gcg gag gcc cgg cag gcg ttt gcg gcc tgc gtt			1075
Gly Val Phe Tyr Ala Ala Glu Ala Arg Gln Ala Phe Ala Ala Cys Val			
	310	315	320
gac cag gaa gcg gtg gct gcg gcg tcg tca agc atc tct gga atc gat			1123
Asp Gln Glu Ala Val Ala Ala Ala Ser Ser Ser Ile Ser Gly Ile Asp			
	330	335	340
gtg cct gcc gta ggt gtg cac tcg gtg cgt cac caa aat ccg gtc gtg			1171
Val Pro Ala Val Gly Val His Ser Val Arg His Gln Asn Pro Val Val			
	345	350	355
cac caa atc ggt gat ctg cca gca cag cac atg gcg gtg gat att aat			1219
His Gln Ile Gly Asp Leu Pro Ala Gln His Met Ala Val Asp Ile Asn			
	360	365	370
gcc gca tca gcg ttg gcg ggt caa tcc atc cgc att ggc tac gac gga			1267
Ala Ala Ser Ala Leu Ala Gly Gln Ser Ile Arg Ile Gly Tyr Asp Gly			

375	380	385	
ccc gat gag cgc aag gct gca atg gtg gag gcg att cgc caa agt tgt			1315
Pro Asp Glu Arg Lys Ala Ala Met Val Glu Ala Ile Arg Gln Ser Cys			
390	395	400	405
gag cct gcc ggt atc acc gtt atc gat gcg tcg cag gag gct gtt agt			1363
Glu Pro Ala Gly Ile Thr Val Ile Asp Ala Ser Gln Glu Ala Val Ser			
	410	415	420
ctt aat gat ctc agt cga acc gaa gtc agt gaa tgg ggc tat gag cag			1411
Leu Asn Asp Leu Ser Arg Thr Glu Val Ser Glu Trp Gly Tyr Glu Gln			
	425	430	435
tac ttc gaa ggg aca ctt gac gct gtt ctg cgt aca gtg gat cca cat			1459
Tyr Phe Glu Gly Thr Leu Asp Ala Val Leu Arg Thr Val Asp Pro His			
	440	445	450
cgg gag tat gaa aat gcc aat acc att gga act gat gcg gag tcg acg			1507
Arg Glu Tyr Glu Asn Ala Asn Thr Ile Gly Thr Asp Ala Glu Ser Thr			
	455	460	465
agg cgc act gaa gaa caa ttg tgg gct gaa gtc cca tca att cca cta			1555
Arg Arg Thr Glu Glu Gln Leu Trp Ala Glu Val Pro Ser Ile Pro Leu			
470	475	480	485
gca gcg caa ccc cga gtg ttt gtg ata gat cgc aca gtc ggt aac gtt			1603
Ala Ala Gln Pro Arg Val Phe Val Ile Asp Arg Thr Val Gly Asn Val			
	490	495	500
gtt gtt aat aca gac cta gcc ggt atc gga tgg aac atg gac cgt tgg			1651
Val Val Asn Thr Asp Leu Ala Gly Ile Gly Trp Asn Met Asp Arg Trp			
	505	510	515
tcc aga agt gag gaa taagtagtga gcgaacaagc tct			1689
Ser Arg Ser Glu Glu			

520

<210> 1100
 <211> 522
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1100

Met Leu Val Ala Ala Leu Val Met Thr Ser Cys Gly Asp Gly Glu Pro
1 5 10 15

Glu Pro Thr Ser His Gln Thr Ser Leu Phe Gly Tyr Ala Val Asn Ser
20 25 30

Ser Leu Ala Thr Thr Asn Ala Ala Ser Leu Leu Gly Val Ala Asn Asp
35 40 45

Ala Gly Leu Leu Ala Ala Arg Val Tyr Pro Gly Val Tyr Val Gln Gly
50 55 60

Pro Ser Gly Gln Met Ile Pro Asn Thr Asp Leu Ala Ser Thr Gln Val
65 70 75 80

Leu Pro Gly Ile Asn Arg Gln Val Ile Tyr Thr Ile Asn Glu Asp Ala
85 90 95

Thr Tyr Ser Asp Gly Gln Pro Val Val Cys Asp Asp Phe Leu Leu Ser
100 105 110

Ala Thr Ala Gly Gln Met Pro Glu Leu Phe Gln Ser His Val Pro Leu
115 120 125

Thr Ser Gln Ile Glu Arg Val Asp Cys Val Ser Gly Ser Lys Val Ala
130 135 140

Thr Val Val Phe Lys Glu Asp Leu Gly Glu Arg Trp Arg Tyr Leu Phe
145 150 155 160

Glu Gln Gly Asp Leu Leu Pro Ala His Ala Val Ala Ser Lys Ala Gly
165 170 175

Met Thr Leu Glu Glu Leu Asn Gln Ala Leu Lys Asp Lys Asp Pro Glu
180 185 190

Ala Leu Thr Glu Pro Ala Arg Val Trp Ser Glu Gly Phe Gln Leu Ser
195 200 205

Gln Phe Asp Pro Glu Leu Gln Thr Ala Phe Gly Pro Tyr Lys Val Asp
210 215 220

Ser Val Gly Glu Phe Gly Glu Val Lys Leu Val Arg Asn Glu Phe Tyr
225 230 235 240

Ser Gly Asp Gln Ala Val Glu Ala Glu Ile Thr Met Trp Pro Lys Gly
245 250 255

Ser Asp Leu Ser Ala Ile Ala Asp Asn Gly Asn Leu Gln Ile Ala His
260 265 270

Val Val Ala Trp Glu Ser Glu Pro Trp Val Asn Arg Asp Asp Pro Leu
275 280 285

Asn Pro Tyr Asp Ile Lys Glu Glu Val Gly Val Leu Thr Glu Gln Leu
290 295 300

Thr Leu Ala Ser Ala Gly Val Phe Tyr Ala Ala Glu Ala Arg Gln Ala
305 310 315 320

Phe Ala Ala Cys Val Asp Gln Glu Ala Val Ala Ala Ala Ser Ser Ser
325 330 335

Ile Ser Gly Ile Asp Val Pro Ala Val Gly Val His Ser Val Arg His
340 345 350

Gln Asn Pro Val Val His Gln Ile Gly Asp Leu Pro Ala Gln His Met
355 360 365

Ala Val Asp Ile Asn Ala Ala Ser Ala Leu Ala Gly Gln Ser Ile Arg
370 375 380

Ile Gly Tyr Asp Gly Pro Asp Glu Arg Lys Ala Ala Met Val Glu Ala
385 390 395 400

Ile Arg Gln Ser Cys Glu Pro Ala Gly Ile Thr Val Ile Asp Ala Ser
405 410 415

Gln Glu Ala Val Ser Leu Asn Asp Leu Ser Arg Thr Glu Val Ser Glu

420 425 430

Trp Gly Tyr Glu Gln Tyr Phe Glu Gly Thr Leu Asp Ala Val Leu Arg
435 440 445

Thr Val Asp Pro His Arg Glu Tyr Glu Asn Ala Asn Thr Ile Gly Thr
450 455 460

Asp Ala Glu Ser Thr Arg Arg Thr Glu Glu Gln Leu Trp Ala Glu Val
465 470 475 480

Pro Ser Ile Pro Leu Ala Ala Gln Pro Arg Val Phe Val Ile Asp Arg
485 490 495

Thr Val Gly Asn Val Val Val Asn Thr Asp Leu Ala Gly Ile Gly Trp
500 505 510

Asn Met Asp Arg Trp Ser Arg Ser Glu Glu
515 520

<210> 1101
<211> 408
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(385)
<223> RXC02238

<400> 1101
ggcgccttagc caaacaatag agcggtaggg tatgcttattc cgattgagca acctttcccg 60

ctcttaaacac tactgtccat atacttttga aaaggtgtca gtg acc aac gtg agc 115
Val Thr Asn Val Ser
1 5

aac gag acc aac gcc acc aag gcc gtc ttc gat ccg cca gtg ggc att 163
Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp Pro Pro Val Gly Ile
10 15 20

acc gct cct ccg atc gat gaa ctg ctg gat aag gtc act tcc aag tac 211

Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys Val Thr Ser Lys Tyr

25

30

35

gcc ctc gtg atc ttc gca gcc aag cgt gcg cgc cag atc aac agc ttc 259
Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg Gln Ile Asn Ser Phe

40

45

50

tac cat cag gca gat gag gga gta ttc gag ttc atc gga cca ttg gtt 307
Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe Ile Gly Pro Leu Val

55

60

65

act ccg cag cca ggc gaa aag cca ctt tct att gct ctg cgt gag atc 355
Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile Ala Leu Arg Glu Ile

70

75

80

85

aat gca ggt ctg ttg gac cac gag gaa ggt taaaagacct tataacttca 405
Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly

90

95

cac 408

<210> 1102

<211> 95

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1102

Val Thr Asn Val Ser Asn Glu Thr Asn Ala Thr Lys Ala Val Phe Asp
1 5 10 15

Pro Pro Val Gly Ile Thr Ala Pro Pro Ile Asp Glu Leu Leu Asp Lys
20 25 30

Val Thr Ser Lys Tyr Ala Leu Val Ile Phe Ala Ala Lys Arg Ala Arg
35 40 45

Gln Ile Asn Ser Phe Tyr His Gln Ala Asp Glu Gly Val Phe Glu Phe
50 55 60

Ile Gly Pro Leu Val Thr Pro Gln Pro Gly Glu Lys Pro Leu Ser Ile
65 70 75 80

Ala Leu Arg Glu Ile Asn Ala Gly Leu Leu Asp His Glu Glu Gly
85 90 95

<210> 1103

<211> 1298

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1275)

<223> RXC01946

<400> 1103

atc cgc aag tac tcc agg ctc gag gaa caa ttc cag tcg ctc ggc ggc 48
Ile Arg Lys Tyr Ser Arg Leu Glu Glu Gln Phe Gln Ser Leu Gly Gly

1 5 10 15

tac gaa gct gac gcc gaa gca gcc cag atc tgc gac aac ctc ggc ctc 96
Tyr Glu Ala Asp Ala Glu Ala Ala Gln Ile Cys Asp Asn Leu Gly Leu

20 25 30

gag gca cgc atc ctc gac cag cag ctt aaa acc ctg tcc ggc ggc cag 144
Glu Ala Arg Ile Leu Asp Gln Gln Leu Lys Thr Leu Ser Gly Gly Gln

35 40 45

cgc cgc cgc gtc gag ttg gcg cag atc ctc ttc gcc gcc acc aac ggc 192
Arg Arg Arg Val Glu Leu Ala Gln Ile Leu Phe Ala Ala Thr Asn Gly

50 55 60

tcc ggc aaa tca aaa acc aca ttg ctt ctc gac gag ccc acc aac cac 240
Ser Gly Lys Ser Lys Thr Thr Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn His

65 70 75 80

ttg gac gca gac tcg atc acc tgg ctc cgt gac ttc ctg gcg aag cac 288
Leu Asp Ala Asp Ser Ile Thr Trp Leu Arg Asp Phe Leu Ala Lys His

85 90 95

gaa ggt gga ctg atc atg att tcg cac gac gtc gaa ctg ctt ggc gcc 336
Glu Gly Gly Leu Ile Met Ile Ser His Asp Val Glu Leu Leu Gly Ala

100	105	110	
gta tgt aac aag att tgg tac ctc gac gca gta cgc agc gaa gcc gat 384			
Val Cys Asn Lys Ile Trp Tyr Leu Asp Ala Val Arg Ser Glu Ala Asp			
115	120	125	
gtc tac aac atg ggc ttt agc aaa tac gtc gat gca cgt gca ctc gat 432			
Val Tyr Asn Met Gly Phe Ser Lys Tyr Val Asp Ala Arg Ala Leu Asp			
130	135	140	
gaa gca cgc cga cgc cgt gag cgc gca aac gcc gaa aag aag gcc gga 480			
Glu Ala Arg Arg Arg Arg Glu Arg Ala Asn Ala Glu Lys Lys Ala Gly			
145	150	155	160
gcc ctc aag gac cag gct gca cgc ctc ggc gcg aaa gca acc aag gct 528			
Ala Leu Lys Asp Gln Ala Ala Arg Leu Gly Ala Lys Ala Thr Lys Ala			
165	170	175	
gcc gca gct aag cag atg atc gcc cgt gcg gaa cga atg atc gac aac 576			
Ala Ala Ala Lys Gln Met Ile Ala Arg Ala Glu Arg Met Ile Asp Asn			
180	185	190	
ctc gac gaa atc cgc gta gct gac cgc gcc gcc aac atc gtt ttc cca 624			
Leu Asp Glu Ile Arg Val Ala Asp Arg Ala Ala Asn Ile Val Phe Pro			
195	200	205	
gaa cca gca ccc tgt gga aaa acc cca ctc aac gcc aag ggc ctg acc 672			
Glu Pro Ala Pro Cys Gly Lys Thr Pro Leu Asn Ala Lys Gly Leu Thr			
210	215	220	
aag atg tac ggc tcc ctc gaa gtc ttc gcc ggc gtc gac cta gcc atc 720			
Lys Met Tyr Gly Ser Leu Glu Val Phe Ala Gly Val Asp Leu Ala Ile			
225	230	235	240
gac aaa ggc tcc cgc gta gtc gtc ctc gga ttc aac ggt gca ggt aaa 768			
Asp Lys Gly Ser Arg Val Val Val Leu Gly Phe Asn Gly Ala Gly Lys			
245	250	255	
acc acc ctg ctc aaa ctc ctc gcc ggt gtg gaa cgc acc gac ggc gaa 816			
Thr Thr Leu Leu Lys Leu Leu Ala Gly Val Glu Arg Thr Asp Gly Glu			

260	265	270	
ggc ggc atc gtc acc gga tac ggc ctc aaa atc ggc tac ttc gcc cag			864
Gly Gly Ile Val Thr Gly Tyr Gly Leu Lys Ile Gly Tyr Phe Ala Gln			
275	280	285	
gaa cac gac acc atc gac ccc gac aaa tcc gtc tgg caa aac acc atc			912
Glu His Asp Thr Ile Asp Pro Asp Lys Ser Val Trp Gln Asn Thr Ile			
290	295	300	
gaa gcc tgc gcc gac gcc gac caa caa agc ctc cgc agc ctc ctc gga			960
Glu Ala Cys Ala Asp Ala Asp Gln Gln Ser Leu Arg Ser Leu Leu Gly			
305	310	315	320
tcc ttc atg ttc tcc ggc gaa caa ctc gac caa cca gca gga aca ctc			1008
Ser Phe Met Phe Ser Gly Glu Gln Leu Asp Gln Pro Ala Gly Thr Leu			
325	330	335	
tcc ggc ggt gaa aaa acc cgc ctc gca ctg gcc acc ctc gtg tcc tcc			1056
Ser Gly Gly Glu Lys Thr Arg Leu Ala Leu Ala Thr Leu Val Ser Ser			
340	345	350	
cgc gca aac gtc ctg ctt ctc gac gag ccc acc aac aac ctt gac ccg			1104
Arg Ala Asn Val Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn Asn Leu Asp Pro			
355	360	365	
atc tcc cgc gaa cag gtc ctc gac gca ctg cgc acc tac acc ggc gca			1152
Ile Ser Arg Glu Gln Val Leu Asp Ala Leu Arg Thr Tyr Thr Gly Ala			
370	375	380	
gtc gtc ctg gtt acc cac gac ccg ggt gca gtc aag gcc ctt gag cca			1200
Val Val Leu Val Thr His Asp Pro Gly Ala Val Lys Ala Leu Glu Pro			
385	390	395	400
gaa cgc gtc atc gtg ctt cct gat ggc acc gag gat ctt tgg aat gat			1248
Glu Arg Val Ile Val Leu Pro Asp Gly Thr Glu Asp Leu Trp Asn Asp			
405	410	415	
cag tac atg gaa atc gtg gaa ttg gcg taggttctaa ggctgtttat			1295
Gln Tyr Met Glu Ile Val Glu Leu Ala			

420 425

gct

1298

<210> 1104

<211> 425

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1104

Ile Arg Lys Tyr Ser Arg Leu Glu Glu Gln Phe Gln Ser Leu Gly Gly
1 5 10 15

Tyr Glu Ala Asp Ala Glu Ala Ala Gln Ile Cys Asp Asn Leu Gly Leu
20 25 30

Glu Ala Arg Ile Leu Asp Gln Gln Leu Lys Thr Leu Ser Gly Gly Gln
35 40 45

Arg Arg Arg Val Glu Leu Ala Gln Ile Leu Phe Ala Ala Thr Asn Gly
50 55 60

Ser Gly Lys Ser Lys Thr Thr Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn His
65 70 75 80

Leu Asp Ala Asp Ser Ile Thr Trp Leu Arg Asp Phe Leu Ala Lys His
85 90 95

Glu Gly Gly Leu Ile Met Ile Ser His Asp Val Glu Leu Leu Gly Ala
100 105 110

Val Cys Asn Lys Ile Trp Tyr Leu Asp Ala Val Arg Ser Glu Ala Asp
115 120 125

Val Tyr Asn Met Gly Phe Ser Lys Tyr Val Asp Ala Arg Ala Leu Asp
130 135 140

Glu Ala Arg Arg Arg Arg Glu Arg Ala Asn Ala Glu Lys Lys Ala Gly
145 150 155 160

Ala Leu Lys Asp Gln Ala Ala Arg Leu Gly Ala Lys Ala Thr Lys Ala
165 170 175

Ala Ala Ala Lys Gln Met Ile Ala Arg Ala Glu Arg Met Ile Asp Asn
180 185 190

Leu Asp Glu Ile Arg Val Ala Asp Arg Ala Ala Asn Ile Val Phe Pro
195 200 205

Glu Pro Ala Pro Cys Gly Lys Thr Pro Leu Asn Ala Lys Gly Leu Thr
210 215 220

Lys Met Tyr Gly Ser Leu Glu Val Phe Ala Gly Val Asp Leu Ala Ile
225 230 235 240

Asp Lys Gly Ser Arg Val Val Val Leu Gly Phe Asn Gly Ala Gly Lys
245 250 255

Thr Thr Leu Leu Lys Leu Leu Ala Gly Val Glu Arg Thr Asp Gly Glu
260 265 270

Gly Gly Ile Val Thr Gly Tyr Gly Leu Lys Ile Gly Tyr Phe Ala Gln
275 280 285

Glu His Asp Thr Ile Asp Pro Asp Lys Ser Val Trp Gln Asn Thr Ile
290 295 300

Glu Ala Cys Ala Asp Ala Asp Gln Gln Ser Leu Arg Ser Leu Leu Gly
305 310 315 320

Ser Phe Met Phe Ser Gly Glu Gln Leu Asp Gln Pro Ala Gly Thr Leu
325 330 335

Ser Gly Gly Glu Lys Thr Arg Leu Ala Leu Ala Thr Leu Val Ser Ser
340 345 350

Arg Ala Asn Val Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn Asn Leu Asp Pro
355 360 365

Ile Ser Arg Glu Gln Val Leu Asp Ala Leu Arg Thr Tyr Thr Gly Ala
370 375 380

Val Val Leu Val Thr His Asp Pro Gly Ala Val Lys Ala Leu Glu Pro

385 390 395 400

Glu Arg Val Ile Val Leu Pro Asp Gly Thr Glu Asp Leu Trp Asn Asp
405 410 415

Gln Tyr Met Glu Ile Val Glu Leu Ala
420 425

<210> 1105
<211> 613
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(613)
<223> RXN03171

<400> 1105
atactttgtt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttcgcccgcg 60

cggctcttctt ctgggcggca atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile

1 5

gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag 163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu

10 15 20

cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc 211
Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala

25 30 35

atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac 259
Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp

40 45 50

acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca 307
Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro

55 60 65

ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca 355

Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro
70 75 80 85
gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc 403
Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala
90 95 100
cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca 451
Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro
105 110 115
cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc 499
Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala
120 125 130
acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt ggc 547
Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly
135 140 145
gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg 595
Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val
150 155 160 165
gac gca ttg gcg gaa tct 613
Asp Ala Leu Ala Glu Ser
170
<210> 1106
<211> 171
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1106
Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
1 5 10 15
Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala
20 25 30
Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
35 40 45

Val Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
50 55 60

Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu
65 70 75 80

Gly Met Ile Asp Pro Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly
85 90 95

Phe Ile Gly Leu Ala Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr
100 105 110

Leu Glu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val
115 120 125

Asp Pro Met Leu Ala Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu
130 135 140

Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser
145 150 155 160

Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser
165 170

<210> 1107

<211> 613

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(613)

<223> FRXA02857

<400> 1107

atacttttgtt ggactggaaa agtggccgtt tggttccctc caagcccaaa ttcgcccgcg 60

cggctcttctt ctgggcgga atgatttaac atgtgaagct atg gac atc acc atc 115
Met Asp Ile Thr Ile

1

5

gtc aac cac cca ctc gtt gct agc cgc cta acc ctg ttg cgc gac gag	163
Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr Leu Leu Arg Asp Glu	
10 15 20	
cgc agc gac aac gca gct ttc cgt gca gca gcc aac gac ctc ggc gcc	211
Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala Asn Asp Leu Gly Ala	
25 30 35	
atg ctg atc tac gaa gca tcc cga gat ctg gaa gtc gaa cac ttc gac	259
Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu Val Glu His Phe Asp	
40 45 50	
acc aaa acc ccc gtt gcc atg gct gaa ggt act cgc ctg aag cag cca	307
Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr Arg Leu Lys Gln Pro	
55 60 65	
ccc atc atc gtt ccc atc atc cgt gca ggt ctc ggc atg atc gac cca	355
Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu Gly Met Ile Asp Pro	
70 75 80 85	
gcg ctg tcg atg att ccg gat gca cag gtc ggc ttc att ggc ctt gcc	403
Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly Phe Ile Gly Leu Ala	
90 95 100	
cgc gat gag gaa acc cat gag cca gtc cca tac ctt gag gcg ctg cca	451
Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Pro	
105 110 115	
cag gat cta agc aac cag cct gta ttc ctt gtc gat ccc atg ctg gcc	499
Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val Asp Pro Met Leu Ala	
120 125 130	
acc ggc ggt tcc ctc ctg cac gcg atc cgc ctt ctt gct gat cgt ggc	547
Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu Leu Ala Asp Arg Gly	
135 140 145	
gcc acc gac atc acc gcc atc tgc atg gtt tct gcg cag cca ggt gtg	595
Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser Ala Gln Pro Gly Val	
150 155 160 165	
gac gca ttg gcg gaa tct	613

Asp Ala Leu Ala Glu Ser

170

<210> 1108

<211> 171

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1108

Met Asp Ile Thr Ile Val Asn His Pro Leu Val Ala Ser Arg Leu Thr
1 5 10 15

Leu Leu Arg Asp Glu Arg Ser Asp Asn Ala Ala Phe Arg Ala Ala Ala
20 25 30

Asn Asp Leu Gly Ala Met Leu Ile Tyr Glu Ala Ser Arg Asp Leu Glu
35 40 45

Val Glu His Phe Asp Thr Lys Thr Pro Val Ala Met Ala Glu Gly Thr
50 55 60

Arg Leu Lys Gln Pro Pro Ile Ile Val Pro Ile Ile Arg Ala Gly Leu
65 70 75 80

Gly Met Ile Asp Pro Ala Leu Ser Met Ile Pro Asp Ala Gln Val Gly
85 90 95

Phe Ile Gly Leu Ala Arg Asp Glu Glu Thr His Glu Pro Val Pro Tyr
100 105 110

Leu Glu Ala Leu Pro Gln Asp Leu Ser Asn Gln Pro Val Phe Leu Val
115 120 125

Asp Pro Met Leu Ala Thr Gly Gly Ser Leu Leu His Ala Ile Arg Leu
130 135 140

Leu Ala Asp Arg Gly Ala Thr Asp Ile Thr Ala Ile Cys Met Val Ser
145 150 155 160

Ala Gln Pro Gly Val Asp Ala Leu Ala Glu Ser
165 170

<210> 1109
 <211> 424
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(424)
 <223> RXN00450

<400> 1109
 ttgcatga catggattg gatccttcg aacaattgct gcgcacgcg gaagaactcg 60

gttttgataa tgatctggct cgggtgggtg gattcgacta gtg ggc gtt tta cct 115
 Val Gly Val Leu Pro

1 5

gtg cag gcg cgc atc aaa gac gat gag cgc cgc atg cgc cat gct ttg 163
 Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg Met Arg His Ala Leu

10 15 20

gat att gct cgc caa acc cct gag ggg gac gtt ccc gtt ggc gcc gtc 211
 Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val Pro Val Gly Ala Val

25 30 35

att tac gcg cgc acc ggg gag atc ctg gcg acc gca acg aac cgt cga 259
 Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr Ala Thr Asn Arg Arg

40 45 50

gaa gca gac cgc gat ccc acg gcc cac gcc gaa att att gct tta cga 307
 Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Ile Ala Leu Arg

55 60 65

cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc 355
 Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr

70 75 80 85

gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc ggc gcc ttg gtg 403
 Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val

90 95 100

ggt gct cga atc gga cgc atc 424
Gly Ala Arg Ile Gly Arg Ile

105

<210> 1110
<211> 108
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1110
Val Gly Val Leu Pro Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg
1 5 10 15

Met Arg His Ala Leu Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val
20 25 30

Pro Val Gly Ala Val Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr
35 40 45

Ala Thr Asn Arg Arg Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu
50 55 60

Ile Ile Ala Leu Arg Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg
65 70 75 80

Leu Ser Asp Cys Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys
85 90 95

Ala Gly Ala Leu Val Gly Ala Arg Ile Gly Arg Ile
100 105

<210> 1111
<211> 418
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(418)
<223> FRXA00450

<400> 1111

tttgcgatga catggatttg gatccttcgc aacaattgct gcgcacgcgc gaagaactcg 60

gttttgataa tgatctggct cgggtggtgg gattcgacta gtg ggc gtt tta cct 115
Val Gly Val Leu Pro

1 5

gtg cag gcg cgc atc aaa gac gat gag cgc cgc atg cgc cat gct ttg 163
Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg Met Arg His Ala Leu

10 15 20

gat att gct cgc caa acc cct gag ggg gac gtt ccc gtt ggc gcc gtc 211
Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val Pro Val Gly Ala Val

25 30 35

att tac gcg ccg acc ggg gag atc ctg gcg acc gca acg aac cgt cga 259
Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr Ala Thr Asn Arg Arg

40 45 50

gaa gca gac cgc gat ccc acg gcc cac gcc gaa att att gct tta cga 307
Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu Ile Ile Ala Leu Arg

55 60 65

cga gcc gcc cgc cgt ttt tcc gac ggc tgg cgg ctg agt gac tgc acc 355
Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg Leu Ser Asp Cys Thr

70 75 80 85

gcg gtg gtc acc ttg gag ccc tgc agt atg tgc gcc ggc gcc ttg gtg 403
Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys Ala Gly Ala Leu Val

90 95 100

ggt gct cga atc gga 418
Gly Ala Arg Ile Gly

105

<210> 1112

<211> 106

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1112

Val Gly Val Leu Pro Val Gln Ala Arg Ile Lys Asp Asp Glu Arg Arg
1 5 10 15

Met Arg His Ala Leu Asp Ile Ala Arg Gln Thr Pro Glu Gly Asp Val
20 25 30

Pro Val Gly Ala Val Ile Tyr Ala Pro Thr Gly Glu Ile Leu Ala Thr
35 40 45

Ala Thr Asn Arg Arg Glu Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala His Ala Glu
50 55 60

Ile Ile Ala Leu Arg Arg Ala Ala Arg Arg Phe Ser Asp Gly Trp Arg
65 70 75 80

Leu Ser Asp Cys Thr Ala Val Val Thr Leu Glu Pro Cys Ser Met Cys
85 90 95

Ala Gly Ala Leu Val Gly Ala Arg Ile Gly
100 105

<210> 1113
<211> 615
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(592)
<223> RXA00465

<400> 1113
tccccaacgc gcaccgaact tagccggatc gcagacttca cctggatgtc caccgcagcc 60

caagcgctac cagcgttgat gcgaggtttg agcgcctaac atg act gaa gat gac 115
Met Thr Glu Asp Asp
1 5

tta gat ctg ctg cac cgc aca gta gaa cta gcc acc cag gca ctc aag 163
Leu Asp Leu Leu His Arg Thr Val Glu Leu Ala Thr Gln Ala Leu Lys
10 15 20

cag gga aac agt cct tat gga tcc ctg ctg gtt gat ccc ttc ggc gcg 211

Gln Gly Asn Ser Pro Tyr Gly Ser Leu Leu Val Asp Pro Phe Gly Ala
25 30 35

gtc gtt ttt gaa gac cac aac cga gat gcc gat ggg gat ctg acc aag 259
Val Val Phe Glu Asp His Asn Arg Asp Ala Asp Gly Asp Leu Thr Lys

40 45 50

cac ccg gaa ttc gcc atc gcc aaa tat gcg atc gaa aat tac agt gca 307
His Pro Glu Phe Ala Ile Ala Lys Tyr Ala Ile Glu Asn Tyr Ser Ala

55 60 65

tca gaa cgt gct gcg tgc act gtt tat acc tcg acg gaa cat tgc gcg 355
Ser Glu Arg Ala Ala Cys Thr Val Tyr Thr Ser Thr Glu His Cys Ala

70 75 80 85

atg tgc gcc ggt gcc cat gcg tgg gct gga ctg ggc aaa att tac tgc 403
Met Cys Ala Gly Ala His Ala Trp Ala Gly Leu Gly Lys Ile Tyr Cys

90 95 100

gcc acc aca ggt ggg caa aca gcc gct tgg tac gca aag tgg ggt gca 451
Ala Thr Thr Gly Gly Gln Thr Ala Ala Trp Tyr Ala Lys Trp Gly Ala

105 110 115

gaa tct ggg cct ttg aac ccg att tca gcg gac aaa att agc ccg aac 499
Glu Ser Gly Pro Leu Asn Pro Ile Ser Ala Asp Lys Ile Ser Pro Asn

120 125 130

ata tcc atc gaa gga cct gct tcc aga ttt gag gaa gtc ctg tat gaa 547
Ile Ser Ile Glu Gly Pro Ala Ser Arg Phe Glu Glu Val Leu Tyr Glu

135 140 145

ctg cat cga tgg ttt tat tta ggg cag tct ccg aat aag gct ctt 592
Leu His Arg Trp Phe Tyr Leu Gly Gln Ser Pro Asn Lys Ala Leu

150 155 160

tagcgtggg catgtgactt taa 615

<210> 1114
<211> 164
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1114

Met Thr Glu Asp Asp Leu Asp Leu Leu His Arg Thr Val Glu Leu Ala
1 5 10 15

Thr Gln Ala Leu Lys Gln Gly Asn Ser Pro Tyr Gly Ser Leu Leu Val
20 25 30

Asp Pro Phe Gly Ala Val Val Phe Glu Asp His Asn Arg Asp Ala Asp
35 40 45

Gly Asp Leu Thr Lys His Pro Glu Phe Ala Ile Ala Lys Tyr Ala Ile
50 55 60

Glu Asn Tyr Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala Cys Thr Val Tyr Thr Ser
65 70 75 80

Thr Glu His Cys Ala Met Cys Ala Gly Ala His Ala Trp Ala Gly Leu
85 90 95

Gly Lys Ile Tyr Cys Ala Thr Thr Gly Gly Gln Thr Ala Ala Trp Tyr
100 105 110

Ala Lys Trp Gly Ala Glu Ser Gly Pro Leu Asn Pro Ile Ser Ala Asp
115 120 125

Lys Ile Ser Pro Asn Ile Ser Ile Glu Gly Pro Ala Ser Arg Phe Glu
130 135 140

Glu Val Leu Tyr Glu Leu His Arg Trp Phe Tyr Leu Gly Gln Ser Pro
145 150 155 160

Asn Lys Ala Leu

<210> 1115

<211> 1083

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS
<222> (101)..(1060)
<223> RXA00717

<400> 1115

aagcatcagt taaagcccg actattaaaa tctcctaaaa taggctagaa ttcacgggat 60

tcaatttcat acgttttctc tcaagattaa ggacacttac gtg acc cca ccc gct 115
Val Thr Pro Pro Ala

1 5

cgc cga gat ggc aca ccg gac aag aag cag agc aat cgc tct ggc gga 163
Arg Arg Asp Gly Thr Pro Asp Lys Lys Gln Ser Asn Arg Ser Gly Gly

10 15 20

tac cgg tct tca gtt cgt ggc tac aag cca gga tca tcc cgc cca aac 211
Tyr Arg Ser Ser Val Arg Gly Tyr Lys Pro Gly Ser Ser Arg Pro Asn

25 30 35

aca cgc cag cag cct cag aag aag gat gag att ctt ctg tcc aac gct 259
Thr Arg Gln Gln Pro Gln Lys Lys Asp Glu Ile Leu Leu Ser Asn Ala

40 45 50

aag cct gcc aag aag caa aac gta aaa tcc gac gac gat tgg tcg atg 307
Lys Pro Ala Lys Lys Gln Asn Val Lys Ser Asp Asp Asp Trp Ser Met

55 60 65

ggc ttc tta aac cgc aat gac tct gac gga gtt cgc ctg cag aag gtg 355
Gly Phe Leu Asn Arg Asn Asp Ser Asp Gly Val Arg Leu Gln Lys Val

70 75 80 85

ctt gcc caa gca ggt gtg gca tca cgt cga cac gca gaa atc ctg att 403
Leu Ala Gln Ala Gly Val Ala Ser Arg Arg His Ala Glu Ile Leu Ile

90 95 100

gat cag ggc cgt gtg gag gtc aac gat cgt atc gtg acc acc cag ggc 451
Asp Gln Gly Arg Val Glu Val Asn Asp Arg Ile Val Thr Thr Gln Gly

105 110 115

gtg cgc gtg gat cca aac aac gat gtc atc cgt gtt gac ggc gtc cgc 499
Val Arg Val Asp Pro Asn Asn Asp Val Ile Arg Val Asp Gly Val Arg

120	125	130	
atc cac atc aac gag gac ctc gag tac ttc gtg ctc aac aag cct cgt 547			
Ile His Ile Asn Glu Asp Leu Glu Tyr Phe Val Leu Asn Lys Pro Arg			
135	140	145	
ggc atg cac tcc acc atg agc gat gaa ctt ggt cgc cca tgc gtg ggt 595			
Gly Met His Ser Thr Met Ser Asp Glu Leu Gly Arg Pro Cys Val Gly			
150	155	160	165
gat ctg gtc agt gag aag act gca tct gga cag cgt ctg ttc cac gtc 643			
Asp Leu Val Ser Glu Lys Thr Ala Ser Gly Gln Arg Leu Phe His Val			
	170	175	180
ggt cgc ctc gac gcg gac acc gaa ggt ttg ctg ctg ctc acc aac gat 691			
Gly Arg Leu Asp Ala Asp Thr Glu Gly Leu Leu Leu Leu Thr Asn Asp			
	185	190	195
ggt gag ttg gct aac cgc ctc atg cac cct aag tac gaa gtg tcc aag 739			
Gly Glu Leu Ala Asn Arg Leu Met His Pro Lys Tyr Glu Val Ser Lys			
200	205	210	
act tac ctt gct acc gtt cgc ggt gaa gca acc aat aag cta gtc agc 787			
Thr Tyr Leu Ala Thr Val Arg Gly Glu Ala Thr Asn Lys Leu Val Ser			
215	220	225	
gct ctt cgt gat ggc gtg gag ttg gaa gat ggc cct gcc aag gct gac 835			
Ala Leu Arg Asp Gly Val Glu Leu Glu Asp Gly Pro Ala Lys Ala Asp			
230	235	240	245
ttt gcg cag att atc gac gta ttc cag ggc aag tcc ttg ttg cgc atc 883			
Phe Ala Gln Ile Ile Asp Val Phe Gln Gly Lys Ser Leu Leu Arg Ile			
	250	255	260
gaa atc cac gaa ggc cgc aag cac att gtg cga cgc ctc ttc gat gag 931			
Glu Ile His Glu Gly Arg Lys His Ile Val Arg Arg Leu Phe Asp Glu			
265	270	275	
ctc ggt ttc cca gtc gag cgc ctc gtg cgc acc aag ctg cac acc gtt 979			
Leu Gly Phe Pro Val Glu Arg Leu Val Arg Thr Lys Leu His Thr Val			

280 285 290
 cag ctt ggt gat cag aag cca ggt tcc ctt cgt gca ctg aac tcc tct 1027
 Gln Leu Gly Asp Gln Lys Pro Gly Ser Leu Arg Ala Leu Asn Ser Ser

295 300 305
 gag ctg acc agc tta tac aag gtg gtc caa ctg tgacggaaat ttccaacatg 1080
 Glu Leu Thr Ser Leu Tyr Lys Val Val Gln Leu

310 315 320
 cct 1083

<210> 1116
 <211> 320
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1116
 Val Thr Pro Pro Ala Arg Arg Asp Gly Thr Pro Asp Lys Lys Gln Ser
 1 5 10 15

Asn Arg Ser Gly Gly Tyr Arg Ser Ser Val Arg Gly Tyr Lys Pro Gly
 20 25 30

Ser Ser Arg Pro Asn Thr Arg Gln Gln Pro Gln Lys Lys Asp Glu Ile
 35 40 45

Leu Leu Ser Asn Ala Lys Pro Ala Lys Lys Gln Asn Val Lys Ser Asp
 50 55 60

Asp Asp Trp Ser Met Gly Phe Leu Asn Arg Asn Asp Ser Asp Gly Val
 65 70 75 80

Arg Leu Gln Lys Val Leu Ala Gln Ala Gly Val Ala Ser Arg Arg His
 85 90 95

Ala Glu Ile Leu Ile Asp Gln Gly Arg Val Glu Val Asn Asp Arg Ile
 100 105 110

Val Thr Thr Gln Gly Val Arg Val Asp Pro Asn Asn Asp Val Ile Arg
 115 120 125

Val Asp Gly Val Arg Ile His Ile Asn Glu Asp Leu Glu Tyr Phe Val
130 135 140

Leu Asn Lys Pro Arg Gly Met His Ser Thr Met Ser Asp Glu Leu Gly
145 150 155 160

Arg Pro Cys Val Gly Asp Leu Val Ser Glu Lys Thr Ala Ser Gly Gln
165 170 175

Arg Leu Phe His Val Gly Arg Leu Asp Ala Asp Thr Glu Gly Leu Leu
180 185 190

Leu Leu Thr Asn Asp Gly Glu Leu Ala Asn Arg Leu Met His Pro Lys
195 200 205

Tyr Glu Val Ser Lys Thr Tyr Leu Ala Thr Val Arg Gly Glu Ala Thr
210 215 220

Asn Lys Leu Val Ser Ala Leu Arg Asp Gly Val Glu Leu Glu Asp Gly
225 230 235 240

Pro Ala Lys Ala Asp Phe Ala Gln Ile Ile Asp Val Phe Gln Gly Lys
245 250 255

Ser Leu Leu Arg Ile Glu Ile His Glu Gly Arg Lys His Ile Val Arg
260 265 270

Arg Leu Phe Asp Glu Leu Gly Phe Pro Val Glu Arg Leu Val Arg Thr
275 280 285

Lys Leu His Thr Val Gln Leu Gly Asp Gln Lys Pro Gly Ser Leu Arg
290 295 300

Ala Leu Asn Ser Ser Glu Leu Thr Ser Leu Tyr Lys Val Val Gln Leu
305 310 315 320

<210> 1117

<211> 978

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(955)

<223> RXA01894

<400> 1117

agaatttttt cgaaatgct ggcacatca acagtacat tgtagaac ttcaaggaga 60

acccatgaat gaaccggagc aacatcacgc gtccatgagg atg ccc aaa ccc aaa 115
Met Pro Lys Pro Lys

1 5

aat aat gcg ggt cga gat ctc aaa gct gcc att gct gtg ggg atc gga 163
Asn Asn Ala Gly Arg Asp Leu Lys Ala Ala Ile Ala Val Gly Ile Gly

10 15 20

ctg ggg gtc ctg gtt ctt ttg ggg att gtc cta agc cca tgg ggt tgg 211
Leu Gly Val Leu Val Leu Leu Gly Ile Val Leu Ser Pro Trp Gly Trp

25 30 35

tac atc ctc gtt gca ggt ttt atg gct gca gca aca tgg gaa gtt ggt 259
Tyr Ile Leu Val Ala Gly Phe Met Ala Ala Ala Thr Trp Glu Val Gly

40 45 50

agc aga ctt aaa gaa ggc ggc tat cat ttg cca ctg ccg att atg atc 307
Ser Arg Leu Lys Glu Gly Gly Tyr His Leu Pro Leu Pro Ile Met Ile

55 60 65

atc ggc ggt cag gca atc atc tgg ctg tca tgg cca ttt ggc acg atg 355
Ile Gly Gly Gln Ala Ile Ile Trp Leu Ser Trp Pro Phe Gly Thr Met

70 75 80 85

ggc att ttg gcg tct ttt gtg gcc act gtg ttg gtg ctg atg tat ttc 403
Gly Ile Leu Ala Ser Phe Val Ala Thr Val Leu Val Leu Met Tyr Phe

90 95 100

cga att ttc tac aat ggc acg gaa aaa gaa gcc cgc aac tat ttg agg 451
Arg Ile Phe Tyr Asn Gly Thr Glu Lys Glu Ala Arg Asn Tyr Leu Arg

105 110 115

gac acc tct gtg ggc atc ttc gtg ctc acc tgg att cca ttg ttc gga 499
Asp Thr Ser Val Gly Ile Phe Val Leu Thr Trp Ile Pro Leu Phe Gly

120 125 130

agc ttc gct gcg atg ctg tcg ctg atg caa aac aat tcc atc ccg ggt 547
Ser Phe Ala Ala Met Leu Ser Leu Met Gln Asn Asn Ser Ile Pro Gly

135 140 145

aca tat ttc att ttg acg ttc atg ctg tgt gtg atc gca tcg gat gtg 595
Thr Tyr Phe Ile Leu Thr Phe Met Leu Cys Val Ile Ala Ser Asp Val

150 155 160 165

ggc ggg tat atc gcg ggt gtg ttc ttt gga tcg cac cca atg gcg ccg 643
Gly Gly Tyr Ile Ala Gly Val Phe Phe Gly Ser His Pro Met Ala Pro

170 175 180

ttg gtg agt ccg aag aag tct tgg gaa ggc ttt gcc ggc tcc att gtc 691
Leu Val Ser Pro Lys Lys Ser Trp Glu Gly Phe Ala Gly Ser Ile Val

185 190 195

tta gga tcg gtc act ggt gca ctc agt gtt cac ttc ctg ctc gat cac 739
Leu Gly Ser Val Thr Gly Ala Leu Ser Val His Phe Leu Leu Asp His

200 205 210

cac tgg tgg atg ggt gtg atc ttg ggt tgt gcc cta gtt gtg tgc gcc 787
His Trp Trp Met Gly Val Ile Leu Gly Cys Ala Leu Val Val Cys Ala

215 220 225

acg ttg ggt gac ttg gtt gag tcg cag ttc aaa cgc gat ttg ggc atc 835
Thr Leu Gly Asp Leu Val Glu Ser Gln Phe Lys Arg Asp Leu Gly Ile

230 235 240 245

aag gat atg tcg aac ctt ctt cca ggc cac ggc gga ttg atg gac cgt 883
Lys Asp Met Ser Asn Leu Leu Pro Gly His Gly Gly Leu Met Asp Arg

250 255 260

ttg gat ggc atg ctc ccg gcc gcg atg gtg acg tgg ttg atc ctg agt 931
Leu Asp Gly Met Leu Pro Ala Ala Met Val Thr Trp Leu Ile Leu Ser

265 270 275

gtg atc agc agc tcg tat ccg tcg taaagcttgg gccagcttta agt 978
Val Ile Ser Ser Ser Tyr Pro Ser

280 285

<210> 1118

<211> 285

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1118

Met Pro Lys Pro Lys Asn Asn Ala Gly Arg Asp Leu Lys Ala Ala Ile
1 5 10 15

Ala Val Gly Ile Gly Leu Gly Val Leu Val Leu Leu Gly Ile Val Leu
20 25 30

Ser Pro Trp Gly Trp Tyr Ile Leu Val Ala Gly Phe Met Ala Ala Ala
35 40 45

Thr Trp Glu Val Gly Ser Arg Leu Lys Glu Gly Gly Tyr His Leu Pro
50 55 60

Leu Pro Ile Met Ile Ile Gly Gly Gln Ala Ile Ile Trp Leu Ser Trp
65 70 75 80

Pro Phe Gly Thr Met Gly Ile Leu Ala Ser Phe Val Ala Thr Val Leu
85 90 95

Val Leu Met Tyr Phe Arg Ile Phe Tyr Asn Gly Thr Glu Lys Glu Ala
100 105 110

Arg Asn Tyr Leu Arg Asp Thr Ser Val Gly Ile Phe Val Leu Thr Trp
115 120 125

Ile Pro Leu Phe Gly Ser Phe Ala Ala Met Leu Ser Leu Met Gln Asn
130 135 140

Asn Ser Ile Pro Gly Thr Tyr Phe Ile Leu Thr Phe Met Leu Cys Val
145 150 155 160

Ile Ala Ser Asp Val Gly Gly Tyr Ile Ala Gly Val Phe Phe Gly Ser

165

170

175

His Pro Met Ala Pro Leu Val Ser Pro Lys Lys Ser Trp Glu Gly Phe
180 185 190

Ala Gly Ser Ile Val Leu Gly Ser Val Thr Gly Ala Leu Ser Val His
195 200 205

Phe Leu Leu Asp His His Trp Trp Met Gly Val Ile Leu Gly Cys Ala
210 215 220

Leu Val Val Cys Ala Thr Leu Gly Asp Leu Val Glu Ser Gln Phe Lys
225 230 235 240

Arg Asp Leu Gly Ile Lys Asp Met Ser Asn Leu Leu Pro Gly His Gly
245 250 255

Gly Leu Met Asp Arg Leu Asp Gly Met Leu Pro Ala Ala Met Val Thr
260 265 270

Trp Leu Ile Leu Ser Val Ile Ser Ser Ser Tyr Pro Ser
275 280 285

<210> 1119

<211> 879

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(856)

<223> RXA02536

<400> 1119

aagaagtgat cacgcgaacc tgtgtataac ttgcctcaaa ggcctaggc tgtggattat 60

gcgtattgcc ttgcttcaga tctcgacgaa ttccgataag atg gac aac ttc gcc 115
Met Asp Asn Phe Ala

1

5

ctg ctg cgt gat gct gct gaa aaa gct gcg gaa cag ggg gct cgg gtg 163
Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu Gln Gly Ala Arg Val

10	15	20	
ttg gtg ttt ccg gag gcg act tcg caa agc ttt ggt acg gga agg ctt	211		
Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe Gly Thr Gly Arg Leu			
25	30	35	
gat act cag gcg gag gag ctc gat ggc gaa ttc tcc acc gcg gta cga	259		
Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe Ser Thr Ala Val Arg			
40	45	50	
aaa tta gcc gat gag ctg gac gtt gtc atc gtt gcg ggc atg ttc acc	307		
Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val Ala Gly Met Phe Thr			
55	60	65	
cct gct gac acc gtg cag cgc ggt gaa aaa acg atc tcg cgc gtc aac	355		
Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr Ile Ser Arg Val Asn			
70	75	80	85
aac acc gtg ctg att agt ggc gct gga ttg cat cag gga tac aac aaa	403		
Asn Thr Val Leu Ile Ser Gly Ala Gly Leu His Gln Gly Tyr Asn Lys			
90	95	100	
att cac aca tat gac gcg ttc ggt tat agg gaa tcc gac act gtg aaa	451		
Ile His Thr Tyr Asp Ala Phe Gly Tyr Arg Glu Ser Asp Thr Val Lys			
105	110	115	
ccg ggc gat gag ctg gtt gta ttc gag gtc gac gat att aaa ttt ggt	499		
Pro Gly Asp Glu Leu Val Val Phe Glu Val Asp Asp Ile Lys Phe Gly			
120	125	130	
gtg gcg aca tgc tac gat att cga ttc cca gaa cag ttc aaa gac ctc	547		
Val Ala Thr Cys Tyr Asp Ile Arg Phe Pro Glu Gln Phe Lys Asp Leu			
135	140	145	
gcc cgc aac ggt gca cag ata att gtg gtt ccc acg tcg tgg caa gac	595		
Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro Thr Ser Trp Gln Asp			
150	155	160	165
ggt cct gga aaa tta gaa caa tgg gaa gtc ctc cct cgc gcg cgt gca	643		
Gly Pro Gly Lys Leu Glu Gln Trp Glu Val Leu Pro Arg Ala Arg Ala			

170 175 180
 ctg gat tcc acc tgc tgg atc gta gcg tgt ggg caa gcg cga ctt cca 691
 Leu Asp Ser Thr Cys Trp Ile Val Ala Cys Gly Gln Ala Arg Leu Pro

185 190 195
 gaa gaa tta cgc gat gaa cga aaa ggc cct acg ggg att ggt cat tcc 739
 Glu Glu Leu Arg Asp Glu Arg Lys Gly Pro Thr Gly Ile Gly His Ser

200 205 210
 atg gtg aca aac cca cac ggt gaa gta att gct agc gcg ggt tat gag 787
 Met Val Thr Asn Pro His Gly Glu Val Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Glu

215 220 225
 cca gaa atg ttg atc gcg gat att gat gtc agc ggt ttg gcc aaa att 835
 Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser Gly Leu Ala Lys Ile

230 235 240 245
 cgg gag gca ttg cct gtt ctt taaccactgt ctaaggaatc act 879
 Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu

250

<210> 1120
 <211> 252
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1120
 Met Asp Asn Phe Ala Leu Leu Arg Asp Ala Ala Glu Lys Ala Ala Glu
 1 5 10 15

Gln Gly Ala Arg Val Leu Val Phe Pro Glu Ala Thr Ser Gln Ser Phe
 20 25 30

Gly Thr Gly Arg Leu Asp Thr Gln Ala Glu Glu Leu Asp Gly Glu Phe
 35 40 45

Ser Thr Ala Val Arg Lys Leu Ala Asp Glu Leu Asp Val Val Ile Val
 50 55 60

Ala Gly Met Phe Thr Pro Ala Asp Thr Val Gln Arg Gly Glu Lys Thr

65	70	75	80
Ile Ser Arg Val Asn Asn Thr Val Leu Ile Ser Gly Ala Gly Leu His			
	85	90	95
Gln Gly Tyr Asn Lys Ile His Thr Tyr Asp Ala Phe Gly Tyr Arg Glu			
	100	105	110
Ser Asp Thr Val Lys Pro Gly Asp Glu Leu Val Val Phe Glu Val Asp			
	115	120	125
Asp Ile Lys Phe Gly Val Ala Thr Cys Tyr Asp Ile Arg Phe Pro Glu			
	130	135	140
Gln Phe Lys Asp Leu Ala Arg Asn Gly Ala Gln Ile Ile Val Val Pro			
	145	150	155
Thr Ser Trp Gln Asp Gly Pro Gly Lys Leu Glu Gln Trp Glu Val Leu			
	165	170	175
Pro Arg Ala Arg Ala Leu Asp Ser Thr Cys Trp Ile Val Ala Cys Gly			
	180	185	190
Gln Ala Arg Leu Pro Glu Glu Leu Arg Asp Glu Arg Lys Gly Pro Thr			
	195	200	205
Gly Ile Gly His Ser Met Val Thr Asn Pro His Gly Glu Val Ile Ala			
	210	215	220
Ser Ala Gly Tyr Glu Pro Glu Met Leu Ile Ala Asp Ile Asp Val Ser			
	225	230	235
Gly Leu Ala Lys Ile Arg Glu Ala Leu Pro Val Leu			
	245	250	

<210> 1121

<211> 1528

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1528)

<223> RXN01209

<400> 1121

cagattgcag cacagaaggc atcggcgcca ggcagctttg cgggtggcgtt tattgatgcg 60

ctttatgacg tggatgccca ggctgtggcc tcgttggttg atg tgc gag agg cct 115
Met Cys Glu Arg Pro

1 5

gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt 163
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val

10 15 20

ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att 211
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile

25 30 35

tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg 259
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val

40 45 50

gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctg tgc gat gct 307
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala

55 60 65

cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag 355
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu

70 75 80 85

ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa 403
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln

90 95 100

gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa 451
Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu

105 110 115

aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt 499
Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly

120	125	130	
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg 547			
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala			
135	140	145	
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag 595			
Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu			
150	155	160	165
atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga 643			
Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly			
170	175	180	
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac 691			
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp			
185	190	195	
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac 691			
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp			
200	205	210	
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac 691			
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp			
215	220	225	
act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat 835			
Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn			
230	235	240	245
tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca 883			
Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr			
250	255	260	
ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac 979			
Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His			

280	285	290	
ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag			1027
Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln			
295	300	305	
ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc			1075
Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly			
310	315	320	325
atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt			1123
Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly			
330	335	340	
tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc			1171
Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr			
345	350	355	
agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc			1219
Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg			
360	365	370	
ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc			1267
Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala			
375	380	385	
gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct			1315
Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala			
390	395	400	405
cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag			1363
Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys			
410	415	420	
ggt gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc			1411
Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro			
425	430	435	
gac ggc tcg gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac			1459
Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn			

440 445 450

tcc cat ggc aca ggc tgt tgc ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc 1507
 Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile

455 460 465

gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa 1528
 Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu

470 475

<210> 1122
 <211> 476
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1122
 Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
 1 5 10 15

Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile
 20 25 30

Val Asp Ser Ala Ile Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp
 35 40 45

Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys
 50 55 60

Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu
 65 70 75 80

Asp Ile Ala Val Glu Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp
 85 90 95

Thr Pro Tyr Thr Gln Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu
 100 105 110

Gly Leu Ser Ile Glu Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln
 115 120 125

Cys Ala Glu Thr Gly Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro

130

135

140

Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val
145 150 155 160

Glu Gly Ile Ala Glu Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala
165 170 175

Ser Val Ala Ile Gly Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala
180 185 190

Ala Thr Pro Ile Asp Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala
195 200 205

Ala Asn Pro Ala Ala Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro
210 215 220

Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln
225 230 235 240

Gly Ala Phe Val Asn Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala
245 250 255

Gly Thr Asp Pro Thr Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser
260 265 270

Ile Ala Ala Gly Gly Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val
275 280 285

Ala Gln Asn Thr His Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr
290 295 300

Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val
325 330 335

Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro
340 345 350

Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu

355 360 365

Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn
370 375 380

Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met
385 390 395 400

Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr
405 410 415

Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn
420 425 430

Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
435 440 445

Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
450 455 460

Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu
465 470 475

<210> 1123
<211> 1528
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1528)
<223> FRXA01209

<400> 1123
cagattgcag cacagaaggc atcggcgcca ggcagctttg cggtggcgtt tattgatgcg 60

ctttatgacg tggatgccca ggctgtggcc tcgttggttg atg tgc gag agg cct 115
Met Cys Glu Arg Pro

1 5

gaa aag tac gtg act gat ttt tct ttg tat ctg gtc acc gat ccc gtt 163
Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu Val Thr Asp Pro Val

10	15	20	
ttg ggt ggc ggg cca aaa aaa gta gct gga att gtt gac agc gca att			211
Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile Val Asp Ser Ala Ile			
25	30	35	
tcc ggc gga gtt tct gtg gtg cag ctg cgc gat aag aac tca ggc gtg			259
Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp Lys Asn Ser Gly Val			
40	45	50	
gaa gat gtt cgt gcg gca gca aag gag ctg aaa gaa ctc tgc gat gct			307
Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys Glu Leu Cys Asp Ala			
55	60	65	
cgc ggg gtg gcg ctt gtt gtc aac gat tac tta gat atc gcc gtt gag			355
Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu Asp Ile Ala Val Glu			
70	75	80	85
ctg ggt ctt cac ctg cac att ggt caa ggc gat aca cct tat acg caa			403
Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp Thr Pro Tyr Thr Gln			
90	95	100	
gca cgg gag ctg ctt cca gct cat ctt gaa ttg ggt ttg agc att gaa			451
Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu Gly Leu Ser Ile Glu			
105	110	115	
aac ctg gat caa ttg cat gct gtg atc gcg cag tgc gcc gag act ggt			499
Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln Cys Ala Glu Thr Gly			
120	125	130	
gtg gca ttg ccc gat gtg att ggc att ggt ccg gtg gcc tct act gcg			547
Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro Val Ala Ser Thr Ala			
135	140	145	
acc aaa cca gat gcg gca ccc gca ttg ggt gtg gag ggc atc gct gag			595
Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val Glu Gly Ile Ala Glu			
150	155	160	165
atc gcc gct gta gct caa gac cac ggc atc gca tca gta gct att gga			643
Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala Ser Val Ala Ile Gly			

170	175	180	
ggc gtt ggt cta cgc aac gcg gcc gaa ctc gct gct acg ccc atc gac			691
Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala Ala Thr Pro Ile Asp			
185	190	195	
ggt ctg tgc gtg gtc tct gaa atc atg acc gcc gcc aat cca gca gct			739
Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala Ala Asn Pro Ala Ala			
200	205	210	
gcg gca act cgc ctg cgg act gct ttt caa cct act ttc tcg cct gaa			787
Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro Thr Phe Ser Pro Glu			
215	220	225	
act caa act gaa ctc tct caa aca gaa ctc caa gga gcc ttc gtg aat			835
Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln Gly Ala Phe Val Asn			
230	235	240	245
tcg cct tct gcc cca cgt gtg ttg tct att gca ggc act gat ccc aca			883
Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala Gly Thr Asp Pro Thr			
250	255	260	
ggt ggt gca ggt att cag gct gat ctg aag tcc att gca gca ggt ggc			931
Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser Ile Ala Ala Gly Gly			
265	270	275	
ggc tac ggc atg tgc gtt gtg acc tcg ctg gtc gcg caa aac acc cac			979
Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val Ala Gln Asn Thr His			
280	285	290	
ggc gtc aac acg atc cac acc cca ccc ttg acc ttt ttg gaa gaa cag			1027
Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr Phe Leu Glu Glu Gln			
295	300	305	
ctg gaa gcg gtc ttt tcc gat gtc acc gtc gat gcc atc aag ctc ggc			1075
Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp Ala Ile Lys Leu Gly			
310	315	320	325
atg ttg ggc tct gcc gac acc gtc gat ctg gtg gct tca tgg ctt ggt			1123
Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val Ala Ser Trp Leu Gly			

330	335	340	
tcc cac gag cac ggt ccc gtg gtg ctt gat ccc gtc atg atc gcc acc			1171
Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro Val Met Ile Ala Thr			
345	350	355	
agc ggt gat cgc cta ctg gat gcg agc gct gaa gaa tcg ctg cgc cgc			1219
Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu Glu Ser Leu Arg Arg			
360	365	370	
ctg gcc gtg cac gtc gat gtg gtc acc ccg aat atc ccc gaa ctt gcc			1267
Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn Ile Pro Glu Leu Ala			
375	380	385	
gtg ttg tgc gac agt gct cct gcc atc acc atg gat gag gcc att gct			1315
Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met Asp Glu Ala Ile Ala			
390	395	400	405
cag gct cag gga ttt gcg cgg act cat gac acc atc gtc att gtc aag			1363
Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr Ile Val Ile Val Lys			
410	415	420	
ggt gga cat ctg act ggc gcg ctt gct gat aac gct gtc gtg cgc ccc			1411
Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn Ala Val Val Arg Pro			
425	430	435	
gac ggc tcg gtg ttc cag gtg gaa aac ctg cgt gtc aac acc acc aac			1459
Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg Val Asn Thr Thr Asn			
440	445	450	
tcc cat ggc aca ggc tgt tcg ctc tct gcg tca ctt gcc acc aag atc			1507
Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser Leu Ala Thr Lys Ile			
455	460	465	
gcc gcc ggc gaa agc gtg gaa			1528
Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu			
470	475		

<210> 1124

<211> 476

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1124

Met Cys Glu Arg Pro Glu Lys Tyr Val Thr Asp Phe Ser Leu Tyr Leu
1 5 10 15

Val Thr Asp Pro Val Leu Gly Gly Gly Pro Lys Lys Val Ala Gly Ile
20 25 30

Val Asp Ser Ala Ile Ser Gly Gly Val Ser Val Val Gln Leu Arg Asp
35 40 45

Lys Asn Ser Gly Val Glu Asp Val Arg Ala Ala Ala Lys Glu Leu Lys
50 55 60

Glu Leu Cys Asp Ala Arg Gly Val Ala Leu Val Val Asn Asp Tyr Leu
65 70 75 80

Asp Ile Ala Val Glu Leu Gly Leu His Leu His Ile Gly Gln Gly Asp
85 90 95

Thr Pro Tyr Thr Gln Ala Arg Glu Leu Leu Pro Ala His Leu Glu Leu
100 105 110

Gly Leu Ser Ile Glu Asn Leu Asp Gln Leu His Ala Val Ile Ala Gln
115 120 125

Cys Ala Glu Thr Gly Val Ala Leu Pro Asp Val Ile Gly Ile Gly Pro
130 135 140

Val Ala Ser Thr Ala Thr Lys Pro Asp Ala Ala Pro Ala Leu Gly Val
145 150 155 160

Glu Gly Ile Ala Glu Ile Ala Ala Val Ala Gln Asp His Gly Ile Ala
165 170 175

Ser Val Ala Ile Gly Gly Val Gly Leu Arg Asn Ala Ala Glu Leu Ala
180 185 190

Ala Thr Pro Ile Asp Gly Leu Cys Val Val Ser Glu Ile Met Thr Ala
195 200 205

Ala Asn Pro Ala Ala Ala Ala Thr Arg Leu Arg Thr Ala Phe Gln Pro
210 215 220

Thr Phe Ser Pro Glu Thr Gln Thr Glu Leu Ser Gln Thr Glu Leu Gln
225 230 235 240

Gly Ala Phe Val Asn Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Leu Ser Ile Ala
245 250 255

Gly Thr Asp Pro Thr Gly Gly Ala Gly Ile Gln Ala Asp Leu Lys Ser
260 265 270

Ile Ala Ala Gly Gly Gly Tyr Gly Met Cys Val Val Thr Ser Leu Val
275 280 285

Ala Gln Asn Thr His Gly Val Asn Thr Ile His Thr Pro Pro Leu Thr
290 295 300

Phe Leu Glu Glu Gln Leu Glu Ala Val Phe Ser Asp Val Thr Val Asp
305 310 315 320

Ala Ile Lys Leu Gly Met Leu Gly Ser Ala Asp Thr Val Asp Leu Val
325 330 335

Ala Ser Trp Leu Gly Ser His Glu His Gly Pro Val Val Leu Asp Pro
340 345 350

Val Met Ile Ala Thr Ser Gly Asp Arg Leu Leu Asp Ala Ser Ala Glu
355 360 365

Glu Ser Leu Arg Arg Leu Ala Val His Val Asp Val Val Thr Pro Asn
370 375 380

Ile Pro Glu Leu Ala Val Leu Cys Asp Ser Ala Pro Ala Ile Thr Met
385 390 395 400

Asp Glu Ala Ile Ala Gln Ala Gln Gly Phe Ala Arg Thr His Asp Thr
405 410 415

Ile Val Ile Val Lys Gly Gly His Leu Thr Gly Ala Leu Ala Asp Asn

420 425 430

Ala Val Val Arg Pro Asp Gly Ser Val Phe Gln Val Glu Asn Leu Arg
435 440 445

Val Asn Thr Thr Asn Ser His Gly Thr Gly Cys Ser Leu Ser Ala Ser
450 455 460

Leu Ala Thr Lys Ile Ala Ala Gly Glu Ser Val Glu
465 470 475

<210> 1125
<211> 795
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(772)
<223> RXN01617

<400> 1125
tcagaagcta ccggcggcgc cggcatccag gttgatttga agaccttcca gcatttaaga 60

tgtttatggc attgggtcca tcacatgctt ggggtggcctt ttg atc cta aag aca 115
Leu Ile Leu Lys Thr
1 5

act gga atc acc gtt ttg tcc cgg ttt gat gcg cag gtt atc gct aat 163
Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala Gln Val Ile Ala Asn
10 15 20

cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg aag atc 211
Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val Lys Ile
25 30 35

ggg atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc gct ttg 259
Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr Ala Leu
40 45 50

gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg atc tgc 307

Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu Ile Cys

55 60 65

aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc ctt cgc 355
Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala Leu Arg

70 75 80 85

gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac ttc gag 403
Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn Phe Glu

90 95 100

gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac gac ctg 451
Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp Asp Leu

105 110 115

aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac gtc gtt 499
Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr Val Val

120 125 130

gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac gta ctt 547
Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp Val Leu

135 140 145

ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc ggc gac 595
Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile Gly Asp

150 155 160 165

gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc acc gca 643
Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile Thr Ala

170 175 180

gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc gct aag 691
Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr Ala Lys

185 190 195

cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac gca ccg 739
Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn Ala Pro

200 205 210

ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt aaacaagctc 792

Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

215

220

cct

795

<210> 1126

<211> 224

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1126

Leu Ile Leu Lys Thr Thr Gly Ile Thr Val Leu Ser Arg Phe Asp Ala
1 5 10 15

Gln Val Ile Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu
20 25 30

Asp Val Val Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr
35 40 45

Val Ala Thr Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp
50 55 60

Pro Val Leu Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr
65 70 75 80

Asp Thr Ala Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr
85 90 95

Pro Asn Asn Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu
100 105 110

Thr Ile Asp Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly
115 120 125

Pro Gln Tyr Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn
130 135 140

Ala Val Asp Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu
145 150 155 160

Pro Lys Ile Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala
165 170 175

Ala Val Ile Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala
180 185 190

Val Thr Thr Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val
195 200 205

Ala Ser Asn Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys
210 215 220

<210> 1127

<211> 638

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(615)

<223> FRXA01617

<400> 1127

gct aat cag att gag gcc gcc acc gca gcg cac gat ctt gat gtg gtg 48
Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val

1 5 10 15

aag atc ggt atg ttg ggt act cct gca acg atc gat act gtg gca acc 96
Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr

20 25 30

gct ttg gag gaa aac agc ttc aag cac gtt gtc cta gac ccg gta ctg 144
Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu

35 40 45

atc tgc aag ggc cag gag ccc ggc gcg gca ctt gat act gac act gcc 192
Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala

50 55 60

ctt cgc gcg aag gtg ctg cca cag gca acc gtg gtt act cca aac aac 240
Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn

65 70 75 80

ttc gag gcc acc acc ctg tct ggc cta gac aag ctg gag acc atc gac 288
Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp

85 90 95

gac ctg aag gaa gca gcc cgc ctc att cat gag caa gga cct cag tac 336
Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr

100 105 110

gtc gtt gtt aag ggt ggc atc gac ttc cca ggc gac aac gct gtg gac 384
Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp

115 120 125

gta ctt ttc gac ggc acc gac tac cac gtg ttc tct gaa cca aag atc 432
Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile

130 135 140

ggc gac gag cgc gtc tcc ggc gct ggc tgt acc ttc gca gct gtc atc 480
Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile

145 150 155 160

acc gca gag ctg gcc aag ggc aac tct gcc gtt gat gca gtg acc acc 528
Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr

165 170 175

gct aag cgc gta gtc acc cgc gca gtg aag gac gct gtc gca tcc aac 576
Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn

180 185 190

gca ccg ttt acc tct gtg tgg ttg gcg gaa gac aac aag tagaaatctt 625
Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys

195 200 205

aaacaagctc cct 638

<210> 1128

<211> 205

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1128

Ala Asn Gln Ile Glu Ala Ala Thr Ala Ala His Asp Leu Asp Val Val
1 5 10 15

Lys Ile Gly Met Leu Gly Thr Pro Ala Thr Ile Asp Thr Val Ala Thr
20 25 30

Ala Leu Glu Glu Asn Ser Phe Lys His Val Val Leu Asp Pro Val Leu
35 40 45

Ile Cys Lys Gly Gln Glu Pro Gly Ala Ala Leu Asp Thr Asp Thr Ala
50 55 60

Leu Arg Ala Lys Val Leu Pro Gln Ala Thr Val Val Thr Pro Asn Asn
65 70 75 80

Phe Glu Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu Asp Lys Leu Glu Thr Ile Asp
85 90 95

Asp Leu Lys Glu Ala Ala Arg Leu Ile His Glu Gln Gly Pro Gln Tyr
100 105 110

Val Val Val Lys Gly Gly Ile Asp Phe Pro Gly Asp Asn Ala Val Asp
115 120 125

Val Leu Phe Asp Gly Thr Asp Tyr His Val Phe Ser Glu Pro Lys Ile
130 135 140

Gly Asp Glu Arg Val Ser Gly Ala Gly Cys Thr Phe Ala Ala Val Ile
145 150 155 160

Thr Ala Glu Leu Ala Lys Gly Asn Ser Ala Val Asp Ala Val Thr Thr
165 170 175

Ala Lys Arg Val Val Thr Arg Ala Val Lys Asp Ala Val Ala Ser Asn
180 185 190

Ala Pro Phe Thr Ser Val Trp Leu Ala Glu Asp Asn Lys
195 200 205

<210> 1129
 <211> 792
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(769)
 <223> RXC01600

<400> 1129
 tgagtacaaa tctcgtccaa cccatgctca tccactgttt tacggcctgg tgaagaccgc 60

tttggagctg cggtccacc cttagatcta caatgtgata atg gtt tcg aag atg 115
 Met Val Ser Lys Met

1 5

cac att ccc ggt acc cat gag ttc acg gtg aca gat act gaa ctg ttg 163
 His Ile Pro Gly Thr His Glu Phe Thr Val Thr Asp Thr Glu Leu Leu

10 15 20

tta gag tcc cca att ttg ggc gtt cgt cga gat tca ttg atc atg ccg 211
 Leu Glu Ser Pro Ile Leu Gly Val Arg Arg Asp Ser Leu Ile Met Pro

25 30 35

ggt ggt tcc act gcc cgc cgt gaa gtg gtt gaa cac ttt ggg gcg gtc 259
 Gly Gly Ser Thr Ala Arg Arg Glu Val Val Glu His Phe Gly Ala Val

40 45 50

gca gtg gtt gcc ttt gat ggt gaa aac att gcg atg gtc aag cag tac 307
 Ala Val Val Ala Phe Asp Gly Glu Asn Ile Ala Met Val Lys Gln Tyr

55 60 65

cgt cgc agc gtg ggg gat tcc ttg tgg gag ctg cct gca ggt ttg ttg 355
 Arg Arg Ser Val Gly Asp Ser Leu Trp Glu Leu Pro Ala Gly Leu Leu

70 75 80 85

gat att gct gat gag gat gaa ctc acg ggc gcg cag cgc gag ctc atg 403
 Asp Ile Ala Asp Glu Asp Glu Leu Thr Gly Ala Gln Arg Glu Leu Met

90 95 100

gag gag gct ggt ttg gag gcc agt gag tgg tcc gtg ctc act gat ttg 451

Glu Glu Ala Gly Leu Glu Ala Ser Glu Trp Ser Val Leu Thr Asp Leu
105 110 115

att acc tcg cct ggt ttc tgc gat gaa gcg gtg cgt gtc ttt cta gcc 499
Ile Thr Ser Pro Gly Phe Cys Asp Glu Ala Val Arg Val Phe Leu Ala
120 125 130

cga ggc ctc aca aag gtt gag cgc ccg aag gtt atg ggc gat gaa gaa 547
Arg Gly Leu Thr Lys Val Glu Arg Pro Lys Val Met Gly Asp Glu Glu
135 140 145

gcg gac atg att aac cag tgg gtt ccg cta cat gag gca gtg gga atg 595
Ala Asp Met Ile Asn Gln Trp Val Pro Leu His Glu Ala Val Gly Met
150 155 160 165

gtg ttt agt ggc cag ttg gtt aac tcc att gcc att gcg ggt gtc atg 643
Val Phe Ser Gly Gln Leu Val Asn Ser Ile Ala Ile Ala Gly Val Met
170 175 180

gct gct gat gct gtg att gcg ggt cgt gcg tct gcg cgt gcc gtc acc 691
Ala Ala Asp Ala Val Ile Ala Gly Arg Ala Ser Ala Arg Ala Val Thr
185 190 195

gcg ccg ttt acc tat cgc cct acg gcg ttg gcg cag cgt cga aaa gcg 739
Ala Pro Phe Thr Tyr Arg Pro Thr Ala Leu Ala Gln Arg Arg Lys Ala
200 205 210

cac ggc att gtt cct gac atg aaa aaa cta tgaaggctcg cgtttttagcg 789
His Gly Ile Val Pro Asp Met Lys Lys Leu
215 220

aaa 792

<210> 1130
<211> 223
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1130
Met Val Ser Lys Met His Ile Pro Gly Thr His Glu Phe Thr Val Thr

1	5	10	15
Asp Thr Glu Leu Leu Leu Glu Ser Pro Ile Leu Gly Val Arg Arg Asp	20	25	30
Ser Leu Ile Met Pro Gly Gly Ser Thr Ala Arg Arg Glu Val Val Glu	35	40	45
His Phe Gly Ala Val Ala Val Val Ala Phe Asp Gly Glu Asn Ile Ala	50	55	60
Met Val Lys Gln Tyr Arg Arg Ser Val Gly Asp Ser Leu Trp Glu Leu	65	70	75
Pro Ala Gly Leu Leu Asp Ile Ala Asp Glu Asp Glu Leu Thr Gly Ala	85	90	95
Gln Arg Glu Leu Met Glu Glu Ala Gly Leu Glu Ala Ser Glu Trp Ser	100	105	110
Val Leu Thr Asp Leu Ile Thr Ser Pro Gly Phe Cys Asp Glu Ala Val	115	120	125
Arg Val Phe Leu Ala Arg Gly Leu Thr Lys Val Glu Arg Pro Lys Val	130	135	140
Met Gly Asp Glu Glu Ala Asp Met Ile Asn Gln Trp Val Pro Leu His	145	150	155
Glu Ala Val Gly Met Val Phe Ser Gly Gln Leu Val Asn Ser Ile Ala	165	170	175
Ile Ala Gly Val Met Ala Ala Asp Ala Val Ile Ala Gly Arg Ala Ser	180	185	190
Ala Arg Ala Val Thr Ala Pro Phe Thr Tyr Arg Pro Thr Ala Leu Ala	195	200	205
Gln Arg Arg Lys Ala His Gly Ile Val Pro Asp Met Lys Lys Leu	210	215	220

<210> 1131
 <211> 726
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(703)
 <223> RXC01622

<400> 1131
 aaggcgtggg cgtttttgaa ggagcttcgt ttggagcgcg gtcctttgga tcgtgaagtt 60

gccatcgag agctgaagag ctgggtgggaa ggagaaaaca atg agt gat ttt tat 115
 Met Ser Asp Phe Tyr

1 5

gcc gac agg ttg ttt aac gcg atg gag cgc aat gag gta gct cca ggc 163
 Ala Asp Arg Leu Phe Asn Ala Met Glu Arg Asn Glu Val Ala Pro Gly

10 15 20

atg ttg ttg gtg gct gcg ccc gat atg gcg tcg gag gat ttt gag cgc 211
 Met Leu Leu Val Ala Ala Pro Asp Met Ala Ser Glu Asp Phe Glu Arg

25 30 35

agc atc gtg ttg atc atc gag cat tct cct gcc acc act ttt ggt gtg 259
 Ser Ile Val Leu Ile Ile Glu His Ser Pro Ala Thr Thr Phe Gly Val

40 45 50

aac att tct tca cgt tcc gat gtt gct gtg gcc aat gtg ttg ccc gag 307
 Asn Ile Ser Ser Arg Ser Asp Val Ala Val Ala Asn Val Leu Pro Glu

55 60 65

tgg gtg gac ctc acc tcg aag cca cag gca ctg tac atc ggt ggg ccg 355
 Trp Val Asp Leu Thr Ser Lys Pro Gln Ala Leu Tyr Ile Gly Gly Pro

70 75 80 85

ttg agc cag cag gct gtg gtt ggt ttg ggc gtg acc aag ccg ggc gtg 403
 Leu Ser Gln Gln Ala Val Val Gly Leu Gly Val Thr Lys Pro Gly Val

90 95 100

gat att gaa aat tcc acc agc ttc aac aag ctc gcc aac cgc ctg gtg 451

Asp Ile Glu Asn Ser Thr Ser Phe Asn Lys Leu Ala Asn Arg Leu Val
105 110 115

cac gtg gat ctg cgt tct gca cct gaa gat gtg gct gat gat ctt gag 499
His Val Asp Leu Arg Ser Ala Pro Glu Asp Val Ala Asp Asp Leu Glu
120 125 130

ggc atg cgc ttt ttt gcg ggc tac gcg gag tgg gct ccg ggc cag ctc 547
Gly Met Arg Phe Phe Ala Gly Tyr Ala Glu Trp Ala Pro Gly Gln Leu
135 140 145

aac gag gaa att gag cag ggt gat tgg ttc gtc aca cct gcg ttg ccg 595
Asn Glu Glu Ile Glu Gln Gly Asp Trp Phe Val Thr Pro Ala Leu Pro
150 155 160 165

tcg gac att atc gcg ccg ggc cgc gtc gat att tgg ggc gac gtg atg 643
Ser Asp Ile Ile Ala Pro Gly Arg Val Asp Ile Trp Gly Asp Val Met
170 175 180

cgt cga caa gca atg cct ttg ccg ttg tat tcc acg ttt ccg tcg gac 691
Arg Arg Gln Ala Met Pro Leu Pro Leu Tyr Ser Thr Phe Pro Ser Asp
185 190 195

cct tca gat aat tagatgagtt ccgaaaattt aaa 726
Pro Ser Asp Asn
200

<210> 1132
<211> 201
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1132
Met Ser Asp Phe Tyr Ala Asp Arg Leu Phe Asn Ala Met Glu Arg Asn
1 5 10 15

Glu Val Ala Pro Gly Met Leu Leu Val Ala Ala Pro Asp Met Ala Ser
20 25 30

Glu Asp Phe Glu Arg Ser Ile Val Leu Ile Ile Glu His Ser Pro Ala

35 40 45

Thr Thr Phe Gly Val Asn Ile Ser Ser Arg Ser Asp Val Ala Val Ala
50 55 60

Asn Val Leu Pro Glu Trp Val Asp Leu Thr Ser Lys Pro Gln Ala Leu
65 70 75 80

Tyr Ile Gly Gly Pro Leu Ser Gln Gln Ala Val Val Gly Leu Gly Val
85 90 95

Thr Lys Pro Gly Val Asp Ile Glu Asn Ser Thr Ser Phe Asn Lys Leu
100 105 110

Ala Asn Arg Leu Val His Val Asp Leu Arg Ser Ala Pro Glu Asp Val
115 120 125

Ala Asp Asp Leu Glu Gly Met Arg Phe Phe Ala Gly Tyr Ala Glu Trp
130 135 140

Ala Pro Gly Gln Leu Asn Glu Glu Ile Glu Gln Gly Asp Trp Phe Val
145 150 155 160

Thr Pro Ala Leu Pro Ser Asp Ile Ile Ala Pro Gly Arg Val Asp Ile
165 170 175

Trp Gly Asp Val Met Arg Arg Gln Ala Met Pro Leu Pro Leu Tyr Ser
180 185 190

Thr Phe Pro Ser Asp Pro Ser Asp Asn
195 200

<210> 1133
<211> 1827
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1804)
<223> RXC00128

<400> 1133

ccattttccg ttgtgtcttg cctaaagaac cgcatggaaa ttatcgtgaa gcaccgatecc 60

cgttgatcgc tccagagaca ccgtgggaag gggagcagca gtg agt aaa att tcg 115
Val Ser Lys Ile Ser

1 5

acg aaa ctg aag gcc ctc acc gcg gtg ctg tct gtg acc act ctg gtg 163
Thr Lys Leu Lys Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser Val Thr Thr Leu Val

10 15 20

gct ggg tgt tcc acg ctt ccg cag aac acg gat ccg caa gtg ctg cgc 211
Ala Gly Cys Ser Thr Leu Pro Gln Asn Thr Asp Pro Gln Val Leu Arg

25 30 35

tca ttt tcc ggg tcc caa agc aca caa gag ata gca ggg ccg acc ccg 259
Ser Phe Ser Gly Ser Gln Ser Thr Gln Glu Ile Ala Gly Pro Thr Pro

40 45 50

aat caa gat ccg gat ttg ttg atc cgc ggc ttc ttc agc gca ggt gcg 307
Asn Gln Asp Pro Asp Leu Leu Ile Arg Gly Phe Phe Ser Ala Gly Ala

55 60 65

tat ccg act cag cag tat gaa gcg gcg aag gcg tat ctg acg gaa ggg 355
Tyr Pro Thr Gln Gln Tyr Glu Ala Ala Lys Ala Tyr Leu Thr Glu Gly

70 75 80 85

acg cgc agc acg tgg aat ccg gct gcg tcg act cgt att ttg gat cgc 403
Thr Arg Ser Thr Trp Asn Pro Ala Ala Ser Thr Arg Ile Leu Asp Arg

90 95 100

att gat ctg aac act ctg cca ggt tcg acg aat gcg gaa cga acg att 451
Ile Asp Leu Asn Thr Leu Pro Gly Ser Thr Asn Ala Glu Arg Thr Ile

105 110 115

gcg atc cgt gga acg cag gtc gga acg ttg ctc agc ggt ggc gtg tat 499
Ala Ile Arg Gly Thr Gln Val Gly Thr Leu Leu Ser Gly Gly Val Tyr

120 125 130

cag ccg gag aat gcg gag ttt gaa gct gag atc acg atg cgt cgg gaa 547
Gln Pro Glu Asn Ala Glu Phe Glu Ala Glu Ile Thr Met Arg Arg Glu

135	140	145	
gat ggg gag tgg cgt atc gat gct ttg ccg gac ggg att tta tta gag			595
Asp Gly Glu Trp Arg Ile Asp Ala Leu Pro Asp Gly Ile Leu Leu Glu			
150	155	160	165
aga aac gat ctg cgg aac cat tac act ccg cac gat gtg tat ttc ttt			643
Arg Asn Asp Leu Arg Asn His Tyr Thr Pro His Asp Val Tyr Phe Phe			
	170	175	180
gat cct tct ggc cag gtg ttg gtg ggg gat ccg 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 tgc ttg tgc 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 tgc agt			1267
Leu Arg Ser Glu Thr Ile Thr Arg Pro Thr Phe Glu Tyr Ala Ser Ser			
	375	380	385
ggg ttg tgg gct gtg gtg gat ggg gag acg cct gtc cga gtc gca cga			1315
Gly Leu Trp Ala Val Val Asp Gly Glu Thr Pro Val Arg Val Ala Arg			
390	395	400	405
tcg gca aca acc ggt gag ctc gtc cag acg gag gcg gag att gtg ctg			1363
Ser Ala Thr Thr Gly Glu Leu Val Gln Thr Glu Ala Glu Ile Val Leu			
	410	415	420
cca agg gat gtg acg ggt ccg atc tct gaa ttc caa ctg tca cga act			1411
Pro Arg Asp Val Thr Gly Pro Ile Ser Glu Phe Gln Leu Ser Arg Thr			
	425	430	435
ggg gtc cgg gcc gcc atg atc att gaa ggc aag gtg tac gtg ggc gtc			1459
Gly Val Arg Ala Ala Met Ile Ile Glu Gly Lys Val Tyr Val Gly Val			
	440	445	450
gta acg cgt cct ggt ccg ggc gag cgg cgc gtg aca aat atc acg gag			1507
Val Thr Arg Pro Gly Pro Gly Glu Arg Arg Val Thr Asn Ile Thr Glu			

455	460	465	
gtg gcg ccg agc ttg ggc gag gcg gcg ctg 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 gcg atg ctt cag ctg ccg act gcc gat aat gat 1747			
Val Thr Asp Ser His Ala Met Leu Gln Leu Pro Thr Ala Asp Asn Asp			
	535	540	545
att tgg cgc gag gtg ccc ggt ttg ctg ggc acg cgt gcg gcg ccg gtg 1795			
Ile Trp Arg Glu Val Pro Gly Leu Leu Gly Thr Arg Ala Ala Pro Val			
550	555	560	565
gtt gcg tac tgatggagct gttcttcccg cgc 1827			
Val Ala Tyr			

<210> 1134
 <211> 568
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1134
 Val Ser Lys Ile Ser Thr Lys Leu Lys Ala Leu Thr Ala Val Leu Ser
 1 5 10 15
 Val Thr Thr Leu Val Ala Gly Cys Ser Thr Leu Pro Gln Asn Thr Asp
 20 25 30

Pro Gln Val Leu Arg Ser Phe Ser Gly Ser Gln Ser Thr Gln Glu Ile
35 40 45

Ala Gly Pro Thr Pro Asn Gln Asp Pro Asp Leu Leu Ile Arg Gly Phe
50 55 60

Phe Ser Ala Gly Ala Tyr Pro Thr Gln Gln Tyr Glu Ala Ala Lys Ala
65 70 75 80

Tyr Leu Thr Glu Gly Thr Arg Ser Thr Trp Asn Pro Ala Ala Ser Thr
85 90 95

Arg Ile Leu Asp Arg Ile Asp Leu Asn Thr Leu Pro Gly Ser Thr Asn
100 105 110

Ala Glu Arg Thr Ile Ala Ile Arg Gly Thr Gln Val Gly Thr Leu Leu
115 120 125

Ser Gly Gly Val Tyr Gln Pro Glu Asn Ala Glu Phe Glu Ala Glu Ile
130 135 140

Thr Met Arg Arg Glu Asp Gly Glu Trp Arg Ile Asp Ala Leu Pro Asp
145 150 155 160

Gly Ile Leu Leu Glu Arg Asn Asp Leu Arg Asn His Tyr Thr Pro His
165 170 175

Asp Val Tyr Phe Phe Asp Pro Ser Gly Gln Val Leu Val Gly Asp Arg
180 185 190

Arg Trp Leu Phe Asn Glu Ser Gln Ser Met Ser Thr Val Leu Met Ala
195 200 205

Leu Leu Val Asn Gly Pro Ser Pro Ala Ile Ser Pro Gly Val Val Asn
210 215 220

Gln Leu Ser Thr Asp Ala Ser Phe Val Gly Phe Asn Asp Gly Glu Tyr
225 230 235 240

Gln Phe Thr Gly Leu Gly Asn Leu Asp Asp Asp Ala Arg Leu Arg Phe

245	250	255
Ala Ala Gln Ala Val Trp Thr Leu Ala His Ala Asp Val Ala Gly Pro		
260	265	270
Tyr Thr Leu Val Ala Asp Gly Ala Pro Leu Leu Ser Glu Phe Pro Thr		
275	280	285
Leu Thr Thr Asp Asp Leu Ala Glu Tyr Asn Pro Glu Ala Tyr Thr Asn		
290	295	300
Thr Val Ser Thr Leu Phe Ala Leu Gln Asp Gly Ser Leu Ser Arg Val		
305	310	315
Ser Ser Gly Asn Val Ser Pro Leu Gln Gly Ile Trp Ser Gly Gly Asp		
325	330	335
Ile Asp Ser Ala Ala Ile Ser Ser Ser Ala Asn Val Val Ala Ala Val		
340	345	350
Arg His Glu Asn Asn Glu Ala Val Leu Thr Val Gly Ser Met Glu Gly		
355	360	365
Val Thr Ser Asp Ala Leu Arg Ser Glu Thr Ile Thr Arg Pro Thr Phe		
370	375	380
Glu Tyr Ala Ser Ser Gly Leu Trp Ala Val Val Asp Gly Glu Thr Pro		
385	390	395
Val Arg Val Ala Arg Ser Ala Thr Thr Gly Glu Leu Val Gln Thr Glu		
405	410	415
Ala Glu Ile Val Leu Pro Arg Asp Val Thr Gly Pro Ile Ser Glu Phe		
420	425	430
Gln Leu Ser Arg Thr Gly Val Arg Ala Ala Met Ile Ile Glu Gly Lys		
435	440	445
Val Tyr Val Gly Val Val Thr Arg Pro Gly Pro Gly Glu Arg Arg Val		
450	455	460

Thr Asn Ile Thr Glu Val Ala Pro Ser Leu Gly Glu Ala Ala Leu Ser
465 470 475 480

Ile Asn Trp Arg Pro Asp Gly Ile Leu Leu Val Gly Thr Ser Ile Pro
485 490 495

Glu Thr Pro Leu Trp Arg Val Glu Gln Asp Gly Ser Ala Ile Ser Ser
500 505 510

Met Pro Ser Gly Asn Leu Ser Ala Pro Val Val Ala Val Ala Ser Ser
515 520 525

Ala Thr Thr Val Tyr Val Thr Asp Ser His Ala Met Leu Gln Leu Pro
530 535 540

Thr Ala Asp Asn Asp Ile Trp Arg Glu Val Pro Gly Leu Leu Gly Thr
545 550 555 560

Arg Ala Ala Pro Val Val Ala Tyr
565

<210> 1135
<211> 555
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(532)
<223> RXC01709

<400> 1135
gcaagtggaa ccacgatggg aacggtaact gctgccgctg cggtattact cgtagtttca 60

gaaattaggt gtcgatgcag caatacggaa ctttgccaat gtg ttt gaa caa gct 115
Val Phe Glu Gln Ala

1 5

ctc ggg ctc acc acc ctt gca caa aca gct gga gcg ggc gca gcg ggg 163
Leu Gly Leu Thr Thr Leu Ala Gln Thr Ala Gly Ala Gly Ala Ala Gly

10 15 20

ggc ttg ggt ttc atg gca atg gcg ttg ttg tct gca ggg atg cgc tcc 211

Gly Leu Gly Phe Met Ala Met Ala Leu Leu Ser Ala Gly Met Arg Ser
25 30 35

ggc gtg gac atg att ctt aat gaa acc ggg ggt gaa aag atg ctt gca 259
Gly Val Asp Met Ile Leu Asn Glu Thr Gly Gly Glu Lys Met Leu Ala

40 45 50

cag gca gat tta gtc atc act gga gaa gga cgc att gat gca cag acc 307
Gln Ala Asp Leu Val Ile Thr Gly Glu Gly Arg Ile Asp Ala Gln Thr

55 60 65

ctc agc ggg aaa gct cct act gga atc gcc aaa cgg gca cgt gcg aaa 355
Leu Ser Gly Lys Ala Pro Thr Gly Ile Ala Lys Arg Ala Arg Ala Lys

70 75 80 85

gga att cca gta ctg gcg gtt tgt ggg cag agc cta ttg ggt cca gca 403
Gly Ile Pro Val Leu Ala Val Cys Gly Gln Ser Leu Leu Gly Pro Ala

90 95 100

atc tca aat gag cta ttt gaa gac atc tac agc ttt acc gat ttc gaa 451
Ile Ser Asn Glu Leu Phe Glu Asp Ile Tyr Ser Phe Thr Asp Phe Glu

105 110 115

tct gac atc aat gaa tgc att cga aac ccg ctg cca att ttg gaa ggt 499
Ser Asp Ile Asn Glu Cys Ile Arg Asn Pro Leu Pro Ile Leu Glu Gly

120 125 130

atc ggt ttt aac atc gcc aaa cat cat ctg agt tagcgatatt tcagcaaacc 552
Ile Gly Phe Asn Ile Ala Lys His His Leu Ser

135 140

gat 555

<210> 1136
<211> 144
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1136
Val Phe Glu Gln Ala Leu Gly Leu Thr Thr Leu Ala Gln Thr Ala Gly

1 5 10 15

Ala Gly Ala Ala Gly Gly Leu Gly Phe Met Ala Met Ala Leu Leu Ser
20 25 30

Ala Gly Met Arg Ser Gly Val Asp Met Ile Leu Asn Glu Thr Gly Gly
35 40 45

Glu Lys Met Leu Ala Gln Ala Asp Leu Val Ile Thr Gly Glu Gly Arg
50 55 60

Ile Asp Ala Gln Thr Leu Ser Gly Lys Ala Pro Thr Gly Ile Ala Lys
65 70 75 80

Arg Ala Arg Ala Lys Gly Ile Pro Val Leu Ala Val Cys Gly Gln Ser
85 90 95

Leu Leu Gly Pro Ala Ile Ser Asn Glu Leu Phe Glu Asp Ile Tyr Ser
100 105 110

Phe Thr Asp Phe Glu Ser Asp Ile Asn Glu Cys Ile Arg Asn Pro Leu
115 120 125

Pro Ile Leu Glu Gly Ile Gly Phe Asn Ile Ala Lys His His Leu Ser
130 135 140

<210> 1137

<211> 898

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(898)

<223> RXC02207

<400> 1137

gaatcggatga ctttgccaac accaatcaca caagcccttg atgatgtctc cctgtgactt 60

ggccaatta cattcactgg taatctgaaa ccttgtgaat atg cgc cgt cga tcc 115

	Met Arg Arg Arg Ser	
	1 5	
cgt gtg tcc cgt ttg ctt ccc gcc aca gct ttg ctg gcc tca act gca	163	
Arg Val Ser Arg Leu Leu Pro Ala Thr Ala Leu Leu Ala Ser Thr Ala		
10 15 20		
ctt ctt tta agt gca tgt acg caa ggg gta acg gac tcc ccg gat atg	211	
Leu Leu Leu Ser Ala Cys Thr Gln Gly Val Thr Asp Ser Pro Asp Met		
25 30 35		
ggc aag gca act ccc gct gtc tcc ccc gca gca agc aac ccg gat ggc	259	
Gly Lys Ala Thr Pro Ala Val Ser Pro Ala Ala Ser Asn Pro Asp Gly		
40 45 50		
caa gta att gag ttc ggc aac atc act gac atg gaa gtc act gat ggt	307	
Gln Val Ile Glu Phe Gly Asn Ile Thr Asp Met Glu Val Thr Asp Gly		
55 60 65		
gac atc ctc ggt gta cgc acc gaa gac gca ctc gct att ggt aca gtc	355	
Asp Ile Leu Gly Val Arg Thr Glu Asp Ala Leu Ala Ile Gly Thr Val		
70 75 80 85		
tcc gac ttc gaa gcg ggt agc cag gtg gaa ctg gac gtc gat aag caa	403	
Ser Asp Phe Glu Ala Gly Ser Gln Val Glu Leu Asp Val Asp Lys Gln		
90 95 100		
tgc ggc gac ctg acc gca acc ggc ggc act ttc gtg ctc ccc tgc gcc	451	
Cys Gly Asp Leu Thr Ala Thr Gly Gly Thr Phe Val Leu Pro Cys Ala		
105 110 115		
gat ggc gtt tat ttg att gat gcc aag gac ccg gat ctg gat gag ttg	499	
Asp Gly Val Tyr Leu Ile Asp Ala Lys Asp Pro Asp Leu Asp Glu Leu		
120 125 130		
cgt gca act gac aag cca gtc acg gtg gca gcc ttg acc agc gat gat	547	
Arg Ala Thr Asp Lys Pro Val Thr Val Ala Ala Leu Thr Ser Asp Asp		
135 140 145		
cag ctt ctg gtg ggc aat ggt gaa gat gaa gaa ctc acc atc tac cgc	595	

Gln Leu Leu Val Gly Asn Gly Glu Asp Glu Glu Leu Thr Ile Tyr Arg
150 155 160 165
gag ggc gaa gag cca gaa acc ttc acc gtc gcg ggt ccc aat acc cag 643
Glu Gly Glu Glu Pro Glu Thr Phe Thr Val Ala Gly Pro Asn Thr Gln
170 175 180
ctc atc gcc gtt cct gtc att gat cgc cac gac gcc gtt gtg cgc acc 691
Leu Ile Ala Val Pro Val Ile Asp Arg His Asp Ala Val Val Arg Thr
185 190 195
tgg aac gaa aac acc acg att caa gat gtg gac tac ccc aac gac cgt 739
Trp Asn Glu Asn Thr Thr Ile Gln Asp Val Asp Tyr Pro Asn Asp Arg
200 205 210
gaa ggc gcg acc ctt cgc gtg gga ctc ggc gtt ggt caa atg gct ggt 787
Glu Gly Ala Thr Leu Arg Val Gly Leu Gly Val Gly Gln Met Ala Gly
215 220 225
ggc gaa gac ggc ctg ctg gtg gtc tct gat gaa atg ggt ggc caa att 835
Gly Glu Asp Gly Leu Leu Val Val Ser Asp Glu Met Gly Gly Gln Ile
230 235 240 245
gcc atc tac aac gct gat gat gtc atc cga ctt caa aat gac cgc ccc 883
Ala Ile Tyr Asn Ala Asp Asp Val Ile Arg Leu Gln Asn Asp Arg Pro
250 255 260
cac cga cga gga acc 898
His Arg Arg Gly Thr
265
<210> 1138
<211> 266
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum
<400> 1138
Met Arg Arg Arg Ser Arg Val Ser Arg Leu Leu Pro Ala Thr Ala Leu
1 5 10 15
Leu Ala Ser Thr Ala Leu Leu Leu Ser Ala Cys Thr Gln Gly Val Thr

20 25 30

Asp Ser Pro Asp Met Gly Lys Ala Thr Pro Ala Val Ser Pro Ala Ala
35 40 45

Ser Asn Pro Asp Gly Gln Val Ile Glu Phe Gly Asn Ile Thr Asp Met
50 55 60

Glu Val Thr Asp Gly Asp Ile Leu Gly Val Arg Thr Glu Asp Ala Leu
65 70 75 80

Ala Ile Gly Thr Val Ser Asp Phe Glu Ala Gly Ser Gln Val Glu Leu
85 90 95

Asp Val Asp Lys Gln Cys Gly Asp Leu Thr Ala Thr Gly Gly Thr Phe
100 105 110

Val Leu Pro Cys Ala Asp Gly Val Tyr Leu Ile Asp Ala Lys Asp Pro
115 120 125

Asp Leu Asp Glu Leu Arg Ala Thr Asp Lys Pro Val Thr Val Ala Ala
130 135 140

Leu Thr Ser Asp Asp Gln Leu Leu Val Gly Asn Gly Glu Asp Glu Glu
145 150 155 160

Leu Thr Ile Tyr Arg Glu Gly Glu Glu Pro Glu Thr Phe Thr Val Ala
165 170 175

Gly Pro Asn Thr Gln Leu Ile Ala Val Pro Val Ile Asp Arg His Asp
180 185 190

Ala Val Val Arg Thr Trp Asn Glu Asn Thr Thr Ile Gln Asp Val Asp
195 200 205

Tyr Pro Asn Asp Arg Glu Gly Ala Thr Leu Arg Val Gly Leu Gly Val
210 215 220

Gly Gln Met Ala Gly Gly Glu Asp Gly Leu Leu Val Val Ser Asp Glu
225 230 235 240

Met Gly Gly Gln Ile Ala Ile Tyr Asn Ala Asp Asp Val Ile Arg Leu

245 250 255

Gln Asn Asp Arg Pro His Arg Arg Gly Thr
260 265

<210> 1139
<211> 891
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(868)
<223> RXA00347

<400> 1139
tcggccagca atccgcttgg tgtcctggat cgcgccgaca tcttaagggtg ccagggtttt 60

aaagtgccag gggttctgtg ggatccgtac actggttccc atg act ttg act att 115
Met Thr Leu Thr Ile

1 5

gag gaa atc gcc aag acc aaa aag ctt ttg gtt gtg tcc gat ttt gat 163
Glu Glu Ile Ala Lys Thr Lys Lys Leu Leu Val Val Ser Asp Phe Asp

10 15 20

gga acc atc gca gga ttt agc aag gac gct tac aac gtt cct atc aac 211
Gly Thr Ile Ala Gly Phe Ser Lys Asp Ala Tyr Asn Val Pro Ile Asn

25 30 35

cag aaa tcc ctc aag gcg gta aaa gac ctc tcc caa caa gca gac act 259
Gln Lys Ser Leu Lys Ala Val Lys Asp Leu Ser Gln Gln Ala Asp Thr

40 45 50

gat gtt gtc att ttg tgc gga cgt cac ctg gag gga ttg aag acg gtt 307
Asp Val Val Ile Leu Ser Gly Arg His Leu Glu Gly Leu Lys Thr Val

55 60 65

ctt gat ctt ggt cag tac gac atc acc atg gtg ggt tca cac ggt tct 355
Leu Asp Leu Gly Gln Tyr Asp Ile Thr Met Val Gly Ser His Gly Ser

70 75 80 85

gag gat tcc tcc cgc ccg cgt acc ctc act cct gaa gag gta gct cgc	403
Glu Asp Ser Ser Arg Pro Arg Thr Leu Thr Pro Glu Glu Val Ala Arg	
90 95 100	
ctc gcc aag att gaa gca gat ctg gaa aag atc gtc gac ggc atc gaa	451
Leu Ala Lys Ile Glu Ala Asp Leu Glu Lys Ile Val Asp Gly Ile Glu	
105 110 115	
ggc gca ttc gtg gag atc aag cct ttc cac cgc gtg ctg cac ttc atc	499
Gly Ala Phe Val Glu Ile Lys Pro Phe His Arg Val Leu His Phe Ile	
120 125 130	
cgt gtt tcc gac aag gac aaa gtc caa gga atc ctc gcc caa gca gca	547
Arg Val Ser Asp Lys Asp Lys Val Gln Gly Ile Leu Ala Gln Ala Ala	
135 140 145	
cac gta gac tct tcc ggc ctg aag gtt act aac ggc aag agc atc atc	595
His Val Asp Ser Ser Gly Leu Lys Val Thr Asn Gly Lys Ser Ile Ile	
150 155 160 165	
gaa tac tcc atc agc tcc acc acc aag ggc acc tgg ctg aag gaa tac	643
Glu Tyr Ser Ile Ser Ser Thr Thr Lys Gly Thr Trp Leu Lys Glu Tyr	
170 175 180	
gtt gac cgc acc gag ccc act ggt gtg att ttc ctc ggc gat gac acc	691
Val Asp Arg Thr Glu Pro Thr Gly Val Ile Phe Leu Gly Asp Asp Thr	
185 190 195	
acc gat gag cac ggt ttc aaa gct tta gaa aac gat gat cgt gcc cta	739
Thr Asp Glu His Gly Phe Lys Ala Leu Glu Asn Asp Asp Arg Ala Leu	
200 205 210	
acc gtc aag gtt ggc gaa gga gac act gca gcc aaa acc cgc gtc gac	787
Thr Val Lys Val Gly Glu Gly Asp Thr Ala Ala Lys Thr Arg Val Asp	
215 220 225	
gat gtt gat aat gtg gga att ttc cta gag aaa ctc gcc tac cac cgc	835
Asp Val Asp Asn Val Gly Ile Phe Leu Glu Lys Leu Ala Tyr His Arg	
230 235 240 245	
atg cag tat gcg gaa agc gtg cga ttg ggg att taagagagcc taaacgcacg	888

Met Gln Tyr Ala Glu Ser Val Arg Leu Gly Ile

250

255

aaa

891

<210> 1140

<211> 256

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1140

Met	Thr	Leu	Thr	Ile	Glu	Glu	Ile	Ala	Lys	Thr	Lys	Lys	Leu	Leu	Val
1				5					10					15	

Val	Ser	Asp	Phe	Asp	Gly	Thr	Ile	Ala	Gly	Phe	Ser	Lys	Asp	Ala	Tyr
			20					25					30		

Asn	Val	Pro	Ile	Asn	Gln	Lys	Ser	Leu	Lys	Ala	Val	Lys	Asp	Leu	Ser
		35					40					45			

Gln	Gln	Ala	Asp	Thr	Asp	Val	Val	Ile	Leu	Ser	Gly	Arg	His	Leu	Glu
	50					55					60				

Gly	Leu	Lys	Thr	Val	Leu	Asp	Leu	Gly	Gln	Tyr	Asp	Ile	Thr	Met	Val
65					70					75				80	

Gly	Ser	His	Gly	Ser	Glu	Asp	Ser	Ser	Arg	Pro	Arg	Thr	Leu	Thr	Pro
			85						90					95	

Glu	Glu	Val	Ala	Arg	Leu	Ala	Lys	Ile	Glu	Ala	Asp	Leu	Glu	Lys	Ile
			100					105					110		

Val	Asp	Gly	Ile	Glu	Gly	Ala	Phe	Val	Glu	Ile	Lys	Pro	Phe	His	Arg
		115					120					125			

Val	Leu	His	Phe	Ile	Arg	Val	Ser	Asp	Lys	Asp	Lys	Val	Gln	Gly	Ile
	130						135					140			

Leu	Ala	Gln	Ala	Ala	His	Val	Asp	Ser	Ser	Gly	Leu	Lys	Val	Thr	Asn
145					150					155					160

Gly Lys Ser Ile Ile Glu Tyr Ser Ile Ser Ser Thr Thr Lys Gly Thr
165 170 175

Trp Leu Lys Glu Tyr Val Asp Arg Thr Glu Pro Thr Gly Val Ile Phe
180 185 190

Leu Gly Asp Asp Thr Thr Asp Glu His Gly Phe Lys Ala Leu Glu Asn
195 200 205

Asp Asp Arg Ala Leu Thr Val Lys Val Gly Glu Gly Asp Thr Ala Ala
210 215 220

Lys Thr Arg Val Asp Asp Val Asp Asn Val Gly Ile Phe Leu Glu Lys
225 230 235 240

Leu Ala Tyr His Arg Met Gln Tyr Ala Glu Ser Val Arg Leu Gly Ile
245 250 255

<210> 1141

<211> 2556

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2533)

<223> RXN01239

<400> 1141

gcacttgctg cgtaaacttt tttccacgc cgggaatgcg tgaacactaa gatcgaggac 60

gtaccgcacg attttgccta acttttaagg gtgtttcatc atg gca cgt cca att 115
Met Ala Arg Pro Ile

1 5

tcc gca acg tac agg ctt caa atg cga gga cct caa gca gat agc gcc 163
Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro Gln Ala Asp Ser Ala

10 15 20

ggg cgt tca ttt ggt ttt gcg cag gcc aaa gcc cag ctt ccc tat ctg 211

Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala Gln Leu Pro Tyr Leu	
25	30
35	
aag aag cta ggc atc agc cac ctg tac ctc tcc cct att ttt acg gcc	259
Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser Pro Ile Phe Thr Ala	
40	45
50	
atg cca gat tcc aat cat ggc tac gat gtc att gat ccc acc acc atc	307
Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile Asp Pro Thr Thr Ile	
55	60
65	
aat gaa gag ctc ggt ggc atg gag ggt ctt cga gat ctt gcc gca gct	355
Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg Asp Leu Ala Ala Ala	
70	75
80	85
aca cac gag ttg ggc atg ggc atc atc att gat att gtt ccc aac cat	403
Thr His Glu Leu Gly Met Gly Ile Ile Ile Asp Ile Val Pro Asn His	
90	95
100	
tta ggt gtt gcc gtt cca cat ttg aat cct tgg tgg tgg gat gtt cta	451
Leu Gly Val Ala Val Pro His Leu Asn Pro Trp Trp Trp Asp Val Leu	
105	110
115	
aaa aac ggc aaa gat tcc gct ttt gag ttc tat ttc gat att gac tgg	499
Lys Asn Gly Lys Asp Ser Ala Phe Glu Phe Tyr Phe Asp Ile Asp Trp	
120	125
130	
cac gaa gac aac ggt tct ggt ggc aag ctg ggc atg ccg att ctg ggt	547
His Glu Asp Asn Gly Ser Gly Gly Lys Leu Gly Met Pro Ile Leu Gly	
135	140
145	
gct gaa ggc gat gaa gac aag ctg gaa ttc gcg gag ctt gat gga gag	595
Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala Glu Leu Asp Gly Glu	
150	155
160	165
aaa gtg ctc aaa tat ttt gac cac ctc ttc cca atc gcg cct ggt acc	643
Lys Val Leu Lys Tyr Phe Asp His Leu Phe Pro Ile Ala Pro Gly Thr	
170	175
180	
gaa gaa ggg aca ccg caa gaa gtc tac aag cgc cag cat tac cgc ctg	691

Glu Glu Gly Thr Pro Gln Glu Val Tyr Lys Arg Gln His Tyr Arg Leu	
185	190
195	
cag ttc tgg cgc gat ggc gtg atc aac ttc cgt cgc ttc ttt tcc gtg	739
Gln Phe Trp Arg Asp Gly Val Ile Asn Phe Arg Arg Phe Phe Ser Val	
200	205
210	
aat acg ttg gct ggc atc agg caa gaa gat ccc tta gtg ttt gaa cat	787
Asn Thr Leu Ala Gly Ile Arg Gln Glu Asp Pro Leu Val Phe Glu His	
215	220
225	
act cat cgt ctg ctg cgc gaa ttg gtg gcg gaa gac ctc att gac ggc	835
Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu Asp Leu Ile Asp Gly	
230	235
240	245
gtg cgc gtc gat cac ccc gac ggg ctt tcc gat cct ttt gga tat ctg	883
Val Arg Val Asp His Pro Asp Gly Leu Ser Asp Pro Phe Gly Tyr Leu	
250	255
260	
cac aga ctc cgc gac ctc att gga cct gac cgc tgg ctg atc atc gaa	931
His Arg Leu Arg Asp Leu Ile Gly Pro Asp Arg Trp Leu Ile Ile Glu	
265	270
275	
aag atc ttg agc gtt gat gaa cca ctc gat ccc cgc ctg gcc gtt gat	979
Lys Ile Leu Ser Val Asp Glu Pro Leu Asp Pro Arg Leu Ala Val Asp	
280	285
290	
ggc acc act ggc tac gac gcc ctc cgt gaa ctc gac ggc gtg ttt atc	1027
Gly Thr Thr Gly Tyr Asp Ala Leu Arg Glu Leu Asp Gly Val Phe Ile	
295	300
305	
tcc cga gaa tct gag gac aaa ttc tcc atg ctg gcg ctg acc cac agt	1075
Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu Ala Leu Thr His Ser	
310	315
320	325
gga tcc acc tgg gat gaa cgc gcc ctc aaa tcc acg gag gaa agc ctc	1123
Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser Thr Glu Glu Ser Leu	
330	335
340	
aaa cga gtc gtc gcc caa caa gaa ctc gca gcc gaa atc tta agg ctc	1171

Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala Glu Ile Leu Arg Leu
345 350 355

gcc cgc gcc atg cgc cgc gat aac ttc tcc acc gca ggc acc aac gtc 1219
Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr Ala Gly Thr Asn Val

360 365 370

acc gaa gac aaa ctt agc gaa acc atc atc gaa tta gtc gcc gcc atg 1267
Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu Leu Val Ala Ala Met

375 380 385

ccc gtc tac cgc gcc gac tac atc tcc ctc tca cgc acc acc gcc acc 1315
Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser Arg Thr Thr Ala Thr

390 395 400 405

gtc atc gcg gag atg tcc aaa cgc ttc ccc tcc cgg cgt gac gca ctc 1363
Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser Arg Arg Asp Ala Leu

410 415 420

gac ctc atc gcg gcc gcc cta ctt ggc aat ggc gag gcc aaa atc cgc 1411
Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly Glu Ala Lys Ile Arg

425 430 435

ttc gct caa gtc tgc ggc gcc gtc atg gct aaa ggt gtg gaa gac acc 1459
Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys Gly Val Glu Asp Thr

440 445 450

acc ttc tac cgc gca tct agg ctc gtt gca ttg caa gaa gtc ggt ggc 1507
Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu Gln Glu Val Gly Gly

455 460 465

gcg ccg ggg aga ttc ggc gtc tcc gct gca gaa ttc cac ttg ctg cag 1555
Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu Phe His Leu Leu Gln

470 475 480 485

gaa gaa cgc agc ctg ctg tgg cca cgc acc atg acc acc ttg tcc acg 1603
Glu Glu Arg Ser Leu Leu Trp Pro Arg Thr Met Thr Thr Leu Ser Thr

490 495 500

cat gac acc aaa cgt ggc gaa gat acc cgc gcc cgc atc atc tcc ctg 1651

His Asp Thr Lys Arg Gly Glu Asp Thr Arg Ala Arg Ile Ile Ser Leu	
505	510
515	
tct gaa gtc ccc gat atg tac tcc gag ctg gtc aat cgt gtt ttc gcg	1699
Ser Glu Val Pro Asp Met Tyr Ser Glu Leu Val Asn Arg Val Phe Ala	
520	525
530	
gtg ctc ccc gcg cca gac ggc gca acg ggc agt ttc ctc cta caa aac	1747
Val Leu Pro Ala Pro Asp Gly Ala Thr Gly Ser Phe Leu Leu Gln Asn	
535	540
545	
ctg ctg ggc gta tgg ccc gcc gac ggc gtg atc acc gat gcg ctg cgc	1795
Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile Thr Asp Ala Leu Arg	
550	555
560	565
gat cga ttc agg gaa tac gcc cta aaa gct atc cgc gaa gca tcc aca	1843
Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile Arg Glu Ala Ser Thr	
570	575
580	
aaa acc acg tgg gtg gac ccc aac gag tcc ttc gag gct gcg gtc tgc	1891
Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe Glu Ala Ala Val Cys	
585	590
595	
gat tgg gtg gaa gcg ctt ttc gac gga ccc tcc acc tca cta atc acc	1939
Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser Thr Ser Leu Ile Thr	
600	605
610	
gaa ttt gtc tcc cac atc aac cgt ggc tct gtg caa atc tcc tta ggc	1987
Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val Gln Ile Ser Leu Gly	
615	620
625	
agg aaa ctg ctg caa atg gtg ggc gct gga atc ccc gac act tac caa	2035
Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile Pro Asp Thr Tyr Gln	
630	635
640	645
gga act gag ttt tta gaa gac tcc ctg gta gat ccc gat aac cga cgc	2083
Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp Pro Asp Asn Arg Arg	
650	655
660	
ttt gtt gat tac acc gcc aga gaa caa gtc ctg gag cgc ctg caa acc	2131

Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu Glu Arg Leu Gln Thr
665 670 675

tgg gct tgg acg cag gtt aat tcg gta gaa gac ttg gtg gat aac gcc 2179
Trp Ala Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp Leu Val Asp Asn Ala

680 685 690

gac atc gcc aaa atg gcc gtg gtc cat aaa tcc ctc gag ttg cgt gct 2227
Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser Leu Glu Leu Arg Ala

695 700 705

gaa ttt cgt gca agc ttt gtt ggt gga gat cat cag gca gta ttt ggc 2275
Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His Gln Ala Val Phe Gly

710 715 720 725

gaa ggt cgc gca gaa tcc cac atc atg ggc atc gcc cgc ggt aca gac 2323
Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile Ala Arg Gly Thr Asp

730 735 740

cga aac cac ctc aac atc att gct ctt gct acc cgt cga cca ctg atc 2371
Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr Arg Arg Pro Leu Ile

745 750 755

ttg gaa gac cgt ggc gga tgg tat gac acc acc gtc acg ctt cct ggt 2419
Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr Val Thr Leu Pro Gly

760 765 770

gga caa tgg gaa gac agg ctc acc ggg caa cgc ttc agt ggt gtt gtc 2467
Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg Phe Ser Gly Val Val

775 780 785

cca gcc acc gat ttg ttc tca cat cta ccc gta tct ttg ttg gtt tta 2515
Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val Ser Leu Leu Val Leu

790 795 800 805

gta ccc gat agt gag ttt tgatccctgc acaggaaagt tag 2556
Val Pro Asp Ser Glu Phe

810

<210> 1142

<211> 811

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1142

Met Ala Arg Pro Ile Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro
1 5 10 15

Gln Ala Asp Ser Ala Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala
20 25 30

Gln Leu Pro Tyr Leu Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser
35 40 45

Pro Ile Phe Thr Ala Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile
50 55 60

Asp Pro Thr Thr Ile Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg
65 70 75 80

Asp Leu Ala Ala Ala Thr His Glu Leu Gly Met Gly Ile Ile Ile Asp
85 90 95

Ile Val Pro Asn His Leu Gly Val Ala Val Pro His Leu Asn Pro Trp
100 105 110

Trp Trp Asp Val Leu Lys Asn Gly Lys Asp Ser Ala Phe Glu Phe Tyr
115 120 125

Phe Asp Ile Asp Trp His Glu Asp Asn Gly Ser Gly Gly Lys Leu Gly
130 135 140

Met Pro Ile Leu Gly Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala
145 150 155 160

Glu Leu Asp Gly Glu Lys Val Leu Lys Tyr Phe Asp His Leu Phe Pro
165 170 175

Ile Ala Pro Gly Thr Glu Glu Gly Thr Pro Gln Glu Val Tyr Lys Arg
180 185 190

Gln His Tyr Arg Leu Gln Phe Trp Arg Asp Gly Val Ile Asn Phe Arg

195	200	205
Arg Phe Phe Ser Val Asn Thr Leu Ala Gly Ile Arg Gln Glu Asp Pro		
210	215	220
Leu Val Phe Glu His Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu		
225	230	235 240
Asp Leu Ile Asp Gly Val Arg Val Asp His Pro Asp Gly Leu Ser Asp		
	245	250 255
Pro Phe Gly Tyr Leu His Arg Leu Arg Asp Leu Ile Gly Pro Asp Arg		
	260	265 270
Trp Leu Ile Ile Glu Lys Ile Leu Ser Val Asp Glu Pro Leu Asp Pro		
	275	280 285
Arg Leu Ala Val Asp Gly Thr Thr Gly Tyr Asp Ala Leu Arg Glu Leu		
	290	295 300
Asp Gly Val Phe Ile Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu		
305	310	315 320
Ala Leu Thr His Ser Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser		
	325	330 335
Thr Glu Glu Ser Leu Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala		
	340	345 350
Glu Ile Leu Arg Leu Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr		
	355	360 365
Ala Gly Thr Asn Val Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu		
	370	375 380
Leu Val Ala Ala Met Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser		
385	390	395 400
Arg Thr Thr Ala Thr Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser		
	405	410 415
Arg Arg Asp Ala Leu Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly		

420	425	430
Glu Ala Lys Ile Arg Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys		
435	440	445
Gly Val Glu Asp Thr Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu		
450	455	460
Gln Glu Val Gly Gly Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu		
465	470	475
480		
Phe His Leu Leu Gln Glu Glu Arg Ser Leu Leu Trp Pro Arg Thr Met		
485	490	495
Thr Thr Leu Ser Thr His Asp Thr Lys Arg Gly Glu Asp Thr Arg Ala		
500	505	510
Arg Ile Ile Ser Leu Ser Glu Val Pro Asp Met Tyr Ser Glu Leu Val		
515	520	525
Asn Arg Val Phe Ala Val Leu Pro Ala Pro Asp Gly Ala Thr Gly Ser		
530	535	540
Phe Leu Leu Gln Asn Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile		
545	550	555
560		
Thr Asp Ala Leu Arg Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile		
565	570	575
Arg Glu Ala Ser Thr Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe		
580	585	590
Glu Ala Ala Val Cys Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser		
595	600	605
Thr Ser Leu Ile Thr Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val		
610	615	620
Gln Ile Ser Leu Gly Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile		
625	630	635
640		
Pro Asp Thr Tyr Gln Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp		

645

650

655

Pro Asp Asn Arg Arg Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu
660 665 670

Glu Arg Leu Gln Thr Trp Ala Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp
675 680 685

Leu Val Asp Asn Ala Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser
690 695 700

Leu Glu Leu Arg Ala Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His
705 710 715 720

Gln Ala Val Phe Gly Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile
725 730 735

Ala Arg Gly Thr Asp Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr
740 745 750

Arg Arg Pro Leu Ile Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr
755 760 765

Val Thr Leu Pro Gly Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg
770 775 780

Phe Ser Gly Val Val Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val
785 790 795 800

Ser Leu Leu Val Leu Val Pro Asp Ser Glu Phe
805 810

<210> 1143

<211> 2556

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2533)

<223> FRXA01239

<400> 1143

gcacttgctg cgtaaatttt tttccacgc cggaatgcg tgaacactaa gatcgaggac 60

gtaccgcacg attttgccta acttttaagg gtgtttcatc atg gca cgt cca att 115
Met Ala Arg Pro Ile

1 5

tcc gca acg tac agg ctt caa atg cga gga cct caa gca gat agc gcc 163
Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro Gln Ala Asp Ser Ala

10 15 20

ggg cgt tca ttt ggt ttt gcg cag gcc aaa gcc cag ctt ccc tat ctg 211
Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala Gln Leu Pro Tyr Leu

25 30 35

aag aag cta ggc atc agc cac ctg tac ctc tcc cct att ttt acg gcc 259
Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser Pro Ile Phe Thr Ala

40 45 50

atg cca gat tcc aat cat ggc tac gat gtc att gat ccc acc acc atc 307
Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile Asp Pro Thr Thr Ile

55 60 65

aat gaa gag ctc ggt ggc atg gag ggt ctt cga gat ctt gcc gca gct 355
Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg Asp Leu Ala Ala Ala

70 75 80 85

aca cac gag ttg ggc atg ggc atc atc att gat att gtt ccc aac cat 403
Thr His Glu Leu Gly Met Gly Ile Ile Ile Asp Ile Val Pro Asn His

90 95 100

tta ggt gtt gcc gtt cca cat ttg aat cct tgg tgg tgg gat gtt cta 451
Leu Gly Val Ala Val Pro His Leu Asn Pro Trp Trp Trp Asp Val Leu

105 110 115

aaa aac ggc aaa gat tcc gct ttt gag ttc tat ttc gat att gac tgg 499
Lys Asn Gly Lys Asp Ser Ala Phe Glu Phe Tyr Phe Asp Ile Asp Trp

120 125 130

cac gaa gac aac ggt tct ggt ggc aag ctg ggc atg ccg att ctg ggt 547
His Glu Asp Asn Gly Ser Gly Gly Lys Leu Gly Met Pro Ile Leu Gly

135	140	145	
gct gaa ggc gat gaa gac aag ctg gaa ttc gcg gag ctt gat gga gag			595
Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala Glu Leu Asp Gly Glu			
150	155	160	165
aaa gtg ctc aaa tat ttt gac cac ctc ttc cca atc gcg cct ggt acc			643
Lys Val Leu Lys Tyr Phe Asp His Leu Phe Pro Ile Ala Pro Gly Thr			
	170	175	180
gaa gaa ggg aca ccg caa gaa gtc tac aag cgc cag cat tac cgc ctg			691
Glu Glu Gly Thr Pro Gln Glu Val Tyr Lys Arg Gln His Tyr Arg Leu			
	185	190	195
cag ttc tgg cgc gat ggc gtg atc aac ttc cgt cgc ttc ttt tcc gtg			739
Gln Phe Trp Arg Asp Gly Val Ile Asn Phe Arg Arg Phe Phe Ser Val			
200	205	210	
aat acg ttg gct ggc atc agg caa gaa gat ccc tta gtg ttt gaa cat			787
Asn Thr Leu Ala Gly Ile Arg Gln Glu Asp Pro Leu Val Phe Glu His			
215	220	225	
act cat cgt ctg ctg cgc gaa ttg gtg gcg gaa gac ctc att gac ggc			835
Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu Asp Leu Ile Asp Gly			
230	235	240	245
gtg cgc gtc gat cac ccc gac ggg ctt tcc gat cct ttt gga tat ctg			883
Val Arg Val Asp His Pro Asp Gly Leu Ser Asp Pro Phe Gly Tyr Leu			
	250	255	260
cac aga ctc cgc gac ctc att gga cct gac cgc tgg ctg atc atc gaa			931
His Arg Leu Arg Asp Leu Ile Gly Pro Asp Arg Trp Leu Ile Ile Glu			
	265	270	275
aag atc ttg agc gtt gat gaa cca ctc gat ccc cgc ctg gcc gtt gat			979
Lys Ile Leu Ser Val Asp Glu Pro Leu Asp Pro Arg Leu Ala Val Asp			
280	285	290	
ggc acc act ggc tac gac gcc ctc cgt gaa ctc gac ggc gtg ttt atc			1027
Gly Thr Thr Gly Tyr Asp Ala Leu Arg Glu Leu Asp Gly Val Phe Ile			

295	300	305	
tcc cga gaa tct gag gac aaa ttc tcc atg ctg gcg ctg acc cac agt			1075
Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu Ala Leu Thr His Ser			
310	315	320	325
gga tcc acc tgg gat gaa cgc gcc ctc aaa tcc acg gag gaa agc ctc			1123
Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser Thr Glu Glu Ser Leu			
	330	335	340
aaa cga gtc gtc gcc caa caa gaa ctc gca gcc gaa atc tta agg ctc			1171
Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala Glu Ile Leu Arg Leu			
	345	350	355
gcc cgc gcc atg cgc cgc gat aac ttc tcc acc gca ggc acc aac gtc			1219
Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr Ala Gly Thr Asn Val			
	360	365	370
acc gaa gac aaa ctt agc gaa acc atc atc gaa tta gtc gcc gcc atg			1267
Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu Leu Val Ala Ala Met			
	375	380	385
ccc gtc tac cgc gcc gac tac atc tcc ctc tca cgc acc acc gcc acc			1315
Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser Arg Thr Thr Ala Thr			
390	395	400	405
gtc atc gcg gag atg tcc aaa cgc ttc ccc tcc cgg cgt gac gca ctc			1363
Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser Arg Arg Asp Ala Leu			
	410	415	420
gac ctc atc gcg gcc gcc cta ctt ggc aat ggc gag gcc aaa atc cgc			1411
Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly Glu Ala Lys Ile Arg			
	425	430	435
ttc gct caa gtc tgc ggc gcc gtc atg gct aaa ggt gtg gaa gac acc			1459
Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys Gly Val Glu Asp Thr			
	440	445	450
acc ttc tac cgc gca tct agg ctc gtt gca ttg caa gaa gtc ggt ggc			1507
Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu Gln Glu Val Gly Gly			

455	460	465	
gcg ccg ggg aga ttc ggc gtc tcc gct gca gaa ttc cac ttg ctg cag 1555			
Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu Phe His Leu Leu Gln			
470	475	480	485
gaa gaa cgc agc ctg ctg tgg cca cgc acc atg acc acc ttg tcc acg 1603			
Glu Glu Arg Ser Leu Leu Trp Pro Arg Thr Met Thr Thr Leu Ser Thr			
	490	495	500
cat gac acc aaa cgt ggc gaa gat acc cgc gcc cgc atc atc tcc ctg 1651			
His Asp Thr Lys Arg Gly Glu Asp Thr Arg Ala Arg Ile Ile Ser Leu			
	505	510	515
tct gaa gtc ccc gat atg tac tcc gag ctg gtc aat cgt gtt ttc gcg 1699			
Ser Glu Val Pro Asp Met Tyr Ser Glu Leu Val Asn Arg Val Phe Ala			
	520	525	530
gtg ctc ccc gcg cca gac ggc gca acg ggc agt ttc ctc cta caa aac 1747			
Val Leu Pro Ala Pro Asp Gly Ala Thr Gly Ser Phe Leu Leu Gln Asn			
	535	540	545
ctg ctg ggc gta tgg ccc gcc gac ggc gtg atc acc gat gcg ctg cgc 1795			
Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile Thr Asp Ala Leu Arg			
550	555	560	565
gat cga ttc agg gaa tac gcc cta aaa gct atc cgc gaa gca tcc aca 1843			
Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile Arg Glu Ala Ser Thr			
	570	575	580
aaa acc acg tgg gtg gac ccc aac gag tcc ttc gag gct gcg gtc tgc 1891			
Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe Glu Ala Ala Val Cys			
	585	590	595
gat tgg gtg gaa gcg ctt ttc gac gga ccc tcc acc tca cta atc acc 1939			
Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser Thr Ser Leu Ile Thr			
	600	605	610
gaa ttt gtc tcc cac atc aac cgt ggc tct gtg caa atc tcc tta ggc 1987			
Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val Gln Ile Ser Leu Gly			

615	620	625	
agg aaa ctg ctg caa atg gtg ggc gct gga atc ccc gac act tac caa			2035
Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile Pro Asp Thr Tyr Gln			
630	635	640	645
gga act gag ttt tta gaa gac tcc ctg gta gat ccc gat aac cga cgc			2083
Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp Pro Asp Asn Arg Arg			
	650	655	660
ttt gtt gat tac acc gcc aga gaa caa gtc ctg gag cgc ctg caa acc			2131
Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu Glu Arg Leu Gln Thr			
	665	670	675
tgg gat tgg acg cag gtt aat tcg gta gaa gac ttg gtg gat aac gcc			2179
Trp Asp Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp Leu Val Asp Asn Ala			
680	685	690	
gac atc gcc aaa atg gcc gtg gtc cat aaa tcc ctc gag ttg cgt gct			2227
Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser Leu Glu Leu Arg Ala			
695	700	705	
gaa ttt cgt gca agc ttt gtt ggt gga gat cat cag gca gta ttt ggc			2275
Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His Gln Ala Val Phe Gly			
710	715	720	725
gaa ggt cgc gca gaa tcc cac atc atg ggc atc gcc cgc ggt aca gac			2323
Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile Ala Arg Gly Thr Asp			
	730	735	740
cga aac cac ctc aac atc att gct ctt gct acc cgt cga cca ctg atc			2371
Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr Arg Arg Pro Leu Ile			
	745	750	755
ttg gaa gac cgt ggc gga tgg tat gac acc acc gtc acg ctt cct ggt			2419
Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr Val Thr Leu Pro Gly			
760	765	770	
gga caa tgg gaa gac agg ctc acc ggg caa cgc ttc agt ggt gtt gtc			2467
Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg Phe Ser Gly Val Val			

775 780 785

cca gcc acc gat ttg ttc tca cat cta ccc gta tct ttg ttg gtt tta 2515
Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val Ser Leu Leu Val Leu

790 795 800 805

gta ccc gat agt gag ttt tgatccctgc acaggaaagt tag 2556
Val Pro Asp Ser Glu Phe

810

<210> 1144
<211> 811
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1144
Met Ala Arg Pro Ile Ser Ala Thr Tyr Arg Leu Gln Met Arg Gly Pro
1 5 10 15

Gln Ala Asp Ser Ala Gly Arg Ser Phe Gly Phe Ala Gln Ala Lys Ala
20 25 30

Gln Leu Pro Tyr Leu Lys Lys Leu Gly Ile Ser His Leu Tyr Leu Ser
35 40 45

Pro Ile Phe Thr Ala Met Pro Asp Ser Asn His Gly Tyr Asp Val Ile
50 55 60

Asp Pro Thr Thr Ile Asn Glu Glu Leu Gly Gly Met Glu Gly Leu Arg
65 70 75 80

Asp Leu Ala Ala Ala Thr His Glu Leu Gly Met Gly Ile Ile Ile Asp
85 90 95

Ile Val Pro Asn His Leu Gly Val Ala Val Pro His Leu Asn Pro Trp
100 105 110

Trp Trp Asp Val Leu Lys Asn Gly Lys Asp Ser Ala Phe Glu Phe Tyr
115 120 125

Phe Asp Ile Asp Trp His Glu Asp Asn Gly Ser Gly Gly Lys Leu Gly
130 135 140

Met Pro Ile Leu Gly Ala Glu Gly Asp Glu Asp Lys Leu Glu Phe Ala
145 150 155 160

Glu Leu Asp Gly Glu Lys Val Leu Lys Tyr Phe Asp His Leu Phe Pro
165 170 175

Ile Ala Pro Gly Thr Glu Glu Gly Thr Pro Gln Glu Val Tyr Lys Arg
180 185 190

Gln His Tyr Arg Leu Gln Phe Trp Arg Asp Gly Val Ile Asn Phe Arg
195 200 205

Arg Phe Phe Ser Val Asn Thr Leu Ala Gly Ile Arg Gln Glu Asp Pro
210 215 220

Leu Val Phe Glu His Thr His Arg Leu Leu Arg Glu Leu Val Ala Glu
225 230 235 240

Asp Leu Ile Asp Gly Val Arg Val Asp His Pro Asp Gly Leu Ser Asp
245 250 255

Pro Phe Gly Tyr Leu His Arg Leu Arg Asp Leu Ile Gly Pro Asp Arg
260 265 270

Trp Leu Ile Ile Glu Lys Ile Leu Ser Val Asp Glu Pro Leu Asp Pro
275 280 285

Arg Leu Ala Val Asp Gly Thr Thr Gly Tyr Asp Ala Leu Arg Glu Leu
290 295 300

Asp Gly Val Phe Ile Ser Arg Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ser Met Leu
305 310 315 320

Ala Leu Thr His Ser Gly Ser Thr Trp Asp Glu Arg Ala Leu Lys Ser
325 330 335

Thr Glu Glu Ser Leu Lys Arg Val Val Ala Gln Gln Glu Leu Ala Ala
340 345 350

Glu Ile Leu Arg Leu Ala Arg Ala Met Arg Arg Asp Asn Phe Ser Thr

355	360	365
Ala Gly Thr Asn Val Thr Glu Asp Lys Leu Ser Glu Thr Ile Ile Glu		
370	375	380
Leu Val Ala Ala Met Pro Val Tyr Arg Ala Asp Tyr Ile Ser Leu Ser		
385	390	395
Arg Thr Thr Ala Thr Val Ile Ala Glu Met Ser Lys Arg Phe Pro Ser		
405	410	415
Arg Arg Asp Ala Leu Asp Leu Ile Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asn Gly		
420	425	430
Glu Ala Lys Ile Arg Phe Ala Gln Val Cys Gly Ala Val Met Ala Lys		
435	440	445
Gly Val Glu Asp Thr Thr Phe Tyr Arg Ala Ser Arg Leu Val Ala Leu		
450	455	460
Gln Glu Val Gly Gly Ala Pro Gly Arg Phe Gly Val Ser Ala Ala Glu		
465	470	475
Phe His Leu Leu Gln Glu Glu Arg Ser Leu Leu Trp Pro Arg Thr Met		
485	490	495
Thr Thr Leu Ser Thr His Asp Thr Lys Arg Gly Glu Asp Thr Arg Ala		
500	505	510
Arg Ile Ile Ser Leu Ser Glu Val Pro Asp Met Tyr Ser Glu Leu Val		
515	520	525
Asn Arg Val Phe Ala Val Leu Pro Ala Pro Asp Gly Ala Thr Gly Ser		
530	535	540
Phe Leu Leu Gln Asn Leu Leu Gly Val Trp Pro Ala Asp Gly Val Ile		
545	550	555
Thr Asp Ala Leu Arg Asp Arg Phe Arg Glu Tyr Ala Leu Lys Ala Ile		
565	570	575
Arg Glu Ala Ser Thr Lys Thr Thr Trp Val Asp Pro Asn Glu Ser Phe		

580	585	590
Glu Ala Ala Val Cys Asp Trp Val Glu Ala Leu Phe Asp Gly Pro Ser		
595	600	605
Thr Ser Leu Ile Thr Glu Phe Val Ser His Ile Asn Arg Gly Ser Val		
610	615	620
Gln Ile Ser Leu Gly Arg Lys Leu Leu Gln Met Val Gly Ala Gly Ile		
625	630	635
Pro Asp Thr Tyr Gln Gly Thr Glu Phe Leu Glu Asp Ser Leu Val Asp		
645	650	655
Pro Asp Asn Arg Arg Phe Val Asp Tyr Thr Ala Arg Glu Gln Val Leu		
660	665	670
Glu Arg Leu Gln Thr Trp Asp Trp Thr Gln Val Asn Ser Val Glu Asp		
675	680	685
Leu Val Asp Asn Ala Asp Ile Ala Lys Met Ala Val Val His Lys Ser		
690	695	700
Leu Glu Leu Arg Ala Glu Phe Arg Ala Ser Phe Val Gly Gly Asp His		
705	710	715
Gln Ala Val Phe Gly Glu Gly Arg Ala Glu Ser His Ile Met Gly Ile		
725	730	735
Ala Arg Gly Thr Asp Arg Asn His Leu Asn Ile Ile Ala Leu Ala Thr		
740	745	750
Arg Arg Pro Leu Ile Leu Glu Asp Arg Gly Gly Trp Tyr Asp Thr Thr		
755	760	765
Val Thr Leu Pro Gly Gly Gln Trp Glu Asp Arg Leu Thr Gly Gln Arg		
770	775	780
Phe Ser Gly Val Val Pro Ala Thr Asp Leu Phe Ser His Leu Pro Val		
785	790	795
Ser Leu Leu Val Leu Val Pro Asp Ser Glu Phe		

805

810

<210> 1145
<211> 1953
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1930)
<223> RXA02645

<400> 1145
gatacagctc cttgatggag tgaataaatt cgcgagcctg ctctgatct tgcacacgcg 60

tgatataggt cagaaatcgc gagcgcttga tctctagttc atg ctc aaa gac ttg 115
Met Leu Lys Asp Leu

1 5

acc ggc ctg agg gag ttg gta ttg cgt gag atg tgc cat agc atc tca 163
Thr Gly Leu Arg Glu Leu Val Leu Arg Glu Met Cys His Ser Ile Ser

10 15 20

cat ctt agc tcg cca acc ggc agc att ttc act agc ctg gtg gcc atg 211
His Leu Ser Ser Pro Thr Gly Ser Ile Phe Thr Ser Leu Val Ala Met

25 30 35

ttg acc tcg caa agc ttt tca gtg tgg gct cca ctt ccc cac gat gta 259
Leu Thr Ser Gln Ser Phe Ser Val Trp Ala Pro Leu Pro His Asp Val

40 45 50

cat ctg atc ctc aac ggc gaa acc ctc ccc atg cac aaa acg gag ggc 307
His Leu Ile Leu Asn Gly Glu Thr Leu Pro Met His Lys Thr Glu Gly

55 60 65

agc tgg tgg cgc gcc gag atc gcg ccc aag gcc ggc gat cgt tac ggt 355
Ser Trp Trp Arg Ala Glu Ile Ala Pro Lys Ala Gly Asp Arg Tyr Gly

70 75 80 85

ttt tcg ctt ttc gac ggc tcc tcc tgg tca aaa acc ctc ccc gat ccc 403
Phe Ser Leu Phe Asp Gly Ser Ser Trp Ser Lys Thr Leu Pro Asp Pro

90	95	100	
cgc tcc aca tct caa cca gac ggg gtt cat ggt tta agt gaa gtc tcc			451
Arg Ser Thr Ser Gln Pro Asp Gly Val His Gly Leu Ser Glu Val Ser			
105	110	115	
gat gat tcc tat ctg tgg ggt gac cag cag tgg act ggc cga att ctc			499
Asp Asp Ser Tyr Leu Trp Gly Asp Gln Gln Trp Thr Gly Arg Ile Leu			
120	125	130	
cct ggc tcg gtg tta tat gag ctg cat gtg ggc acc ttt agt gaa gat			547
Pro Gly Ser Val Leu Tyr Glu Leu His Val Gly Thr Phe Ser Glu Asp			
135	140	145	
gga acg ttt gag gga gtc gtc gac aag ctt cct tat ctg cgc gac ctc			595
Gly Thr Phe Glu Gly Val Val Asp Lys Leu Pro Tyr Leu Arg Asp Leu			
150	155	160	165
ggc gtg acc gcc atc gaa ctt tta ccc gtg cag ccc ttt ggc ggc aac			643
Gly Val Thr Ala Ile Glu Leu Leu Pro Val Gln Pro Phe Gly Gly Asn			
170	175	180	
cgc aat tgg ggc tac gac ggg gtg ctg tgg cac gcc gtc cat gca ggc			691
Arg Asn Trp Gly Tyr Asp Gly Val Leu Trp His Ala Val His Ala Gly			
185	190	195	
tac ggc ggt ccg gcg ggc ttg aaa aag ctt atc gac gcc tcc cac cag			739
Tyr Gly Gly Pro Ala Gly Leu Lys Lys Leu Ile Asp Ala Ser His Gln			
200	205	210	
gcc ggc atc gcc gtc tac tta gac gtc gtg tac aac cac ttc ggc ccc			787
Ala Gly Ile Ala Val Tyr Leu Asp Val Val Tyr Asn His Phe Gly Pro			
215	220	225	
gac ggc aac tac aac ggg caa ttt ggc ccc tac acc tct ggc ggc agc			835
Asp Gly Asn Tyr Asn Gly Gln Phe Gly Pro Tyr Thr Ser Gly Gly Ser			
230	235	240	245
acc ggc tgg ggc gac gtg gtc aac atc aac ggc cat gat tca gat gaa			883
Thr Gly Trp Gly Asp Val Val Asn Ile Asn Gly His Asp Ser Asp Glu			

250	255	260	
gtc cgc aat tat att ctc gac gcc gca cgc cag tgg ttc gaa gat ttt			931
Val Arg Asn Tyr Ile Leu Asp Ala Ala Arg Gln Trp Phe Glu Asp Phe			
265	270	275	
cac gtt gat ggg ctc cgc ctc gat gcg gtg cat tct ctc gat gat cgc			979
His Val Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala Val His Ser Leu Asp Asp Arg			
280	285	290	
ggc gcc tat tcc cta ctt gcg cag ctg acc atg gtg gcc gag gat gtc			1027
Gly Ala Tyr Ser Leu Leu Ala Gln Leu Thr Met Val Ala Glu Asp Val			
295	300	305	
tcc gca caa aca ggc atc cca cgc tca ttg att gca gaa tct gaa ctc			1075
Ser Ala Gln Thr Gly Ile Pro Arg Ser Leu Ile Ala Glu Ser Glu Leu			
310	315	320	325
aat gac ccc aag ttc gtt acc tcc cgc gag gcc ggc ggt ttt ggc ctg			1123
Asn Asp Pro Lys Phe Val Thr Ser Arg Glu Ala Gly Gly Phe Gly Leu			
330	335	340	
gat gca cag tgg gtt gac gat atc cac cac gcc ctc cat gcc ctc gtt			1171
Asp Ala Gln Trp Val Asp Asp Ile His His Ala Leu His Ala Leu Val			
345	350	355	
tct ggc gaa cgc aat ggt tat tac agc gat ttc gga tct gtc gac aca			1219
Ser Gly Glu Arg Asn Gly Tyr Tyr Ser Asp Phe Gly Ser Val Asp Thr			
360	365	370	
tta gcc aaa acc ctg cgt gaa gta ttt gaa cac acc gga aac tac tcc			1267
Leu Ala Lys Thr Leu Arg Glu Val Phe Glu His Thr Gly Asn Tyr Ser			
375	380	385	
acg tac cgc gga cgc aac cac ggc cgc cct gtg cac ccc gat atc acc			1315
Thr Tyr Arg Gly Arg Asn His Gly Arg Pro Val His Pro Asp Ile Thr			
390	395	400	405
cct gcc tcg cgc ttt gtc acc tac acc acc acc cat gat cag acc ggc			1363
Pro Ala Ser Arg Phe Val Thr Tyr Thr Thr Thr His Asp Gln Thr Gly			

410	415	420	
aac cgc gca atc ggc gac cgt cct tcc acg act ctc acc ccg gaa cag			1411
Asn Arg Ala Ile Gly Asp Arg Pro Ser Thr Thr Leu Thr Pro Glu Gln			
425	430	435	
cag gtg ttg aag gca gcc att atc tac agc tcg ccg tat acc ccg atg			1459
Gln Val Leu Lys Ala Ala Ile Ile Tyr Ser Ser Pro Tyr Thr Pro Met			
440	445	450	
ttg ttt atg ggt gaa gaa ttc gga gcc acc acc cca ttc gcc ttc ttt			1507
Leu Phe Met Gly Glu Glu Phe Gly Ala Thr Thr Pro Phe Ala Phe Phe			
455	460	465	
tgc tcc cac acc gac ccc gag ctc aac cgg cta acc tcc gag ggc cgc			1555
Cys Ser His Thr Asp Pro Glu Leu Asn Arg Leu Thr Ser Glu Gly Arg			
470	475	480	485
aaa cgg gaa ttc gca cgc ctt ggc tgg aac gcc gac gac atc ccc tcc			1603
Lys Arg Glu Phe Ala Arg Leu Gly Trp Asn Ala Asp Asp Ile Pro Ser			
490	495	500	
ccc gag ctg gaa tcc acc ttc acc tcc tcc aaa ctc gat tgg gag ttc			1651
Pro Glu Leu Glu Ser Thr Phe Thr Ser Ser Lys Leu Asp Trp Glu Phe			
505	510	515	
act gcg gag cag cgc cgc atc aac gac gct tac aag cag ctg ttg cac			1699
Thr Ala Glu Gln Arg Arg Ile Asn Asp Ala Tyr Lys Gln Leu Leu His			
520	525	530	
ctg cgg cac acc ttg ggc ttc tcc caa cca aac ttg ctc aca ctc gag			1747
Leu Arg His Thr Leu Gly Phe Ser Gln Pro Asn Leu Leu Thr Leu Glu			
535	540	545	
gtt gag cac ggc gag aac tgg cta tcg atg gcc aat ggt cgc ggc cga			1795
Val Glu His Gly Glu Asn Trp Leu Ser Met Ala Asn Gly Arg Gly Arg			
550	555	560	565
att ctg gcg aat ttc tcc gac gac acc atc acc gtc ccg ctt ggc ggc			1843
Ile Leu Ala Asn Phe Ser Asp Asp Thr Ile Thr Val Pro Leu Gly Gly			

570 575 580
gag ctg att tac agc ttc act tcc ccc acc gtc acc gac acc tcc aca 1891
Glu Leu Ile Tyr Ser Phe Thr Ser Pro Thr Val Thr Asp Thr Ser Thr

585 590 595
acc ctt cag ccg tgg ggc ttt gcg atc ctg acc cga aac tagaaaaagg 1940
Thr Leu Gln Pro Trp Gly Phe Ala Ile Leu Thr Arg Asn

600 605 610
ccacctcgat tga 1953

<210> 1146
<211> 610
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1146
Met Leu Lys Asp Leu Thr Gly Leu Arg Glu Leu Val Leu Arg Glu Met
1 5 10 15

Cys His Ser Ile Ser His Leu Ser Ser Pro Thr Gly Ser Ile Phe Thr
20 25 30

Ser Leu Val Ala Met Leu Thr Ser Gln Ser Phe Ser Val Trp Ala Pro
35 40 45

Leu Pro His Asp Val His Leu Ile Leu Asn Gly Glu Thr Leu Pro Met
50 55 60

His Lys Thr Glu Gly Ser Trp Trp Arg Ala Glu Ile Ala Pro Lys Ala
65 70 75 80

Gly Asp Arg Tyr Gly Phe Ser Leu Phe Asp Gly Ser Ser Trp Ser Lys
85 90 95

Thr Leu Pro Asp Pro Arg Ser Thr Ser Gln Pro Asp Gly Val His Gly
100 105 110

Leu Ser Glu Val Ser Asp Asp Ser Tyr Leu Trp Gly Asp Gln Gln Trp
115 120 125

Thr Gly Arg Ile Leu Pro Gly Ser Val Leu Tyr Glu Leu His Val Gly
130 135 140

Thr Phe Ser Glu Asp Gly Thr Phe Glu Gly Val Val Asp Lys Leu Pro
145 150 155 160

Tyr Leu Arg Asp Leu Gly Val Thr Ala Ile Glu Leu Leu Pro Val Gln
165 170 175

Pro Phe Gly Gly Asn Arg Asn Trp Gly Tyr Asp Gly Val Leu Trp His
180 185 190

Ala Val His Ala Gly Tyr Gly Gly Pro Ala Gly Leu Lys Lys Leu Ile
195 200 205

Asp Ala Ser His Gln Ala Gly Ile Ala Val Tyr Leu Asp Val Val Tyr
210 215 220

Asn His Phe Gly Pro Asp Gly Asn Tyr Asn Gly Gln Phe Gly Pro Tyr
225 230 235 240

Thr Ser Gly Gly Ser Thr Gly Trp Gly Asp Val Val Asn Ile Asn Gly
245 250 255

His Asp Ser Asp Glu Val Arg Asn Tyr Ile Leu Asp Ala Ala Arg Gln
260 265 270

Trp Phe Glu Asp Phe His Val Asp Gly Leu Arg Leu Asp Ala Val His
275 280 285

Ser Leu Asp Asp Arg Gly Ala Tyr Ser Leu Leu Ala Gln Leu Thr Met
290 295 300

Val Ala Glu Asp Val Ser Ala Gln Thr Gly Ile Pro Arg Ser Leu Ile
305 310 315 320

Ala Glu Ser Glu Leu Asn Asp Pro Lys Phe Val Thr Ser Arg Glu Ala
325 330 335

Gly Gly Phe Gly Leu Asp Ala Gln Trp Val Asp Asp Ile His His Ala
340 345 350

Leu His Ala Leu Val Ser Gly Glu Arg Asn Gly Tyr Tyr Ser Asp Phe
355 360 365

Gly Ser Val Asp Thr Leu Ala Lys Thr Leu Arg Glu Val Phe Glu His
370 375 380

Thr Gly Asn Tyr Ser Thr Tyr Arg Gly Arg Asn His Gly Arg Pro Val
385 390 395 400

His Pro Asp Ile Thr Pro Ala Ser Arg Phe Val Thr Tyr Thr Thr Thr
405 410 415

His Asp Gln Thr Gly Asn Arg Ala Ile Gly Asp Arg Pro Ser Thr Thr
420 425 430

Leu Thr Pro Glu Gln Gln Val Leu Lys Ala Ala Ile Ile Tyr Ser Ser
435 440 445

Pro Tyr Thr Pro Met Leu Phe Met Gly Glu Glu Phe Gly Ala Thr Thr
450 455 460

Pro Phe Ala Phe Phe Cys Ser His Thr Asp Pro Glu Leu Asn Arg Leu
465 470 475 480

Thr Ser Glu Gly Arg Lys Arg Glu Phe Ala Arg Leu Gly Trp Asn Ala
485 490 495

Asp Asp Ile Pro Ser Pro Glu Leu Glu Ser Thr Phe Thr Ser Ser Lys
500 505 510

Leu Asp Trp Glu Phe Thr Ala Glu Gln Arg Arg Ile Asn Asp Ala Tyr
515 520 525

Lys Gln Leu Leu His Leu Arg His Thr Leu Gly Phe Ser Gln Pro Asn
530 535 540

Leu Leu Thr Leu Glu Val Glu His Gly Glu Asn Trp Leu Ser Met Ala
545 550 555 560

Asn Gly Arg Gly Arg Ile Leu Ala Asn Phe Ser Asp Asp Thr Ile Thr
565 570 575

Val Pro Leu Gly Gly Glu Leu Ile Tyr Ser Phe Thr Ser Pro Thr Val
580 585 590

Thr Asp Thr Ser Thr Thr Leu Gln Pro Trp Gly Phe Ala Ile Leu Thr
595 600 605

Arg Asn
610

<210> 1147
<211> 832
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(832)
<223> RXN02355

<400> 1147
atatttgacc ctccgggggt gatttaacct aaaattccac acaaactgtg tcgaggtcat 60

tagattgata agcatctgtt gttaagaaag gtgacttcct atg tcc tcg att tcc 115
Met Ser Ser Ile Ser

1 5

cgc aag acc ggc gcg tca ctt gca gcc acc aca ctg ttg gca gcg atc 163
Arg Lys Thr Gly Ala Ser Leu Ala Ala Thr Thr Leu Leu Ala Ala Ile

10 15 20

gca ctg gcc ggt tgt agt tca gac tca agc tcc gac tcc aca gat tcc 211
Ala Leu Ala Gly Cys Ser Ser Asp Ser Ser Ser Asp Ser Thr Asp Ser

25 30 35

acc gct agc gaa ggc gca gac agc cgc ggc ccc atc acc ttt gcg atg 259
Thr Ala Ser Glu Gly Ala Asp Ser Arg Gly Pro Ile Thr Phe Ala Met

40 45 50

ggc aaa aac gac acc gac aaa gtc att ccg atc atc gac cgc tgg aac 307
Gly Lys Asn Asp Thr Asp Lys Val Ile Pro Ile Ile Asp Arg Trp Asn

55 60 65

gaa gcc cac ccc gat gag cag gta acg ctc aac gaa ctc gcc ggt gaa	355
Glu Ala His Pro Asp Glu Gln Val Thr Leu Asn Glu Leu Ala Gly Glu	
70 75 80 85	
gcc gac gcg cag cgc gaa acc ctc gtg caa tcc ctg cag gcc ggc aac	403
Ala Asp Ala Gln Arg Glu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Ala Gly Asn	
90 95 100	
tct gac tac gac gtc atg gcg ctc gac gtc atc tgg acc gca gac ttc	451
Ser Asp Tyr Asp Val Met Ala Leu Asp Val Ile Trp Thr Ala Asp Phe	
105 110 115	
gcg gca aac caa tgg ctc gca cca ctt gaa ggc gac ctc gag gta gac	499
Ala Ala Asn Gln Trp Leu Ala Pro Leu Glu Gly Asp Leu Glu Val Asp	
120 125 130	
acc tcc gga ctg ctg caa tcc acc gtg gat tcc gca acc tac aac ggc	547
Thr Ser Gly Leu Leu Gln Ser Thr Val Asp Ser Ala Thr Tyr Asn Gly	
135 140 145	
acc ctc tac gca ctg cca cag aac acc aac ggc cag cta ctg ttc cgc	595
Thr Leu Tyr Ala Leu Pro Gln Asn Thr Asn Gly Gln Leu Leu Phe Arg	
150 155 160 165	
aac acc gaa atc atc cca gaa gca cca gca aac tgg gct gac ctc gtg	643
Asn Thr Glu Ile Ile Pro Glu Ala Pro Ala Asn Trp Ala Asp Leu Val	
170 175 180	
gaa tcc tgc acg ctt gct gaa gaa gca ggc gtt gat tgc ctg acc act	691
Glu Ser Cys Thr Leu Ala Glu Glu Ala Gly Val Asp Cys Leu Thr Thr	
185 190 195	
cag ctc aag cag tac gaa ggc ctt tca gtg aac acc atc ggc ttc atc	739
Gln Leu Lys Gln Tyr Glu Gly Leu Ser Val Asn Thr Ile Gly Phe Ile	
200 205 210	
gaa ggt tgg gga ggc agc gtc cta gac gat gac ggc aaa cgt cac cgt	787
Glu Gly Trp Gly Gly Ser Val Leu Asp Asp Asp Gly Lys Arg His Arg	
215 220 225	
aga cag cac gac ggc aag gca ggc ctt caa gcg ctt gtc gac ggc	832

Arg Gln His Asp Gly Lys Ala Gly Leu Gln Ala Leu Val Asp Gly

230 235 240

<210> 1148

<211> 244

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 1148

Met Ser Ser Ile Ser Arg Lys Thr Gly Ala Ser Leu Ala Ala Thr Thr
1 5 10 15

Leu Leu Ala Ala Ile Ala Leu Ala Gly Cys Ser Ser Asp Ser Ser Ser
20 25 30

Asp Ser Thr Asp Ser Thr Ala Ser Glu Gly Ala Asp Ser Arg Gly Pro
35 40 45

Ile Thr Phe Ala Met Gly Lys Asn Asp Thr Asp Lys Val Ile Pro Ile
50 55 60

Ile Asp Arg Trp Asn Glu Ala His Pro Asp Glu Gln Val Thr Leu Asn
65 70 75 80

Glu Leu Ala Gly Glu Ala Asp Ala Gln Arg Glu Thr Leu Val Gln Ser
85 90 95

Leu Gln Ala Gly Asn Ser Asp Tyr Asp Val Met Ala Leu Asp Val Ile
100 105 110

Trp Thr Ala Asp Phe Ala Ala Asn Gln Trp Leu Ala Pro Leu Glu Gly
115 120 125

Asp Leu Glu Val Asp Thr Ser Gly Leu Leu Gln Ser Thr Val Asp Ser
130 135 140

Ala Thr Tyr Asn Gly Thr Leu Tyr Ala Leu Pro Gln Asn Thr Asn Gly
145 150 155 160

Gln Leu Leu Phe Arg Asn Thr Glu Ile Ile Pro Glu Ala Pro Ala Asn
165 170 175

Trp Ala Asp Leu Val Glu Ser Cys Thr Leu Ala Glu Glu Ala Gly Val
180 185 190

Asp Cys Leu Thr Thr Gln Leu Lys Gln Tyr Glu Gly Leu Ser Val Asn
195 200 205

Thr Ile Gly Phe Ile Glu Gly Trp Gly Gly Ser Val Leu Asp Asp Asp
210 215 220

Gly Lys Arg His Arg Arg Gln His Asp Gly Lys Ala Gly Leu Gln Ala
225 230 235 240

Leu Val Asp Gly

<210> 1149

<211> 609

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(586)

<223> RXN02909

<400> 1149

caacgcgaat gaaaacgaac agcgagcagg tctataccca cgacgtcaac gtgtgggcta 60

atagtttcct ggattgtttg gcacagtcgg gagaaaactc atg aac cgc gca cga 115
Met Asn Arg Ala Arg

1 5

atc gcg acc ata ggc gtt ctt ccg ctt gct tta ctg ctg gcg tcc tgt 163
Ile Ala Thr Ile Gly Val Leu Pro Leu Ala Leu Leu Ala Ser Cys

10 15 20

ggt tca gac acc gtg gaa atg aca gat tcc acc tgg ttg gtg acc aat 211
Gly Ser Asp Thr Val Glu Met Thr Asp Ser Thr Trp Leu Val Thr Asn

25 30 35

att tac acc gat cca gat gag tcg aat tcg atc agt aat ctt gtc att 259

Ile Tyr Thr Asp Pro Asp Glu Ser Asn Ser Ile Ser Asn Leu Val Ile
40 45 50

tcc cag ccc agc tta gat ttt ggc aat tct tcc ctg tct ggt ttc act 307
Ser Gln Pro Ser Leu Asp Phe Gly Asn Ser Ser Leu Ser Gly Phe Thr

55 60 65

ggc tgt gtg cct ttt acg ggg cgt gcg gaa ttc ttc caa aat ggt gag 355
Gly Cys Val Pro Phe Thr Gly Arg Ala Glu Phe Phe Gln Asn Gly Glu

70 75 80 85

caa agc tct gtt ctg gat gcc gat tat gtg acc ttg tct tcc ctg gat 403
Gln Ser Ser Val Leu Asp Ala Asp Tyr Val Thr Leu Ser Ser Leu Asp

90 95 100

ttc gat aaa ctt ccc gat gat tgc caa gga caa gaa ctc aaa gtt cat 451
Phe Asp Lys Leu Pro Asp Asp Cys Gln Gly Gln Glu Leu Lys Val His

105 110 115

aac gag ctg gtt gat ctt ctg cct ggt tct ttt gaa atc tcc agg act 499
Asn Glu Leu Val Asp Leu Leu Pro Gly Ser Phe Glu Ile Ser Arg Thr

120 125 130

tct ggt tca gaa atc ttg ctg act agc gat gtc gat gaa ctc gat cgg 547
Ser Gly Ser Glu Ile Leu Leu Thr Ser Asp Val Asp Glu Leu Asp Arg

135 140 145

cca gca atc cgc ttg gtg tcc tgg atc gcg ccg aca tct taaggtgcca 596
Pro Ala Ile Arg Leu Val Ser Trp Ile Ala Pro Thr Ser

150 155 160

gggctttaaa gtg 609

<210> 1150
<211> 162
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1150
Met Asn Arg Ala Arg Ile Ala Thr Ile Gly Val Leu Pro Leu Ala Leu

1	5	10	15
Leu Leu Ala Ser Cys Gly Ser Asp Thr Val Glu Met Thr Asp Ser Thr			
20	25	30	
Trp Leu Val Thr Asn Ile Tyr Thr Asp Pro Asp Glu Ser Asn Ser Ile			
35	40	45	
Ser Asn Leu Val Ile Ser Gln Pro Ser Leu Asp Phe Gly Asn Ser Ser			
50	55	60	
Leu Ser Gly Phe Thr Gly Cys Val Pro Phe Thr Gly Arg Ala Glu Phe			
65	70	75	80
Phe Gln Asn Gly Glu Gln Ser Ser Val Leu Asp Ala Asp Tyr Val Thr			
85	90	95	
Leu Ser Ser Leu Asp Phe Asp Lys Leu Pro Asp Asp Cys Gln Gly Gln			
100	105	110	
Glu Leu Lys Val His Asn Glu Leu Val Asp Leu Leu Pro Gly Ser Phe			
115	120	125	
Glu Ile Ser Arg Thr Ser Gly Ser Glu Ile Leu Leu Thr Ser Asp Val			
130	135	140	
Asp Glu Leu Asp Arg Pro Ala Ile Arg Leu Val Ser Trp Ile Ala Pro			
145	150	155	160
Thr Ser			

<210> 1151
 <211> 1590
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1567)
 <223> RXS00349

<400> 1151

tgtgtacatc acaatggaat tcggggctag agtatctggt gaaccgtgca taaacgacct 60

gtgattggac tctttttcct tgcaaaatgt tttccagcgg atg ttg agt ttt gcg 115
Met Leu Ser Phe Ala

1 5

acc ctt cgt ggc cgc att tca aca gtt gac gct gca aaa gcc gca cct 163
Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala Ala Lys Ala Ala Pro

10 15 20

ccg cca tcg cca cta gcc ccg att gat ctc act gac cat agt caa gtg 211
Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr Asp His Ser Gln Val

25 30 35

gcc ggt gtg atg aat ttg gct gcg aga att ggc gat att ttg ctt tct 259
Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly Asp Ile Leu Leu Ser

40 45 50

tca ggt acg tca aat agt gac acc aag gta caa gtt cga gca gtg acc 307
Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln Val Arg Ala Val Thr

55 60 65

tct gcg tac ggt ttg tac tac acg cac gtg gat atc acg ttg aat acg 355
Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp Ile Thr Leu Asn Thr

70 75 80 85

atc acc atc ttc acc aac atc ggt gtg gag agg aag atg ccg gtc aac 403
Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg Lys Met Pro Val Asn

90 95 100

gtg ttt cat gtt gta ggc aag ttg gac acc aac ttc tcc aaa ctg tct 451
Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn Phe Ser Lys Leu Ser

105 110 115

gag gtt gac cgt ttg atc cgt tcc att cag gct ggt gcg acc ccg cct 499
Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala Gly Ala Thr Pro Pro

120 125 130

gag gtt gcc gag aaa atc ctg gac gag ttg gag caa tcc cct gcg tct 547
Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu Gln Ser Pro Ala Ser

135	140	145	
tat ggt ttc cct gtt gcg ttg ctt ggc tgg gca atg atg ggt ggt gct	595		
Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala Met Met Gly Gly Ala			
150	155	160	165
gtt gct gtg ctg ttg ggt ggt gga tgg cag gtt tcc cta att gct ttt	643		
Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val Ser Leu Ile Ala Phe			
	170	175	180
att acc gcg ttc acg atc att gcc acg acg tca ttt ttg gga aag aag	691		
Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser Phe Leu Gly Lys Lys			
	185	190	195
ggt ttg cct act ttc ttc caa aat gtt gtt ggt ggt ttt att gcc acg	739		
Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly Gly Phe Ile Ala Thr			
	200	205	210
ctg cct gca tcg att gct tat tct ttg gcg ttg caa ttt ggt ctt gag	787		
Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu Gln Phe Gly Leu Glu			
	215	220	225
atc aaa ccg agc cag atc atc gca tct gga att gtt gtg ctg ttg gca	835		
Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile Val Val Leu Leu Ala			
230	235	240	245
ggt ttg aca ctc gtg caa tct ctg cag gac ggc atc acg ggc gct ccg	883		
Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly Ile Thr Gly Ala Pro			
	250	255	260
gtg aca gca agt gca cga ttt ttc gaa aca ctc ctg ttt acc ggc ggc	931		
Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu Leu Phe Thr Gly Gly			
	265	270	275
att gtt gct ggc gtg ggt ttg ggc att cag ctt tct gaa atc ttg cat	979		
Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu Ser Glu Ile Leu His			
	280	285	290
gtc atg ttg cct gcc atg gag tcc gct gca gca cct aat tat tcg tct	1027		
Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala Pro Asn Tyr Ser Ser			

295	300	305	
aca ttc gcc cgc att atc gct ggt ggc gtc acc gca gcg gcc ttc gca			1075
Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr Ala Ala Ala Phe Ala			
310	315	320	325
gtg ggt tgt tac gcg gag tgg tcc tcg gtg att att gcg ggg ctt act			1123
Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile Ile Ala Gly Leu Thr			
	330	335	340
gcg ctg atg ggt tct gcg ttt tat tac ctc ttc gtt gtt tat tta ggc			1171
Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe Val Val Tyr Leu Gly			
	345	350	355
ccc gtc tct gcc gct gcg att gct gca aca gca gtt ggt ttc act ggt			1219
Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala Val Gly Phe Thr Gly			
	360	365	370
ggt ttg ctt gcc cgt cga ttc ttg att cca ccg ttg att gtg gcg att			1267
Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro Leu Ile Val Ala Ile			
	375	380	385
gcc ggc atc aca cca atg ctt cca ggt cta gca att tac cgc gga atg			1315
Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala Ile Tyr Arg Gly Met			
390	395	400	405
tac gcc acc ctg aat gat caa aca ctc atg ggt ttc acc aac att gcg			1363
Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly Phe Thr Asn Ile Ala			
	410	415	420
gtt gct tta gcc act gct tca tca ctt gcc gct ggc gtg gtt ttg ggt			1411
Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala Gly Val Val Leu Gly			
	425	430	435
gag tgg att gcc cgc agg cta cgt cgt cca cca cgc ttc aac cca tac			1459
Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro Arg Phe Asn Pro Tyr			
	440	445	450
cgt gca ttt acc aag gcg aat gag ttc tcc ttc cag gag gaa gct gag			1507
Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe Gln Glu Glu Ala Glu			

455 460 465

cag aat cag cgc cgg cag aga aaa cgt cca aag act aat cag aga ttc 1555
 Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys Thr Asn Gln Arg Phe

470 475 480 485

ggt aat aaa agg taaaaatcaa cctgcttagg cgt 1590
 Gly Asn Lys Arg

<210> 1152
 <211> 489
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1152
 Met Leu Ser Phe Ala Thr Leu Arg Gly Arg Ile Ser Thr Val Asp Ala
 1 5 10 15

Ala Lys Ala Ala Pro Pro Pro Ser Pro Leu Ala Pro Ile Asp Leu Thr
 20 25 30

Asp His Ser Gln Val Ala Gly Val Met Asn Leu Ala Ala Arg Ile Gly
 35 40 45

Asp Ile Leu Leu Ser Ser Gly Thr Ser Asn Ser Asp Thr Lys Val Gln
 50 55 60

Val Arg Ala Val Thr Ser Ala Tyr Gly Leu Tyr Tyr Thr His Val Asp
 65 70 75 80

Ile Thr Leu Asn Thr Ile Thr Ile Phe Thr Asn Ile Gly Val Glu Arg
 85 90 95

Lys Met Pro Val Asn Val Phe His Val Val Gly Lys Leu Asp Thr Asn
 100 105 110

Phe Ser Lys Leu Ser Glu Val Asp Arg Leu Ile Arg Ser Ile Gln Ala
 115 120 125

Gly Ala Thr Pro Pro Glu Val Ala Glu Lys Ile Leu Asp Glu Leu Glu
 130 135 140

Gln Ser Pro Ala Ser Tyr Gly Phe Pro Val Ala Leu Leu Gly Trp Ala
145 150 155 160

Met Met Gly Gly Ala Val Ala Val Leu Leu Gly Gly Gly Trp Gln Val
165 170 175

Ser Leu Ile Ala Phe Ile Thr Ala Phe Thr Ile Ile Ala Thr Thr Ser
180 185 190

Phe Leu Gly Lys Lys Gly Leu Pro Thr Phe Phe Gln Asn Val Val Gly
195 200 205

Gly Phe Ile Ala Thr Leu Pro Ala Ser Ile Ala Tyr Ser Leu Ala Leu
210 215 220

Gln Phe Gly Leu Glu Ile Lys Pro Ser Gln Ile Ile Ala Ser Gly Ile
225 230 235 240

Val Val Leu Leu Ala Gly Leu Thr Leu Val Gln Ser Leu Gln Asp Gly
245 250 255

Ile Thr Gly Ala Pro Val Thr Ala Ser Ala Arg Phe Phe Glu Thr Leu
260 265 270

Leu Phe Thr Gly Gly Ile Val Ala Gly Val Gly Leu Gly Ile Gln Leu
275 280 285

Ser Glu Ile Leu His Val Met Leu Pro Ala Met Glu Ser Ala Ala Ala
290 295 300

Pro Asn Tyr Ser Ser Thr Phe Ala Arg Ile Ile Ala Gly Gly Val Thr
305 310 315 320

Ala Ala Ala Phe Ala Val Gly Cys Tyr Ala Glu Trp Ser Ser Val Ile
325 330 335

Ile Ala Gly Leu Thr Ala Leu Met Gly Ser Ala Phe Tyr Tyr Leu Phe
340 345 350

Val Val Tyr Leu Gly Pro Val Ser Ala Ala Ala Ile Ala Ala Thr Ala

355 360 365

Val Gly Phe Thr Gly Gly Leu Leu Ala Arg Arg Phe Leu Ile Pro Pro
370 375 380

Leu Ile Val Ala Ile Ala Gly Ile Thr Pro Met Leu Pro Gly Leu Ala
385 390 395 400

Ile Tyr Arg Gly Met Tyr Ala Thr Leu Asn Asp Gln Thr Leu Met Gly
405 410 415

Phe Thr Asn Ile Ala Val Ala Leu Ala Thr Ala Ser Ser Leu Ala Ala
420 425 430

Gly Val Val Leu Gly Glu Trp Ile Ala Arg Arg Leu Arg Arg Pro Pro
435 440 445

Arg Phe Asn Pro Tyr Arg Ala Phe Thr Lys Ala Asn Glu Phe Ser Phe
450 455 460

Gln Glu Glu Ala Glu Gln Asn Gln Arg Arg Gln Arg Lys Arg Pro Lys
465 470 475 480

Thr Asn Gln Arg Phe Gly Asn Lys Arg
485

<210> 1153
<211> 440
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(417)
<223> RXS03183

<400> 1153
gaa gcc gaa gca acc gca ggc aaa ttc gaa gta cag ccc ctc gta ggt 48
Glu Ala Glu Ala Thr Ala Gly Lys Phe Glu Val Gln Pro Leu Val Gly

1 5 10 15

aaa gac ggc gtc ggc gta tcc acc ctt ggt ggc tac aac aac ggc atc 96

Lys Asp Gly Val Gly Val Ser Thr Leu Gly Gly Tyr Asn Asn Gly Ile
20 25 30

aac gtc aac tcc gaa aac aag gca acc gcc cgc gac ttc atc gaa ttc 144
Asn Val Asn Ser Glu Asn Lys Ala Thr Ala Arg Asp Phe Ile Glu Phe

35 40 45

atc atc aac gaa gag aac caa acc tgg ttc gcg gac aac tcc ttc cca 192
Ile Ile Asn Glu Glu Asn Gln Thr Trp Phe Ala Asp Asn Ser Phe Pro

50 55 60

cca gtt ctg gca tcc atc tac gat gat gag tcc ctt gtt gag cag tac 240
Pro Val Leu Ala Ser Ile Tyr Asp Asp Glu Ser Leu Val Glu Gln Tyr

65 70 75 80

cca tac ctg cca gca ctg aag gaa tcc ctg gaa aac gca gca cca cgc 288
Pro Tyr Leu Pro Ala Leu Lys Glu Ser Leu Glu Asn Ala Ala Pro Arg

85 90 95

cca gtg tct cct ttc tac cca gcc atc tcc aag gca atc cag gac aac 336
Pro Val Ser Pro Phe Tyr Pro Ala Ile Ser Lys Ala Ile Gln Asp Asn

100 105 110

gcc tac gca gcg ctt aac ggc aac gtc gac gtt gac cag gca acc acc 384
Ala Tyr Ala Ala Leu Asn Gly Asn Val Asp Val Asp Gln Ala Thr Thr

115 120 125

gat atg aag gca gcg atc gaa aac gct tcc agc tagttcggta atttagttca 437
Asp Met Lys Ala Ala Ile Glu Asn Ala Ser Ser

130 135

ttc 440

<210> 1154
<211> 139
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1154
Glu Ala Glu Ala Thr Ala Gly Lys Phe Glu Val Gln Pro Leu Val Gly

1 5 10 15
 Lys Asp Gly Val Gly Val Ser Thr Leu Gly Gly Tyr Asn Asn Gly Ile
 20 25 30
 Asn Val Asn Ser Glu Asn Lys Ala Thr Ala Arg Asp Phe Ile Glu Phe
 35 40 45
 Ile Ile Asn Glu Glu Asn Gln Thr Trp Phe Ala Asp Asn Ser Phe Pro
 50 55 60
 Pro Val Leu Ala Ser Ile Tyr Asp Asp Glu Ser Leu Val Glu Gln Tyr
 65 70 75 80
 Pro Tyr Leu Pro Ala Leu Lys Glu Ser Leu Glu Asn Ala Ala Pro Arg
 85 90 95
 Pro Val Ser Pro Phe Tyr Pro Ala Ile Ser Lys Ala Ile Gln Asp Asn
 100 105 110
 Ala Tyr Ala Ala Leu Asn Gly Asn Val Asp Val Asp Gln Ala Thr Thr
 115 120 125
 Asp Met Lys Ala Ala Ile Glu Asn Ala Ser Ser
 130 135

<210> 1155
 <211> 1212
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1189)
 <223> RXC00874

<400> 1155
 agctgttccc taccattgct gaacgggagt ggattgtcac tttagcccct cacggattct 60

tctggtttga tctcaccgcc gatgaaaagg acgatatgga atg agc att ggc caa 115
 Met Ser Ile Gly Gln

	1	5	
cac atc atc acc gag cgt ttc tac ggc gcc aag tcc cac acc atc gac			163
His Ile Ile Thr Glu Arg Phe Tyr Gly Ala Lys Ser His Thr Ile Asp			
	10	15	20
aac gta gat att gtg ttg tcc cgc gaa tgt ggc gag aac act ttg gct			211
Asn Val Asp Ile Val Leu Ser Arg Glu Cys Gly Glu Asn Thr Leu Ala			
	25	30	35
gta gtg cgc atc aac aat gcg ctg tat cag ttg ttg gtc aat gat gat			259
Val Val Arg Ile Asn Asn Ala Leu Tyr Gln Leu Leu Val Asn Asp Asp			
	40	45	50
ggc aaa gat gtt ctc aac gac cac gta gaa gag gtc ggt gcg agt ttc			307
Gly Lys Asp Val Leu Asn Asp His Val Glu Glu Val Gly Ala Ser Phe			
	55	60	65
gga gca tgg act ggc agc tct gct ttt ccc att ggc cct ttc act cca			355
Gly Ala Trp Thr Gly Ser Ser Ala Phe Pro Ile Gly Pro Phe Thr Pro			
	70	75	80
ctc ggc aca gaa caa tcc aat agc tct ttc atc acc gcc gac aat aaa			403
Leu Gly Thr Glu Gln Ser Asn Ser Ser Phe Ile Thr Ala Asp Asn Lys			
	90	95	100
gcg atc gtg aaa tac ttc cgc aaa tta gaa tcc ggg caa aac ccc gat			451
Ala Ile Val Lys Tyr Phe Arg Lys Leu Glu Ser Gly Gln Asn Pro Asp			
	105	110	115
gtg gag cta att tct aaa att tcc tcc tgc ccc aac atc gcg ccc atc			499
Val Glu Leu Ile Ser Lys Ile Ser Ser Cys Pro Asn Ile Ala Pro Ile			
	120	125	130
ctg ggt ttt tcc tcc gct gag atc tcc ggg gct aac tac acc ctg gtc			547
Leu Gly Phe Ser Ser Ala Glu Ile Ser Gly Ala Asn Tyr Thr Leu Val			
	135	140	145
atg gcg cag cag tac gtt cca ggt ttg gat ggc tgg tca cac gcg ctg			595
Met Ala Gln Gln Tyr Val Pro Gly Leu Asp Gly Trp Ser His Ala Leu			

150	155	160	165	
act act acc tct ggc agc ttt gca gag gat gca gaa aag atc ggc gaa				643
Thr Thr Thr Ser Gly Ser Phe Ala Glu Asp Ala Glu Lys Ile Gly Glu				
	170	175	180	
gcc acc cgc aat gtt cac act gct ctt gca tcg gcc ttc cct act cgg				691
Ala Thr Arg Asn Val His Thr Ala Leu Ala Ser Ala Phe Pro Thr Arg				
	185	190	195	
gta gtt ccc gta gaa gca ctc gcc gat gcg ctc act acc cgc ctt aat				739
Val Val Pro Val Glu Ala Leu Ala Asp Ala Leu Thr Thr Arg Leu Asn				
	200	205	210	
gaa cta atc tcc caa gca ccc gaa atc gcc cgc ttc aaa gaa gca gcc				787
Glu Leu Ile Ser Gln Ala Pro Glu Ile Ala Arg Phe Lys Glu Ala Ala				
	215	220	225	
atc gac ctc tac caa tcg ttg gaa ggc gaa gcc cac atc caa cgc atc				835
Ile Asp Leu Tyr Gln Ser Leu Glu Gly Glu Ala His Ile Gln Arg Ile				
230	235	240	245	
cac ggt gac ctc cac ttg ggg cag ctc atc aaa acc ccc gaa cgc tac				883
His Gly Asp Leu His Leu Gly Gln Leu Ile Lys Thr Pro Glu Arg Tyr				
	250	255	260	
atc ctc atc gat ttc gaa ggc gaa cct gcc cgc cca ctt aat caa cga				931
Ile Leu Ile Asp Phe Glu Gly Glu Pro Ala Arg Pro Leu Asn Gln Arg				
	265	270	275	
cgc ctc ccc gac tct ccc ctg aaa gat ctc gcc ggc atc atc aga tcc				979
Arg Leu Pro Asp Ser Pro Leu Lys Asp Leu Ala Gly Ile Ile Arg Ser				
	280	285	290	
atc gac tac gca gcc tac ttc gac ggc gaa cac acc caa tgg gcc aac				1027
Ile Asp Tyr Ala Ala Tyr Phe Asp Gly Glu His Thr Gln Trp Ala Asn				
	295	300	305	
gaa gcc acc gcg cta ttc ctc gac ggc tac gga tca att gaa gac caa				1075
Glu Ala Thr Ala Leu Phe Leu Asp Gly Tyr Gly Ser Ile Glu Asp Gln				

310 315 320 325
gaa ctc ctc aat gcc tac att ctg gac aag gcg ttg tac gag gtt gcc 1123
Glu Leu Leu Asn Ala Tyr Ile Leu Asp Lys Ala Leu Tyr Glu Val Ala

330 335 340
tat gaa ata aac aac cgc ccc gac tgg gtg aaa atc cca ctc gag gcg 1171
Tyr Glu Ile Asn Asn Arg Pro Asp Trp Val Lys Ile Pro Leu Glu Ala

345 350 355
gtc gaa agg ctt cta gac tagttagtta ctctgcgtca aac 1212
Val Glu Arg Leu Leu Asp

360

<210> 1156
<211> 363
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 1156
Met Ser Ile Gly Gln His Ile Ile Thr Glu Arg Phe Tyr Gly Ala Lys
1 5 10 15

Ser His Thr Ile Asp Asn Val Asp Ile Val Leu Ser Arg Glu Cys Gly
20 25 30

Glu Asn Thr Leu Ala Val Val Arg Ile Asn Asn Ala Leu Tyr Gln Leu
35 40 45

Leu Val Asn Asp Asp Gly Lys Asp Val Leu Asn Asp His Val Glu Glu
50 55 60

Val Gly Ala Ser Phe Gly Ala Trp Thr Gly Ser Ser Ala Phe Pro Ile
65 70 75 80

Gly Pro Phe Thr Pro Leu Gly Thr Glu Gln Ser Asn Ser Ser Phe Ile
85 90 95

Thr Ala Asp Asn Lys Ala Ile Val Lys Tyr Phe Arg Lys Leu Glu Ser
100 105 110

Gly Gln Asn Pro Asp Val Glu Leu Ile Ser Lys Ile Ser Ser Cys Pro

115	120	125
Asn Ile Ala Pro Ile Leu Gly Phe Ser Ser Ala Glu Ile Ser Gly Ala		
130	135	140
Asn Tyr Thr Leu Val Met Ala Gln Gln Tyr Val Pro Gly Leu Asp Gly		
145	150	155
		160
Trp Ser His Ala Leu Thr Thr Thr Ser Gly Ser Phe Ala Glu Asp Ala		
	165	170
		175
Glu Lys Ile Gly Glu Ala Thr Arg Asn Val His Thr Ala Leu Ala Ser		
	180	185
		190
Ala Phe Pro Thr Arg Val Val Pro Val Glu Ala Leu Ala Asp Ala Leu		
	195	200
		205
Thr Thr Arg Leu Asn Glu Leu Ile Ser Gln Ala Pro Glu Ile Ala Arg		
	210	215
		220
Phe Lys Glu Ala Ala Ile Asp Leu Tyr Gln Ser Leu Glu Gly Glu Ala		
225	230	235
		240
His Ile Gln Arg Ile His Gly Asp Leu His Leu Gly Gln Leu Ile Lys		
	245	250
		255
Thr Pro Glu Arg Tyr Ile Leu Ile Asp Phe Glu Gly Glu Pro Ala Arg		
	260	265
		270
Pro Leu Asn Gln Arg Arg Leu Pro Asp Ser Pro Leu Lys Asp Leu Ala		
	275	280
		285
Gly Ile Ile Arg Ser Ile Asp Tyr Ala Ala Tyr Phe Asp Gly Glu His		
290	295	300
Thr Gln Trp Ala Asn Glu Ala Thr Ala Leu Phe Leu Asp Gly Tyr Gly		
305	310	315
		320
Ser Ile Glu Asp Gln Glu Leu Leu Asn Ala Tyr Ile Leu Asp Lys Ala		
	325	330
		335
Leu Tyr Glu Val Ala Tyr Glu Ile Asn Asn Arg Pro Asp Trp Val Lys		

340	345	350
Ile Pro Leu Glu Ala Val Glu Arg Leu Leu Asp		
355	360	
<210> 1157		
<211> 18		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		
<223> Description of Artificial Sequence: primer		
<400> 1157		
ggaaacagta tgaccatg		18
<210> 1158		
<211> 17		
<212> DNA		
<213> Artificial Sequence		
<220>		
<223> Description of Artificial Sequence: primer		
<400> 1158		
gtaaaacgac ggccagt		17