



(19) 대한민국특허청(KR)
(12) 등록특허공보(B1)

(45) 공고일자 2009년01월14일
(11) 등록번호 10-0878332
(24) 등록일자 2009년01월06일

(51) Int. Cl.
C12N 15/31 (2006.01)
(21) 출원번호 10-2006-7022650(분할)
(22) 출원일자 2006년10월30일
심사청구일자 2006년10월30일
번역문제출일자 2006년10월30일
(65) 공개번호 10-2006-0118626
(43) 공개일자 2006년11월23일
(62) 원출원 특허 10-2001-7016590
원출원일자 2001년12월24일
심사청구일자 2005년06월22일
(86) 국제출원번호 PCT/IB2000/000926
국제출원일자 2000년06월23일
(87) 국제공개번호 WO 2001/00805
국제공개일자 2001년01월04일
(30) 우선권주장
199 31 454.3 1999년07월08일 독일(DE)
(뒷면에 계속)
(56) 선행기술조사문헌
EP-A-0752472 (1997.01.08.)
(뒷면에 계속)

(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

전체 청구항 수 : 총 4 항

심사관 : 정의준

(54) 막 합성 및 막 운반 관련 단백질을 코딩하는코리네박테리움 글루타미쿰 유전자

(57) 요약

본 발명은 코리네박테리움 글루타미쿰 (*Corynebacterium glutamicum*)으로부터 신규 MCT 단백질을 코딩하는, MCT 핵산 분자로 명명된 단리된 핵산 분자를 기재한다. 본 발명은 또한 안티센스 핵산 분자, MCT 핵산 분자를 함유하는 재조합 발현 벡터 및 발현 벡터가 도입된 숙주 세포를 제공한다. 또한, 본 발명은 단리된 MCT 단백질, MCT 단백질 돌연변이, 융합 단백질, 항원성 펩티드, 및 코리네박테리움 글루타미쿰에서 MCT 유전자의 유전 공학을 기초로 하여 상기 생물체로부터 목적하는 화합물의 생산을 향상시키는 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 립부르거호프 모델스트라쎄 42

(56) 선행기술조사문헌

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-0786519 (1997.07.30)

EP-A-0252558 (1988.01.13)

(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, 코트디브와르, 카메룬, 가봉, 기니, 말리, 모리타니, 니제르, 세네갈, 차드, 토고, 기니 비사우

(30) 우선권주장

199 31	478.0	1999년07월08일	독일(DE)
199 31	563.9	1999년07월08일	독일(DE)
199 32	122.1	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	124.8	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	125.6	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	128.0	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	180.9	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	182.5	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	190.6	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	191.4	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	209.0	1999년07월09일	독일(DE)
199 32	212.0	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	927.3	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 40 830.0	1999년08월27일	독일(DE)
199 40 831.9	1999년08월27일	독일(DE)
199 40 832.7	1999년08월27일	독일(DE)
199 40 833.5	1999년08월27일	독일(DE)
199 41 378.9	1999년08월31일	독일(DE)
199 41 379.7	1999년08월31일	독일(DE)
199 41 395.9	1999년08월31일	독일(DE)
199 42 077.7	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 078.5	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 079.3	1999년09월03일	독일(DE)
199 42 088.2	1999년09월03일	독일(DE)
60/141,031	1999년06월25일	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 2에 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 락토포르멘툼 (*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 본 출원일 이전에 출원된 미국 가특허 출원 제60/141031호 (1999년 6월 25일 출원)을 우선권으로 주장한다. 본 출원은 또한 독일 특허 출원 제19931454.3호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931478.0호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19931563.9호 (1999년 7월 8일 출원), 독일 특허 출원 제19932122.1호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932124.8호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932125.6호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932128.0호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932180.9호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932182.5호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932190.6호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932191.4호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932209.0호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932212.0호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932227.9호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932228.7호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932229.5호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932230.9호 (1999년 7월 9일 출원), 독일 특허 출원 제19932927.3호 (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 제19940830.0호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940831.9호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940832.7호 (1999년 8월 27일 출원), 독일 특허 출원 제19940833.5호 (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 제19941395.9호 (1999년 8월 31일 출원), 독

일 특허 출원 제19942077.7호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942078.5호 (1999년 9월 3일 출원), 독일 특허 출원 제19942079.3호 (1999년 9월 3일 출원), 및 독일 특허 출원 제19942088.2호 (1999년 9월 3일 출원)을 우선권으로 주장한다. 상기 모든 출원의 전체 내용은 본원의 참고 문헌에 명백히 포함된다.

- <3> 세포에서 자연발생적으로 일어나는 대사 과정의 일부 산물 및 부산물은 식품, 사료, 화장품 및 제약 산업을 비롯한 다양한 산업 분야에 사용된다. 총체적으로 "정밀 화학물질"로 불리는 이들 분자로는 유기산, 단백질을 구성 및 비단백질원성 아미노산, 뉴클레오타이드 및 뉴클레오시드, 지질 및 지방산, 디올, 탄수화물, 방향족 화합물, 비타민 및 보조인자, 및 효소가 있다. 이들의 생성은 원하는 특정 분자를 대량으로 생산하고 분비하도록 개발된 박테리아의 대규모 배양을 통해 가장 편리하게 수행된다. 이러한 목적에 특히 유용한 생물체는 그람 양성 비병원성 박테리아인 코리네박테리움 글루타미쿰이다. 균주 선별을 통해, 일련의 바람직한 화합물을 생산하는 다수의 돌연변이 균주가 개발되어 있다. 그러나, 특정 분자의 생산을 위해 개량된 균주의 선별은 시간 소모적 이고 어려운 과정이다.

발명이 이루고자 하는 기술적 과제

- <4> 본 발명은 다양한 용도를 갖는 신규 박테리아 핵산 분자를 제공한다. 이들은 정밀 화학물질의 생산에 사용될 수 있는 미생물의 확인; 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아에서의 정밀 화학물질의 생산 조절; 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아의 타이핑 또는 확인; 코리네박테리움 글루타미쿰의 계통을 맵핑하기 위한 기준점 및 형질전환용 마커로서의 용도로 사용된다. 이들 신규 핵산 분자는 본원에서 막 구성 및 막 운반 (MCT) 단백질로 불리는 단백질을 코딩한다.
- <5> 코리네박테리움 글루타미쿰은 다양한 정밀 화학물질의 대량 생산, 탄화수소의 분해 (예컨대, 광유 스피) 및 테르페노이드의 산화를 위해 공업적으로 통상 사용되는 그람 양성 호기성 박테리아이다. 따라서, 본 발명의 MCT 핵산 분자는 예를 들어, 발효 공정에 의해 정밀 화학물질을 생산하는 데 이용할 수 있는 미생물을 확인하는 데 사용할 수 있다. 본 발명의 MCT 핵산의 발현 조절 또는 본 발명의 MCT 핵산 분자의 서열 변이를 이용하여 미생물로부터 하나 이상의 정밀 화학물질을 생산하는 것을 조절할 수 있다 (예를 들어, 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 종으로부터 하나 이상의 정밀 화학물질을 수득하거나 생산하는 것을 개선하기 위함).
- <6> 본 발명의 MCT 핵산은 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 가까운 동족체일 수 있는 생물체를 확인하거나, 혼합된 미생물 집단에서 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그와 가까운 동족체의 존재를 확인하는 데 사용할 수도 있다. 본 발명은 동일 또는 혼합 미생물 집단의 배양물 중의 추출 계통 DNA를 엄격한 조건 하에 코리네박테리움 글루타미쿰에 고유한 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자 영역에 걸친 프로브를 사용하여 탐침함으로써 상기 생물체의 존재를 확인할 수 있는 다수의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 핵산 서열을 제공한다. 비록 코리네박테리움 글루타미쿰 자체가 병원성이 아닐지라도, 코리네박테리움 디프테리아 (디프테리아의 병원체)와 같은, 인간에게 병원성인 종과 관련되어 있고, 이러한 생물체의 검출은 임상적으로 상당히 중요하다.
- <7> 본 발명의 MCT 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰의 계통 또는 관련 생물체의 계통을 맵핑하기 위한 기준점으로도 사용할 수 있다. 유사하게, 이들 분자, 그의 변이체 또는 일부는 유전공학적으로 조작된 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 종을 위한 마커로 사용할 수 있다.
- <8> 본 발명의 신규 핵산 분자에 의해 코딩되는 MCT 단백질은 예를 들어, 막 생합성에 필요한 화합물의 대사 (예를 들어, 생합성 또는 분해)에 관련된 기능을 수행하거나, 세포내로 또는 세포로부터 1종 이상의 화합물의 막횡단 운반을 보조할 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(예컨대, 락토페르멘툼)의 유전 조작 기술 (Yoshihama et al., J. Bacteriol. 162: 591-597 (1985); Katsumata et al., J. Bacteriol. 159: 306-311 (1984); and Santamaria et al., J. Gen. Microbiol. 130: 2237-2246 (1984))을 이용하여, 본 발명의 핵산 분자를 이 생물체가 하나 이상의 정밀 화학물질의 보다 효율적인 생산자가 되도록 상기 생물체의 유전공학적으로 조작에 사용할 수 있다. 본 발명의 유전자 조작은 정밀 화학물질의 생산 또는 생산 효율에 직접적으로 또는 간접적으로 영향을 줄 수 있다.
- <9> 본 발명의 MCT 단백질의 변형에 의해 상기 변형된 단백질을 포함하는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주로부터 정밀 화학물질의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율에 직접적으로 영향을 줄 수 있는 여러 기작이 있다. 세포로부터의 정밀 화학물질 분자의 배출에 관여하는 이러한 MCT 단백질을, 이러한 화합물이 보다 쉽게 회수되는 세포외 매질로 더 많은 양이 분비되도록, 그의 수 또는 활성을 증가시킬 수 있다. 마찬가지로, 1종 이상의 정밀 화학물질의 생합성에 필요한 영양분(예를 들어, 포스페이트, 술페이트, 질소 화합물 등)의 유입에 관여하는 MCT 단

백질을, 이러한 전구체, 보조인자 또는 중간체 화합물의 세포내 농도가 증가되도록, 그의 수 또는 활성을 증가시킬 수 있다. 또한, 지방산 및 지질 자체는 바람직한 정밀 화합물질이며, 이러한 화합물의 생합성에 관여하는 1종 이상의 본 발명의 MCT 단백질의 활성을 최적화하거나 또는 그의 수를 증가시킴으로써, 또는 이러한 화합물의 분해에 관여하는 1종 이상의 MCT 단백질의 활성을 손상시킴으로써, 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 지방산 및 지질 분자의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율을 증가시킬 수 있다.

<10> 또한, 본 발명의 하나 이상의 MCT 유전자에 돌연변이를 유발시켜 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 1종 이상의 목적하는 정밀 화합물질을 생산하는데 간접적으로 영향을 주는, 활성이 변화된 MCT 단백질을 제조할 수 있다. 예를 들어, 폐 생성물의 배출에 관여하는 본 발명의 MCT 단백질을, 세포의 정상적인 대사성 폐기물(목적하는 정밀 화합물질의 과다생산으로 인해 양이 증가될 수 있음)이 세포내에서 뉴클레오티드 및 단백질을 손상시키거나(세포의 생존율이 감소됨) 또는 정밀 화합물질 생합성 경로를 방해하기(목적하는 정밀 화합물질의 수율, 생산 또는 생산 효율이 저하됨) 전에 효과적으로 배출되도록, 그의 수 또는 활성을 증가시킬 수 있다. 또한, 세포내에서 비교적 다량인 정밀 화합물질은 그 자체로도 세포에 독성을 떨 수 있어서, 세포로부터 이 화합물을 배출시킬 수 있는 운반자의 활성 또는 수를 증가시킴으로써, 배양물내 세포의 생존율을 증가시킬 수 있고, 다시 말하면, 배양물내에서 목적하는 정밀 화합물질을 생산하는 세포수를 더 증가시킬 수 있다. 적절한 양의 다른 지질 및 지방산 분자가 생산되도록 본 발명의 MCT 단백질을 조작할 수도 있다. 이는 세포막의 지질 조성에 중요한 영향을 줄 수 있다. 각 지질 타입은 다른 물리적 특성을 가지기 때문에, 막의 지질 조성에 있어서의 변화는 막의 유동성을 상당히 변화시킬 수 있다. 막 유동성에서의 변화는 막을 통한 분자의 운반뿐 아니라 세포의 일체성에 영향을 줄 수 있으며, 이들 모두는 대규모 발효 배양에서 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 정밀 화합물질의 생산에 상당한 영향을 준다.

<11> 본 발명은 예를 들어 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 수 있는, 본원에서 MCT 단백질로 언급되는 단백질을 코딩하는 신규 핵산 분자를 제공한다. MCT 단백질을 코딩하는 핵산 분자는 본원에서 MCT 핵산 분자로 언급된다. 바람직한 실시양태에서, MCT 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여한다. 이러한 단백질의 예로는 하기 표 1의 유전자 세트에 의해 코딩되는 것들이 포함된다.

<12> 따라서, 본 발명의 한 측면은 MCT 단백질 또는 그의 생물학적 활성 일부를 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함하는 단리된 핵산 분자 (예를 들어, cDNA, DNA 또는 RNA) 뿐만 아니라 MCT 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 서열 목록에 있는 홀수 번호 서열로 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 서열 목록에 있는 홀수 번호 서열 (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, 보다 바람직하게는 약 70%, 80% 또는 90% 이상, 훨씬 더 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 99% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 서열 목록 중의 짝수 번호 서열 (예를 들어, 서열 2, 서열 4, 서열 6, 서열 8...)로 기재된 아미노산 서열 중 하나를 코딩한다. 본 발명의 바람직한 MCT 단백질은 본원에 기재된 MCT 활성 중 적어도 하나를 갖는 것도 바람직하다.

<13> 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, 서열 목록 중의 짝수 번호 서열을 갖는 서열), 예를 들어, 상기 단백질 또는 그의 일부가 MCT 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 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여하는 능력을 유지한다. 한 실시양태에서, 상기 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예컨대, 서열 목록 중의 짝수 번호 서열을 갖는 서열로부터 선택된 전체 아미노산 서열)과 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 보다 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 (서열 목록 중의 상응하는 홀수 번호 서열 (예를 들어, 서열 1, 서열 3, 서열 5, 서열 7...)에 나타난 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실질적으로 상동성이 있는 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질이다.

<14> 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 유래하고, 본 발명의 아

미노산 서열 중 하나 (예를 들어, 서열 목록 중의 짝수 번호 서열 중 하나의 서열)와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있으며 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 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, MCT 융합 단백질)을 코딩한다.

- <15> 다른 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는 그 길이가 15개의 뉴클레오티드 이상이고 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예를 들어, 서열 목록 중의 홀수 번호 서열)을 포함하는 핵산 분자와 엄격한 조건 하에 혼성화한다. 바람직하게는, 단리된 핵산 분자는 자연 발생 핵산 분자에 상응한다. 보다 바람직하게는, 단리된 핵산은 코리네박테리움 글루타미쿰의 MCT 단백질 또는 그의 생물학적 활성 부위를 코딩한다.
- <16> 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 숙주 세포를 적당한 배지에서 배양하여 MCT 단백질을 생산하는 데 사용한다. 이어서, MCT 단백질을 배지 또는 숙주 세포로부터 단리할 수 있다.
- <17> 본 발명의 또 다른 측면은 MCT 유전자가 도입되거나 변이된 유전 변이 미생물에 관한 것이다. 한 실시양태에서, 미생물의 계놈은 야생형 또는 돌연변이 MCT 서열을 코딩하는 본 발명의 핵산 분자를 트랜스진으로 도입하여 변이시킨다. 다른 실시양태에서, 미생물의 계놈 내의 내인성 MCT 유전자는 변이된 MCT 유전자와의 상동 재조합에 의해 변이되고, 예를 들어, 기능적으로 파괴 (disrupt)된다. 다른 실시양태에서, 미생물 내의 내인성 또는 도입 MCT 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변이되었지만, 여전히 기능성 MCT 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 미생물에 있는 MCT 유전자의 하나 이상의 조절 영역 (예를 들어, 프로모터, 억제자 (repressor) 또는 인두서 (inducer))을 (예를 들어, 결실, 말단의 절단 (truncation), 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 변이시켜 MCT 유전자의 발현을 조절한다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속, 특히 바람직하게는 코리네박테리움 글루타미쿰에 속한다. 바람직한 실시양태에서, 상기 미생물은 아미노산, 특히 바람직하게는 라이신과 같은 원하는 화합물의 생산에도 사용된다.
- <18> 또다른 측면에서, 본 발명은 한 대상체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 또는 활성을 확인하는 방법을 제공한다. 이 방법은 한 대상체에서 본 발명의 하나 이상의 핵산 또는 아미노산 서열을 검출하는 것을 포함하므로 (예컨대, 서열 1 내지 676으로서 서열 목록에 기재된 서열), 상기 대상체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 또는 활성을 검출할 수 있다.
- <19> 본 발명의 다른 측면은 단리된 MCT 단백질 또는 그의 일부, 예를 들어, 그의 생물학적 활성 부위에 관한 것이다. 바람직한 실시양태에서, 단리된 MCT 단백질 또는 그의 일부는 코리네박테리움 글루타미쿰에서 당과 같은 탄소 화합물의 대사 또는 산화적 인산화와 같은 과정에 의한 에너지 분자 (예, ATP)의 생산과 관련된 기능을 수행할 수 있다. 또 다른 바람직한 실시양태에서, 단리된 MCT 단백질 또는 그의 일부가 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여하는 능력을 유지하도록 이 MCT 단백질 또는 그의 일부는 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열 목록에서 짝수 번호의 서열)에 대해 충분히 상동성이 있다.
- <20> 본 발명은 MCT 단백질의 단리된 제제를 제공한다. 바람직한 실시양태에서, MCT 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열 목록 중의 짝수 번호 서열)을 포함한다. 또 다른 바람직한 실시양태에서, 본 발명은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (서열 목록 중의 짝수 번호 서열)과 실질적으로 상동성이 있는 단리된 전장 단백질 (서열 목록 중의 상응하는 홀수 번호 서열에 기재된 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)에 관한 것이다. 또 다른 실시양태에서, 상기 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열 (예를 들어, 서열 목록 중의 짝수 번호 서열)과 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 보다 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 MCT 단백질은 본 발명의 아미노산 서열 (예를 들어, 서열 목록 중의 짝수 번호 서열) 중 하나와 약 50% 이상 또는 그 이상의 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함하고, 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 수 있거나, 표 1에 기재된 하나 이상의 활성을 갖는다.
- <21> 별법으로, 단리된 MCT 단백질은 서열 목록에 기재된 짝수 번호 서열 중 하나의 뉴클레오티드 서열과 혼성화하거나, 예를 들어, 엄격한 조건 하에서 혼성화하거나, 약 50% 이상, 바람직하게는 약 60% 이상, 보다 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, MCT 단백질의 바람직한 형태가 본원에 기재된 하나 이상의 MCT 생물활성을 갖는 것이 바람직하다.

- <22> MCT 폴리펩티드 또는 그의 생물학적 활성 부위를 MCT 폴리펩티드가 아닌 폴리펩티드와 작동가능하게 결합하여 융합 단백질을 형성할 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질의 활성은 MCT 단백질만의 활성과 다르다. 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여한다. 특히 바람직한 실시양태에서, 이 융합 단백질을 숙주 세포에 도입시켜 숙주 세포로부터 원하는 화합물의 생산을 조절한다.
- <23> 또 다른 측면에서, 본 발명은 MCT 단백질 자체, 이 MCT 단백질의 기질 또는 결합 파트너와 상호작용시키거나 본 발명의 MCT 핵산 분자의 전사 또는 번역을 조절함으로써 MCT 단백질의 활성을 조절하는 분자를 스크리닝하기 위한 방법을 제공한다.
- <24> 본 발명의 또 다른 측면은 정밀 화학물질의 제조 방법에 관한 것이다. 이 방법은 본 발명의 MCT 핵산 분자를 발현하는 벡터를 포함하는 세포를 배양하여 정밀 화학물질을 생산하는 것을 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 이 방법은 MCT 핵산을 발현하는 벡터로 세포를 형질감염시켜 상기 벡터를 함유하는 세포를 수득하는 단계도 포함한다. 또 다른 바람직한 실시양태에서, 이 방법은 배양물로부터 정밀 화학물질을 회수하는 단계도 포함한다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 세포는 코리네박테리움 또는 브레비박테리움 속으로부터 유래하거나 표 3에 기재된 균주로부터 선택된다.
- <25> 본 발명의 또 다른 측면은 미생물로부터 분자가 생산을 조절하는 방법에 관한 것이다. 이러한 방법은 MCT 단백질 활성 또는 MCT 핵산 발현을 조절하는 물질과 세포를 접촉시켜 세포 관련 활성이 상기 물질의 부재 하의 상기 활성에 대해 상대적으로 변화시키는 것을 포함한다. 바람직한 실시양태에서, 코리네박테리움 글루타미쿰의 세포막 성분에 대한 하나 이상의 대사 경로 또는 이 막을 통한 화합물의 운반에 대하여 세포를 조절하여, 이 미생물에 의한 목적하는 정밀 화학물질의 수율 또는 생성율을 향상시킨다. MCT 단백질 활성을 조절하는 물질은 MCT 단백질 활성 또는 MCT 핵산 발현을 자극하는 물질일 수 있다. MCT 단백질 활성 또는 MCT 핵산 발현을 자극하는 물질의 예로는 소분자, 활성 MCT 단백질, 및 세포에 도입된 MCT 단백질을 코딩하는 핵산이 있다. MCT 활성 또는 발현을 억제하는 물질의 예로는 소분자 및 안티센스 MCT 핵산 분자가 있다.
- <26> 본 발명의 또 다른 측면은 별개의 플라스미드 상에 유지되어 있거나 숙주 세포의 게놈 내로 도입되어 있도록 야생형 또는 돌연변이 MCT 유전자를 세포에 도입하는 것을 포함하는, 세포로부터 목적하는 화합물의 수율을 조절하는 방법에 관한 것이다. 게놈 내로 삽입되면 (이러한 삽입은 무작위적일 수 있거나 천연 유전자가 도입된 카피로 대체되도록 하는 상동 재조합에 의해 일어날 수 있음) 세포로부터 목적하는 화합물의 생산이 조절된다. 바람직한 실시양태에서, 상기 수율은 증가한다. 또 다른 바람직한 실시양태에서, 상기 화학물질은 정밀 화학물질이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 정밀 화학물질은 아미노산이다. 특히 바람직한 실시양태에서, 상기 아미노산은 L-라이신이다.

발명의 구성 및 작용

- <27> 본 발명은 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막 성분의 대사 또는 이 막을 통한 화합물의 운반에 관여하는 MCT 핵산 및 단백질 분자를 제공한다. 본 발명의 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물로부터 정밀 화학물질의 생산을 직접적으로 조절하는 데 사용할 수 있거나 (예를 들어, 지방산 생합성 단백질의 과다 발현 또는 최적화가 변형된 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 지방산의 수율, 생산, 및(또는) 생산 효율에 직접적으로 영향을 주는 경우), 또는 목적하는 화합물의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율의 증가에 간접적으로 영향을 줄 수 있다 (예를 들어, 세포막 성분의 대사 조절은 수율, 생산 및(또는) 생산 효율, 또는 세포막의 조성을 변화시켜, 즉 1종 이상의 정밀 화학물질의 생산에 영향을 줄 수 있는 경우). 본 발명의 측면은 아래에 더 자세히 기재되어 있다.

<28> I. 정밀 화학물질

- <29> 용어 "정밀 화학물질"은 당업계에 잘 인지되어 있고, 제약, 농업 및 화장품 산업과 같은, 그러나 이에 제한되지 않는 다양한 산업에 이용되는 생물체에 의해 생산되는 분자를 포함한다. 이러한 화합물로는 타르타르산, 이타콘산 및 디아미노피멜산과 같은 유기산, 단백질원성 및 비단백질원성 아미노산, 퓨린 및 피리미딘 염기, 뉴클레오타이드, 및 뉴클레오타이드 [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 (예컨대, 아라키돈산), 디올 (예를 들어, 프로판디

올 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 그에 포함된 참고문헌; 및 문헌 (Ong, A. S., Niki, E. & Packer, L. (1995) "Nutrition, Lipids, Health, and Disease" Proceedings of the UNESCO/Confederation of Scientific and Technological Associations in Malaysia, and the Society for Free Radical Research Asia, held Sept. 1-3, 1994 at Penang, Malaysia, AOCs Press, (1995)에 기재되어 있음], 효소, 폴리펩티드 (Cane et al. (1998) Science 282: 63-68), 및 문헌 (Gutcho (1983) Chemicals by Fermentation, Noyes Data Corporation, ISBN: 0818805086) 및 그 내의 참고문헌에 기재된 다른 모든 화학물질이 있다. 이들 정밀 화학물질 중 일부의 대사 및 용도는 아래에 더 자세히 기재될 것이다.

<30>

A. 아미노산 대사 및 용도

<31>

아미노산은 모든 단백질의 기본 구조 단위를 구성하므로 모든 생물체에서 정상적인 세포 기능에 필수적이다. 용어 "아미노산"은 당업계에 인지되어 있다. 아미노산 중 단백질원성 아미노산은 20 종이고 이들이 펩티드 결합에 의해 결합되어 있는 단백질에 대한 구조 단위로 작용하는 반면, 비단백질원성 아미노산 (수백 종이 공지되어 있음) 정상적으로는 단백질에서 발견되지 않는다 [문헌 Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol. A2, p. 57-97 VCH: Weinheim (1985)을 참조함]. 비록 L-아미노산이 일반적으로 천연 발생 단백질에서 발견되는 유일한 형태일지라도 아미노산은 D-광학 또는 L-광학 구조일 수 있다. 20종의 단백질원성 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))을 참조함]. 생합성의 복잡성으로 인한 일반적인 영양 요구물이기 때문에 "필수" 아미노산이라고 불리는 아미노산 (히스티딘, 이소류신, 류신, 라이신, 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.

<32>

단백질 생합성에서의 아미노산의 기능 이외에, 이들 아미노산은 그 자체가 흥미로운 화학물질이고, 다수의 아미노산이 식품, 사료, 화학물질, 화장품, 농업 및 제약 산업에 다양하게 사용될 수 있는 것으로 밝혀져 있다. 라이신은 인간 뿐만 아니라 가금 및 돼지와 같은 단위동물의 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, 류신, 이소류신, 히스티딘, 아르기닌, 프롤린, 세린 및 알라닌은 제약 및 화장품 산업 둘다에 사용된다. 트레오닌, 트립토판 및 D/L-메티오닌은 통상적인 사료 첨가제이다 (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, 예컨대, 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.

<33>

이들 천연 아미노산을 생산할 수 있는 생물체, 예컨대, 박테리아에서의 이들 천연 아미노산의 생합성의 특징은 잘 규명되어 있다 [박테리아 아미노산 생합성 및 그의 조절에 대한 자세한 것은 문헌 (Umbarger, H. E. (1978) Ann. Rev. Biochem. 47: 533-606)을 참조함]. 글루타메이트는 시트르산 사이클의 중간체인 α -케토글루타레이트의 환원 아미노화에 의해 합성된다. 그 다음에 글루타민, 프롤린 및 아르기닌 각각이 글루타메이트로부터 생성된다. 세린의 생합성은 3-포스포글리세레이트 (해당작용의 중간체)로 시작되며, 산화, 트랜스아미노화 및 가수분해 단계 후 세린을 생성하는 3 단계 과정이다. 시스테인 및 글리신 둘다 세린으로부터 생성되는데, 시스테인은 호모시스테인과 세린의 축합에 의해 생성되며, 글리신은 세린 트랜스히드록시메틸라제에 의해 축매되는 반응에서 측쇄 β -탄소 원자가 테트라히드로폴레이트로 전달되어 생성된다. 페닐알라닌 및 티로신은 프레페네이트의 합성 후 최종 두 단계에서만 다른 9 단계 생합성 경로에서 해당작용 및 펜토스 포스페이트 경로 전구체인 에리쓰로스 4-포스페이트 및 포스포에놀피루베이트로부터 합성된다. 트립토판도 이들 두 초기 분자로부터 합성되지만, 그의 합성은 11 단계 경로이다. 티로신은 페닐알라닌 히드록실라제에 의해 축매되는 반응에서 페닐알라닌으로부터 합성될 수도 있다. 알라닌, 발린 및 류신은 해당작용의 최종 생성물인 피루베이트의 모든 생합성 산물이다. 아스파르테이트는 시트르산 사이클의 중간체인 옥살로아세테이트로부터 형성된다. 아스파라진, 메티오닌, 트레오닌 및 라이신 각각은 아스파르테이트의 전환에 의해 생성된다. 이소류신은 트레오닌으로부터 형

성된다. 복잡한 9 단계 경로에서 활성화된 당인 5-포스포리보실-1-피로포스페이트로부터 히스티딘이 생성된다.

<34> 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))을 참조함]. 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 기작에 대한 전체적인 내용은 문헌 (Stryer, L. Biochemistry 3rd ed. Ch. 24 "Biosynthesis of Amino Acids and Heme" p. 575-600 (1988))을 참조함]. 따라서, 임의의 특정 아미노산의 산출량은 세포에 존재하는 아미노산의 양에 의해 제한된다.

<35> B. 비타민, 보조인자 및 영양제의 대사 및 용도

<36> 비타민, 보조인자 및 영양제는 박테리아와 같은 다른 생물체에 의해 쉽게 합성된다 하더라도 고등동물이 합성 능력을 상실하여 섭취해야 하는 분자의 또 다른 군을 구성한다. 이들 분자는 그 자체가 생활성 물질이거나, 다양한 대사 경로에서 전자 캐리어 또는 중간체로 작용할 수 있는 생물학적 활성 물질의 전구체이다. 이들의 영양 가치 이외에, 이들 화합물은 색소, 향산화제 및 촉매로서, 또는 다른 과정의 보조제로서 상당한 산업적 가치를 갖는다 (이들 화합물의 구조, 활성 및 산업적인 용도에 대한 것은 예컨대, 문헌 (Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins" vol. A27, p. 443-613, VCH: Weinheim, 1996)을 참조함]. 용어 "비타민"은 당업계에 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 비단백질원성 화합물을 포함한다. 이러한 화합물은 유기성 또는 무기성일 수 있고, 본 발명의 보조인자 분자는 유기성인 것이 바람직하다. 용어 "영양제"는 식물 및 동물, 특히 인간에게 건강상 유익한 식이성 보충물을 포함한다. 이러한 분자의 예로는 비타민, 향산화제 및 일부 지질 (예를 들어, 다불포화 지방산)이 있다.

<37> 이들을 생성할 수 있는 생물체, 예컨대, 박테리아에서 일어나는 이들 분자의 생합성의 특징은 잘 규명되어 있다 (Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, "Vitamins" vol. A27, p. 443-613, VCH: Weinheim, 1996; Michal, G. (1999) Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, John Wiley & Sons; 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).

<38> 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, 리보플라빈은 플라빈 모노뉴클레오타이드 (FMN) 및 플라빈 아데닌 디뉴클레오타이드 (FAD)의 합성에 사용된다. 총칭하여 "비타민 B₆"로 불리는 화합물 족 (예를 들어, 피리독신, 피리독사민, 피리독사-5'-포스페이트 및 시판되는 피리독신 히드로클로라이드)은 모두 통상적인 구조 단위인 5-히드록시-6-메틸피리딘의 유도체이다. 판토텐네이트 (판토텐산, (R)-(+)-N-(2,4-디히드록시-3,3-디메틸-1-옥소부틸)-β-알라닌)은 화학적인 합성 또는 발효에 의해 생성될 수 있다. 판토텐네이트의 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. 판토텐네이트의 대사 활성 형태는 보조효소 A인데, 이 보조효소 A를 위한 생합성은 5 단계 효소 반응으로 진행된다. 판토텐네이트, 피리독살-5'-포스페이트, 시스테인 및 ATP는 보조효소 A의 전구체이다. 이들 효소는 판토텐네이트의 형성을 촉매할 뿐만 아니라 (R)-판토텐산, (R)-판토텐락톤, (R)-판테놀 (프로비타민 B₅), 판테테인 (및 그의 유도체) 및 보조효소 A의 생성도 촉매한다.

<39> 미생물에서 전구체 분자인 피멜로일-CoA로부터 바이오틴이 생합성되는 것은 자세히 연구되어 있고 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 데히드로게나제 결합체 및 α-케토글루타레이트 데히드로게나제 결합체의 일부가 된다. 폴레이트는 모두 폴산의 유도체 물질의 군이고, 폴산은 L-글루탐산, p-

아미노-벤조산 및 6-메틸프테린으로부터 유도된다. 대사 중간체인 구아노신-5'-트리포스페이트 (GTP), L-글루탐산 및 p-아미노-벤조산으로부터 출발하는, 폴산 및 그의 유도체의 생합성은 일부 미생물에서 상세히 연구되어 있다.

<40> 코리노이드 (예컨대, 코발라민 및 특히 비타민 B₁₂) 및 포피린은 테트라피롤 고리계에 의해 특징지워지는 화합물 질의 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 불리는 피리딘 유도체이다. 니아신은 중요한 보조효소인 NAD (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오타이드), NADP (니코틴아미드 아데닌 디뉴클레오타이드 포스페이트) 및 그들의 환원형의 전구체이다.

<41> 이들 화합물의 대량 생산은 비록 이들 화합물질 중 일부, 예를 들어, 리보플라빈, 비타민 B₆, 판토텐네이트 및 바이오틴이 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.

<42> C. 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 및 뉴클레오타이드의 대사 및 용도

<43> 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 뉴클레오타이드의 구성 성분인 질소 함유 염기를 포함한다. 용어 "뉴클레오타이드"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 뉴클레오타이드의 전구체로 작용하지만 뉴클레오타이드가 갖는 인산 잔기가 없는 분자를 포함한다. 이들 분자의 생합성을 억제하거나 핵산 분자를 형성하기 위한 이들 분자의 동원을 억제함으로써, RNA 및 DNA 합성을 억제하는 것이 가능하고; 암세포에 표적화시키는 방식으로 상기 활성을 억제함으로써 종양 세포의 분열 및 복제 능력을 억제할 수 있다. 또한, 핵산 분자를 형성하기 보다는 에너지 저장물(즉, AMP) 또는 보조효소 (즉, FAD 및 NA D)로 작용하는 뉴클레오타이드도 있다.

<44> 이들 화합물질이 퓨린 및(또는) 피리미딘 대사에 영향을 줌으로써 상기 의학적 증상에 사용될 수 있다는 것은 여러 가지 문헌에 기재되어 있다 (예를 들어, 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 (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 뉴클레오타이드는 여러 가지 정밀 화합물질 (예를 들어, 티아민, S-아데노실-메티오닌, 폴레이트 또는 리보플라빈)의 생합성에 있어서 중간체로서의 용도, 세포를 위한 에너지 캐리어 (예를 들어, ATP 또는 GTP)로서의 용도, 및 통상적으로 항 상승제 (예를 들어, IMP 또는 GMP)로 사용되는 화합물질 자체를 위한 용도 또는 여러 가지 의학 용도를 갖는다 [예를 들어, 문헌 (, Kuninaka, A. (1996) Nucleotides and Related Compounds in Biotechnology vol. 6, Rehm et al., eds. VCH: Weinheim, p. 56161 2)을 참조함]. 또한, 퓨린, 피리미딘, 뉴클레오시드 또는 뉴클레오타이드 대사에 관여하는 효소를 표적으로 사용하여 살진균제, 제초제 및 살충제를 비롯한, 농작물 보호용 화합물질을 개발하는 연구가 증가하고 있다.

<45> 박테리아에 있어서 이들 화합물의 대사의 특징은 규명되어 있다 (예를 들어, 자세한 내용은 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; and Michal, G. (1999) "Nucleotides and Nucleosides", Chapter 8 in: Biochemical Pathways: An Atlas of Biochemistry and Molecular Biology, Wiley: New York)을 참조함). 퓨린의 대사는 집중적인 연구의 대상이고, 세포의 정상적인 기능에 필수적이다. 고등 동물의 손상된 퓨린 대사는 통풍과 같은 심각한 질환을 초래할 수 있다. 퓨린 뉴클레오타이드는 구아노신-5'-모노포스페이트 (GMP) 또는 아데노신-5'-모노포스페이트 (AMP)를 생성시키는 중간체 화합물인 이노신-5'-포스페이트 (IMP)를 통해 일련의 단계에서 리보스-5-포스페이트로부터 합성되고, 이들 GMP 또는 AMP로부터 뉴클레오타이드로 사용되는 트리포스페이트가 용이하게 형성된다. 이들 화합물은 에너지 저장물로도 사용되므로, 이들의 분해는 세포에서 다수의 다양한 생합성 과정을 위한 에너지를 공급한다. 피리미딘 생합성은 리보스-5-포스페이트로부터의 유리딘-5'-모노포스페이트 (UMP)의 형성에 의해 진행된다. 그 다음, UMP가 시티딘-5'-트리포스페이트 (CTP)로 전환된다. 이들 모든 뉴클레오타이드의 디옥시 형태는 뉴클레오타이드의 디포스

페이트 리보스 형태가 뉴클레오타이드의 디포스페이트 테옥시리보스 형태로 전환되는 1 단계 환원 반응에서 생성된다. 인산화시, 이들 분자는 DNA 합성에 관여할 수 있다.

<46> **D. 트레할로스의 대사 및 용도**

<47> 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; Singer, M. A. and Lindquist, S. (1998) Trends Biotech. 16: 460467; Paiva, C. L. A. and Panek, A. D. (1996) Biotech. Ann. Rev. 2: 293-314; and Shiosaka, M. (1997) J. Japan 172: 97-10)을 참조함]. 트레할로스는 다수의 미생물로부터 효소에 의해 생성되고 주위 배지내로 자연적으로 방출되는데, 트레할로스는 당업계에 공지된 방법을 이용하여 상기 배지로부터 수득할 수 있다.

<48> **II. 막 생합성 및 막횡단 운반**

<49> 세포막은 세포에서 다양한 기능을 수행한다. 첫째, 세포막은 세포 함유물을 주변 환경으로부터 분리시키며, 따라서 세포에 일체성을 부여한다. 막은 또한 위험성이거나 또는 원치 않는 화합물의 유입뿐 아니라 목적하는 화합물의 유출에 대한 장벽으로 작용할 수도 있다. 세포막은 본래, 극성 헤드기가 외부를 향하고 있고(각각 세포의 외부 및 내부를 향해) 비극성 테일이 이중의 중심으로 내부를 향하고 있어서 소수성 코어를 형성하는 그의 구조로 인해 단백질과 같은 소수성 화합물, 물 분자 및 이온의 비촉진성 확산에 대해 불투과성이다(일반적으로, 막 구조 및 기능의 조사를 위해서는, 문헌(Gennis, R. B. (1989) Biomembranes, Molecular Structure and Function, Springer: Heidelberg)을 참조한다). 이 장벽은 세포가 주변 매질내에 포함되어 있는 것보다 목적하는 화합물은 더 높은 농도로 유지하고 원치 않는 화합물은 상대적으로 더 낮은 농도로 유지할 수 있게 만드는데, 이는 이들 화합물의 확산이 막에 의해 효과적으로 차단되기 때문이다. 그러나, 막은 또한 목적 화합물의 유입 및 폐 분자의 배출에 대한 효과적인 장벽으로도 존재한다. 이러한 곤란함을 극복하기 위해, 세포막은 막을 여러 종류의 화합물의 막횡단 운반을 촉진시킬 수 있는 많은 종류의 운반체 단백질을 포함하고 있다. 이러한 운반 단백질로는 포어 또는 채널 및 운반체의 두가지 일반적인 종류가 있다. 포어 또는 채널은 전체 막 단배질, 때로는 단백질 복합체로서, 막을 통하여 조절성 구멍을 형성한다. 이러한 조절 또는 '게이팅'은 일반적으로 포어 또는 채널에 의해 운반될 분자에 대해 특이적(이 막횡단 구조물은 특정 종류의 기질에 대해 선택적으로 투과성이 됨)이며, 예를 들어, 칼륨 채널은 유사한 전하 및 크기를 갖는 이온 만이 통과할 수 있도록 구성된다. 채널 및 포어 단백질은, 이 단백질의 소수성 면이 막의 내부와 결합하는 반면 친수성 면은 채널의 내부에 있어서 있음으로 인해 선택된 친수성 분자가 통과할 수 있는 보호된 친수성 환경을 제공하도록, 분리된 소수성 및 친수성 도메인을 갖는 경향이 있다. 칼륨, 칼슘, 나트륨 및 클로라이드 이온에 대한 것을 비롯하여 이러한 많은 포어/채널이 당업계에 공지되어 있다.

<50> 촉진성 확산에 대한 상기의 포어 및 채널-매개 시스템은 이온과 같은 매우 작은 분자에 한정되는데, 이는 촉진성 확산에 의해 전체 단백질을 통과시키기에 충분한 크기의 포어 또는 채널이 더 작은 친수성 분자의 통과를 막을 수는 없기 때문이다. 이러한 과정에 의한 분자의 운반은 농도 구배의 동력이 필요하기 때문에 '촉진성 확산'이라고 때때로 표현한다. 투과효소는 또한, 글루코스 또는 기타 당의 농도가 세포의 한 측면에서 다른 측면보다 더 큰 경우, 세포내로 이들과 같은 더 큰 분자의 촉진성 확산(또한 '유니포트(uniport)'라고도 함)을 허용한다. 포어 또는 채널과는 대조적으로, 이러한 전체 막 단백질 (중중 막횡단 α -나선을 6 내지 14개 가짐)은 막을 통해 열린 채널을 형성하기보다는 막의 표면에서 표적 분자와 결합하고, 이어서 표적 분자가 막의 반대 측면으로 방출되도록 형태적 변화를 수행한다.

<51> 그러나, 세포는 흔히 촉진성 확산이 일어날 수 없는 상황에서 존재하는 농도 구배에 거슬러 분자의 유입 또는 유출('능동 수송')시켜야 할 필요가 있다. 이러한 막 운반에 대하여 세포에 의해 이용되는 두가지 일반적인 메카니즘, 즉 심포트 또는 안티포트, 및 ABC 운반체에 의해 매개되는 것과 같은 에너지-연계성 운반이 있다. 심포트 및 안티포트 시스템은 막을 가로질러 두가지 다른 분자의 이동을 연결시키는데(두가지 다른 분자에 대한 두가지 별도의 결합 부위를 갖는 투과효소를 통해); 심포트에서는, 두 분자가 같은 방향으로 운반되지만, 안티포트에서는 한 분자는 유입되고 다른 분자는 유출된다. 에너지면에서, 이러한 운반은 두 분자 중 하나가 농도 구배에 따라 이동하기 때문에 가능한 것이며, 에너지면에서 유리한 이 작용은 우세한 농도 구배에 거슬러 목적하는 화합물을 동시에 이동시키는 경우에만 허용된다. 단일 분자는 ABC 운반체에 의해 이용되는 것과 같은 에너지-추진 과정에서 농도 구배에 거슬러 막을 통해 운반될 수 있다. 이 시스템에서, 막에 위치하는 운반 단백질은 ATP-결합 카세트를 갖는데, 표적 분자가 결합하게 되면, ATP는 ADP + Pi로 전환되고, 그로 인해 방출된 에

너지가 이용됨으로써 운반체에 의해 촉진되는 막의 반대 측면으로의 표적 분자의 이동을 추진시킨다. 이러한 운반 시스템 모두에 대한 보다 상세한 설명으로는 문헌[Bamberg, E. et al., (1993)"Charge transport of ion pumps on lipid bilayer membranes", Q. Rev. Biophys. 26: 1-25; Findlay, J. B. C. (1991)"Structure and function in membrane transport systems", Curr. Opin. Struct. Biol. 1: 804-810; Higgins, C. F. (1992)"ABC transporters from microorganisms to man", Ann. Rev. Cell Biol. 8: 67-113; Gennis, R. B. (1989)"Pores, Channels and Transporters", in: Biomembranes, Molecular Structure and Function, Springer: Heidelberg, p. 270-322; and Nikaido, H. and Saier, H. (1992) "Transport proteins in bacteria: common themes in their design", Science 258: 936-942] 및 이들 문헌 각각에 포함된 참고 문헌을 참조한다.

<52> 막의 합성은 많은 성분을 포함하는 잘 확립된 과정이며, 이들 성분 중 가장 중요한 것은 지질 분자이다. 지질 합성은 두 부분, 즉 지방산의 합성 및 지방산의 sn-글리세롤-3-포스페이트로의 부착, 및 극성 헤드 기의 부가 또는 변형으로 구분될 수 있다. 박테리아 막에서 이용되는 전형적인 지질로는 인지질, 당지질, 스펅고지질 및 포스포글리세라이드가 포함된다. 지방산 합성은 아세틸 CoA가 각각 아세틸 CoA 카르복실라제에 의해 말로닐 CoA로, 아세틸트랜스아실라제에 의해 아세틸-ACP로 전환됨으로써 시작된다. 축합 반응에 이어서, 이들 두 생성물 분자는 함께 아세토아세틸-ACP를 형성하며, 이는 일련의 축합, 환원 및 탈수 반응에 의해 전환되어 목적하는쇄 길이를 갖는 포화 지방산 분자를 생성한다. 이러한 분자로부터 불포화 지방산의 생성은 특정 불포화효소에 의해 산소 분자의 도움으로 호기적 또는 혐기적으로 촉진된다[지방산 합성에 대한 참고문헌으로는 문헌[F. C. Neidhardt et al. (1996) E. coli and Salmonella. ASM Press: Washington, D. C., p. 612-636 and references contained therein; Lengeler et al. (eds) (1999) Biology of Prokaryotes. Thieme: Stuttgart, New York, and references contained therein; and Magnuson, K. et al., (1993) Microbiological Reviews 57: 522-542] 및 이들 문헌에 포함된 참고문헌을 참조한다]. 시클로프로판 지방산(CFA)은 기질로서 SAM을 사용하여 특정 CFA-신타제에 의해 합성된다. 분지쇄 지방산은 탈아민화되어 분지쇄 2-옥소-산을 생성하는 분지쇄 아미노산으로부터 합성된다[문헌[Lengeler et al., eds. (1999) Biology of Prokaryotes. Thieme: Stuttgart, New York] 및 이 문헌에 포함된 참고문헌을 참조한다]. 지질 합성에서 다른 필수적인 단계는, 예를 들어, 글리세롤-포스페이트-아실트랜스퍼라제에 의한 극성 헤드 기 상으로의 지방산의 전이이다. 다양한 전구체 분자 및 생합성 효소를 병용하여 막의 조성에 큰 영향을 미치는 여러 지방산 분자를 생성한다.

<53> III. 본 발명의 요소 및 방법

<54> 본 발명은, 부분적으로는, 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막 형성을 조절하며 이 막을 통한 분자의 이동을 조절하는, 본원에서 MCT 핵산 및 단백질 분자로 언급되는 새로운 분자의 발견을 기초로 한다. 한 실시양태에서, MCT 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 및 이 막을 통한 분자의 운반에 관여한다. 바람직한 실시양태에서, 막 성분의 생산 및 막 운반을 조절하는 본 발명의 MCT 분자의 활성은 이 생물에 의한 목적하는 정밀 화학물질의 생산에 영향을 준다. 특히 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 MCT 단백질이 조절하는 코리네박테리움 글루타미쿰 대사 경로가 수율, 생산 및(또는) 생산 효율면에서 조절되고, 막을 통한 화합물의 운반 효율이 변경되어, 코리네박테리움 글루타미쿰에 의해 목적하는 정밀 화학물질 생산의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율이 직접적 또는 간접적으로 조절되도록 본 발명의 MCT 분자의 활성을 조절한다.

<55> 용어 "MCT 단백질" 또는 "MCT 폴리펩티드"에는 코리네박테리움 글루타미쿰 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사, 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여하는 단백질이 포함된다. MCT 단백질의 예에는 표 1에 기재된 MCT 유전자 및 홀수 서열 번호의 서열에 의해 코딩되는 것들이 포함된다. 용어 "MCT 유전자" 또는 "MCT 핵산 서열"에는 코딩 영역 및 이에 대응하는 번역되지 않는 5' 및 3' 서열 영역으로 이루어진, MCT 단백질을 코딩하는 핵산 서열이 포함된다. MCT 유전자의 예로는 표 1에 기재된 것들이 포함된다. 용어 "생산" 또는 "생산성"은 당업계에서 인식되는 용어이며, 소정의 시간 및 소정의 발효 용적내에서 형성되는 발효 생성물의 농도(예를 들어, 1시간에 1리터 당 kg 생성물)가 포함된다. 용어 "생산 효율"에는 특정 생성물 농도를 달성하는데 요구되는 시간(예를 들어, 세포가 특정 비율의 정밀 화학물질 생성물을 얻는데 걸리는 시간)이 포함된다. 용어 "수율" 또는 "생성물/탄소 수율"은 당업계에서 인식되는 용어이며, 탄소 공급원의 생성물(즉, 정밀 화학물질)로의 전환 효율이 포함된다. 이 용어는 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.

<56> 또다른 실시양태에서, 본 발명의 MCT 분자는 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물에서 정밀 화학물질 등의 목적하는 분자의 생산을 조절할 수 있다. 본 발명의 MCT 분자의 변형이 변형된 단백질을 혼입하는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주로부터 정밀 화학물질 생산의 수율, 생산율 및(또는) 생산 효율에 직접 영향을 줄 수 있는 다수의 메카니즘이 있다. 세포로부터의 정밀 화학물질 분자의 배출에 관여하는 이러한 MCT 단백질을, 이러한 화합물이 보다 쉽게 회수되는 세포의 매질로 더 많은 양이 분비되도록, 그의 수 또는 활성을 증가시킬 수 있다. 마찬가지로, 1종 이상의 정밀 화학물질(예를 들어, 포스페이트, 술페이트 질소 화합물 등)의 생합성에 필요한 영양분의 유입에 관여하는 MCT 단백질을, 이러한 전구체, 보조인자 또는 중간체 화합물의 세포내 농도가 증가되도록, 그의 수 또는 활성을 증가시킬 수 있다. 또한, 지방산 및 지질 자체는 바람직한 정밀 화학물질이며, 이러한 화합물의 생합성에 관여하는 1종 이상의 본 발명의 MCT 단백질의 활성을 최적화하거나 또는 그의 수를 증가시킴으로써, 또는 이러한 화합물의 분해에 관여하는 1종 이상의 MCT 단백질의 활성을 손상시킴으로써, 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 지방산 및 지질 분자의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율을 증가시킬 수 있다.

<57> 본 발명의 1종 이상의 MCT 유전자의 돌연변이유발에 의해 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 1종 이상의 목적하는 정밀 화학물질의 생산에 직접적으로 영향을 주는, 변화된 활성을 갖는 MCT 단백질을 생성시킬 수도 있다. 예를 들어, 폐 생성물의 배출에 관여하는 본 발명의 MCT 단백질을, 세포의 정상적인 대사성 폐기물(목적하는 정밀 화학물질의 과다생산으로 인해 양이 증가될 수 있음)이 세포내에서 뉴클레오티드 및 단백질을 손상시키거나(세포의 생존율이 감소됨) 또는 정밀 화학물질 생합성 경로를 방해하기(목적하는 정밀 화학물질의 수율, 생산 또는 생산 효율이 저하됨) 전에 효과적으로 배출되도록, 그의 수 또는 활성을 증가시킬 수 있다. 또한, 세포내에서 비교적 다량인 정밀 화학물질은 그 자체로도 세포에 독성을 떨 수 있어서, 세포로부터 이 화합물을 배출시킬 수 있는 운반자의 활성 또는 수를 증가시킴으로써, 배양물내 세포의 생존율을 증가시킬 수 있고, 다시 말하면, 배양물내에서 목적하는 정밀 화학물질을 생산하는 세포수를 더 증가시킬 수 있다. 적절한 양의 다른 지질 및 지방산 분자가 생산되도록 본 발명의 MCT 단백질을 조작할 수도 있다. 이는 세포막의 지질 조성에 중요한 영향을 줄 수 있다. 각 지질 타입은 다른 물리적 특성을 가지기 때문에, 막의 지질 조성에 있어서의 변화는 막의 유동성을 상당히 변화시킬 수 있다. 막 유동성에서의 변화는 막을 통한 분자의 운반성뿐 아니라 세포의 일체성에 영향을 줄 수 있으며, 이들 둘 다는 대규모 발효 배양에서 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 정밀 화학물질의 생산에 상당한 영향을 준다.

<58> 본 발명의 단리된 핵산 서열은 명칭이 ATCC13032로 부여된, 아메리칸 타입 컬처 콜렉션에서 분양받을 수 있는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주의 게놈내에 포함되어 있다. 단리된 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT DNA의 뉴클레오티드 서열 및 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT 단백질의 예상 아미노산 서열은 각각 서열 목록에 홀수 서열 번호 및 짝수 서열 번호로 나타나 있다. 이러한 뉴클레오티드 서열을, 세포막 성분의 대사에 관여하는 단백질 또는 이 막을 통한 화합물의 운반에 관여하는 단백질을 코딩하는 서열로서 분류 및(또는) 확인하는 컴퓨터 분석을 수행하였다.

<59> 본 발명은 또한 본 발명의 아미노산 서열(예를 들어, 서열 목록의 짝수 서열 번호의 서열)과 실제적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질에 관한 것이다. 본원에 사용된 바와 같이, 선택되는 아미노산 서열과 실제적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은 선택되는 아미노산, 예를 들어, 선택되는 전체 아미노산 서열에 대해 약 50% 이상의 상동성이 있다. 선택되는 아미노산 서열과 실제적으로 상동성인 아미노산 서열을 갖는 단백질은 선택되는 아미노산 서열에 대해 약 50 내지 60% 이상, 바람직하게는 약 60 내지 70% 이상, 보다 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.

<60> 본 발명의 MCT 단백질 또는 그의 생물학적으로 활성인 부분 또는 단편은 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여하거나 또는 표 1에 기재된 활성을 한가지 이상 가질 수 있다.

<61> 본 발명의 다양한 측면은 하기 서브섹션에 보다 상세히 기재되어 있다.

<62> A. 단리된 핵산 분자

- <63> 본 발명의 한 측면은 MCT 폴레펩티드 또는 그의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 단리된 핵산 분자뿐 아니라 MCT-코딩 핵산(예를 들어, MCT 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 MCT 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. 게다가, "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 실제적으로 함유하지 않는다.
- <64> 표준 분자 생물학 기술 및 본원에 제공되는 서열 정보를 이용하여, 본 발명의 핵산 분자, 예를 들어, 서열 목록의 홀수 서열 번호의 뉴클레오타이드 서열을 갖는 핵산 분자 또는 그의 일부를 단리할 수 있다. 예를 들어, 서열 목록의 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 MCT DNA를 단리할 수 있다. 더우기, 본 발명의 핵산 서열(예를 들어, 이와 동일한 서열을 기초로 하여 설계된 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 사용하는 중합효소 연쇄반응에 의해 본 발명의 핵산 서열(예를 들어, 서열 목록의 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 전부 또는 일부를 포함하는 핵산 분자를 단리할 수 있음)을 기초로 하여 설계된 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, Gibco/BRL(Bethesda, MD)로부터 입수가 가능한 몰로네이(Moloney) MLV 역전사효소; 또는 세이까가꾸 아메리카, 인크.(Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL)로부터 입수가 가능한 AMV 역전사효소)를 사용하여 제조할 수 있다. 서열 목록에 기재된 뉴클레오타이드 서열 중 하나를 기초로 하여 중합효소 연쇄반응 증폭을 위한 합성 올리고뉴클레오타이드 프라이머를 설계할 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, MCT 뉴클레오타이드 서열에 상응하는 올리고뉴클레오타이드는 표준 합성 기술, 예를 들어, 자동 DNA 합성기를 사용하여 제조할 수 있다.
- <65> 바람직한 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열 목록에 기재된 뉴클레오타이드 서열 중 하나를 포함한다. 서열 목록에 기재된 바와 같은 본 발명의 핵산 서열은 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT DNA에 상응한다. 이 DNA는 MCT 단백질을 코딩하는 서열(즉, 서열 목록에서 홀수 서열 번호의 서열에 나타난 "코딩 영역")뿐 아니라 서열 목록에서 각 홀수 서열 번호의 서열에 나타난 5' 비번역 서열 및 3' 비번역 서열도 포함한다. 또는, 핵산 분자는 서열 목록의 핵산 서열 중 하나의 코딩 영역만을 포함할 수 있다.
- <66> 본 출원의 목적을 위해, 서열 목록에 기재된 핵산 및 아미노산 서열 각각은 명칭 "RXA", "RXN", "RXS" 또는 "RXC"에 이어 5개의 숫자를 갖는 확인을 위한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 수(즉, RXA02099, RXN03097, RXS00148 또는 RXC01748)를 가지는 것으로 이해될 것이다. 핵산 서열 각각은 세 부분, 즉 5' 상류 영역, 코딩 영역 및 하류 영역으로 이루어져 있다. 혼란을 방지하기 위해, 이들 세 영역의 각각은 동일한 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 명칭에 의해 확인된다. 이외에, "서열 목록의 홀수 서열 중 하나"는 서열 목록에서 핵산 서열 중 어떤 것을 의미하며, 또한 이들의 다른 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 명칭에 의해 구별할 수도 있다. 이 서열 각각의 코딩 영역은 또한 서열 목록에 짝수 서열 번호로 기재되어 있는 대응 아미노산(대응 핵산 서열은 바로 밑에 기재되어 있음)으로 번역된다. 예를 들어, RXA03097에 대한 코딩 영역은 서열 1에 기재되어 있으며, 그가 코딩하는 아미노

산 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 명칭에 의해 확인된다. 예를 들어, RXA02099, RXN03097, RXS00148 및 RXC01748로 명명된 아미노산 서열은 각각 핵산 분자 RXA02099, RXN03097, RXS00148 및 RXC01748의 뉴클레오티드 서열의 코딩 영역의 번역물이다. 본 발명의 RXA, RXN, RXS 및 RXC 뉴클레오티드 및 아미노산 서열과 이들의 매핑된 서열 번호 사이의 대응관계는 표 1에 기재되어 있다. 예를 들어, 표 1에 기재된 바와 같이, RXA00104의 뉴클레오티드 서열은 서열 5에 나타나 있고, RXA00104의 아미노산 서열은 서열 6에 나타나 있다.

<67> 본 발명의 유전자들 중 몇몇은 "F-명칭 유전자"이다. F-명칭 유전자는 표 1에 기재된 유전자들을 포함하며, 이들은 RXA, RXN, RXS 또는 RXC 명칭 앞에 'F'를 갖는다. 예를 들어, 표 1에 나타난 바와 같이, "F RXA02581"로 명명된 서열 11은 F-명칭 유전자이며, 서열 31, 33 및 43(표 1에서 각각 "F RXA02487", "F RXA02490" 및 "F RXA02809"로 명명됨)도 마찬가지이다.

<68> 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.

<69> 바람직한 다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 본 발명의 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 서열 목록의 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나의 보완물인 핵산 분자를 포함한다. 본 발명에 나타난 뉴클레오티드 서열 중 하나에 대해 보완적인 핵산 분자는 서열 목록에 나타난 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 홀수 서열 번호의 서열) 중 하나에 대해 충분히 보완적인 것이어서, 그는 본 발명의 뉴클레오티드 서열 중 하나와 혼성화함으로써 안정한 이중체를 형성한다.

<70> 바람직한 또다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 본 발명의 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 서열 목록의 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, 보다 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, 보다 더 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 이상의 상동성이 있는 뉴클레오티드 서열 또는 그의 일부를 포함한다. 상기 언급된 범위에 대해 중간 정도의 범위 및 동일성 수치(예를 들어, 70 내지 90% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것이다. 예를 들어, 상기에서 상한치 및(또는) 하한치로 언급된 수치들 중 임의의 조합을 이용한 동일성 수치 범위는 본 발명에 포함되는 것이다. 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.

<71> 게다가, 본 발명의 핵산 분자는 서열 목록의 홀수 서열 번호의 서열 중 한 서열의 코딩 영역의 일부만을, 예를 들어, 프로브 또는 프라이머로 사용될 수 있는 단편 또는 MCT 단백질의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 단편을 포함할 수 있다. 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터의 MCT 유전자의 클로닝으로부터 결정되는 뉴클레오티드 서열을 이용하여 다른 유형의 세포 및 생물체에서 MCT 상동체뿐만 아니라 다른 코리네박테리아 또는 관련 종으로부터 MCT 상동체를 확인하고(하거나) 클로닝하는데 사용하기 위해 설계된 프로브 및 프라이머를 생성시킬 수 있다. 프로브/프라이머는 통상적으로 사실상 정제된 올리고뉴클레오티드를 포함한다. 올리고뉴클레오티드는 통상적으로 엄격 조건하에 본 발명의 뉴클레오티드 서열(예를 들어, 서열 목록의 홀수 서열 번호의 서열 중 하나) 중 하나의 센스 가닥, 이들 서열들 중 하나의 안티-센스 서열, 또는 자연 발생적인 그의 변이체의 약 12개, 바람직하게는 약 25개, 보다 바람직하게는 약 40, 50 또는 75개 이상의 연속된 뉴클레오티드와 혼성화하는 뉴클레오티드 서열 영역을 포함한다. 본 발명의 뉴클레오티드 서열을 기초로 한 프라이머는 MCT 상동체를 클로닝하기 위한 PCR 반응에서 사용될 수 있다. MCT 뉴클레오티드 서열을 기초로 한 프로브를 사용하여 동일하거나 상동성인 단백질을 코딩하는 전사체 또는 게놈 서열을 찾을 수 있다. 바람직한 실시양태에서, 프로브는 그에 부착되는 라벨 기를 추가로 포함하며, 예를 들어, 라벨 기는 방사성동위원소, 형광성 화합물, 효소 또는 효소 보조인자일 수 있다. 이러한 프로브는, 예를 들어 세포 시료 중 MCT-코딩 핵산 수준을 측정함으로써, 예를 들어 MCT mRNA 수준을 검출하거나 또는 게놈 MCT 유전자가 변이되었는지 또는 결실되었는지를 결정함으로써, MCT 단백질을 잘못 발현시키는 세포를 확인하기 위한 진단용 시험 키트의 일부로 사용될 수 있다.

<72> 한 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 본 발명의 아미노산 서열(예를 들어, 서열 목록의 짝수 서열 번호의 서열)과 충분히 상동성이 있는 아미노산 서열을 포함하는 단백질 또는 그의 일부를 코딩하며, 이 단백질 또는

그의 일부는 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여하는 능력을 유지한다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "충분히 상동성인"이란 본 발명의 아미노산 서열에 대해 동일 또는 동등한 최소 수의 아미노산 잔기(예를 들어, 서열 목록의 짝수 번호 서열 중 하나의 서열에서의 하나의 아미노산 잔기와 유사한 측쇄를 갖는 아미노산 잔기)을 포함하는 아미노산 서열을 갖는 단백질 또는 그의 일부를 의미하며, 이 단백질 또는 그의 일부는 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 수 있다. 이러한 막 성분의 대사 경로 또는 막 운반 시스템의 단백질 구성원은, 본원에 기재된 바와 같이, 1종 이상의 정밀 화학물질의 생산 및 분비에서 작용할 수 있다. 이러한 활성의 예는 또한 본원에 기재되어 있다. 따라서, "MCT 단백질의 기능"은 1종 이상의 정밀 화학물질의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율에 직접 또는 간접적으로 기여한다. MCT 단백질 활성의 예는 표 1에 기재되어 있다.

<73> 또다른 실시양태에서, 단백질은 본 발명의 전체 아미노산 서열(예를 들어, 서열 목록의 짝수 번호의 서열)과 약 50% 내지 60% 이상, 바람직하게는 약 60% 내지 70% 이상, 보다 바람직하게는 약 70% 내지 80%, 80% 내지 90%, 90% 내지 95% 이상, 가장 바람직하게는 약 96%, 97%, 98% 또는 99% 이상의 상동성이 있다.

<74> 본 발명의 MCT 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질의 일부는 바람직하게는 MCT 단백질 중 하나의 생물학적으로 활성인 일부이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "MCT 단백질의 생물학적으로 활성인 일부"는 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여하거나 또는 표 1에 기재된 바와 같은 활성을 갖는 MCT 단백질의 일부, 예를 들어, 그의 도메인/모티프를 포함한다. MCT 단백질 또는 생물학적으로 활성인 그의 일부가 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 수 있는지를 결정하기 위해, 효소 활성의 분석을 수행할 수 있다. 이러한 분석 방법은, 실시예 8에 기재된 바와 같이, 당업계 숙련인에게 잘 알려져 있다.

<75> MCT 단백질의 생물학적으로 활성인 일부를 코딩하는 다른 핵산 단편은 MCT 단백질 또는 펩티드의 코딩 부분을 발현시키는(예를 들어, 시험관내에서 재조합 발현시킴으로써) 본 발명의 아미노산 서열(예를 들어, 서열 목록의 짝수 번호의 서열) 중 하나의 일부를 단리하고, MCT 단백질 또는 펩티드의 코딩되는 부분의 활성을 평가함으로써 제조할 수 있다.

<76> 본 발명은, 본 발명에 나타난 뉴클레오타이드 서열(예를 들어, 서열 목록의 홀수 번호의 서열) 중 하나와 상이하지만 유전자 코드의 축퇴성으로 인해 본 발명의 뉴클레오타이드 서열에 의해 코딩되는 것과 동일한 MCT 단백질을 코딩하는 핵산 분자(및 그의 단편)를 포함한다. 또다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 서열 목록에 나타난 아미노산 서열(예를 들어, 짝수 번호의 서열)을 갖는 단백질을 코딩하는 뉴클레오타이드 서열을 갖는다. 또다른 실시양태에서, 본 발명의 핵산 분자는 본 발명의 아미노산 서열(서열 목록의 홀수 번호의 서열)에 나타난 오픈 리딩 프레임에 의해 코딩됨)과 실제적으로 상동성인 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질을 코딩한다.

<77> 당업자라면, 한 실시양태에서 본 발명의 서열이 본 발명의 이전에 이용가능했던, 표 2 또는 4에 기재된 진뱅크(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 진뱅크 서열(또는 이러한 서열에 의해 코딩되는 단백질))보다 더 큰 본 발명의 뉴클레오타이드 또는 아미노산 서열과 동일성(%)을 갖는 뉴클레오타이드 서열 및 아미노산 서열을 포함한다. 예를 들어, 본 발명은 RXA01420(서열 7)로 명명되는 뉴클레오타이드 서열보다 더 크고(크거나) 그와 38% 이상의 동일성을 갖는 뉴클레오타이드 서열, RXA00104(서열 5)로 명명되는 뉴클레오타이드 서열보다 더 크고(크거나) 그와 43% 이상의 동일성이 있는 뉴클레오타이드 서열 및 RXA02173(서열 25)로 명명되는 뉴클레오타이드 서열보다 더 크고(크거나) 그와 45% 이상의 동일성이 있는 뉴클레오타이드 서열이 포함된다. 당업자라면, 주어진 서열에 대한 3개의 최고 히트 각각에 대해 표 4에 나타난 GAP-계산된 동일성(%) 점수를 조사하고, GAP-계산된 가장 높은 동일성(%)를 100에서 차감하여 본 발명의 임의 주어진 서열에 대한 동일성(%)의 하한 역치를 계산할 수 있을 것이다. 당업자라면 또한 이렇게 계산된 하한 역치보다 더 큰 동일성(%) (예를 들어, 약 50%, 51%, 52%, 53%, 54%, 55%, 56%, 57%, 58%, 59% 또는 60% 이상, 바람직하게는 약 61%, 62%, 63%, 64%, 65%, 66%, 67%, 68%, 69%, 또는 70% 이상, 보다 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, 보다 더 바람직하게는 약 95%, 96%, 97%, 98%, 또는 99% 이상의 동일성)을 갖는 핵산 서열 및 아미노산 서열이 본 발명에 포함됨을 알 것이다.

<78> 당업자라면, 서열 목록에서 홀수 서열 번호로 기재된 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT 뉴클레오타이드 서열 이외에

도, MCT 단백질의 아미노산 서열에서의 변화를 초래하는 DNA 서열의 다형성이 집단(예를 들어, 코리네박테리움 글루타미쿰 집단)내에 존재할 수 있음을 알 것이다. MCT 유전자에 있어서의 이러한 유전적 다형성은 자연적인 변화로 인해 집단내의 개체들 사이에 존재할 수 있다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "유전자" 및 "재조합 유전자"는 MCT 단백질, 바람직하게는 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT 단백질을 코딩하는 오픈 리딩 프레임에 포함하는 핵산 분자를 의미한다. 이러한 자연적인 변화는 통상적으로는 MCT 유전자의 뉴클레오티드 서열을 1 내지 5% 변화시킨다. 자연적인 변화의 결과이며 MCT 단백질의 기능적 활성을 변화시키지 않는, MCT 유전자의 임의 및 모든 이러한 뉴클레오티드 변화 및 그에 따라 나타난 아미노산의 다형성은 본 발명의 범위내이다.

<79> 천연 변이체 및 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT DNA의 비-코리네박테리움 글루타미쿰 상동체에 대응하는 핵산 분자는, 본원에 개시된 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT 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, 또다른 실시양태에서, 본 발명의 단리된 핵산 분자는 뉴클레오티드 15개 이상의 길이이며, 엄격 조건하에 서열 목록의 홀수 서열 번호의 뉴클레오티드 서열을 포함하는 핵산 분자와 혼성화한다. 다른 실시양태에서, 핵산은 뉴클레오티드 30개, 50개, 100개 또는 250개 이상의 길이이다. 본원에 사용된 바와 같이, 용어 "엄격 조건하에 혼성화하는"은 서로에 대해 통상적으로 60% 이상의 상동성인 뉴클레오티드 서열이 서로 혼성화된 채로 남아 있는, 혼성화 및 세척을 위한 조건을 설명하는 의미이다. 바람직하게는, 이 조건은 서로에 대해 통상적으로 약 65% 이상, 보다 바람직하게는 약 70% 이상, 보다 더 바람직하게는 약 75% 이상 상동성인 서열이 서로에 대해 혼성화된 채로 남아 있는 조건이다. 이러한 엄격 조건은 당업계의 숙련인에게 잘 알려져 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 조건에 대한 바람직한 비제한적 실시예는 약 45 °C에서 6 ×염화 나트륨/시트르산나트륨(SSC) 중의 혼성화 이후에 50 내지 65 °C에서 0.2 ×SSC, 0.1% SDS 중의 1회 이상의 세척이다. 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 MCT 단백질을 코딩한다.

<80> 집단내에 존재할 수 있는 MCT 서열의 자연 발생적인 변이체 이외에도, 당업자라면 또한 본 발명의 뉴클레오티드 서열내의 변이에 의해, MCT 단백질의 기능성을 변화시키지 않고, 코딩된 MCT 단백질의 아미노산 서열에서 변화를 일으킴으로써 변화를 도입할 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 MCT 단백질의 활성을 변화시키지 않으면서 MCT 단백질(예를 들어, 서열 목록의 짝수 서열 번호의 서열) 중 하나의 야생형 서열로부터 변화될 수 있는 잔기인 반면 "필수" 아미노산 잔기는 MCT 단백질 활성화에 요구된다. 그러나, 다른 아미노산 잔기(예를 들어, MCT 활성을 갖는 도메인에서 보존되지 않거나 또는 반보존된 잔기)는 활성화에 필요하지 않을 수도 있으며, 따라서 MCT 활성을 변화시키지 않으면서도 변화시킬 수 있다.

<81> 따라서, 본 발명의 또다른 측면은 MCT 활성화에 필수적이지 않은 아미노산 잔기에서의 변화를 포함하는 MCT 단백질을 코딩하는 핵산 분자에 관한 것이다. 이러한 MCT 단백질은 서열 목록에서 짝수 서열 번호의 서열로부터의 아미노산 서열이 다르며, 본원에 기재된 MCT 활성화 중 적어도 하나를 보유한다. 한 실시양태에서, 단리된 핵산 분자는, 본 발명의 아미노산 서열과 약 50% 이상 상동성인 아미노산 서열을 포함하며, 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 수 있거나, 또는 표 1에 기재된 바와 같은 활성을 1가지 이상 갖는 단백질을 코딩하는 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 바람직하게는, 핵산 분자에 의해 코딩되는 단백질은 서열 목록의 홀수 서열 번호의 서열 중 하나의 아미노산 서열에 대해 약 50 내지 60% 이상, 보다 바람직하게는 이러한 서열 중 하나에 대해 약 60 내지 70% 이상, 보다 더 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.

<82> 두 아미노산 서열(예를 들어, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나 및 그의 변이체 형태) 또는 두 핵산 서열의 상동성(%)을 결정하기 위해, 최적의 비교 목적을 위해 서열을 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 대응하는 아미노산 잔기 또는 뉴클레오티드를 비교한다. 한 서열(예를 들어, 본 발명의 아미노산 서열 중 하나)내의 위치가 다른 서열(예를 들어, 아미노산 서열의 변이체 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). 두 서열 사이의 상동성(%)은 서열들에 의해 공유되는 동일한 위치의 개수의 함수이다(즉, 상동성(%) = 동일한 위치의 개수/위치의 총 개수 $\times 100$).

<83> 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, 서열 목록의 짝수 서열 번호의 서열)과 상동성인 MCT 단백질을 코딩하는 단리된 핵산 분자를 생성시킬 수 있다. 부위-지시적 돌연변이유발법 및 PCR-매개 돌연변이유발법과 같은 표준 기술에 의해 본 발명의 뉴클레오티드 서열들 중 하나에 변이를 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, 라이신, 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), 베타-분지 측쇄를 갖는 아미노산(예를 들어, 트레오닌, 발린, 이소루이신) 및 방향족 측쇄를 갖는 아미노산(예를 들어, 티로신, 페닐알라닌, 트립토판, 히스티딘)이 포함된다. 따라서, MCT 단백질에서 예상되는 비필수 아미노산 잔기는 바람직하게는 동일한 측쇄 군으로부터의 다른 아미노산 잔기로 치환된다. 또는, 또다른 실시양태에서, 변이는, 예를 들어, 포화 돌연변이유발법에 의해 MCT 코딩 서열의 전부 또는 일부를 따라 무작위적으로 도입될 수 있으며, MCT 활성을 보유하는 변이체를 확인하기 위해, 생성된 변이체를 본원에 기재된 MCT 활성에 대하여 스크리닝 할 수 있다. 서열 목록의 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).

<84> 상기 기재된 MCT 단백질을 코딩하는 핵산 분자 이외에, 본 발명의 다른 측면은 그와 안티센스인 단리된 핵산 분자에 관한 것이다. "안티센스" 핵산은 단백질을 코딩하는 "센스" 핵산에 상보적인, 예를 들어 이중쇄 cDNA 분자의 코딩 가닥에 대해 상보적인 또는 mRNA 서열에 대해 상보적인 뉴클레오티드 서열을 포함한다. 따라서, 안티센스 핵산은 센스 핵산과 수소 결합할 수 있다. 안티센스 핵산은 전체 MCT 코딩 가닥과 또는 그의 일부에만 상보적일 수 있다. 한 실시양태에서, 안티센스 핵산 분자는 MCT 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 5(RXA00104)의 전체 코딩 영역은 뉴클레오티드 1에서 756을 포함함)을 의미한다. 또다른 실시양태에서, 안티센스 핵산 분자는 MCT를 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.

<85> 본원에 개시된 MCT를 코딩하는 코딩 가닥 서열(예를 들어, 이 서열은 서열 목록에서 홀수 서열 번호로 기재되어 있음)을 기초로 하여, 왓슨(Watson)과 크릭(Crick)의 염기쌍 규칙에 따라 본 발명의 안티센스 핵산을 설계할 수 있다. 이 안티센스 핵산 분자는 MCT mRNA의 전체 코딩 영역에 대해 상보적일 수 있지만, 보다 바람직하게는 MCT mRNA의 코딩 또는 비코딩 영역의 일부에만 안티센스인 올리고뉴클레오티드이다. 예를 들어, 안티센스 올리고뉴클레오티드는 MCT mRNA의 번역 개시 부위 주변의 영역에 대해 상보적일 수 있다. 안티센스 올리고뉴클레오티드는, 예를 들어, 뉴클레오티드 약 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45 또는 50개 길이이다. 본 발명의 안티센스 핵산은 당업계에 공지된 방법을 이용하는 화학적 합성법 및 효소적 라이게이션 반응법을 이용하여 작제할 수 있다. 예를 들어, 자연 발생적인 뉴클레오티드, 또는 분자의 생물학적 안정성을 증가시키거나 또는 안티센스와 센스 핵산 사이에 형성된 이중쇄의 물리적인 안정성을 증가시키기 위해 설계된 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, 하이포크산틴, 크산틴, 4-아세틸시토신, 5-(카르복시히드록실메틸)우라실, 5-카르복시메틸아미노메틸-2-티오우리딘, 5-카르복시메틸아미노메틸우라실, 디히드로우라실, 베타-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, 베타-D-만노실케오신, 5'-메톡시카르복시메틸우라실, 5-메톡시우라실, 2-메틸티오-N6-이소펜테닐아데닌, 우라실-5-옥시아세트산(v), 비부톡소신, 슈도우라실, 케오신, 2-티오시토신, 5-메틸-2-티오우라실, 2-티오우라실, 4-티오우라실, 5-메틸우라실, 우라실-5-옥시아세트산, 메틸에스테르, 우라실-5-옥시아세트산(v), 5-메틸-2-

티오우라실, 3-(3-아미노-3-N-2-카르복시프로필)우라실, (acp3)w 및 2,6-디아미노퓨린이 포함된다. 또는, 핵산이 안티센스 방향으로 서브클로닝된 발현 벡터(즉, 삽입된 핵산으로부터 전사되는 RNA는 목적하는 표적 핵산에 대해 안티센스 방향임. 하기 서브섹션에 추가로 설명되어 있음)를 사용하여 안티센스 핵산을 생물학적으로 생성시킬 수 있다.

<86> 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 통상적으로 세포에 투여되거나 또는 이들이 MCT 단백질을 코딩하는 세포의 mRNA 및(또는) 게놈 DNA와 혼성화하거나 또는 그와 결합함으로써, 예를 들어 전사 및(또는) 번역을 저해함으로써, 단백질의 발현을 억제하도록 반응계내에서 생성된다. 혼성화는 안정한 이중체를 형성하는 통상의 뉴클레오티드 상보성에 의한 것이거나 또는, 예를 들어, 이중 나선의 메이저 그루브에서 특이적 상호작용을 통해 DNA 이중체와 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 조절하에 놓여 있는 벡터 구조물이 바람직하다.

<87> 또다른 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(Gaultier et al.(1987) Nucleic Acids. Res. 15:6625-6641). 안티센스 핵산 분자는 2'-o-메틸리보뉴클레오티드(Inoue et al. (1987) Nucleic Acids Res. 15:6131-6148) 또는 키메라 RNA-DNA 유사체(Inoue et al.(1987) FEBS Lett. 215:327-330)를 포함할 수도 있다.

<88> 또다른 실시양태에서, 본 발명의 안티센스 핵산 분자는 라이보자임이다. 라이보자임은 리보뉴클레아제 활성을 갖는 촉매성 RNA 분자이며, 그와 상보적 영역을 갖는 mRNA 등의 단일 가닥 핵산을 절단할 수 있다. 따라서, 라이보자임(예를 들어, 햄머헤드(hammerhead) 라이보자임(문헌[Haselhoff and Gerlach (1988) Nature 334:585-591]에 기재되어 있음))을 사용하여 MCT mRNA 전사체를 촉매적으로 절단함으로써 MCT mRNA의 번역을 억제할 수 있다. 본원에 개시된 MCT DNA의 뉴클레오티드 서열(즉, 서열 5(RXA00104))을 기초로 하여 MCT-코딩 핵산에 대해 특이성을 갖는 라이보자임을 설계할 수 있다. 예를 들어, 테트라히메나(Tetrahymena) L-19 IVS RNA의 유도체를 제작할 수 있으며, 여기서 활성 부위의 뉴클레오티드 서열은 MCT-코딩 mRNA에서 절단되는 뉴클레오티드 서열에 대해 상보적이다[예를 들어, 세치(Cech) 등의 미국 특허 제4,987,071호 및 세치(Cech) 등의 미국 특허 제5,116,742호를 참조]. 또는, MCT mRNA를 사용하여 RNA 분자의 푸올로부터 특정 리보뉴클레아제 활성을 갖는 촉매성 RNA를 선별해낼 수 있다[예를 들어, 문헌[Bartel, D. and Szostak, J.W.(1993) Science 261:1411-1418]을 참조].

<89> 또는, MCT 뉴클레오티드 서열의 조절 영역(예를 들어, MCT 프로모터 및(또는) 인핸서)에 대해 상보적인 뉴클레오티드 서열을 표적화하여 표적 세포에서 MCT 유전자의 전사를 방지하는 삼중 나선 구조를 형성시킴으로써 MCT 유전자의 발현을 억제시킬 수 있다[일반적으로, 문헌[Helene, C.(1991) Anticancer Drug Des. 6(6):569-84; Helene, C. et al. (1992) Ann.N.Y. Acad.Sci.660:27-36; and Maher, L.J. (1992) Bioassays 14(12):807-15]을 참조].

<90> B. 재조합 발현 벡터 및 숙주 세포

<91> 본 발명의 다른 측면은 벡터, 바람직하게는 MCT 단백질을 (또는 그의 일부)를 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.

- <92> 본 발명의 재조합 발현 벡터는 본 발명의 핵산을 숙주 세포 내에서 핵산의 발현에 적합한 형태로 포함하며, 적합한 형태란 상기 재조합 발현 벡터가 발현용 숙주 세포를 기준으로 선택된 하나 이상의 조절 서열 (발현되는 핵산 서열에 작동가능하게 연결됨)을 함유하고 있음을 의미한다. 재조합 발현 벡터 내에서, "작동가능하게 연결된"이란, 원하는 뉴클레오티드 서열이 (예를 들면, 시험관내 전사/번역 시스템 내 또는 벡터가 숙주 세포 내로 도입되는 경우 숙주 세포 내에서) 발현가능하도록 조절 서열(들)에 연결된 것을 의미한다. 용어 "조절 서열"이란, 프로모터, 인핸서 및 기타 발현 조절 요소 (예를 들면, 폴리아데닐화 신호)를 포함하는 것으로 한다. 그러한 조절 서열은, 예를 들어 문헌 [Goeddel; *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, CA (1990)]에 기술되어 있다. 조절 서열에는 다수의 숙주 세포 유형 내에서 뉴클레오티드 서열이 구성적으로 발현되도록 하는 것과 특정 숙주 세포 내에서만 뉴클레오티드 서열이 발현되도록 하는 것이 포함된다. 바람직한 조절 서열에는, 예를 들어 박테리아에서 바람직하게 사용되는 *cos*⁻, *tac*⁻, *trp*⁻, *tet*⁻, *trp-tet*⁻, *lpp*⁻, *lac*⁻, *lpp-lac*⁻, *lacI*^q⁻, *T7*⁻, *T5*⁻, *T3*⁻, *gal*⁻, *trc*⁻, *ara*⁻, *SP6*⁻, *arny*, *SP02*, λ -*P_R* 또는 λ *P_L*와 같은 프로모터가 있다. 추가의 조절 서열에는, 예를 들어 *ADC1*, *MF α* , *AC*, *P-60*, *CYC1*, *GAPDH*, *TEF*, *rp28*, *ADH*와 같은 효모 및 진균으로부터의 프로모터, *CaMV/35S*, *SSU*, *OCS*, *lib4*, *usp*, *STLS1*, *B33*, *nos*나 유비퀴틴- 또는 과세올린-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, MCT 단백질, MCT 단백질의 돌연변이 형태, 융합 단백질 등)를 비롯한 단백질을 생산할 수 있다.
- <93> 본 발명의 재조합 발현 벡터는 원핵 또는 진핵 세포에서의 MCT 단백질 발현용으로 고안될 수 있다. 예를 들어, MCT 유전자는 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 박테리아 세포, 곤충 세포 (바쿨로바이러스 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.
- <94> 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.
- <95> 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 MCT 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 친화도 크로마토그래피에 의해 정제할 수 있다. GST에 융합되지 않은 재조합 MCT 단백질은 융합 단백질을 트롬빈으로 절단함으로써 얻을 수 있다.
- <96> 적합한 유도가능한 비-융합 대장균 발현 벡터의 예로는 pTrc (문헌 [Amann *et al.*, (1988) *Gene* 69:301-315] 참

조), pLG338, pACYC184, pBR322, pUC18, pUC19, pKC30, pRep4, pHs1, pHs2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN11113-B1, λ gt11, pBdC1 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 폴리머라제의 전사에 의해 발현된다. pET 11d 벡터에서 표적 유전자는 T7 gn 10-lac 융합 프로모터로부터 동시 발현된 바이러스 RNA 폴리머라제 (T7 gn1)가 매개하는 전사에 의해 발현된다. 이 바이러스 폴리머라제는 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.

<97> 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 글루타미쿰)가 선호하는 코돈이 되도록 하는 것이 있다 (문헌 [Wada *et al.* (1992) *Nucleic Acids Res.* 20:2111-2118] 참조). 이처럼 본 발명의 핵산 서열의 변형은 표준 DNA 합성 기술에 의해 수행될 수 있다.

<98> 다른 실시양태에서, MCT 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.

<99> 별법으로, 바쿨로바이러스 발현 벡터를 사용하여 본 발명의 MCT 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.

<100> 다른 실시양태에서는 단세포 식물 세포 (예를 들어, 조류) 또는 고등 식물 (예를 들면, 작물 식물과 같은 종자 식물)로부터의 식물 세포 내에서 본 발명의 MCT 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.

<101> 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.

- <102> 다른 실시양태에서, 재조합 포유류 발현 벡터는 특정 세포 유형에서의 차별적인 핵산 발현이 가능하도록 한다 (예를 들면, 조직-특이적 조절 요소가 핵산을 발현시키는데 사용된다). 조직-특이적 조절 요소는 당업계에 공지되어 있다. 적합한 조직-특이적 프로모터의 예로는 알부민 프로모터 (간-특이적; 문헌 [Pinkert *et al.* (1987) *Genes Dev.* 1:268-277] 참조), 림프양-특이적 프로모터 (문헌 [Calame and Eaton (1988) *Adv. Immunol.* 43:235-275] 참조), 특히 T 세포 수용체의 프로모터 (문헌 [Winoto and Baltimore (1989) *EMBO J.* 8:729-733] 참조)와 면역글로불린의 프로모터 (문헌 [Banerji *et al.* (1983) *Cell* 33:729-740], 문헌 [Queen and Baltimore (1983) *Cell* 33:741-748] 참조), 뉴런-특이적 프로모터 (예를 들면, 뉴로필라멘트 프로모터; 문헌 [Byrne and Ruddle (1989) *PNAS* 86:5473-5477] 참조), 췌장-특이적 프로모터 (문헌 [Edlund *et al.* (1985) *Science* 230:912-916] 참조) 및 유선(乳腺)-특이적 프로모터 (예를 들면, 유장(乳漿) 프로모터; 미국 특허 제 4,873,316호 및 유럽 출원 번호 제264,166호 참조) 등이 있으나, 이에 제한되지 않는다. 또한, 발생-조절 프로모터, 예를 들어 쥐의 *hox* 프로모터 (문헌 [Kessel and Gruss (1990) *Science* 249:374-379] 참조) 및 α -페토 프로틴 프로모터 (문헌 [Campes and Tilghman (1989) *Genes Dev.* 3:537-546] 참조)도 포함된다.
- <103> 본 발명은 안티센스 방향으로 발현 벡터 내에서 클로닝된 본 발명의 DNA 분자를 함유하는 재조합 발현 벡터를 추가로 제공한다. 즉, 상기 DNA 분자는 MCT mRNA에 대해 안티센스인 RNA 분자의 (상기 DNA 분자의 전사에 의한) 발현이 가능하도록 조절 서열에 작동가능하게 연결된다. 안티센스 방향으로 클로닝된 핵산에 작동가능하게 연결된 조절 서열은 예를 들어, 바이러스 프로모터 및(또는) 인핸서처럼 다양한 세포 유형에서 안티센스 RNA 분자가 지속적으로 발현되도록 하는 것으로 선택할 수 있으며, 또는 안티센스 RNA가 구성적, 조직-특이적 또는 세포형 특이적으로 발현되도록 하는 조절 서열을 선택할 수도 있다. 안티센스 발현 벡터는 고효율의 조절 영역의 조절 하에서 안티센스 핵산을 생산하는 재조합 플라스미드, 파지미드 또는 약독화 바이러스의 형태일 수 있으며, 그 활성은 상기 벡터가 도입된 세포 유형에 의해 결정될 수 있다. 안티센스 유전자를 사용하여 유전자 발현을 조절하는 것에 대해서는 문헌 [Weintraub, H. *et al.*, Antisense RNA as a molecular tool for genetic analysis, *Reviews - Trends in Genetics*, Vol. 1(1) 1986]을 참조한다.
- <104> 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.
- <105> 숙주 세포는 임의의 원핵 세포 또는 진핵 세포일 수 있다. 예를 들어, MCT 단백질은 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 박테리아 세포, 곤충 세포, 효모 또는 포유류 세포 (예를 들어, 차이나이스 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.
- <106> 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.
- <107> 포유류 세포의 안정적 형질감염에 대해서는, 발현 벡터와 이용된 형질감염 기술에 따라, 단지 일부 소수 세포만이 그의 게놈 내로 외래 DNA를 통합한다는 것이 알려져 있다. 이들 통합체를 확인하고 선별하기 위해, 일반적으로 선택가능한 표지 (예를 들면, 항생제 내성)를 코딩하는 유전자를 목적 유전자와 함께 숙주 세포 내로 도입시킨다. 바람직한 선택가능한 표지에는 G418, 하이그로마이신 및 메토틱세이트와 같은 약물 내성을 부여하는 것들이 포함된다. 선택가능한 표지를 코딩하는 핵산은 MCT 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

지 않은 다른 세포는 사멸한다).

<108> 상동성 재조합 미생물을 제조하기 위해서, 결실, 부가 또는 치환을 도입시켜 MCT 유전자를 변형 (예를 들면, 기능을 파괴)시킨 MCT 유전자의 적어도 일부를 함유하는 벡터를 제조한다. 바람직하게는 이 MCT 유전자는 코리네 박테리움 글루타미쿰 MCT 유전자이지만, 관련 박테리아로부터의 상동체뿐만 아니라 포유류, 효모 또는 곤충 기원으로부터의 상동체일 수도 있다. 바람직한 실시양태에서, 상기 벡터는 상동성 재조합에 의해 내인성 MCT 유전자가 기능적으로 파괴 (즉, 더이상 기능적 단백질을 코딩하지 않음, "녹아웃 (knock-out)" 벡터로도 지칭됨) 되도록 고안된다. 별법으로, 상기 벡터는 상동성 재조합에 의해 내인성 MCT 유전자가 돌연변이되거나 달리 변형되었지만 여전히 기능적 단백질을 코딩 (즉, 상류 조절 영역이 변형되어 내인성 MCT 단백질의 발현이 변형될 수 있음)하도록 고안된다. 상동성 재조합 벡터에는 변형된 MCT 유전자 일부의 5' 및 3'의 측면에 MCT 유전자의 추가적인 핵산이 위치하여 벡터에 의해 운반된 외인성 MCT 유전자와 미생물 내의 내인성 MCT 유전자 사이에 상동성 재조합이 일어나도록 한다. 추가된 측면 MCT 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 MCT 유전자와 내인성 MCT 유전자가 상동성 재조합된 세포를 공지된 기술에 의해 선별한다.

<109> 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 MCT 유전자가 포함된 경우에는 오직 IPTG의 존재 하에서만 MCT 유전자가 발현될 수 있다. 그러한 조절 시스템은 당업계에 공지되어 있다.

<110> 다른 실시양태에서, 숙주 세포 내의 내인성 MCT 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 MCT 유전자 또는 내인성 MCT 유전자는 하나 이상의 점 돌연변이, 결실 또는 역위에 의해 변경되지만, 여전히 기능적 MCT 단백질을 코딩한다. 다른 실시양태에서, 미생물 내에 있는 하나 이상의 조절 영역 (예를 들면, 프로모터, 억제자 또는 인듀서)이 (예를 들면, 결실, 절단, 역위 또는 점 돌연변이에 의해) 변경되어 MCT 단백질의 발현이 변한다. 당업자라면, 상기 기술한 MCT 유전자 및 단백질 변형을 하나 이상 함유한 숙주 세포가 본 발명의 방법을 이용하여 용이하게 생성될 수 있으며 이들이 본 발명에 포함되는 것임을 이해할 것이다.

<111> 배양물 중의 원핵 또는 진핵 숙주 세포와 같은 본 발명의 숙주 세포는 MCT 단백질의 생산 (즉, 발현)에 이용된다. 따라서, 본 발명은 본 발명의 숙주 세포를 이용한 MCT 단백질의 생산 방법을 추가로 제공한다. 한 실시양태에서, 상기 방법은 본 발명의 (MCT 단백질을 코딩하는 재조합 발현 벡터가 도입되거나, 야생형 또는 변형된 MCT 단백질을 코딩하는 유전자가 게놈 내로 도입된) 숙주 세포를 MCT 단백질이 생산될 때까지 적합한 배지에서 배양하는 것을 포함한다. 다른 실시양태에서, 상기 방법은 상기 배지 또는 숙주 세포로부터 MCT 단백질을 분리하는 것을 추가로 포함한다.

<112> C. 단리된 MCT 단백질

<113> 본 발명의 다른 측면은 단리된 MCT 단백질 및 그의 생물학적 활성 부위에 관한 것이다. "단리된" 또는 "정제된" 단백질이나 그의 생물학적 활성 부위는 재조합 DNA 기술에 의해 생산된 경우 실질적으로 세포 물질이 없으며, 또는 화학적으로 합성된 경우에는 실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없다. 용어 "실질적으로 세포 물질이 없는 것"이란 천연적으로 또는 재조합에 의해 MCT 단백질을 생산하는 세포의 세포 구성 물질로부터 상기 단백질을 분리한 MCT 단백질 제제를 포함한다. 한 실시 양태에서, 용어 "실질적으로 세포 물질이 없는 것"은 비-MCT 단백질 (본 명세서에서 "오염 단백질"로도 지칭함) 함량이 약 30% 미만 (건 중량), 바람직하게는 약 20% 미만, 보다 바람직하게는 약 10% 미만, 가장 바람직하게는 약 5%인 MCT 단백질 제제를 포함한다. 또한, MCT 단백질 또는 그의 생물학적 활성 부위가 재조합에 의해 생산되는 경우, 실질적으로 배양 배지가 없는 것이 바람직하다. 즉, 배양 배지 함량이 약 20 부피% 미만, 보다 바람직하게는 약 10 부피% 미만, 가장 바람직하게는 5 부피% 미만으로 나타나는 단백질 제제가 바람직하다. 용어 "실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없는 것"이란 MCT 단백질의 합성에 관여한 화학적 전구체 또는 다른 화학 물질로부터 상기 단백질을 분리한 MCT 단백질 제제를 포함한다. 한 실시 양태에서, 용어 "실질적으로 화학적 전구체나 다른 화학 물질이 없는 것"은 화학적 전구체 또는 비-MCT 화학 물질의 함량이 약 30% 미만 (건 중량), 바람직하게는 약 20% 미만, 보다 바람직하게는 약 10% 미만, 가장 바람직하게는 약 5%인 MCT 단백질 제제를 포함한다. 바람직한 실시 양태에서, 단리된 단백질 또는 그의 생물학적 활성 부위는 MCT 단백질이 유래된 생물체로부터의 오염 단백질이 없는 것이다. 전형적으로, 그러한 단백질은 예를 들어 코리네박테리움 글루타미쿰과 같은 미생물 내

에서 코리네박테리움 글루타미쿰 MCT 단백질의 재조합 발현에 의해 생산된다.

<114>

본 발명의 단리된 MCT 단백질 또는 그의 일부는 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 수 있거나, 또는 표 1에 기재된 하나 이상의 활성을 가질 수 있다. 바람직한 실시 태양에서, 상기 단백질 또는 그의 단편은 본 발명의 아미노산 서열과 충분히 상동성인 (예, 서열 목록에서 서열 번호가 짝수인 서열) 아미노산 서열을 포함하며 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여하는 능력을 유지한다. 상기 단백질의 일부는 바람직하게는 본 명세서에서 기술한 것처럼 생물학적 활성 부위이다. 다른 바람직한 실시 태양에서, 본 발명의 MCT 단백질은 서열 목록에서 서열 번호가 짝수인 서열에 기재된 아미노산 서열을 갖는다. 또다른 바람직한 실시 태양에서, MCT 단백질은 본 발명의 뉴클레오티드 서열 (예, 서열 목록에서 서열 번호가 홀수인 서열)에 혼성화하는 (예를 들어, 엄격 조건 하에서 혼성화하는) 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 갖는다. 또다른 바람직한 실시 태양에서, MCT 단백질은 본 발명의 핵산 서열 또는 그의 일부 중 하나와의 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, 보다 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 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩되는 아미노산 서열을 갖는다. 또한, 상기 언급된 범위에 대해 중간 정도의 범위 및 동일성 수치 (예를 들어, 70 내지 90% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것이다. 예를 들어, 상기에서 상한치 및(또는) 하한치로 언급된 수치들 중 임의의 조합을 이용한 동일성 수치 범위는 본 발명에 포함되는 것이다. 또한, 본 발명의 바람직한 MCT 단백질은 본 명세서에 기술된 하나 이상의 MCT 활성을 보유하는 것이 바람직하다. 예를 들어, 본 발명의 바람직한 MCT 단백질은 본 발명의 뉴클레오티드 서열에 혼성화 (예, 엄격 조건 하에서 혼성화)하는 뉴클레오티드 서열에 의해 코딩된 아미노산 서열을 포함하며, 코리네박테리움 글루타미쿰에서 세포막의 구성에 필요한 화합물의 대사 또는 이 막을 통한 분자의 운반에 관여할 수 있거나, 또는 표 1에 기재된 하나 이상의 활성을 가질 수 있다.

<115>

다른 실시 태양에서, MCT 단백질은 실질적으로 본 발명의 아미노산 서열 (예, 서열 목록에서 서열 번호가 짝수인 서열)과 상동성이며, 상기 I란에서 상술한 것처럼 자연적 변이나 돌연변이 발생으로 인하여 아미노산 서열이 다름에도 본 발명의 아미노산 서열 중 하나의 단백질의 기능적 활성을 보유한다. 따라서, 다른 실시 태양에서, MCT 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, 보다 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 MCT 활성 중 하나 이상을 가지고 있다. 또한, 상기 언급된 범위에 대해 중간 정도의 범위 및 동일성 수치 (예를 들어, 70 내지 90% 동일 또는 80 내지 95% 동일)는 본 발명에 포함되는 것이다. 예를 들어, 상기에서 상한치 및(또는) 하한치로 언급된 수치들 중 임의의 조합을 이용한 동일성 수치 범위는 본 발명에 포함되는 것이다. 다른 실시 태양에서, 본 발명은 본 발명의 전체 아미노산 서열과 실질적으로 상동성인 전장의 코리네박테리움 글루타미쿰 단백질에 관한 것이다.

<116>

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

<117>

MCT 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, MCT 단백질은 상기 숙주 세포 내에서 발현된다. 그후 상기 MCT 단백질은 표준 단백질 정제 기술을 이용하여 적절한 정제 단계를 통해 세포로부터 단리될 수 있다. 재조합 발현과는 별법으로, MCT 단백질,

폴리펩티드 또는 펩티드는 표준 펩티드 합성 기술을 이용하여 화학적으로 합성할 수 있다. 게다가, 천연 MCT 단백질은, 예를 들어 본 발명의 MCT 단백질 또는 그의 일부를 사용한 표준 방법에 의해 생산될 수 있는 항-MCT 항체를 사용하여 세포 (예, 내피 세포)로부터 분리할 수 있다.

<118> 또한 본 발명은 MCT 키메라 또는 융합 단백질을 제공한다. 본 명세서에서 사용된 MCT "키메라 단백질" 또는 "융합 단백질"은 비-MCT 폴리펩티드에 작동가능하게 연결된 MCT 폴리펩티드를 포함한다. "MCT 폴리펩티드"란 MCT에 대응하는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 지칭하며, "비-MCT 폴리펩티드"란 실질적으로 MCT 단백질과 상동성이 없는 단백질, 예를 들어 MCT 단백질과 다르며 동일한 또는 상이한 생물체로부터 유래된 단백질에 대응하는 아미노산 서열을 갖는 폴리펩티드를 의미한다. 융합 단백질에서, 용어 "작동가능하게 연결된"이란 MCT 폴리펩티드 및 비-MCT 폴리펩티드가 프레임 내에서 서로 융합된 것을 의미한다. 상기 비-MCT 폴리펩티드는 MCT 폴리펩티드의 N-말단 또는 C-말단에 융합될 수 있다. 예를 들어 한 실시 태양에서, 융합 단백질은 MCT 서열이 GST 서열의 C-말단에 융합된 GST-MCT 융합 단백질이다. 그러한 융합 단백질은 재조합 MCT 단백질의 정제를 용이하게 할 수 있다. 다른 실시 태양에서, 융합 단백질은 그의 N-말단에 이중 신호 서열을 함유하는 MCT 단백질이다. 특정한 숙주 세포 (예, 포유류 숙주 세포) 내에서, MCT 단백질의 발현 및(또는) 분비는 이중 신호 서열을 이용함으로써 증가될 수 있다.

<119> 바람직하게는, 본 발명의 MCT 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. MCT 코딩 핵산을 그러한 발현 벡터 내로 클로닝시켜 융합 부분을 MCT 단백질로 동일 프레임 내에서 연결시킬 수 있다.

<120> MCT 단백질의 상동체는 돌연변이 유발법, 예를 들어 분별 점 돌연변이 또는 MCT 단백질의 말단의 절단에 의해 생성될 수 있다. 본원에서 사용된 바와 같이, 용어 "상동체"란, MCT 단백질의 활성화에 대한 아고니스트 또는 길항제로 작용하는 MCT 단백질의 변이체 형태를 지칭하는 것이다. MCT 단백질 아고니스트의 생물학적 활성화는 MCT 단백질의 것과 실질적으로 동일하거나, 그에 버금갈 수 있다. MCT 단백질의 길항제는 예를 들어 MCT 단백질을 포함하는 세포막 성분 대사의 캐스케이드의 하류 또는 상류 구성원에 경쟁적으로 결합함으로써, 또는 이 막을 통한 화합물의 운반을 조절하는 MCT 단백질과 결합하여 전위를 방지함으로써 MCT 단백질 자연 발생 형태의 활성화 하나 이상을 억제할 수 있다.

<121> 다른 실시양태에서, 상기 MCT 단백질의 상동체는 MCT 단백질 돌연변이체 (예를 들면, 말단 절단 돌연변이체)의 조합 라이브러리를 MCT 단백질 아고니스트 또는 길항제 활성화에 대해 스크리닝함으로써 확인할 수 있다. 한 실시양태에서, MCT 변이체의 혼재된 (variegated) 라이브러리는 핵산 수준에서의 조합 돌연변이 유발법으로 생성되며, 혼재된 유전자 라이브러리에 의해 코딩된다. MCT 변이체의 혼재된 라이브러리는 예를 들어 합성 올리고뉴클레오타이드 혼합물을 유전자 서열에 효소적으로 라이게이션시켜 잠재적 MCT 서열의 다의성 (degenerate) 세트가 개별적인 폴리펩티드로서 발현가능하게 하거나, 별법으로 그 안에 MCT 서열의 세트를 함유한 거대 융합 단백질 (예를 들면, 파지 디스플레이)로서 발현가능하게 할 수 있다. 다양한 방법들을 사용하여 다의성 올리고뉴클레오타이드 서열로부터 잠재적 MCT 상동체의 라이브러리를 생산할 수 있다. 자동 DNA 합성기를 사용하여 다의성 유전자 서열을 화학적으로 합성할 수 있고, 그 다음, 상기 합성 유전자를 적절한 발현 벡터 내로 라이게이션시킬 수 있다. 유전자 다의성 세트를 이용하면 원하는 세트의 가능한 MCT 서열을 코딩하는 모든 서열을 하나의 혼합물 내에 제공할 수 있다. 다의성 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).

<122> 또한, MCT 단백질 코딩 유전자의 단편 라이브러리를 이용하여 MCT 단백질 상동체에 대한 스크리닝 및 그 후의 선별을 위한 MCT 단편의 혼재된 집단을 생성할 수 있다. 한 실시양태에서, 새김눈 (nick)이 분자 당 약 한 번만 일어나는 조건 하에서 뉴클레아제를 MCT 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 MCT 단백질의 N-말단, C-말단 및 내부 단편을 코딩하는 발현 라이브러리를 유도할 수 있다.

<123> 점 돌연변이 또는 말단의 절단에 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 MCT 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 MCT 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).

<124> 또다른 실시양태에서, 당업계에 공지된 방법을 이용한 세포계 분석법을 이용하여 변화된 MCT 라이브러리를 분석할 수 있다.

<125> D. 본 발명의 용도 및 방법

<126> 본원에 기재한 핵산 분자, 단백질, 단백질 상동체, 융합 단백질, 프라이머, 벡터 및 숙주세포는 코리네박테리움 글루타미쿰 및 연관된 생물체의 동정, 코리네박테리움 글루타미쿰과 연관된 생물체의 계통 맵핑, 코리네박테리움 글루타미쿰의 목적 서열의 동정 및 위치 확인, 진화 연구, 기능에 필요한 MCT 단백질 부위의 결정, MCT 단백질 활성의 조절, 1종 이상의 세포막 성분의 대사 조절, 1종 이상의 화합물의 막횡단 운반의 조절, 및 정밀 화학물질과 같은 목적 화합물의 세포 생산 조절 등의 방법 중 하나 이상에 사용할 수 있다.

<127> 본 발명의 MCT 핵산 분자는 다양한 용도를 갖는다. 첫째, 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그의 가까운 동족체의 존재를 확인하는데 사용할 수 있다. 또한, 혼합된 미생물군에서 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 그의 가까운 동족체의 존재를 확인하는 데에 사용할 수 있다. 본 발명은 단일 또는 혼합된 미생물군 배양물에서 추출한 게놈 DNA를 엄격한 조건하에서 코리네박테리움 글루타미쿰에 고유한 유전자 영역에 걸친 프로브를 사용하여 탐침함으로써 상기 생물체의 존재를 확인할 수 있는 다수의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 핵산 서열을 제공한다.

<128> 코리네박테리움 글루타미쿰 자체는 병원성이 아니지만, 코리네박테리움 디프테리아 (*Corynebacterium diphtheriae*)와 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 디프테리아는 1990년 이래 5,000명 이상의 사망자를 가져왔다.

<129> 한 실시 태양에서, 본 발명은 개체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 또는 활성을 확인하는 방법을 제공한다. 본 발명은 개체에서 본 발명의 1종 이상의 핵산 또는 아미노산 서열 (서열 목록에 홀수 또는 짝수 서열 번호로 각각 나타냄)을 검출함으로써 개체에서 코리네박테리움 디프테리아의 존재 또는 활성을 검출하는 것을 포함한다. 코리네박테리움 글루타미쿰과 코리네박테리움 디프테리아는 관련있는 박테리아이며, 코리네박테리움 글루타미쿰의 많은 핵산 및 단백질 분자는 코리네박테리움 디프테리아의 핵산 및 단백질 분자와 상동성을 가지므로 개체에서 코리네박테리움 디프테리아를 검출하는데 사용할 수 있다.

<130> 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, 바

람직하게는 용이하게 검출할 수 있는 표지로 탐침할 수 있다. 이와 같은 계놈 단편에 대한 핵산 분자의 결합으로 코리네박테리움 글루타미쿰의 계놈 맵에 단편의 위치를 정할 수 있으며, 상이한 효소로 여러번 수행하는 경우 단백질이 결합하는 핵산 서열을 신속하고 용이하게 결정한다. 또한, 본 발명의 핵산 분자는 연관된 종의 서열과 충분한 상동성을 가질 수 있어 브레비박테리움 락토펙페르멘툼 (*Brevibacterium lactofermentum*)과 같은 연관된 박테리아의 계놈 맵을 작성하기 위한 마커로 사용할 수 있다.

<131> 또한, 본 발명의 MCT 핵산 분자는 진화 및 단백질 구조 연구에 유용하다. 본 발명의 분자가 관여하는 대사 및 에너지 유리 과정은 매우 다양한 원핵 및 진핵 박테리아에 의해 이용된다. 다른 생물체와 유사한 효소를 코딩하는 핵산 분자 서열과 본 발명의 핵산 분자의 서열을 비교함으로써 생물체의 진화 연관성을 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.

<132> 본 발명의 MCT 핵산 분자의 조작으로 야생형 MCT 단백질과는 상이한 기능을 갖는 MCT 단백질을 제조할 수 있다. 이러한 단백질은 효율 또는 활성이 향상될 수 있으며, 정상 세포보다 과량으로 존재할 수 있거나 효율 또는 활성이 감소될 수 있다.

<133> 본 발명은 단백질 자체 또는 MCT 단백질의 기질 또는 결합 파트너와 상호작용시키거나 본 발명의 MCT 핵산 분자의 전사 또는 번역을 조절함으로써 MCT 단백질의 활성을 조절하는 분자를 스크리닝하는 방법을 제공한다. 상기 방법에서, 본 발명의 1종 이상의 MCT 단백질을 발현하는 생물체를 1종 이상의 시험 화합물과 접촉시켜 MCT 단백질의 활성 또는 발현수준에 대한 각각의 시험 화합물의 효과를 평가한다.

<134> 본 발명의 MCT 단백질의 변형에 의해 상기 변형된 단백질을 포함하는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주로부터 정밀 화학물질의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율에 직접적으로 영향을 줄 수 있는 여러 기작이 있다. 코리네박테리움 글루타미쿰의 대규모 배양으로부터 정밀 화학물질 화합물의 회수는 코리네박테리움 글루타미쿰이 목적 화합물들을 분비하는 경우 상당히 향상되는데, 이는 이 화합물이 배양 배지로부터 (코리네박테리움 글루타미쿰 세포의 집단으로부터 추출한 것과는 반대로) 쉽게 정제될 수 있기 때문이다. 세포로부터 정밀 화학물질을 배출하는 운반체 분자의 수 또는 활성을 증가시킴으로써, 세포의 배지 중에 존재하는 생산된 정밀 화학물질의 양을 증가시키고, 따라서 더 쉽게 수확 및 정제할 수 있다. 반대로, 1종 이상의 정밀 화학물질을 효과적으로 과다생산하기 위해서는, 보조인자, 전구체 분자, 및 적절한 생합성 경로를 위한 중간체 화합물의 양을 증가시키는 것이 필요하다. 따라서, 탄소 공급원(즉, 당), 질소 공급원(즉, 아미노산, 암모늄 염), 포스페이트, 및 황 등의 영양분의 유입에 관여하는 운반체 단백질의 수 및(또는) 활성을 증가시킴으로써, 생합성 과정에서 임의 영양분 공급의 제한의 철폐로 인해, 정밀 화학물질의 생산을 증가시킬 수 있다. 또한, 지방산 및 지질은, 이러한 화합물의 생합성에 관여하는 본 발명의 1종 이상의 MCT 단백질의 활성을 최적화하거나 그 수를 증가시킴으로써 또는 이러한 화합물의 분해에 관여하는 1종 이상의 MCT 단백질의 활성을 감소시킴으로써, 그 자체로 바람직한 정밀 화학물질이며, 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 지방산 및 지질 분자의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율을 증가시킬 수 있다.

<135> 본 발명의 하나 이상의 MCT 유전자의 조작은 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 하나 이상의 목적하는 정밀 화학물질의 생산에 간접적으로 영향을 주는 변형된 활성을 갖는 MCT 단백질을 생성시킬 수도 있다. 예를 들어, 정상적인 생화학적 대사 과정은 이 동일한 대사 과정을 활성적으로 방해할 수 있는 다양한 폐 생성물(예를 들어, 과산화수소 및 기타 반응성 산소 종)을 생성시킨다(예를 들어, 페록시니트리트는 티로신 측쇄를 질소화함으로써 활성 부위내에 티로신을 갖는 몇몇 효소를 실활화하는 것으로 알려져 있다(Groves, J.T. (1999) Curr. Opin. Chem. Biol. 3(2):226-235)). 이러한 폐 생성물은 통상적으로 배출되며, 대규모 발효 생산에 이용되는 코리네박테리움 글루타미쿰 균주는 하나 이상의 정밀 화학물질의 과다생산을 위해 최적화됨으로써 야생형 코리네박테리움 글루타미쿰에서 통상적으로 생산되는 것보다 더 많은 폐 생성물을 생산할 수 있다. 폐 생성물 분자의 배출에 관여하는 하나 이상의 본 발명의 MCT 분자의 활성을 최적화함으로써, 세포의 생존율을 향상시키고 효과적인 대사 활성을 유지할 수 있다. 또한, 세포내에서 높은 수준으로 존재하는 목적 정밀 화학물질은 실제로 세포에 독성을 떨 수 있어서, 이러한 화합물을 분비하는 세포의 활성을 증가시킴으로써 세포의 생존율을 향상시킬 수 있다.

<136> 또한, 적절한 양의 여러 지질 및 지방산 분자가 생산되도록 본 발명의 MCT 단백질을 조작할 수 있다. 이는 세포막의 지질 조성에 상당한 영향을 줄 수 있다. 각 지질 타입은 다른 물리적 특성을 가질 수 있기 때문에, 막 지질 조성의 변화는 막의 유동성을 상당히 변화시킬 수 있다. 막 유동성의 변화는 막을 통한 분자의 운반에

영향을 줄 수 있으며, 이는, 상기에서 설명한 바와 같이, 폐 생물물 또는 생성된 정밀 화학물질의 유출 또는 필 수 영양분의 유입을 변화시킬 수 있다. 이러한 막 유동성의 변화는 세포의 일체성에 상당한 영향을 줄 수도 있으며, 비교적 약한 막을 갖는 세포는 대규모 발효기 환경에서 세포를 손상시키거나 사멸시킬 수 있는 기계적 응 력에 대해 보다 치명적이게 된다. 생성된 막이 정밀 화학물질을 생산하는데 이용되는 배양물에 존재하는 환경 조건에 대해 보다 적합하도록 막 구성을 위한 지방산 및 지질의 생산에 관여하는 MCT 단백질을 조작함으로써, 더 높은 비율이 코리네박테리움 글루타미쿰이 생존하고 증식하게 된다. 배양물 중 더 많은 수의 코리네박테리 움 글루타미쿰은 배양물로부터 정밀 화학물질의 수율, 생산 또는 생산 효율을 더 크게 증가시킨다.

<137> MCT 단백질이 코리네박테리움 글루타미쿰으로부터 정밀 화학물질의 수율을 증가시키기 위한 상기한 돌연변이 유발 방법은 한정적이지 않으며, 이러한 방법의 변형은 당업자에게 자명할 것이다. 이러한 방법의 이용, 본원에 개시된 기작의 포함, 본 발명의 핵산 및 단백질 분자를 돌연변이된 MCT 핵산 및 단백질 분자를 발현하는 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 연관 균주의 제조에 이용하여 목적하는 화합물의 수율, 생산 및(또는) 생산 효율을 향상시킨다. 상기 목적하는 화합물은 생합성 경로의 최종 산물 및 천연 대사 경로의 중간체뿐 아니라 코리네박테리움 글루타미쿰 대사에서는 본래 일어나지 않으나 본 발명의 코리네박테리움 글루타미쿰 균주에 의해 생산되는 분자를 포함한 코리네박테리움 글루타미쿰에 의해 생산되는 모든 산물이 될 수 있다.

<138> 또한, 본 발명은 하기 실시예에 의해 예시되나, 이에 한정되는 것으로 해석해서는 안된다. 본원에 인용된 모든 참고 문헌, 특허 출원, 특허, 공개된 특허 출원의 모든 내용, 표 및 서열 목록은 참고문헌에 포함된다.

1a

해산	아미노산	화인 코드	공리 그	게시 NT	종결 NT	기능
1	4	RXN03097	VM0062	3	557	암모늄 운반 시스템
3	2	RXN02099	GR000630	6198	6470	암모늄 운반 시스템
5	6	RXA00104	GR000014	15895	16650	CYSO 단백질, 암모늄 운반 단백질

폴리케티드 합성

해산	아미노산	화인 코드	공리 그	게시 NT	종결 NT	기능
7	8	RXA01420	GR00416	775	17	4'-미카로실 아소발레일-COA 트랜스퍼라제 (EC 2.---)
9	10	RXN02581	VM0098	30482	28623	폴리케티드 신라제
11	12	F RXA02581	GR00741	1	1527	폴리케티드 신라제
13	13	RXN02582	GR00741	1890	6719	가능한 폴리케티드 신라제(CY338.20)
15	14	RXA01138	GR00318	1656	2072	아미노도르 폴리케티드 다이라라제 (EC ----)
17	18	RXA01980	GR00573	1470	838	폴리케티드 시클라제
19	20	RXN01007	VM0021	2572	866	FRNA
21	22	RXN00784	VM0103	27531	28265	FRNE

지방산 및 지질 합성

해산	아미노산	화인 코드	공리 그	게시 NT	종결 NT	기능
23	24	RXA02335	GR00672	550	2322	비오민 카르복실라제 (EC 6.3.4.14)
25	26	RXA02173	GR00641	7473	8924	아세틸-CoA:포스파티드 카르복실라제 카르복실 트랜스퍼라제
27	28	RXA01764	GR00500	2178	3110	3-옥소아세일-[아실-운반 단백질] 리덕라제 (EC 6.4.1.2)
29	30	RXN02487	VM0007	6367	4864	장제-지방산-CoA 리가제 (EC 6.2.1.3)
31	32	F RXA02487	GR00718	4937	4650	장제-지방산-CoA 리가제 (EC 6.2.1.3)
33	34	RXA02490	GR00720	817	5	장제-지방산-CoA 리가제 (EC 6.2.1.3)
35	36	RXA01467	GR00422	920	1210	아실 운반 단백질
37	38	RXA00796	GR00212	202	5	아실 운반 단백질 포스포다에스테라제
39	40	RXA01897	GR00544	617	1159	아실 운반 단백질 포스포다에스테라제
41	42	RXN02808	VM00342	390	6	아실 운반 단백질 포스포다에스테라제
43	44	RXA02809	GR00780	277	5	아실 운반 단백질 포스포다에스테라제
45	46	RXN00113	VM0129	103	5724	지방산 신라제 (EC 2.3.1.85)
47	48	F RXA00113	GR00017	2	3295	지방산 신라제 (EC 2.3.1.85)

<139>

배산 시열번호	아미노산 시열번호	확인 코드	군타그	게시 NT	종결 NT	기능
49	50	RXN03111	VV0084	6040	5	지방산 신타제 (EC 2.3.1.89) [EC 2.3.1.38; EC 2.3.1.39; EC 2.3.1.41; EC 1.1.1.100; EC 4.2.1.61; EC 1.3.1.10; EC 3.1.2.14를 포함]
51	52	F RXA00158	GR00024	2088	4	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
53	54	F RXA00572	GR00165	2	3832	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
55	56	RXA02582	GR00741	1890	6719	가늘하 폴리케타이드 신타제 (CY338.20)
57	58	RXA02881	GR00754	15347	14541	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
59	60	RXA00880	GR00242	6213	8057	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
61	62	RXA01060	GR00296	9568	10469	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
63	64	RXA01722	VV0036	2538	1214	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
65	66	F RXA01722	GR00488	5746	4022	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
67	68	RXA01644	GR00456	9854	8577	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
69	70	RXA02029	GR00618	3396	2380	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
71	72	RXA01801	GR00509	16147	15185	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
73	74	RXA02512	VV0171	3303	4259	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
75	76	F RXA02512	GR00721	1599	2864	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
77	78	RXA00899	GR00245	18127	19455	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
79	80	RXA00819	VV0054	18	1007	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
81	82	F RXA00819	GR00221	4081	4371	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
83	84	F RXA01766	GR00500	15318	13783	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
85	86	RXN01762	VV0054	1272	10	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
87	88	F RXA01762	GR00560	3405	2862	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
89	90	RXA00881	GR00179	3803	4516	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
91	92	RXA00802	GR00274	3	308	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
93	94	RXA02133	GR00639	9118	10341	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
95	96	RXN01114	VV0182	2	793	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
97	98	F RXA01114	GR00308	1622	2476	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
99	100	RXA01894	GR00542	3179	3655	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
101	102	RXA02599	GR00742	54531	511	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
103	104	RXN02638	VV0098	8	1256	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
105	106	F RXA02638	GR00749	720		지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
107	108	RXA00856	GR00232	2621	3277	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
109	110	RXA02511	GR00721	32818	33372	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
111	112	RXN02836	VV0102	106	4411	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
113	114	F RXA02836	GR00827	2438	3541	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
115	116	RXA02190	GR00740	18836	19658	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
117	118	RXA00497	GR00639	1689	2249	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
119	120	RXA02397	GR00180	1688	2683	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
121	122	RXA02397	GR00698	16588	17929	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
123	124	RXN03110	VV0083	1027	5	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
125	126	F RXA00660	GR00214	3138	3770	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
127	128	RXA00801	GR00221	1469	2311	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
129	130	RXA00821	VV0143	12056	13462	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
131	132	RXN02966	GR00517	1666	260	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
133	134	F RXA01833	GR00525	5561	5010	지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)
135	136	RXA01853				지방산 신타제 (EC 2.3.1.85)

표 1b

계산 지열번호	이비노산 지열번호	확인 코드	콘티그	게시 NT	종결 NT	기능
137	138	RXN02424	VO0116	10570	11169	히드록시아인글루타티온 히드롤라제 (EC 3.1.2.6)
139	140	F RXA02424	GR00706	808	428	히드록시아인글루타티온 히드롤라제 (EC 3.1.2.6)
141	142	RXN00419	VO0112	1024	266	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
143	144	F RXA00419	GR00095	3	464	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
145	146	F RXA00421	GR00098	565	723	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
147	148	RXN02923	VO0088	3301	2564	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
149	150	RXN02922	VO0321	11407	10328	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
151	152	RXN03065	VO0038	6237	6629	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
153	154	RXN03132	VO0127	38053	39472	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
155	156	RXN03197	VO0186	1607	1170	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
157	158	RXN00934	VO0171	15181	14099	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
159	160	RXN00792	VO0321	10328	9132	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
161	162	RXN00931	VO0171	13011	12166	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
163	164	F RXA00931	GR00253	4959	4114	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
165	166	RXN01421	VO0122	16024	15638	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
167	168	RXN02342	VO0078	3460	4266	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
169	170	RXN00563	VO0038	1	2739	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
171	172	RXN02168	VO0100	2894	81	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
173	174	RXN01090	VO0155	6483	5686	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
175	176	RXN02062	VO0222	3159	1990	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
177	178	RXN02148	VO0300	16361	17703	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
179	180	RXN02995	VO0098	11098	9935	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
181	182	RXN00148	VO0167	9449	12059	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
183	184	RXN00149	VO0167	7995	9842	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
185	186	RXN02106	VO0123	22649	21594	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
187	188	RXN01746	VO0185	934	1686	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
189	190	RXN01747	VO0185	1826	2869	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
191	192	RXN01748	VO0185	3001	3780	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
193	194	RXN00354	VO0135	33604	32792	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)
195	196	RXN01749	VO0185	3953	5569	아세토아세틸-CoA 리라라제 (EC 1.1.1.36)

지방산 분해

계산 지열번호	이비노산 지열번호	확인 코드	콘티그	게시 NT	종결 NT	기능
189	189	RXA02268	GR00655	2182	3081	리파제 (EC 3.1.1.3)
191	200	RXA02269	GR00655	3094	4065	리파제 (EC 3.1.1.3)
201	202	RXA01614	GR00449	8219	7197	리파제 (EC 3.1.1.3)
203	204	RXA01983	GR00573	3559	3053	리파제 (EC 3.1.1.3)
205	206	RXA02947	VO0078	1319	6	리파제 (EC 3.1.1.3)
207	208	F RXA02320	GR00667	593	6	리파제 (EC 3.1.1.3)
209	210	F RXA02851	GR00851	524	6	리파제 (EC 3.1.1.3)
211	212	RXN02321	VO0078	3291	1663	리파제 (EC 3.1.1.3)

핵산		아미노산		확인 코드	콘타그	게시 NT	종결 NT	기능
서열 번호	서열 번호							
213	214	F RXA02321	GR00667	1390	937	프로피온일-COA 카르복실라제 배양제 (EC 6.4.1.3)		
215	216	F RXA02343	GR00675	1403	1816	프로피온일-COA 카르복실라제 배양제 (EC 6.4.1.3)		
217	218	F RXA02850	GR00650	2	493	프로피온일-COA 카르복실라제 배양제 (EC 6.4.1.3)		
219	220	RXA02563	GR00741	6743	8290	프로피온일-COA 카르복실라제 배양제 (EC 6.4.1.3)		
221	222	RXA00870	GR00239	809	2320	메틸 말포네이트-세미알데하이드-데하이드로게나제(아일화) (EC 1.2.1.27)		
223	224	RXA01260	GR00367	2381	1200	2-메틸-3-옥소프로판도이메이트(NAD) ⁺ 옥시도리덕타제(CoA-프로판도일화) 문지제 알파-케토산 데하이드로게나제 복합체의 리포아미드 데하이드로게나제 성분(E3) (EC 1.8.1.4)		
225	226	RXA01261	GR00367	2607	2437	문지제 알파-케토산 데하이드로게나제 복합체의 리포아미드 데하이드로게나제 성분(E3) (EC 1.8.1.4)		
227	228	RXA01136	GR00318	685	1116	이소발레일-COA 데하이드로게나제 (EC 1.3.99.10)		
229	230	RXA00559	VV0103	7568	6552	단쇄질(VLDL)		
231	232	F RXA00559	GR00149	218	6	글리세로포스포릴 디에스테르 포스포다이에스테라제		
233	234	RXA01580	GR00440	707	3877	글리세로포스포릴 디에스테르 포스포다이에스테라제 (EC 3.1.4.46)		
235	236	RXA02677	GR00754	3119	16838	세포의 리파제 전구체 (EC 3.1.1.3)		
237	238	RXS01166	VV0117	18142				

테르페노이드 생합성

핵산		아미노산		확인 코드	콘타그	게시 NT	종결 NT	기능
서열 번호	서열 번호							
239	240	RXA00875	GR00241	2423	1857	이소헵테닐-디포스페이트 엘라-이소머라제 (EC 5.3.3.2)		
241	242	RXA01292	GR00373	1204	2388	피토델 데하이드로게나제 (EC 1.3.-.-)		
243	244	RXA01293	GR00373	2370	2696	피토델 데하이드로게나제 (EC 1.3.-.-)		
245	246	RXA02310	GR00665	1132	2394	게라닐 게라닐 하이드로게나제		
247	248	RXA02718	GR00756	18539	19585	게라닐 게라닐 피로포스페이트 신라제 (EC 2.5.1.1)		
249	250	RXA01067	GR00298	1453	2181	운데카프렌일-디포스페이트 신라제 (EC 2.5.1.31)		
251	252	RXA01269	GR00367	20334	19894	운데카프렌일-포스페이트 갈락토세포스포트랜스퍼라제 (EC 2.7.8.6)		
253	254	RXA01205	GR00346	3	533	추정의 운데카프렌일-포스페이트 알파-N-이세틸글루쿠라미닐 트랜스퍼라제 (EC 2.4.1.-)		
255	256	RXA01576	GR00438	8053	8811	올리칠 글루쿠라미닐 트랜스퍼라제 (EC 2.4.1.117)		
257	258	RXA02308	VV0025	28493	29542	올리칠 글루쿠라미닐 트랜스페이트 신라제 (EC 2.5.1.-)		
259	260	F RXA02309	GR00665	978	4	올리칠 글루쿠라미닐 트랜스페이트 신라제 (EC 2.5.1.-)		
261	262	RXA00477	VV0088	38905	37262	피토델 데하이드로게나제 (EC 1.3.-.-)		
263	264	F RXA00477	GR00719	13187	11544	피토델 데하이드로게나제 (EC 1.3.-.-)		
265	266	RXA00478	GR00719	13187	11544	피토델 데하이드로게나제 (EC 1.3.-.-)		
267	268	RXA01291	GR00373	14020	13190	피토델 신라제 (EC 2.5.1.-)		
269	270	RXA00480	GR00119	345	1277	파르테닐 디포스페이트 신라제 (EC 2.5.1.1) (EC 2.5.1.10)		
271	272	RXA01879	VV0105	1505	573	이소헵테닐-포스페이트 키나제 (EC 2.7.4.-)		
273	274	RXS02023	VV0160	3234	4001	P450 시토크롬, 이소헵테닐트랜스퍼라제, 페리독스		
275	276	RXS00948	VV0107	4266	5384	12-옥소스테로이드-에이트 리라라제 (EC 1.3.1.42)		
277	278	RXS02228	VV0068	1876	2778	7RNA 엘라(2)-이소헵테닐피로포스페이트 트랜스퍼라제 (EC 2.5.1.8)		
279	280	RXC01971	VV0105	4545	3715	테르페노이드의 대사에 관여하는 금속-의존성 하이드롤라제		
281	282	RXC02667	VV0017	31257	32783	테르페노이드의 대사에 관여하는 막단백질		

ABC-운반체

핵산		아미노산		활인 코드	코딩그	개시 NT	종결 NT	기능
지열 번호	지열 번호	지열 번호	지열 번호					
283	284	285	286	RXN01946	VV0228	2	1276	주정의 ABC운반체 ATP-결합 단백질 (AL021184) ABC운반체 ATP-결합 단백질 [Mycobacterium tuberculosis]
285	286	287	288	F RXA01946	GR00559	1849	575	주정의 ABC운반체 ATP-결합 단백질
287	288	289	289	RXN00164	VV0232	1782	94	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
289	290	291	292	F RXA00164	GR00025	1782	94	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
291	292	292	292	RXN00243	VV0057	28915	27899	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
293	294	293	294	F RXA00243	GR00037	930	4	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
295	296	295	296	RXA00259	GR00039	8469	6268	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
297	298	297	298	RXN00410	VV0086	51988	51323	근육-관련 운반 ATP-결합 단백질 GLNQ
299	300	299	300	F RXA00410	GR00092	829	164	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
301	302	301	302	RXN00456	VV0076	6780	8156	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
303	304	303	304	F RXA00456	GR00114	316	5	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
305	306	305	306	F RXA00459	GR00115	1231	245	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
307	308	307	308	RXN01604	VV0137	8117	7470	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
309	310	309	310	F RXA01604	GR00448	2	607	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
311	312	311	312	RXN02547	VV0057	27728	25888	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
313	314	313	314	F RXA02547	GR00726	22055	19932	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
315	316	315	316	RXN02571	VV0101	12331	13359	발트스/발트락스트린 운반 ATP-결합 단백질 MALK
317	318	317	318	F RXA02571	GR00736	1469	2497	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
319	320	319	320	RXN02074	VV0318	12775	11153	운반 ATP-결합 단백질 CYDD
321	322	321	322	F RXA02074	GR00628	5798	4176	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
323	324	323	324	RXA02095	GR00629	14071	15474	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
325	326	325	326	RXA02225	GR00652	3156	2275	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
327	328	327	328	RXA02253	GR00654	20480	21406	ABC 운반체의 P.G.R ATPase 서브유닛
329	330	329	330	RXN01881	VV0105	529	95	주정의 ABC운반체 ATP-결합 단백질
331	332	331	332	F RXA01881	GR00537	3092	3532	복제된 ATPase 도메인은 갖는 ABC운반체의 ATPase 성분
333	334	333	334	RXA00626	GR00136	1353	664	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
335	336	335	336	F RXA00733	VV0132	1647	2531	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
337	338	337	338	F RXA00733	GR00197	411	4	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
339	340	339	340	RXA00735	GR00198	849	181	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
341	342	341	342	RXA00878	GR00242	3733	1871	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
343	344	343	344	RXN01191	VV0169	10478	12067	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
345	346	345	346	F RXA01191	GR00341	1571	165	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
347	348	347	348	RXN01212	VV0169	3284	4207	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
349	350	349	350	F RXA01212	GR00350	1	813	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
352	352	352	352	RXA02749	GR00764	4153	5028	주정의 ABC운반체 ATP-결합 단백질
353	354	353	354	RXA02724	GR00652	2271	475	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
355	356	355	356	RXN01862	VV0229	1109	2638	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
357	358	357	358	RXN02515	VV0087	962	1717	주정의 ABC운반체 ATP-결합단백질
359	360	359	360	RXN00525	VV0079	26304	27566	주정의 ABC운반체 부과효소 단백질
361	362	361	362	RXN02096	VV0126	50944	22135	주정의 ABC운반체 부과효소 단백질
363	364	363	364	RXN00412	VV0086	52844	52844	주정의 아미노산 ABC운반체 ATP-결합 단백질
365	366	365	366	RXN02614	VV0313	5964	52170	주정의 아미노산 ABC운반체 부과효소 단백질
367	368	367	368	RXN02613	VV0313	5223	3536	탄수화물 운반 ATP-결합단백질 TADB
369	370	369	370	RXN02613	VV0313	5223	4267	탄수화물 운반 ATP-결합단백질 연구제

핵산		아미노산		확인 코드	콘타크	게시 NT	종결 NT	기능
지열 번호	지열 번호							
371	372	RXN00368	VW0226	2300	726	스펙다인/푸트레신 운반 ATP-결합 단백질 POTA		
373	374	F RXA00368	GR00076	1	579	스펙다인/푸트레신 운반 ATP-결합 단백질 POTA		
375	376	F RXA00370	GR00077	6	803	스펙다인/푸트레신 운반 ATP-결합 단백질 POTA		
377	378	RXN01285	VW0215	1780	1055	페릭셀테로바린 운반 ATP-결합 단백질 FEPC		
379	380	RXN00523	VW0194	1363	338	페릭셀테로바린 운반 단백질 FEPC		
381	382	RXN01142	VW0077	5805	6302	니트레이트 운반 ATP-결합 단백질 NRTD		
383	384	RXN01141	VW0077	4644	5468	니트레이트 운반 단백질 NRTA		
385	386	RXN01002	VW0106	8858	8055	포스포네이트 운반 ATP-결합 단백질 PHNC		
387	388	RXN01000	VW0106	7252	6407	포스포네이트 운반 시스템 푸라코소 단백질		
389	390	RXN01732	VW0106	9944	8895	포스포네이트 운반 ATP-결합 단백질 진구체		
391	392	RXN03060	VW0045	1670	2449	페릭셀테로바린 운반 ATP-결합 단백질 진구체		
393	394	RXN03061	VW0045	2476	2934	페릭셀테로바린 운반 ATP-결합 단백질 진구체		
395	396	RXN03082	VW0045	3131	3451			

다른 운반체

핵산		아미노산		확인 코드	콘타크	게시 NT	종결 NT	기능
지열 번호	지열 번호							
397	398	RXA02261	GR00654	30936	32291	암모늄 운반 시스템		
399	400	RXA02020	GR00613	1015	5	비행중 아미노산 운반 단백질 AROP		
401	402	RXA00261	GR00043	4721	5404	비스트라신 운반 ATP-결합 단백질 BCRA		
403	404	RXN00570	VW0147	855	4	벤조에이트 운반 단백질		
405	406	F RXA00570	GR00153	1	498	벤조에이트 운반 단백질		
407	408	RXN00571	VW0173	1298	42	벤조에이트 운반 단백질		
409	410	F RXA00571	GR00154	2	1186	벤조에이트 운반 단백질		
411	412	RXA00962	GR00268	2	667	벤조에이트 운반 단백질		
413	414	RXA02811	GR00792	177	560	벤조에이트 운반 단백질		
415	416	RXA02115	GR00635	2	1198	벤조에이트 운반 단백질		
417	418	RXN00590	VW0178	5043	6230	분지쇄 아미노산 운반 시스템 II 운반 단백질		
419	420	F RXA00590	GR00157	178	564	분지쇄 아미노산 운반 시스템 II 운반 단백질		
421	422	F RXA01538	GR00427	5040	5429	분지쇄 아미노산 운반 시스템 II 운반 단백질		
423	424	RXA01727	GR00489	1471	194	분지쇄 아미노산 운반 시스템 운반 단백질		
425	426	RXA00673	GR00163	6525	7862	C4-디카복실레이트 운반 단백질		
427	428	RXA01584	GR00441	85	597	크로메이트 운반 단백질		
429	430	RXA00862	GR00231	3137	2448	포말트 운반 ATP-결합 단백질 CBIO		
431	432	RXA00860	GR00181	1213	68	포말트 운반 단백질 CHIQ		
433	434	RXA00827	GR00223	1319	567	포말트 운반 단백질 CHIQ		
435	436	RXA00851	GR00231	2448	1840	포말트 운반 단백질 CHIQ		
437	438	RXS03220				D-글루코스포톤-삼포트		
439	440	F RXA02762	GR00768	346	630	D-글루코스포톤-삼포트		
441	442	RXN00092	VW0129	27509	26844	글루타민 운반 ATP-결합 단백질 GJNQ		
443	444	F RXA00092	GR00014	1	204	글루타민 운반 ATP-결합 단백질 GJNQ		
445	446	RXN03060	VW0030	6227	5376	글루타민 운반 ATP-결합 단백질 GJNQ		
447	448	F RXA02618	GR00745	1914	2351	글루타민 운반 ATP-결합 단백질 GJNQ		
449	450	F RXA02900	GR10040	2979	2128	글루타민 운반 ATP-결합 단백질 GJNQ		

해산 시열번호	이미노산 시열번호	환인 코드	콘버그	개시 NT	종결 NT	기능
451	452	RXSD3212	GR00446	3	947	글리신 페타인 운반체 BETP
453	454	F RXA01591	VV0096	197	6	글리신 페타인 운반체 BETP
455	456	RXNM00201	GR00032	191	6	고진화성 리보스 운반체 단백질 RBSD
457	458	F RXA00201	GR00034	2108	2833	고진화성 리보스 운반체 단백질 RBSD
459	460	RXA01221				글리신 페타인 운반체 BETP
461	462	RXA01222	GR00354	2844	3542	글리신 페타인 운반체 BETP
463	464	RXA01219	GR00354	151	1032	고진화성 리보스 운반체 단백질 RBSD
465	466	RXA01220	GR00354	1032	2108	고진화성 리보스 운반체 단백질 RBSD
467	468	RXA00091	GR00013	7762	8514	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
469	470	RXA00228	GR00032	29232	28642	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
471	472	RXA00346	GR00064	1054	1743	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
473	474	RXA00524	GR00135	779	1111	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
475	476	RXA01823	GR00516	591	1367	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
477	478	RXA02767	GR00770	1032	1814	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
479	480	RXA02792	GR00777	9581	7829	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
481	482	RXNM2829	VV0090	36837	32574	젤(III) 디스트레이트 운반 ATP-결합 단백질 PECE
483	484	F RXA01235	GR00358	1165	194	젤(III) 디스트레이트 운반 시스템 투과효소 단백질 PECD
485	486	RXNM2794	VV0134	10625	9552	젤(III) 디스트레이트 운반 시스템 투과효소 단백질 PECD
487	488	F RXA01419	GR00415	888	1151	젤(III) 디스트레이트 운반 시스템 투과효소 단백질 PECD
489	490	F RXA02794	GR00777	10172	9552	젤(III) 디스트레이트 운반 시스템 투과효소 단백질 PECD
491	492	RXNM3079	VV0045	644	1650	젤(III) 디스트레이트 운반 시스템 투과효소 단백질 PECD
493	494	F RXA02855	GR10007	3632	2816	젤(III) 디스트레이트 운반 시스템 투과효소 단백질 PECD
495	496	RXA00181	GR00028	3954	2383	프로틴 운반 시스템
497	498	RXA00591	GR00158	229	1581	프로틴/페타인 운반체
499	500	RXA01629	GR00453	3476	1965	프로틴/페타인 운반체
501	502	RVA02030	GR00618	3072	1687	단백질/페타인 운반체
503	504	RXA00186	GR00028	12242	12968	단백질/페타인 운반체
505	506	RXA00187	GR00028	13097	13447	단백질/페타인 운반체
507	508	RXA01667	GR00464	703	1908	소트/글루타미트-심포트 운반 단백질
509	510	RXA02171	GR00641	6571	4919	소트/글루타미트-심포트 운반 단백질
511	512	RXA00902	GR00245	4643	5875	소트/외진성 포스케이트 운반 단백질
513	514	RXA00941	GR00257	1999	683	소트/외진성 포스케이트 운반 단백질
515	516	RXNM0449	VV0112	30992	32572	소트/외진성 포스케이트 운반 단백질
517	518	F RXA00449	GR00109	2040	1036	소트/다카르복실레이트-심포트 단백질
519	520	F RXA01755	GR00498	352	5	소트/다카르복실레이트-심포트 단백질
521	522	RXA00269	GR00004	1826	1038	소트/다카르복실레이트-심포트 단백질
523	524	RXA00369	GR00628	583	1299	소트/다카르복실레이트-심포트 단백질
525	526	RXA02073	GR00409	4176	1	소트/다카르복실레이트-심포트 단백질
527	528	RXA01399	GR00389	8408	7164	소트/다카르복실레이트-심포트 단백질
529	530	RXA01339	GR00725	5519	6847	소트/다카르복실레이트-심포트 단백질
531	532	RXA02527	VV0176	40228	42072	2-옥소글루타미트/말레이트-트랜스퍼레이터 전구체
533	534	RXNM00298	GR00048	4459	6303	고진화성 암소 운반 단백질
535	536	F RXA02098				에트인/프롤린/글리신 페타인 운반 ccdP

표 lg

해산 시원 번호	아이노산 시원 번호	확인 코드	콘티그	개시 NT	종결 NT	기능
537	538	RXA00596	GR00159	335	787	칼슘 유충 시스템 단백질 phae
539	540	RXA02364	GR00686	841	215	C4-다카르복실레이트-결합 세포질 단백질 전구체, 운반 단백질
541	542	RXN01411	VV0050	26015	26779	사기메이트 운반체
543	544	RXN00960	VV0075	1139	105	프로토스플-글루타메이트 심포트 단백질
545	546	RXN02447	VV0107	14287	13203	칼라토스-프로토 심포트
547	548	RXN02395	VV0176	16747	14858	글리신 페타인 운반체 BPTP
549	550	RXN02348	VV0078	6027	7910	KUP 시스템 칼슘 수용 단백질
551	552	RXN00297	VV0178	39630	39641	숙성의 방로네이트 운반체
553	554	RXN03103	VV0070	845	1087	크로타메이트-결합 단백질 전구체
555	556	RXN02993	VV0071	736	65	크로타메이트-결합 단백질
557	558	RXN00349	VV0135	35187	35653	숙성의 트레할로스 운반 단백질
559	560	RXN00365	VV0057	4056	4424	카르복시 유충 시스템에서 단백질 동족체
561	562	RXN03160	VV0169	5150	5617	크로메이트 운반 단백질
563	564	RXN02995	VV0176	8666	9187	다카르복실레이트 운반체
565	566	RXN03109	VV0082	659	6	해인 운반 시스템 부속소 단백질 HMUO
567	568	RXN02979	VV0149	2150	2383	수은 운반 단백질 세포질 상분 전구체
569	570	RXN02987	VV0234	527	294	수은 운반 단백질 세포질 상분 전구체
571	572	RXN03084	VV0048	900	1817	철(III) 다이트레이트-결합 세포질 단백질 전구체
573	574	RXN03183	VV0372	1	417	트레할로스/말토스 결합 단백질
575	576	RXN01139	VV0077	2776	1823	양이온 운반 시스템 단백질 CZCD
577	578	RXN00378	VV0032	2	1903	양이온 운반 ATPase
579	580	RXN01338	VV0032	2	1903	양이온 운반 ATPase PACS (EC 3.6.1.-)
581	582	RXN00980	VV0149	2635	4428	양이온-운반 P-타입 ATPase B (EC 3.6.1.-)
583	584	RXN00099	VV0129	18876	17704	시아네이트 운반 단백질 CYNX
585	586	RXN02562	VV0315	1461	1724	다칼라트 운반 시스템 부속소 단백질 DPC
587	588	RXN02442	VV0217	5970	8818	아연-결합 세포질 단백질
589	590	RXN02443	VV0138	6686	7487	아연-결합 세포질 단백질 전구체
591	592	RXN00942	GR00228	3208	2009	분지쇄 아이노산 운반 시스템 운반 단백질 부속소
593	594	F RXA00642	GR00228	3208	2009	분지쇄 아이노산 운반 시스템 운반 단백질 부속소
595	596	RXN00632	VV0180	3133	4182	칼슘/프로브 아티포티
597	598	RXN00466	VV0086	63271	64266	페리크루 운반 단백질
599	600	RXN01936	VV0127	40116	41387	페리크루 운반 단백질
601	602	RXN01995	VV0182	2139	3476	숙성의 3-(3-리도복시페닐)프로피오네이트 운반 단백질
603	604	RXN00661	VV0142	9718	9029	PNUC 단백질

특과 효소

해산 시원 번호	아이노산 시원 번호	확인 코드	콘티그	개시 NT	종결 NT	기능
605	606	RXN02566	VV0154	11823	13031	뉴클레오시드 부속소 NUPG
607	608	F RXA02561	GR00732	664	5	뉴클레오시드 부속소 NUPG
609	610	F RXA02566	GR00733	782	345	뉴클레오시드 부속소 NUPG
611	612	RXA00061	GR00008	5770	7173	뉴클레오시드 부속소 NUPG
613	614	RXA01172	GR00334	2687	4141	조물린-특이적 부속소 PROY
615	616	RXA02128	GR00637	2906	4600	순케이트 부속소

핵심 시열 번호	아이비노산 시열 번호	확인 코드	콜타그	게시 NT	종결 NT	기능
617	618	RXA02634	GR00748	6045	7655	순웨이트 부파호소
619	620	RXN02233	VW0068	6856	8142	우라실 부파호소
621	622	F RLA02233	GR00653	6856	8067	우라실 부파호소
623	624	RXN02372	VW0213	9311	11197	크산틴 부파호소
625	626	F RXA02372	GR00688	6	560	크산틴 부파호소
627	628	F RXA02377	GR00689	3336	4626	크산틴 부파호소
629	630	RXA02676	GR00754	2697	1309	크산틴 부파호소
631	632	RXN00432	VW0112	14751	13267	크산틴 부파호소
633	634	F RXA00432	GR00100	1	891	NAC(+) -엠펙 D-알라닌 글리신 부파호소
635	636	F RXA00435	GR00101	45	589	NAC(+) -엠펙 D-알라닌 글리신 부파호소
637	638	RXA00947	GR00230	1829	381	NAC(+) -엠펙 D-알라닌 글리신 부파호소
639	640	RXN01382	VW0119	8670	9761	올리고펩티드-결합 단백질 APPA 접구제 (부파호소)
641	642	F RXA01382	GR00406	1067	8	올리고펩티드-결합 단백질 OPDA 접구제 (부파호소)
643	644	RXA02859	GR00753	2	313	올리고펩티드-결합 단백질 ODP 접구제 (부파호소)
645	646	RXN02833	VW0176	30042	29233	올리고펩티드-결합 단백질 DPC
647	648	RXN02891	VW0072	618	4	올리고펩티드-결합 단백질 GNT
649	650	RXN02892	VW0072	842	621	올리고펩티드-결합 단백질 GNT
651	652	RXN02896	VW0069	1980	2648	올리고펩티드-결합 단백질 GNT
653	654	RXN03128	VW0112	9894	9001	타이로신 전위 부파호소 단백질 TAG
655	656	RXN00443	VW0112	21572	20769	타이로신 전위 부파호소 단백질 TAG
657	658	RXN00444	VW0112	20785	19949	타이로신 전위 부파호소 단백질 TAG
659	660	RXN00193	VW0371	1	594	타이로신 전위 부파호소 단백질 TAG
661	662	RXN01298	VW0116	2071	1142	타이로신 전위 부파호소 단백질 TAG

핵심 단백질

핵심 시열 번호	아이비노산 시열 번호	확인 코드	콜타그	게시 NT	종결 NT	기능
663	664	RXA01737	GR00483	2913	3971	칼슘 채널 단백질
665	666	RXN02348	VW0078	6027	7910	KUP 시스템 칼슘 수용 단백질
667	668	RXA02426	GR00707	2165	633	칼슘 채널 단백질
669	670	RXN03164	VW0277	1586	2455	칼슘 채널 단백질
671	672	RXN00024	VW0127	64219	63275	칼슘 채널 단백질
리포단백질 및 리포폴리사카라이드 합성						
핵심 시열 번호	아이비노산 시열 번호	확인 코드	콜타그	게시 NT	종결 NT	기능
673	674	RXN01164	VW0117	15894	14260	폴리플로포스페이트 환노신트렌스페라제 (EC 2.4.1.83) /
675	676	RXN01168	VW0117	14224	13415	아포리포단백질 N-아실트렌스페라제 (EC 2.3.1.-) /

표 2a

제외 유전자			
셀렉크 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-글루탐메이트 라세미제	
AB023377	tki	트랜스케틀라제	
AB024708	gluB; gluD	글루타민 2-옥소글루탐메이트 아미노 트랜스퍼라제 큰 서브유닛 및 작은 서브유닛	
AB024724	acn	아코니타제	
AB027714	rep	복제 단백질	
AB027715	rep; aad	복제 단백질; 아미노글리코사이드 아테닐트랜스퍼라제	
AF005242	argC	N-이세틸글루탐메이트-5-세미알데하이드 디하이드로게나제	
AF005635	glnA	글루타민 산탈라제	
AF030405	hisF	시클라제	
AF030520	argG	아르기노수시네이트 산탈라제	
AF031518	argF	오르니틴 카르바모일트랜스퍼라제	
AF036932	arcD	3-디하이드로퀴네이트 디하이드라타제	
AF038548	pyc	피루베이트 카복실라제	

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- 이미디올카르복시아미드 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 다히드로게나제	
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	테트라히드로다피콜린네이트 숙시닐라제 (불완전)	Wehrmann, A. et al. "Different modes of diaminopimelate synthesis and their role in cell wall integrity: A study with Corynebacterium glutamicum." <i>J. Bacteriol.</i> , 180(12):3159-3165 (1998)
AJ007732	ppc; secG; amt; ocd; soxA	포스포에놀피루베이트 키르복실라제;? 고전화성 암모늄 수용 단백질; 오르니틴-시클로헥시몬복합체로 추정; 시코신 옥시다제	
AJ010319	ftsY, glnB, glnD; srp; amtP	세포 분열 관련: P11 단백질; 유리달릴트레아세라제 (유리달릴- 계기 효소); 진호 안지 입자; 거친화성 암모늄 흡수 단백질	Jakoby, M. et al. "Nitrogen regulation in Corynebacterium glutamicum; Isolation of genes involved in biochemical characterization of corresponding proteins." <i>FEMS Microbiol.</i> , 173(2):303-310 (1999)
AJ132968	cat	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 Corynebacterium glutamicum." <i>Eur. J. Biochem.</i> , 254(2):395-403 (1998)
AJ238230	ndh	NADH 디히드로게나제	
AJ238703	porA	포린	Lichtinger, T. et al. "Biochemical and biophysical characterization of the cell wall porin of Corynebacterium glutamicum: The channel is formed by a low molecular mass polypeptide." <i>Biochemistry</i> , 37(43):15024-15032 (1998)
DI7429		전위 요소 IS31831	Vertes et al. "Isolation and characterization of IS31831, a transposable element from Corynebacterium glutamicum." <i>Mol. Microbiol.</i> , 11(4):739-746 (1994)
D84102	odhA	2-옥소글루타레이트 디히드로게나제	Usuda, Y. et al. "Molecular cloning of the Corynebacterium glutamicum (Brevibacterium lactofermentum AJ12036) odhA gene encoding a novel type of 2-oxoglutarate dehydrogenase." <i>Microbiology</i> , 142:3347-3354 (1996)
E01358	hdb; hk	호모세린 디히드로게나제 호모세린 키나제	Kasumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine." Patent: JP 1987232392-A 1 10/12/87
E01359		호모세린 키나제 유전자의 계서 코돈 상동	Kasumata, R. et al. "Production of L-threonine and L-isoleucine." Patent: JP 1987232392-A 2 10/12/87
E01375		트립토판 오페론	
E01376	trpL, trpE	리더 펩티드; 안트라닐레이트 신타제	Maisui, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan." Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87

E01377		트립토판 오페론의 프로모터 및 오퍼레이터 영역	Matsu, K. et al. "Tryptophan operon, peptide and protein coded thereby, utilization of tryptophan operon gene expression and production of tryptophan," Patent: JP 1987244382-A 1 10/24/87
E03937		비오틴-신타제	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment containing gene capable of coding biotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992278088-A 1 10/02/92
E04040		디아미노 페라로닌 아미노트랜스페라제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and deshydrobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04041		테스타오비오틴신타제	Kohama, K. et al. "Gene coding diaminopelargonic acid aminotransferase and deshydrobiotin synthetase and its utilization," Patent: JP 1992330284-A 1 11/18/92
E04307		플러움 아스파르타제	Kurusu, Y. et al. "Gene DNA coding aspartase and utilization thereof," Patent: JP 1993030977-A 1 02/09/93
E04376		아소시트르산 라이아제	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04377		아소시트르산 라이아제 N-말단 단원	Katsumata, R. et al. "Gene manifestation controlling DNA," Patent: JP 1993056782-A 3 03/09/93
E04484		프레페네이트 디하이드라타제	Sotouchi, N. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation," Patent: JP 1993076352-A 2 03/30/93
E05108		아스파르토키나제	Fugono, N. et al. "Gene DNA coding Aspartokinase and its use," Patent: JP 1993184366-A 1 07/27/93
E05112		디하드로-디피코라네이트 신타타제	Hatakeyama, K. et al. "Gene DNA coding dihydrodipicolinic acid synthetase and its use," Patent: JP 1993184371-A 1 07/27/93
E05776		디아미노페팔산 디하드로케나제	Kobayashi, M. et al. "Gene DNA coding Diaminopimelic acid dehydrogenase and its use," Patent: JP 1993284970-A 1 11/02/93
E05779		트레오닌 신타제	Kohama, K. et al. "Gene DNA coding threonine synthase and its use," Patent: JP 1993284972-A 1 11/02/93
E06110		프레페네이트 디하이드라타제	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06111		프레페네이트 디하이드라타제 돌연변이	Kikuchi, T. et al. "Production of L-phenylalanine by fermentation method," Patent: JP 1993344881-A 1 12/27/93
E06146		아세토하이드록시산 신타타제	Inui, M. et al. "Gene capable of coding Acetylhydroxy acid synthetase and its use," Patent: JP 1993344893-A 1 12/27/93
E06825		아스파르토키나제	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94
E06826		아스파르토키나제 양파 시브뮤넨 돌연변이	Sugimoto, M. et al. "Mutant aspartokinase gene," patent: JP 1994062866-A 1 03/08/94

표 2e

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 신테타제 프로모터 영역	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08646		비오린 신테타제	Hatakeyama, K. et al. "DNA fragment having promoter function in coryneform bacterium," Patent: JP 1995031476-A 1 02/03/95
E08649		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		다이비노피엘렌 데카르복실라제	Madori, M. et al. "DNA fragment containing gene coding Diaminopimelic acid decarboxylase and utilization thereof," Patent: JP 1995075579-A 1 03/20/95
E12594		세린 히드록시메틸트랜스페라제	Hatakeyama, K. et al. "Production of L-tryptophan," Patent: JP 1997028391-A 1 02/04/97
E12760, E12759, E12758		트랜스포사제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12764		아르기닌 tRNA 신테타제; 다이비노피엘렌 데카르복실라제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12767		다이드로다피콜린 신테타제	Moriya, M. et al. "Amplification of gene using artificial transposon," Patent: JP 1997070291-A 03/18/97
E12770		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	Hatakeyama, K. et al. "Glucose-6-phosphate dehydrogenase and DNA capable of coding the same," Patent: JP 1997224661-A 1 09/02/97
L01508	ilvA	트레오닌 디하이드라타제	Moockel, B. et al. "Functional and structural analysis of the threonine dehydratase of <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>J. Bacteriol.</i> , 174:8065-8072 (1992)
L07603	EC 4.2.1.15	3-데옥시-D-아라비노헥스로스네이트-6-포스페이트 신타제	Chen, C. et al. "The cloning and nucleotide sequence of <i>Corynebacterium glutamicum</i> 3-deoxy-D-arabinotriphosphonate-7-phosphate synthase gene," <i>FEMS Microbiol. Lett.</i> , 107:223-230 (1993)
L09232	ilvB; ilvN; ilvC	이세토히드록시산 신타제 클 서브유닛; 이세토히드록시산 신타제 격은 서브유닛; 이세토히드록시산 이소머모리타제	Keilhauer, C. et al. "Isolate 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> ATCC21850 <i>trpD</i> gene." Thesis, Microbiology Department, University College Galway, Ireland.
U13922	<i>cgIIIM; cglIR; cIIgIR</i>	11형 5-시도신 메틸트랜스퍼라제로 추정: 11형 제한 엔도뉴클레아제로 엔도뉴클레아제로 추정	Schafer, A. et al. "Cloning and characterization of a DNA region encoding a stress-sensitive restriction system from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ATCC 13032 and analysis of its role in intergeneric conjugation with <i>Escherichia coli</i> ." <i>J. Bacteriol.</i> , 176(23):7309-7319 (1994); Schafer, A. et al. "The <i>Corynebacterium glutamicum</i> <i>cglIM</i> gene encoding a 5-cytosine in an McrBC-deficient <i>Escherichia coli</i> strain." <i>Gene</i> , 203(2):95-101 (1997)
U14965	<i>recA</i>		Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31224	<i>ppx</i>		Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31225	<i>proC</i>	L-프로린: NADP+ 5-옥시도리타제	Ankri, S. et al. "Mutations in the <i>Corynebacterium glutamicum</i> proline biosynthetic pathway: A natural bypass of the <i>proA</i> step." <i>J. Bacteriol.</i> , 178(15):4412-4419 (1996)
U31230	<i>obg; proB; unkdh</i>	?: 감마 글루탐일 키나제: 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 신합성	Serebriiskii, I.G., "Two new members of the bio B superfamily: Cloning, sequencing, and expression of bio B genes of <i>Methylobacillus flagellatum</i> and <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>Gene</i> , 175:15-22 (1996)
U35023	thrR, acbBC	티오설파이트 설파이트 트랜스퍼라제 : 아실 CoA 카복실라제	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	cipB	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 카복실라제	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-6-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 신합성효소 (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		Chiarotio, N. et al. "DNA sequence homology between att B-related sites of <i>Corynebacterium diphtheriae</i> , <i>Corynebacterium ulcerans</i> , <i>Corynebacterium glutamicum</i> , and the attP site of <i>lambdacorynephage</i> ," <i>FEBS. Microbiol. Lett.</i> , 66:299-302 (1990)
X54740	argS, lysA	아르기닌-tRNA 신합성효소 : 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 lambda dphCorynephage." <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, ppgk, tpi	글리세롤알데하이드-3-포스페이트; 포스포글리세레이트 키나제; 트라이오스포스페이트 이소머라제	Eikmanns, B.J. "Identification, sequence analysis, and expression of a <i>Corynebacterium glutamicum</i> gene cluster encoding the three glycolytic enzymes glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, 3-phosphoglycerate kinase, and triosephosphate isomerases." <i>J. Bacteriol.</i> 174(19):6076-6086 (1992)
X59404	gdh	글루탐페이트 디하이드로게나제	Bormann, E.R. et al. "Molecular analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> gdh gene encoding glutamate dehydrogenase." <i>Mol. Microbiol.</i> 6(3):317-326 (1992)
X60312	lysI	L-리이신 페미아제	Seep-Feldhaus, A.H. et al. "Molecular analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> lysI gene involved in lysine uptake." <i>Mol. Microbiol.</i> 5(12):2995-3005 (1991)
X6078	copI	PstI 단백질	Joliff, G. et al. "Cloning and nucleotide sequence of the cspI gene encoding PstI, one of the two major secreted proteins of <i>Corynebacterium glutamicum</i> : The deduced N-terminal region of PstI is similar to the Mycobacterium antigen 85 complex." <i>Mol. Microbiol.</i> 6(16):2349-2362 (1992)
X66112	glt	시트레이트 신타제	Eikmanns, B.J. et al. "Cloning sequence, expression and transcriptional analysis of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> gltA gene encoding citrate synthase." <i>Microbiol.</i> 140:1817-1828 (1994)
X6737	dapB	다히드로다파콜리나이트 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	

X70959	leuA	이소포로필라이트 신터제	Patel, M. et al. "L-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	GDHA	글루탐산에이트 디하이드로게나제 (NADP+)	
X75083, X70584	mtiA	5-메틸트립토폰 내성	Heery, D.M. et al. "A sequence from a tryptophan-hyperproducing strain of <i>Corynebacterium glutamicum</i> encoding resistance to 5-methyltryptophan," <i>Biochem. Biophys. Res. Commun.</i> , 201(3):125-1262 (1994)
X75085	recA		Fitzpatrick, R. et al. "Construction and characterization of recA mutant strains of <i>Corynebacterium glutamicum</i> and <i>Brevibacterium lactofermentum</i> ," <i>Appl. Microbiol. Biotechnol.</i> , 42(4):575-580 (1994)
X75504	aceA, thiX	부분적으로 이소시트레이트 라이아제:?	Reinscheid, D.J. et al. "Characterization of the isocitrate lyase gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> and biochemical analysis of the enzyme," <i>J. Bacteriol.</i> , 176(12):3474-3483 (1994)
X76875		ATP이제 베타-서브유닛	Ludwig, W. et al. "Phylogenetic relationships of bacteria based on comparative sequence analysis of elongation factor Tu and ATP-synthase beta-subunit genes," <i>Antonie Van Leeuwenhoek</i> , 64:285-305 (1993)
X77034	tuf	신장 인자 Tu	Ludwig, W. et al. "Phylogenetic relationships of bacteria based on comparative sequence analysis of elongation factor Tu and ATP-synthase beta-subunit genes," <i>Antonie Van Leeuwenhoek</i> , 64:285-305 (1993)
X77384	recA		Billman-Jacobe, H. "Nucleotide sequence of a recA gene from <i>Corynebacterium glutamicum</i> ," <i>DNA Seq.</i> , 4(6):403-404 (1994)
X78491	aceB	말레이트 신터제	Reinscheid, D.J. et al. "Malate synthase from <i>Corynebacterium glutamicum</i> pta-ack operon encoding phosphotransacetylase: sequence analysis," <i>Microbiology</i> , 140:3099-3108 (1994)
X80629	16S rDNA	16S 리보솜 RNA	Rainey, F.A. et al. "Phylogenetic analysis of the genera <i>Rhodococcus</i> and <i>Norcardia</i> and evidence for the evolutionary origin of the genus <i>Norcardia</i> from within the radiation of <i>Rhodococcus</i> species," <i>Microbiol.</i> , 141:523-528 (1995)
X81191	gluA, gluB, gluC, gluD	글루탐산에이트 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	숙시닐아미노노피멘레이트-데수시닐라제	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-글루타밀 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-글루타밀-포스페이트 리덕타제: 아세틸글루타미드 아미노트랜스퍼라제: 오픈리딘 카르바모일트랜스퍼라제: 글루타메이트 N-아세일트랜스퍼라제	Sakanyan, V. et al. "Genes and enzymes of the acetyl cycle of arginine biosynthesis in <i>Corynebacterium glutamicum</i> : enzyme evolution in the early steps of the arginine pathway," <i>Microbiology</i> , 142:99-108 (1996)
X89084	pta, ackA	포스페이트 아세일트랜스퍼라제: 아세타이트 키나제	Reinscheid, D. J. et al. "Cloning, sequence analysis, expression and inactivation of the <i>Corynebacterium glutamicum</i> pta-ack operon encoding phosphotransacetylase and acetate kinase," <i>Microbiology</i> , 145:503-513 (1999)
X89850	attB	부착 부위	Le Marrec, C. et al. "Genetic characterization of site-specific integration functions of phi AAU2 infecting 'Arthrobacter aureus C70,'" <i>J. Bacteriol.</i> , 178(7):1996-2004 (1996)
X90356		프로모터 단편 P1	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90357		프로모터 단편 P2	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90358		프로모터 단편 P10	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)
X90359		프로모터 단편 P13	Patck, M. et al. "Promoters from <i>Corynebacterium glutamicum</i> : cloning, molecular analysis and search for a consensus motif," <i>Microbiology</i> , 142:1297-1309 (1996)

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, xyfB	3-메틸-2-옥소부타노에이트-하이드록시메틸트랜스피라제: 피노에이트-메타-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 수송체 단백질	Peter, H. et al. "Corynebacterium glutamicum is equipped with four secondary carriers for compatible solutes. Identification, sequencing, and characterization of the proline/ectoine uptake system, ProP, and the ectoine/proline/glycine betaine carrier, EctP," <i>J. Bacteriol.</i> , 180(22):6005-6012 (1998)

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		부적 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	thtC	트레오닌 신타아제	Malumbres, M. et al. "Analysis and expression of the thtC 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, dxrR	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	플라븀 (flavum)	21474							
브레비박테리움	플라븀	21129							
브레비박테리움	플라븀	21518							
브레비박테리움	플라븀			B11474					
브레비박테리움	플라븀			B11472					
브레비박테리움	플라븀	21127							
브레비박테리움	플라븀	21128							
브레비박테리움	플라븀	21427							
브레비박테리움	플라븀	21475							
브레비박테리움	플라븀	21517							
브레비박테리움	플라븀	21528							
브레비박테리움	플라븀	21529							
브레비박테리움	플라븀			B11477					
브레비박테리움	플라븀			B11478					
브레비박테리움	플라븀	21127							
브레비박테리움	플라븀			B11474					
브레비박테리움	헤알리이 (healii)	15527							
브레비박테리움	케토글루타미쿰 (ketoglutamicum)	21004							
브레비박테리움	케토글루타미쿰	21089							
브레비박테리움	케토소레덕툼 (ketosoreductum)	21914							
브레비박테리움	락토펜툼 (latofermentum)				70				
브레비박테리움	락토펜툼				74				
브레비박테리움	락토펜툼				77				
브레비박테리움	락토펜툼	21798							
브레비박테리움	락토펜툼	21799							
브레비박테리움	락토펜툼	21800							
브레비박테리움	락토펜툼	21801							
브레비박테리움	락토펜툼			B11470					
브레비박테리움	락토펜툼			B11471					

<162>

표 3b

속 (Genus)	종 (species)	ATCC	FERM	NRRL	CECT	NCIMB	CBS	NCTC	DSMZ
브레비박테리움	락토펜트렌툼	21086							
브레비박테리움	락토펜트렌툼	21420							
브레비박테리움	락토펜트렌툼	21086							
브레비박테리움	락토펜트렌툼	31269							
브레비박테리움	리넨스(linens)	9174							
브레비박테리움	리넨스	19391							
브레비박테리움	리넨스	8377							
브레비박테리움	파라핀폴리티쿰 (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 (acetacidophilum)	21476							
코리네박테리움	아세트아시도필룸	13870							
코리네박테리움	아세트글루탐산 (acetoglutamicum)			B11473					
코리네박테리움	아세트글루탐산			B11475					
코리네박테리움	아세트글루탐산	15806							
코리네박테리움	아세트글루탐산	21491							
코리네박테리움	아세트글루탐산	31270							
코리네박테리움	아세트필룸 (acetophilum)			B3671					
코리네박테리움	암모니아게네스	6872						2399	
코리네박테리움	암모니아게네스	15511							
코리네박테리움	후지오킨세 (fujiokense)	21496							
코리네박테리움	글루탐산 (glutamicum)	14067							
코리네박테리움	글루탐산	39137							
코리네박테리움	글루탐산	21254							
코리네박테리움	글루탐산	21255							
코리네박테리움	글루탐산	31830							
코리네박테리움	글루탐산	13032							
코리네박테리움	글루탐산	14305							
코리네박테리움	글루탐산	15455							
코리네박테리움	글루탐산	13058							
코리네박테리움	글루탐산	13059							
코리네박테리움	글루탐산	13060							
코리네박테리움	글루탐산	21492							
코리네박테리움	글루탐산	21513							
코리네박테리움	글루탐산	21526							
코리네박테리움	글루탐산	21543							
코리네박테리움	글루탐산	13287							
코리네박테리움	글루탐산	21851							
코리네박테리움	글루탐산	21253							
코리네박테리움	글루탐산	21514							
코리네박테리움	글루탐산	21516							
코리네박테리움	글루탐산	21299							

<163>

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					

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 에스파뇰라 드 컬티보스 티보 (Coleccion Espanola de Cultivos Tipo, 스페인 발렌시아 소재)
 NCIMB: 내셔널 콜렉션 오브 인더스트리얼 앤드 마린 박테리아 리미티드 (National Collection of Industrial and Marine Bacteria Ltd., 영국 애버딘 소재)
 CBS: 센트라알비로 부르 쉬멜컬처스 (Centraalbureau voor Schimmelcultures, 네덜란드 바안 소재)
 NCTC: 내셔널 콜렉션 오브 타입 컬처스 (National Collection of Type Cultures, 영국 런던 소재)
 DSMZ: 도이치 잠룽 폰 미크로오르가니즘 언트 젤쿨투렌 (Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen, 독일 브라운슈바이크 소재)
 문헌 [Sugawara, H. et al. (1993) World directory of collections of cultures of microorganisms: Bacteria, fungi and yeasts (4th edn), World federation for culture collections world data center on microorganisms, Saimata, Japan] 참조.

번호	길이	게놈크리드	길이	승인 번호	게놈크리드의 명칭	정렬 결과	게놈크리드의 출처	상동성(%)	기탁일
	(nt)						(GAP)		
ra00051 1527	GB_HTG3:AC009685	210031	AC009685	Homo sapiens chromosome 15 clone 91_E_13 map 15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 27 unordered pieces	Homo sapiens	34.247	29-Sep-99		
	GB_HTG3:AC009685	210031	AC009685	Homo sapiens chromosome 15 clone 91_E_13 map 15, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 27 unordered pieces	Homo sapiens	34.247	29-Sep-99		
	GB_HTG7:AC009511	271896	AC009511	Homo sapiens clone RP11-860B13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 59 unordered pieces	Homo sapiens	35.033	09-DEC-1999		
ra00091 876	GB_BA1:D50453	146191	D50453	Bacillus subtilis DNA for 25-36 degree region containing the amyE-srfA region, complete cds.	Bacillus subtilis	54.452	10-Feb-99		
	GB_BA1:SC151	40745	AL109848	Streptomyces coelicolor cosmid 151.	Streptomyces coelicolor A3(2)	36.806	16-Aug-99		
	GB_BA1:EC00W83	338534	U14003	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes.	Escherichia coli	38.642	17-Apr-96		
ra00092 789	GB_BA1:SC151	45396	AL078610	Streptomyces coelicolor cosmid H35	Streptomyces coelicolor	49.934	4-Jun-99		
	GB_HTG3:AC011498_0	312343	AC011498	Homo sapiens chromosome 19 clone C17978SKB_50L17, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 190 unordered pieces	Homo sapiens	37.117	13-Dec-99		
	GB_HTG3:AC011498_0	312343	AC011498	Homo sapiens chromosome 19 clone C17978SKB_50L17, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 190 unordered pieces	Homo sapiens	37.117	13-Dec-99		
ra00104 879	GB_BA1:MTCV270	37586	Z95388	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 96/162	Mycobacterium tuberculosis	36.732	10-Feb-99		
	GB_PL2:T24M8	68251	AF077409	Arabidopsis thaliana BAC T24M8	Arabidopsis thaliana	37.150	3-Aug-98		
	GB_BA1:MTCV270	37586	Z95388	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 96/162	Mycobacterium tuberculosis	42.874	10-Feb-99		
ra00113 5745	GB_BA1:MAFASGEN	10520	X87822	B. ammoniagenes FAS gene	Corynebacterium ammoniagenes	68.381	03-OCT-1996		
	GB_BA1:BAFASAA	10549	X64795	B. ammoniagenes FAS gene	Corynebacterium ammoniagenes	57.259	14-OCT-1997		
	GB_BA1:MTCV159	33818	Z63863	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 111/162.	Mycobacterium tuberculosis	39.870	17-Jun-98		
ra00164 1812	GB_HTG2:HSJ1153D9	118360	AL109806	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-1153D9, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Homo sapiens	35.714	03-DEC-1999		
	GB_HTG2:HSJ1153D9	118360	AL109806	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-1153D9, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Homo sapiens	35.714	03-DEC-1999		
	GB_HTG2:HSJ1153D9	118360	AL109806	Homo sapiens chromosome 20 clone RP5-1153D9, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Homo sapiens	35.334	03-DEC-1999		
ra00181 1695	GB_BA1:CGPUTP	3791	Y09163	C. glutamicum purP gene	Corynebacterium glutamicum	100.000	8-Sep-97		
	GB_BA2:U32814	10393	U32814	Haemophilus influenzae Rd section 129 of 163 of the complete genome	Haemophilus influenzae Rd	36.347	29-MAY-1998		
	GB_BA1:CGPUTP	3791	Y09163	C. glutamicum purP gene	Corynebacterium glutamicum	37.454	8-Sep-97		
ra00186 870	GB_PR3:AC004843	136555	AC004843	Homo sapiens PAC clone DJ0512F12 from 7p12-p14, complete sequence.	Homo sapiens	37.315	5-Nov-98		

	GB_HTG2:HS74514	13309	AL033532	Homo sapiens chromosome 1 clone RP4.74514 map q23.1-24.3, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Homo sapiens	38,129	03-DEC-1999
	GB_HTG2:HS74514	13309	AL033532	Homo sapiens chromosome 1 clone RP4.74514 map q23.1-24.3, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Homo sapiens	38,129	03-DEC-1999
ra00187 474	GB_GSS10:AQ184082	506	AQ184082	HS_3216_A1_G08_T7 C1T Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3216 Col=15 Row=M, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,297	1-Nov-98
	GB_GSS1:ONS008ZZ	1101	AL052951	Drosophila melanogaster genome survey sequence 17 end of BAC # BACR18L01 of RPCL98 library from Drosophila melanogaster (fruit fly), genomic survey sequence.	Drosophila melanogaster	34,120	3-Jun-99
	GB_GSS10:AQ184082	506	AQ184082	HS_3216_A1_G08_T7 C1T Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3216 Col=15 Row=M, genomic survey sequence.	Homo sapiens	39,555	1-Nov-98
na00201 292	GB_PR3:HSJ824F16	139330	AL050325	Human DNA sequence from clone 824F16 on chromosome 20, complete sequence.	Homo sapiens	34,520	23-Nov-99
	GB_BA1:RCSECA	2724	X89411	R capsulatus DNA for secA gene	Rhodobacter capsulatus	38,163	6-Jan-96
	GB_EST34:AV122904	242	AV122904	AV122904 Mus musculus C57BL/6J 10-day embryo Mus musculus cDNA clone	Mus musculus	38,889	1-Jul-99
na00228 714	GB_EST15:AA486042	515	AA486042	ab40c08.t1 Stralagene HeLa cell s3 937216 Homo sapiens cDNA clone	Homo sapiens	37,500	06-MAR-1998
	GB_EST15:AA486042	515	AA486042	IMAGE 843278 5' mRNA sequence.	Homo sapiens	38,816	06-MAR-1998
	GB_PR2:CNS01D55	101584	AL121655	BAC sequence from the SPG4 candidate region at 2p21-2p22, complete	Homo sapiens	37,001	29-Sep-99
	GB_HTG3:AC011408	79332	AC011408	Homo sapiens clone C1978SKB_65D22. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 10 unordered pieces.	Homo sapiens	38,040	06-OCT-1999
	GB_HTG3:AC011408	79332	AC011408	Homo sapiens clone C1978SKB_65D22. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 10 unordered pieces.	Homo sapiens	38,040	06-OCT-1999
na00259 2325	GB_HTG1:CEY6ZE10	254217	AL031580	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y6ZE10. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	36,776	6-Sep-99
	GB_HTG1:CEY6ZE10	254217	AL031580	Caenorhabditis elegans chromosome IV clone Y6ZE10. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. in unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	36,776	6-Sep-99
	GB_PL2:YSCCHROM1	41988	L22015	Saccharomyces cerevisiae chromosome I centromere and right arm sequence.	Saccharomyces cerevisiae	39,260	05-MAR-1998
na00269 912	GB_HTG4:AC009974	219565	AC009974	Homo sapiens chromosome unknown clone NH045919, WORKING DRAFT SEQUENCE. in unordered pieces.	Homo sapiens	37,358	29-OCT-1999
	GB_HTG4:AC009974	219565	AC009974	Homo sapiens chromosome unknown clone NH045919, WORKING DRAFT SEQUENCE. in unordered pieces.	Homo sapiens	37,358	29-OCT-1999
na00281 766	GB_BA1:AB017508	32050	AB017508	Bacillus halodurans C-125 genomic DNA, 32 kb fragment, complete cds.	Bacillus halodurans	44,622	14-Apr-99
	GB_BA1:SC8	24700	AL033654	Streptomyces coelicolor cosmid E8	Streptomyces coelicolor	36,328	11-MAR-1999
	GB_BA1:SCU51332	3216	U51332	Streptomyces coelicolor histidine kinase homolog (absA1) and response regulator homolog (absA2) genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	39,089	14-Sep-96
	GB_HTG4:AC011122	187123	AC011122	Homo sapiens chromosome 8 clone 23.D_19 map 8, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 27 ordered pieces.	Homo sapiens	38,658	14-OCT-1999

ra000298	1968	GB_BA1:CGECTP	2719	AJ001436	Corynebacterium glutamicum ecfP gene	Corynebacterium glutamicum	100.000	20-Nov-98
		GB_BA1:CGECTP	2719	AJ001436	Corynebacterium glutamicum ecfP gene	Corynebacterium glutamicum	100.000	20-Nov-98
		GB_EST24:AI234006	432	AI234006	EST230694 Normalized rat lung, Bento Soares Rattus sp. cDNA clone RLUCU01.3' end, mRNA sequence.	Rattus sp.	46.552	31-Jan-99
ra000346	813	GB_BA1:SC2E9	20850	AL021530	Streptomyces coelicolor cosmid 2E9	Streptomyces coelicolor	43.267	28-Jan-98
		GB_BA1:SC981	24800	AL049727	Streptomyces coelicolor cosmid 981	Streptomyces coelicolor	44.613	27-Apr-98
		GB_BA1:ECU70214	123171	U70214	Escherichia coli chromosome minutes 4-6.	Escherichia coli	39.490	21-Sep-96
ra000368	1698	GB_BA2:AF065159	35209	AF065159	Bradyrhizobium japonicum putative arylsulfatase (arsA), putative soluble lytic transglycosylase precursor (slyA), dihydrodipicolinate synthase (dapA), MscL (mscL), SmpB (smpB), BopB (bopB), RmpO (rmpO), RelA/Spot homolog (relA), PdxJ (pdxJ), and acyl carrier protein synthase AcpS (acpS) genes, complete cds, prokaryotic type I signal peptidase Sipf (sipf) gene, sipf-sipS allele, complete cds, RNase III (rnc) gene, complete cds, GTP-binding protein Era (era) gene, partial cds, and unknown genes.	Bradyrhizobium japonicum	40.409	27-OCT-1999
		GB_BA1:AECHHT1	6861	DE3139	Aeromonas sp. gene for chitinase, complete and partial cds.	Aeromonas sp.	38.577	13-Feb-99
		GB_EST4:DE2996	314	DE2996	HUM347G018 Clontech human aorta polyA+ mRNA (#6572) Homo sapiens cDNA clone GEN-347G01.5' mRNA sequence.	Homo sapiens	41.613	29-Aug-95
ra000369	817	GB_BA1:YF102X8	119443	AL031866	Yersinia pestis 102 kbases unstable region: from 1 to 119443.	Yersinia pestis	35.396	4-Jan-98
		GB_GSS8:AC0012142	501	AC0012142	8750H1A037010398 Cosmid library of chromosome II Rhodobacter sphaeroides genomic clone 8750H1A037010398, genomic survey sequence.	Rhodobacter sphaeroides	54.800	4-Jun-98
		GB_HTG2:AC005081	180096	AC005081	Homo sapiens clone RG270D13. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 18 unordered pieces.	Homo sapiens	45.786	12-Jun-98
ra000410	769	GB_BA1:ATPLOC	8870	Z30328	A tumefaciens T1 plasmid pTlAc6s genes for OcrR, OcrG, OcrM, OcrP, OcrT, OcrB, OcrA and ornithine cyclodeaminase.	Agrobacterium tumefaciens	46.490	10-OCT-1994
		GB_BA2:U67591	9829	U67591	Methanococcus jannaschii section 133 of 190 of the complete genome.	Methanococcus jannaschii	45.677	28-Jan-98
		GB_BA1:TIPOCCOMPJ 4350	M86507		Plasmid pTlAc6 (from Agrobacterium tumefaciens) periplasmic-type octopine permease (occr, occQ, occM, occP, and occJ) and lysR-type regulatory protein (occr) genes, complete cds.	Plasmid pTlAc6	46.490	24-Apr-96
ra000419	882	GB_BA2:MSU46844	16951	U46844	Mycobacterium smegmatis catalase-peroxidase (katG), putative arabinosyl transferase (embC, embD, embB), genes complete cds and putative propionyl-coA carboxylase beta chain (pcdB) genes, partial cds.	Mycobacterium smegmatis	57.029	12-MAY-1997
		GB_EST28:AI513245	471	AI513245	GH13311.3bpme GH1 Drosophila melanogaster head POT2 Drosophila melanogaster cDNA clone GH13311.3bpme, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	37.696	16-MAR-1999
		GB_HTG4:AC010066	187240	AC010066	Drosophila melanogaster chromosome 3L/72d4 clone RQC98-2501. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 70 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	39.607	16-OCT-1999
ra000432	1608	GB_BA1:BSUBD015	218410	Z99118	Bacillus subtilis complete genome (section 15 of 21) From 2795131 to 3013540	Bacillus subtilis	49.810	26-Nov-97
		GB_PL1:CAC35A5	42565	AL033396	Candida albicans cosmid Ca35A5	Candida albicans	35.041	5-Nov-98
		GB_EST13:AA336266	378	AA336266	EST40981 Endometrial tumor Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.	Homo sapiens	39.733	21-Apr-97

4d

ra00570	882	GB_GSS12.AQ42451	563	ACQ22451	RPC1-11-185C3 TV RPC1-11 Homo sapiens genomic clone RPC1-11-185C3. genomic survey sequence.	Homo sapiens	38,767	23-MAR-1999
		GB_EST28.A1504741	568	A1504741	IMAGE 972384.3, similar to gb Z14044 M. musculus mRNA for valosin-containing protein (MOUSE). mRNA sequence.	Mus musculus	37,900	11-MAR-1999
		GB_EST18.AA712043	68	AA712043	w2910.t1 Barstead mouse myotubes MPLRB5 Mus musculus cDNA clone IMAGE:1182091.5' similar to gb.U05093 60S RIBOSOMAL PROTEIN L18A (HUMAN). mRNA sequence.	Mus musculus	42,647	24-DEC-1997
ra00571	1280	GB_BA1.MTCY78	33818	Z77165	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 145/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,468	17-Jun-98
		GB_PR3.ACO05788	36224	ACO05788	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R28652, complete sequence	Homo sapiens	36,911	06-OCT-1998
		GB_PR3.ACO05338	34541	ACO05338	Homo sapiens chromosome 19, cosmid R31646, complete sequence	Homo sapiens	36,911	30-Jul-98
ra00590	1288	GB_HTG6.ACO10932	203273	ACO10932	Homo sapiens chromosome 15, clone RP11-296E22 map 15, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 36 unordered pieces	Homo sapiens	37,242	30-Nov-99
		GB_HTG6.ACO10932	203273	ACO10932	Homo sapiens chromosome 15, clone RP11-296E22 map 15, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 36 unordered pieces	Homo sapiens	36,485	30-Nov-99
		GB_BA1.MSGB26CS	37040	L78816	Mycobacterium leprae cosmid B26 DNA sequence	Mycobacterium leprae	39,272	15-Jun-96
ra00591	1476	GB_IM1.CEK09E9	30098	Z79602	Caenorhabditis elegans cosmid K09E9, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	34,092	2-Sep-99
		GB_PR4.AF135802	4965	AF135802	Homo sapiens thyroid hormone receptor-associated protein complex component	Homo sapiens	36,310	9-Apr-99
		GB_PR4.AF104256	4365	AF104256	TRAP170 mRNA, complete cds. Homo sapiens transcriptional co-activator CRSP150 (CRSP150) mRNA, complete cds.	Homo sapiens	36,617	4-Feb-99
		GB_PR3.ACO04659	129577	ACO04659	Homo sapiens chromosome 19, CIT-HSP-87m17 BAC clone, complete	Homo sapiens	34,321	02-MAY-1998
		GB_PR3.ACO04659	129577	ACO04659	Homo sapiens chromosome 19, CIT-HSP-87m17 BAC clone, complete	Homo sapiens	35,739	02-MAY-1998
		GB_PR1.HUMCBP2	2047	D83174	Human mRNA for collagen binding protein 2, complete cds	Homo sapiens	40,404	6-Feb-99
ra00607	504	GB_BA1.MTV010	3400	AL021186	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 119/162.	Mycobacterium tuberculosis	40,862	23-Jun-99
		GB_BA1.MTV010	3400	AL021186	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 119/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,833	23-Jun-99
		GB_BA1.MTCY428	26914	Z81451	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 107/162.	Mycobacterium tuberculosis	60,552	17-Jun-98
		GB_BA1.RSPNGR234	34010	Z68203	Rhizobium sp. plasmid NGR234 DNA	Rhizobium sp.	51,992	8-Aug-96
		GB_BA2.AE000101	10057	AE000101	Rhizobium sp. NGR234 Plasmid pNGR234a, section 38 of 46 of the complete plasmid sequence.	Rhizobium sp. NGR234	51,992	12-DEC-1997
ra00681								
ra00690	1269	GB_HTG5.ACO08338	136885	ACO08338	Drosophila melanogaster chromosome X clone BACR30J04 (D908) RPC1-98 30 J4 map 19C-19E strain y, cn bw sp, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 93 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	35,341	15-Nov-99
		GB_HTG4.ACO09766	170502	ACO09766	Homo sapiens chromosome 11 clone 404_A_03 map 11, ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 27 unordered pieces.	Homo sapiens	37,984	19-OCT-1999

na00733	1008	GB_EST30.AU054038	245	AU054038	discoidium cDNA clone SLK472. mRNA sequence.	Dicystostelium discoidium	43,265	28-Apr-99
		GB_EST30.AU054038	245	AU054038	AU054038 Dicystostelium discoidium SL (H Urushihara) Dicystostelium discoidium cDNA clone SLK472. mRNA sequence.	Dicystostelium discoidium	43,265	28-Apr-99
na00735	692	GB_BA1.MTCY50	36030	Z77137	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 55/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,819	17-Jun-98
		GB_BA1.D90904	150894	D90904	Synechocystis sp. PCC6803 complete genome, 6/27, 630555-781448.	Synechocystis sp.	52,585	7-Feb-99
		GB_BA1.D90904	150894	D90904	Synechocystis sp. PCC6803 complete genome, 6/27, 630555-781448.	Synechocystis sp.	39,699	7-Feb-99
na00796	298	GB_GSS14.AG579838	651	AG579838	T135342b atoxigen sub-library of BAC clone 31P06 Medicago truncatula genomic clone 31-P-06-C-054, genomic survey sequence.	Medicago truncatula	37,153	27-Sep-99
		GB_PR4.ACO07625	174701	ACO07625	Genomic sequence of Homo sapiens clone 2314f2 from chromosome 18, complete sequence.	Homo sapiens	38,014	30-Jun-99
		GB_EST14.AA427576	580	AA427576	zmc4B04.s1 Soares, total, Tetus, Nu2HF8, 9w Homo sapiens cDNA clone IMAGE:773839, 3' similar to gb M86852 PEROXISOME ASSEMBLY FACTOR-1 (HUMAN); mRNA sequence.	Homo sapiens	42,731	16-OCT-1997
na00801	766	GB_BA1.MTV022	13025	AL021925	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 100/162.	Mycobacterium tuberculosis	59,350	17-Jun-98
		GB_RO.ACO02109	160048	ACO02109	Genomic sequence from Mouse 9, complete sequence.	Mus musculus	39,398	9-Sep-97
		GB_BA1.MTV022	13025	AL021925	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 100/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,842	17-Jun-98
na00802	837	GB_GSS14.AQ63349	642	AQ633349	HS_5335_BZ_A09_T7A RPC1-1 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=911 Col=18 Row=B, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,649	29-MAY-1999
		GB_BA1.DHCLPBA	2441	M52229	B. nodosus cdb8 gene encoding a regulatory subunit of ATP-dependent protease.	Dichelobacter nodosus	41,140	26-Apr-93
		GB_GSS3.B61538	698	B61538	T17M1717R TMAU Arabidopsis thaliana genomic clone T17M17, genomic survey sequence.	Arabidopsis thaliana	36,946	21-Nov-97
na00819	1452	GB_HTG3.ACO08691	110000	ACO08691	Homo sapiens chromosome 5 clone C17978SKB_63A22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 253 unordered pieces.	Homo sapiens	38,270	3-Aug-99
		GB_HTG3.ACO08691	110000	ACO08691	Homo sapiens chromosome 5 clone C17978SKB_63A22, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 253 unordered pieces.	Homo sapiens	38,270	3-Aug-99
		GB_HTG3.ACO09127	186591	ACO09127	Homo sapiens chromosome 16 clone RPC1-1, 499D10, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 49 unordered pieces.	Homo sapiens	38,947	3-Aug-99
na00821	966	GB_HTG1.HS32B1	271488	AL023693	Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-32B1, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Homo sapiens	36,565	23-Nov-99
		GB_HTG1.HS32B1	271488	AL023693	Homo sapiens chromosome 6 clone RP1-32B1, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** in unordered pieces.	Homo sapiens	36,565	23-Nov-99
		GB_PR3.ACO04919	75547	ACO04919	Homo sapiens PAC clone DJ0895B23 from UL, complete sequence.	Homo sapiens	34,346	19-Sep-98
na00827	876	GB_EST6.W06539	300	W06539	T2367 MWAT4 bloodstream form of serodene WRA1at1, 1 Trypanosoma brucei rhodesiense cDNA 5', mRNA sequence.	Trypanosoma brucei rhodesiense	40,000	12-Aug-96
		GB_PR4.ACO08179	181745	ACO08179	Homo sapiens clone NH05/5F01, complete sequence.	Homo sapiens	35,903	28-Sep-99

	GB_EST18AA710415	533	AA710415	W5308.r1 Barstead mouse irradiated colon MFLRB7. Mus musculus cDNA clone Mus musculus IMAGE:1166823.5', mRNA sequence.		41,562	24-DEC-1997	
ra00842	1323	GB_PIR2.ACO02379	118595	AC002379	Human BAC clone GS16504 from 7q21, complete sequence.	Homo sapiens	36,321	23-Jul-97
		GB_PIR2.ACO02379	118595	AC002379	Human BAC clone GS16504 from 7q21, complete sequence.	Homo sapiens	37,284	23-Jul-97
		GB_IN1.CEF02D8	31624	Z79411	Caenorhabditis elegans cosmid F02D8, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	38,163	23-Nov-98
ra00847	1572	GB_OV.XELRDS384	1209	L79915	Xenopus laevis rds/peripherin (rds38) mRNA, complete cds.	Xenopus laevis	36,044	30-Jul-97
		GB_HTG4.ACO07920	234529	AC007920	Homo sapiens chromosome 3q27 clone RPC11-208N14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	33,742	21-OCT-1999
		GB_HTG4.ACO07920	234529	AC007920	Homo sapiens chromosome 3q27 clone RPC11-208N14, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	33,742	21-OCT-1999
		GB_HTG2.ACO04064	185000	AC004064	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	39,833	9-Jul-98
ra00851	732	GB_HTG2.ACO04064	185000	AC004064	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	39,833	9-Jul-98
		GB_HTG2.ACO04064	185000	AC004064	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Homo sapiens	39,833	9-Jul-98
		GB_PIR3.HS.024F16	139330	AL050325	Human DNA sequence from clone 824F16 on chromosome 20, complete sequence.	Homo sapiens	39,833	23-Nov-99
ra00852	813	GB_HTG3.ACO10120	121582	ACO10120	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR22N13 (D1061) RPC1.98	Drosophila melanogaster	36,855	24-Sep-99
		GB_HTG3.ACO10120	121582	ACO10120	22.N.13 map 96F-96F strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***			
		GB_HTG3.ACO10120	121582	ACO10120	83 unordered pieces.			
		GB_HTG3.ACO10120	121582	ACO10120	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR22N13 (D1061) RPC1.98	Drosophila melanogaster	36,855	24-Sep-99
		GB_HTG3.ACO10120	121582	ACO10120	22.N.13 map 96F-96F strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***			
		GB_HTG2.ACO06898	299308	AC006898	Caenorhabditis elegans clone Y73B6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	36,768	24-Feb-99
ra00856		GB_HTG2.ACO06898	299308	AC006898	Caenorhabditis elegans clone Y73B6, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	36,768	24-Feb-99
		GB_BA1.STNM5DA	3986	L48550	Streptomyces coelicolor methylmalonic acid semialdehyde dehydrogenase (msdA) gene, complete cds.	Streptomyces coelicolor	63,743	09-MAY-1996
ra00870	1635	GB_PAT1.02043	713	192043	Sequence 10 from patent US 5726299	Unknown	38,850	01-DEC-1998
		GB_PAT1.02043	713	178754	Sequence 10 from patent US 5693781	Unknown	38,850	3-Apr-98
ra00875	690	GB_BA2.AF191715	549	AF119175	Escherichia coli isopenly dihydroshale isomerase (idi) gene, complete cds.	Escherichia coli	54,827	22-Apr-99
		GB_BA2.AE006372	12144	AE006372	Escherichia coli K-12 MG1655 section 262 of 400 of the complete genome.	Escherichia coli	51,416	12-Nov-98
		GB_BA1.ECU28375	55175	U28375	Escherichia coli K-12 genome, approximately 64 to 65 minutes	Escherichia coli	51,416	08-DEC-1995
ra00878	1986	GB_HTG2.ACO07472	114003	AC007472	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR30D19 (D587) RPC1.98	Drosophila melanogaster	36,592	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO07472	114003	AC007472	30.D.19 map 49E-49F strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***			
		GB_HTG2.ACO07472	114003	AC007472	79 unordered pieces.			
		GB_HTG2.ACO07472	114003	AC007472	Drosophila melanogaster chromosome 2 clone BACR30D19 (D587) RPC1.98	Drosophila melanogaster	36,592	2-Aug-99
		GB_HTG2.ACO06798	207370	AC006798	30.D.19 map 49E-49F strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***			
		GB_HTG2.ACO06798	207370	AC006798	79 unordered pieces.			
		GB_HTG2.ACO06798	207370	AC006798	Caenorhabditis elegans clone Y51F8, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Caenorhabditis elegans	36,699	25-Feb-99

4g

ra00880	1968	GB_EST14.H22888	468	H22888	ym54e12.1 Soares infant brain 1N18 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 52158 5' mRNA sequence.	Homo sapiens	37,179	6-Jul-95
		GB_GSS13.AQ426858	516	AQ426858	CTIB-E1-2578F.1 TF CTIB-E1 Homo sapiens genomic clone 2578F.1, genomic survey sequence.	Homo sapiens	38,447	24-MAR-1999
		GB_PRI.AB002335	6289	AB002335	Human mRNA for KIAA0337 gene, complete cds	Homo sapiens	35,739	13-Feb-99
ra00899	1389	GB_BA1.NGJ58849	2401	U58849	Neisseria gonorrhoeae pils6 silent pilus locus.	Neisseria gonorrhoeae	40,623	20-Jun-96
		GB_BA1.PLDHOS	3119	L06822	Plasmid pSA (from Escherichia coli) dihydrodipicolate synthase gene, 3' end.	Plasmid pSA	38,966	20-MAR-1996
		GB_BA1.PDGINTORF	6747	L06418	Integron Int7 (from Plasmid pDGO100 from Escherichia coli) integrase (int), aminoglycoside adenylyltransferase (aad), quaternary ammonium compound-resistance protein, dihydrodipicolate reductase (dhfrX), and dihydrodipicolate synthase (sulI) genes.	Plasmid pDGO100	38,966	20-MAR-1996
ra00902	1333	GB_GSS15.AQ606873	581	AQ606873	HS_5404_B2_H05_17A RPQ1-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=980 Col=10 Row=P, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,900	10-Jun-99
		GB_GSS9.AQ163442	658	AQ163442	nb00007A071 CUGI Rice BAC Library Oryza sativa genomic clone nb00007A071, genomic survey sequence.	Oryza sativa	41,885	12-Sep-98
		GB_PL1.PSS170	4974	X69213	P. sativum PsbU gene for heat-shock protein.	Pisum sativum	36,866	3-Jul-96
ra00931	969	GB_GSS1.FR025208	612	AL018047	F. rubripes GSS sequence, clone 14SD10A48, genomic survey sequence.	Figu rubripes	37,815	10-DEC-1997
		GB_GSS1.FR0021844	252	AL014715	F. rubripes GSS sequence, clone 068K22AG5, genomic survey sequence.	Figu rubripes	37,698	10-DEC-1997
		GB_GSS12.AQ403344	593	AQ403344	HS_2257_B1_B03_17C CIT Approved Human Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=2257 Col=5 Row=D, genomic survey sequence.	Homo sapiens	31,552	13-MAR-1999
ra00941	1440	GB_BA1.MTCY180	44201	Z97193	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 85/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,902	17-Jun-98
		GB_BA1.MTCY180	44201	Z97193	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 85/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,140	17-Jun-98
		GB_BA2.MSGKATG	1745	L14268	Mycobacterium tuberculosis ethyl methane sulphonate resistance protein (katG) gene, 3'end.	Mycobacterium tuberculosis	42,517	26-Aug-99
ra00962	689	GB_HTG6.AC010998	144338	AC010998	Homo sapiens clone RP11-951f6, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 17 unordered pieces.	Homo sapiens	39,487	08-DEC-1999
		GB_GSS1.GGA340111	990	AJ232089	Gallus gallus anonymous sequence from Cosmid mapping to chromosome 2 (Cosmid 34 - Contig 15), genomic survey sequence.	Gallus gallus	37,970	25-Aug-98
		GB_HTG6.AC010998	144338	AC010998	Homo sapiens clone RP11-951f6, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 17 unordered pieces.	Homo sapiens	38,226	08-DEC-1999
ra01060	1047	GB_BA1.ECTIN7	2280	AJ001816	Escherichia coli left end of transposon Trn1 including type 2 integron.	Escherichia coli	38,822	4-Nov-97
		GB_INZ.AF176377	8220	AF176377	Caenorhabditis briggsae CES-1 (ces-1) gene, complete cds, and CPN-1 (cpn-1) gene, partial cds.	Caenorhabditis briggsae	39,921	09-DEC-1999
		GB_GSS10.AQ196728	429	AQ196728	CIT-HSP-2381F4, TR CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2381F4, genomic survey sequence.	Homo sapiens	39,019	16-Sep-98
ra01067	852	GB_BA1.U00016	42931	U00016	Mycobacterium leprae cosmid B1937.	Mycobacterium leprae	58,303	01-MAR-1994
		GB_BA1.SYCGROESL	3256	D12677	Synechocystis sp. groES and groEL genes.	Synechocystis sp.	34,593	3-Feb-99
ra01114	1347	GB_BA1.D90905	139467	D90905	Synechocystis sp. PCC6803 complete genome, 7127, 781449-920915.	Synechocystis sp.	34,593	7-Feb-99
		GB_BA1.PSEFAOAB	3480	D10390	P. fragi faaA and faaB genes, complete cds.	Pseudomonas fragi	51,919	2-Feb-99

44

GB_BA1:AB014757	6057	AB014757	<i>Pseudomonas</i> sp. 61-3 genes for PhbK, acetylacetyl-CoA reductase, beta-ketothiolase and PHB synthase, complete cds.	<i>Pseudomonas</i> sp. 61-3	50,573	26-DEC-1998
GB_BA1:SC809	38681	AL035569	<i>Streptomyces coelicolor</i> cosmid 809	<i>Streptomyces coelicolor</i>	42,200	26-Feb-99
GB_EST11:AA244557	379	AA244557	mx07a01.r1 Soares mouse NML Mus musculus cDNA clone IMAGE 679464 5'.	Mus musculus	39,050	10-MAR-1997
GB_EST14:AA407673	306	AA407673	mRNA sequence.			
GB_EST26:AI390328	604	AI390328	EST101834 Mouse 7.5 dpc embryo ectoplacental cone cDNA library Mus musculus cDNA clone C0014F02.3; mRNA sequence	Mus musculus	38,562	26-Aug-98
GB_OV:XLXIN1	1278	X13138	mx07a01.y1 Soares mouse NML Mus musculus cDNA clone IMAGE 679464 5'.	Mus musculus	33,136	2-Feb-99
GB_PR4:AC006054	143738	AC006054	<i>Xenopus laevis</i> int-1 mRNA for int-1 protein	<i>Xenopus laevis</i>	40,038	31-MAR-1995
GB_PR4:AC006054	143738	AC006054	Homo sapiens Xq28 BAC RPC111-382P7 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	37,996	1-Apr-99
GB_PR4:AC006054	143738	AC006054	Homo sapiens Xq28 BAC RPC111-382P7 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	36,053	1-Apr-99
GB_BA1:SCE39	23550	AL049573	<i>Bacillus subtilis</i> genome, 'tnr1-leuA'BC region.	<i>Streptomyces coelicolor</i>	62,357	31-MAR-1999
GB_BA1:MSU50335	5193	U50335	<i>Mycobacterium smegmatis</i> phage resistance (rnp) gene, complete cds.	<i>Mycobacterium smegmatis</i>	37,853	1-Feb-97
GB_BA1:BACHTRTN	15467	DM4213	<i>Bacillus subtilis</i> genome, 'tnr1-leuA'BC region.	<i>Bacillus subtilis</i>	53,807	6-Feb-99
GB_PRZHS1191B2	60828	AL022237	Human DNA sequence from clone 1191B2 on chromosome 22q13.2-13.3	Homo sapiens	38,366	23-Nov-99
GB_PRZHS1191B2	60828	AL022237	Contains part of the BIK (NBK, BP4, BIP1) gene for BCL2-interacting killer (apoptosis-inducing), a 40S Ribosomal Protein S25 pseudogene and part of an alternatively spliced novel Acyl Transferase gene similar to C. elegans CS002.7. Contains ESTs, STSs, GSSs, two putative CpG islands and genomic marker DZ251151, complete sequence.	Homo sapiens	39,595	23-Nov-99
GB_PRZHS1191B2	60828	AL022237	Human DNA sequence from clone 1191B2 on chromosome 22q13.2-13.3	Homo sapiens	39,595	23-Nov-99
GB_PL1:ATY12776	38483	Y12776	Contains part of the BIK (NBK, BP4, BIP1) gene for BCL2-interacting killer (apoptosis-inducing), a 40S Ribosomal Protein S25 pseudogene and part of an alternatively spliced novel Acyl Transferase gene similar to C. elegans CS002.7. Contains ESTs, STSs, GSSs, two putative CpG islands and genomic marker DZ251151, complete sequence.	Homo sapiens	39,595	23-Nov-99
GB_PL2:ATT6K21	99643	AL021889	Arabidopsis thaliana DNA, 40 kb surrounding ACS1 locus.	Arabidopsis thaliana	35,273	16-Aug-99
GB_BA2:SCD25	41622	AL118514	<i>Streptomyces coelicolor</i> cosmid D25.	<i>Streptomyces coelicolor</i>	39,654	21-Sep-99
GB_BA1:SLGLYUB	2576	X65556	<i>S. lividans</i> (RNA-Gly) beta gene.	<i>Streptomyces lividans</i>	54,493	20-DEC-1993
GB_BA1:SCH10	39524	AL049754	<i>Streptomyces coelicolor</i> cosmid H10	<i>Streptomyces coelicolor</i>	44,638	04-MAY-1999
GB_PAT:A68024	520	A68024	Sequence 19 from Patent WO97/43409.	unidentified	42,553	05-MAY-1999
GB_PAT:A68025	193	A68025	Sequence 20 from Patent WO97/43409.	unidentified	43,229	05-MAY-1999
GB_PAT:A68027	193	A68027	Sequence 22 from Patent WO97/43409.	unidentified	38,342	05-MAY-1999

[illegible]

GB_HTG3.ACO06445	174547	AC006445	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 7	Homo sapiens	34,812	15-Sep-99
GB_BA1.BSUB0017	217420	Z99120	unordered pieces.			
GB_HTG3.ACO10580	121119	AC010580	Bacillus subtilis complete genome (section 17 of 21), from 3197001 to 3414420	Bacillus subtilis	37,802	26-Nov-97
			Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48J06 (D1102) RPO1-98	Drosophila melanogaster	35,637	01-Oct-1999
			48 J.6 map 96F-96F strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 71 unordered pieces.			
GB_HTG3.ACO10580	121119	AC010580	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR48J06 (D1102) RPO1-98	Drosophila melanogaster	35,637	01-Oct-1999
			48 J.6 map 96F-96F strain Y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 71 unordered pieces.			
GB_GSS8.ACO01809	705	AC001809	CIT-HSP-2290D17.TF CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2290D17, genomic survey sequence.	Homo sapiens	42,021	26-Jun-98
GB_GSS8.ACO01809	705	AC001809	CIT-HSP-2290D17.TF CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2290D17, genomic survey sequence.	Homo sapiens	40,323	26-Jun-98
GB_PL1.MGU60290	4614	U60290	Magnaporthe grisea nitrogen regulatory protein (NUT1) gene, complete cds.	Magnaporthe grisea	38,707	3-Jul-96
GB_HTG3.ACO11371	189187	AC011371	Homo sapiens chromosome 5 clone C1978SKB_107C20, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 31 unordered pieces.	Homo sapiens	39,741	06-Oct-1999
GB_HTG3.ACO11371	189187	AC011371	Homo sapiens chromosome 5 clone C1978SKB_107C20, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 31 unordered pieces.	Homo sapiens	39,741	06-Oct-1999
GB_HTG4.ACO09892	138122	AC009892	Homo sapiens chromosome 19 clone C1978SKB_83J4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 6 ordered pieces.	Homo sapiens	40,154	31-Oct-1999
GB_HTG4.ACO09892	138122	AC009892	Homo sapiens chromosome 19 clone C1978SKB_83J4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 6 ordered pieces.	Homo sapiens	40,154	31-Oct-1999
GB_PR3.ACO02416	128915	AC002416	Human Chromosome X, complete sequence.	Homo sapiens	37,521	29-Jan-98
GB_EST9.AA096601	524	AA096601	IMAGE 552473.5, similar to gb.L06505.605 RIBOSOMAL PROTEIN L12 (HUMAN); gb.L04280 Mus musculus ribosomal protein (MOUSE); mRNA	Mus musculus	40,525	15-Feb-97
GB_EST137.A1962114	626	A1962114	pat.ph0074.e61 f chicken activated T cell cDNA, Gallus gallus cDNA clone	Gallus gallus	37,785	15-Sep-99
GB_OV.GGU20766	1645	U20766	Gallus gallus vacuolar H+-ATPase B subunit gene, complete cds.	Gallus gallus	38,244	07-Dec-1995
GB_HTG2.ACO05690	193424	AC005690	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,464	11-Apr-99
GB_HTG2.ACO05690	193424	AC005690	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,464	11-Apr-99
GB_HTG2.ACO05690	193424	AC005690	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,464	11-Apr-99
GB_HTG2.ACO05690	193424	AC005690	Homo sapiens chromosome 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 7 unordered pieces.	Homo sapiens	37,464	11-Apr-99
GB_HTG1.CEY102G3_110000	AL020985	AL020985	Caenorhabditis elegans chromosome V clone Y102G3, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 1 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,488	23-Feb-99
GB_HTG1.CEY102G3_110000	AL020985	AL020985	Caenorhabditis elegans chromosome V clone Y102G3, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 1 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	37,488	23-Feb-99
GB_HTG1.CEY113G7_2511	AF030975	AF030975	Caenorhabditis elegans chromosome V clone Y113G7, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 1 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	35,437	3-Dec-98
GB_BAZ.AFO30975	2511	AF030975	Aeromonas salmonicida chaperonin GroES and chaperonin GroEL genes, complete cds.	Aeromonas salmonicida	35,437	12-Jan-99
GB_BAZ.AFO30975	2511	AF030975	Aeromonas salmonicida chaperonin GroES and chaperonin GroEL genes, complete cds.	Aeromonas salmonicida	41,516	2-Apr-98
GB_BAZ.AFO30975	2511	AF030975	Aeromonas salmonicida chaperonin GroES and chaperonin GroEL genes, complete cds.	Aeromonas salmonicida	38,171	2-Apr-98

ra01584	GB_EST122.A1068560	965	A1068560	mgae0003ac.11f Magnaporthe oryzae Aggressorium Shape cDNA Library	Pyrularia grisea	40.073	09-DEC-1999
ra01580	GB_GSS14.AQ554460	681	AQ554460	Pyrularia grisea cDNA clone mgae0003ac.11f.5; mRNA sequence.			
	GB_IN2.AC005449	85518	AC005449	RPCL1-1.419F2.TV RPCL1.1 Homo sapiens genomic clone RPCL1-1.419F2; genomic survey sequence.	Homo sapiens	36.522	28-MAY-1999
	GB_IN2.AC005449	85518	AC005449	Drosophila melanogaster, chromosome 2R, region 44C4-44C5; P1 clone	Drosophila melanogaster	36.609	23-DEC-1998
	GB_IN2.AC005449	85518	AC005449	DS06765, complete sequence.			
				Drosophila melanogaster, chromosome 2R, region 44C4-44C5; P1 clone	Drosophila melanogaster	33.612	23-DEC-1998
				DS06765, complete sequence.			
ra01604	GB_HTG3.AC011352	160167	AC011352	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_327F10; ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 15 unordered pieces.	Homo sapiens	33.688	06-OCT-1999
	GB_HTG3.AC011352	160167	AC011352	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_327F10; ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 15 unordered pieces.	Homo sapiens	33.688	06-OCT-1999
	GB_HTG3.AC011402	168868	AC011402	Homo sapiens chromosome 5 clone CIT9785X8_3885; ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 7 unordered pieces.	Homo sapiens	33.688	06-OCT-1999
ra01614	GB_BA1.CGA224946	2408	AJ224946	Corynebacterium glutamicum DNA for L-Malate quinone oxidoreductase.	Corynebacterium glutamicum	42.284	11-Aug-98
	GB_EST117.AA608825	439	AA608825	a03907.s1 Soares, testis, NHT Homo sapiens cDNA clone IMAGE:1030620.3 similar to TRG976083.G976083 HISTONE H2A RELATED 1; mRNA sequence.	Homo sapiens	40.092	02-MAR-1998
	GB_PR4.AC005377	102311	AC005377	Homo sapiens PAC clone DU1136G02 from 7q32-q34; complete sequence.	Homo sapiens	37.811	28-Apr-98
ra01629	GB_BA1.CGPR0PGEN.2936	Y12537	Y12537	C glutamicum prop gene.	Corynebacterium glutamicum	100.000	17-Nov-98
	GB_BA1.CGPR0PGEN.2936	Y12537	Y12537	C glutamicum prop gene.	Corynebacterium glutamicum	100.000	17-Nov-98
	GB_PR4.AF191071	88481	AF191071	Homo sapiens chromosome 8 clone BAC.388D06; complete sequence.	Homo sapiens	35.612	11-OCT-1999
ra01644	GB_BA1.MSGB57CO.37770	L01263	L01263	M leprae genomic dna sequence, cosmid 1577	Mycobacterium leprae	55.604	14-Jun-96
	GB_BA1.MLCB2407	35615	AL023586	Mycobacterium leprae cosmid B2407	Mycobacterium leprae	36.416	27-Aug-99
	GB_BA1.MTV025	121129	AL022121	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome; segment 155/162	Mycobacterium tuberculosis	55.844	24-Jun-99
ra01667	GB_BA1.CGU43536	3464	U43536	Corynebacterium glutamicum heat shock, ATP-binding protein (cnpB) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	100.000	13-MAR-1997
	GB_HTG4.AC009841	164434	AC009841	Drosophila melanogaster chromosome 3L/7E1 clone RPCL98-13F11; ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 70 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	33.205	16-OCT-1999
	GB_HTG4.AC009841	164434	AC009841	Drosophila melanogaster chromosome 3L/7E1 clone RPCL98-13F11; ... SEQUENCING IN PROGRESS ... 70 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	33.205	16-OCT-1999
ra01722	GB_GSS1.FR0022586	522	AL015452	F rubripes GSS sequence, clone 077P23a810; genomic survey sequence.	Fugu rubripes	40.192	10-DEC-1997
	GB_GSS1.FR0022584	485	AL015450	F rubripes GSS sequence, clone 077P23a811; genomic survey sequence.	Fugu rubripes	35.876	10-DEC-1997
	GB_IN1.CET26H2	37569	Z82055	Caenorhabditis elegans cosmid T26H2; complete sequence.	Caenorhabditis elegans	34.759	19-Nov-99

4m

na01727	1401	GB_BA2.CORCSL.VS	2821	M89931	Corynebacterium glutamicum beta C-5 (yaeD) and branched-chain amino acid uptake carrier (hmd) genes, complete cds, and hypothetical protein YhbW (yhbW) gene, partial cds.	Corynebacterium glutamicum	99,929	4-Jun-98
		GB_HTG6.ACO11037	167849	ACO11037	Homo sapiens clone RP11-7F18, WORKING DRAFT SEQUENCE, 19 unordered pieces.	Homo sapiens	36,903	30-Nov-99
		GB_HTG6.ACO11037	167849	ACO11037	Homo sapiens clone RP11-7F18, WORKING DRAFT SEQUENCE, 19 unordered pieces.	Homo sapiens	35,642	30-Nov-99
na01737	1182	GB_BA1.SCGD3	33779	AL096822	Streptomyces coelicolor cosmid GD3	Streptomyces coelicolor	38,054	8-Jul-99
		GB_HTG1.CNS01DSB	222183	AL121768	Homo sapiens chromosome 14 clone R-97GB16, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in ordered pieces.	Homo sapiens	35,147	05-OCT-1999
		GB_HTG1.CNS01DSB	222183	AL121768	Homo sapiens chromosome 14 clone R-97GB16, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , in ordered pieces.	Homo sapiens	35,147	05-OCT-1999
na01762	1659	GB_BA1.MTCJ28	36300	Z97050	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 10/162	Mycobacterium tuberculosis	49,574	23-Jun-98
		GB_BA1.SCGG10	36734	AL049497	Streptomyces coelicolor cosmid EG10	Streptomyces coelicolor	44,049	24-MAR-1999
		GB_BA1.SCE29	26477	AL035707	Streptomyces coelicolor cosmid E29	Streptomyces coelicolor	40,246	12-MAR-1999
na01764	1056	GB_PL2.SPAC343	42947	AL109739	S.pombe chromosome I cosmid C343.	Schizosaccharomyces pombe	37,094	6-Sep-99
		GB_PL2.SPAC343	42947	AL109739	S.pombe chromosome I cosmid C343.	Schizosaccharomyces pombe	34,890	6-Sep-99
na01801	1140	GB_EST38.AW06306	334	AW06306	687009D03.y1 687 - Early embryo from Delaware Zea mays cDNA, mRNA sequence.	Zea mays	46,108	12-OCT-1999
		GB_GSS13.AQ484750	375	AQ484750	RPC1.11.248N4.TV RPC1.11 Homo sapiens genomic clone RPC1.11.248N4, genomic survey sequence.	Homo sapiens	32,000	24-Apr-99
		GB_GSS13.AQ489971	252	AQ489971	RPC1.11.247N23.TV RPC1.11 Homo sapiens genomic clone RPC1.11.247N23, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,111	24-Apr-99
na01823	900	GB_BA1.SCI51	40745	AL109848	Streptomyces coelicolor cosmid I51	Streptomyces coelicolor	35,779	16-Aug-99
		GB_BA1.IECUB2598	136742	U82598	Escherichia coli genomic sequence of minutes 9 to 12	Escherichia coli	39,211	15-Jan-97
		GB_BA1.BSUB0018	209510	Z99121	Bacillus subtilis complete genome (section 18 of 21), from 3399561 to 3609060.	Bacillus subtilis	36,999	26-Nov-97
na01853	675	GB_BA1.MTCY227	35946	Z77724	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 11/4162.	Mycobacterium tuberculosis	37,612	17-Jun-98
		GB_HTG3.ACO10189	265962	ACO10189	Homo sapiens clone RPC111.296K13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 80 Homo sapiens unordered pieces.	Homo sapiens	39,006	16-Sep-99
		GB_HTG3.ACO10189	265962	ACO10189	Homo sapiens clone RPC111.296K13, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 80 Homo sapiens unordered pieces.	Homo sapiens	39,006	16-Sep-99
na01881	558	GB_HTG4.ACO11117	148447	ACO11117	Homo sapiens chromosome 4 clone 173_C_09 map 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 10 ordered pieces.	Homo sapiens	39,130	14-OCT-1999
		GB_HTG4.ACO11117	148447	ACO11117	Homo sapiens chromosome 4 clone 173_C_09 map 4, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** , 10 ordered pieces.	Homo sapiens	39,130	14-OCT-1999
		GB_BA1.MTCY2B12	20431	Z81011	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 61/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,893	18-Jun-98

五 $4n$

na02030	1509	GB_PR4:AC007695	63247	AC007695	Homo sapiens 12q24 BAC RPC11-124N23 (Roswell Park Cancer Institute Human BAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	38,681	1-Sep-99
		GB_PR4:AC006464	99908	AC006464	Homo sapiens BAC clone NH0436C12 from 2, complete sequence.	Homo sapiens	35,445	22-OCT-1999
		GB_PR4:AC006464	99908	AC006464	Homo sapiens BAC clone NH0436C12 from 2, complete sequence.	Homo sapiens	35,968	22-OCT-1999
na02073	1653	GB_BA1:CGGDHA	2037	X72855	C. glutamicum GDHA gene.	Corynebacterium	39,655	24-MAY-1993
		GB_BA1:CGGDH	2037	X59404	Corynebacterium glutamicum, gdh gen for glutamate dehydrogenase.	Corynebacterium glutamicum	44,444	30-Jul-99
		GB_BA2:SC2H4	25970	AL031514	Streptomyces coelicolor cosmid 2H4.	Streptomyces coelicolor A3(2)	38,452	19-OCT-1999
na02074								
na02095	1527	GB_EST18:AA703380	471	AA703380	z112006 s1 Soares, fetal liver, spleen, INFLS, S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 480033 3' similar to contains LTR5.13 LTR5 repetitive element., mRNA sequence.	Homo sapiens	36,518	24-DEC-1997
		GB_HTG6:AC009769	122911	AC009769	Homo sapiens chromosome 8 clone RP11-202112 map 8, LOW-PASS SEQUENCE SAMPLING.	Homo sapiens	35,473	07-DEC-1999
		GB_EST7:W70175	436	W70175	z052c02.11 Soares, fetal, heart, NBH19W Homo sapiens cDNA clone IMAGE 344258 5' similar to contains LTR5.12 LTR5 repetitive element., mRNA sequence.	Homo sapiens	34,174	16-OCT-1996
na02099	373	GB_BA1:CAJ10319	5368	AJ010319	Corynebacterium glutamicum amP, glnB, glnD genes and partial fisY and sip genes.	Corynebacterium glutamicum	100,000	14-MAY-1999
		GB_HTG3:AC011509	111353	AC011509	Homo sapiens chromosome 19 clone C1TB-H1_2189E23, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 35 unordered pieces.	Homo sapiens	33,423	07-OCT-1999
		GB_HTG3:AC011509	111353	AC011509	Homo sapiens chromosome 19 clone C1TB-H1_2189E23, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 35 unordered pieces.	Homo sapiens	33,423	07-OCT-1999
na02115	1197	GB_HTG5:AC010126	175986	AC010126	Homo sapiens clone GSS02802, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 3 unordered pieces.	Homo sapiens	36,717	13-Nov-99
		GB_HTG5:AC010126	175986	AC010126	Homo sapiens clone GSS02802, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 3 unordered pieces.	Homo sapiens	36,092	13-Nov-99
		GB_PRT1:HUMHM145	2214	D10925	Human mRNA for HM145.	Homo sapiens	39,171	3-Feb-99
na02128	1818	GB_BA1:MTCY190	34150	Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 98/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,682	17-Jun-98
		GB_BA1:MTCY190	34150	Z70283	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 98/162.	Mycobacterium tuberculosis	35,746	17-Jun-98
		GB_GSS10:AQ161109	738	AQ161109	nbkb0006D03r, CUGI Rice BAC Library Oryza sativa genomic clone nbkb0006D03r, genomic survey sequence.	Oryza sativa	38,482	12-Sep-98
na02133	329	GB_BA2:MPAE000058	28530	AEO00058	Mycoplasma pneumoniae section 58 of 63 of the complete genome.	Mycoplasma pneumoniae	32,317	18-Nov-96
		GB_HTG4:AC008308	151373	AC008308	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR10M16 (D743) RPC1.98 10 M, 16 map 93C-93D strain y, cn bw sp, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 186 unordered pieces.	Drosophila melanogaster	34,579	20-OCT-1999

	GB_HTG4:AC008308	151373	AC008308	Drosophila melanogaster chromosome 3 clone BACR10M16 (0743) RPC1-98	Drosophila melanogaster	34,579	20-OCT-1999
	GB_EST37:AW012260	358	AW012260	10 M 16 map 93C-93D strain Y. on bw sp. *** SEQUENCING IN PROGRESS ...			
ra02150 924	GB_EST37:AW012260	358	AW012260	186 unordered pieces.			
	GB_GSS3:BB7734	389	BB7734	unbed09.y1 Sugano mouse kidney nkla Mus musculus cDNA clone IMAGE 2182312.5 similar to SW:AMPL_BOVIN P00727 CYTOSOL AMINOPEPTIDASE ;, mRNA sequence.	Mus musculus	39,385	10-Sep-99
	GB_PR4:AC005042	192218	AC005042	RPC111-30024.TP RPC1-11 Homo sapiens genomic clone RPC1-11-30024, genomic survey sequence.	Homo sapiens	37,629	9-Apr-99
ra02171 1776	GB_BA2:AF010496	189370	AF010496	Homo sapiens clone NH0552E01, complete sequence.			
	GB_EST24:A1170522	367	A1170522	Rhodobacterium capsulatus strain SB-1003, partial genome.	Homo sapiens	36,901	14-Jan-99
	GB_PL1:PHVDLECA	1441	K03288	EST1216450 Normalized rat lung, Bemis Soares Rattus sp. cDNA clone RLU007/3 end, mRNA sequence.	Rhodobacter capsulatus	53,714	12-MAY-1998
	GB_BA1:CGGLTG	3013	X66112	P.vulgaris phytohemagglutinin gene encoding erythroagglutinating phytohemagglutinin (PHA-E), complete cds.	Rattus sp.	44,186	20-Jan-99
ra02173 1575	GB_BA1:CGGLTG	3013	X66112	C.glytanicum gII gene for citrate synthase and ORF.	Phaseolus vulgaris	39,103	27-Apr-93
	GB_BA1:CGGLTG	3013	X66112	C.glytanicum gII gene for citrate synthase and ORF.	Corynebacterium	44,118	17-Feb-95
	GB_BA2:AE000104	10146	AE000104	C.glytanicum gII gene for citrate synthase and ORF.	Corynebacterium	36,189	17-Feb-95
ra02224 1920	GB_BA2:CU21300	8990	U21300	Rhizobium sp. NGR234, plasmid pNGR234a, section 41 of 46 of the complete plasmid sequence.	Corynebacterium	38,487	12-DEC-1997
	GB_HTG3:AC009185	87184	AC009185	Corynebacterium strainum hypothetical protein YbhB gene, partial cds; ABC transporter TetB (yebB), ABC transporter TetA (yefA), transposase 23S RNA methyltransferase, and transposase genes, complete cds, and unknown genes.	Rhizobium sp. NGR234	37,264	9-Apr-99
	GB_HTG3:AC009185	87184	AC009185	Homo sapiens chromosome 5 clone CT-HSPC_248019, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 2 ordered pieces.	Corynebacterium strainum		
ra02225 905	GB_BA2:MPAC000058	28530	AE000058	Homo sapiens chromosome 5 clone CT-HSPC_248019, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***; 2 ordered pieces.			
	GB_EST26:A1337275	618	A1337275	Mycoplasma pneumoniae section 58 of 63 of the complete genome.	Homo sapiens	36,459	07-OCT-1999
	GB_EST26:A1337275	618	A1337275	Mycoplasma pneumoniae section 58 of 63 of the complete genome.	Myoplasma pneumoniae	36,459	07-OCT-1999
	GB_EST26:A1337275	618	A1337275	Myoplasma pneumoniae section 58 of 63 of the complete genome.	Myoplasma pneumoniae	36,459	07-OCT-1999
ra02233 1410	GB_BA1:ERWPNULB	1291	M65057	ib06111.x1 NC1_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 2062245.3 similar to TR:Q15392.Q15392 ORF, COMPLETE CDS ;, mRNA sequence.	Myoplasma pneumoniae	35,498	18-Nov-96
	GB_EST30:AV021947	313	AV021947	ib06111.x1 NC1_CGAP_Co16 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 2062245.3 similar to TR:Q15392.Q15392 ORF, COMPLETE CDS ;, mRNA sequence.	Homo sapiens	35,589	18-MAR-1999
	GB_EST33:AV087117	251	AV087117	Emilia carotovora pectin lyase (pnL) gene, complete cds.	Homo sapiens	42,786	18-MAR-1999
	GB_EST11:AA250210	532	AA250210	AV021947 Mus musculus 18-day embryo C57BL/6J Mus musculus cDNA clone 1190024M23, mRNA sequence.	Emilia carotovora	37,780	26-Apr-93
ra02253 1050	GB_EST11:AA250210	532	AA250210	AV087117 Mus musculus tongue C57BL/6J adult Mus musculus cDNA clone 2310020C15, mRNA sequence.	Mus musculus	39,423	28-Aug-99
	GB_EST11:AA250210	532	AA250210	mx79g10.1 Soares mouse MML Mus musculus cDNA clone IMAGE 692610.5 similar to TR:E236517.E236517 F44G4.1 ;, mRNA sequence.	Mus musculus	47,410	25-Jun-99
	GB_EST11:AA250210	532	AA250210	mx79g10.1 Soares mouse MML Mus musculus cDNA clone IMAGE 692610.5 similar to TR:E236517.E236517 F44G4.1 ;, mRNA sequence.	Mus musculus	36,136	12-MAR-1997
	GB_EST11:AA250210	532	AA250210	mx79g10.1 Soares mouse MML Mus musculus cDNA clone IMAGE 692610.5 similar to TR:E236517.E236517 F44G4.1 ;, mRNA sequence.	Mus musculus	36,202	12-MAR-1997

ra02261	1479	GB_BA1:CGLU0732	4460	AJ007732	Corynebacterium glutamicum 3' ppc gene, secG gene, amt gene, ocd gene and 5' sox4 gene	Corynebacterium glutamicum	100,000	7-Jan-99
		GB_BA1:CGAMTGENE 2028	X93513		C. glutamicum amt gene.	Corynebacterium glutamicum	100,000	29-MAY-1996
		GB_BA1:CORPEPC	4885	M25819	C. glutamicum phosphoenolpyruvate carboxylase gene, complete cds.	glutamicum	100,000	15-DEC-1995
ra02268	1023	GB_PL2:AF087130	3478	AF087130	Neurospora crassa siderophore regulation protein (sre) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,268	22-OCT-1998
		GB_EST30:AB63709	408	AB63709	uda7a06.y1 Soares mouse mammary gland NBMAG Mus musculus cDNA clone IMAGE 1448010 5' similar to TR 075585 075585 MITOGEN- AND STRESS-ACTIVATED PROTEIN KINASE-2 ; mRNA sequence	Mus musculus	41,523	10-MAY-1999
		GB_RO:AF074714	3120	AF074714	Mus musculus mitogen- and stress activated protein kinase-2 (mmsk2) mRNA, complete cds.	Mus musculus	38,347	24-OCT-1998
ra02269	1095	GB_GSS4:AQ742825	847	AQ742825	HS_5482_B2_A04_T7A RPC1:11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=1058 Col=8 Row=B, genomic survey sequence	Homo sapiens	37,703	16-Jul-99
		GB_HTG3:AC009293	162944	AC009293	Homo sapiens chromosome 18 clone 53_L06 map 18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 15 unordered pieces	Homo sapiens	37,006	13-Aug-99
		GB_HTG3:AC009293	162944	AC009293	Homo sapiens chromosome 18 clone 53_L06 map 18, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 15 unordered pieces	Homo sapiens	37,006	13-Aug-99
ra02309	1173	GB_BA1:MTY25010	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 28/162	Mycobacterium tuberculosis	52,344	17-Jun-98
		GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	52,344	03-DEC-1996
		GB_HTG2:AC007163	186618	AC007163	Homo sapiens clone NH0091M05, *** SEQUENCING IN PROGRESS *** 1 unordered pieces.	Homo sapiens	37,263	23-Apr-99
ra02310	1386	GB_BA1:MTY25010	40838	Z95558	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 28/162.	Mycobacterium tuberculosis	36,861	17-Jun-98
		GB_BA1:MSGY224	40051	AD000004	Mycobacterium tuberculosis sequence from clone y224.	Mycobacterium tuberculosis	36,861	03-DEC-1996
		GB_PR3:HSZ79N11	169998	Z98255	Human DNA sequence from PAC 279N11 on chromosome Xq11.2-13.3.	Homo sapiens	34,516	23-Nov-99
ra02321	1752	GB_BA1:AB018531	4961	AB018531	Corynebacterium glutamicum dlsR1 and dlsR2 genes, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,030	19-OCT-1998
		GB_PAT:E17019	4961	E17019	Brevibacterium lactofermentum dlsR and dlsR2 genes	glutamicum	98,973	28-Jul-99
		GB_BA1:AB018530	2855	AB018530	Corynebacterium glutamicum dlsR gene, complete cds.	glutamicum	99,030	19-OCT-1998
ra02335	1886	GB_BA1:CGU35023	3195	U35023	Corynebacterium glutamicum thiosulfate sulfurtransferase (thiR) gene, partial cds, acyl CoA carboxylase (acnBC) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	99,947	16-Jan-97
		GB_BA1:U00012	33312	U00012	Mycobacterium leprae cosmid B1308	glutamicum	40,247	30-Jan-96
		GB_BA1:MTCY71	42729	Z92771	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 141/162	Mycobacterium leprae	67,568	10-Feb-99
ra02364	750	GB_BA1:AP000006	319000	AP000006	Pyrococcus horikoshii OT3 genomic DNA, 1166001-1485000 nt, position (6/7)	tuberculosis	36,130	8-Feb-99
		GB_BA1:AP000006	319000	AP000006	Pyrococcus horikoshii OT3 genomic DNA, 1166001-1485000 nt, position (6/7)	Pyrococcus horikoshii	34,543	8-Feb-99

4q

ra02372	2010	GB_HTG3:AC011461	100974	AC011461	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_429L19. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 4 ordered pieces.	Homo sapiens	36,138	07-OCT-1999
		GB_HTG3:AC011461	100974	AC011461	Homo sapiens chromosome 19 clone CIT-HSPC_429L19. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 4 ordered pieces.	Homo sapiens	36,138	07-OCT-1999
		GB_EST17:AA92021	279	AA92021	cd56d1.s1 Soares, testis, NIH Homo sapiens cDNA clone IMAGE 1618848.3. Homo sapiens mRNA sequence.	Homo sapiens	41,219	3-Jun-98
ra02397	1119	GB_HTG4:AC009273	76175	AC009273	Arabidopsis thaliana chromosome 1 clone T1N6. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 2 ordered pieces.	Arabidopsis thaliana	38,566	12-OCT-1999
		GB_HTG4:AC009273	76175	AC009273	Arabidopsis thaliana chromosome 1 clone T1N6. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 2 ordered pieces.	Arabidopsis thaliana	38,566	12-OCT-1999
		GB_BA1:D90826	19493	D90826	E.coli genomic DNA, Kohara clone #335(40.9-41.3 min.)	Escherichia coli	39,600	21-MAR-1997
ra02424	723	GB_EST13:AA334108	275	AA334108	EST38262 Embryo, 9 week Homo sapiens cDNA 5' end, mRNA sequence.	Homo sapiens	38,603	21-Apr-97
		GB_PR3:AC005224	166887	AC005224	Homo sapiens chromosome 17, clone HRPK 214_O_1, complete sequence.	Homo sapiens	36,111	14-Aug-98
		GB_PR3:AC005224	166887	AC005224	Homo sapiens chromosome 17, clone HRPK 214_O_1, complete sequence.	Homo sapiens	33,427	14-Aug-98
ra02426	1656	GB_PAT:A06664	1350	A06664	B.stearothermophilus tci gene.	Bacillus	39,936	29-Jul-93
		GB_PAT:A04115	1361	A04115	B.stearothermophilus recombinant tci gene.	stearothermophilus	40,042	17-Feb-97
		GB_BA1:BACLDHL	1361	M14788	B.stearothermophilus tci gene encoding L-lactate dehydrogenase, complete cds.	Bacillus	40,338	26-Apr-93
ra02487	1827	GB_BA2:AF007101	32870	AF007101	Streptomyces hygroscopicus putative pteridine-dependent dioxygenase, PKS modules 1,2,3 and 4, and putative regulatory protein genes, complete cds and putative hydroxylase gene, partial cds.	Streptomyces hygroscopicus	43,298	13-Jan-98
		GB_BA1:MITC364	29540	Z93777	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 52/162.	Mycobacterium tuberculosis	44,352	17-Jun-98
		GB_BA2:AF119621	15986	AF119621	Pseudomonas abietaniphila BKME-9 DltI (dltI), dioxygenase DltA oxygenase component small subunit (dltA2), dioxygenase DltA oxygenase component large subunit (dltA1), DltH (dltH), DltG (dltG), DltF (dltF), DltR (dltR), DltE (dltE), DltD (dltD), aromatic dieneoxid ring-cleavage dioxygenase (dltC), DltB (dltB), and dioxygenase DltA ferredoxin component (dltA) genes, complete cds, and unknown genes.	Pseudomonas abietaniphila	43,611	28-Apr-99
ra02511	780	GB_PR4:AC002470	235395	AC002470	Homo sapiens Chromosome 22q11.2 BAC Clone b135b6 in BCRL2-GGT Region, complete sequence.	Homo sapiens	37,971	30-Nov-99
		GB_PR4:AC002472	147100	AC002472	Homo sapiens Chromosome 22q11.2 PAC Clone P_05 in BCRL2-GGT Region, complete sequence.	Homo sapiens	38,239	13-Sep-99
		GB_EST34:AI806938	118	AI806938	wf2407.x1 Soares, NFL_T GBC, S1 Homo sapiens cDNA clone IMAGE 2356501.3 similar to SWPLZF_HUMAN O05516 ZINC FINGER PROTEIN PLZF-1, mRNA sequence.	Homo sapiens	38,983	7-Jul-99
ra02512	1086	GB_BA1:MITC1A10	25949	Z95387	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 117/162.	Mycobacterium tuberculosis	37,407	17-Jun-98
		GB_BA1:MLC1581	36225	Z96801	Mycobacterium leprae cosmid L581	Mycobacterium leprae	43,193	24-Jun-97
		GB_OV:GUJ43396	2738	U43396	Gallus gallus topomoyxin receptor kinase A (crtkA) mRNA, complete cds.	Gallus gallus	38,789	18-Jan-96
ra02527	1452	GB_BA2:AF008220	22060	AF008220	Bacillus subtilis mB-dnaB genomic region.	Bacillus subtilis	37,395	4-Feb-98

4r

	GB_BA2:AF008220	22060	AF008220	Bacillus subtilis mfb-dnaB genomic region.	Bacillus subtilis	36,218	4-Feb-98
	GB_HTG2:AC005861	112389	AC005861	Arabidopsis thaliana clone F23B24. *** SEQUENCING IN PROGRESS ***	Arabidopsis thaliana	38,407	29-Apr-99
ra02547 2262	GB_PL1:AB006530	7344	AB006530	unoriented pieces.	Citruslus lanatus	35,449	20-Aug-97
	GB_PL1:CNASA	5729	D85624	Citruslus lanatus Sal gene for serine acetyltransferase, complete cds and 5'-flanking region.	Citruslus lanatus	35,449	6-Feb-99
	GB_PL1:AB006530	7344	AB006530	Citruslus vulgaris serine acetyltransferase (Sal) DNA, complete cds.	Citruslus lanatus	34,646	20-Aug-97
ra02566 1332	GB_EST32:AT727189	619	AT727189	flanking region	Gossypium hirsutum	35,099	11-Jun-99
	GB_BA1:CGPUPP	3791	Y09163	BMLGH7498 Six-day Cotton fiber Gossypium hirsutum cDNA 5' similar to (AB020715) KIAA0905 protein [Homo sapiens], mRNA sequence.	Corynebacterium glutamicum	38,562	8-Sep-97
	GB_PL2:SPAC13G6	33481	Z54308	C. glutamicum purP gene.	Schizosaccharomyces pombe	35,774	18-OCT-1999
ra02571 1152	GB_BA1:CGU43535	2531	UA3535	S. pombe chromosome I cosmid c13G6.	Corynebacterium glutamicum	41,872	9-Apr-97
	GB_EST35:AB87385	488	AB87385	Corynebacterium glutamicum multidrug resistance protein (cmr) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	39,139	26-Aug-99
	GB_BA1:CGU43535	2531	UA3535	wf56d3.x1 NC1_CGAP_Bin25 Homo sapiens cDNA clone IMAGE:2428828 3'. mRNA sequence.	Homo sapiens	38,552	9-Apr-97
ra02578 1227	GB_PL1:AB016871	79109	AB016871	Corynebacterium glutamicum multidrug resistance protein (cmr) gene, complete cds.	Corynebacterium glutamicum	34,213	20-Nov-99
	GB_PL1:AB025602	55790	AB025602	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, TAC clone: K16L22, complete sequence.	Arabidopsis thaliana	36,461	20-Nov-98
ra02581 1983	GB_IM1:CELF36H9	35985	AF016688	Arabidopsis thaliana genomic DNA, chromosome 5, BAC clone F14A1, complete sequence.	Caenorhabditis elegans	35,977	8-Aug-97
	GB_BA1:MTV005	37840	AL010186	Caenorhabditis elegans cosmid F36H9	Mycobacterium tuberculosis	38,517	17-Jun-98
	GB_BA1:MTV005	37840	AL010186	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 51/162.	Mycobacterium tuberculosis	39,173	17-Jun-98
ra02582 4953	GB_BA1:MTV026	23740	AL022076	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 51/162.	Mycobacterium tuberculosis	38,548	24-Jun-99
	GB_BA1:MTCY338	29372	Z74697	Mycobacterium tuberculosis H37Rv complete genome, segment 127/162.	Mycobacterium tuberculosis	46,263	17-Jun-98
	GB_BA1:SEERYAABS	20444	X62569	S. erythraea eyjA gene for 6-deoxyerythronolide B synthase II & III.	Saccharopolyspora erythraea	45,053	28-Feb-92
ra02583 1671	GB_BA2:AF113605	1593	AF113605	Streptomyces coelicolor propionyl-CoA carboxylase complex B subunit (prcB) gene, complete cds.	Streptomyces coelicolor	58,397	08-DEC-1989
	GB_BA1:SC1C2	42210	AL031124	Streptomyces coelicolor cosmid TC2	Streptomyces coelicolor	52,916	15-Jan-99
	GB_BA1:AB018531	4961	AB018531	Corynebacterium glutamicum dsrR1 and dsrR2 genes, complete cds	Corynebacterium glutamicum	58,809	19-OCT-1998
ra02599 600	GB_BA1:AEMML	2585	X59639	Rastonia eutropha mmlH, mmlI & mmlJ genes.	Rastonia eutropha	35,264	22-Jan-98

표 4t

		GB_EST15:AA508926	422	AA508926	MBACWIC08T3 Brugia malayi adult female cDNA (SAV96MLV-BMAF)	Brugia malayi	43,377	8-Jul-97
		GB_BA1:AEMLL	2585	X99639	Brugia malayi cDNA clone AFCWIC08.5', mRNA sequence			
		GB_BA1:SYNPOO	1964	X17439	Ralstonia eutropha mmH, mmL & mmU genes. Synchocystis ndhC, psbG genes for NDH-C, psbH-G and ORF157.	Ralstonia eutropha Synchocystis PCC6803	41,148 38,145	22-Jan-98 10-Feb-99
ra02634	1734	GB_GSS9:AO101527	184	AQ101527	HS_2285_A1_E11_MF CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=2285 Col=21 Row=1, genomic survey sequence	Homo sapiens	38,798	27-Aug-98
		GB_JN1:MNE133341	399	AJ133341	Melanaphys neitodes partial ccd gene, exons 1-2.	Melanaphys neitodes	39,098	2-Jun-99
ra02638	999	GB_BA2:AE001756	10938	AE001756	Thermotoga maritima section 68 of 136 of the complete genome.	Thermotoga maritima	40,104	2-Jun-99
		GB_GSS12:AO423878	689	AQ423878	CITBL-E1-2575E20.TF CITBL-E1 Homo sapiens genomic clone 2575E20.	Homo sapiens	36,451	23-MAR-1999
		GB_HTG2:AC006765	274498	AC006765	Caenorhabditis elegans clone Y43H11, *** SEQUENCING IN PROGRESS***, 7 unordered pieces.	Caenorhabditis elegans	39,072	23-Feb-99
ra02659	335	GB_EST36:AI900317	436	AI900317	scd4d2.v1 Gm-c1012 Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID:Gm-c1012-1165.5 similar to SW:PR56_SOLTU P54778 26S PROTEASE	Glycine max	41,566	06-DEC-1999
		GB_GSS12:AO342831	683	AQ342831	REGULATORY SUBUNIT 6B HOMOLOG., mRNA sequence			
		GB_EST36:AI900856	779	AI900856	RPCL1-1-122K17.TU RPCL-11 Homo sapiens genomic clone RPCL-1-1-122K17, genomic survey sequence.	Homo sapiens	34,762	07-MAY-1999
		GB_EST36:AI900856	779	AI900856	sp9sc11.Y1 Gm-c1012 Glycine max cDNA clone GENOME SYSTEMS CLONE ID:Gm-c1012-429.5 similar to SW:PR56_SOLTU P54778 26S PROTEASE	Glycine max	39,063	06-DEC-1999
					REGULATORY SUBUNIT 6B HOMOLOG., mRNA sequence.			
ra02676	1512	GB_JN2:CELB0213	39134	AF039050	Caenorhabditis elegans cosmid B0213.	Caenorhabditis elegans	35,614	2-Jun-99
		GB_GSS1:ONS00FZB	364	AL085157	Arabidopsis thaliana genome survey sequence Sfr6 end of BAC F10D11 of ICF library from strain Columbia of Arabidopsis thaliana, genomic survey sequence.	Arabidopsis thaliana	38,462	28-Jun-99
		GB_RO:RNITPR2R	10708	X61677	Rat TPR2 gene for type 2 inositol triphosphate receptor.	Rattus norvegicus	37,543	21-OCT-1991
		GB_RO:D89728	5002	D89728	Mus musculus mRNA for LOK, complete cds.	Mus musculus	38,829	7-Feb-99
ra02677	882	GB_GSS8:AO062004	362	AO062004	CIT-HSP-2346O14.TB CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2346O14, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,565	31-Jul-98
		GB_GSS14:AO555818	462	AO555818	HS_3C20C_BT_1_G06_SFR6 RPCL-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate=806 Col=11 Row=N, genomic survey sequence.	Homo sapiens	36,534	29-MAY-1999
ra02691	930	GB_JN1:DM9736	7411	AJ009736	Drosophila melanogaster Idelix retroelement, gag, pol and env genes, partial.	Drosophila melanogaster	36,522	19-Jan-99
		GB_PR4:AC004801	193561	AC004801	Homo sapiens 12q13.1 PAC RPCL-228P16 (Roswell Park Cancer Institute Human PAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	39,341	2-Feb-99
		GB_PR4:AC004801	193561	AC004801	Homo sapiens 12q13.1 PAC RPCL-228P16 (Roswell Park Cancer Institute Human PAC Library) complete sequence.	Homo sapiens	37,037	2-Feb-99
ra02718	1170	GB_EST34:AV132028	258	AV132028	Human PAC Library complete sequence.			
		GB_GSS10:AO240654	452	AO240654	AV132028 Mus musculus C57BL/6J 11-day embryo Mus musculus cDNA clone 2700087F01, mRNA sequence.	Mus musculus	43,529	1-Jul-99
		GB_GSS11:AO309500	576	AO309500	CIT-HSP-2385D24.TB1.1 CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2385D24, genomic survey sequence.	Homo sapiens	40,044	30-Sep-98
		GB_GSS11:AO309500	576	AO309500	CIT-HSP-2384D24.TFD CIT-HSP Homo sapiens genomic clone 2384D24, genomic survey sequence.	Homo sapiens	38,869	22-DEC-1998

4u

na02749	999	GB_BA2:AF086791	37867	AF086791	Zymomonas mobilis strain ZMA clone 67E10 carbanoylphosphate synthetase small subunit (carA), carbanoylphosphate synthetase large subunit (carB), transcription elongation factor (greA), enolase (eno), pyruvate dehydrogenase alpha subunit (pdhA), pyruvate dehydrogenase beta subunit (pdhB), ribonuclease H (rnh), homoserine kinase homolog, alcohol dehydrogenase II (adhB), and excinuclease ABC subunit A (uvrA) genes, complete cds, and unknown genes.	Zymomonas mobilis	39,024	4-Nov-98
na02767	906	GB_BA1:SYCSLR8 GB_BA2:AE001306 GB_BA2:AF126953	146271 13316 1638	D64000 AE001306 AF126953	Synechocystis sp. PCC6803 complete genome, 19/27 2392729-2538999. Chlamydia trachomatis section 33 of the complete genome. Corynebacterium glutamicum cystathionine gamma-synthase (metB) gene, complete cds.	Synechocystis sp. Chlamydia trachomatis Corynebacterium glutamicum	34,573 38,940 100,000	13-Feb-99 2-Sep-98 10-Sep-99
		GB_BA1:SC15 GB_PR3:HS90L6	6661 190837	AL079332 Z97353	Streptomyces coelicolor cosmid 15. Human DNA sequence from clone 90L6 on chromosome 22q11.21-11.23. Contains an RPL15 (60S Ribosomal Protein L15) pseudogene. ESTs, STSs and GSSs, complete sequence.	Streptomyces coelicolor Homo sapiens	37,486 34,149	16-Jun-99 23-Nov-99
na02792	876	GB_BA2:AF099015	5000	AF099015	Streptomyces coelicolor strain A3(2) integrase (int), Fe-containing superoxide dismutase II (soodf2), Fe uptake system permease (hfe), and Fe uptake system integral membrane protein (hhd) genes, complete cds.	Streptomyces coelicolor	36,721	1-Jun-99
		GB_BA1:ECOLW93 GB_HTG3:AC011361	338534 186148	U14003 AC011361	Escherichia coli K-12 chromosomal region from 92.8 to 00.1 minutes. Homo sapiens chromosome 5 clone CIT-HSPC_482N19, *** SEQUENCING IN PROGRESS ***. 69 unordered pieces.	Escherichia coli Homo sapiens	38,787 43,577	17-Apr-96 06-OCT-1999
na02794	1197	GB_PR4:AC005998 GB_PR4:AC006008 GB_PR3:HSDJ73H14	96556 57554 95556	AC005998 AC006008 AL080272	Homo sapiens clone D10622E21, complete sequence. Homo sapiens clone D10620A21, complete sequence. Human DNA sequence from clone 73H14 on chromosome Xq26.3-28, complete sequence.	Homo sapiens Homo sapiens Homo sapiens	37,298 36,638 39,726	29-Jul-99 17-Jun-99 23-Nov-99
na02809	375	GB_RO:MUSSPCTLT GB_RO:MUSGRC GB_RO:RNUSJ7062	3172 894 880	M22527 M16459 U57062	Mouse cytotoxic T lymphocyte-specific serine protease CCFII gene, complete cds. Mouse glycylglycine C serine esterase mRNA, complete cds. Rattus norvegicus natural killer cell protease 4 (RNKP-4) mRNA, complete cds.	Mus musculus Mus musculus Rattus norvegicus	47,518 44,939 41,554	19-Jan-96 12-Jun-93 31-Jul-96
na02811	484	GB_GSS5:AQ832862 GB_GSS5:AQ784593	476 515	AQ832862 AQ784593	HS_5261_A2_E10 SPFE RPCL-11 Human Male BAC Library Homo sapiens genomic clone Plate-837 ColE20 Row=1, genomic survey sequence. HS_3248_A2_F02_77C CIT Approved Human Genomic Sperm Library D Homo sapiens genomic clone Plate=3248 Col=4 Row=K, genomic survey sequence.	Homo sapiens Homo sapiens	35,610 38,956	27-Aug-99 3-Aug-99
		GB_GSS13:AQ473140 GB_EST18:AA696785	397 316	AQ473140 AA696785	CITBL-E1-Z58956, TF CITBL-E1 Homo sapiens genomic clone Z58956, genomic survey sequence.	Homo sapiens	34,761	23-Apr-99
na02836	678	GB_EST18:AA696785 GB_EST18:AA696785	316 316	AA696785 AA696785	GM08392, 5prime GM Drosophila melanogaster ovary BlueScript Drosophila melanogaster cDNA clone GM08392 5prime, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	40,604	28-Nov-98
		GB_EST18:AA696785	316	AA696785	GM08392, 5prime GM Drosophila melanogaster ovary BlueScript Drosophila melanogaster cDNA clone GM08392 5prime, mRNA sequence.	Drosophila melanogaster	38,281	28-Nov-98
na03212	1452	GB_BA1:CGBETPGEN GB_BA1:SCSF2A	2339 40105	X93514 AL049587	C glutamicum deIF gene. Streptomyces coelicolor cosmid 5F2A.	Corynebacterium glutamicum Streptomyces coelicolor	99,931 57,557	8-Sep-97 24-MAY-1999

표 4v

nc03220	725	GB_BA2AF008220	220660	AF008220	Bacillus subtilis rmb-dnaB genomic region	Bacillus subtilis	40,000	4-Feb-98
		GB_PL1CKHUP2	2353	X68855	C. kessleri HUP2 mRNA	Chlorella kessleri	45,328	17-Feb-97
		GB_EST36.AW048153	383	AW048153	U1-M:BH1-aiq-h-05-0-U1.s1 NIH_BMAP_M_S2 Mus musculus cDNA clone U1-M1	Mus musculus	41,758	18-Sep-99
		GB_PL1CKHUP2	2353	X68855	BH1-aiq-h-05-0-U1.3. mRNA sequence	Chlorella kessleri	38,106	17-Feb-97

<실시예>

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

BHI 배지 (Difco 제품) 중의 코리네박테리움 글루타미쿰 (ATCC 13032) 배양물을 30℃에서 격렬히 진탕시키면서 밤새 성장시켰다. 원심분리하여 세포를 회수하여 상층액은 버리고, 세포를 5 ml 완충액-I (배양물 처음 부피의 5%에 해당함-나타낸 모든 부피는 배양 부피 100 ml에 대해 계산한 값임) 중에 재현탁했다. 완충액-I의 조성은 다음과 같았다: 140.34 g/L 수크로스, 2.46 g/L MgSO₄ × 7 H₂O, 10 ml/L KH₂PO₄ 용액 (100 g/L, KOH를 사용하여 pH 6.7로 조정), 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 $\mu\text{g/ml}$ 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 원심분리로 12,000 rpm에서 30 분 동안 원심분리했다. 상기 DNA를 20 $\mu\text{g/ml}$ 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.

<191> 실시예 2: 대장균에서 코리네박테리움 글루타미쿰 ATCC13032의 게놈 라이브러리 제작

<192> 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.

<193> 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.

<194> 실시예 3: DNA 서열분석 및 컴퓨터를 이용한 기능 분석

<195> 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 677) 또는 5'-GTAAACGACGGCCAGT-3' (서열 678).

<196> 실시예 4: 생체내 돌연변이유발법

<197> 코리네박테리움 글루타미쿰의 생체내 돌연변이유발법은 완전한 유전 정보 유지 능력이 손상된 대장균 또는 다른 미생물 (예를 들면, 바실루스 종 (*Bacillus spp.*) 또는 사카로마이세스 세레비지에 (*Saccharomyces cerevisiae*) 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.

<198> 실시예 5: 대장균과 코리네박테리움 글루타미쿰 사이의 DNA 전달

<199> 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).

<200> 표준 방법을 사용하여, 관심 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.

<201> 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.

<202> 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, 억제자, 및(또는) 인핸서)을 변형하여 관심 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.

<203> **실시예 6: 돌연변이 단백질의 발현 평가**

<204> 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 산물로의 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, 관심 유전자에 결합하도록 고안하여 검출가능한 태그 (통상적으로 방사성 또는 화학발광성 태그)로 표지한 프라이머와 인큐베이션시켜, 상기 프로브의 결합 및 그 결합량이 상기 관심 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.

<205> 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.

<206> **실시예 7: 유전적으로 변형된 코리네박테리움 글루타미쿰의 성장-배지 및 배양 조건**

<207> 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 1 종 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.

<208> 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 프로토카테쿠에이트 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.

<209> 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.

<210> 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.

<211> 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.

<212> 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 조정) 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.

<213> **실시예 8: 돌연변이 단백질의 기능에 관한 시험관내 분석**

<214> 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].

<215> DNA에 결합하는 단백질 활성은 DNA 밴드-변위 분석법 (겔 지연 분석법 (gel retardation assays)으로 지칭되기도 함) 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.

<216> 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.

<217> **실시예 9: 원하는 생성물 생산에 대한 돌연변이 단백질의 영향 분석**

<218> 코리네박테리움 글루타미쿰에서의 유전적 변형이 원하는 화합물 (예를 들면, 아미노산)의 생산에 미치는 영향은 변형된 미생물을 적당한 조건 (예를 들면, 상기 기재한 바와 같음) 하에 배양하고, 원하는 생성물 (즉, 아미노산)의 생성 증가에 관여한 배지 성분 및(또는) 세포내 성분을 분석하여 평가할 수 있다. 이러한 분석 기술은 당업자에게 공지되어 있으며, 분광분석법, 박층크로마토그래피법, 각종 염색법, 효소적 및 미생물학적 방법, 및 고성능 액체 크로마토그래피법 등과 같은 분석용 크로마토그래피법 등이 있다 (예를 들면, 문헌 [Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol.A2, p.89-90 및 p.443-613, VCH: Weinheim (1985)], 문헌 [Fallon, A. et al., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, vol.17], 문헌 [Rehm et al. (1993) Biotechnology, vol.3, Chapter III: "Product recovery and purification", page 469-714, VCH: Weinheim], 문헌 [Belter, P.A. et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for biotechnology, John Wiley and Sons], 문헌 [Kennedy, J.F. and Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological materials, John Wiley and Sons], 문헌 [Shaeiwitz, J.A. and Henry, J.D. (1988) Biochemical separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, vol.B3, Chapter 11, page 1-27, VCH: Weinheim], 및 문헌 [Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications] 참조).

<219> 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.

<220> 실시예 10: 코리네박테리움 글루타미쿰 배양물로부터의 원하는 생성물 정제

<221> 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.

<222> 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.

<223> 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.

<224> 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].

<225> 실시예 11: 본 발명의 유전자 서열 분석

<226> 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, 워드LENGTH = 12의 NBLAST 프로그램으로 BLAST 뉴클레오타이드를 검색하여 본 발명의 MCT 핵산 분자에 상동성인 뉴클레오타이드 서열을 얻을 수 있다. 스코어 = 50, 워드LENGTH = 3의 XBLAST 프로그램으로 BLAST 단백질을 검색하여 본 발명의 MCT 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.

<227> 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.

<228> 또한, 2 개의 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. 2 개의 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.

<229> 당업계에서 공지된 기술을 사용하여 본 발명의 유전자 서열과 젠뱅크 (Genbank)의 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 뉴클레오티드 서열에 대해 BLASTN 분석 (예를 들면, 국소 정렬 분석)하고, 추가의 분석을 위해 상위 500 개의 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 3 개의 FASTA 히트 각각에 전반적으로 정렬했다. 정확한 결과를 얻기 위해서, 젠뱅크에서 선별한 서열들의 길이를 당업계에 공지된 방법을 사용하여 해당 서열의 길이에 맞춰 조정했다. 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.

<230> 실시예 12: DNA 미세배열체의 제작 및 시행

<231> 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.

<232> 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 (6800 개 이상) 핵산 발현의 동시 분석을 가능케한다 (예를 들면, 문헌 [Schna, M. (1996) BioEssays 18 (5):427-431] 참조).

<233> 본 발명의 서열은 중합효소 연쇄 반응 등의 핵산 증폭 반응으로 1 종 이상의 코리네박테리움 글루타미쿰 유전자의 한정된 영역을 증폭시킬 수 있는 올리고뉴클레오티드 프라이머의 고안에 이용될 수 있다. 5' 또는 3' 올리고뉴클레오티드 프라이머 또는 적절한 링커 (linker)의 선택 및 고안으로 PCR 산물을 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.

<234> 또한, 핵산 미세배열체는 문헌 [Wodicka, L. et al. (1997) Nature Biotechnology 15:1359-1367]에 기재된 바와 같이, 계내 올리고뉴클레오티드 합성법으로 제작될 수도 있다. 사진식판법 (photolithographic method)에 따라, 정확히 한정된 영역의 매트릭스를 빛에 노출시킨다. 이로써, 빛에 불안정한 보호기가 활성화되어 뉴클레오티드 첨가가 일어나지만, 빛이 차폐된 영역에는 어떠한 변형도 일어나지 않는다. 그 후의 보호 및 광 활성화 사이클에 의해 한정된 위치에서 상이한 올리고뉴클레오티드가 합성된다. 본 발명의 유전자의 작은 한정 영역을 미세배열체 상에서의 고상 올리고뉴클레오티드 합성법으로 합성할 수 있다.

<235> 샘플 또는 뉴클레오티드 혼합물에 존재하는 본 발명의 핵산 분자는 미세배열체와 혼성화할 수 있다. 이러한 핵산 분자들은 표준 방법에 따라 표지될 수 있다. 간략하게, 동위원소 또는 형광 표지한 뉴클레오티드를 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 [Schena, 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.

<236> 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.

<237> **실시예 13: 세포내 단백질 집단의 동력학(動力學) 분석 (프로테오믹스)**

<238> 본 발명의 유전자, 조성물, 및 방법을 '프로테오믹스 (proteomics)'라 지칭되는, 단백질 집단의 상호작용 및 동력학 연구에 적용할 수 있다. 관심 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.

<239> 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.

<240> *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.

<241> 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.

<242> 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.

<243> 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.

<244> **등가법**

<245> 당업자라면, 일상적인 실험 방법 뿐 아니라 본원에 기재한 본 발명의 특정 실시양태와 등가인 많은 실험 방법들

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

발명의 효과

<246>

본 발명은 다양한 용도를 갖는 신규 박테리아 핵산 분자를 제공한다. 이들은 정밀 화학물질의 생산에 사용될 수 있는 미생물의 확인; 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아에서의 정밀 화학물질의 생산 조절; 코리네박테리움 글루타미쿰 또는 관련 박테리아의 타이핑 또는 확인; 코리네박테리움 글루타미쿰의 계통을 맵핑하기 위한 기준점 및 형질전환용 마커로서의 용도로 사용된다. 이들 신규 핵산 분자는 본원에서 막 구성 및 막 운반 (MCT) 단백질로 불리는 단백질을 코딩한다.

서열 목록

SEQUENCE LISTING

<110> BASF Aktiengesellschaft

<120> CORYNEBACTERIUM GLUTAMICUM GENES ENCODING PROTEINS
INVOLVED IN MEMBRANE SYNTHESIS AND MEMBRANE
TRANSPORT

<130> BGI-125CPPC

<140> PCT/IB00/00926

<141> 2000-06-23

<150> US 60/141031

<151> 1999-06-25

<150> DE 19931454.3

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931478.0

<151> 1999-07-08

<150> DE 19931563.9

<151> 1999-07-08

<150> DE 19932122.1

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932124.8

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932125.6

<151> 1999-07-09

<150> DE 19932128.0
<151> 1999-07-09

<150> DE 19932180.9
<151> 1999-07-09

<150> DE 19932182.5
<151> 1999-07-09

<150> DE 19932190.6
<151> 1999-07-09

<150> DE 19932191.4
<151> 1999-07-09

<150> DE 19932209.0
<151> 1999-07-09

<150> DE 19932212.0
<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 19932927.3
<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 19940830.0
<151> 1999-08-27

<150> DE 19940831.9
<151> 1999-08-27

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

<150> DE 19940833.5
<151> 1999-08-27

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

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

<150> DE 19941395.9
<151> 1999-08-31

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

<150> DE 19942078.5
<151> 1999-09-03

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

<150> DE 19942088.2

<151> 1999-09-03

<160> 678

<210> 1

<211> 578

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(555)

<223> RXN03097

<400> 1

att tca gcc agt gca ggt gct ata ggt tgg tta att tta gaa tat att 48
Ile Ser Ala Ser Ala Gly Ala Ile Gly Trp Leu Ile Leu Glu Tyr Ile

1 5 10 15
ttt aaa aag acg aca agt tta ctt gga ctt tta ctc ggt gca tta gca 96
Phe Lys Lys Thr Thr Ser Leu Leu Gly Leu Leu Leu Gly Ala Leu Ala

20 25 30
gga tta gtt gtt att act cct gca gca gga tat gta aca tat ctt agt 144
Gly Leu Val Val Ile Thr Pro Ala Ala Gly Tyr Val Thr Tyr Leu Ser

35 40 45
gca aca ata atg gct tta ata gga ggt atc tgt tgt tat att gtc att 192
Ala Thr Ile Met Ala Leu Ile Gly Gly Ile Cys Cys Tyr Ile Val Ile

50 55 60
aat tac atc aag gta aaa cta aaa tat cat gat gca tta gat gca ttt 240
Asn Tyr Ile Lys Val Lys Leu Lys Tyr His Asp Ala Leu Asp Ala Phe

65 70 75 80
ggt att cat ggt gtt ggt ggt att att ggt gct gtt tta aca gca gtt 288
Gly Ile His Gly Val Gly Gly Ile Ile Gly Ala Val Leu Thr Ala Val

85 90 95
ttc caa agt aaa aaa gcc aat cct gac att gag aat ggc ttt att tat 336
Phe Gln Ser Lys Lys Ala Asn Pro Asp Ile Glu Asn Gly Phe Ile Tyr

100 105 110
act ggt gac ata cat att ata ctt gta caa ata tta tgt gta aca gca 384
Thr Gly Asp Ile His Ile Ile Leu Val Gln Ile Leu Cys Val Thr Ala

115 120 125
gtt gta att ttt agt atc gtc atg acg ttt att att gcg aaa gta att 432
Val Val Ile Phe Ser Ile Val Met Thr Phe Ile Ile Ala Lys Val Ile

130 135 140
aaa tta att aca cca tta tct gtt acg gaa caa gaa acg aat ata gga 480

Lys Leu Ile Thr Pro Leu Ser Val Thr Glu Gln Glu Thr Asn Ile Gly

145 150 155 160
tta gac aag att gtt cac ggt gaa cat gct tac ttt gaa ggt gag cta 528
Leu Asp Lys Ile Val His Gly Glu His Ala Tyr Phe Glu Gly Glu Leu

 165 170 175
aat aga ttc aat aaa cat att cga tat tagaatatat ttacatagaa tat 578
Asn Arg Phe Asn Lys His Ile Arg Tyr

 180 185

<210> 2
<211> 185
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 2
Ile Ser Ala Ser Ala Gly Ala Ile Gly Trp Leu Ile Leu Glu Tyr Ile
1 5 10 15

Phe Lys Lys Thr Thr Ser Leu Leu Gly Leu Leu Leu Gly Ala Leu Ala
 20 25 30

Gly Leu Val Val Ile Thr Pro Ala Ala Gly Tyr Val Thr Tyr Leu Ser
 35 40 45

Ala Thr Ile Met Ala Leu Ile Gly Gly Ile Cys Cys Tyr Ile Val Ile
 50 55 60

Asn Tyr Ile Lys Val Lys Leu Lys Tyr His Asp Ala Leu Asp Ala Phe
65 70 75 80

Gly Ile His Gly Val Gly Gly Ile Ile Gly Ala Val Leu Thr Ala Val
 85 90 95

Phe Gln Ser Lys Lys Ala Asn Pro Asp Ile Glu Asn Gly Phe Ile Tyr
 100 105 110

Thr Gly Asp Ile His Ile Ile Leu Val Gln Ile Leu Cys Val Thr Ala
 115 120 125

Val Val Ile Phe Ser Ile Val Met Thr Phe Ile Ile Ala Lys Val Ile
 130 135 140

Lys Leu Ile Thr Pro Leu Ser Val Thr Glu Gln Glu Thr Asn Ile Gly
145 150 155 160

Leu Asp Lys Ile Val His Gly Glu His Ala Tyr Phe Glu Gly Glu Leu
 165 170 175

Asn Arg Phe Asn Lys His Ile Arg Tyr
 180 185

<210> 3
<211> 373
<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(373)

<223> RXA02099

<400> 3

tagttagagc tggttcaagg ggtgtcaatc ccaaaaggca ctccttgaac tcatgaaaa 60
gcttgacaaa acttcaacgt caaaggaggt catccacgct atg ggt gca gat caa 115
Met Gly Ala Asp Gln

1 5
att gca gca gtc tcc ggc aat tca gct tgg atg ctg atg tcc gcg tgc 163
Ile Ala Ala Val Ser Gly Asn Ser Ala Trp Met Leu Met Ser Ala Ser

10 15 20
ctc gtg ctg cta atg aca cca gca ctg gca ctt ttc tat ggc ggc atg 211
Leu Val Leu Leu Met Thr Pro Ala Leu Ala Leu Phe Tyr Gly Gly Met

25 30 35
tct cgt caa aag tcc gtg ctc aac atg atg atg atg tcc ttt gga gca 259
Ser Arg Gln Lys Ser Val Leu Asn Met Met Met Met Ser Phe Gly Ala

40 45 50
ttg ggc gtc gtt act gtt att tac ctc ttg tgg gga tgg tgc atg tct 307
Leu Gly Val Val Thr Val Ile Tyr Leu Leu Trp Gly Trp Ser Met Ser

55 60 65
tat gga acc caa tca atc gcg gga atc ttt gct aac cct ttt gag ttc 355
Tyr Gly Thr Gln Ser Ile Ala Gly Ile Phe Ala Asn Pro Phe Glu Phe

70 75 80 85
ttc ggt ctt aaa gat tcc 373
Phe Gly Leu Lys Asp Ser

90

<210> 4

<211> 91

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 4

Met Gly Ala Asp Gln Ile Ala Ala Val Ser Gly Asn Ser Ala Trp Met
1 5 10 15

Leu Met Ser Ala Ser Leu Val Leu Leu Met Thr Pro Ala Leu Ala Leu
20 25 30

Phe Tyr Gly Gly Met Ser Arg Gln Lys Ser Val Leu Asn Met Met Met

35	40	45	
Met Ser Phe Gly Ala Leu Gly Val Val Thr Val Ile Tyr Leu Leu Trp			
50	55	60	
Gly Trp Ser Met Ser Tyr Gly Thr Gln Ser Ile Ala Gly Ile Phe Ala			
65	70	75	80
Asn Pro Phe Glu Phe Phe Gly Leu Lys Asp Ser			
85	90		
<210> 5			
<211> 879			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(856)			
<223> RXA00104			
<400> 5			
tgcaaagaca tcccggaacc actccgctac ttgaggtcgg aatcgggaaa gaatgctttt	60		
agccatgcct taatgtaacc aaacatctag aattgagaac atg act gct cag att	115		
	Met Thr Ala Gln Ile		
	1	5	
gat gat tcg atc ctc acc cat cgt ctc gcc caa ggc acc gga gaa atc	163		
Asp Asp Ser Ile Leu Thr His Arg Leu Ala Gln Gly Thr Gly Glu Ile			
	10	15	20
ctc aaa ggt gtc cgc aat gtt ggg gtg tta aga ggt cgg aat ctc ggt	211		
Leu Lys Gly Val Arg Asn Val Gly Val Leu Arg Gly Arg Asn Leu Gly			
	25	30	35
gat gcc ggc gac gaa ctc gca caa agt tgg att gct cga gtg ttg gag	259		
Asp Ala Gly Asp Glu Leu Ala Gln Ser Trp Ile Ala Arg Val Leu Glu			
	40	45	50
cag cac cgc ccc aac gat gga ttc ctg tct gaa gaa gcc gcc gac aac	307		
Gln His Arg Pro Asn Asp Gly Phe Leu Ser Glu Glu Ala Ala Asp Asn			
	55	60	65
cca gac cgc cta tcc aag gac cgc gtg tgg atc atc gat ccc ctc gac	355		
Pro Asp Arg Leu Ser Lys Asp Arg Val Trp Ile Ile Asp Pro Leu Asp			
	70	75	80
ggc acc aaa gaa ttc gcc acc ggc cgc cag gac tgg gca gta cac atc	403		
Gly Thr Lys Glu Phe Ala Thr Gly Arg Gln Asp Trp Ala Val His Ile			
	90	95	100
gca ctg gta gaa aac ggt gtt ccc acc cac gcc gct gtt ggc ctc ccc	451		
Ala Leu Val Glu Asn Gly Val Pro Thr His Ala Ala Val Gly Leu Pro			
	105	110	115

gac ctt ggc gtg gtg ttc cac tcc gct gat gcc cgc gcc gtg act ggc 499
Asp Leu Gly Val Val Phe His Ser Ala Asp Ala Arg Ala Val Thr Gly

120 125 130
cct tac tcc aag gtc atc gcc atc tcc cac aac cgc cca cca aag gtt 547
Pro Tyr Ser Lys Val Ile Ala Ile Ser His Asn Arg Pro Pro Lys Val

135 140 145
gct cta tct tgc gca gag cag ctc ggc ttt gaa acc aag gcc ctt gga 595
Ala Leu Ser Cys Ala Glu Gln Leu Gly Phe Glu Thr Lys Ala Leu Gly

150 155 160 165
tcc gca ggc gct aaa gca atg cac gtt ctc ctc ggt gac tac gac gcc 643
Ser Ala Gly Ala Lys Ala Met His Val Leu Leu Gly Asp Tyr Asp Ala

170 175 180
tac atc cac gcc ggc ggc caa tac gag tgg gat tcc gca gca cca gtc 691
Tyr Ile His Ala Gly Gly Gln Tyr Glu Trp Asp Ser Ala Ala Pro Val

185 190 195
ggc gtc tgc aag gca gca ggc ttg cac tgc tcc agg ctc gac ggt tcc 739
Gly Val Cys Lys Ala Ala Gly Leu His Cys Ser Arg Leu Asp Gly Ser

200 205 210
gag ctg acc tac aac aac aaa gac acc tac atg cca gac atc ttg atc 787
Glu Leu Thr Tyr Asn Asn Lys Asp Thr Tyr Met Pro Asp Ile Leu Ile

215 220 225
tgt cgc cct gaa ctt gca gat gaa ctt ctc gag atg tgc gcg aag ttc 835
Cys Arg Pro Glu Leu Ala Asp Glu Leu Leu Glu Met Cys Ala Lys Phe

230 235 240 245
tac gag gag aat gga act tac taacgctgtt atgatgacgg cat 879
Tyr Glu Glu Asn Gly Thr Tyr

250

<210> 6

<211> 252

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 6

Met Thr Ala Gln Ile Asp Asp Ser Ile Leu Thr His Arg Leu Ala Gln
1 5 10 15

Gly Thr Gly Glu Ile Leu Lys Gly Val Arg Asn Val Gly Val Leu Arg
20 25 30

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

Ala Arg Val Leu Glu Gln His Arg Pro Asn Asp Gly Phe Leu Ser Glu

50 55 60

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

Ile Asp Pro Leu Asp Gly Thr Lys Glu Phe Ala Thr Gly Arg Gln Asp
85 90 95

Trp Ala Val His Ile Ala Leu Val Glu Asn Gly Val Pro Thr His Ala
100 105 110

Ala Val Gly Leu Pro Asp Leu Gly Val Val Phe His Ser Ala Asp Ala
115 120 125

Arg Ala Val Thr Gly Pro Tyr Ser Lys Val Ile Ala Ile Ser His Asn
130 135 140

Arg Pro Pro Lys Val Ala Leu Ser Cys Ala Glu Gln Leu Gly Phe Glu
145 150 155 160

Thr Lys Ala Leu Gly Ser Ala Gly Ala Lys Ala Met His Val Leu Leu
165 170 175

Gly Asp Tyr Asp Ala Tyr Ile His Ala Gly Gly Gln Tyr Glu Trp Asp
180 185 190

Ser Ala Ala Pro Val Gly Val Cys Lys Ala Ala Gly Leu His Cys Ser
195 200 205

Arg Leu Asp Gly Ser Glu Leu Thr Tyr Asn Asn Lys Asp Thr Tyr Met
210 215 220

Pro Asp Ile Leu Ile Cys Arg Pro Glu Leu Ala Asp Glu Leu Leu Glu
225 230 235 240

Met Cys Ala Lys Phe Tyr Glu Glu Asn Gly Thr Tyr
245 250

<210> 7

<211> 875

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(859)

<223> RXA01420

<400> 7

cgaagttcac gactacaggc attacctggg tgcgtatgtt gcgcgagtaa agctgtggct 60
gcggaatgcg ctgctcatcc acacgtggaa tctgattgg 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 tta cct tcg ttg atg atc ctt taataaggcc acggaa 875
Leu Leu Pro Ser Leu Met Ile Leu

250

<210> 8
<211> 253
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 8
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 Leu Pro Ser Leu Met Ile Leu
245 250

<210> 9

<211> 1983

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1960)

<223> RXN02581

<400> 9

acggtcactc gctcaagtag tgtagtttg caaaagtaat aaaatgttca tctttgtcga 60
tggtcacaat agtcattaaa gaattgtaag aggggttcac atg gat tta gat aaa 115
Met Asp Leu Asp Lys

1 5
gcg att ggt tca ttc ttc gat gag aat gga gaa atc aac ctt cct cca 163
Ala Ile Gly Ser Phe Phe Asp Glu Asn Gly Glu Ile Asn Leu Pro Pro

10 15 20
ttc cta act ttg gca gcc atg ggt gag ttc atg tac cag gct gac atc 211
Phe Leu Thr Leu Ala Ala Met Gly Glu Phe Met Tyr Gln Ala Asp Ile

25 30 35
gct gaa ggc ggc ggg gat aaa cca cgc atg cat ttc tgg gac ttc tcc 259
Ala Glu Gly Gly Gly Asp Lys Pro Arg Met His Phe Trp Asp Phe Ser

40 45 50
gaa gac cgc gat ggc aag ctg att cag tac acc cga aac gag atc gat 307
Glu Asp Arg Asp Gly Lys Leu Ile Gln Tyr Thr Arg Asn Glu Ile Asp

55 60 65
act cgt atc aag gct gta gca ggc cgt ttg cag cag gtc gcc acc ctg 355
Thr Arg Ile Lys Ala Val Ala Gly Arg Leu Gln Gln Val Ala Thr Leu

70 75 80 85
ggg gat cgt gca gcg atc ctg gct aac aac agc cct gag tac att ttc 403
Gly Asp Arg Ala Ala Ile Leu Ala Asn Asn Ser Pro Glu Tyr Ile Phe

90 95 100
agc ttc ctc ggc gcg atc tac gct ggc atg gtc cct gtg ccg ctt tat 451
Ser Phe Leu Gly Ala Ile Tyr Ala Gly Met Val Pro Val Pro Leu Tyr

105 110 115
gat cca aac gag cca gga cac gca gac cac ctc aac gct gtt ttc gca 499
Asp Pro Asn Glu Pro Gly His Ala Asp His Leu Asn Ala Val Phe Ala

120

125

130

gac agc gag cca gtt gtc gtt ctg acc aac tcc aag tcc gca ggt gcc 547
Asp Ser Glu Pro Val Val Val Leu Thr Asn Ser Lys Ser Ala Gly Ala

135 140 145
gtg cgc aag cac ttc tcc agc ctt cca gct gca gaa cgc cca cgc atc 595
Val Arg Lys His Phe Ser Ser Leu Pro Ala Ala Glu Arg Pro Arg Ile

150 155 160 165
ctc tct gta gat tcc ttg cct gat tct ctc gcg gat tct tac gag aac 643
Leu Ser Val Asp Ser Leu Pro Asp Ser Leu Ala Asp Ser Tyr Glu Asn

170 175 180
cca atg ctg acc gaa gcc ggc cgc cgc ctg gct gct ctg cgc cag tcc 691
Pro Met Leu Thr Glu Ala Gly Arg Arg Leu Ala Ala Leu Arg Gln Ser

185 190 195
gcg ccc att gat ctg acc gca ttc ctg cag tac acc tcc ggc tcc acc 739
Ala Pro Ile Asp Leu Thr Ala Phe Leu Gln Tyr Thr Ser Gly Ser Thr

200 205 210
cga acc cca gct ggc gtt gtt ctg acc aac cgc tcc atc ctg acc aac 787
Arg Thr Pro Ala Gly Val Val Leu Thr Asn Arg Ser Ile Leu Thr Asn

215 220 225
gtc ttg cag atc ttc agc gcc gca cag ctg aaa acc cca ctg cgc ctg 835
Val Leu Gln Ile Phe Ser Ala Ala Gln Leu Lys Thr Pro Leu Arg Leu

230 235 240 245
gtt tca tgg ctg cca ctg cac cac gac atg ggc att atc ctc gcg gcg 883
Val Ser Trp Leu Pro Leu His His Asp Met Gly Ile Ile Leu Ala Ala

250 255 260
ttt gtc act atg ctt ggc ctg gac aac gag ttc atg aac cca cgc gat 931
Phe Val Thr Met Leu Gly Leu Asp Asn Glu Phe Met Asn Pro Arg Asp

265 270 275
ttc gtg cag cag cct tcc cgc tgg att aag cag ctc aac cgt cgc gaa 979
Phe Val Gln Gln Pro Ser Arg Trp Ile Lys Gln Leu Asn Arg Arg Glu

280 285 290
agc gac gtg gac gtt aac gtc tac acc gtg gtt cct aac ttc gcc ctc 1027
Ser Asp Val Asp Val Asn Val Tyr Thr Val Val Pro Asn Phe Ala Leu

295 300 305
gag ctt gca gca cgc tac gca aag cca gca gag gga gag acc ctg gat 1075
Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Lys Pro Ala Glu Gly Glu Thr Leu Asp

310 315 320 325
ctt tcc gca ttg gat gcc atc att atc ggt tcc gag cca gtc aca gaa 1123
Leu Ser Ala Leu Asp Ala Ile Ile Ile Gly Ser Glu Pro Val Thr Glu

330 335 340
aac gct ctg acc acc ttc cgt gaa gct ttc gag cct tac ggc ctg cct 1171
Asn Ala Leu Thr Thr Phe Arg Glu Ala Phe Glu Pro Tyr Gly Leu Pro

345 350 355

gtt cag acc ctg cgt cct tcc tac ggt ctt gca gaa gca tcc ctg ctg	1219
Val Gln Thr Leu Arg Pro Ser Tyr Gly Leu Ala Glu Ala Ser Leu Leu	
360 365 370	
gtc acc acc cca cag acc gaa aac cgc cca ctg atc tcc tac ttc gac	1267
Val Thr Thr Pro Gln Thr Glu Asn Arg Pro Leu Ile Ser Tyr Phe Asp	
375 380 385	
cgc gag gcc ttg gcc gaa aac cgc gtt gag ctt gta gaa aag ggc aat	1315
Arg Glu Ala Leu Ala Glu Asn Arg Val Glu Leu Val Glu Lys Gly Asn	
390 395 400 405	
aac aag gct gtt gct ttc gtc tcc aac ggc cag gtt gca gcc cca cag	1363
Asn Lys Ala Val Ala Phe Val Ser Asn Gly Gln Val Ala Ala Pro Gln	
410 415 420	
cag ctg gtc atc gtt gat tcc gaa acc gga acc gag ctg gca gac ggc	1411
Gln Leu Val Ile Val Asp Ser Glu Thr Gly Thr Glu Leu Ala Asp Gly	
425 430 435	
cag atc ggc gaa atc tgg acc cac ggc gaa aac act gct gca ggt tac	1459
Gln Ile Gly Glu Ile Trp Thr His Gly Glu Asn Thr Ala Ala Gly Tyr	
440 445 450	
ctc gac cgc gag gaa gac acc gca gaa acc ttc cgc aac cgt ctg acc	1507
Leu Asp Arg Glu Glu Asp Thr Ala Glu Thr Phe Arg Asn Arg Leu Thr	
455 460 465	
acc cgc ctg gaa gaa aac tcc cgc gca gaa ggt gct gcc gac gac aac	1555
Thr Arg Leu Glu Glu Asn Ser Arg Ala Glu Gly Ala Ala Asp Asp Asn	
470 475 480 485	
tac tgg atg gcc acc ggt gac ctc ggc gtc atc gta gac aac gag ctc	1603
Tyr Trp Met Ala Thr Gly Asp Leu Gly Val Ile Val Asp Asn Glu Leu	
490 495 500	
tac atc acc ggt cgt ctg aag gac ctc atc gtt gtc gca ggc cga aac	1651
Tyr Ile Thr Gly Arg Leu Lys Asp Leu Ile Val Val Ala Gly Arg Asn	
505 510 515	
cac tac cca cag gac atc gag tac acc gtc cag gct gct tcc gca cac	1699
His Tyr Pro Gln Asp Ile Glu Tyr Thr Val Gln Ala Ala Ser Ala His	
520 525 530	
atc cgt gca gat tcc gtc gca gca ttc gca gtc cca ggc gat gac att	1747
Ile Arg Ala Asp Ser Val Ala Ala Phe Ala Val Pro Gly Asp Asp Ile	
535 540 545	
gaa aag ctc atc atc ctg gca gaa cgc gac acc act gca aac gaa gcc	1795
Glu Lys Leu Ile Ile Leu Ala Glu Arg Asp Thr Thr Ala Asn Glu Ala	
550 555 560 565	
gac gat gca gct gct gaa gaa gca atc cgc tcc gcc gtt ggc act gca	1843
Asp Asp Ala Ala Ala Glu Glu Ala Ile Arg Ser Ala Val Gly Thr Ala	
570 575 580	

cac ggt gtt gtt cca gaa gag atc cgt atc ctc gca cct gac gag atc 1891
His Gly Val Val Pro Glu Glu Ile Arg Ile Leu Ala Pro Asp Glu Ile

585 590 595
gcg cgt tcc tcc tcc gga aag atc gca cgc cgc gtc aac cag cgc aac 1939
Ala Arg Ser Ser Ser Gly Lys Ile Ala Arg Arg Val Asn Gln Arg Asn

600 605 610
tac att cag gaa caa gct aac tagttctttg cagacaccgc agg 1983
Tyr Ile Gln Glu Gln Ala Asn

615 620

<210> 10

<211> 620

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 10

Met Asp Leu Asp Lys Ala Ile Gly Ser Phe Phe Asp Glu Asn Gly Glu
1 5 10 15

Ile Asn Leu Pro Pro Phe Leu Thr Leu Ala Ala Met Gly Glu Phe Met
20 25 30

Tyr Gln Ala Asp Ile Ala Glu Gly Gly Gly Asp Lys Pro Arg Met His
35 40 45

Phe Trp Asp Phe Ser Glu Asp Arg Asp Gly Lys Leu Ile Gln Tyr Thr
50 55 60

Arg Asn Glu Ile Asp Thr Arg Ile Lys Ala Val Ala Gly Arg Leu Gln
65 70 75 80

Gln Val Ala Thr Leu Gly Asp Arg Ala Ala Ile Leu Ala Asn Asn Ser
85 90 95

Pro Glu Tyr Ile Phe Ser Phe Leu Gly Ala Ile Tyr Ala Gly Met Val
100 105 110

Pro Val Pro Leu Tyr Asp Pro Asn Glu Pro Gly His Ala Asp His Leu
115 120 125

Asn Ala Val Phe Ala Asp Ser Glu Pro Val Val Val Leu Thr Asn Ser
130 135 140

Lys Ser Ala Gly Ala Val Arg Lys His Phe Ser Ser Leu Pro Ala Ala
145 150 155 160

Glu Arg Pro Arg Ile Leu Ser Val Asp Ser Leu Pro Asp Ser Leu Ala
165 170 175

Asp Ser Tyr Glu Asn Pro Met Leu Thr Glu Ala Gly Arg Arg Leu Ala
180 185 190

Ala Leu Arg Gln Ser Ala Pro Ile Asp Leu Thr Ala Phe Leu Gln Tyr

195	200	205
Thr Ser Gly Ser Thr Arg Thr Pro Ala Gly Val Val Leu Thr Asn Arg		
210	215	220
Ser Ile Leu Thr Asn Val Leu Gln Ile Phe Ser Ala Ala Gln Leu Lys		
225	230	235
Thr Pro Leu Arg Leu Val Ser Trp Leu Pro Leu His His Asp Met Gly		
245	250	255
Ile Ile Leu Ala Ala Phe Val Thr Met Leu Gly Leu Asp Asn Glu Phe		
260	265	270
Met Asn Pro Arg Asp Phe Val Gln Gln Pro Ser Arg Trp Ile Lys Gln		
275	280	285
Leu Asn Arg Arg Glu Ser Asp Val Asp Val Asn Val Tyr Thr Val Val		
290	295	300
Pro Asn Phe Ala Leu Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Lys Pro Ala Glu		
305	310	315
Gly Glu Thr Leu Asp Leu Ser Ala Leu Asp Ala Ile Ile Ile Gly Ser		
325	330	335
Glu Pro Val Thr Glu Asn Ala Leu Thr Thr Phe Arg Glu Ala Phe Glu		
340	345	350
Pro Tyr Gly Leu Pro Val Gln Thr Leu Arg Pro Ser Tyr Gly Leu Ala		
355	360	365
Glu Ala Ser Leu Leu Val Thr Thr Pro Gln Thr Glu Asn Arg Pro Leu		
370	375	380
Ile Ser Tyr Phe Asp Arg Glu Ala Leu Ala Glu Asn Arg Val Glu Leu		
385	390	395
Val Glu Lys Gly Asn Asn Lys Ala Val Ala Phe Val Ser Asn Gly Gln		
405	410	415
Val Ala Ala Pro Gln Gln Leu Val Ile Val Asp Ser Glu Thr Gly Thr		
420	425	430
Glu Leu Ala Asp Gly Gln Ile Gly Glu Ile Trp Thr His Gly Glu Asn		
435	440	445
Thr Ala Ala Gly Tyr Leu Asp Arg Glu Glu Asp Thr Ala Glu Thr Phe		
450	455	460
Arg Asn Arg Leu Thr Thr Arg Leu Glu Glu Asn Ser Arg Ala Glu Gly		
465	470	475
Ala Ala Asp Asp Asn Tyr Trp Met Ala Thr Gly Asp Leu Gly Val Ile		
485	490	495
Val Asp Asn Glu Leu Tyr Ile Thr Gly Arg Leu Lys Asp Leu Ile Val		
500	505	510

Val Ala Gly Arg Asn His Tyr Pro Gln Asp Ile Glu Tyr Thr Val Gln
515 520 525

Ala Ala Ser Ala His Ile Arg Ala Asp Ser Val Ala Ala Phe Ala Val
530 535 540

Pro Gly Asp Asp Ile Glu Lys Leu Ile Ile Leu Ala Glu Arg Asp Thr
545 550 555 560

Thr Ala Asn Glu Ala Asp Asp Ala Ala Ala Glu Glu Ala Ile Arg Ser
565 570 575

Ala Val Gly Thr Ala His Gly Val Val Pro Glu Glu Ile Arg Ile Leu
580 585 590

Ala Pro Asp Glu Ile Ala Arg Ser Ser Ser Gly Lys Ile Ala Arg Arg
595 600 605

Val Asn Gln Arg Asn Tyr Ile Gln Glu Gln Ala Asn
610 615 620

<210> 11

<211> 1550

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1527)

<223> FRXA02581

<400> 11

gtc cct gtg ccg ctt tat gat cca aac gag cca gga cac gca gac cac 48
Val Pro Val Pro Leu Tyr Asp Pro Asn Glu Pro Gly His Ala Asp His

1 5 10 15
ctc aac gct gtt ttc gca gac agc gag cca gtt gtc gtt ctg acc aac 96
Leu Asn Ala Val Phe Ala Asp Ser Glu Pro Val Val Val Leu Thr Asn

20 25 30
tcc aag tcc gca ggt gcc gtg cgc aag cac ttc tcc agc ctt cca gct 144
Ser Lys Ser Ala Gly Ala Val Arg Lys His Phe Ser Ser Leu Pro Ala

35 40 45
gca gaa cgc cca cgc atc ctc tct gta gat tcc ttg cct gat tct ctc 192
Ala Glu Arg Pro Arg Ile Leu Ser Val Asp Ser Leu Pro Asp Ser Leu

50 55 60
gcg gat tct tac gag aac cca atg ctg acc gaa gcc ggc cgc cgc ctg 240
Ala Asp Ser Tyr Glu Asn Pro Met Leu Thr Glu Ala Gly Arg Arg Leu

65 70 75 80
gct gct ctg cgc cag tcc gcg ccc att gat ctg acc gca ttc ctg cag 288
Ala Ala Leu Arg Gln Ser Ala Pro Ile Asp Leu Thr Ala Phe Leu Gln

85	90	95	
tac acc tcc ggc tcc acc cga acc cca gct ggc gtt gtt ctg acc aac	336		
Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Arg Thr Pro Ala Gly Val Val Leu Thr Asn			
100	105	110	
cgc tcc atc ctg acc aac gtc ttg cag atc ttc agc gcc gca cag ctg	384		
Arg Ser Ile Leu Thr Asn Val Leu Gln Ile Phe Ser Ala Ala Gln Leu			
115	120	125	
aaa acc cca ctg cgc ctg gtt tca tgg ctg cca ctg cac cac gac atg	432		
Lys Thr Pro Leu Arg Leu Val Ser Trp Leu Pro Leu His His Asp Met			
130	135	140	
ggc att atc ctc gcg gcg ttt gtc act atg ctt ggc ctg gac aac gag	480		
Gly Ile Ile Leu Ala Ala Phe Val Thr Met Leu Gly Leu Asp Asn Glu			
145	150	155	160
ttc atg aac cca cgc gat ttc gtg cag cag cct tcc cgc tgg att aag	528		
Phe Met Asn Pro Arg Asp Phe Val Gln Gln Pro Ser Arg Trp Ile Lys			
165	170	175	
cag ctc aac cgt cgc gaa agc gac gtg gac gtt aac gtc tac acc gtg	576		
Gln Leu Asn Arg Arg Glu Ser Asp Val Asp Val Asn Val Tyr Thr Val			
180	185	190	
gtt cct aac ttc gcc ctc gag ctt gca gca cgc tac gca aag cca gca	624		
Val Pro Asn Phe Ala Leu Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Lys Pro Ala			
195	200	205	
gag gga gag acc ctg gat ctt tcc gca ttg gat gcc atc att atc ggt	672		
Glu Gly Glu Thr Leu Asp Leu Ser Ala Leu Asp Ala Ile Ile Ile Gly			
210	215	220	
tcc gag cca gtc aca gaa aac gct ctg acc acc ttc cgt gaa gct ttc	720		
Ser Glu Pro Val Thr Glu Asn Ala Leu Thr Thr Phe Arg Glu Ala Phe			
225	230	235	240
gag cct tac ggc ctg cct gtt cag acc ctg cgt cct tcc tac ggt ctt	768		
Glu Pro Tyr Gly Leu Pro Val Gln Thr Leu Arg Pro Ser Tyr Gly Leu			
245	250	255	
gca gaa gca tcc ctg ctg gtc acc acc cca cag acc gaa aac cgc cca	816		
Ala Glu Ala Ser Leu Leu Val Thr Thr Pro Gln Thr Glu Asn Arg Pro			
260	265	270	
ctg atc tcc tac ttc gac cgc gag gcc ttg gcc gaa aac cgc gtt gag	864		
Leu Ile Ser Tyr Phe Asp Arg Glu Ala Leu Ala Glu Asn Arg Val Glu			
275	280	285	
ctt gta gaa aag ggc aat aac aag gct gtt gct ttc gtc tcc aac ggc	912		
Leu Val Glu Lys Gly Asn Asn Lys Ala Val Ala Phe Val Ser Asn Gly			
290	295	300	
cag gtt gca gcc cca cag cag ctg gtc atc gtt gat tcc gaa acc gga	960		

Gln Val Ala Ala Pro Gln Gln Leu Val Ile Val Asp Ser Glu Thr Gly

305 310 315 320
acc gag ctg gca gac ggc cag atc ggc gaa atc tgg acc cac ggc gaa 1008
Thr Glu Leu Ala Asp Gly Gln Ile Gly Glu Ile Trp Thr His Gly Glu

325 330 335
aac act gct gca ggt tac ctc gac cgc gag gaa gac acc gca gaa acc 1056
Asn Thr Ala Ala Gly Tyr Leu Asp Arg Glu Glu Asp Thr Ala Glu Thr

340 345 350
ttc cgc aac cgt ctg acc acc cgc ctg gaa gaa aac tcc cgc gca gaa 1104
Phe Arg Asn Arg Leu Thr Thr Arg Leu Glu Glu Asn Ser Arg Ala Glu

355 360 365
ggg gct gcc gac gac aac tac tgg atg gcc acc ggt gac ctc ggc gtc 1152
Gly Ala Ala Asp Asp Asn Tyr Trp Met Ala Thr Gly Asp Leu Gly Val

370 375 380
atc gta gac aac gag ctc tac atc acc ggt cgt ctg aag gac ctc atc 1200
Ile Val Asp Asn Glu Leu Tyr Ile Thr Gly Arg Leu Lys Asp Leu Ile

385 390 395 400
gtt gtc gca ggc cga aac cac tac cca cag gac atc gag tac acc gtc 1248
Val Val Ala Gly Arg Asn His Tyr Pro Gln Asp Ile Glu Tyr Thr Val

405 410 415
cag gct gct tcc gca cac atc cgt gca gat tcc gtc gca gca ttc gca 1296
Gln Ala Ala Ser Ala His Ile Arg Ala Asp Ser Val Ala Ala Phe Ala

420 425 430
gtc cca ggc gat gac att gaa aag ctc atc atc ctg gca gaa cgc gac 1344
Val Pro Gly Asp Asp Ile Glu Lys Leu Ile Ile Leu Ala Glu Arg Asp

435 440 445
acc act gca aac gaa gcc gac gat gca gct gct gaa gaa gca atc cgc 1392
Thr Thr Ala Asn Glu Ala Asp Asp Ala Ala Ala Glu Glu Ala Ile Arg

450 455 460
tcc gcc gtt ggc act gca cac ggt gtt gtt cca gaa gag atc cgt atc 1440
Ser Ala Val Gly Thr Ala His Gly Val Val Pro Glu Glu Ile Arg Ile

465 470 475 480
ctc gca cct gac gag atc gcg cgt tcc tcc tcc gga aag atc gca cgc 1488
Leu Ala Pro Asp Glu Ile Ala Arg Ser Ser Ser Gly Lys Ile Ala Arg

485 490 495
cgc gtc aac cag cgc aac tac att cag gaa caa gct aac tagttctttg 1537
Arg Val Asn Gln Arg Asn Tyr Ile Gln Glu Gln Ala Asn

500 505
cagacaccgc agg 1550

<210> 12
<211> 509

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 12

Val Pro Val Pro Leu Tyr Asp Pro Asn Glu Pro Gly His Ala Asp His
1 5 10 15

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

Ser Lys Ser Ala Gly Ala Val Arg Lys His Phe Ser Ser Leu Pro Ala
35 40 45

Ala Glu Arg Pro Arg Ile Leu Ser Val Asp Ser Leu Pro Asp Ser Leu
50 55 60

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

Ala Ala Leu Arg Gln Ser Ala Pro Ile Asp Leu Thr Ala Phe Leu Gln
85 90 95

Tyr Thr Ser Gly Ser Thr Arg Thr Pro Ala Gly Val Val Leu Thr Asn
100 105 110

Arg Ser Ile Leu Thr Asn Val Leu Gln Ile Phe Ser Ala Ala Gln Leu
115 120 125

Lys Thr Pro Leu Arg Leu Val Ser Trp Leu Pro Leu His His Asp Met
130 135 140

Gly Ile Ile Leu Ala Ala Phe Val Thr Met Leu Gly Leu Asp Asn Glu
145 150 155 160

Phe Met Asn Pro Arg Asp Phe Val Gln Gln Pro Ser Arg Trp Ile Lys
165 170 175

Gln Leu Asn Arg Arg Glu Ser Asp Val Asp Val Asn Val Tyr Thr Val
180 185 190

Val Pro Asn Phe Ala Leu Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Lys Pro Ala
195 200 205

Glu Gly Glu Thr Leu Asp Leu Ser Ala Leu Asp Ala Ile Ile Ile Gly
210 215 220

Ser Glu Pro Val Thr Glu Asn Ala Leu Thr Thr Phe Arg Glu Ala Phe
225 230 235 240

Glu Pro Tyr Gly Leu Pro Val Gln Thr Leu Arg Pro Ser Tyr Gly Leu
245 250 255

Ala Glu Ala Ser Leu Leu Val Thr Thr Pro Gln Thr Glu Asn Arg Pro
260 265 270

Leu Ile Ser Tyr Phe Asp Arg Glu Ala Leu Ala Glu Asn Arg Val Glu

275 280 285
 Leu Val Glu Lys Gly Asn Asn Lys Ala Val Ala Phe Val Ser Asn Gly
 290 295 300
 Gln Val Ala Ala Pro Gln Gln Leu Val Ile Val Asp Ser Glu Thr Gly
 305 310 315 320
 Thr Glu Leu Ala Asp Gly Gln Ile Gly Glu Ile Trp Thr His Gly Glu
 325 330 335
 Asn Thr Ala Ala Gly Tyr Leu Asp Arg Glu Glu Asp Thr Ala Glu Thr
 340 345 350
 Phe Arg Asn Arg Leu Thr Thr Arg Leu Glu Glu Asn Ser Arg Ala Glu
 355 360 365
 Gly Ala Ala Asp Asp Asn Tyr Trp Met Ala Thr Gly Asp Leu Gly Val
 370 375 380
 Ile Val Asp Asn Glu Leu Tyr Ile Thr Gly Arg Leu Lys Asp Leu Ile
 385 390 395 400
 Val Val Ala Gly Arg Asn His Tyr Pro Gln Asp Ile Glu Tyr Thr Val
 405 410 415
 Gln Ala Ala Ser Ala His Ile Arg Ala Asp Ser Val Ala Ala Phe Ala
 420 425 430
 Val Pro Gly Asp Asp Ile Glu Lys Leu Ile Ile Leu Ala Glu Arg Asp
 435 440 445
 Thr Thr Ala Asn Glu Ala Asp Asp Ala Ala Ala Glu Glu Ala Ile Arg
 450 455 460
 Ser Ala Val Gly Thr Ala His Gly Val Val Pro Glu Glu Ile Arg Ile
 465 470 475 480
 Leu Ala Pro Asp Glu Ile Ala Arg Ser Ser Ser Gly Lys Ile Ala Arg
 485 490 495
 Arg Val Asn Gln Arg Asn Tyr Ile Gln Glu Gln Ala Asn
 500 505

<210> 13
 <211> 4953
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(4930)
 <223> RXA02582

<400> 13
 tggatgtcta ttctcctcag cctcgttttg gttgaggcgg atagttttaa tattttttta 60


```

agtttaagtt gtaatcgagc tgaaaggctg aggcctcaat atg gaa cag agc caa 115
Met Glu Gln Ser Gln

1 5
tcg tcg gat cag aag atg acc gtt gaa cag gtt cgc acc tgg ctc cgt 163
Ser Ser Asp Gln Lys Met Thr Val Glu Gln Val Arg Thr Trp Leu Arg

10 15 20
gat tgg gtt gtc cgc acc acg ggt att ccg gtg gag gaa gtt acg gat 211
Asp Trp Val Val Arg Thr Thr Gly Ile Pro Val Glu Glu Val Thr Asp

25 30 35
gac aag gca atg gag acc ttt ggc ctt tcc tct cgc gat gtt gtt gtg 259
Asp Lys Ala Met Glu Thr Phe Gly Leu Ser Ser Arg Asp Val Val Val

40 45 50
ttg tct ggt gag ctg gaa aac ctg ctg gac acc tcc ttg gat gcc acc 307
Leu Ser Gly Glu Leu Glu Asn Leu Leu Asp Thr Ser Leu Asp Ala Thr

55 60 65
atc gct tat gag tac cca acg atc cgt agt ttg gcg cag cgc ctt gtt 355
Ile Ala Tyr Glu Tyr Pro Thr Ile Arg Ser Leu Ala Gln Arg Leu Val

70 75 80 85
gag ggc gag cct cgt cgt gca cat acc cag cgt gaa ttg aat ttc tcc 403
Glu Gly Glu Pro Arg Arg Ala His Thr Gln Arg Glu Leu Asn Phe Ser

90 95 100
gcg gtg agc gat tcc cca ggt tcc cac gat att gcg gtt gtc ggt atg 451
Ala Val Ser Asp Ser Pro Gly Ser His Asp Ile Ala Val Val Gly Met

105 110 115
gct gcg cgt tac cca ggc gct gag agc ctg gag gat atg tgg aag cta 499
Ala Ala Arg Tyr Pro Gly Ala Glu Ser Leu Glu Asp Met Trp Lys Leu

120 125 130
ctc gtc gag ggc cgt gac ggt atc tcg gat cta ccg att ggc cgt tgg 547
Leu Val Glu Gly Arg Asp Gly Ile Ser Asp Leu Pro Ile Gly Arg Trp

135 140 145
tct gag tat gca ggc gat gag gtt atg tct cgg aag atg gaa gag ttt 595
Ser Glu Tyr Ala Gly Asp Glu Val Met Ser Arg Lys Met Glu Glu Phe

150 155 160 165
tct acc atc ggt ggc tac ctg tca gat atc tct agc ttt gat gcg gag 643
Ser Thr Ile Gly Gly Tyr Leu Ser Asp Ile Ser Ser Phe Asp Ala Glu

170 175 180
ttc ttt ggt ctg tct ccg ctc gag gcc gcc aac atg gat cct cag cag 691
Phe Phe Gly Leu Ser Pro Leu Glu Ala Ala Asn Met Asp Pro Gln Gln

185 190 195
cgt att ttg ctg gag cta acg tgg gag gct ttg gag tac gct cgc atc 739
Arg Ile Leu Leu Glu Leu Thr Trp Glu Ala Leu Glu Tyr Ala Arg Ile

200 205 210

```

gca cca aac act ttg cgt ggc gaa gcc gtg ggc gtg ttc ata ggt tcc	787
Ala Pro Asn Thr Leu Arg Gly Glu Ala Val Gly Val Phe Ile Gly Ser	
215 220 225	
tcc aac aac gat tac ggc atg atg atc gct gcc gat cca gca gaa gca	835
Ser Asn Asn Asp Tyr Gly Met Met Ile Ala Ala Asp Pro Ala Glu Ala	
230 235 240 245	
cat cct tat gcg ctg act ggt act tct agt gcg att gtc gct aac cgc	883
His Pro Tyr Ala Leu Thr Gly Thr Ser Ser Ala Ile Val Ala Asn Arg	
250 255 260	
att aac tac gct ttc gat ttc cgc ggt cct tcc gtc aac gtg gat acc	931
Ile Asn Tyr Ala Phe Asp Phe Arg Gly Pro Ser Val Asn Val Asp Thr	
265 270 275	
gca tgt tct tct tct ctg gta gcg gtt cac cag gct gtc cgt gcg ctg	979
Ala Cys Ser Ser Ser Leu Val Ala Val His Gln Ala Val Arg Ala Leu	
280 285 290	
cgt aat ggc gaa gcg gat cac gct atc gct ggt gga gtg aac att ttg	1027
Arg Asn Gly Glu Ala Asp His Ala Ile Ala Gly Gly Val Asn Ile Leu	
295 300 305	
gca tct cca ttt gtc aca act gca ttc gct gag ctg ggt gtg atc agc	1075
Ala Ser Pro Phe Val Thr Thr Ala Phe Ala Glu Leu Gly Val Ile Ser	
310 315 320 325	
cca acc ggc aag atc cac gca ttc tct gat gat gcc gat ggt ttc gtg	1123
Pro Thr Gly Lys Ile His Ala Phe Ser Asp Asp Ala Asp Gly Phe Val	
330 335 340	
cgt tcc gac ggc gcc gga gtc gtt gtg ctg aag cgc gtg gat gac gca	1171
Arg Ser Asp Gly Ala Gly Val Val Val Leu Lys Arg Val Asp Asp Ala	
345 350 355	
atc cgc gac ggc gac aag atc atc ggt gtg atc aag ggt tct gca gtg	1219
Ile Arg Asp Gly Asp Lys Ile Ile Gly Val Ile Lys Gly Ser Ala Val	
360 365 370	
aac tcc gat ggt cac tcc aac gga ctg acc gct cca aac cct gac gca	1267
Asn Ser Asp Gly His Ser Asn Gly Leu Thr Ala Pro Asn Pro Asp Ala	
375 380 385	
cag gtt gat gtg ctg cag cgt gca tat gtt gac gct cag gtt gat ccc	1315
Gln Val Asp Val Leu Gln Arg Ala Tyr Val Asp Ala Gln Val Asp Pro	
390 395 400 405	
acc acc gtg gat tac gtt gag gct cac ggc acc ggc acc atc ctg ggt	1363
Thr Thr Val Asp Tyr Val Glu Ala His Gly Thr Gly Thr Ile Leu Gly	
410 415 420	
gac ccc att gaa gca act gcc ctg ggt gct gtt ttg ggc tat ggc cgt	1411
Asp Pro Ile Glu Ala Thr Ala Leu Gly Ala Val Leu Gly Tyr Gly Arg	
425 430 435	

gac gca tcc acc cca act ctt ctg ggc tct gca aag tcc aac ttc ggc	1459
Asp Ala Ser Thr Pro Thr Leu Leu Gly Ser Ala Lys Ser Asn Phe Gly	
440 445 450	
cac act gag tca gct gcg ggt att gca ggt gtc atc aag gtg ctg ctt	1507
His Thr Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ala Gly Val Ile Lys Val Leu Leu	
455 460 465	
gct ttg cag aac aag act ctg cca cca acc gtg aac ttt gca ggt cca	1555
Ala Leu Gln Asn Lys Thr Leu Pro Pro Thr Val Asn Phe Ala Gly Pro	
470 475 480 485	
aac cgc tac atc gat ttc gat gct gag cgt ttg gaa gtt gtg gaa gat	1603
Asn Arg Tyr Ile Asp Phe Asp Ala Glu Arg Leu Glu Val Val Glu Asp	
490 495 500	
cca cgt gaa tgg ccg gaa tac aac ggt cac gca gta gct ggt gtg tct	1651
Pro Arg Glu Trp Pro Glu Tyr Asn Gly His Ala Val Ala Gly Val Ser	
505 510 515	
gcg ttc ggg ttc ggt gga acc aac gcg cac gtg gtg atc tct gag tac	1699
Ala Phe Gly Phe Gly Gly Thr Asn Ala His Val Val Ile Ser Glu Tyr	
520 525 530	
aac gca gaa gac tac gaa acc cgt gcc ccg aag gag gcg ttg ctt cct	1747
Asn Ala Glu Asp Tyr Glu Thr Arg Ala Pro Lys Glu Ala Leu Leu Pro	
535 540 545	
gac cag cag gtt gcc ctg ccg gtg tct ggt cac ctg cca tcc agg cgt	1795
Asp Gln Gln Val Ala Leu Pro Val Ser Gly His Leu Pro Ser Arg Arg	
550 555 560 565	
cga caa gca gct gct gac ttg gcg gac ttc ttg gag ggc cgc aaa gat	1843
Arg Gln Ala Ala Ala Asp Leu Ala Asp Phe Leu Glu Gly Arg Lys Asp	
570 575 580	
tgc gac cta acc cca gta gcc cgc gcg ctg gca ggc cgc aat cat ggc	1891
Cys Asp Leu Thr Pro Val Ala Arg Ala Leu Ala Gly Arg Asn His Gly	
585 590 595	
cgc tcc cgc gca gtc gtg ctt gca agc act atc gag gaa gcc gta aag	1939
Arg Ser Arg Ala Val Val Leu Ala Ser Thr Ile Glu Glu Ala Val Lys	
600 605 610	
cgc ctg cgc cag gtc gca gaa ggc aag gtc agc gtc ggt atc tcc gca	1987
Arg Leu Arg Gln Val Ala Glu Gly Lys Val Ser Val Gly Ile Ser Ala	
615 620 625	
gct gat tcc cca gcg gcc aac ggt cct gtg ttt gtg tac tcc ggt ttc	2035
Ala Asp Ser Pro Ala Ala Asn Gly Pro Val Phe Val Tyr Ser Gly Phe	
630 635 640 645	
gga tcc cag cac cgc ctc atg atc aag gaa ttg tgc tca att tcg cca	2083
Gly Ser Gln His Arg Leu Met Ile Lys Glu Leu Cys Ser Ile Ser Pro	
650 655 660	

cag ttc cgc gag cgc atc gaa gag ctc gat gaa atg gtt aag ttc gag	2131
Gln Phe Arg Glu Arg Ile Glu Glu Leu Asp Glu Met Val Lys Phe Glu	
665 670 675	
tcc ggc tgg tcc atc atg aaa ctt gtt ttg gat gat gag caa act tac	2179
Ser Gly Trp Ser Ile Met Lys Leu Val Leu Asp Asp Glu Gln Thr Tyr	
680 685 690	
gac acc gag acc gcg cag gtt gtg atc acc gca atc cag atc gca ctg	2227
Asp Thr Glu Thr Ala Gln Val Val Ile Thr Ala Ile Gln Ile Ala Leu	
695 700 705	
act gac ctg ttg gca agc ttc ggt gta aag cca gct gcc gtc atg ggc	2275
Thr Asp Leu Leu Ala Ser Phe Gly Val Lys Pro Ala Ala Val Met Gly	
710 715 720 725	
atg tcg atg ggt gag atc gct gcc gct tac gct gcc ggt gga ctc agc	2323
Met Ser Met Gly Glu Ile Ala Ala Ala Tyr Ala Ala Gly Gly Leu Ser	
730 735 740	
gac cgc gat acc atg ctc att gcc agc cac cgt tcc cgc cta atg ggc	2371
Asp Arg Asp Thr Met Leu Ile Ala Ser His Arg Ser Arg Leu Met Gly	
745 750 755	
gag ggc gag aag tcc ctg gct gag gat cag ctg ggt gcc atg gct gtg	2419
Glu Gly Glu Lys Ser Leu Ala Glu Asp Gln Leu Gly Ala Met Ala Val	
760 765 770	
gtg gaa ttc gcc gct gcg gac ctg gat aag ttc atc gaa gaa aac cct	2467
Val Glu Phe Ala Ala Ala Asp Leu Asp Lys Phe Ile Glu Glu Asn Pro	
775 780 785	
gag tac aag ggc att gag cct gct gtt tat gca ggc cca ggc atg act	2515
Glu Tyr Lys Gly Ile Glu Pro Ala Val Tyr Ala Gly Pro Gly Met Thr	
790 795 800 805	
acc gtg ggt gga cct cgc gac gcc gtg gtt cag ttc gta gag aag ctg	2563
Thr Val Gly Gly Pro Arg Asp Ala Val Val Gln Phe Val Glu Lys Leu	
810 815 820	
gaa tct gaa gac aag ttt gcc cgc ctg ctc aac gtc aag ggc gct ggc	2611
Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ala Arg Leu Leu Asn Val Lys Gly Ala Gly	
825 830 835	
cac acc tct gct gtg gaa cca ctt ctt ggt gag ctc gct ggc gaa atc	2659
His Thr Ser Ala Val Glu Pro Leu Leu Gly Glu Leu Ala Gly Glu Ile	
840 845 850	
gct ggc atc gag cca ctt ccg ctg cag atc ccg ttg ttc agc tct gtc	2707
Ala Gly Ile Glu Pro Leu Pro Leu Gln Ile Pro Leu Phe Ser Ser Val	
855 860 865	
gat cag ggt gtt acc tac cca gtt gga gca gtg gtc cac gac gcc gat	2755
Asp Gln Gly Val Thr Tyr Pro Val Gly Ala Val Val His Asp Ala Asp	

870 875 880 885
tac atg ctc cgc tgt acc cgc cag tcc gtg tac ttc cag gac tcc acc 2803
Tyr Met Leu Arg Cys Thr Arg Gln Ser Val Tyr Phe Gln Asp Ser Thr

890 895 900
gaa gct gca ttc gct gca ggc cac aac acc ttg gtg gaa att tcc ccg 2851
Glu Ala Ala Phe Ala Ala Gly His Asn Thr Leu Val Glu Ile Ser Pro

905 910 915
aac cca gtt gca ctc atg ggc atg atg aac acc gcg ttc acc gtg ggc 2899
Asn Pro Val Ala Leu Met Gly Met Met Asn Thr Ala Phe Thr Val Gly

920 925 930
aag cct gat gca cag ctg ctg ttc agc ctg aag cga aaa gtc cca gag 2947
Lys Pro Asp Ala Gln Leu Leu Phe Ser Leu Lys Arg Lys Val Pro Glu

935 940 945
gca gaa tcc ctc cgc gac ctt ctg gcg aag ctg tac gtc aac ggc gca 2995
Ala Glu Ser Leu Arg Asp Leu Leu Ala Lys Leu Tyr Val Asn Gly Ala

950 955 960 965
aac gtt gat ttc tcc gcg ctg tac ggc gaa ggt gaa acc atc gat ccg 3043
Asn Val Asp Phe Ser Ala Leu Tyr Gly Glu Gly Glu Thr Ile Asp Pro

970 975 980
cca cac atc acc tgg aag cac cag cgc ttc tgg act tcc gca cgc cca 3091
Pro His Ile Thr Trp Lys His Gln Arg Phe Trp Thr Ser Ala Arg Pro

985 990 995
tcc tct ggc gca tcc ctg gat ctg ccg ggc ttc cgc gtg aat ctg cca 3139
Ser Ser Gly Ala Ser Leu Asp Leu Pro Gly Phe Arg Val Asn Leu Pro

1000 1005 1010
aac aac act gtg gcg ttt tcc acc gca gcc gaa ctg gca cca tcc gca 3187
Asn Asn Thr Val Ala Phe Ser Thr Ala Ala Glu Leu Ala Pro Ser Ala

1015 1020 1025
gtg gca atc atg gaa gca gcc gcc atg gct gtc acc cca ggt tcc tcc 3235
Val Ala Ile Met Glu Ala Ala Ala Met Ala Val Thr Pro Gly Ser Ser

1030 1035 1040 1045
gtc gac gca gtg gac gag cgc gac atg ctg cca cca agc ggc gaa atc 3283
Val Asp Ala Val Asp Glu Arg Asp Met Leu Pro Pro Ser Gly Glu Ile

1050 1055 1060
acc acc atc gtg act cgc tcc ttg ggc ggt ttg agc ctg tcc gta tac 3331
Thr Thr Ile Val Thr Arg Ser Leu Gly Gly Leu Ser Leu Ser Val Tyr

1065 1070 1075
aag att gag gga acc acc agc act ctt gtc gcc gaa ggt ttc gca gcc 3379
Lys Ile Glu Gly Thr Thr Ser Thr Leu Val Ala Glu Gly Phe Ala Ala

1080 1085 1090
aac cca gga ttc gcc gca gca tct tcc ttc gac ggt cca ggc tac gac 3427
Asn Pro Gly Phe Ala Ala Ala Ser Ser Phe Asp Gly Pro Gly Tyr Asp

1095 1100 1105
gga ttc aac acc gat tac agc gac cag cca gac cct cgc tcc gac ctg 3475
Gly Phe Asn Thr Asp Tyr Ser Asp Gln Pro Asp Pro Arg Ser Asp Leu

1110 1115 1120 1125
cct ttg gac atc gaa gca gtc cgc tgg gac cca gcg acc gaa acc gtc 3523
Pro Leu Asp Ile Glu Ala Val Arg Trp Asp Pro Ala Thr Glu Thr Val

1130 1135 1140
gaa gag cgc atg cgc gcc atc gtc tcc gaa gca atg ggc tac gac gtg 3571
Glu Glu Arg Met Arg Ala Ile Val Ser Glu Ala Met Gly Tyr Asp Val

1145 1150 1155
gat gac ctc cca cgc gaa ctc cca ctg att gac ctc ggc ctc gac tcc 3619
Asp Asp Leu Pro Arg Glu Leu Pro Leu Ile Asp Leu Gly Leu Asp Ser

1160 1165 1170
ctc atg ggc atg cgc atc aaa aac cgc atc gaa aat gac ttc cag atc 3667
Leu Met Gly Met Arg Ile Lys Asn Arg Ile Glu Asn Asp Phe Gln Ile

1175 1180 1185
cca cca ctc cag gtc caa gcg ctc cgc gat gca tcc gtc gct gac gtg 3715
Pro Pro Leu Gln Val Gln Ala Leu Arg Asp Ala Ser Val Ala Asp Val

1190 1195 1200 1205
gta atc atg gtg gaa aac atg gtc gct ggc cgc tcc tct gag acg ctt 3763
Val Ile Met Val Glu Asn Met Val Ala Gly Arg Ser Ser Glu Thr Leu

1210 1215 1220
gtc gac gcc acc ccg cag gtg cca gct gag gca gca ggg gag gct caa 3811
Val Asp Ala Thr Pro Gln Val Pro Ala Glu Ala Ala Gly Glu Ala Gln

1225 1230 1235
gct gct gag tct tct gct tcg ggc gag gac gtg cag ggc gtt ggc gtt 3859
Ala Ala Glu Ser Ser Ala Ser Gly Glu Asp Val Gln Gly Val Gly Val

1240 1245 1250
gca ccg cga gat gcg tcg gaa cgc atg gtc ttt ggt act tgg gca ggc 3907
Ala Pro Arg Asp Ala Ser Glu Arg Met Val Phe Gly Thr Trp Ala Gly

1255 1260 1265
ctg act ggc gct gcg gca gct ggc gtg acc agc aag ttg cca cag atc 3955
Leu Thr Gly Ala Ala Ala Ala Gly Val Thr Ser Lys Leu Pro Gln Ile

1270 1275 1280 1285
gat gtc gat act gca acc gca att gcc gag cgc ctc acc gag cgt tcc 4003
Asp Val Asp Thr Ala Thr Ala Ile Ala Glu Arg Leu Thr Glu Arg Ser

1290 1295 1300
gga att gaa atc agc act gaa cag gtg ttg gct gca gaa acc ctc gaa 4051
Gly Ile Glu Ile Ser Thr Glu Gln Val Leu Ala Ala Glu Thr Leu Glu

1305 1310 1315
cca ctg tct gac ctg gtg cgt gaa ggc ctc gaa act gaa gtt cag ggc 4099
Pro Leu Ser Asp Leu Val Arg Glu Gly Leu Glu Thr Glu Val Gln Gly

1320 1325 1330
 aac att cgt gtg ctg cgt gga cgt gca gaa ggc tcc acc aag cct gca 4147
 Asn Ile Arg Val Leu Arg Gly Arg Ala Glu Gly Ser Thr Lys Pro Ala

1335 1340 1345
 gtg ttc atg ttc cac cca gct ggc ggt tct tcc gtg gtc tac caa cca 4195
 Val Phe Met Phe His Pro Ala Gly Gly Ser Ser Val Val Tyr Gln Pro

1350 1355 1360 1365
 cta atg cgt cgt ctg cct gaa gat gtc cct gtc tat ggc gtt gag cgt 4243
 Leu Met Arg Arg Leu Pro Glu Asp Val Pro Val Tyr Gly Val Glu Arg

1370 1375 1380
 ctg gaa ggc gat ctc gct gac cgc gcg gca gca tat gtt gat gac atc 4291
 Leu Glu Gly Asp Leu Ala Asp Arg Ala Ala Ala Tyr Val Asp Asp Ile

1385 1390 1395
 aag aag tac tcc gat ggc ttc cca gta gtt ttg ggt ggc tgg agc ttc 4339
 Lys Lys Tyr Ser Asp Gly Phe Pro Val Val Leu Gly Gly Trp Ser Phe

1400 1405 1410
 ggc ggt gcc gtt gcc ttc gag gtt gcc cac caa ctg gtt ggc tcc gat 4387
 Gly Gly Ala Val Ala Phe Glu Val Ala His Gln Leu Val Gly Ser Asp

1415 1420 1425
 gtt gag gta gct acc gtg gcg ttg ctg gat act gtg cag cct tca aac 4435
 Val Glu Val Ala Thr Val Ala Leu Leu Asp Thr Val Gln Pro Ser Asn

1430 1435 1440 1445
 cca gca cca gat acc gct gag gaa act cgt gca cgc tgg act cgc tac 4483
 Pro Ala Pro Asp Thr Ala Glu Glu Thr Arg Ala Arg Trp Thr Arg Tyr

1450 1455 1460
 gcg gac ttc gcc aag aag acc tac ggc ctt gat ttc gag gta cct ttt 4531
 Ala Asp Phe Ala Lys Lys Thr Tyr Gly Leu Asp Phe Glu Val Pro Phe

1465 1470 1475
 gaa atc ttg gac acc atc ggt gaa gac gga atg ctg tcc atg atg acc 4579
 Glu Ile Leu Asp Thr Ile Gly Glu Asp Gly Met Leu Ser Met Met Thr

1480 1485 1490
 gac ttc ctg gcc aac acc gac gcc tcc gag cac gga ttg tcc gca ggt 4627
 Asp Phe Leu Ala Asn Thr Asp Ala Ser Glu His Gly Leu Ser Ala Gly

1495 1500 1505
 gtg ctt gaa cac cag cgc gct tct ttt gtg gac aac cgc atc ctg gct 4675
 Val Leu Glu His Gln Arg Ala Ser Phe Val Asp Asn Arg Ile Leu Ala

1510 1515 1520 1525
 aaa ctt aat ttt gca gac tgg gcc aac gtt gaa gcc cct gtc atc ctg 4723
 Lys Leu Asn Phe Ala Asp Trp Ala Asn Val Glu Ala Pro Val Ile Leu

1530 1535 1540
 ttc cgc gcg gaa cgc atg cat gat gga gct atc gaa ctt gaa cca aac 4771
 Phe Arg Ala Glu Arg Met His Asp Gly Ala Ile Glu Leu Glu Pro Asn

1545 1550 1555
 tat gcc aag att gat caa gat gga gga tgg tcc gga att gtc aac gat 4819
 Tyr Ala Lys Ile Asp Gln Asp Gly Gly Trp Ser Gly Ile Val Asn Asp

 1560 1565 1570
 ttg gaa att gtt cag ctg aat ggt gac cac ctg gca gtt gtc gat gaa 4867
 Leu Glu Ile Val Gln Leu Asn Gly Asp His Leu Ala Val Val Asp Glu

 1575 1580 1585
 cca gaa atc ggc aca gtc gga gct cat ttg agt cgc cgc att gat gag 4915
 Pro Glu Ile Gly Thr Val Gly Ala His Leu Ser Arg Arg Ile Asp Glu

 1590 1595 1600 1605
 att tct cgg aag aat tagtaacgga gagctgacgg aag 4953
 Ile Ser Arg Lys Asn

 1610

 <210> 14
 <211> 1610
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <400> 14
 Met Glu Gln Ser Gln Ser Ser Asp Gln Lys Met Thr Val Glu Gln Val
 1 5 10 15

 Arg Thr Trp Leu Arg Asp Trp Val Val Arg Thr Thr Gly Ile Pro Val
 20 25 30

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

 Arg Asp Val Val Val Leu Ser Gly Glu Leu Glu Asn Leu Leu Asp Thr
 50 55 60

 Ser Leu Asp Ala Thr Ile Ala Tyr Glu Tyr Pro Thr Ile Arg Ser Leu
 65 70 75 80

 Ala Gln Arg Leu Val Glu Gly Glu Pro Arg Arg Ala His Thr Gln Arg
 85 90 95

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

 Ala Val Val Gly Met Ala Ala Arg Tyr Pro Gly Ala Glu Ser Leu Glu
 115 120 125

 Asp Met Trp Lys Leu Leu Val Glu Gly Arg Asp Gly Ile Ser Asp Leu
 130 135 140

 Pro Ile Gly Arg Trp Ser Glu Tyr Ala Gly Asp Glu Val Met Ser Arg
 145 150 155 160

 Lys Met Glu Glu Phe Ser Thr Ile Gly Gly Tyr Leu Ser Asp Ile Ser

165	170	175
Ser Phe Asp Ala Glu Phe Phe Gly Leu Ser Pro Leu Glu Ala Ala Asn		
180	185	190
Met Asp Pro Gln Gln Arg Ile Leu Leu Glu Leu Thr Trp Glu Ala Leu		
195	200	205
Glu Tyr Ala Arg Ile Ala Pro Asn Thr Leu Arg Gly Glu Ala Val Gly		
210	215	220
Val Phe Ile Gly Ser Ser Asn Asn Asp Tyr Gly Met Met Ile Ala Ala		
225	230	235
Asp Pro Ala Glu Ala His Pro Tyr Ala Leu Thr Gly Thr Ser Ser Ala		
245	250	255
Ile Val Ala Asn Arg Ile Asn Tyr Ala Phe Asp Phe Arg Gly Pro Ser		
260	265	270
Val Asn Val Asp Thr Ala Cys Ser Ser Ser Leu Val Ala Val His Gln		
275	280	285
Ala Val Arg Ala Leu Arg Asn Gly Glu Ala Asp His Ala Ile Ala Gly		
290	295	300
Gly Val Asn Ile Leu Ala Ser Pro Phe Val Thr Thr Ala Phe Ala Glu		
305	310	315
Leu Gly Val Ile Ser Pro Thr Gly Lys Ile His Ala Phe Ser Asp Asp		
325	330	335
Ala Asp Gly Phe Val Arg Ser Asp Gly Ala Gly Val Val Val Leu Lys		
340	345	350
Arg Val Asp Asp Ala Ile Arg Asp Gly Asp Lys Ile Ile Gly Val Ile		
355	360	365
Lys Gly Ser Ala Val Asn Ser Asp Gly His Ser Asn Gly Leu Thr Ala		
370	375	380
Pro Asn Pro Asp Ala Gln Val Asp Val Leu Gln Arg Ala Tyr Val Asp		
385	390	395
Ala Gln Val Asp Pro Thr Thr Val Asp Tyr Val Glu Ala His Gly Thr		
405	410	415
Gly Thr Ile Leu Gly Asp Pro Ile Glu Ala Thr Ala Leu Gly Ala Val		
420	425	430
Leu Gly Tyr Gly Arg Asp Ala Ser Thr Pro Thr Leu Leu Gly Ser Ala		
435	440	445
Lys Ser Asn Phe Gly His Thr Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ala Gly Val		
450	455	460
Ile Lys Val Leu Leu Ala Leu Gln Asn Lys Thr Leu Pro Pro Thr Val		
465	470	475
		480

Asn Phe Ala Gly Pro Asn Arg Tyr Ile Asp Phe Asp Ala Glu Arg Leu
 485 490 495
 Glu Val Val Glu Asp Pro Arg Glu Trp Pro Glu Tyr Asn Gly His Ala
 500 505 510
 Val Ala Gly Val Ser Ala Phe Gly Phe Gly Gly Thr Asn Ala His Val
 515 520 525
 Val Ile Ser Glu Tyr Asn Ala Glu Asp Tyr Glu Thr Arg Ala Pro Lys
 530 535 540
 Glu Ala Leu Leu Pro Asp Gln Gln Val Ala Leu Pro Val Ser Gly His
 545 550 555 560
 Leu Pro Ser Arg Arg Arg Gln Ala Ala Ala Asp Leu Ala Asp Phe Leu
 565 570 575
 Glu Gly Arg Lys Asp Cys Asp Leu Thr Pro Val Ala Arg Ala Leu Ala
 580 585 590
 Gly Arg Asn His Gly Arg Ser Arg Ala Val Val Leu Ala Ser Thr Ile
 595 600 605
 Glu Glu Ala Val Lys Arg Leu Arg Gln Val Ala Glu Gly Lys Val Ser
 610 615 620
 Val Gly Ile Ser Ala Ala Asp Ser Pro Ala Ala Asn Gly Pro Val Phe
 625 630 635 640
 Val Tyr Ser Gly Phe Gly Ser Gln His Arg Leu Met Ile Lys Glu Leu
 645 650 655
 Cys Ser Ile Ser Pro Gln Phe Arg Glu Arg Ile Glu Glu Leu Asp Glu
 660 665 670
 Met Val Lys Phe Glu Ser Gly Trp Ser Ile Met Lys Leu Val Leu Asp
 675 680 685
 Asp Glu Gln Thr Tyr Asp Thr Glu Thr Ala Gln Val Val Ile Thr Ala
 690 695 700
 Ile Gln Ile Ala Leu Thr Asp Leu Leu Ala Ser Phe Gly Val Lys Pro
 705 710 715 720
 Ala Ala Val Met Gly Met Ser Met Gly Glu Ile Ala Ala Ala Tyr Ala
 725 730 735
 Ala Gly Gly Leu Ser Asp Arg Asp Thr Met Leu Ile Ala Ser His Arg
 740 745 750
 Ser Arg Leu Met Gly Glu Gly Glu Lys Ser Leu Ala Glu Asp Gln Leu
 755 760 765
 Gly Ala Met Ala Val Val Glu Phe Ala Ala Ala Asp Leu Asp Lys Phe
 770 775 780
 Ile Glu Glu Asn Pro Glu Tyr Lys Gly Ile Glu Pro Ala Val Tyr Ala

785	790	795	800
Gly Pro Gly Met Thr Thr Val Gly Gly Pro Arg Asp Ala Val Val Gln	805	810	815
Phe Val Glu Lys Leu Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ala Arg Leu Leu Asn	820	825	830
Val Lys Gly Ala Gly His Thr Ser Ala Val Glu Pro Leu Leu Gly Glu	835	840	845
Leu Ala Gly Glu Ile Ala Gly Ile Glu Pro Leu Pro Leu Gln Ile Pro	850	855	860
Leu Phe Ser Ser Val Asp Gln Gly Val Thr Tyr Pro Val Gly Ala Val	865	870	875
Val His Asp Ala Asp Tyr Met Leu Arg Cys Thr Arg Gln Ser Val Tyr	885	890	895
Phe Gln Asp Ser Thr Glu Ala Ala Phe Ala Ala Gly His Asn Thr Leu	900	905	910
Val Glu Ile Ser Pro Asn Pro Val Ala Leu Met Gly Met Met Asn Thr	915	920	925
Ala Phe Thr Val Gly Lys Pro Asp Ala Gln Leu Leu Phe Ser Leu Lys	930	935	940
Arg Lys Val Pro Glu Ala Glu Ser Leu Arg Asp Leu Leu Ala Lys Leu	945	950	955
Tyr Val Asn Gly Ala Asn Val Asp Phe Ser Ala Leu Tyr Gly Glu Gly	965	970	975
Glu Thr Ile Asp Pro Pro His Ile Thr Trp Lys His Gln Arg Phe Trp	980	985	990
Thr Ser Ala Arg Pro Ser Ser Gly Ala Ser Leu Asp Leu Pro Gly Phe	995	1000	1005
Arg Val Asn Leu Pro Asn Asn Thr Val Ala Phe Ser Thr Ala Ala Glu	1010	1015	1020
Leu Ala Pro Ser Ala Val Ala Ile Met Glu Ala Ala Ala Met Ala Val	1025	1030	1035
Thr Pro Gly Ser Ser Val Asp Ala Val Asp Glu Arg Asp Met Leu Pro	1045	1050	1055
Pro Ser Gly Glu Ile Thr Thr Ile Val Thr Arg Ser Leu Gly Gly Leu	1060	1065	1070
Ser Leu Ser Val Tyr Lys Ile Glu Gly Thr Thr Ser Thr Leu Val Ala	1075	1080	1085
Glu Gly Phe Ala Ala Asn Pro Gly Phe Ala Ala Ala Ser Ser Phe Asp	1090	1095	1100

Gly	Pro	Gly	Tyr	Asp	Gly	Phe	Asn	Thr	Asp	Tyr	Ser	Asp	Gln	Pro	Asp	
1105					1110					1115					1120	
Pro	Arg	Ser	Asp	Leu	Pro	Leu	Asp	Ile	Glu	Ala	Val	Arg	Trp	Asp	Pro	
			1125					1130						1135		
Ala	Thr	Glu	Thr	Val	Glu	Glu	Arg	Met	Arg	Ala	Ile	Val	Ser	Glu	Ala	
			1140					1145					1150			
Met	Gly	Tyr	Asp	Val	Asp	Asp	Leu	Pro	Arg	Glu	Leu	Pro	Leu	Ile	Asp	
		1155					1160					1165				
Leu	Gly	Leu	Asp	Ser	Leu	Met	Gly	Met	Arg	Ile	Lys	Asn	Arg	Ile	Glu	
	1170					1175					1180					
Asn	Asp	Phe	Gln	Ile	Pro	Pro	Leu	Gln	Val	Gln	Ala	Leu	Arg	Asp	Ala	
1185					1190					1195					1200	
Ser	Val	Ala	Asp	Val	Val	Ile	Met	Val	Glu	Asn	Met	Val	Ala	Gly	Arg	
			1205						1210					1215		
Ser	Ser	Glu	Thr	Leu	Val	Asp	Ala	Thr	Pro	Gln	Val	Pro	Ala	Glu	Ala	
			1220					1225						1230		
Ala	Gly	Glu	Ala	Gln	Ala	Ala	Glu	Ser	Ser	Ala	Ser	Gly	Glu	Asp	Val	
		1235					1240					1245				
Gln	Gly	Val	Gly	Val	Ala	Pro	Arg	Asp	Ala	Ser	Glu	Arg	Met	Val	Phe	
	1250					1255					1260					
Gly	Thr	Trp	Ala	Gly	Leu	Thr	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Val	Thr	Ser	
1265					1270					1275					1280	
Lys	Leu	Pro	Gln	Ile	Asp	Val	Asp	Thr	Ala	Thr	Ala	Ile	Ala	Glu	Arg	
			1285					1290						1295		
Leu	Thr	Glu	Arg	Ser	Gly	Ile	Glu	Ile	Ser	Thr	Glu	Gln	Val	Leu	Ala	
			1300					1305					1310			
Ala	Glu	Thr	Leu	Glu	Pro	Leu	Ser	Asp	Leu	Val	Arg	Glu	Gly	Leu	Glu	
		1315					1320					1325				
Thr	Glu	Val	Gln	Gly	Asn	Ile	Arg	Val	Leu	Arg	Gly	Arg	Ala	Glu	Gly	
		1330				1335					1340					
Ser	Thr	Lys	Pro	Ala	Val	Phe	Met	Phe	His	Pro	Ala	Gly	Gly	Ser	Ser	
1345					1350					1355					1360	
Val	Val	Tyr	Gln	Pro	Leu	Met	Arg	Arg	Leu	Pro	Glu	Asp	Val	Pro	Val	
			1365						1370					1375		
Tyr	Gly	Val	Glu	Arg	Leu	Glu	Gly	Asp	Leu	Ala	Asp	Arg	Ala	Ala	Ala	
		1380					1385					1390				
Tyr	Val	Asp	Asp	Ile	Lys	Lys	Tyr	Ser	Asp	Gly	Phe	Pro	Val	Val	Leu	
		1395					1400				1405					
Gly	Gly	Trp	Ser	Phe	Gly	Gly	Ala	Val	Ala	Phe	Glu	Val	Ala	His	Gln	

1410	1415	1420	
Leu Val Gly Ser Asp Val Glu Val Ala Thr Val Ala Leu Leu Asp Thr			
1425	1430	1435	1440
Val Gln Pro Ser Asn Pro Ala Pro Asp Thr Ala Glu Glu Thr Arg Ala			
	1445	1450	1455
Arg Trp Thr Arg Tyr Ala Asp Phe Ala Lys Lys Thr Tyr Gly Leu Asp			
	1460	1465	1470
Phe Glu Val Pro Phe Glu Ile Leu Asp Thr Ile Gly Glu Asp Gly Met			
	1475	1480	1485
Leu Ser Met Met Thr Asp Phe Leu Ala Asn Thr Asp Ala Ser Glu His			
	1490	1495	1500
Gly Leu Ser Ala Gly Val Leu Glu His Gln Arg Ala Ser Phe Val Asp			
	1505	1510	1515
Asn Arg Ile Leu Ala Lys Leu Asn Phe Ala Asp Trp Ala Asn Val Glu			
	1525	1530	1535
Ala Pro Val Ile Leu Phe Arg Ala Glu Arg Met His Asp Gly Ala Ile			
	1540	1545	1550
Glu Leu Glu Pro Asn Tyr Ala Lys Ile Asp Gln Asp Gly Gly Trp Ser			
	1555	1560	1565
Gly Ile Val Asn Asp Leu Glu Ile Val Gln Leu Asn Gly Asp His Leu			
	1570	1575	1580
Ala Val Val Asp Glu Pro Glu Ile Gly Thr Val Gly Ala His Leu Ser			
	1585	1590	1595
Arg Arg Ile Asp Glu Ile Ser Arg Lys Asn			
	1605	1610	

<210> 15
 <211> 540
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(517)
 <223> RXA01138

<400> 15
 cttattcaag tttttggaaa gataattaac tatgacttta aaaacagtaa acggaacgca 60
 gctgcgagac actgtcggat cgttcccttc aggtgtcacg gtg gtc acc act acc 115
 Val Val Thr Thr Thr
 1 5
 gat ggg gaa gtg gac cac ggg ttg act gtg agt gcg ttc gtg tcc ttg 163

Asp Gly Glu Val Asp His Gly Leu Thr Val Ser Ala Phe Val Ser Leu

10 15 20
 tcg ttg gag cct gcc atg gtg ttg gtg agt atc gat aag aaa tca agc 211
 Ser Leu Glu Pro Ala Met Val Leu Val Ser Ile Asp Lys Lys Ser Ser

25 30 35
 gtt gtg ccg ttt ttg gag cag ggt tca cca gtt gct gtg tct gtg tta 259
 Val Val Pro Phe Leu Glu Gln Gly Ser Pro Val Ala Val Ser Val Leu

40 45 50
 tcg gaa gag cag agc gat ttg gcc atc aca ttt ggc cgt cat ctg gaa 307
 Ser Glu Glu Gln Ser Asp Leu Ala Ile Thr Phe Gly Arg His Leu Glu

55 60 65
 aac aaa ttc gac ggc gtt tcc att aag cgt tca aca aac agg gca gcg 355
 Asn Lys Phe Asp Gly Val Ser Ile Lys Arg Ser Thr Asn Arg Ala Ala

70 75 80 85
 gtc ttg gaa ggt gcg tca gca tgg ttg agt ggc gct gtg gtg gat aaa 403
 Val Leu Glu Gly Ala Ser Ala Trp Leu Ser Gly Ala Val Val Asp Lys

90 95 100
 tac cca ggt gga gat cac ttt att atc acc att gcc gtg gaa gag tgt 451
 Tyr Pro Gly Gly Asp His Phe Ile Ile Thr Ile Ala Val Glu Glu Cys

105 110 115
 gct cac gac gag gag caa aag cca ctt ctt tac cac cgt ggc agg ctt 499
 Ala His Asp Glu Glu Gln Lys Pro Leu Leu Tyr His Arg Gly Arg Leu

120 125 130
 ttt cag tgg caa gaa gat taattctcca ccccttcatt ttc 540
 Phe Gln Trp Gln Glu Asp

135

<210> 16
 <211> 139
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 16
 Val Val Thr Thr Thr Asp Gly Glu Val Asp His Gly Leu Thr Val Ser
 1 5 10 15
 Ala Phe Val Ser Leu Ser Leu Glu Pro Ala Met Val Leu Val Ser Ile
 20 25 30
 Asp Lys Lys Ser Ser Val Val Pro Phe Leu Glu Gln Gly Ser Pro Val
 35 40 45
 Ala Val Ser Val Leu Ser Glu Glu Gln Ser Asp Leu Ala Ile Thr Phe
 50 55 60

Gly Arg His Leu Glu Asn Lys Phe Asp Gly Val Ser Ile Lys Arg Ser
65 70 75 80

Thr Asn Arg Ala Ala Val Leu Glu Gly Ala Ser Ala Trp Leu Ser Gly
85 90 95

Ala Val Val Asp Lys Tyr Pro Gly Gly Asp His Phe Ile Ile Thr Ile
100 105 110

Ala Val Glu Glu Cys Ala His Asp Glu Glu Gln Lys Pro Leu Leu Tyr
115 120 125

His Arg Gly Arg Leu Phe Gln Trp Gln Glu Asp
130 135

<210> 17

<211> 756

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(733)

<223> RXA01980

<400> 17

aggatcgtac caaataagge aataaactct ttttactttt cctcaacttc ctgaaaagtc 60
gccgccttag aattcactaa gtttcgata tctttaaccc atg cag atc att gat 115
Met Gln Ile Ile Asp

1 5
ctc tct cat gcg ttc gcg ccc gga caa ccc cac tac cct ggg gat cca 163
Leu Ser His Ala Phe Ala Pro Gly Gln Pro His Tyr Pro Gly Asp Pro

10 15 20
gat caa gaa att aag acg gtc tcc acg att gaa aac gat ggc ttt tta 211
Asp Gln Glu Ile Lys Thr Val Ser Thr Ile Glu Asn Asp Gly Phe Leu

25 30 35
atg cat caa tac aga ctt gtt ggt ccc tgg gga acg cat gta gat gca 259
Met His Gln Tyr Arg Leu Val Gly Pro Trp Gly Thr His Val Asp Ala

40 45 50
cct gca cat ttc gat cca caa ggt cgg acg ctt gat cag atc cct gtg 307
Pro Ala His Phe Asp Pro Gln Gly Arg Thr Leu Asp Gln Ile Pro Val

55 60 65
gag gaa acg cat tta ccc ctt tat tgc ctg agg ttt tct cgc ccc gat 355
Glu Glu Thr His Leu Pro Leu Tyr Cys Leu Arg Phe Ser Arg Pro Asp

70 75 80 85
cta tgt act gct gct gat ata gaa gcg ttt gaa cat aca cac ggg aaa 403
Leu Cys Thr Ala Ala Asp Ile Glu Ala Phe Glu His Thr His Gly Lys

90 95 100

atc gaa cca gga tcc ttc gtc gca ctc cac act gga tgg gaa tgg ggt 451
Ile Glu Pro Gly Ser Phe Val Ala Leu His Thr Gly Trp Glu Trp Gly

105 110 115
aaa caa ggg atc gca ccc ggc tgg tct atc gag gct tta gaa atc ctc 499
Lys Gln Gly Ile Ala Pro Gly Trp Ser Ile Glu Ala Leu Glu Ile Leu

120 125 130
cat gcc cgt gga gtc att gcc att ggc cac gat ctt ccc gat aca gat 547
His Ala Arg Gly Val Ile Ala Ile Gly His Asp Leu Pro Asp Thr Asp

135 140 145
cct tca ctg gag gca cag cgc tgg tgg ctg tgc cgt gac cat tgg cag 595
Pro Ser Leu Glu Ala Gln Arg Trp Trp Leu Cys Arg Asp His Trp Gln

150 155 160 165
att gaa aac ctc acc aat ttg gac aag gtt cct gca acg ggt gcg atg 643
Ile Glu Asn Leu Thr Asn Leu Asp Lys Val Pro Ala Thr Gly Ala Met

170 175 180
att gct tgt cct tgg cca gtt cca aaa gat ggt gct agt ttc cca gtg 691
Ile Ala Cys Pro Trp Pro Val Pro Lys Asp Gly Ala Ser Phe Pro Val

185 190 195
cgt cca att gct ctc gtc cca gag cac cta tcc cct act cgc 733
Arg Pro Ile Ala Leu Val Pro Glu His Leu Ser Pro Thr Arg

200 205 210
taaagcgaac ggcagcacct tct 756

<210> 18
<211> 211
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 18
Met Gln Ile Ile Asp Leu Ser His Ala Phe Ala Pro Gly Gln Pro His
1 5 10 15

Tyr Pro Gly Asp Pro Asp Gln Glu Ile Lys Thr Val Ser Thr Ile Glu
20 25 30

Asn Asp Gly Phe Leu Met His Gln Tyr Arg Leu Val Gly Pro Trp Gly
35 40 45

Thr His Val Asp Ala Pro Ala His Phe Asp Pro Gln Gly Arg Thr Leu
50 55 60

Asp Gln Ile Pro Val Glu Glu Thr His Leu Pro Leu Tyr Cys Leu Arg
65 70 75 80

Phe Ser Arg Pro Asp Leu Cys Thr Ala Ala Asp Ile Glu Ala Phe Glu
85 90 95

His Thr His Gly Lys Ile Glu Pro Gly Ser Phe Val Ala Leu His Thr
100 105 110

Gly Trp Glu Trp Gly Lys Gln Gly Ile Ala Pro Gly Trp Ser Ile Glu
115 120 125

Ala Leu Glu Ile Leu His Ala Arg Gly Val Ile Ala Ile Gly His Asp
130 135 140

Leu Pro Asp Thr Asp Pro Ser Leu Glu Ala Gln Arg Trp Trp Leu Cys
145 150 155 160

Arg Asp His Trp Gln Ile Glu Asn Leu Thr Asn Leu Asp Lys Val Pro
165 170 175

Ala Thr Gly Ala Met Ile Ala Cys Pro Trp Pro Val Pro Lys Asp Gly
180 185 190

Ala Ser Phe Pro Val Arg Pro Ile Ala Leu Val Pro Glu His Leu Ser
195 200 205

Pro Thr Arg
210

<210> 19

<211> 1830

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1807)

<223> RXN01007

<400> 19

tctgaaccaa tataccgatc agtctaaaag tgtgttaagt tctggaacat aaattagctg 60
acacgtaaag taacttaaag attcactgga ggtaagccta gtg ttt aaa aag cac 115
Val Phe Lys Lys His

1 5
aga cac ggt ctc ggc tcc ccc gaa acc aaa cca cgc tca ata acc cgc 163
Arg His Gly Leu Gly Ser Pro Glu Thr Lys Pro Arg Ser Ile Thr Arg

10 15 20
cgg ttt ttc acc gcg gcc gcc gct acg ctg gca gga ttg gca gtc ctg 211
Arg Phe Phe Thr Ala Ala Ala Ala Thr Leu Ala Gly Leu Ala Val Leu

25 30 35
tcc ggc tgc aca gca caa ccc tca caa gca gaa gac aac acg ctc act 259
Ser Gly Cys Thr Ala Gln Pro Ser Gln Ala Glu Asp Asn Thr Leu Thr

40 45 50
tac tta gag cca cag ttc ttc cgc acc ctg tac cca cca tca gcg ggc 307
Tyr Leu Glu Pro Gln Phe Phe Arg Thr Leu Tyr Pro Pro Ser Ala Gly

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

280	285	290	
atc ccg atc atc tcc gca gcc acc aac ggt gtg aac aac agc ttc aac			1027
Ile Pro Ile Ile Ser Ala Ala Thr Asn Gly Val Asn Asn Ser Phe Asn			
295	300	305	
ttc cgc ttc aaa aac gag ctg ctc tca gac atc cgt gtt cgc caa gct			1075
Phe Arg Phe Lys Asn Glu Leu Leu Ser Asp Ile Arg Val Arg Gln Ala			
310	315	320	325
ctg atc cac gcg atc gac cgc gaa aag atc atg cgt gtg ctg ttt agt			1123
Leu Ile His Ala Ile Asp Arg Glu Lys Ile Met Arg Val Leu Phe Ser			
330	335	340	
gat tcc tat ccg ctg gca act tct gtg ctt gcg caa aat gca ctg ggc			1171
Asp Ser Tyr Pro Leu Ala Thr Ser Val Leu Ala Gln Asn Ala Leu Gly			
345	350	355	
tac aaa gaa caa gta gat gcc tat gtc tac gac cta gac aaa gca aca			1219
Tyr Lys Glu Gln Val Asp Ala Tyr Val Tyr Asp Leu Asp Lys Ala Thr			
360	365	370	
gct ctg ctt gac gaa gcc ggc tgg acc ctt gat agc gac ggc atg cgt			1267
Ala Leu Leu Asp Glu Ala Gly Trp Thr Leu Asp Ser Asp Gly Met Arg			
375	380	385	
cgc aag gac ggt gaa ctt cta gag ctc acc ttc aac gaa gcc ctc cca			1315
Arg Lys Asp Gly Glu Leu Leu Glu Leu Thr Phe Asn Glu Ala Leu Pro			
390	395	400	405
cag cct cgt tca cgc gaa gtt gtc acc atg gtc caa gaa cag ctc ggt			1363
Gln Pro Arg Ser Arg Glu Val Val Thr Met Val Gln Glu Gln Leu Gly			
410	415	420	
gat ctg ggc atc aag gtc aac ctc aac cca ggt gac caa gca gcc cag			1411
Asp Leu Gly Ile Lys Val Asn Leu Asn Pro Gly Asp Gln Ala Ala Gln			
425	430	435	
gac gct gac tcc aag gat ctc aac aag atc cag gtt cgc cac acc atg			1459
Asp Ala Asp Ser Lys Asp Leu Asn Lys Ile Gln Val Arg His Thr Met			
440	445	450	
gtg ggt cgc gca gac tat gac gtg ctg aaa tcc cag ctg tac tcc acc			1507
Val Gly Arg Ala Asp Tyr Asp Val Leu Lys Ser Gln Leu Tyr Ser Thr			
455	460	465	
aac cgc aac gag ctg ttg aac atg acc gtg gaa ggg gag acc gcc gat			1555
Asn Arg Asn Glu Leu Leu Asn Met Thr Val Glu Gly Glu Thr Ala Asp			
470	475	480	485
att ggc gat cct cat ttg gag gaa ctc ctc atg gct att gca tcc agc			1603
Ile Gly Asp Pro His Leu Glu Glu Leu Leu Met Ala Ile Ala Ser Ser			
490	495	500	
cca cgc gaa gag gac cgt gca gca gca tct gcc gca gca cag gat tac			1651
Pro Arg Glu Glu Asp Arg Ala Ala Ala Ser Ala Ala Ala Gln Asp Tyr			

505 510 515
atc acc gag cag gca tat gtt ctt cca ctg ttt gaa gag cca gtt gtc 1699
Ile Thr Glu Gln Ala Tyr Val Leu Pro Leu Phe Glu Glu Pro Val Val

520 525 530
tac ggc gtg cag cct tac gtg aag ggc ttt agc ccc gaa gtg atc ggc 1747
Tyr Gly Val Gln Pro Tyr Val Lys Gly Phe Ser Pro Glu Val Ile Gly

535 540 545
cgc ccc agc ttc tat gag acc tac att gac cat tcc agc gac cat tcc 1795
Arg Pro Ser Phe Tyr Glu Thr Tyr Ile Asp His Ser Ser Asp His Ser

550 555 560 565
agt gag gag gac taaatgacta cctcgcatat tct 1830
Ser Glu Glu Asp

<210> 20
<211> 569
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 20
Val Phe Lys Lys His Arg His Gly Leu Gly Ser Pro Glu Thr Lys Pro
1 5 10 15

Arg Ser Ile Thr Arg Arg Phe Phe Thr Ala Ala Ala Ala Thr Leu Ala
20 25 30

Gly Leu Ala Val Leu Ser Gly Cys Thr Ala Gln Pro Ser Gln Ala Glu
35 40 45

Asp Asn Thr Leu Thr Tyr Leu Glu Pro Gln Phe Phe Arg Thr Leu Tyr
50 55 60

Pro Pro Ser Ala Gly Phe Tyr Pro Asn Gly Ser Val Val Asn Asn Ile
65 70 75 80

Ala Asp Arg Leu Leu Tyr Gln Asp Pro Glu Thr Leu Glu Leu Lys Pro
85 90 95

Trp Ile Ala Thr Glu Leu Pro Glu Val Asn Glu Asp Ala Thr Glu Phe
100 105 110

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

Thr Ala Glu Asn Val Val Lys Asn Phe Asp Leu Tyr Gly Leu Gly Asp
130 135 140

Gln Asp Arg Arg Leu Thr Ile Ser Glu Gln Ile Thr Asn Tyr Asp His
145 150 155 160

Gly Glu Val Val Asp Glu Asp Thr Val Arg Phe His Phe Ser Glu Pro

165	170	175
Ala Pro Gly Phe Ala Gln Ala Thr Ser Ser Phe Asn Ala Gly Leu Tyr		
180	185	190
Ala Asp Ser Thr Leu Glu Phe Ala Asn Glu Asp Phe Ala Pro Gly Asn		
195	200	205
Ala Gln Asn Val Ile Gly Ser Gly Pro Phe Val Ile Thr Asp Glu Thr		
210	215	220
Leu Gly Thr Asn Leu Thr Leu Thr Ala Arg Glu Asp Tyr Asp Trp Ala		
225	230	235
Pro Pro Ser Arg Glu His Gln Gly Arg Ala Lys Leu Asp Ala Val Asn		
245	250	255
Tyr Val Leu Ala Gly Glu Glu Ser Val Arg Ile Gly Ala Ile Val Ala		
260	265	270
Gly Gln Gly Asp Ile Ala Arg Gln Ile Glu Ala Pro Val Glu Ala His		
275	280	285
Leu Lys Asp Ala Gly Ile Pro Ile Ile Ser Ala Ala Thr Asn Gly Val		
290	295	300
Asn Asn Ser Phe Asn Phe Arg Phe Lys Asn Glu Leu Leu Ser Asp Ile		
305	310	315
Arg Val Arg Gln Ala Leu Ile His Ala Ile Asp Arg Glu Lys Ile Met		
325	330	335
Arg Val Leu Phe Ser Asp Ser Tyr Pro Leu Ala Thr Ser Val Leu Ala		
340	345	350
Gln Asn Ala Leu Gly Tyr Lys Glu Gln Val Asp Ala Tyr Val Tyr Asp		
355	360	365
Leu Asp Lys Ala Thr Ala Leu Leu Asp Glu Ala Gly Trp Thr Leu Asp		
370	375	380
Ser Asp Gly Met Arg Arg Lys Asp Gly Glu Leu Leu Glu Leu Thr Phe		
385	390	395
Asn Glu Ala Leu Pro Gln Pro Arg Ser Arg Glu Val Val Thr Met Val		
405	410	415
Gln Glu Gln Leu Gly Asp Leu Gly Ile Lys Val Asn Leu Asn Pro Gly		
420	425	430
Asp Gln Ala Ala Gln Asp Ala Asp Ser Lys Asp Leu Asn Lys Ile Gln		
435	440	445
Val Arg His Thr Met Val Gly Arg Ala Asp Tyr Asp Val Leu Lys Ser		
450	455	460
Gln Leu Tyr Ser Thr Asn Arg Asn Glu Leu Leu Asn Met Thr Val Glu		
465	470	475
		480

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

Ala Ile Ala Ser Ser Pro Arg Glu Glu Asp Arg Ala Ala Ala Ser Ala
500 505 510

Ala Ala Gln Asp Tyr Ile Thr Glu Gln Ala Tyr Val Leu Pro Leu Phe
515 520 525

Glu Glu Pro Val Val Tyr Gly Val Gln Pro Tyr Val Lys Gly Phe Ser
530 535 540

Pro Glu Val Ile Gly Arg Pro Ser Phe Tyr Glu Thr Tyr Ile Asp His
545 550 555 560

Ser Ser Asp His Ser Ser Glu Glu Asp
565

<210> 21

<211> 858

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(835)

<223> RXN00784

<400> 21

gtcacatcag ttatcgcgcg gaatagtttag cgggcgcatg tgggtgggat atatgaataa 60
atctattcca actacgcgta aaacgaggac gtttaaagct atg tct att gaa ttc 115
Met Ser Ile Glu Phe

1 5
tcc gca cca gca aaa atg aaa atc gaa gtg tgg agc gac atc atg tgc 163
Ser Ala Pro Ala Lys Met Lys Ile Glu Val Trp Ser Asp Ile Met Cys

10 15 20
ccc ttc tgc tac atc ggc aaa aag cgc ctc gac gac gcc cta agt acc 211
Pro Phe Cys Tyr Ile Gly Lys Lys Arg Leu Asp Asp Ala Leu Ser Thr

25 30 35
ttt gac cag gcc gga cgc atc gaa gtg gaa tac aag agc ttc gaa ctc 259
Phe Asp Gln Ala Gly Arg Ile Glu Val Glu Tyr Lys Ser Phe Glu Leu

40 45 50
atg cca ggc cta gaa acc cac cca ctg cgt tcc gac gtt gaa tac ctc 307
Met Pro Gly Leu Glu Thr His Pro Leu Arg Ser Asp Val Glu Tyr Leu

55 60 65
gcc gac gcc aag ggc atg agc ctc gag cag gcc cgc caa atg aac ggc 355
Ala Asp Ala Lys Gly Met Ser Leu Glu Gln Ala Arg Gln Met Asn Gly

70 75 80 85
caa gtc caa gca atg gca caa gcc acc gga ctt gaa atg aat cct gac 403

Gln Val Gln Ala Met Ala Gln Ala Thr Gly Leu Glu Met Asn Pro Asp

90 95 100
gaa acc atc gcg gcc aac acc atc aac gcg cac cgc ctt acc cac ttc 451
Glu Thr Ile Ala Ala Asn Thr Ile Asn Ala His Arg Leu Thr His Phe

105 110 115
gcg aaa gcc cac ggc aag caa caa gaa gtg gcg cag gaa ctc ttc aag 499
Ala Lys Ala His Gly Lys Gln Gln Glu Val Ala Gln Glu Leu Phe Lys

120 125 130
gct cac ttc gta gac ggc aag aac gtt gat gac ctc gat gtg ctg gtc 547
Ala His Phe Val Asp Gly Lys Asn Val Asp Asp Leu Asp Val Leu Val

135 140 145
tcc att gct gca gag gtt ggt ctc gat gcc agt gca gcc cgc gaa gct 595
Ser Ile Ala Ala Glu Val Gly Leu Asp Ala Ser Ala Ala Arg Glu Ala

150 155 160 165
ctc gaa tcc gac gtg tac acc aac gaa gtc caa caa gac gtc cac gaa 643
Leu Glu Ser Asp Val Tyr Thr Asn Glu Val Gln Gln Asp Val His Glu

170 175 180
gcc cgc caa ctc ggc gtc caa ggt gtg ccc ttc ttt gta ttc gac cgc 691
Ala Arg Gln Leu Gly Val Gln Gly Val Pro Phe Phe Val Phe Asp Arg

185 190 195
aaa tac gcc atc aac ggc gcc caa caa gaa gaa gta ttc acc ggc acc 739
Lys Tyr Ala Ile Asn Gly Ala Gln Gln Glu Glu Val Phe Thr Gly Thr

200 205 210
gta gaa aaa gcc ttc gaa gag tgg gca gcc gaa aac cca gtc agc cca 787
Val Glu Lys Ala Phe Glu Glu Trp Ala Ala Glu Asn Pro Val Ser Pro

215 220 225
ttt gag gtc att gac ggc caa agc tgc tcc gtc gac ggc acc tgc aac 835
Phe Glu Val Ile Asp Gly Gln Ser Cys Ser Val Asp Gly Thr Cys Asn

230 235 240 245
taacttttgg gacctatgtg cgt 858

<210> 22
<211> 245
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 22
Met Ser Ile Glu Phe Ser Ala Pro Ala Lys Met Lys Ile Glu Val Trp
1 5 10 15
Ser Asp Ile Met Cys Pro Phe Cys Tyr Ile Gly Lys Lys Arg Leu Asp
20 25 30
Asp Ala Leu Ser Thr Phe Asp Gln Ala Gly Arg Ile Glu Val Glu Tyr

35 40 45
 Lys Ser Phe Glu Leu Met Pro Gly Leu Glu Thr His Pro Leu Arg Ser
 50 55 60
 Asp Val Glu Tyr Leu Ala Asp Ala Lys Gly Met Ser Leu Glu Gln Ala
 65 70 75 80
 Arg Gln Met Asn Gly Gln Val Gln Ala Met Ala Gln Ala Thr Gly Leu
 85 90 95
 Glu Met Asn Pro Asp Glu Thr Ile Ala Ala Asn Thr Ile Asn Ala His
 100 105 110
 Arg Leu Thr His Phe Ala Lys Ala His Gly Lys Gln Gln Glu Val Ala
 115 120 125
 Gln Glu Leu Phe Lys Ala His Phe Val Asp Gly Lys Asn Val Asp Asp
 130 135 140
 Leu Asp Val Leu Val Ser Ile Ala Ala Glu Val Gly Leu Asp Ala Ser
 145 150 155 160
 Ala Ala Arg Glu Ala Leu Glu Ser Asp Val Tyr Thr Asn Glu Val Gln
 165 170 175
 Gln Asp Val His Glu Ala Arg Gln Leu Gly Val Gln Gly Val Pro Phe
 180 185 190
 Phe Val Phe Asp Arg Lys Tyr Ala Ile Asn Gly Ala Gln Gln Glu Glu
 195 200 205
 Val Phe Thr Gly Thr Val Glu Lys Ala Phe Glu Glu Trp Ala Ala Glu
 210 215 220
 Asn Pro Val Ser Pro Phe Glu Val Ile Asp Gly Gln Ser Cys Ser Val
 225 230 235 240
 Asp Gly Thr Cys Asn
 245

<210> 23

<211> 1896

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1873)

<223> RXA02335

<400> 23

tggttgagtt cttcggggtt gagtgtgcaa gaatattcac tattggtcag gcaactatgt 60
 gtctaccac tgagtcacat atttaaatca ggagttatta gtg tca gtc gag act 115
 Val Ser Val Glu Thr

	1	5	
agg aag atc acc aag gtt ctt gtc gct aac cgt ggt gag att gca atc			163
Arg Lys Ile Thr Lys Val Leu Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile Ala Ile			
	10	15	20
cgc gtg ttc cgt gca gct cga gat gaa ggc atg gga tct gtc gcc gtc			211
Arg Val Phe Arg Ala Ala Arg Asp Glu Gly Met Gly Ser Val Ala Val			
	25	30	35
tac gca gag cca gat gca gat gca cca ttc gtg tca tat gca gac gag			259
Tyr Ala Glu Pro Asp Ala Asp Ala Pro Phe Val Ser Tyr Ala Asp Glu			
	40	45	50
gct ttt gcc ctc ggt ggc caa aca tcc gct gag tcc tac ctt gtc att			307
Ala Phe Ala Leu Gly Gly Gln Thr Ser Ala Glu Ser Tyr Leu Val Ile			
	55	60	65
gac aag atc atc gat gcg gcc cgc aag tcc ggc gcc gac gcc atc cac			355
Asp Lys Ile Ile Asp Ala Ala Arg Lys Ser Gly Ala Asp Ala Ile His			
	70	75	80
ccc ggc tac ggc ttc ctc gca gaa aac gct gac ttc gca gaa gca gtc			403
Pro Gly Tyr Gly Phe Leu Ala Glu Asn Ala Asp Phe Ala Glu Ala Val			
	90	95	100
atc aac gaa ggc ctg atc tgg att gga cct tca cct gag tcc atc cgc			451
Ile Asn Glu Gly Leu Ile Trp Ile Gly Pro Ser Pro Glu Ser Ile Arg			
	105	110	115
tcc ctc ggc gac aag gtc acc gct cgc cac atc gca gat acc gcc aag			499
Ser Leu Gly Asp Lys Val Thr Ala Arg His Ile Ala Asp Thr Ala Lys			
	120	125	130
gct cca atg gct cct ggc acc aag gaa cca gta aaa gac gca gca gaa			547
Ala Pro Met Ala Pro Gly Thr Lys Glu Pro Val Lys Asp Ala Ala Glu			
	135	140	145
gtt gtg gct ttc gct gaa gaa ttc ggt ctc cca atc gcc atc aag gca			595
Val Val Ala Phe Ala Glu Glu Phe Gly Leu Pro Ile Ala Ile Lys Ala			
	150	155	160
gct ttc ggt ggc ggc gga cgt ggc atg aag gtt gcc tac aag atg gaa			643
Ala Phe Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Lys Val Ala Tyr Lys Met Glu			
	170	175	180
gaa gtc gct gac ctc ttc gag tcc gca acc cgt gaa gca acc gca gcg			691
Glu Val Ala Asp Leu Phe Glu Ser Ala Thr Arg Glu Ala Thr Ala Ala			
	185	190	195
ttc ggc cgc ggc gag tgc ttc gtg gag cgc tac ctg gac aag gca cgc			739
Phe Gly Arg Gly Glu Cys Phe Val Glu Arg Tyr Leu Asp Lys Ala Arg			
	200	205	210
cac gtt gag gct cag gtc atc gcc gat aag cac ggc aac gtt gtt gtc			787
His Val Glu Ala Gln Val Ile Ala Asp Lys His Gly Asn Val Val Val			

215	220	225	
gcc gga acc cgt gac tgc tcc ctg cag cgc cgt ttc cag aag ctc gtc			835
Ala Gly Thr Arg Asp Cys Ser Leu Gln Arg Arg Phe Gln Lys Leu Val			
230	235	240	245
gaa gaa gca cca gca cca ttc ctc acc gat gac cag cgc gag cgt ctc			883
Glu Glu Ala Pro Ala Pro Phe Leu Thr Asp Asp Gln Arg Glu Arg Leu			
250	255	260	
cac tcc tcc gcg aag gct atc tgt aag gaa gct ggc tac tac ggt gca			931
His Ser Ser Ala Lys Ala Ile Cys Lys Glu Ala Gly Tyr Tyr Gly Ala			
265	270	275	
ggc acc gtt gag tac ctc gtt ggc tcc gac ggc ctg atc tcc ttc ctc			979
Gly Thr Val Glu Tyr Leu Val Gly Ser Asp Gly Leu Ile Ser Phe Leu			
280	285	290	
gag gtc aac acc cgc ctc cag gtg gaa cac cca gtc acc gaa gag acc			1027
Glu Val Asn Thr Arg Leu Gln Val Glu His Pro Val Thr Glu Glu Thr			
295	300	305	
acc ggc atc gac ctg gtc cgc gaa atg ttc cgc atc gca gaa ggc cac			1075
Thr Gly Ile Asp Leu Val Arg Glu Met Phe Arg Ile Ala Glu Gly His			
310	315	320	325
gag ctc tcc atc aag gaa gat cca gct cca cgc ggc cac gca ttc gag			1123
Glu Leu Ser Ile Lys Glu Asp Pro Ala Pro Arg Gly His Ala Phe Glu			
330	335	340	
ttc cgc atc aac ggc gaa gac gct ggc tcc aac ttc atg cct gca cca			1171
Phe Arg Ile Asn Gly Glu Asp Ala Gly Ser Asn Phe Met Pro Ala Pro			
345	350	355	
ggc aag atc acc agc tac cgc gag cca cag ggc cca ggc gtc cgc atg			1219
Gly Lys Ile Thr Ser Tyr Arg Glu Pro Gln Gly Pro Gly Val Arg Met			
360	365	370	
gac tcc ggt gtc gtt gaa ggt tcc gaa atc tcc gga cag ttc gac tcc			1267
Asp Ser Gly Val Val Glu Gly Ser Glu Ile Ser Gly Gln Phe Asp Ser			
375	380	385	
atg ctg gca aag ctg atc gtt tgg ggc gac acc cgc gag cag gct ctc			1315
Met Leu Ala Lys Leu Ile Val Trp Gly Asp Thr Arg Glu Gln Ala Leu			
390	395	400	405
cag cgc tcc cgc cgt gca ctt gca gag tac gtt gtc gag ggc atg cca			1363
Gln Arg Ser Arg Arg Ala Leu Ala Glu Tyr Val Val Glu Gly Met Pro			
410	415	420	
acc gtt atc cca ttc cac cag cac atc gtg gaa aac cca gca ttc gtg			1411
Thr Val Ile Pro Phe His Gln His Ile Val Glu Asn Pro Ala Phe Val			
425	430	435	
ggc aac gac gaa ggc ttc gag atc tac acc aag tgg atc gaa gag gtt			1459
Gly Asn Asp Glu Gly Phe Glu Ile Tyr Thr Lys Trp Ile Glu Glu Val			

440 445 450
 tgg gat aac cca atc gca cct tac gtt gac gct tcc gag ctc gac gaa 1507
 Trp Asp Asn Pro Ile Ala Pro Tyr Val Asp Ala Ser Glu Leu Asp Glu

 455 460 465
 gat gag gac aag acc cca gca cag aag gtt gtt gtg gag atc aac ggc 1555
 Asp Glu Asp Lys Thr Pro Ala Gln Lys Val Val Val Glu Ile Asn Gly

 470 475 480 485
 cgt cgc gtt gag gtt gca ctc cca ggc gat ctg gca ctc ggt ggc acc 1603
 Arg Arg Val Glu Val Ala Leu Pro Gly Asp Leu Ala Leu Gly Gly Thr

 490 495 500
 gct ggt cct aag aag aag gcc aag aag cgt cgc gca ggt ggt gca aag 1651
 Ala Gly Pro Lys Lys Lys Ala Lys Lys Arg Arg Ala Gly Gly Ala Lys

 505 510 515
 gct ggc gta tcc ggc gat gca gtg gca gct cca atg cag ggc act gtc 1699
 Ala Gly Val Ser Gly Asp Ala Val Ala Ala Pro Met Gln Gly Thr Val

 520 525 530
 atc aag gtc aac gtc gaa gaa ggc gct gaa gtc aac gaa ggc gac acc 1747
 Ile Lys Val Asn Val Glu Glu Gly Ala Glu Val Asn Glu Gly Asp Thr

 535 540 545
 gtt gtt gtc ctc gag gct atg aag atg gaa aac cct gtg aag gct cat 1795
 Val Val Val Leu Glu Ala Met Lys Met Glu Asn Pro Val Lys Ala His

 550 555 560 565
 aag tcc gga acc gta acc ggc ctt act gtc gct gca ggc gag ggt gtc 1843
 Lys Ser Gly Thr Val Thr Gly Leu Thr Val Ala Ala Gly Glu Gly Val

 570 575 580
 aac aag ggc gtt gtt ctc ctc gag atc aag taagttcttg gattcctgtt 1893
 Asn Lys Gly Val Val Leu Leu Glu Ile Lys

 585 590
 agt 1896

<210> 24
 <211> 591
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 24
 Val Ser Val Glu Thr Arg Lys Ile Thr Lys Val Leu Val Ala Asn Arg
 1 5 10 15

 Gly Glu Ile Ala Ile Arg Val Phe Arg Ala Ala Arg Asp Glu Gly Met
 20 25 30

 Gly Ser Val Ala Val Tyr Ala Glu Pro Asp Ala Asp Ala Pro Phe Val
 35 40 45

Ser Tyr Ala Asp Glu Ala Phe Ala Leu Gly Gly Gln Thr Ser Ala Glu
50 55 60

Ser Tyr Leu Val Ile Asp Lys Ile Ile Asp Ala Ala Arg Lys Ser Gly
65 70 75 80

Ala Asp Ala Ile His Pro Gly Tyr Gly Phe Leu Ala Glu Asn Ala Asp
85 90 95

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

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

Ala Asp Thr Ala Lys Ala Pro Met Ala Pro Gly Thr Lys Glu Pro Val
130 135 140

Lys Asp Ala Ala Glu Val Val Ala Phe Ala Glu Glu Phe Gly Leu Pro
145 150 155 160

Ile Ala Ile Lys Ala Ala Phe Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Lys Val
165 170 175

Ala Tyr Lys Met Glu Glu Val Ala Asp Leu Phe Glu Ser Ala Thr Arg
180 185 190

Glu Ala Thr Ala Ala Phe Gly Arg Gly Glu Cys Phe Val Glu Arg Tyr
195 200 205

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

Gly Asn Val Val Val Ala Gly Thr Arg Asp Cys Ser Leu Gln Arg Arg
225 230 235 240

Phe Gln Lys Leu Val Glu Glu Ala Pro Ala Pro Phe Leu Thr Asp Asp
245 250 255

Gln Arg Glu Arg Leu His Ser Ser Ala Lys Ala Ile Cys Lys Glu Ala
260 265 270

Gly Tyr Tyr Gly Ala Gly Thr Val Glu Tyr Leu Val Gly Ser Asp Gly
275 280 285

Leu Ile Ser Phe Leu Glu Val Asn Thr Arg Leu Gln Val Glu His Pro
290 295 300

Val Thr Glu Glu Thr Thr Gly Ile Asp Leu Val Arg Glu Met Phe Arg
305 310 315 320

Ile Ala Glu Gly His Glu Leu Ser Ile Lys Glu Asp Pro Ala Pro Arg
325 330 335

Gly His Ala Phe Glu Phe Arg Ile Asn Gly Glu Asp Ala Gly Ser Asn
340 345 350

Phe Met Pro Ala Pro Gly Lys Ile Thr Ser Tyr Arg Glu Pro Gln Gly

355 360 365
 Pro Gly Val Arg Met Asp Ser Gly Val Val Glu Gly Ser Glu Ile Ser
 370 375 380
 Gly Gln Phe Asp Ser Met Leu Ala Lys Leu Ile Val Trp Gly Asp Thr
 385 390 395 400
 Arg Glu Gln Ala Leu Gln Arg Ser Arg Arg Ala Leu Ala Glu Tyr Val
 405 410 415
 Val Glu Gly Met Pro Thr Val Ile Pro Phe His Gln His Ile Val Glu
 420 425 430
 Asn Pro Ala Phe Val Gly Asn Asp Glu Gly Phe Glu Ile Tyr Thr Lys
 435 440 445
 Trp Ile Glu Glu Val Trp Asp Asn Pro Ile Ala Pro Tyr Val Asp Ala
 450 455 460
 Ser Glu Leu Asp Glu Asp Glu Asp Lys Thr Pro Ala Gln Lys Val Val
 465 470 475 480
 Val Glu Ile Asn Gly Arg Arg Val Glu Val Ala Leu Pro Gly Asp Leu
 485 490 495
 Ala Leu Gly Gly Thr Ala Gly Pro Lys Lys Lys Ala Lys Lys Arg Arg
 500 505 510
 Ala Gly Gly Ala Lys Ala Gly Val Ser Gly Asp Ala Val Ala Ala Pro
 515 520 525
 Met Gln Gly Thr Val Ile Lys Val Asn Val Glu Glu Gly Ala Glu Val
 530 535 540
 Asn Glu Gly Asp Thr Val Val Val Leu Glu Ala Met Lys Met Glu Asn
 545 550 555 560
 Pro Val Lys Ala His Lys Ser Gly Thr Val Thr Gly Leu Thr Val Ala
 565 570 575
 Ala Gly Glu Gly Val Asn Lys Gly Val Val Leu Leu Glu Ile Lys
 580 585 590

<210> 25

<211> 1575

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1552)

<223> RXA02173

<400> 25

ctaaattggg cttagatctt ccgcctctaa ataggtatgc agagacattc gaattaatta 60

acaaagccat ttttcggccg tggagaagcg ttttccgact atg gtg tgg ggc atg 115
 Met Val Trp Gly Met

 1 5
 gaa cac act tca gca ttg acg ctc ata gac tcg gtt ttg gac cct gac 163
 Glu His Thr Ser Ala Leu Thr Leu Ile Asp Ser Val Leu Asp Pro Asp

 10 15 20
 agc ttc att tct tgg aat gaa act ccc caa tat gac aac ctc aat caa 211
 Ser Phe Ile Ser Trp Asn Glu Thr Pro Gln Tyr Asp Asn Leu Asn Gln

 25 30 35
 ggc tat gca gag acc ttg gag cgg gct cga agc aag gcc aaa tgc gat 259
 Gly Tyr Ala Glu Thr Leu Glu Arg Ala Arg Ser Lys Ala Lys Cys Asp

 40 45 50
 gaa tcg gta att act gga gaa ggc acc gtg gag ggc att ccg gta gcc 307
 Glu Ser Val Ile Thr Gly Glu Gly Thr Val Glu Gly Ile Pro Val Ala

 55 60 65
 gtt att ttg tcc gat ttt tcc ttc ctc ggc ggt tct ttg ggc acg gtc 355
 Val Ile Leu Ser Asp Phe Ser Phe Leu Gly Gly Ser Leu Gly Thr Val

 70 75 80 85
 gcg tcg gtg cgc atc atg aag gcg att cac cgc gcc aca gag ctg aaa 403
 Ala Ser Val Arg Ile Met Lys Ala Ile His Arg Ala Thr Glu Leu Lys

 90 95 100
 ctc cca ctg ctg gtc tcc cct gct tcc ggt ggt gcg cgc atg cag gaa 451
 Leu Pro Leu Leu Val Ser Pro Ala Ser Gly Gly Ala Arg Met Gln Glu

 105 110 115
 gac aat cga gct ttt gtc atg atg gtg tcc ata acc gcg gct gtg cag 499
 Asp Asn Arg Ala Phe Val Met Met Val Ser Ile Thr Ala Ala Val Gln

 120 125 130
 cgt cac cgc gag gcg cat ttg ccg ttc ctg gtg tat ttg cgc aat ccc 547
 Arg His Arg Glu Ala His Leu Pro Phe Leu Val Tyr Leu Arg Asn Pro

 135 140 145
 acg atg ggt ggc gcc atg gcc tcg tgg ggt tca tct ggg cat ctc act 595
 Thr Met Gly Gly Ala Met Ala Ser Trp Gly Ser Ser Gly His Leu Thr

 150 155 160 165
 ttt gcg gaa ccc ggc gcg cag ata ggt ttc ctg ggt cct cgc gtg gtg 643
 Phe Ala Glu Pro Gly Ala Gln Ile Gly Phe Leu Gly Pro Arg Val Val

 170 175 180
 gag tta acc act ggg cat gcg ctt cca gac ggt gtg cag cag gcg gag 691
 Glu Leu Thr Thr Gly His Ala Leu Pro Asp Gly Val Gln Gln Ala Glu

 185 190 195
 aat ttg gtg aaa act ggt gtg att gat gga att gtg tcg cca ctc caa 739
 Asn Leu Val Lys Thr Gly Val Ile Asp Gly Ile Val Ser Pro Leu Gln

200

205

210

ttg cgt gca gcg gtg gca aaa acc ctc aag gtt att cag ccg gta gag	787		
Leu Arg Ala Ala Val Ala Lys Thr Leu Lys Val Ile Gln Pro Val Glu			
215	220	225	
gca acg gat cgt ttt tct cca aca act cct ggc gtg gca ctt ccg gtg	835		
Ala Thr Asp Arg Phe Ser Pro Thr Thr Pro Gly Val Ala Leu Pro Val			
230	235	240	245
atg gag gcg att gcg cgt tct cgt gac ccg cag agg cct gga atc ggg	883		
Met Glu Ala Ile Ala Arg Ser Arg Asp Pro Gln Arg Pro Gly Ile Gly			
250	255	260	
gag att atg gaa acg ttg ggg gca gac gtc gtc aag ctt tct ggt gcg	931		
Glu Ile Met Glu Thr Leu Gly Ala Asp Val Val Lys Leu Ser Gly Ala			
265	270	275	
cgt gct ggc gca ttg agc ccg gct gtg cgc gtt gcc ctg gcg cgc atc	979		
Arg Ala Gly Ala Leu Ser Pro Ala Val Arg Val Ala Leu Ala Arg Ile			
280	285	290	
ggg ggc cgg ccc gtg gtg ctg att ggg cag gat cgc cgc ttc acg ctt	1027		
Gly Gly Arg Pro Val Val Leu Ile Gly Gln Asp Arg Arg Phe Thr Leu			
295	300	305	
ggg ccg cag gag ctg cgt ttt gcg cgt cgt ggc att tcg ctg gcg cgc	1075		
Gly Pro Gln Glu Leu Arg Phe Ala Arg Arg Gly Ile Ser Leu Ala Arg			
310	315	320	325
gag cta aac ctg ccg atc gtg tcc atc atc gac acc tcc ggc gcc gaa	1123		
Glu Leu Asn Leu Pro Ile Val Ser Ile Ile Asp Thr Ser Gly Ala Glu			
330	335	340	
ttg tcg cag gcg gct gag gag ctc ggc atc gca agc tcg att gcg cgc	1171		
Leu Ser Gln Ala Ala Glu Glu Leu Gly Ile Ala Ser Ser Ile Ala Arg			
345	350	355	
acc ttg tcc aag ctt atc gac gct ccc ctc ccc acc gtt tcg gtc att	1219		
Thr Leu Ser Lys Leu Ile Asp Ala Pro Leu Pro Thr Val Ser Val Ile			
360	365	370	
att ggt cag ggc gtt ggc ggt ggc gcg ctg gcc atg ctg ccc gcc gat	1267		
Ile Gly Gln Gly Val Gly Gly Gly Ala Leu Ala Met Leu Pro Ala Asp			
375	380	385	
ctg gtc tac gcg gcc gaa aac gcg tgg ctg tcc gca ttg cca cca gag	1315		
Leu Val Tyr Ala Ala Glu Asn Ala Trp Leu Ser Ala Leu Pro Pro Glu			
390	395	400	405
ggc gcc tcg gcc atc ctc ttc cgc gac acc aac cac gcc gcg gaa atc	1363		
Gly Ala Ser Ala Ile Leu Phe Arg Asp Thr Asn His Ala Ala Glu Ile			
410	415	420	
ata gag cga caa ggc gtg cag gcg cac gca ctt tta agc caa ggg ctt	1411		
Ile Glu Arg Gln Gly Val Gln Ala His Ala Leu Leu Ser Gln Gly Leu			
425	430	435	

atc gac ggg atc gtc gcc gaa acc gag cac ttt gtt gaa gaa att ctc 1459
 Ile Asp Gly Ile Val Ala Glu Thr Glu His Phe Val Glu Glu Ile Leu

440 445 450
 ggc aca atc agc aac gcc ctc tcc gaa ttg gat aac aat ccg gag agg 1507
 Gly Thr Ile Ser Asn Ala Leu Ser Glu Leu Asp Asn Asn Pro Glu Arg

455 460 465
 gcg gga cgc gac agt cgc ttc aca cga ttt gag cgt tta gcg cag 1552
 Ala Gly Arg Asp Ser Arg Phe Thr Arg Phe Glu Arg Leu Ala Gln

470 475 480
 taaagaaaat tatgcgctga tca 1575

<210> 26
 <211> 484
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 26
 Met Val Trp Gly Met Glu His Thr Ser Ala Leu Thr Leu Ile Asp Ser
 1 5 10 15

Val Leu Asp Pro Asp Ser Phe Ile Ser Trp Asn Glu Thr Pro Gln Tyr
 20 25 30

Asp Asn Leu Asn Gln Gly Tyr Ala Glu Thr Leu Glu Arg Ala Arg Ser
 35 40 45

Lys Ala Lys Cys Asp Glu Ser Val Ile Thr Gly Glu Gly Thr Val Glu
 50 55 60

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

Ser Leu Gly Thr Val Ala Ser Val Arg Ile Met Lys Ala Ile His Arg
 85 90 95

Ala Thr Glu Leu Lys Leu Pro Leu Leu Val Ser Pro Ala Ser Gly Gly
 100 105 110

Ala Arg Met Gln Glu Asp Asn Arg Ala Phe Val Met Met Val Ser Ile
 115 120 125

Thr Ala Ala Val Gln Arg His Arg Glu Ala His Leu Pro Phe Leu Val
 130 135 140

Tyr Leu Arg Asn Pro Thr Met Gly Gly Ala Met Ala Ser Trp Gly Ser
 145 150 155 160

Ser Gly His Leu Thr Phe Ala Glu Pro Gly Ala Gln Ile Gly Phe Leu
 165 170 175

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

180	185	190
Val Gln Gln Ala Glu Asn Leu Val Lys Thr Gly Val Ile Asp Gly Ile		
195	200	205
Val Ser Pro Leu Gln Leu Arg Ala Ala Val Ala Lys Thr Leu Lys Val		
210	215	220
Ile Gln Pro Val Glu Ala Thr Asp Arg Phe Ser Pro Thr Thr Pro Gly		
225	230	235 240
Val Ala Leu Pro Val Met Glu Ala Ile Ala Arg Ser Arg Asp Pro Gln		
245	250	255
Arg Pro Gly Ile Gly Glu Ile Met Glu Thr Leu Gly Ala Asp Val Val		
260	265	270
Lys Leu Ser Gly Ala Arg Ala Gly Ala Leu Ser Pro Ala Val Arg Val		
275	280	285
Ala Leu Ala Arg Ile Gly Gly Arg Pro Val Val Leu Ile Gly Gln Asp		
290	295	300
Arg Arg Phe Thr Leu Gly Pro Gln Glu Leu Arg Phe Ala Arg Arg Gly		
305	310	315 320
Ile Ser Leu Ala Arg Glu Leu Asn Leu Pro Ile Val Ser Ile Ile Asp		
325	330	335
Thr Ser Gly Ala Glu Leu Ser Gln Ala Ala Glu Glu Leu Gly Ile Ala		
340	345	350
Ser Ser Ile Ala Arg Thr Leu Ser Lys Leu Ile Asp Ala Pro Leu Pro		
355	360	365
Thr Val Ser Val Ile Ile Gly Gln Gly Val Gly Gly Gly Ala Leu Ala		
370	375	380
Met Leu Pro Ala Asp Leu Val Tyr Ala Ala Glu Asn Ala Trp Leu Ser		
385	390	395 400
Ala Leu Pro Pro Glu Gly Ala Ser Ala Ile Leu Phe Arg Asp Thr Asn		
405	410	415
His Ala Ala Glu Ile Ile Glu Arg Gln Gly Val Gln Ala His Ala Leu		
420	425	430
Leu Ser Gln Gly Leu Ile Asp Gly Ile Val Ala Glu Thr Glu His Phe		
435	440	445
Val Glu Glu Ile Leu Gly Thr Ile Ser Asn Ala Leu Ser Glu Leu Asp		
450	455	460
Asn Asn Pro Glu Arg Ala Gly Arg Asp Ser Arg Phe Thr Arg Phe Glu		
465	470	475 480
Arg Leu Ala Gln		

<210> 27

<211> 1056
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1033)
 <223> RXA01764

<400> 27
 ttttcaaat taatagtga cattttcaac gttatgagtt ttcattggta tcacgccccg 60
 acgaagtgtc tgggatcaca aaccttcaaa ggagtttgaa atg tct ctc aat gga 115
 Met Ser Leu Asn Gly
 1 5
 aaa gtc gcc atc gtt acc gga tct ggt gca gga ctt ggt cgt tcc ttc 163
 Lys Val Ala Ile Val Thr Gly Ser Gly Ala Gly Leu Gly Arg Ser Phe
 10 15 20
 gct cag gag ctt gcc cgt cag ggt gca tct gtc atc gtc aat gac gta 211
 Ala Gln Glu Leu Ala Arg Gln Gly Ala Ser Val Ile Val Asn Asp Val
 25 30 35
 aac cag gca gcc gca gat gag act gtc gca gca atc acc gaa gcc ggc 259
 Asn Gln Ala Ala Ala Asp Glu Thr Val Ala Ala Ile Thr Glu Ala Gly
 40 45 50
 ggc aaa gcc gcc gcc gtt atc gcc ccc gtt gga ccc tct gaa agc gcc 307
 Gly Lys Ala Ala Ala Val Ile Ala Pro Val Gly Pro Ser Glu Ser Ala
 55 60 65
 gca ttg ctg gtg cgg gag gcc gtc gac aag ttc ggt tct ttg gac att 355
 Ala Leu Leu Val Arg Glu Ala Val Asp Lys Phe Gly Ser Leu Asp Ile
 70 75 80 85
 ctt gtc aca aac gcg ggc atc ctt cgt gat agg tcc ctg ctg aag atg 403
 Leu Val Thr Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg Ser Leu Leu Lys Met
 90 95 100
 acg gac gat gat ttc gat gca gtc att aac gtg cac ctc aag ggc act 451
 Thr Asp Asp Asp Phe Asp Ala Val Ile Asn Val His Leu Lys Gly Thr
 105 110 115
 ttc acc tgt gtt cgc gag gca ttt gga tac ttc aag gag aat gga atc 499
 Phe Thr Cys Val Arg Glu Ala Phe Gly Tyr Phe Lys Glu Asn Gly Ile
 120 125 130
 gcg ggg cgc atc gtc acg att ggt tct ccc acc ggg cag cgc ggc aac 547
 Ala Gly Arg Ile Val Thr Ile Gly Ser Pro Thr Gly Gln Arg Gly Asn
 135 140 145
 ttc gga cag agc aat tac gct gca gct aag gcg ggc att gtg ggt atg 595
 Phe Gly Gln Ser Asn Tyr Ala Ala Ala Lys Ala Gly Ile Val Gly Met

150 155 160 165
gtt cgc acg tgg gcg ctg gag atg aag cgc gca ggt gtc acc att aac 643
Val Arg Thr Trp Ala Leu Glu Met Lys Arg Ala Gly Val Thr Ile Asn

170 175 180
gcg atc att ccg gaa gca gcc acc gat atg acc aag acg gtg cca tat 691
Ala Ile Ile Pro Glu Ala Ala Thr Asp Met Thr Lys Thr Val Pro Tyr

185 190 195
ttc cag aag gct gta gag gcc gat gag cgt ggc gag gcc atg cca gca 739
Phe Gln Lys Ala Val Glu Ala Asp Glu Arg Gly Glu Ala Met Pro Ala

200 205 210
ttc ttc cgc gag acc cta ggt ttt ggc act cct cag gat gtt gcg gga 787
Phe Phe Arg Glu Thr Leu Gly Phe Gly Thr Pro Gln Asp Val Ala Gly

215 220 225
ctt gtg gcc ttc ctt tcc tct gat gag gca gcg aat att tct gga cag 835
Leu Val Ala Phe Leu Ser Ser Asp Glu Ala Ala Asn Ile Ser Gly Gln

230 235 240 245
gcc atc ggt gca ggc ggc gac cgc atg cag gtg tgg aag cac cca gag 883
Ala Ile Gly Ala Gly Gly Asp Arg Met Gln Val Trp Lys His Pro Glu

250 255 260
cca gca gtt act gaa ttt aac cca ggt ggc tgg acc tat gaa gca ctg 931
Pro Ala Val Thr Glu Phe Asn Pro Gly Gly Trp Thr Tyr Glu Ala Leu

265 270 275
cag gaa cgt ggc aag aac att att gag ggc aac ctg cag tcc gtc ggt 979
Gln Glu Arg Gly Lys Asn Ile Ile Glu Gly Asn Leu Gln Ser Val Gly

280 285 290
gtc gtt ttc cct gaa ctg ccg gca gag ctt cag cca caa atc cca gtc 1027
Val Val Phe Pro Glu Leu Pro Ala Glu Leu Gln Pro Gln Ile Pro Val

295 300 305
aag gca taacaccgca caccaagaat ttt 1056
Lys Ala

310

<210> 28

<211> 311

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 28

Met Ser Leu Asn Gly Lys Val Ala Ile Val Thr Gly Ser Gly Ala Gly

1

5

10

15

Leu Gly Arg Ser Phe Ala Gln Glu Leu Ala Arg Gln Gly Ala Ser Val

20

25

30

Ile Val Asn Asp Val Asn Gln Ala Ala Ala Asp Glu Thr Val Ala Ala
35 40 45

Ile Thr Glu Ala Gly Gly Lys Ala Ala Ala Val Ile Ala Pro Val Gly
50 55 60

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

Gly Ser Leu Asp Ile Leu Val Thr Asn Ala Gly Ile Leu Arg Asp Arg
85 90 95

Ser Leu Leu Lys Met Thr Asp Asp Asp Phe Asp Ala Val Ile Asn Val
100 105 110

His Leu Lys Gly Thr Phe Thr Cys Val Arg Glu Ala Phe Gly Tyr Phe
115 120 125

Lys Glu Asn Gly Ile Ala Gly Arg Ile Val Thr Ile Gly Ser Pro Thr
130 135 140

Gly Gln Arg Gly Asn Phe Gly Gln Ser Asn Tyr Ala Ala Ala Lys Ala
145 150 155 160

Gly Ile Val Gly Met Val Arg Thr Trp Ala Leu Glu Met Lys Arg Ala
165 170 175

Gly Val Thr Ile Asn Ala Ile Ile Pro Glu Ala Ala Thr Asp Met Thr
180 185 190

Lys Thr Val Pro Tyr Phe Gln Lys Ala Val Glu Ala Asp Glu Arg Gly
195 200 205

Glu Ala Met Pro Ala Phe Phe Arg Glu Thr Leu Gly Phe Gly Thr Pro
210 215 220

Gln Asp Val Ala Gly Leu Val Ala Phe Leu Ser Ser Asp Glu Ala Ala
225 230 235 240

Asn Ile Ser Gly Gln Ala Ile Gly Ala Gly Gly Asp Arg Met Gln Val
245 250 255

Trp Lys His Pro Glu Pro Ala Val Thr Glu Phe Asn Pro Gly Gly Trp
260 265 270

Thr Tyr Glu Ala Leu Gln Glu Arg Gly Lys Asn Ile Ile Glu Gly Asn
275 280 285

Leu Gln Ser Val Gly Val Val Phe Pro Glu Leu Pro Ala Glu Leu Gln
290 295 300

Pro Gln Ile Pro Val Lys Ala
305 310

<210> 29

<211> 1827

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1804)

<223> RXN02487

<400> 29

tcatagtctac gcgcattgccc acattctaga tcgccgaaga aagcagcggg acgtctctat 60
atactaaagg gcactaaagc aacgcagttg aaggacacc atg tca gca tac gaa 115
Met Ser Ala Tyr Glu

1 5
acc aaa gaa tgg ctc cag cac tac cca gag tgg acg cca cac tcg ctg 163
Thr Lys Glu Trp Leu Gln His Tyr Pro Glu Trp Thr Pro His Ser Leu

10 15 20
gaa tat ggc gac acc acc ctg ctg gac gtt tac gac aac aac ctg gcc 211
Glu Tyr Gly Asp Thr Thr Leu Leu Asp Val Tyr Asp Asn Asn Leu Ala

25 30 35
att aac gca gac aag cca gcc acc tac ttt ttc ggt cgt tca caa acc 259
Ile Asn Ala Asp Lys Pro Ala Thr Tyr Phe Phe Gly Arg Ser Gln Thr

40 45 50
tac ggt gaa ctg gac aaa gaa gtc cgc aaa act gcc gct ggc ctg cgc 307
Tyr Gly Glu Leu Asp Lys Glu Val Arg Lys Thr Ala Ala Gly Leu Arg

55 60 65
gca cta ggt gtc cgc ccc ggc gat cac gta gcg att atc ctc ccc aac 355
Ala Leu Gly Val Arg Pro Gly Asp His Val Ala Ile Ile Leu Pro Asn

70 75 80 85
tgc cca cag cac atc gca gct ttc tac gca gtg ctg aaa ctc ggc gca 403
Cys Pro Gln His Ile Ala Ala Phe Tyr Ala Val Leu Lys Leu Gly Ala

90 95 100
gta gtc att gag cac aac ccg ctc tac acc gcc cac gaa ctg ctc gaa 451
Val Val Ile Glu His Asn Pro Leu Tyr Thr Ala His Glu Leu Leu Glu

105 110 115
ccc ttc aaa gac cac ggt gcc cgc gtt gcc atc gtc tgg gac aaa gcc 499
Pro Phe Lys Asp His Gly Ala Arg Val Ala Ile Val Trp Asp Lys Ala

120 125 130
tcc ccc acc gtc gaa cag cta cgt gga cag acc cag ttg gaa acc atc 547
Ser Pro Thr Val Glu Gln Leu Arg Gly Gln Thr Gln Leu Glu Thr Ile

135 140 145
gtg tcg gtc aac atg atc aac gcg atg cca cca ctc cag cgc cta gca 595
Val Ser Val Asn Met Ile Asn Ala Met Pro Pro Leu Gln Arg Leu Ala

150 155 160 165
ctt cgg ctc cca atc cct gca ctg cgc aag agc cgc gaa tcc ctc tcc 643

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

170 175 180
ggc gca gcc ccc aac acc gtt cct ttt gaa acc ctg acc agc gca gca 691
Gly Ala Ala Pro Asn Thr Val Pro Phe Glu Thr Leu Thr Ser Ala Ala

185 190 195
atg ggc ggc gac ggc gac gac gta gtt tca gaa ccc acc gtg acc aaa 739
Met Gly Gly Asp Gly Asp Asp Val Val Ser Glu Pro Thr Val Thr Lys

200 205 210
gaa tcc gtc gcg ctg atc ctc tac acc tcc ggc acc acc gga cgc ccc 787
Glu Ser Val Ala Leu Ile Leu Tyr Thr Ser Gly Thr Thr Gly Arg Pro

215 220 225
aag ggt gcc cag ctc acc cac gga aac ctg ttc ttc aat ctt ctt caa 835
Lys Gly Ala Gln Leu Thr His Gly Asn Leu Phe Phe Asn Leu Leu Gln

230 235 240 245
gga aag cac tgg gtt cca ggt ctc gga gac aaa cca gaa cgc atg ctt 883
Gly Lys His Trp Val Pro Gly Leu Gly Asp Lys Pro Glu Arg Met Leu

250 255 260
gca gcc cta cca atg ttc cac gca tac ggt ctg acc atg gtc ggc aca 931
Ala Ala Leu Pro Met Phe His Ala Tyr Gly Leu Thr Met Val Gly Thr

265 270 275
ctg tcc gtg ttc atc ggt ggc gaa atg gtg cta ctt ccc acc cca cgc 979
Leu Ser Val Phe Ile Gly Gly Glu Met Val Leu Leu Pro Thr Pro Arg

280 285 290
atc gac ctg atc atg aac gta atg aaa aag cac acc cca acc tgg cta 1027
Ile Asp Leu Ile Met Asn Val Met Lys Lys His Thr Pro Thr Trp Leu

295 300 305
cca ggc gtg ccc acc ctt tac gaa aaa atc gtc gac gcc tcc gaa aaa 1075
Pro Gly Val Pro Thr Leu Tyr Glu Lys Ile Val Asp Ala Ser Glu Lys

310 315 320 325
gaa gga atc ccc atc aag gga gtc cgc aac gcc ttc tcc ggt gca tcc 1123
Glu Gly Ile Pro Ile Lys Gly Val Arg Asn Ala Phe Ser Gly Ala Ser

330 335 340
aca ctc tcc cag cgc acc gtt gaa cgc tgg gaa aag cac acc ggc gga 1171
Thr Leu Ser Gln Arg Thr Val Glu Arg Trp Glu Lys His Thr Gly Gly

345 350 355
cgc ctc gtc gaa ggc tac ggc ctc acc gaa acc tcc ccc atc atc gtg 1219
Arg Leu Val Glu Gly Tyr Gly Leu Thr Glu Thr Ser Pro Ile Ile Val

360 365 370
ggc aac ccc atg agc gat cac cga cgc caa ggc tac gta gga atc ccc 1267
Gly Asn Pro Met Ser Asp His Arg Arg Gln Gly Tyr Val Gly Ile Pro

375 380 385
ttc ccc gac acc atc gtg cgc atc gca aac cca gaa aac ctc gac gaa 1315

Phe Pro Asp Thr Ile Val Arg Ile Ala Asn Pro Glu Asn Leu Asp Glu

390 395 400 405
acc atg ccc gac ggc agc gaa ggc gaa gtc cta gtc aag ggc cca cag 1363
Thr Met Pro Asp Gly Ser Glu Gly Glu Val Leu Val Lys Gly Pro Gln

410 415 420
gtg ttc aag ggt tac ctc aac cag gaa gaa gcc acc aag aac agc ttc 1411
Val Phe Lys Gly Tyr Leu Asn Gln Glu Glu Ala Thr Lys Asn Ser Phe

425 430 435
cac ggc gag tgg tac cgc acc ggc gac gtc gga gtg atg gaa gaa gac 1459
His Gly Glu Trp Tyr Arg Thr Gly Asp Val Gly Val Met Glu Glu Asp

440 445 450
ggg ttc atc cgc cta gtt gct cgc atc aag gaa gtc atc atc act ggc 1507
Gly Phe Ile Arg Leu Val Ala Arg Ile Lys Glu Val Ile Ile Thr Gly

455 460 465
ggt ttc aac gtg tac cca gct gag gtt gaa gaa gtc ctc gca gag cac 1555
Gly Phe Asn Val Tyr Pro Ala Glu Val Glu Glu Val Leu Ala Glu His

470 475 480 485
cca gac att gaa gat tcc gca gtc gtt ggt atc ccg cgt gaa gac ggc 1603
Pro Asp Ile Glu Asp Ser Ala Val Val Gly Ile Pro Arg Glu Asp Gly

490 495 500
tcc gaa aac gtc gtt gct gcc atc act ttg gtg gaa ggt gca gcg ctg 1651
Ser Glu Asn Val Val Ala Ala Ile Thr Leu Val Glu Gly Ala Ala Leu

505 510 515
gat ccg gat ggc ctg aag gaa ttc gcc cgc aag aac ctc acc cgc tac 1699
Asp Pro Asp Gly Leu Lys Glu Phe Ala Arg Lys Asn Leu Thr Arg Tyr

520 525 530
aag gtt ccg cgc act ttc tac cac ttt gag gag atg ccg cgg gat cag 1747
Lys Val Pro Arg Thr Phe Tyr His Phe Glu Glu Met Pro Arg Asp Gln

535 540 545
atg ggc aag att agg cgt cgt gaa gtg cag gcg gag ttg ttg aag aag 1795
Met Gly Lys Ile Arg Arg Arg Glu Val Gln Ala Glu Leu Leu Lys Lys

550 555 560 565
ctc ggc aag tagacgccga ttttaagaggt cga 1827
Leu Gly Lys

<210> 30

<211> 568

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 30

Met Ser Ala Tyr Glu Thr Lys Glu Trp Leu Gln His Tyr Pro Glu Trp
1 5 10 15

Thr Pro His Ser Leu Glu Tyr Gly Asp Thr Thr Leu Leu Asp Val Tyr
20 25 30

Asp Asn Asn Leu Ala Ile Asn Ala Asp Lys Pro Ala Thr Tyr Phe Phe
35 40 45

Gly Arg Ser Gln Thr Tyr Gly Glu Leu Asp Lys Glu Val Arg Lys Thr
50 55 60

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

Ile Ile Leu Pro Asn Cys Pro Gln His Ile Ala Ala Phe Tyr Ala Val
85 90 95

Leu Lys Leu Gly Ala Val Val Ile Glu His Asn Pro Leu Tyr Thr Ala
100 105 110

His Glu Leu Leu Glu Pro Phe Lys Asp His Gly Ala Arg Val Ala Ile
115 120 125

Val Trp Asp Lys Ala Ser Pro Thr Val Glu Gln Leu Arg Gly Gln Thr
130 135 140

Gln Leu Glu Thr Ile Val Ser Val Asn Met Ile Asn Ala Met Pro Pro
145 150 155 160

Leu Gln Arg Leu Ala Leu Arg Leu Pro Ile Pro Ala Leu Arg Lys Ser
165 170 175

Arg Glu Ser Leu Ser Gly Ala Ala Pro Asn Thr Val Pro Phe Glu Thr
180 185 190

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

Pro Thr Val Thr Lys Glu Ser Val Ala Leu Ile Leu Tyr Thr Ser Gly
210 215 220

Thr Thr Gly Arg Pro Lys Gly Ala Gln Leu Thr His Gly Asn Leu Phe
225 230 235 240

Phe Asn Leu Leu Gln Gly Lys His Trp Val Pro Gly Leu Gly Asp Lys
245 250 255

Pro Glu Arg Met Leu Ala Ala Leu Pro Met Phe His Ala Tyr Gly Leu
260 265 270

Thr Met Val Gly Thr Leu Ser Val Phe Ile Gly Gly Glu Met Val Leu
275 280 285

Leu Pro Thr Pro Arg Ile Asp Leu Ile Met Asn Val Met Lys Lys His
290 295 300

Thr Pro Thr Trp Leu Pro Gly Val Pro Thr Leu Tyr Glu Lys Ile Val

305 310 315 320
 Asp Ala Ser Glu Lys Glu Gly Ile Pro Ile Lys Gly Val Arg Asn Ala
 325 330 335
 Phe Ser Gly Ala Ser Thr Leu Ser Gln Arg Thr Val Glu Arg Trp Glu
 340 345 350
 Lys His Thr Gly Gly Arg Leu Val Glu Gly Tyr Gly Leu Thr Glu Thr
 355 360 365
 Ser Pro Ile Ile Val Gly Asn Pro Met Ser Asp His Arg Arg Gln Gly
 370 375 380
 Tyr Val Gly Ile Pro Phe Pro Asp Thr Ile Val Arg Ile Ala Asn Pro
 385 390 395 400
 Glu Asn Leu Asp Glu Thr Met Pro Asp Gly Ser Glu Gly Glu Val Leu
 405 410 415
 Val Lys Gly Pro Gln Val Phe Lys Gly Tyr Leu Asn Gln Glu Glu Ala
 420 425 430
 Thr Lys Asn Ser Phe His Gly Glu Trp Tyr Arg Thr Gly Asp Val Gly
 435 440 445
 Val Met Glu Glu Asp Gly Phe Ile Arg Leu Val Ala Arg Ile Lys Glu
 450 455 460
 Val Ile Ile Thr Gly Gly Phe Asn Val Tyr Pro Ala Glu Val Glu Glu
 465 470 475 480
 Val Leu Ala Glu His Pro Asp Ile Glu Asp Ser Ala Val Val Gly Ile
 485 490 495
 Pro Arg Glu Asp Gly Ser Glu Asn Val Val Ala Ala Ile Thr Leu Val
 500 505 510
 Glu Gly Ala Ala Leu Asp Pro Asp Gly Leu Lys Glu Phe Ala Arg Lys
 515 520 525
 Asn Leu Thr Arg Tyr Lys Val Pro Arg Thr Phe Tyr His Phe Glu Glu
 530 535 540
 Met Pro Arg Asp Gln Met Gly Lys Ile Arg Arg Arg Glu Val Gln Ala
 545 550 555 560
 Glu Leu Leu Lys Lys Leu Gly Lys
 565

<210> 31
 <211> 411
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(388)

<223> FRXA02487

<400> 31

ggcgagtggg accgcaccgc gacgtcggag tgatgaagaa gccgggttca tccgcctagt 60
tgctcgcata aagaaagtca tcatcactgg cggtttcaac gtg tac cca gct gag 115
Val Tyr Pro Ala Glu

gtt gaa gaa gtc ctc gca gag cac cca gac att gaa gat tcc gca gtc 163
Val Glu Glu Val Leu Ala Glu His Pro Asp Ile Glu Asp Ser Ala Val

gtt ggt atc ccg cgt gaa gac ggc tcc gaa aac gtc gtt gct gcc atc 211
Val Gly Ile Pro Arg Glu Asp Gly Ser Glu Asn Val Val Ala Ala Ile

act ttg gtg gaa ggt gca gcg ctg gat ccg gat ggc ctg aag gaa ttc 259
Thr Leu Val Glu Gly Ala Ala Leu Asp Pro Asp Gly Leu Lys Glu Phe

gcc cgc aag aac ctc acc cgc tac aag gtt ccg cgc act ttc tac cac 307
Ala Arg Lys Asn Leu Thr Arg Tyr Lys Val Pro Arg Thr Phe Tyr His

ttt gag gag atg ccg cgg gat cag atg ggc aag att agg cgt cgt gaa 355
Phe Glu Glu Met Pro Arg Asp Gln Met Gly Lys Ile Arg Arg Arg Glu

gtg cag gcg gag ttg ttg aag aag ctc ggc aag tagacgccga tttaagaggt 408
Val Gln Ala Glu Leu Leu Lys Lys Leu Gly Lys

cga 411

<210> 32

<211> 96

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 32

Val Tyr Pro Ala Glu Val Glu Glu Val Leu Ala Glu His Pro Asp Ile
1 5 10 15

Glu Asp Ser Ala Val Val Gly Ile Pro Arg Glu Asp Gly Ser Glu Asn
20 25 30

Val Val Ala Ala Ile Thr Leu Val Glu Gly Ala Ala Leu Asp Pro Asp
35 40 45

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

Arg Thr Phe Tyr His Phe Glu Glu Met Pro Arg Asp Gln Met Gly Lys

65	70	75	80
Ile Arg Arg Arg Glu Val Gln Ala Glu Leu Leu Lys Lys Leu Gly Lys			
	85	90	95
<210> 33			
<211> 913			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(913)			
<223> FRXA02490			
<400> 33			
tcatagctac gcgcatgccc acattctaga tcgccgaaga aagcagcggg acgtctctat	60		
atactaaagg gcactaaagc aacgcagttg aaggacacc atg tca gca tac gaa	115		
	Met Ser Ala Tyr Glu		
	1	5	
acc aaa gaa tgg ctc cag cac tac cca gag tgg acg cca cac tcg ctg	163		
Thr Lys Glu Trp Leu Gln His Tyr Pro Glu Trp Thr Pro His Ser Leu			
	10	15	20
gaa tat ggc gac acc acc ctg ctg gac gtt tac gac aac aac ctg gcc	211		
Glu Tyr Gly Asp Thr Thr Leu Leu Asp Val Tyr Asp Asn Asn Leu Ala			
	25	30	35
att aac gca gac aag cca gcc acc tac ttt ttc ggt cgt tca caa acc	259		
Ile Asn Ala Asp Lys Pro Ala Thr Tyr Phe Phe Gly Arg Ser Gln Thr			
	40	45	50
tac ggt gaa ctg gac aaa gaa gtc cgc aaa act gcc gct ggc ctg cgc	307		
Tyr Gly Glu Leu Asp Lys Glu Val Arg Lys Thr Ala Ala Gly Leu Arg			
	55	60	65
gca cta ggt gtc cgc ccc ggc gat cac gta gcg att atc ctc ccc aac	355		
Ala Leu Gly Val Arg Pro Gly Asp His Val Ala Ile Ile Leu Pro Asn			
	70	75	80
tgc cca cag cac atc gca gct ttc tac gca gtg ctg aaa ctc ggc gca	403		
Cys Pro Gln His Ile Ala Ala Phe Tyr Ala Val Leu Lys Leu Gly Ala			
	90	95	100
gta gtc att gag cac aac ccg ctc tac acc gcc cac gaa ctg ctc gaa	451		
Val Val Ile Glu His Asn Pro Leu Tyr Thr Ala His Glu Leu Leu Glu			
	105	110	115
ccc ttc aaa gac cac ggt gcc cgc gtt gcc atc gtc tgg gac aaa gcc	499		
Pro Phe Lys Asp His Gly Ala Arg Val Ala Ile Val Trp Asp Lys Ala			
120	125	130	

tcc ccc acc gtc gaa cag cta cgt gga cag acc cag ttg gaa acc atc 547
Ser Pro Thr Val Glu Gln Leu Arg Gly Gln Thr Gln Leu Glu Thr Ile

135 140 145
gtg tcg gtc aac atg atc aac gcg atg cca cca ctc cag cgc cta gca 595
Val Ser Val Asn Met Ile Asn Ala Met Pro Pro Leu Gln Arg Leu Ala

150 155 160 165
ctt cgg ctc cca atc cct gca ctg cgc aag agc cgc gaa tcc ctc tcc 643
Leu Arg Leu Pro Ile Pro Ala Leu Arg Lys Ser Arg Glu Ser Leu Ser

170 175 180
ggc gca gcc ccc aac acc gtt cct ttt gaa acc ctg acc agc gca gca 691
Gly Ala Ala Pro Asn Thr Val Pro Phe Glu Thr Leu Thr Ser Ala Ala

185 190 195
atg ggc ggc gac ggc gac gac gta gtt tca gaa ccc acc gtg acc aaa 739
Met Gly Gly Asp Gly Asp Asp Val Val Ser Glu Pro Thr Val Thr Lys

200 205 210
gaa tcc gtc gcg ctg atc ctc tac acc tcc ggc acc acc gga cgc ccc 787
Glu Ser Val Ala Leu Ile Leu Tyr Thr Ser Gly Thr Thr Gly Arg Pro

215 220 225
aag ggt gcc cag ctc acc cac gga aac ctg ttc tcc aat ctc ctc caa 835
Lys Gly Ala Gln Leu Thr His Gly Asn Leu Phe Ser Asn Leu Leu Gln

230 235 240 245
gga aag cac tgg gtt cca ggt ctc gga gac aaa cca gaa cgc atg ctt 883
Gly Lys His Trp Val Pro Gly Leu Gly Asp Lys Pro Glu Arg Met Leu

250 255 260
gca gcc cta cca atg ttc cac gca tac ggt 913
Ala Ala Leu Pro Met Phe His Ala Tyr Gly

265 270

<210> 34
<211> 271
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 34
Met Ser Ala Tyr Glu Thr Lys Glu Trp Leu Gln His Tyr Pro Glu Trp
1 5 10 15

Thr Pro His Ser Leu Glu Tyr Gly Asp Thr Thr Leu Leu Asp Val Tyr
20 25 30

Asp Asn Asn Leu Ala Ile Asn Ala Asp Lys Pro Ala Thr Tyr Phe Phe
35 40 45

Gly Arg Ser Gln Thr Tyr Gly Glu Leu Asp Lys Glu Val Arg Lys Thr

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

<210> 35

<211> 414

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(391)

<223> RXA01467

<400> 35

gcgtcatctt tagccttgct ttatgagctt tttcccgcaa tgagccgct tgtgtatcca 60
 taagtcttag cctacaagcg ctttgaggta gtttgggate atg gat ttc aac gac 115
 Met Asp Phe Asn Asp

```

                                1           5
aaa gcc gct tca gaa aac gct gta aag act ggc gca gaa ggc ccc aac 163
Lys Ala Ala Ser Glu Asn Ala Val Lys Thr Gly Ala Glu Gly Pro Asn

                                10          15          20
gtt ttc gcg agc gtg gcc aag att ttg cag gat gtt ggc gga att tca 211
Val Phe Ala Ser Val Ala Lys Ile Leu Gln Asp Val Gly Gly Ile Ser

                                25          30          35
gcc gaa gac gtc act ccg gaa tct cgt ttt act gag gat ttg gca gtg 259
Ala Glu Asp Val Thr Pro Glu Ser Arg Phe Thr Glu Asp Leu Ala Val

                                40          45          50
agc tca ctc aat tac atc gag ttg att gtc aat gcg gag gac gca ttt 307
Ser Ser Leu Asn Tyr Ile Glu Leu Ile Val Asn Ala Glu Asp Ala Phe

                                55          60          65
ggg gtt cgc att gag gac gcc gat gcc aag gat ttg acc acc gtg cag 355
Gly Val Arg Ile Glu Asp Ala Asp Ala Lys Asp Leu Thr Thr Val Gln

                                70          75          80          85
gat ttg att gac ttt att aac acc aat aag gct gat tagcgggaaa 401
Asp Leu Ile Asp Phe Ile Asn Thr Asn Lys Ala Asp

                                90          95
atttcgccca aaa 414

```

<210> 36

<211> 97

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 36

```

Met Asp Phe Asn Asp Lys Ala Ala Ser Glu Asn Ala Val Lys Thr Gly
  1           5           10          15

```

```

Ala Glu Gly Pro Asn Val Phe Ala Ser Val Ala Lys Ile Leu Gln Asp
  20          25          30

```

```

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

```

```

Glu Asp Leu Ala Val Ser Ser Leu Asn Tyr Ile Glu Leu Ile Val Asn
  50          55          60

```

```

Ala Glu Asp Ala Phe Gly Val Arg Ile Glu Asp Ala Asp Ala Lys Asp
  65          70          75          80

```

```

Leu Thr Thr Val Gln Asp Leu Ile Asp Phe Ile Asn Thr Asn Lys Ala
  85          90          95

```

Asp

<210> 37

<211> 298

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(298)

<223> RXA00796

<400> 37

ctggaatccc aaagcgcttg catgacgcgg aaagttaaca taggctaggt acgtcaagtt 60
gttgatacat caacttaatt aacttttaga ggagtacacc atg agc aag atc gcc 115
Met Ser Lys Ile Ala

1 5
atc atc acc ggt tcc acc cgt cca ggc cgc gtc aac att gac gta gcc 163
Ile Ile Thr Gly Ser Thr Arg Pro Gly Arg Val Asn Ile Asp Val Ala

10 15 20
aac tgg gtt ctc gag cgc gca caa gag cgc aac gat gca cag tac gag 211
Asn Trp Val Leu Glu Arg Ala Gln Glu Arg Asn Asp Ala Gln Tyr Glu

25 30 35
ctc gtt gat atc gcc gat ttc aac ttc ccc gtc ctc gac gaa gca atg 259
Leu Val Asp Ile Ala Asp Phe Asn Phe Pro Val Leu Asp Glu Ala Met

40 45 50
cca gcc ggc tac ggc cag tat gca aac gag cac acc aag 298
Pro Ala Gly Tyr Gly Gln Tyr Ala Asn Glu His Thr Lys

55 60 65

<210> 38

<211> 66

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 38

Met Ser Lys Ile Ala Ile Ile Thr Gly Ser Thr Arg Pro Gly Arg Val
1 5 10 15

Asn Ile Asp Val Ala Asn Trp Val Leu Glu Arg Ala Gln Glu Arg Asn
20 25 30

Asp Ala Gln Tyr Glu Leu Val Asp Ile Ala Asp Phe Asn Phe Pro Val
35 40 45

Leu Asp Glu Ala Met Pro Ala Gly Tyr Gly Gln Tyr Ala Asn Glu His
50 55 60

Thr Lys
65

<210> 39

<211> 666
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(643)
 <223> RXA01897

<400> 39
 ctatttagat cgttccggaa cccgatccacg cgcgatatc cactccctgg atgaactctt 60
 tcactaggct ggcctttatt gtttccggaa aggggttgct atg aaa att ggt gtc 115
 Met Lys Ile Gly Val
 1 5
 atc ctg ggc agt atc cgc gaa ggc cgc ttc ggc caa ggc gtt gcc gat 163
 Ile Leu Gly Ser Ile Arg Glu Gly Arg Phe Gly Gln Gly Val Ala Asp
 10 15 20
 tgg gtc atg gaa caa atc ggg gct tat gac gca ccc gat gtg gaa ttt 211
 Trp Val Met Glu Gln Ile Gly Ala Tyr Asp Ala Pro Asp Val Glu Phe
 25 30 35
 gaa ctc atc gac ctc aaa gct ttc aac gtg ccc ctg ttg gaa tcc gcg 259
 Glu Leu Ile Asp Leu Lys Ala Phe Asn Val Pro Leu Leu Glu Ser Ala
 40 45 50
 aca gtt cca ggt tcc gcg gat aaa cag tac gac gac ccg cgc gta act 307
 Thr Val Pro Gly Ser Ala Asp Lys Gln Tyr Asp Asp Pro Arg Val Thr
 55 60 65
 gcc tgg tca cag gcc att gat gcc tgc gat gcc ttc ctt ttc atc acc 355
 Ala Trp Ser Gln Ala Ile Asp Ala Cys Asp Ala Phe Leu Phe Ile Thr
 70 75 80 85
 ccg gaa tac aac cac ggt gtg ccc ggc gcg ttc aaa aat gcg tat gac 403
 Pro Glu Tyr Asn His Gly Val Pro Gly Ala Phe Lys Asn Ala Tyr Asp
 90 95 100
 atc ctg ggc aat gaa tgg ctg aac aaa acc gtc ggt ttc att tcc tac 451
 Ile Leu Gly Asn Glu Trp Leu Asn Lys Thr Val Gly Phe Ile Ser Tyr
 105 110 115
 ggt gca gtc gaa ggg atc cgt gtt gtc gaa cag tgg cgt cag atc gtc 499
 Gly Ala Val Glu Gly Ile Arg Val Val Glu Gln Trp Arg Gln Ile Val
 120 125 130
 gcc acc ttc aac atg tac gat atc cgc agc cag cta tcc ttt tcc acc 547
 Ala Thr Phe Asn Met Tyr Asp Ile Arg Ser Gln Leu Ser Phe Ser Thr
 135 140 145
 ttc acc gag aac aac aac ggc act ttt gcg ccc aat gat cga cgc ccc 595
 Phe Thr Glu Asn Asn Asn Gly Thr Phe Ala Pro Asn Asp Arg Arg Pro

150 155 160 165
 ggt gaa cta atc cgc ctc ctt gat agc ctc cta acg gct gtc cgc gat 643
 Gly Glu Leu Ile Arg Leu Leu Asp Ser Leu Leu Thr Ala Val Arg Asp

 170 175 180
 taaggctctg aaataactaat gag 666

<210> 40
 <211> 181
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 40
 Met Lys Ile Gly Val Ile Leu Gly Ser Ile Arg Glu Gly Arg Phe Gly
 1 5 10 15

Gln Gly Val Ala Asp Trp Val Met Glu Gln Ile Gly Ala Tyr Asp Ala
 20 25 30

Pro Asp Val Glu Phe Glu Leu Ile Asp Leu Lys Ala Phe Asn Val Pro
 35 40 45

Leu Leu Glu Ser Ala Thr Val Pro Gly Ser Ala Asp Lys Gln Tyr Asp
 50 55 60

Asp Pro Arg Val Thr Ala Trp Ser Gln Ala Ile Asp Ala Cys Asp Ala
 65 70 75 80

Phe Leu Phe Ile Thr Pro Glu Tyr Asn His Gly Val Pro Gly Ala Phe
 85 90 95

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

Gly Phe Ile Ser Tyr Gly Ala Val Glu Gly Ile Arg Val Val Glu Gln
 115 120 125

Trp Arg Gln Ile Val Ala Thr Phe Asn Met Tyr Asp Ile Arg Ser Gln
 130 135 140

Leu Ser Phe Ser Thr Phe Thr Glu Asn Asn Asn Gly Thr Phe Ala Pro
 145 150 155 160

Asn Asp Arg Arg Pro Gly Glu Leu Ile Arg Leu Leu Asp Ser Leu Leu
 165 170 175

Thr Ala Val Arg Asp
 180

<210> 41
 <211> 375
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS
 <222> (1)..(375)
 <223> RXN02809

<400> 41
 aac ctc tcc gtc cca gca gca cta acc aac gcc ctt tcc tac ctc tcc 48
 Asn Leu Ser Val Pro Ala Ala Leu Thr Asn Ala Leu Ser Tyr Leu Ser

 1 5 10 15
 gca gag tgg aac aac aag gct gca ggc atc gtc tcc tac ggc tcc gca 96
 Ala Glu Trp Asn Asn Lys Ala Ala Gly Ile Val Ser Tyr Gly Ser Ala

 20 25 30
 atg ggc gtt cgc gca gct gag cac ctc cgc ggc atc ctt tcc gag ctt 144
 Met Gly Val Arg Ala Ala Glu His Leu Arg Gly Ile Leu Ser Glu Leu

 35 40 45
 cag atc gca cac gtt caa aag acc ggc ctg ctg agc atc ttc acc gac 192
 Gln Ile Ala His Val Gln Lys Thr Gly Leu Leu Ser Ile Phe Thr Asp

 50 55 60
 ttc gaa tac cct aac ttc aag cct tcc gag cag ggc atc tcc tct gtg 240
 Phe Glu Tyr Pro Asn Phe Lys Pro Ser Glu Gln Gly Ile Ser Ser Val

 65 70 75 80
 gac gct atg ctt gag cag ctt gtt gtc tgg acc aag gca atg tcc acc 288
 Asp Ala Met Leu Glu Gln Leu Val Val Trp Thr Lys Ala Met Ser Thr

 85 90 95
 att cgc gag tct gcg aac gtc tat cac tta aga acc cct cac aaa agt 336
 Ile Arg Glu Ser Ala Asn Val Tyr His Leu Arg Thr Pro His Lys Ser

 100 105 110
 ggc gag ctc ccc gac tgg gac tcg cct ctt ttc gta ttc 375
 Gly Glu Leu Pro Asp Trp Asp Ser Pro Leu Phe Val Phe

 115 120 125

<210> 42
 <211> 125
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 42
 Asn Leu Ser Val Pro Ala Ala Leu Thr Asn Ala Leu Ser Tyr Leu Ser
 1 5 10 15

 Ala Glu Trp Asn Asn Lys Ala Ala Gly Ile Val Ser Tyr Gly Ser Ala
 20 25 30

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

 Gln Ile Ala His Val Gln Lys Thr Gly Leu Leu Ser Ile Phe Thr Asp

50	55	60	
Phe Glu Tyr Pro Asn Phe Lys Pro Ser Glu Gln Gly Ile Ser Ser Val			
65	70	75	80
Asp Ala Met Leu Glu Gln Leu Val Val Trp Thr Lys Ala Met Ser Thr			
	85	90	95
Ile Arg Glu Ser Ala Asn Val Tyr His Leu Arg Thr Pro His Lys Ser			
	100	105	110
Gly Glu Leu Pro Asp Trp Asp Ser Pro Leu Phe Val Phe			
	115	120	125
<210> 43			
<211> 273			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(273)			
<223> FRXA02809			
<400> 43			
gca gca cta acc aac gcc ctt tcc tac ctc tcc gca gag tgg aac aac			48
Ala Ala Leu Thr Asn Ala Leu Ser Tyr Leu Ser Ala Glu Trp Asn Asn			
1	5	10	15
aag gct gca ggc atc gtc tcc tac ggc tcc gca atg ggc gtt cgc gca			96
Lys Ala Ala Gly Ile Val Ser Tyr Gly Ser Ala Met Gly Val Arg Ala			
20	25	30	
gct gag cac ctc cgc ggc atc ctt tcc gag ctt cag atc gca cac gtt			144
Ala Glu His Leu Arg Gly Ile Leu Ser Glu Leu Gln Ile Ala His Val			
35	40	45	
caa aag acc ggc ctg ctg agc atc ttc acc gac ttc gaa tac cct aac			192
Gln Lys Thr Gly Leu Leu Ser Ile Phe Thr Asp Phe Glu Tyr Pro Asn			
50	55	60	
ttc aag cct tcc gag cag ggc atc tcc tct gtg gac gct atg ctt gag			240
Phe Lys Pro Ser Glu Gln Gly Ile Ser Ser Val Asp Ala Met Leu Glu			
65	70	75	80
cag ctt gtt gtc tgg acc aag gca atg tcc acc			273
Gln Leu Val Val Trp Thr Lys Ala Met Ser Thr			
85	90		

<210> 44
 <211> 91
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 44

Ala Ala Leu Thr Asn Ala Leu Ser Tyr Leu Ser Ala Glu Trp Asn Asn
1 5 10 15

Lys Ala Ala Gly Ile Val Ser Tyr Gly Ser Ala Met Gly Val Arg Ala
20 25 30

Ala Glu His Leu Arg Gly Ile Leu Ser Glu Leu Gln Ile Ala His Val
35 40 45

Gln Lys Thr Gly Leu Leu Ser Ile Phe Thr Asp Phe Glu Tyr Pro Asn
50 55 60

Phe Lys Pro Ser Glu Gln Gly Ile Ser Ser Val Asp Ala Met Leu Glu
65 70 75 80

Gln Leu Val Val Trp Thr Lys Ala Met Ser Thr
85 90

<210> 45

<211> 5745

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(5722)

<223> RXN00113

<400> 45

tctgcgcac ccactcgagg agctggcaaa cggccgcacc atcgatgttg aggcacgcac 60
cgactccac gaagagtccg catccggccg tatcgttacc gtg cgc atc gtg ctc 115
Val Arg Ile Val Leu

1 5
acc acc gaa ggc gaa gta gca gcc aag ctg gtt acc cgc ttc gca att 163
Thr Thr Glu Gly Glu Val Ala Ala Lys Leu Val Thr Arg Phe Ala Ile

10 15 20
cgt gga cgc atc acc acc aac gaa atg gct gca cca gca gat tcc tac 211
Arg Gly Arg Ile Thr Thr Asn Glu Met Ala Ala Pro Ala Asp Ser Tyr

25 30 35
ggc gca cgc gac gaa gtt gtc gag gca acc cct cgt tcc ttc atc cgc 259
Gly Ala Arg Asp Glu Val Val Glu Ala Thr Pro Arg Ser Phe Ile Arg

40 45 50
cag gca act gtt tct gca cct gca gac atg acc cca ttc gcc atg gtt 307
Gln Ala Thr Val Ser Ala Pro Ala Asp Met Thr Pro Phe Ala Met Val

55 60 65
tct ggt gac tac aac cca att cac acc tct gac aac gct gca aag ctt 355

Ser Gly Asp Tyr Asn Pro Ile His Thr Ser Asp Asn Ala Ala Lys Leu

70 75 80 85
ggt ggc ctg gac gca gct ctt gtc cac ggc atg tgg ctg tcc gct acc 403
Val Gly Leu Asp Ala Ala Leu Val His Gly Met Trp Leu Ser Ala Thr

90 95 100
gca cag cac ctc gct ggt ctt ggc tct gag gtc att ggt tgg acc tac 451
Ala Gln His Leu Ala Gly Leu Gly Ser Glu Val Ile Gly Trp Thr Tyr

105 110 115
tcc atg tac ggc atg gtt caa ctc aac gac gtt gtt gac atc acc gtc 499
Ser Met Tyr Gly Met Val Gln Leu Asn Asp Val Val Asp Ile Thr Val

120 125 130
gag cgt gtt ggc cgc gca ggt ctg aag cct gca tac gag gtc acc tgc 547
Glu Arg Val Gly Arg Ala Gly Leu Lys Pro Ala Tyr Glu Val Thr Cys

135 140 145
cgc att gat ggc aac gtt gtc tcc cgc gga cag gca ctg ctc aag gct 595
Arg Ile Asp Gly Asn Val Val Ser Arg Gly Gln Ala Leu Leu Lys Ala

150 155 160 165
cct tcc acc gct tat gtt tac cca agc cag ggc atc cag gct aag ggc 643
Pro Ser Thr Ala Tyr Val Tyr Pro Ser Gln Gly Ile Gln Ala Lys Gly

170 175 180
atg ggc caa ggc gat cgc acc gca agc gca gag gct cgc gct gtg tgg 691
Met Gly Gln Gly Asp Arg Thr Ala Ser Ala Glu Ala Arg Ala Val Trp

185 190 195
gag cgt gca gat gca cac acc cgc gca aac ctg ggc ttc tcc atc cag 739
Glu Arg Ala Asp Ala His Thr Arg Ala Asn Leu Gly Phe Ser Ile Gln

200 205 210
cag gtc att gat gaa aac cca act gag ctg aag gtc ggg gac acc acc 787
Gln Val Ile Asp Glu Asn Pro Thr Glu Leu Lys Val Gly Asp Thr Thr

215 220 225
ttc gtg cac cca gct ggg gtt ttg aac ctc acc cag ttc acg cag gtc 835
Phe Val His Pro Ala Gly Val Leu Asn Leu Thr Gln Phe Thr Gln Val

230 235 240 245
gcg ctc gcc gtg gtt gcc tac gct cag acc gag cgc ctc aag gct gca 883
Ala Leu Ala Val Val Ala Tyr Ala Gln Thr Glu Arg Leu Lys Ala Ala

250 255 260
aac gca att gtc gac ggc tcc ctc tac gca ggc cac tcc ctc ggc gag 931
Asn Ala Ile Val Asp Gly Ser Leu Tyr Ala Gly His Ser Leu Gly Glu

265 270 275
tac acc gca ctg gca tcc ttg ggc aac atc ttc gaa ctc gaa ggc gtc 979
Tyr Thr Ala Leu Ala Ser Leu Gly Asn Ile Phe Glu Leu Glu Gly Val

280 285 290
atc gac gtt gtg ttc tcc cgc ggt tcc gca atg cac tcc ctg gtt cca 1027

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

295 300 305
 cgt gat gag aag ggc cgt tcc aac tac ggt ctt gcc gca ttc cgt ccg 1075
 Arg Asp Glu Lys Gly Arg Ser Asn Tyr Gly Leu Ala Ala Phe Arg Pro

310 315 320 325
 aac atg atc aac gtt gca gcc acc gag gtg gag aac tgg gtt gac cgt 1123
 Asn Met Ile Asn Val Ala Ala Thr Glu Val Glu Asn Trp Val Asp Arg

330 335 340
 gtc gct gaa gaa tcc ggc gaa ttc ctg cag atc gtt aac tac aac gtt 1171
 Val Ala Glu Glu Ser Gly Glu Phe Leu Gln Ile Val Asn Tyr Asn Val

345 350 355
 gat ggc cag cag tac gca gtc gca ggt acc ttg gct ggc ctg aag gcc 1219
 Asp Gly Gln Gln Tyr Ala Val Ala Gly Thr Leu Ala Gly Leu Lys Ala

360 365 370
 ctc aag gct tct gca tct gca aac cca cgt gct tac gtg aac att cca 1267
 Leu Lys Ala Ser Ala Ser Ala Asn Pro Arg Ala Tyr Val Asn Ile Pro

375 380 385
 ggc att gac gtg cca ttc cac tcc agc gtc ctg cgc cca ggc gtt cct 1315
 Gly Ile Asp Val Pro Phe His Ser Ser Val Leu Arg Pro Gly Val Pro

390 395 400 405
 gct ttc gca gag aag ctg gac gag ctg ctg cca gag acc atc gac att 1363
 Ala Phe Ala Glu Lys Leu Asp Glu Leu Leu Pro Glu Thr Ile Asp Ile

410 415 420
 gat gct ctt cgc ggc cgc tac atc ccg aac ctg gtt gct cgt cct ttc 1411
 Asp Ala Leu Arg Gly Arg Tyr Ile Pro Asn Leu Val Ala Arg Pro Phe

425 430 435
 gag ctc acc cag agc ttc gtg gat gcc atc ctt gct gtt gtt cca tcc 1459
 Glu Leu Thr Gln Ser Phe Val Asp Ala Ile Leu Ala Val Val Pro Ser

440 445 450
 gag cgc ctc aag ggc atc aag gtg gag gac acc gac gag aac acc ctg 1507
 Glu Arg Leu Lys Gly Ile Lys Val Glu Asp Thr Asp Glu Asn Thr Leu

455 460 465
 gca cgt ctg ctc ctc atc gag ctg ctg tct tgg cag ttc gca tcc cct 1555
 Ala Arg Leu Leu Leu Ile Glu Leu Leu Ser Trp Gln Phe Ala Ser Pro

470 475 480 485
 gtg cgt tgg atc gaa acc cag gct ctg atc atc gat acc gtc gat cag 1603
 Val Arg Trp Ile Glu Thr Gln Ala Leu Ile Ile Asp Thr Val Asp Gln

490 495 500
 atc atc gag gtc ggc ttg gca gca tcg cca acc ctg acc aac ctg gca 1651
 Ile Ile Glu Val Gly Leu Ala Ala Ser Pro Thr Leu Thr Asn Leu Ala

505 510 515
 ctg cgc acc atg gat gtc att ggc aag tcc cgc cca gta ttc aac gtg 1699

Leu Arg Thr Met Asp Val Ile Gly Lys Ser Arg Pro Val Phe Asn Val

520 525 530
gag cgc gac cag gac acc gtt atg ctc aac gat gtt cgc cag gca cct 1747
Glu Arg Asp Gln Asp Thr Val Met Leu Asn Asp Val Arg Gln Ala Pro

535 540 545
gtt gct gag gtt gaa gaa gaa gca gtt gag gaa gca cct gca gca gcc 1795
Val Ala Glu Val Glu Glu Glu Ala Val Glu Glu Ala Pro Ala Ala Ala

550 555 560 565
gca gct cca gca gct gag gca cca gtt gct gca gct cca gta gcc gca 1843
Ala Ala Pro Ala Ala Glu Ala Pro Val Ala Ala Ala Pro Val Ala Ala

570 575 580
gcc gca cct gca cct gtt gga aac gca cct gaa ctg aag ttc aac gct 1891
Ala Ala Pro Ala Pro Val Gly Asn Ala Pro Glu Leu Lys Phe Asn Ala

585 590 595
gcc aat gcc atc atg gtt ctc ttc gct gtc cag aac aag atc aac att 1939
Ala Asn Ala Ile Met Val Leu Phe Ala Val Gln Asn Lys Ile Asn Ile

600 605 610
gat cag atc acc gca gcg gat acc tct gag acc ctg acc aac ggt gtg 1987
Asp Gln Ile Thr Ala Ala Asp Thr Ser Glu Thr Leu Thr Asn Gly Val

615 620 625
tcc tca cgc cgt aac cag atg ctc atg gac atg tcc acc gag ctg tcc 2035
Ser Ser Arg Arg Asn Gln Met Leu Met Asp Met Ser Thr Glu Leu Ser

630 635 640 645
gtc cca acc atc gac ggc gca gct gac gct gac gta gct acc ctg cag 2083
Val Pro Thr Ile Asp Gly Ala Ala Asp Ala Asp Val Ala Thr Leu Gln

650 655 660
gga cgt gtt gtc acc gca gct cct ggc tac aag cct ttc gga cca gtt 2131
Gly Arg Val Val Thr Ala Ala Pro Gly Tyr Lys Pro Phe Gly Pro Val

665 670 675
ctt tcc gag acc gtt cgt gca cgt ctt cgc gca ctg acc ggt gca gca 2179
Leu Ser Glu Thr Val Arg Ala Arg Leu Arg Ala Leu Thr Gly Ala Ala

680 685 690
ggt ctg aag acc tcc tac atc ggc gat cgc gtg acc ggc acc tgg gga 2227
Gly Leu Lys Thr Ser Tyr Ile Gly Asp Arg Val Thr Gly Thr Trp Gly

695 700 705
ctt cca gaa agc tgg acc gca cac gtt gag gtt gaa ttg ctg ctg ggc 2275
Leu Pro Glu Ser Trp Thr Ala His Val Glu Val Glu Leu Leu Leu Gly

710 715 720 725
acc cgc gaa ggc gag tcc gtc cgc ggc ggc aac ctg ggt agc ctg cct 2323
Thr Arg Glu Gly Glu Ser Val Arg Gly Gly Asn Leu Gly Ser Leu Pro

730 735 740
gct aac gca tcc agc aag ggc gac gtc gat gcg ctt atc gac gca gcc 2371

Ala Asn Ala Ser Ser Lys Gly Asp Val Asp Ala Leu Ile Asp Ala Ala

745 750 755
gtg cag aat gtt gct gca gcc aac ggc acc agc gtc tcc atg tcc tcc 2419
Val Gln Asn Val Ala Ala Ala Asn Gly Thr Ser Val Ser Met Ser Ser

760 765 770
ggc ggt gca gct tca ggt ggc gga gtt gtt gat tcc gca gca ctt gat 2467
Gly Gly Ala Ala Ser Gly Gly Gly Val Val Asp Ser Ala Ala Leu Asp

775 780 785
gcc tac gca tcc acc gtc act ggt gaa gaa ggc gtc ctg gca aac gtt 2515
Ala Tyr Ala Ser Thr Val Thr Gly Glu Glu Gly Val Leu Ala Asn Val

790 795 800 805
gct cgc ggc atc ctg tct cag ctt ggt ctc gac acc aag gac gag gtt 2563
Ala Arg Gly Ile Leu Ser Gln Leu Gly Leu Asp Thr Lys Asp Glu Val

810 815 820
gaa ggc gca gag atc gac acc gaa ctc tac gac gct gtc gaa gca gaa 2611
Glu Gly Ala Glu Ile Asp Thr Glu Leu Tyr Asp Ala Val Glu Ala Glu

825 830 835
ctg ggc acc ggc tgg ctg aag ctt gtc acc cca gtg ttc tcc gct gat 2659
Leu Gly Thr Gly Trp Leu Lys Leu Val Thr Pro Val Phe Ser Ala Asp

840 845 850
cgt gcg atc ttg ttc gac gac cgt tgg gca tct gca cgt gaa gat ctg 2707
Arg Ala Ile Leu Phe Asp Asp Arg Trp Ala Ser Ala Arg Glu Asp Leu

855 860 865
gca cgc ctt gcc aac ggc gag gat att gcc gtc gag cgc ttt gct gga 2755
Ala Arg Leu Ala Asn Gly Glu Asp Ile Ala Val Glu Arg Phe Ala Gly

870 875 880 885
acg ggg gag acc gtc gtc aag caa gct gca tgg tgg gct gag cac gtt 2803
Thr Gly Glu Thr Val Val Lys Gln Ala Ala Trp Trp Ala Glu His Val

890 895 900
gaa gac acc gct ctc gct gca acc ctg aag cag gtt tcc gag gtg gct 2851
Glu Asp Thr Ala Leu Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val Ser Glu Val Ala

905 910 915
gcg aag cca gcc aac gag cca cac atc gac gat gtt gcg ctg gtt acc 2899
Ala Lys Pro Ala Asn Glu Pro His Ile Asp Asp Val Ala Leu Val Thr

920 925 930
ggt gcg gct cct gag tcg atc gcc ggt gca gtt gcg gct cgc ctg ctg 2947
Gly Ala Ala Pro Glu Ser Ile Ala Gly Ala Val Ala Ala Arg Leu Leu

935 940 945
tcc cag ggc gcg acc gtc att ctc acc gca tcg aac gtc tcc cag gcg 2995
Ser Gln Gly Ala Thr Val Ile Leu Thr Ala Ser Asn Val Ser Gln Ala

950 955 960 965

cgt aag gaa tac gca cgc aag ctc tac gct gcg aac gca acc cct aac 3043
Arg Lys Glu Tyr Ala Arg Lys Leu Tyr Ala Ala Asn Ala Thr Pro Asn

970 975 980
gca aag ctg tgg att gtt cct gcg aac atg tcc tcc tac cgc gat gtt 3091
Ala Lys Leu Trp Ile Val Pro Ala Asn Met Ser Ser Tyr Arg Asp Val

985 990 995
gat gca gtc atc gat tgg atc ggc aac gag cag cgc gtc acc gtc ggc 3139
Asp Ala Val Ile Asp Trp Ile Gly Asn Glu Gln Arg Val Thr Val Gly

1000 1005 1010
agc acc gtc acc gtg acc aag cca gct ctg acc cca acc ctt gcg tac 3187
Ser Thr Val Thr Val Thr Lys Pro Ala Leu Thr Pro Thr Leu Ala Tyr

1015 1020 1025
cca ttc gca gct cca tcc gta tcc ggt acc ttg gcg gat gca ggc cca 3235
Pro Phe Ala Ala Pro Ser Val Ser Gly Thr Leu Ala Asp Ala Gly Pro

1030 1035 1040 1045
cag gct gaa aac cag gca cgc ctg ctc ctc tgg tcc gtg gag cgc acc 3283
Gln Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Leu Leu Trp Ser Val Glu Arg Thr

1050 1055 1060
atc gca gga ctt gca gat ctt gca tcc cgc ggt gtc gat gga cgc gtc 3331
Ile Ala Gly Leu Ala Asp Leu Ala Ser Arg Gly Val Asp Gly Arg Val

1065 1070 1075
cac gtt gta ctc cca ggt tcc ccg aac cgc gga atg ttc ggt ggc gac 3379
His Val Val Leu Pro Gly Ser Pro Asn Arg Gly Met Phe Gly Gly Asp

1080 1085 1090
ggc gct tac ggc gaa gtc aag gct gct ttc gac gcc atc ctt gcc aag 3427
Gly Ala Tyr Gly Glu Val Lys Ala Ala Phe Asp Ala Ile Leu Ala Lys

1095 1100 1105
tgg ggc tcc gag acc ggc tgg cca cag ttt gtc tcc ctc gca cag gca 3475
Trp Gly Ser Glu Thr Gly Trp Pro Gln Phe Val Ser Leu Ala Gln Ala

1110 1115 1120 1125
cgc atc ggc tgg gtc gca ggc acc ggc ctc atg ggt cgc aac gac gtg 3523
Arg Ile Gly Trp Val Ala Gly Thr Gly Leu Met Gly Arg Asn Asp Val

1130 1135 1140
ctc atc cct gcc gct gaa aag ctg ggc atc cac gtc tac acc cct gaa 3571
Leu Ile Pro Ala Ala Glu Lys Leu Gly Ile His Val Tyr Thr Pro Glu

1145 1150 1155
gag atc tct tcc gaa ctg ctg ggt ctt gca tcc gca gaa tcc cgc gaa 3619
Glu Ile Ser Ser Glu Leu Leu Gly Leu Ala Ser Ala Glu Ser Arg Glu

1160 1165 1170
aag gct ctg gaa gca ccg atc gat tac gac ctg acc ggt gga ctt tcc 3667
Lys Ala Leu Glu Ala Pro Ile Asp Tyr Asp Leu Thr Gly Gly Leu Ser

1175 1180 1185

ggt ggc gta tcc atc gca gca ctg gca gca tcc ctc gag tcc gac gca 3715
Gly Gly Val Ser Ile Ala Ala Leu Ala Ala Ser Leu Glu Ser Asp Ala

1190 1195 1200 1205
gta gag acc acc tct gca gca gaa gac acc atc aag gcg ctt cca tca 3763
Val Glu Thr Thr Ser Ala Ala Glu Asp Thr Ile Lys Ala Leu Pro Ser

1210 1215 1220
cct aag cac cca gag cag cca gtg ggc acg cca gtt gga gag gtc aag 3811
Pro Lys His Pro Glu Gln Pro Val Gly Thr Pro Val Gly Glu Val Lys

1225 1230 1235
acc gat ctc gaa gac atg gtt gtc atg gtt ggc gtt ggc gaa gtc tcc 3859
Thr Asp Leu Glu Asp Met Val Val Met Val Gly Val Gly Glu Val Ser

1240 1245 1250
tca tgg ggc tcc gga cgt acc cgc ttc gaa gct gag tac ggc atc cag 3907
Ser Trp Gly Ser Gly Arg Thr Arg Phe Glu Ala Glu Tyr Gly Ile Gln

1255 1260 1265
cgc gac ggc tcc gtt gac ctc acc gca gca ggc gtc ctt gag ctt gca 3955
Arg Asp Gly Ser Val Asp Leu Thr Ala Ala Gly Val Leu Glu Leu Ala

1270 1275 1280 1285
tgg atg atg ggt ctg atc tcc tgg agc gaa gat cca aag cca gcc tgg 4003
Trp Met Met Gly Leu Ile Ser Trp Ser Glu Asp Pro Lys Pro Ala Trp

1290 1295 1300
tac gac gct gac ggc acc gaa gtg cct gaa gaa gag atc tac gag cgc 4051
Tyr Asp Ala Asp Gly Thr Glu Val Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Glu Arg

1305 1310 1315
ttc cgc gac gaa gtc atc gca cga tgc ggt gtt cgt gag ctt gtc gac 4099
Phe Arg Asp Glu Val Ile Ala Arg Cys Gly Val Arg Glu Leu Val Asp

1320 1325 1330
gac gca ttc ctc gtc gac ggc ggc tcc ctc gac gca gct gaa gtc ttc 4147
Asp Ala Phe Leu Val Asp Gly Gly Ser Leu Asp Ala Ala Glu Val Phe

1335 1340 1345
ctc gac cgc gac atc tcc ttc tcc gta acc tct gct gaa gaa gca cag 4195
Leu Asp Arg Asp Ile Ser Phe Ser Val Thr Ser Ala Glu Glu Ala Gln

1350 1355 1360 1365
gcc tac gtc gat gca gat gct tcc gtg acc gtt gaa gaa gca gac ggc 4243
Ala Tyr Val Asp Ala Asp Ala Ser Val Thr Val Glu Glu Ala Asp Gly

1370 1375 1380
gaa tgg atc gtg acc aag aag aag ggc tcc acc tcc ttc gtg cca cgc 4291
Glu Trp Ile Val Thr Lys Lys Lys Gly Ser Thr Ser Phe Val Pro Arg

1385 1390 1395
aag gca acc ctg acc cgc tcc gta gca ggc cag ctg cca acc gac ttc 4339
Lys Ala Thr Leu Thr Arg Ser Val Ala Gly Gln Leu Pro Thr Asp Phe

1400 1405 1410

gac cct gcc aag tgg ggt atc cca gcc tcc atg atc gat gca ctc gac 4387
Asp Pro Ala Lys Trp Gly Ile Pro Ala Ser Met Ile Asp Ala Leu Asp

1415 1420 1425
aac atc gca gcg tgg aac ctg gtc act gca gtc gac gcc ttc ctg tcc 4435
Asn Ile Ala Ala Trp Asn Leu Val Thr Ala Val Asp Ala Phe Leu Ser

1430 1435 1440 1445
tcc ggc ttc agc cca gca gaa ctc ctg cag tcc atc cac cca gct gac 4483
Ser Gly Phe Ser Pro Ala Glu Leu Leu Gln Ser Ile His Pro Ala Asp

1450 1455 1460
gtg tcc tcc acc cag ggc acc ggt atc ggt ggc atg cag tcc cta cgc 4531
Val Ser Ser Thr Gln Gly Thr Gly Ile Gly Gly Met Gln Ser Leu Arg

1465 1470 1475
aag ctg ttc gtc aac cgc ttc ctc ggc cag gat cgt cca tcc gac atc 4579
Lys Leu Phe Val Asn Arg Phe Leu Gly Gln Asp Arg Pro Ser Asp Ile

1480 1485 1490
ctc cag gag acc ctg cca aac gtt gtg gct gca cac acc atg cag tcc 4627
Leu Gln Glu Thr Leu Pro Asn Val Val Ala Ala His Thr Met Gln Ser

1495 1500 1505
tac gtc ggt ggc tac ggc cag atg atc cac cca gtg gca gca tgt gca 4675
Tyr Val Gly Gly Tyr Gly Gln Met Ile His Pro Val Ala Ala Cys Ala

1510 1515 1520 1525
acc gca gct gtc tcc gtg gaa gaa ggc gtg gac aag atc cgc ctc aac 4723
Thr Ala Ala Val Ser Val Glu Glu Gly Val Asp Lys Ile Arg Leu Asn

1530 1535 1540
aag gca gat ttc gtt gtc gcc ggt ggt atc gat gac atc cag gtt gaa 4771
Lys Ala Asp Phe Val Val Ala Gly Gly Ile Asp Asp Ile Gln Val Glu

1545 1550 1555
tcc ctg acc ggc ttc ggt gac atg aac gcc acc gca gac acc cag gca 4819
Ser Leu Thr Gly Phe Gly Asp Met Asn Ala Thr Ala Asp Thr Gln Ala

1560 1565 1570
atg ctg gac aag ggc atc gac cca cgc ttc atc tcc cgc gca aac gat 4867
Met Leu Asp Lys Gly Ile Asp Pro Arg Phe Ile Ser Arg Ala Asn Asp

1575 1580 1585
cga cgt cgc gca ggc ttc ctc gaa gca gca ggt ggc ggt acc gtc ctc 4915
Arg Arg Arg Ala Gly Phe Leu Glu Ala Ala Gly Gly Gly Thr Val Leu

1590 1595 1600 1605
ctg gca cgt gca tcc gtt gct gct gaa ctg gga ctg cca gtt ctc gca 4963
Leu Ala Arg Ala Ser Val Ala Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Leu Ala

1610 1615 1620
gtt gtt gca cac gca cag tcc tac gcc gat ggt gct cac acc tcc atc 5011
Val Val Ala His Ala Gln Ser Tyr Ala Asp Gly Ala His Thr Ser Ile

1625 1630 1635

cca gca ccg gga ctt ggc gca ctg ggt gca gca cgt ggt ggc aag aag 5059
Pro Ala Pro Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ala Ala Arg Gly Gly Lys Lys

1640 1645 1650
tcc gta ctt gct cgc gaa ctg aac aaa ttg ggt ctg acc cca gat gac 5107
Ser Val Leu Ala Arg Glu Leu Asn Lys Leu Gly Leu Thr Pro Asp Asp

1655 1660 1665
gtt cgc gtg gtc tcg aag cac gac acc tcc acc aac gcc aac gat cca 5155
Val Arg Val Val Ser Lys His Asp Thr Ser Thr Asn Ala Asn Asp Pro

1670 1675 1680 1685
aac gag tcc gag ctg cac aac ctg ctg tgg aag acc att gga cgc gaa 5203
Asn Glu Ser Glu Leu His Asn Leu Leu Trp Lys Thr Ile Gly Arg Glu

1690 1695 1700
gcc gac aac ccg atg ttc gtc gtc tcc cag aag tcc ctt acc gga cac 5251
Ala Asp Asn Pro Met Phe Val Val Ser Gln Lys Ser Leu Thr Gly His

1705 1710 1715
tca aag ggc ggt gca gca ctc ttc cag atc ggt gga ctt gtc tcc atc 5299
Ser Lys Gly Gly Ala Ala Leu Phe Gln Ile Gly Gly Leu Val Ser Ile

1720 1725 1730
ctg gaa acc ggc aag ctg cca cag aac gca tcc ctt gac tgc gtt gac 5347
Leu Glu Thr Gly Lys Leu Pro Gln Asn Ala Ser Leu Asp Cys Val Asp

1735 1740 1745
cca gag atg gaa gca aag ggc gag aac ttc gtc tgg ctg cgc aag cca 5395
Pro Glu Met Glu Ala Lys Gly Glu Asn Phe Val Trp Leu Arg Lys Pro

1750 1755 1760 1765
ctg gat ctc ggc gca ggc tcc att aag gcc ggc gta ctt acc tca ctg 5443
Leu Asp Leu Gly Ala Gly Ser Ile Lys Ala Gly Val Leu Thr Ser Leu

1770 1775 1780
ggc ttc ggc cac gtg gct gca gtc gtc gtg ctg gca acc agc ggc atc 5491
Gly Phe Gly His Val Ala Ala Val Val Val Leu Ala Thr Ser Gly Ile

1785 1790 1795
ttc gag cag gca atg cgc aac gca ggc ctc gac gtc gaa gca tgg cgt 5539
Phe Glu Gln Ala Met Arg Asn Ala Gly Leu Asp Val Glu Ala Trp Arg

1800 1805 1810
gca cgc gca acc cag cgc ctg cgc acc ggt gca aac cgc cta gaa gct 5587
Ala Arg Ala Thr Gln Arg Leu Arg Thr Gly Ala Asn Arg Leu Glu Ala

1815 1820 1825
ggc atg gtt ggc cga gca cca ttg ttc gag cag gtc gac gga cgt cgc 5635
Gly Met Val Gly Arg Ala Pro Leu Phe Glu Gln Val Asp Gly Arg Arg

1830 1835 1840 1845
ctg cca gag cat ggc gct cac caa gca gag atc aac ttg ctt atc gac 5683
Leu Pro Glu His Gly Ala His Gln Ala Glu Ile Asn Leu Leu Ile Asp

1850 1855 1860

gct gac gct cgc ctc ggt gct gac ggc atc tac cag ggc taaacgttag 5732
Ala Asp Ala Arg Leu Gly Ala Asp Gly Ile Tyr Gln Gly

1865 1870
atagctaaga aag 5745

<210> 46
<211> 1874
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 46
Val Arg Ile Val Leu Thr Thr Glu Gly Glu Val Ala Ala Lys Leu Val
1 5 10 15

Thr Arg Phe Ala Ile Arg Gly Arg Ile Thr Thr Asn Glu Met Ala Ala
20 25 30

Pro Ala Asp Ser Tyr Gly Ala Arg Asp Glu Val Val Glu Ala Thr Pro
35 40 45

Arg Ser Phe Ile Arg Gln Ala Thr Val Ser Ala Pro Ala Asp Met Thr
50 55 60

Pro Phe Ala Met Val Ser Gly Asp Tyr Asn Pro Ile His Thr Ser Asp
65 70 75 80

Asn Ala Ala Lys Leu Val Gly Leu Asp Ala Ala Leu Val His Gly Met
85 90 95

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

Ile Gly Trp Thr Tyr Ser Met Tyr Gly Met Val Gln Leu Asn Asp Val
115 120 125

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

Tyr Glu Val Thr Cys Arg Ile Asp Gly Asn Val Val Ser Arg Gly Gln
145 150 155 160

Ala Leu Leu Lys Ala Pro Ser Thr Ala Tyr Val Tyr Pro Ser Gln Gly
165 170 175

Ile Gln Ala Lys Gly Met Gly Gln Gly Asp Arg Thr Ala Ser Ala Glu
180 185 190

Ala Arg Ala Val Trp Glu Arg Ala Asp Ala His Thr Arg Ala Asn Leu
195 200 205

Gly Phe Ser Ile Gln Gln Val Ile Asp Glu Asn Pro Thr Glu Leu Lys
210 215 220

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

225	230	235	240
Gln Phe Thr Gln Val Ala Leu Ala Val Val Ala Tyr Ala Gln Thr Glu	245	250	255
Arg Leu Lys Ala Ala Asn Ala Ile Val Asp Gly Ser Leu Tyr Ala Gly	260	265	270
His Ser Leu Gly Glu Tyr Thr Ala Leu Ala Ser Leu Gly Asn Ile Phe	275	280	285
Glu Leu Glu Gly Val Ile Asp Val Val Phe Ser Arg Gly Ser Ala Met	290	295	300
His Ser Leu Val Pro Arg Asp Glu Lys Gly Arg Ser Asn Tyr Gly Leu	305	310	315
Ala Ala Phe Arg Pro Asn Met Ile Asn Val Ala Ala Thr Glu Val Glu	325	330	335
Asn Trp Val Asp Arg Val Ala Glu Glu Ser Gly Glu Phe Leu Gln Ile	340	345	350
Val Asn Tyr Asn Val Asp Gly Gln Gln Tyr Ala Val Ala Gly Thr Leu	355	360	365
Ala Gly Leu Lys Ala Leu Lys Ala Ser Ala Ser Ala Asn Pro Arg Ala	370	375	380
Tyr Val Asn Ile Pro Gly Ile Asp Val Pro Phe His Ser Ser Val Leu	385	390	395
Arg Pro Gly Val Pro Ala Phe Ala Glu Lys Leu Asp Glu Leu Leu Pro	405	410	415
Glu Thr Ile Asp Ile Asp Ala Leu Arg Gly Arg Tyr Ile Pro Asn Leu	420	425	430
Val Ala Arg Pro Phe Glu Leu Thr Gln Ser Phe Val Asp Ala Ile Leu	435	440	445
Ala Val Val Pro Ser Glu Arg Leu Lys Gly Ile Lys Val Glu Asp Thr	450	455	460
Asp Glu Asn Thr Leu Ala Arg Leu Leu Leu Ile Glu Leu Leu Ser Trp	465	470	475
Gln Phe Ala Ser Pro Val Arg Trp Ile Glu Thr Gln Ala Leu Ile Ile	485	490	495
Asp Thr Val Asp Gln Ile Ile Glu Val Gly Leu Ala Ala Ser Pro Thr	500	505	510
Leu Thr Asn Leu Ala Leu Arg Thr Met Asp Val Ile Gly Lys Ser Arg	515	520	525
Pro Val Phe Asn Val Glu Arg Asp Gln Asp Thr Val Met Leu Asn Asp	530	535	540

Val Arg Gln Ala Pro Val Ala Glu Val Glu Glu Glu Ala Val Glu Glu
545 550 555 560

Ala Pro Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ala Glu Ala Pro Val Ala Ala
565 570 575

Ala Pro Val Ala Ala Ala Ala Pro Ala Pro Val Gly Asn Ala Pro Glu
580 585 590

Leu Lys Phe Asn Ala Ala Asn Ala Ile Met Val Leu Phe Ala Val Gln
595 600 605

Asn Lys Ile Asn Ile Asp Gln Ile Thr Ala Ala Asp Thr Ser Glu Thr
610 615 620

Leu Thr Asn Gly Val Ser Ser Arg Arg Asn Gln Met Leu Met Asp Met
625 630 635 640

Ser Thr Glu Leu Ser Val Pro Thr Ile Asp Gly Ala Ala Asp Ala Asp
645 650 655

Val Ala Thr Leu Gln Gly Arg Val Val Thr Ala Ala Pro Gly Tyr Lys
660 665 670

Pro Phe Gly Pro Val Leu Ser Glu Thr Val Arg Ala Arg Leu Arg Ala
675 680 685

Leu Thr Gly Ala Ala Gly Leu Lys Thr Ser Tyr Ile Gly Asp Arg Val
690 695 700

Thr Gly Thr Trp Gly Leu Pro Glu Ser Trp Thr Ala His Val Glu Val
705 710 715 720

Glu Leu Leu Leu Gly Thr Arg Glu Gly Glu Ser Val Arg Gly Gly Asn
725 730 735

Leu Gly Ser Leu Pro Ala Asn Ala Ser Ser Lys Gly Asp Val Asp Ala
740 745 750

Leu Ile Asp Ala Ala Val Gln Asn Val Ala Ala Ala Asn Gly Thr Ser
755 760 765

Val Ser Met Ser Ser Gly Gly Ala Ala Ser Gly Gly Gly Val Val Asp
770 775 780

Ser Ala Ala Leu Asp Ala Tyr Ala Ser Thr Val Thr Gly Glu Glu Gly
785 790 795 800

Val Leu Ala Asn Val Ala Arg Gly Ile Leu Ser Gln Leu Gly Leu Asp
805 810 815

Thr Lys Asp Glu Val Glu Gly Ala Glu Ile Asp Thr Glu Leu Tyr Asp
820 825 830

Ala Val Glu Ala Glu Leu Gly Thr Gly Trp Leu Lys Leu Val Thr Pro
835 840 845

Val Phe Ser Ala Asp Arg Ala Ile Leu Phe Asp Asp Arg Trp Ala Ser

850	855	860	
Ala Arg Glu Asp Leu	Ala Arg Leu Ala Asn Gly Glu Asp Ile Ala Val		
865	870	875	880
Glu Arg Phe Ala Gly Thr	Gly Glu Thr Val Val Lys Gln Ala Ala Trp		
	885	890	895
Trp Ala Glu His Val Glu Asp Thr	Ala Leu Ala Ala Thr Leu Lys Gln		
	900	905	910
Val Ser Glu Val Ala Ala Lys Pro Ala Asn Glu Pro His Ile Asp Asp			
	915	920	925
Val Ala Leu Val Thr Gly Ala Ala Pro Glu Ser Ile Ala Gly Ala Val			
	930	935	940
Ala Ala Arg Leu Leu Ser Gln Gly Ala Thr Val Ile Leu Thr Ala Ser			
945	950	955	960
Asn Val Ser Gln Ala Arg Lys Glu Tyr Ala Arg Lys Leu Tyr Ala Ala			
	965	970	975
Asn Ala Thr Pro Asn Ala Lys Leu Trp Ile Val Pro Ala Asn Met Ser			
	980	985	990
Ser Tyr Arg Asp Val Asp Ala Val Ile Asp Trp Ile Gly Asn Glu Gln			
	995	1000	1005
Arg Val Thr Val Gly Ser Thr Val Thr Val Thr Lys Pro Ala Leu Thr			
	1010	1015	1020
Pro Thr Leu Ala Tyr Pro Phe Ala Ala Pro Ser Val Ser Gly Thr Leu			
1025	1030	1035	1040
Ala Asp Ala Gly Pro Gln Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Leu Leu Trp			
	1045	1050	1055
Ser Val Glu Arg Thr Ile Ala Gly Leu Ala Asp Leu Ala Ser Arg Gly			
	1060	1065	1070
Val Asp Gly Arg Val His Val Val Leu Pro Gly Ser Pro Asn Arg Gly			
	1075	1080	1085
Met Phe Gly Gly Asp Gly Ala Tyr Gly Glu Val Lys Ala Ala Phe Asp			
	1090	1095	1100
Ala Ile Leu Ala Lys Trp Gly Ser Glu Thr Gly Trp Pro Gln Phe Val			
1105	1110	1115	1120
Ser Leu Ala Gln Ala Arg Ile Gly Trp Val Ala Gly Thr Gly Leu Met			
	1125	1130	1135
Gly Arg Asn Asp Val Leu Ile Pro Ala Ala Glu Lys Leu Gly Ile His			
	1140	1145	1150
Val Tyr Thr Pro Glu Glu Ile Ser Ser Glu Leu Leu Gly Leu Ala Ser			
	1155	1160	1165

Ala Glu Ser Arg Glu Lys Ala Leu Glu Ala Pro Ile Asp Tyr Asp Leu
1170 1175 1180

Thr Gly Gly Leu Ser Gly Gly Val Ser Ile Ala Ala Leu Ala Ala Ser
1185 1190 1195 1200

Leu Glu Ser Asp Ala Val Glu Thr Thr Ser Ala Ala Glu Asp Thr Ile
1205 1210 1215

Lys Ala Leu Pro Ser Pro Lys His Pro Glu Gln Pro Val Gly Thr Pro
1220 1225 1230

Val Gly Glu Val Lys Thr Asp Leu Glu Asp Met Val Val Met Val Gly
1235 1240 1245

Val Gly Glu Val Ser Ser Trp Gly Ser Gly Arg Thr Arg Phe Glu Ala
1250 1255 1260

Glu Tyr Gly Ile Gln Arg Asp Gly Ser Val Asp Leu Thr Ala Ala Gly
1265 1270 1275 1280

Val Leu Glu Leu Ala Trp Met Met Gly Leu Ile Ser Trp Ser Glu Asp
1285 1290 1295

Pro Lys Pro Ala Trp Tyr Asp Ala Asp Gly Thr Glu Val Pro Glu Glu
1300 1305 1310

Glu Ile Tyr Glu Arg Phe Arg Asp Glu Val Ile Ala Arg Cys Gly Val
1315 1320 1325

Arg Glu Leu Val Asp Asp Ala Phe Leu Val Asp Gly Gly Ser Leu Asp
1330 1335 1340

Ala Ala Glu Val Phe Leu Asp Arg Asp Ile Ser Phe Ser Val Thr Ser
1345 1350 1355 1360

Ala Glu Glu Ala Gln Ala Tyr Val Asp Ala Asp Ala Ser Val Thr Val
1365 1370 1375

Glu Glu Ala Asp Gly Glu Trp Ile Val Thr Lys Lys Lys Gly Ser Thr
1380 1385 1390

Ser Phe Val Pro Arg Lys Ala Thr Leu Thr Arg Ser Val Ala Gly Gln
1395 1400 1405

Leu Pro Thr Asp Phe Asp Pro Ala Lys Trp Gly Ile Pro Ala Ser Met
1410 1415 1420

Ile Asp Ala Leu Asp Asn Ile Ala Ala Trp Asn Leu Val Thr Ala Val
1425 1430 1435 1440

Asp Ala Phe Leu Ser Ser Gly Phe Ser Pro Ala Glu Leu Leu Gln Ser
1445 1450 1455

Ile His Pro Ala Asp Val Ser Ser Thr Gln Gly Thr Gly Ile Gly Gly
1460 1465 1470

Met Gln Ser Leu Arg Lys Leu Phe Val Asn Arg Phe Leu Gly Gln Asp

1475	1480	1485
Arg Pro Ser Asp Ile Leu Gln	Glu Thr Leu Pro Asn	Val Val Ala Ala
1490	1495	1500
His Thr Met Gln Ser Tyr	Val Gly Gly Tyr Gly	Gln Met Ile His Pro
1505	1510	1515
Val Ala Ala Cys Ala Thr	Ala Ala Val Ser	Val Glu Glu Gly Val Asp
1525	1530	1535
Lys Ile Arg Leu Asn Lys	Ala Asp Phe	Val Val Ala Gly Gly Ile Asp
1540	1545	1550
Asp Ile Gln Val Glu Ser	Leu Thr Gly Phe Gly Asp Met	Asn Ala Thr
1555	1560	1565
Ala Asp Thr Gln Ala Met	Leu Asp Lys Gly Ile Asp	Pro Arg Phe Ile
1570	1575	1580
Ser Arg Ala Asn Asp Arg	Arg Arg Ala Gly Phe	Leu Glu Ala Ala Gly
1585	1590	1595
Gly Gly Thr Val Leu	Leu Ala Arg Ala Ser	Val Ala Ala Glu Leu Gly
1605	1610	1615
Leu Pro Val Leu Ala Val	Val Ala His	Ala Gln Ser Tyr Ala Asp Gly
1620	1625	1630
Ala His Thr Ser Ile Pro	Ala Pro Gly Leu Gly Ala Leu	Gly Ala Ala
1635	1640	1645
Arg Gly Gly Lys Lys Ser	Val Leu Ala Arg Glu Leu	Asn Lys Leu Gly
1650	1655	1660
Leu Thr Pro Asp Asp Val	Arg Val Val Ser Lys	His Asp Thr Ser Thr
1665	1670	1675
Asn Ala Asn Asp Pro	Asn Glu Ser Glu Leu	His Asn Leu Leu Trp Lys
1685	1690	1695
Thr Ile Gly Arg Glu Ala	Asp Asn Pro Met Phe Val Val Ser	Gln Lys
1700	1705	1710
Ser Leu Thr Gly His Ser	Lys Gly Gly Ala Ala Leu Phe	Gln Ile Gly
1715	1720	1725
Gly Leu Val Ser Ile Leu	Glu Thr Gly Lys Leu Pro	Gln Asn Ala Ser
1730	1735	1740
Leu Asp Cys Val Asp Pro	Glu Met Glu Ala Lys	Gly Glu Asn Phe Val
1745	1750	1755
Trp Leu Arg Lys Pro	Leu Asp Leu Gly Ala	Gly Ser Ile Lys Ala Gly
1765	1770	1775
Val Leu Thr Ser Leu	Gly Phe Gly His	Val Ala Ala Val Val Val Leu
1780	1785	1790

Ala Thr Ser Gly Ile Phe Glu Gln Ala Met Arg Asn Ala Gly Leu Asp
1795 1800 1805

Val Glu Ala Trp Arg Ala Arg Ala Thr Gln Arg Leu Arg Thr Gly Ala
1810 1815 1820

Asn Arg Leu Glu Ala Gly Met Val Gly Arg Ala Pro Leu Phe Glu Gln
1825 1830 1835 1840

Val Asp Gly Arg Arg Leu Pro Glu His Gly Ala His Gln Ala Glu Ile
1845 1850 1855

Asn Leu Leu Ile Asp Ala Asp Ala Arg Leu Gly Ala Asp Gly Ile Tyr
1860 1865 1870

Gln Gly

<210> 47

<211> 3317

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(3294)

<223> FRXA00113

<400> 47

gct tca ggt ggc gga gtt gtt gat tcc gca gca ctt gat gcc tac gca 48
Ala Ser Gly Gly Gly Val Val Asp Ser Ala Ala Leu Asp Ala Tyr Ala

1 5 10 15
tcc acc gtc act ggt gaa gaa ggc gtc ctg gca aac gtt gct cgc ggc 96
Ser Thr Val Thr Gly Glu Glu Gly Val Leu Ala Asn Val Ala Arg Gly

20 25 30
att ctg tct cag ctt ggt ctc gac acc aag gac gag gtt gaa ggc gca 144
Ile Leu Ser Gln Leu Gly Leu Asp Thr Lys Asp Glu Val Glu Gly Ala

35 40 45
gag atc gac acc gaa ctc tac gac gct gtc gaa gca gaa ctg ggc acc 192
Glu Ile Asp Thr Glu Leu Tyr Asp Ala Val Glu Ala Glu Leu Gly Thr

50 55 60
ggc tgg ctg aag ctt gtc acc cca gtg ttc tcc gct gat cgt gcg atc 240
Gly Trp Leu Lys Leu Val Thr Pro Val Phe Ser Ala Asp Arg Ala Ile

65 70 75 80
ttg ttc gac gac cgt tgg gca tct gca cgt gaa gat ctg gca cgc ctt 288
Leu Phe Asp Asp Arg Trp Ala Ser Ala Arg Glu Asp Leu Ala Arg Leu

85 90 95
gcc aac ggc gag gat att gcc gtc gag cgc ttt gct gga acg ggg gag 336
Ala Asn Gly Glu Asp Ile Ala Val Glu Arg Phe Ala Gly Thr Gly Glu

100	105	110	
acc gtc gtc aag caa gct gca tgg tgg gct gag cac gtt gaa gac acc			384
Thr Val Val Lys Gln Ala Ala Trp Trp Ala Glu His Val Glu Asp Thr			
115	120	125	
gct ctc gct gca acc ctg aag cag gtt tcc gag gtg gct gcg aag cca			432
Ala Leu Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val Ser Glu Val Ala Ala Lys Pro			
130	135	140	
gcc aac gag cca cac atc gac gat gtt gcg ctg gtt acc ggt gcg gct			480
Ala Asn Glu Pro His Ile Asp Asp Val Ala Leu Val Thr Gly Ala Ala			
145	150	155	160
cct gag tcg atc gcc ggt gca gtt gcg gct cgc ctg ctg tcc cag ggc			528
Pro Glu Ser Ile Ala Gly Ala Val Ala Ala Arg Leu Leu Ser Gln Gly			
165	170	175	
gcg acc gtc att ctc acc gca tcg aac gtc tcc cag gcg cgt aag gaa			576
Ala Thr Val Ile Leu Thr Ala Ser Asn Val Ser Gln Ala Arg Lys Glu			
180	185	190	
tac gca cgc aag ctc tac gct gcg aac gca acc cct aac gca aag ctg			624
Tyr Ala Arg Lys Leu Tyr Ala Ala Asn Ala Thr Pro Asn Ala Lys Leu			
195	200	205	
tgg att gtt cct gcg aac atg tcc tcc tac cgc gat gtt gat gca gtc			672
Trp Ile Val Pro Ala Asn Met Ser Ser Tyr Arg Asp Val Asp Ala Val			
210	215	220	
atc gat tgg atc ggc aac gag cag cgc gtc acc gtc ggc agc acc gtc			720
Ile Asp Trp Ile Gly Asn Glu Gln Arg Val Thr Val Gly Ser Thr Val			
225	230	235	240
acc gtg acc aag cca gct ctg acc cca acc ctt gcg tac cca ttc gca			768
Thr Val Thr Lys Pro Ala Leu Thr Pro Thr Leu Ala Tyr Pro Phe Ala			
245	250	255	
gct cca tcc gta tcc ggt acc ttg gcg gat gca ggc cca cag gct gaa			816
Ala Pro Ser Val Ser Gly Thr Leu Ala Asp Ala Gly Pro Gln Ala Glu			
260	265	270	
aac cag gca cgc ctg ctc ctc tgg tcc gtg gag cgc acc atc gca gga			864
Asn Gln Ala Arg Leu Leu Leu Trp Ser Val Glu Arg Thr Ile Ala Gly			
275	280	285	
ctt gca gat ctt gca tcc cgc ggt gtc gat gga cgc gtc cac gtt gta			912
Leu Ala Asp Leu Ala Ser Arg Gly Val Asp Gly Arg Val His Val Val			
290	295	300	
ctc cca ggt tcc ccg aac cgc gga atg ttc ggt ggc gac ggc gct tac			960
Leu Pro Gly Ser Pro Asn Arg Gly Met Phe Gly Gly Asp Gly Ala Tyr			
305	310	315	320
ggc gaa gtc aag gct gct ttc gac gcc atc ctt gcc aag tgg ggc tcc			1008
Gly Glu Val Lys Ala Ala Phe Asp Ala Ile Leu Ala Lys Trp Gly Ser			

325	330	335	
gag acc ggc tgg cca cag ttt gtc tcc ctc gca cag gca cgc atc ggc			1056
Glu Thr Gly Trp Pro Gln Phe Val Ser Leu Ala Gln Ala Arg Ile Gly			
340	345	350	
tgg gtc gca ggc acc ggc ctc atg ggt cgc aac gac gtg ctc atc cct			1104
Trp Val Ala Gly Thr Gly Leu Met Gly Arg Asn Asp Val Leu Ile Pro			
355	360	365	
gcc gct gaa aag ctg ggc atc cac gtc tac acc cct gaa gag atc tct			1152
Ala Ala Glu Lys Leu Gly Ile His Val Tyr Thr Pro Glu Glu Ile Ser			
370	375	380	
tcc gaa ctg ctg ggt ctt gca tcc gca gaa tcc cgc gaa aag gct ctg			1200
Ser Glu Leu Leu Gly Leu Ala Ser Ala Glu Ser Arg Glu Lys Ala Leu			
385	390	395	400
gaa gca ccg atc gat tac gac ctg acc ggt gga ctt tcc ggt ggc gta			1248
Glu Ala Pro Ile Asp Tyr Asp Leu Thr Gly Gly Leu Ser Gly Gly Val			
405	410	415	
tcc atc gca gca ctg gca gca tcc ctc gag tcc gac gca gta gag acc			1296
Ser Ile Ala Ala Leu Ala Ala Ser Leu Glu Ser Asp Ala Val Glu Thr			
420	425	430	
acc tct gca gca gaa gac acc atc aag gcg ctt cca tca cct aag cac			1344
Thr Ser Ala Ala Glu Asp Thr Ile Lys Ala Leu Pro Ser Pro Lys His			
435	440	445	
cca gag cag cca gtg ggc acg cca gtt gga gag gtc aag acc gat ctc			1392
Pro Glu Gln Pro Val Gly Thr Pro Val Gly Glu Val Lys Thr Asp Leu			
450	455	460	
gaa gac atg gtt gtc atg gtt ggc gtt ggc gaa gtc tcc tca tgg ggc			1440
Glu Asp Met Val Val Met Val Gly Val Gly Glu Val Ser Ser Trp Gly			
465	470	475	480
tcc gga cgt acc cgc ttc gaa gct gag tac ggc atc cag cgc gac ggc			1488
Ser Gly Arg Thr Arg Phe Glu Ala Glu Tyr Gly Ile Gln Arg Asp Gly			
485	490	495	
tcc gtt gac ctc acc gca gca ggc gtc ctt gag ctt gca tgg atg atg			1536
Ser Val Asp Leu Thr Ala Ala Gly Val Leu Glu Leu Ala Trp Met Met			
500	505	510	
ggt ctg atc tcc tgg agc gaa gat cca aag cca gcc tgg tac gac gct			1584
Gly Leu Ile Ser Trp Ser Glu Asp Pro Lys Pro Ala Trp Tyr Asp Ala			
515	520	525	
gac ggc acc gaa gtg cct gaa gaa gag atc tac gag cgc ttc cgc gac			1632
Asp Gly Thr Glu Val Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Glu Arg Phe Arg Asp			
530	535	540	
gaa gtc atc gca cga tgc ggt gtt cgt gag ctt gtc gac gac gca ttc			1680

Glu Val Ile Ala Arg Cys Gly Val Arg Glu Leu Val Asp Asp Ala Phe

545 550 555 560
ctc gtc gac ggc ggc tcc ctc gac gca gct gaa gtc ttc ctc gac cgc 1728
Leu Val Asp Gly Gly Ser Leu Asp Ala Ala Glu Val Phe Leu Asp Arg

565 570 575
gac atc tcc ttc tcc gta acc tct gct gaa gaa gca cag gcc tac gtc 1776
Asp Ile Ser Phe Ser Val Thr Ser Ala Glu Glu Ala Gln Ala Tyr Val

580 585 590
gat gca gat gct tcc gtg acc gtt gaa gaa gca gac ggc gaa tgg atc 1824
Asp Ala Asp Ala Ser Val Thr Val Glu Glu Ala Asp Gly Glu Trp Ile

595 600 605
gtg acc aag aag aag ggc tcc acc tcc ttc gtg cca cgc aag gca acc 1872
Val Thr Lys Lys Lys Gly Ser Thr Ser Phe Val Pro Arg Lys Ala Thr

610 615 620
ctg acc cgc tcc gta gca ggc cag ctg cca acc gac ttc gac cct gcc 1920
Leu Thr Arg Ser Val Ala Gly Gln Leu Pro Thr Asp Phe Asp Pro Ala

625 630 635 640
aag tgg ggt atc cca gcc tcc atg atc gat gca ctc gac aac atc gca 1968
Lys Trp Gly Ile Pro Ala Ser Met Ile Asp Ala Leu Asp Asn Ile Ala

645 650 655
gcg tgg aac ctg gtc act gca gtc gac gcc ttc ctg tcc tcc ggc ttc 2016
Ala Trp Asn Leu Val Thr Ala Val Asp Ala Phe Leu Ser Ser Gly Phe

660 665 670
agc cca gca gaa ctc ctg cag tcc atc cac cca gct gac gtg tcc tcc 2064
Ser Pro Ala Glu Leu Leu Gln Ser Ile His Pro Ala Asp Val Ser Ser

675 680 685
acc cag ggc acc ggt atc ggt ggc atg cag tcc cta cgc aag ctg ttc 2112
Thr Gln Gly Thr Gly Ile Gly Gly Met Gln Ser Leu Arg Lys Leu Phe

690 695 700
gtc aac cgc ttc ctc ggc cag gat cgt cca tcc gac atc ctc cag gag 2160
Val Asn Arg Phe Leu Gly Gln Asp Arg Pro Ser Asp Ile Leu Gln Glu

705 710 715 720
acc ctg cca aac gtt gtg gct gca cac acc atg cag tcc tac gtc ggt 2208
Thr Leu Pro Asn Val Val Ala Ala His Thr Met Gln Ser Tyr Val Gly

725 730 735
ggc tac ggc cag atg atc cac cca gtg gca gca tgt gca acc gca gct 2256
Gly Tyr Gly Gln Met Ile His Pro Val Ala Ala Cys Ala Thr Ala Ala

740 745 750
gtc tcc gtg gaa gaa ggc gtg gac aag atc cgc ctc aac aag gca gat 2304
Val Ser Val Glu Glu Gly Val Asp Lys Ile Arg Leu Asn Lys Ala Asp

755 760 765
ttc gtt gtc gcc ggt ggt atc gat gac atc cag gtt gaa tcc ctg acc 2352

Phe Val Val Ala Gly Gly Ile Asp Asp Ile Gln Val Glu Ser Leu Thr

770 775 780
ggc ttc ggt gac atg aac gcc acc gca gac acc cag gca atg ctg gac 2400
Gly Phe Gly Asp Met Asn Ala Thr Ala Asp Thr Gln Ala Met Leu Asp

785 790 795 800
aag ggc atc gac cca cgc ttc atc tcc cgc gca aac gat cga cgt cgc 2448
Lys Gly Ile Asp Pro Arg Phe Ile Ser Arg Ala Asn Asp Arg Arg Arg

805 810 815
gca ggc ttc ctc gaa gca gca ggt ggc ggt acc gtc ctc ctg gca cgt 2496
Ala Gly Phe Leu Glu Ala Ala Gly Gly Gly Thr Val Leu Leu Ala Arg

820 825 830
gca tcc gtt gct gct gaa ctg gga ctg cca gtt ctc gca gtt gtt gca 2544
Ala Ser Val Ala Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Leu Ala Val Val Ala

835 840 845
cac gca cag tcc tac gcc gat ggt gct cac acc tcc atc cca gca ccg 2592
His Ala Gln Ser Tyr Ala Asp Gly Ala His Thr Ser Ile Pro Ala Pro

850 855 860
gga ctt ggc gca ctg ggt gca gca cgt ggt ggc aag aag tcc gta ctt 2640
Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ala Ala Arg Gly Gly Lys Lys Ser Val Leu

865 870 875 880
gct cgc gaa ctg aac aaa ttg ggt ctg acc cca gat gac gtt cgc gtg 2688
Ala Arg Glu Leu Asn Lys Leu Gly Leu Thr Pro Asp Asp Val Arg Val

885 890 895
gtc tcg aag cac gac acc tcc acc aac gcc aac gat cca aac gag tcc 2736
Val Ser Lys His Asp Thr Ser Thr Asn Ala Asn Asp Pro Asn Glu Ser

900 905 910
gag ctg cac aac ctg ctg tgg aag acc att gga cgc gaa gcc gac aac 2784
Glu Leu His Asn Leu Leu Trp Lys Thr Ile Gly Arg Glu Ala Asp Asn

915 920 925
ccg atg ttc gtc gtc tcc cag aag tcc ctt acc gga cac tca aag ggc 2832
Pro Met Phe Val Val Ser Gln Lys Ser Leu Thr Gly His Ser Lys Gly

930 935 940
ggt gca gca ctc ttc cag atc ggt gga ctt gtc tcc atc ctg gaa acc 2880
Gly Ala Ala Leu Phe Gln Ile Gly Gly Leu Val Ser Ile Leu Glu Thr

945 950 955 960
ggc aag ctg cca cag aac gca tcc ctt gac tgc gtt gac cca gag atg 2928
Gly Lys Leu Pro Gln Asn Ala Ser Leu Asp Cys Val Asp Pro Glu Met

965 970 975
gaa gca aag ggc gag aac ttc gtc tgg ctg cgc aag cca ctg gat ctc 2976
Glu Ala Lys Gly Glu Asn Phe Val Trp Leu Arg Lys Pro Leu Asp Leu

980 985 990
ggc gca ggc tcc att aag gcc ggc gta ctt acc tca ctg ggc ttc ggc 3024

Gly Ala Gly Ser Ile Lys Ala Gly Val Leu Thr Ser Leu Gly Phe Gly

995 1000 1005
cac gtg gct gca gtc gtc gtg ctg gca acc agc ggc atc ttc gag cag 3072
His Val Ala Ala Val Val Val Leu Ala Thr Ser Gly Ile Phe Glu Gln

1010 1015 1020
gca atg cgc aac gca ggc ctc gac gtc gaa gca tgg cgt gca cgc gca 3120
Ala Met Arg Asn Ala Gly Leu Asp Val Glu Ala Trp Arg Ala Arg Ala

1025 1030 1035 1040
acc cag cgc ctg cgc acc ggt gca aac cgc cta gaa gct ggc atg gtt 3168
Thr Gln Arg Leu Arg Thr Gly Ala Asn Arg Leu Glu Ala Gly Met Val

1045 1050 1055
ggc cga gca cca ttg ttc gag cag gtc gac gga cgt cgc ctg cca gag 3216
Gly Arg Ala Pro Leu Phe Glu Gln Val Asp Gly Arg Arg Leu Pro Glu

1060 1065 1070
cat ggc gct cac caa gca gag atc aac ttg ctt atc gac gct gac gct 3264
His Gly Ala His Gln Ala Glu Ile Asn Leu Leu Ile Asp Ala Asp Ala

1075 1080 1085
cgc ctc ggt gct gac ggc atc tac cag ggc taaacgttag atagctaaga 3314
Arg Leu Gly Ala Asp Gly Ile Tyr Gln Gly

1090 1095 3317
aag

<210> 48
<211> 1098
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 48
Ala Ser Gly Gly Gly Val Val Asp Ser Ala Ala Leu Asp Ala Tyr Ala
1 5 10 15

Ser Thr Val Thr Gly Glu Glu Gly Val Leu Ala Asn Val Ala Arg Gly
20 25 30

Ile Leu Ser Gln Leu Gly Leu Asp Thr Lys Asp Glu Val Glu Gly Ala
35 40 45

Glu Ile Asp Thr Glu Leu Tyr Asp Ala Val Glu Ala Glu Leu Gly Thr
50 55 60

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

Leu Phe Asp Asp Arg Trp Ala Ser Ala Arg Glu Asp Leu Ala Arg Leu
85 90 95

Ala Asn Gly Glu Asp Ile Ala Val Glu Arg Phe Ala Gly Thr Gly Glu

100	105	110
Thr Val Val Lys Gln Ala Ala Trp Trp Ala Glu His Val Glu Asp Thr		
115	120	125
Ala Leu Ala Ala Thr Leu Lys Gln Val Ser Glu Val Ala Ala Lys Pro		
130	135	140
Ala Asn Glu Pro His Ile Asp Asp Val Ala Leu Val Thr Gly Ala Ala		
145	150	155
Pro Glu Ser Ile Ala Gly Ala Val Ala Ala Arg Leu Leu Ser Gln Gly		
165	170	175
Ala Thr Val Ile Leu Thr Ala Ser Asn Val Ser Gln Ala Arg Lys Glu		
180	185	190
Tyr Ala Arg Lys Leu Tyr Ala Ala Asn Ala Thr Pro Asn Ala Lys Leu		
195	200	205
Trp Ile Val Pro Ala Asn Met Ser Ser Tyr Arg Asp Val Asp Ala Val		
210	215	220
Ile Asp Trp Ile Gly Asn Glu Gln Arg Val Thr Val Gly Ser Thr Val		
225	230	235
Thr Val Thr Lys Pro Ala Leu Thr Pro Thr Leu Ala Tyr Pro Phe Ala		
245	250	255
Ala Pro Ser Val Ser Gly Thr Leu Ala Asp Ala Gly Pro Gln Ala Glu		
260	265	270
Asn Gln Ala Arg Leu Leu Leu Trp Ser Val Glu Arg Thr Ile Ala Gly		
275	280	285
Leu Ala Asp Leu Ala Ser Arg Gly Val Asp Gly Arg Val His Val Val		
290	295	300
Leu Pro Gly Ser Pro Asn Arg Gly Met Phe Gly Gly Asp Gly Ala Tyr		
305	310	315
Gly Glu Val Lys Ala Ala Phe Asp Ala Ile Leu Ala Lys Trp Gly Ser		
325	330	335
Glu Thr Gly Trp Pro Gln Phe Val Ser Leu Ala Gln Ala Arg Ile Gly		
340	345	350
Trp Val Ala Gly Thr Gly Leu Met Gly Arg Asn Asp Val Leu Ile Pro		
355	360	365
Ala Ala Glu Lys Leu Gly Ile His Val Tyr Thr Pro Glu Glu Ile Ser		
370	375	380
Ser Glu Leu Leu Gly Leu Ala Ser Ala Glu Ser Arg Glu Lys Ala Leu		
385	390	395
Glu Ala Pro Ile Asp Tyr Asp Leu Thr Gly Gly Leu Ser Gly Gly Val		
405	410	415

Ser Ile Ala Ala Leu Ala Ala Ser Leu Glu Ser Asp Ala Val Glu Thr
420 425 430

Thr Ser Ala Ala Glu Asp Thr Ile Lys Ala Leu Pro Ser Pro Lys His
435 440 445

Pro Glu Gln Pro Val Gly Thr Pro Val Gly Glu Val Lys Thr Asp Leu
450 455 460

Glu Asp Met Val Val Met Val Gly Val Gly Glu Val Ser Ser Trp Gly
465 470 475 480

Ser Gly Arg Thr Arg Phe Glu Ala Glu Tyr Gly Ile Gln Arg Asp Gly
485 490 495

Ser Val Asp Leu Thr Ala Ala Gly Val Leu Glu Leu Ala Trp Met Met
500 505 510

Gly Leu Ile Ser Trp Ser Glu Asp Pro Lys Pro Ala Trp Tyr Asp Ala
515 520 525

Asp Gly Thr Glu Val Pro Glu Glu Glu Ile Tyr Glu Arg Phe Arg Asp
530 535 540

Glu Val Ile Ala Arg Cys Gly Val Arg Glu Leu Val Asp Asp Ala Phe
545 550 555 560

Leu Val Asp Gly Gly Ser Leu Asp Ala Ala Glu Val Phe Leu Asp Arg
565 570 575

Asp Ile Ser Phe Ser Val Thr Ser Ala Glu Glu Ala Gln Ala Tyr Val
580 585 590

Asp Ala Asp Ala Ser Val Thr Val Glu Glu Ala Asp Gly Glu Trp Ile
595 600 605

Val Thr Lys Lys Lys Gly Ser Thr Ser Phe Val Pro Arg Lys Ala Thr
610 615 620

Leu Thr Arg Ser Val Ala Gly Gln Leu Pro Thr Asp Phe Asp Pro Ala
625 630 635 640

Lys Trp Gly Ile Pro Ala Ser Met Ile Asp Ala Leu Asp Asn Ile Ala
645 650 655

Ala Trp Asn Leu Val Thr Ala Val Asp Ala Phe Leu Ser Ser Gly Phe
660 665 670

Ser Pro Ala Glu Leu Leu Gln Ser Ile His Pro Ala Asp Val Ser Ser
675 680 685

Thr Gln Gly Thr Gly Ile Gly Gly Met Gln Ser Leu Arg Lys Leu Phe
690 695 700

Val Asn Arg Phe Leu Gly Gln Asp Arg Pro Ser Asp Ile Leu Gln Glu
705 710 715 720

Thr Leu Pro Asn Val Val Ala Ala His Thr Met Gln Ser Tyr Val Gly

725	730	735
Gly Tyr Gly Gln Met Ile His Pro Val Ala Ala Cys Ala Thr Ala Ala		
740	745	750
Val Ser Val Glu Glu Gly Val Asp Lys Ile Arg Leu Asn Lys Ala Asp		
755	760	765
Phe Val Val Ala Gly Gly Ile Asp Asp Ile Gln Val Glu Ser Leu Thr		
770	775	780
Gly Phe Gly Asp Met Asn Ala Thr Ala Asp Thr Gln Ala Met Leu Asp		
785	790	800
Lys Gly Ile Asp Pro Arg Phe Ile Ser Arg Ala Asn Asp Arg Arg Arg		
805	810	815
Ala Gly Phe Leu Glu Ala Ala Gly Gly Gly Thr Val Leu Leu Ala Arg		
820	825	830
Ala Ser Val Ala Ala Glu Leu Gly Leu Pro Val Leu Ala Val Val Ala		
835	840	845
His Ala Gln Ser Tyr Ala Asp Gly Ala His Thr Ser Ile Pro Ala Pro		
850	855	860
Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ala Ala Arg Gly Gly Lys Lys Ser Val Leu		
865	870	875
Ala Arg Glu Leu Asn Lys Leu Gly Leu Thr Pro Asp Asp Val Arg Val		
885	890	895
Val Ser Lys His Asp Thr Ser Thr Asn Ala Asn Asp Pro Asn Glu Ser		
900	905	910
Glu Leu His Asn Leu Leu Trp Lys Thr Ile Gly Arg Glu Ala Asp Asn		
915	920	925
Pro Met Phe Val Val Ser Gln Lys Ser Leu Thr Gly His Ser Lys Gly		
930	935	940
Gly Ala Ala Leu Phe Gln Ile Gly Gly Leu Val Ser Ile Leu Glu Thr		
945	950	955
Gly Lys Leu Pro Gln Asn Ala Ser Leu Asp Cys Val Asp Pro Glu Met		
965	970	975
Glu Ala Lys Gly Glu Asn Phe Val Trp Leu Arg Lys Pro Leu Asp Leu		
980	985	990
Gly Ala Gly Ser Ile Lys Ala Gly Val Leu Thr Ser Leu Gly Phe Gly		
995	1000	1005
His Val Ala Ala Val Val Val Leu Ala Thr Ser Gly Ile Phe Glu Gln		
1010	1015	1020
Ala Met Arg Asn Ala Gly Leu Asp Val Glu Ala Trp Arg Ala Arg Ala		
1025	1030	1035
		1040

Thr Gln Arg Leu Arg Thr Gly Ala Asn Arg Leu Glu Ala Gly Met Val
1045 1050 1055

Gly Arg Ala Pro Leu Phe Glu Gln Val Asp Gly Arg Arg Leu Pro Glu
1060 1065 1070

His Gly Ala His Gln Ala Glu Ile Asn Leu Leu Ile Asp Ala Asp Ala
1075 1080 1085

Arg Leu Gly Ala Asp Gly Ile Tyr Gln Gly
1090 1095

<210> 49

<211> 6136

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(6136)

<223> RXN03111

<400> 49

cgtgaccgaa ttgagcagga acttcggggc cagccgactg attaacgct ttggccagga 60
gccttttgcc ttgcctttcg ccggccaagg atatgactgg ttg aag acc ctt cgt 115
Leu Lys Thr Leu Arg

gcc gcg gtt gcc gca ggt gca ggc acc aat gtt agt gac atc gtc gag 163
Ala Ala Val Ala Ala Gly Ala Gly Thr Asn Val Ser Asp Ile Val Glu

cgc gca aat gcg ctg ctt gca cta gtt gca gat gat ctc att ggc acc 211
Arg Ala Asn Ala Leu Leu Ala Leu Val Ala Asp Asp Leu Ile Gly Thr

ctt cca ttt ggt ttc gat cca gtg gct tgg gct aac aac tcc gaa gat 259
Leu Pro Phe Gly Phe Asp Pro Val Ala Trp Ala Asn Asn Ser Glu Asp

cca gct ttc gat act gca caa tct gca gtg agc gtg ccg ggt atc ttt 307
Pro Ala Phe Asp Thr Ala Gln Ser Ala Val Ser Val Pro Gly Ile Phe

gtc tcc cag atc gca acc ctg gat tcc ctt gag gcg cag cgc ctt gat 355
Val Ser Gln Ile Ala Thr Leu Asp Ser Leu Glu Ala Gln Arg Leu Asp

gtg gat cag gct gtg tcc agc att ggt cat tcc cag ggc gta ttg ggc 403
Val Asp Gln Ala Val Ser Ser Ile Gly His Ser Gln Gly Val Leu Gly

gtg cac ctg ctc aat gat gcg act cgt gct gat gaa ctc gtt gcc att 451
Val His Leu Leu Asn Asp Ala Thr Arg Ala Asp Glu Leu Val Ala Ile

105	110	115	
gcg cag ttg atc ggt gca gcg atc acc cgc acc gca cgc atg acg ggc			499
Ala Gln Leu Ile Gly Ala Ala Ile Thr Arg Thr Ala Arg Met Thr Gly			
120	125	130	
ctg atc gcg cag ggc gac aac atg ccg atg ctg tgc atc gcc gga att			547
Leu Ile Ala Gln Gly Asp Asn Met Pro Met Leu Ser Ile Ala Gly Ile			
135	140	145	
tcc cgc gaa cag ctt cag caa gct atc gac gcg gcc tgc gcc gaa gtc			595
Ser Arg Glu Gln Leu Gln Gln Ala Ile Asp Ala Ala Cys Ala Glu Val			
150	155	160	165
cct gcg gag atc cgc ccg gtt atc ggt ctg cgc aac tca cgc gat tct			643
Pro Ala Glu Ile Arg Pro Val Ile Gly Leu Arg Asn Ser Arg Asp Ser			
170	175	180	
tat gtt ttg gtt ggc cgc cca gac gac aac gct cgc gtt gtt aag gtc			691
Tyr Val Leu Val Gly Arg Pro Asp Asp Asn Ala Arg Val Val Lys Val			
185	190	195	
att gag gca atg gct gcc aag gat aag aag gcc att gaa gat aag ctg			739
Ile Glu Ala Met Ala Ala Lys Asp Lys Lys Ala Ile Glu Asp Lys Leu			
200	205	210	
cgc ggc ggt tcc gcg ttc agc ccc cgt att act ccg ctg aag gtg cag			787
Arg Gly Gly Ser Ala Phe Ser Pro Arg Ile Thr Pro Leu Lys Val Gln			
215	220	225	
gct gct ttc cat cac cca gct atg aac atg gct gtg gag cag acc gtg			835
Ala Ala Phe His His Pro Ala Met Asn Met Ala Val Glu Gln Thr Val			
230	235	240	245
gcg tgg gca acc act gct ggt ttg gat gtg gaa ctc acc cgc gag atc			883
Ala Trp Ala Thr Thr Ala Gly Leu Asp Val Glu Leu Thr Arg Glu Ile			
250	255	260	
gcc gct gat gtt ttg gtt aac cct gtc gat tgg gta gca cgc gtc aac			931
Ala Ala Asp Val Leu Val Asn Pro Val Asp Trp Val Ala Arg Val Asn			
265	270	275	
gaa gcg tat gag gct ggc gct cgc tgg ttc ctc gac gtt gga cca gat			979
Glu Ala Tyr Glu Ala Gly Ala Arg Trp Phe Leu Asp Val Gly Pro Asp			
280	285	290	
ggt ggc atc gtt aag ctg act gcc aac atc ctt gag ggc cgc ggc gcg			1027
Gly Gly Ile Val Lys Leu Thr Ala Asn Ile Leu Glu Gly Arg Gly Ala			
295	300	305	
gat tcc ttc tat gtt ggt gac gcc gca ggc cag gcc aag ata ttt gat			1075
Asp Ser Phe Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gly Gln Ala Lys Ile Phe Asp			
310	315	320	325
gct ggc atg gca cct gaa ctt cca gtg gat tac cag gag ttc gca cca			1123
Ala Gly Met Ala Pro Glu Leu Pro Val Asp Tyr Gln Glu Phe Ala Pro			

330	335	340	
cgc gtt gag cac gtt gat gga acc cca cgc ctg gtt acc aag ttc act			1171
Arg Val Glu His Val Asp Gly Thr Pro Arg Leu Val Thr Lys Phe Thr			
345	350	355	
gag ctg acc ggc cgc acc cca atg atg ctg gct ggc atg acc cca acc			1219
Glu Leu Thr Gly Arg Thr Pro Met Met Leu Ala Gly Met Thr Pro Thr			
360	365	370	
acc gtt gac cct gcc att gtt gca gcc gct gca aac ggt gga cac tgg			1267
Thr Val Asp Pro Ala Ile Val Ala Ala Ala Ala Asn Gly Gly His Trp			
375	380	385	
gct gag ctg gct ggt ggc gga cag gtt acc cca gag ctg ctg gaa acc			1315
Ala Glu Leu Ala Gly Gly Gly Gln Val Thr Pro Glu Leu Leu Glu Thr			
390	395	400	405
cac atc gca cag ctg acc gac atg ctt gag cca ggt atc aac gcc cag			1363
His Ile Ala Gln Leu Thr Asp Met Leu Glu Pro Gly Ile Asn Ala Gln			
410	415	420	
ttc aac tcc atg ttc ttg gat cca tac ctg tgg aag atg cag att ggt			1411
Phe Asn Ser Met Phe Leu Asp Pro Tyr Leu Trp Lys Met Gln Ile Gly			
425	430	435	
ggc aag cgc ctt gtt cct aag gcc cgc gct aat ggt gca tcc atc gac			1459
Gly Lys Arg Leu Val Pro Lys Ala Arg Ala Asn Gly Ala Ser Ile Asp			
440	445	450	
ggc atc gtc atc acc gcc ggc att cct gaa aag gat gaa gct gtt gca			1507
Gly Ile Val Ile Thr Ala Gly Ile Pro Glu Lys Asp Glu Ala Val Ala			
455	460	465	
ttg gtc aag gaa ctg atg cgt gat ggt ttc cct tgg atc gca ttc aag			1555
Leu Val Lys Glu Leu Met Arg Asp Gly Phe Pro Trp Ile Ala Phe Lys			
470	475	480	485
cca ggt gcc atc aag cag gtt aac tct gtg ttg gct atc gct aag gaa			1603
Pro Gly Ala Ile Lys Gln Val Asn Ser Val Leu Ala Ile Ala Lys Glu			
490	495	500	
gtt cca gaa ctg ccc atc atc att cag att gag ggt ggc gtt gca ggt			1651
Val Pro Glu Leu Pro Ile Ile Ile Gln Ile Glu Gly Gly Val Ala Gly			
505	510	515	
gga cac cac tct tgg gaa gac ctg gat gag ctg ctg atc gcc acc tac			1699
Gly His His Ser Trp Glu Asp Leu Asp Glu Leu Leu Ile Ala Thr Tyr			
520	525	530	
ggc aag gtc cgc gca ctg gat aac gtg gtg ctg tgt gtc ggc ggt ggc			1747
Gly Lys Val Arg Ala Leu Asp Asn Val Val Leu Cys Val Gly Gly Gly			
535	540	545	
att ggc tca cct gag cgc gct gct gat tac gtc acc ggt tcc tgg tcc			1795

Ile Gly Ser Pro Glu Arg Ala Ala Asp Tyr Val Thr Gly Ser Trp Ser

550 555 560 565
act tcc tac ggc ctg cca gct atg cct gtt gat ggc atc ttg gtg ggt 1843
Thr Ser Tyr Gly Leu Pro Ala Met Pro Val Asp Gly Ile Leu Val Gly

570 575 580
acc gct gcg atg gca acc aag gaa gca acc acc tcc cag gcc gtc aag 1891
Thr Ala Ala Met Ala Thr Lys Glu Ala Thr Thr Ser Gln Ala Val Lys

585 590 595
gaa ctt ctt gtt tcc acc cag ggc tct gat gaa tgg gtt cct gct ggt 1939
Glu Leu Leu Val Ser Thr Gln Gly Ser Asp Glu Trp Val Pro Ala Gly

600 605 610
ggc gca aag aac gga atg gca tct ggc cgt tcc cag ctt ggc gca gac 1987
Gly Ala Lys Asn Gly Met Ala Ser Gly Arg Ser Gln Leu Gly Ala Asp

615 620 625
atc cac gag atc gac aac tcc ttt gct aag gct gga cgc ctt ctt gat 2035
Ile His Glu Ile Asp Asn Ser Phe Ala Lys Ala Gly Arg Leu Leu Asp

630 635 640 645
gag gtt gca ggc gat gag acg gct gtg cag gcg cgc cgg gat gag atc 2083
Glu Val Ala Gly Asp Glu Thr Ala Val Gln Ala Arg Arg Asp Glu Ile

650 655 660
att gaa gcg att ggc aag acc gcc aag gtg tac ttc ggt gac atc gga 2131
Ile Glu Ala Ile Gly Lys Thr Ala Lys Val Tyr Phe Gly Asp Ile Gly

665 670 675
tcc atg act tac gag cag tgg ctc aac cgc tac ctc gag ctg tct ggc 2179
Ser Met Thr Tyr Glu Gln Trp Leu Asn Arg Tyr Leu Glu Leu Ser Gly

680 685 690
cct gtt gat ggt cag tgg att gat gct tcc tgg gct gca cgt ttt gcc 2227
Pro Val Asp Gly Gln Trp Ile Asp Ala Ser Trp Ala Ala Arg Phe Ala

695 700 705
cag atg ctg gag cgt gcc gag gcg cgt ttg atc gag cag gat cat ggc 2275
Gln Met Leu Glu Arg Ala Glu Ala Arg Leu Ile Glu Gln Asp His Gly

710 715 720 725
caa ttt gag cca agc ctg acg gtg gag gat ggc gtc gac aag ctt gtt 2323
Gln Phe Glu Pro Ser Leu Thr Val Glu Asp Gly Val Asp Lys Leu Val

730 735 740
gct gct tac ccg cat gcc gca acc gac ctg ctc acc ccg gct gat gtc 2371
Ala Ala Tyr Pro His Ala Ala Thr Asp Leu Leu Thr Pro Ala Asp Val

745 750 755
gcc tgg ttc ttg ggc ctg tgc cgc acg ccg ggc aag cct gtg aac ttt 2419
Ala Trp Phe Leu Gly Leu Cys Arg Thr Pro Gly Lys Pro Val Asn Phe

760 765 770
gtg ccc gtc att gat aag gac gtg cgt cgc tgg tgg cgc tcg gac tcc 2467

Val Pro Val Ile Asp Lys Asp Val Arg Arg Trp Trp Arg Ser Asp Ser

775 780 785
ctg tgg cag tcc cac gat gat cgc tac acc gct gat cag gtg gct att 2515
Leu Trp Gln Ser His Asp Asp Arg Tyr Thr Ala Asp Gln Val Ala Ile

790 795 800 805
atc cct ggt gtc gtc gcc gtt gct ggc atc acc aag gcc aac gaa cct 2563
Ile Pro Gly Val Val Ala Val Ala Gly Ile Thr Lys Ala Asn Glu Pro

810 815 820
gtc gct gac ctg ctt gat cgc ttt gtc gac gcc acc atc gag cgc atc 2611
Val Ala Asp Leu Leu Asp Arg Phe Val Asp Ala Thr Ile Glu Arg Ile

825 830 835
gat gag cac gat tcc cgc tcc cgc gac atc atg ggc aaa gtg ctt tcc 2659
Asp Glu His Asp Ser Arg Ser Arg Asp Ile Met Gly Lys Val Leu Ser

840 845 850
tca cct ggc aca ttc tgg gct ggc cgc aac atc cca tcg gtg atc cac 2707
Ser Pro Gly Thr Phe Trp Ala Gly Arg Asn Ile Pro Ser Val Ile His

855 860 865
agc ctt ggg cat gct gac aag tgg tcc cgc tcc gaa ttc gaa gca ttc 2755
Ser Leu Gly His Ala Asp Lys Trp Ser Arg Ser Glu Phe Glu Ala Phe

870 875 880 885
cat agc cca acc ggc gcc aac ttg gtg tac gaa gac gcc gag cac gcg 2803
His Ser Pro Thr Gly Ala Asn Leu Val Tyr Glu Asp Ala Glu His Ala

890 895 900
atg ctg act gtg cct ttg gcg ggt tcc acc gca ttc ggc acc acc gct 2851
Met Leu Thr Val Pro Leu Ala Gly Ser Thr Ala Phe Gly Thr Thr Ala

905 910 915
gag ctg aaa atc cgt ttc acc agc ccc atc gac gct ctg cca agc gct 2899
Glu Leu Lys Ile Arg Phe Thr Ser Pro Ile Asp Ala Leu Pro Ser Ala

920 925 930
gtc cca ctg gtc acc cag gaa gac gct gaa gcc gcg atg ggt gaa ctg 2947
Val Pro Leu Val Thr Gln Glu Asp Ala Glu Ala Ala Met Gly Glu Leu

935 940 945
acc cgc atc gca gct ggc ggc acc ctg gca act gtg aac aat ggc acc 2995
Thr Arg Ile Ala Ala Gly Gly Thr Leu Ala Thr Val Asn Asn Gly Thr

950 955 960 965
gct acc tgg gaa acc tcc gtc gat gcc ggc gtc atc gct gac tac aac 3043
Ala Thr Trp Glu Thr Ser Val Asp Ala Gly Val Ile Ala Asp Tyr Asn

970 975 980
aac gtc acc gca ggc tac ctg cca gca tcc gtt gtt cct gca cac acc 3091
Asn Val Thr Ala Gly Tyr Leu Pro Ala Ser Val Val Pro Ala His Thr

985 990 995
gca cct gac gtg ctg gtt ggc cgc gca tgg cca gca gtt ttc gct gcc 3139

Ala Pro Asp Val Leu Val Gly Arg Ala Trp Pro Ala Val Phe Ala Ala

1000 1005 1010
gta aag tcc gca gtc atc cca ggc acc gat tcc gca tcc gtt gtg gaa 3187
Val Lys Ser Ala Val Ile Pro Gly Thr Asp Ser Ala Ser Val Val Glu

1015 1020 1025
ggc atg ctg tcc ctg gtt cac ctg gag cac cac att gtg ctc aag tcc 3235
Gly Met Leu Ser Leu Val His Leu Glu His His Ile Val Leu Lys Ser

1030 1035 1040 1045
gat gtc cca acc gac ggc gcg ctg aag gtt tcc gcg act gcc gat gag 3283
Asp Val Pro Thr Asp Gly Ala Leu Lys Val Ser Ala Thr Ala Asp Glu

1050 1055 1060
gta gtc gat acc gac ctg ggt cgc ctc gtg atc gtg cgc gca gaa atc 3331
Val Val Asp Thr Asp Leu Gly Arg Leu Val Ile Val Arg Ala Glu Ile

1065 1070 1075
gcc gac gca gaa ggc aac ctg att gct acg ttg gct gag cgt ttc gcg 3379
Ala Asp Ala Glu Gly Asn Leu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Arg Phe Ala

1080 1085 1090
atc cgc gga cgc aag ggc aac gct gtc gca cgc acc aac acc tcc gca 3427
Ile Arg Gly Arg Lys Gly Asn Ala Val Ala Arg Thr Asn Thr Ser Ala

1095 1100 1105
ctg cca acc acc gtg gac acc cca cgc tca gct cgc gca gtg gca acc 3475
Leu Pro Thr Thr Val Asp Thr Pro Arg Ser Ala Arg Ala Val Ala Thr

1110 1115 1120 1125
gtt gtt gca cct gaa tcc atg cgc cca ttc gct gtg atc tcc ggt gac 3523
Val Val Ala Pro Glu Ser Met Arg Pro Phe Ala Val Ile Ser Gly Asp

1130 1135 1140
cgc aac cca att cac gtc tct gat gtt gcg gct tcc ctg gct ggt ctg 3571
Arg Asn Pro Ile His Val Ser Asp Val Ala Ala Ser Leu Ala Gly Leu

1145 1150 1155
cca ggt gtg atc gtg cac ggc atg tgg acc tct gcc atc ggt gaa ctg 3619
Pro Gly Val Ile Val His Gly Met Trp Thr Ser Ala Ile Gly Glu Leu

1160 1165 1170
atc gcc ggt gca gca ttc aac gat gag cag atc caa act ccc gca gcc 3667
Ile Ala Gly Ala Ala Phe Asn Asp Glu Gln Ile Gln Thr Pro Ala Ala

1175 1180 1185
aag gtc gtg gaa tac acc gca acc atg ctg gca cca gtt ctt cca ggt 3715
Lys Val Val Glu Tyr Thr Ala Thr Met Leu Ala Pro Val Leu Pro Gly

1190 1195 1200 1205
gaa gaa att gag ttc agc gtt gag cgc tcc gca gtg gac aac cgc cca 3763
Glu Glu Ile Glu Phe Ser Val Glu Arg Ser Ala Val Asp Asn Arg Pro

1210 1215 1220
gga atg gga gag gtc cgc acc gtt acc gca acc gtc aac ggc aac tta 3811

Gly Met Gly Glu Val Arg Thr Val Thr Ala Thr Val Asn Gly Asn Leu

1225 1230 1235
gtg ctt acc gcc acc gct gtt gtg gca gct cca tct act ttc tac gca 3859
Val Leu Thr Ala Thr Ala Val Val Ala Ala Pro Ser Thr Phe Tyr Ala

1240 1245 1250
ttc cca ggc cag ggc att cag tcc cag ggc atg ggt atg gaa gca cgc 3907
Phe Pro Gly Gln Gly Ile Gln Ser Gln Gly Met Gly Met Glu Ala Arg

1255 1260 1265
cgt aac tct cag gca gct cgc gct atc tgg gac cgc gcc gat gca cac 3955
Arg Asn Ser Gln Ala Ala Arg Ala Ile Trp Asp Arg Ala Asp Ala His

1270 1275 1280 1285
acc cgc aat aag ctg ggc ttc tcc atc gtg gaa atc gtg gaa aac aac 4003
Thr Arg Asn Lys Leu Gly Phe Ser Ile Val Glu Ile Val Glu Asn Asn

1290 1295 1300
cca cgc gaa gta acc gtg gca ggg gag aag ttc ttc cac cca gac ggc 4051
Pro Arg Glu Val Thr Val Ala Gly Glu Lys Phe Phe His Pro Asp Gly

1305 1310 1315
gtt ttg tac ctc acc cag ttc acc cag gtg ggc atg gca act ctg ggc 4099
Val Leu Tyr Leu Thr Gln Phe Thr Gln Val Gly Met Ala Thr Leu Gly

1320 1325 1330
gtt gct cag atc gct gaa atg cgt gaa gca cat gcc ttg aac cag cgt 4147
Val Ala Gln Ile Ala Glu Met Arg Glu Ala His Ala Leu Asn Gln Arg

1335 1340 1345
gca tac ttt gct gga cac tcc gtt ggt gag tac aac gcg ctt gct gca 4195
Ala Tyr Phe Ala Gly His Ser Val Gly Glu Tyr Asn Ala Leu Ala Ala

1350 1355 1360 1365
tat gct ggt gtg ctg tcc ctg gaa tcc gtt ctg gag atc gtt tac cgt 4243
Tyr Ala Gly Val Leu Ser Leu Glu Ser Val Leu Glu Ile Val Tyr Arg

1370 1375 1380
cgt ggc ttg acc atg cac cgc ttg gtg gat cgc gat gaa aac ggt ctg 4291
Arg Gly Leu Thr Met His Arg Leu Val Asp Arg Asp Glu Asn Gly Leu

1385 1390 1395
tcc aac tac gcg ctc gca gct ctt cgc ccc aac aag atg ggt ctg acc 4339
Ser Asn Tyr Ala Leu Ala Ala Leu Arg Pro Asn Lys Met Gly Leu Thr

1400 1405 1410
gca gac aac gtt ttc gat tac gtt gcg tct gtt tcc gaa gct tcc ggt 4387
Ala Asp Asn Val Phe Asp Tyr Val Ala Ser Val Ser Glu Ala Ser Gly

1415 1420 1425
gaa ttc ctg gag atc gtt aac tac aac ttg gct ggc ctg cag tac gca 4435
Glu Phe Leu Glu Ile Val Asn Tyr Asn Leu Ala Gly Leu Gln Tyr Ala

1430 1435 1440 1445

gtt gct gga acc cag gct ggt ctt gcc gcc ctt cgt gcc gat gtt gag 4483
Val Ala Gly Thr Gln Ala Gly Leu Ala Ala Leu Arg Ala Asp Val Glu

1450 1455 1460
aac cgt gca cca ggt cag cgt gcc ttc att ttg atc cct ggc att gac 4531
Asn Arg Ala Pro Gly Gln Arg Ala Phe Ile Leu Ile Pro Gly Ile Asp

1465 1470 1475
gtg cca ttc cac tcc tcc aag ctg cgc gac ggt gtg ggc gcg ttc cgt 4579
Val Pro Phe His Ser Ser Lys Leu Arg Asp Gly Val Gly Ala Phe Arg

1480 1485 1490
gag cac ctt gat tcc ctg atc cca gct gag ctg gat ctg gat gtg ctg 4627
Glu His Leu Asp Ser Leu Ile Pro Ala Glu Leu Asp Leu Asp Val Leu

1495 1500 1505
gtt ggc cgc tac att cca aac ttg gtg gct cgc cca ttc gaa ctc act 4675
Val Gly Arg Tyr Ile Pro Asn Leu Val Ala Arg Pro Phe Glu Leu Thr

1510 1515 1520 1525
gaa gag ttc gtg gca tcc atg gca gaa gtg gtg gag tcc acc tat gtc 4723
Glu Glu Phe Val Ala Ser Met Ala Glu Val Val Glu Ser Thr Tyr Val

1530 1535 1540
aat gag atc ttg gct gat ttc aag gct gct tcc gcc gat aag cag aag 4771
Asn Glu Ile Leu Ala Asp Phe Lys Ala Ala Ser Ala Asp Lys Gln Lys

1545 1550 1555
ctt gcc cgc acg ttg ctt att gag ctg ctt gca tgg cag ttc gca tca 4819
Leu Ala Arg Thr Leu Leu Ile Glu Leu Leu Ala Trp Gln Phe Ala Ser

1560 1565 1570
cct gtg cgc tgg atc gag act cag gat ctg ttg atc aag ggc ctt caa 4867
Pro Val Arg Trp Ile Glu Thr Gln Asp Leu Leu Ile Lys Gly Leu Gln

1575 1580 1585
gct gag cgt ttc gtg gag gtc ggt gtt ggc tct gct cca acg ctt gcc 4915
Ala Glu Arg Phe Val Glu Val Gly Val Gly Ser Ala Pro Thr Leu Ala

1590 1595 1600 1605
aac atg atg ggc cag acc ctg cgc ctt cct cag tac gcg gac gcc acc 4963
Asn Met Met Gly Gln Thr Leu Arg Leu Pro Gln Tyr Ala Asp Ala Thr

1610 1615 1620
att gag gtg tta aac att gag cgc gat cgc cca gtt gtg ttc gct acc 5011
Ile Glu Val Leu Asn Ile Glu Arg Asp Arg Pro Val Val Phe Ala Thr

1625 1630 1635
gat gag gtt gtg cgt gaa gtg gcg gtt gaa gag acc cca gca gct cct 5059
Asp Glu Val Val Arg Glu Val Ala Val Glu Glu Thr Pro Ala Ala Pro

1640 1645 1650
gca gaa acc act gaa acc cca gca acc cca gca acc cca gcc cct gtt 5107
Ala Glu Thr Thr Glu Thr Pro Ala Thr Pro Ala Thr Pro Ala Pro Val

1655 1660 1665

gca gct gca gcc cct gcc acc ggc ggc cct cgc cca gat gac atc agc 5155
Ala Ala Ala Ala Pro Ala Thr Gly Gly Pro Arg Pro Asp Asp Ile Ser

1670 1675 1680 1685
ttc act cct tct gat gcc act gaa atg ctc atc gct atc tgg acc aag 5203
Phe Thr Pro Ser Asp Ala Thr Glu Met Leu Ile Ala Ile Trp Thr Lys

1690 1695 1700
gtt cgc cca gat cag atg ggt gcc act gat tcc atc gag acc ctg gtt 5251
Val Arg Pro Asp Gln Met Gly Ala Thr Asp Ser Ile Glu Thr Leu Val

1705 1710 1715
gag ggc gtg tcc tct cgc cgt aac cag ctc ctg ctg gat ctt ggt gtg 5299
Glu Gly Val Ser Ser Arg Arg Asn Gln Leu Leu Leu Asp Leu Gly Val

1720 1725 1730
gag ttc ggc ctc ggc gca att gac gga gca gcc gat gct gag ctc ggt 5347
Glu Phe Gly Leu Gly Ala Ile Asp Gly Ala Ala Asp Ala Glu Leu Gly

1735 1740 1745
gat cta aag gtc acc gtg tcc aag atg gct aag ggc tac aag gcg ttt 5395
Asp Leu Lys Val Thr Val Ser Lys Met Ala Lys Gly Tyr Lys Ala Phe

1750 1755 1760 1765
ggc cct gtg ctc tcc gat gct gca gct gat gcc ctg cgt cgc ctc act 5443
Gly Pro Val Leu Ser Asp Ala Ala Ala Asp Ala Leu Arg Arg Leu Thr

1770 1775 1780
ggc cct acc ggt aag cgc ccg gga tac atc gca gag cgc gtc acc ggc 5491
Gly Pro Thr Gly Lys Arg Pro Gly Tyr Ile Ala Glu Arg Val Thr Gly

1785 1790 1795
acg tgg gaa ttg ggc cag ggc tgg gct gac cac gtg gtc gct gaa gtt 5539
Thr Trp Glu Leu Gly Gln Gly Trp Ala Asp His Val Val Ala Glu Val

1800 1805 1810
gtg atc ggc gcc cgc gaa ggc gca tcc ctg cgc ggc ggc gac ctg gcg 5587
Val Ile Gly Ala Arg Glu Gly Ala Ser Leu Arg Gly Gly Asp Leu Ala

1815 1820 1825
tca ctg tct cct gca agc cca cgc tct gca tca gat ctt gat tcg ctt 5635
Ser Leu Ser Pro Ala Ser Pro Ala Ser Ala Ser Asp Leu Asp Ser Leu

1830 1835 1840 1845
atc gac gca gcc gtc cag gcc gta gcc tcc cgc cgc ggc gtt gcg gtc 5683
Ile Asp Ala Ala Val Gln Ala Val Ala Ser Arg Arg Gly Val Ala Val

1850 1855 1860
tcc ctg cct tca gca ggc ggc gct gcc ggt ggc gtg gtt gat tcc gca 5731
Ser Leu Pro Ser Ala Gly Gly Ala Ala Gly Gly Val Val Asp Ser Ala

1865 1870 1875
gct ctt ggc gag ttt gca gag cag gtc acc gga cac gat ggt gtg ctt 5779
Ala Leu Gly Glu Phe Ala Glu Gln Val Thr Gly His Asp Gly Val Leu

1880 1885 1890

gct cag gca gcc cgc acc atc ttg acc cag ttg ggt ctt gat aag cca 5827
Ala Gln Ala Ala Arg Thr Ile Leu Thr Gln Leu Gly Leu Asp Lys Pro

1895 1900 1905
gca acc gtt tcc gtg gaa gac acc gca gag gaa gac ctc tac gag ttg 5875
Ala Thr Val Ser Val Glu Asp Thr Ala Glu Glu Asp Leu Tyr Glu Leu

1910 1915 1920 1925
gtc tcc aag gaa ctc ggt tct gat tgg cca cgt cag gtt gca cca agc 5923
Val Ser Lys Glu Leu Gly Ser Asp Trp Pro Arg Gln Val Ala Pro Ser

1930 1935 1940
ttc gat gaa gaa aag gtt gtt ctg ctt gat gac cgt tgg gct tct gcg 5971
Phe Asp Glu Glu Lys Val Val Leu Leu Asp Asp Arg Trp Ala Ser Ala

1945 1950 1955
cgt gag gat ctc tcc gcg ttg ctc ttg gcg aac tcg cag caa ctg ata 6019
Arg Glu Asp Leu Ser Ala Leu Leu Leu Ala Asn Ser Gln Gln Leu Ile

1960 1965 1970
tcg atg tca cag gcg cag gcg aag ctg ttg cag cac aag ctg aat tct 6067
Ser Met Ser Gln Ala Gln Ala Lys Leu Leu Gln His Lys Leu Asn Ser

1975 1980 1985
ttg gac ttg atg atc tcg cag cta ggc tcg cga aca aag ctt ctt gga 6115
Leu Asp Leu Met Ile Ser Gln Leu Gly Ser Arg Thr Lys Leu Leu Gly

1990 1995 2000 2005
cta cgc cga caa tgt tgc ggc 6136
Leu Arg Arg Gln Cys Cys Gly

2010

<210> 50
<211> 2012
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

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

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

Glu Leu Leu Glu Thr His Ile Ala Gln Leu Thr Asp Met Leu Glu Pro
 405 410 415
 Gly Ile Asn Ala Gln Phe Asn Ser Met Phe Leu Asp Pro Tyr Leu Trp
 420 425 430
 Lys Met Gln Ile Gly Gly Lys Arg Leu Val Pro Lys Ala Arg Ala Asn
 435 440 445
 Gly Ala Ser Ile Asp Gly Ile Val Ile Thr Ala Gly Ile Pro Glu Lys
 450 455 460
 Asp Glu Ala Val Ala Leu Val Lys Glu Leu Met Arg Asp Gly Phe Pro
 465 470 475 480
 Trp Ile Ala Phe Lys Pro Gly Ala Ile Lys Gln Val Asn Ser Val Leu
 485 490 495
 Ala Ile Ala Lys Glu Val Pro Glu Leu Pro Ile Ile Ile Gln Ile Glu
 500 505 510
 Gly Gly Val Ala Gly Gly His His Ser Trp Glu Asp Leu Asp Glu Leu
 515 520 525
 Leu Ile Ala Thr Tyr Gly Lys Val Arg Ala Leu Asp Asn Val Val Leu
 530 535 540
 Cys Val Gly Gly Gly Ile Gly Ser Pro Glu Arg Ala Ala Asp Tyr Val
 545 550 555 560
 Thr Gly Ser Trp Ser Thr Ser Tyr Gly Leu Pro Ala Met Pro Val Asp
 565 570 575
 Gly Ile Leu Val Gly Thr Ala Ala Met Ala Thr Lys Glu Ala Thr Thr
 580 585 590
 Ser Gln Ala Val Lys Glu Leu Leu Val Ser Thr Gln Gly Ser Asp Glu
 595 600 605
 Trp Val Pro Ala Gly Gly Ala Lys Asn Gly Met Ala Ser Gly Arg Ser
 610 615 620
 Gln Leu Gly Ala Asp Ile His Glu Ile Asp Asn Ser Phe Ala Lys Ala
 625 630 635 640
 Gly Arg Leu Leu Asp Glu Val Ala Gly Asp Glu Thr Ala Val Gln Ala
 645 650 655
 Arg Arg Asp Glu Ile Ile Glu Ala Ile Gly Lys Thr Ala Lys Val Tyr
 660 665 670
 Phe Gly Asp Ile Gly Ser Met Thr Tyr Glu Gln Trp Leu Asn Arg Tyr
 675 680 685
 Leu Glu Leu Ser Gly Pro Val Asp Gly Gln Trp Ile Asp Ala Ser Trp
 690 695 700
 Ala Ala Arg Phe Ala Gln Met Leu Glu Arg Ala Glu Ala Arg Leu Ile

705	710	715	720
Glu Gln Asp His Gly Gln Phe Glu Pro Ser Leu Thr Val Glu Asp Gly	725	730	735
Val Asp Lys Leu Val Ala Ala Tyr Pro His Ala Ala Thr Asp Leu Leu	740	745	750
Thr Pro Ala Asp Val Ala Trp Phe Leu Gly Leu Cys Arg Thr Pro Gly	755	760	765
Lys Pro Val Asn Phe Val Pro Val Ile Asp Lys Asp Val Arg Arg Trp	770	775	780
Trp Arg Ser Asp Ser Leu Trp Gln Ser His Asp Asp Arg Tyr Thr Ala	785	790	795
Asp Gln Val Ala Ile Ile Pro Gly Val Val Ala Val Ala Gly Ile Thr	805	810	815
Lys Ala Asn Glu Pro Val Ala Asp Leu Leu Asp Arg Phe Val Asp Ala	820	825	830
Thr Ile Glu Arg Ile Asp Glu His Asp Ser Arg Ser Arg Asp Ile Met	835	840	845
Gly Lys Val Leu Ser Ser Pro Gly Thr Phe Trp Ala Gly Arg Asn Ile	850	855	860
Pro Ser Val Ile His Ser Leu Gly His Ala Asp Lys Trp Ser Arg Ser	865	870	875
Glu Phe Glu Ala Phe His Ser Pro Thr Gly Ala Asn Leu Val Tyr Glu	885	890	895
Asp Ala Glu His Ala Met Leu Thr Val Pro Leu Ala Gly Ser Thr Ala	900	905	910
Phe Gly Thr Thr Ala Glu Leu Lys Ile Arg Phe Thr Ser Pro Ile Asp	915	920	925
Ala Leu Pro Ser Ala Val Pro Leu Val Thr Gln Glu Asp Ala Glu Ala	930	935	940
Ala Met Gly Glu Leu Thr Arg Ile Ala Ala Gly Gly Thr Leu Ala Thr	945	950	955
Val Asn Asn Gly Thr Ala Thr Trp Glu Thr Ser Val Asp Ala Gly Val	965	970	975
Ile Ala Asp Tyr Asn Asn Val Thr Ala Gly Tyr Leu Pro Ala Ser Val	980	985	990
Val Pro Ala His Thr Ala Pro Asp Val Leu Val Gly Arg Ala Trp Pro	995	1000	1005
Ala Val Phe Ala Ala Val Lys Ser Ala Val Ile Pro Gly Thr Asp Ser	1010	1015	1020

Ala	Ser	Val	Val	Glu	Gly	Met	Leu	Ser	Leu	Val	His	Leu	Glu	His	His
1025					1030					1035					1040
Ile	Val	Leu	Lys	Ser	Asp	Val	Pro	Thr	Asp	Gly	Ala	Leu	Lys	Val	Ser
				1045					1050					1055	
Ala	Thr	Ala	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Thr	Asp	Leu	Gly	Arg	Leu	Val	Ile
			1060					1065					1070		
Val	Arg	Ala	Glu	Ile	Ala	Asp	Ala	Glu	Gly	Asn	Leu	Ile	Ala	Thr	Leu
		1075					1080					1085			
Ala	Glu	Arg	Phe	Ala	Ile	Arg	Gly	Arg	Lys	Gly	Asn	Ala	Val	Ala	Arg
	1090					1095					1100				
Thr	Asn	Thr	Ser	Ala	Leu	Pro	Thr	Thr	Val	Asp	Thr	Pro	Arg	Ser	Ala
1105					1110					1115					1120
Arg	Ala	Val	Ala	Thr	Val	Val	Ala	Pro	Glu	Ser	Met	Arg	Pro	Phe	Ala
				1125					1130					1135	
Val	Ile	Ser	Gly	Asp	Arg	Asn	Pro	Ile	His	Val	Ser	Asp	Val	Ala	Ala
			1140					1145					1150		
Ser	Leu	Ala	Gly	Leu	Pro	Gly	Val	Ile	Val	His	Gly	Met	Trp	Thr	Ser
		1155					1160					1165			
Ala	Ile	Gly	Glu	Leu	Ile	Ala	Gly	Ala	Ala	Phe	Asn	Asp	Glu	Gln	Ile
	1170					1175					1180				
Gln	Thr	Pro	Ala	Ala	Lys	Val	Val	Glu	Tyr	Thr	Ala	Thr	Met	Leu	Ala
1185					1190					1195					1200
Pro	Val	Leu	Pro	Gly	Glu	Glu	Ile	Glu	Phe	Ser	Val	Glu	Arg	Ser	Ala
				1205					1210					1215	
Val	Asp	Asn	Arg	Pro	Gly	Met	Gly	Glu	Val	Arg	Thr	Val	Thr	Ala	Thr
			1220					1225						1230	
Val	Asn	Gly	Asn	Leu	Val	Leu	Thr	Ala	Thr	Ala	Val	Val	Ala	Ala	Pro
		1235					1240					1245			
Ser	Thr	Phe	Tyr	Ala	Phe	Pro	Gly	Gln	Gly	Ile	Gln	Ser	Gln	Gly	Met
	1250					1255					1260				
Gly	Met	Glu	Ala	Arg	Arg	Asn	Ser	Gln	Ala	Ala	Arg	Ala	Ile	Trp	Asp
1265					1270					1275					1280
Arg	Ala	Asp	Ala	His	Thr	Arg	Asn	Lys	Leu	Gly	Phe	Ser	Ile	Val	Glu
				1285					1290					1295	
Ile	Val	Glu	Asn	Asn	Pro	Arg	Glu	Val	Thr	Val	Ala	Gly	Glu	Lys	Phe
			1300					1305					1310		
Phe	His	Pro	Asp	Gly	Val	Leu	Tyr	Leu	Thr	Gln	Phe	Thr	Gln	Val	Gly
		1315					1320					1325			
Met	Ala	Thr	Leu	Gly	Val	Ala	Gln	Ile	Ala	Glu	Met	Arg	Glu	Ala	His

1330	1335	1340	
Ala Leu Asn Gln Arg	Ala Tyr Phe Ala Gly His	Ser Val Gly Glu Tyr	
1345	1350	1355	1360
Asn Ala Leu Ala Ala	Tyr Ala Gly Val Leu	Ser Leu Glu Ser Val	Leu
	1365	1370	1375
Glu Ile Val Tyr	Arg Arg Gly Leu Thr	Met His Arg Leu Val	Asp Arg
	1380	1385	1390
Asp Glu Asn Gly Leu Ser	Asn Tyr Ala Leu Ala Ala	Leu Arg Pro Asn	
	1395	1400	1405
Lys Met Gly Leu Thr	Ala Asp Asn Val Phe	Asp Tyr Val Ala Ser	Val
	1410	1415	1420
Ser Glu Ala Ser Gly Glu	Phe Leu Glu Ile Val	Asn Tyr Asn Leu Ala	
	1425	1430	1435
Gly Leu Gln Tyr Ala	Val Ala Gly Thr Gln	Ala Gly Leu Ala Ala	Leu
	1445	1450	1455
Arg Ala Asp Val	Glu Asn Arg Ala Pro	Gly Gln Arg Ala Phe	Ile Leu
	1460	1465	1470
Ile Pro Gly Ile Asp	Val Pro Phe His Ser	Ser Lys Leu Arg	Asp Gly
	1475	1480	1485
Val Gly Ala Phe Arg	Glu His Leu Asp Ser	Leu Ile Pro Ala Glu	Leu
	1490	1495	1500
Asp Leu Asp Val Leu	Val Gly Arg Tyr Ile	Pro Asn Leu Val Ala	Arg
	1505	1510	1515
Pro Phe Glu Leu Thr	Glu Glu Phe Val Ala	Ser Met Ala Glu Val	Val
	1525	1530	1535
Glu Ser Thr Tyr	Val Asn Glu Ile Leu	Ala Asp Phe Lys Ala	Ala Ser
	1540	1545	1550
Ala Asp Lys Gln Lys	Leu Ala Arg Thr	Leu Leu Ile Glu	Leu Leu Ala
	1555	1560	1565
Trp Gln Phe Ala Ser	Pro Val Arg Trp Ile	Glu Thr Gln Asp Leu	Leu
	1570	1575	1580
Ile Lys Gly Leu Gln	Ala Glu Arg Phe Val	Glu Val Gly Val Gly	Ser
	1585	1590	1595
Ala Pro Thr Leu Ala	Asn Met Met Gly Gln	Thr Leu Arg Leu Pro	Gln
	1605	1610	1615
Tyr Ala Asp Ala Thr	Ile Glu Val Leu Asn	Ile Glu Arg Asp	Arg Pro
	1620	1625	1630
Val Val Phe Ala Thr	Asp Glu Val Val Arg	Glu Val Ala Val Glu	Glu
	1635	1640	1645

Thr Pro Ala Ala Pro Ala Glu Thr Thr Glu Thr Pro Ala Thr Pro Ala
1650 1655 1660

Thr Pro Ala Pro Val Ala Ala Ala Ala Pro Ala Thr Gly Gly Pro Arg
1665 1670 1675 1680

Pro Asp Asp Ile Ser Phe Thr Pro Ser Asp Ala Thr Glu Met Leu Ile
1685 1690 1695

Ala Ile Trp Thr Lys Val Arg Pro Asp Gln Met Gly Ala Thr Asp Ser
1700 1705 1710

Ile Glu Thr Leu Val Glu Gly Val Ser Ser Arg Arg Asn Gln Leu Leu
1715 1720 1725

Leu Asp Leu Gly Val Glu Phe Gly Leu Gly Ala Ile Asp Gly Ala Ala
1730 1735 1740

Asp Ala Glu Leu Gly Asp Leu Lys Val Thr Val Ser Lys Met Ala Lys
1745 1750 1755 1760

Gly Tyr Lys Ala Phe Gly Pro Val Leu Ser Asp Ala Ala Ala Asp Ala
1765 1770 1775

Leu Arg Arg Leu Thr Gly Pro Thr Gly Lys Arg Pro Gly Tyr Ile Ala
1780 1785 1790

Glu Arg Val Thr Gly Thr Trp Glu Leu Gly Gln Gly Trp Ala Asp His
1795 1800 1805

Val Val Ala Glu Val Val Ile Gly Ala Arg Glu Gly Ala Ser Leu Arg
1810 1815 1820

Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Ser Pro Ala Ser Pro Ala Ser Ala Ser
1825 1830 1835 1840

Asp Leu Asp Ser Leu Ile Asp Ala Ala Val Gln Ala Val Ala Ser Arg
1845 1850 1855

Arg Gly Val Ala Val Ser Leu Pro Ser Ala Gly Gly Ala Ala Gly Gly
1860 1865 1870

Val Val Asp Ser Ala Ala Leu Gly Glu Phe Ala Glu Gln Val Thr Gly
1875 1880 1885

His Asp Gly Val Leu Ala Gln Ala Ala Arg Thr Ile Leu Thr Gln Leu
1890 1895 1900

Gly Leu Asp Lys Pro Ala Thr Val Ser Val Glu Asp Thr Ala Glu Glu
1905 1910 1915 1920

Asp Leu Tyr Glu Leu Val Ser Lys Glu Leu Gly Ser Asp Trp Pro Arg
1925 1930 1935

Gln Val Ala Pro Ser Phe Asp Glu Glu Lys Val Val Leu Leu Asp Asp
1940 1945 1950

Arg Trp Ala Ser Ala Arg Glu Asp Leu Ser Ala Leu Leu Leu Ala Asn

1955 1960 1965

Ser Gln Gln Leu Ile Ser Met Ser Gln Ala Gln Ala Lys Leu Leu Gln
1970 1975 1980

His Lys Leu Asn Ser Leu Asp Leu Met Ile Ser Gln Leu Gly Ser Arg
1985 1990 1995 2000

Thr Lys Leu Leu Gly Leu Arg Arg Gln Cys Cys Gly
2005 2010

<210> 51
<211> 2185
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2185)
<223> FRXA00158

<400> 51
cgtgccattt tctttacaaa agagtattaa ccgaaacttc aggtcaggat ccacgccctg 60
cgttcatccc ggctaagtta tacaaggagc gagttctcac gtg acc gaa ttg agc 115
Val Thr Glu Leu Ser

1 5
agg aac ttc ggg gcc agc cga ctg att aac cgc ttt ggc cag gag cct 163
Arg Asn Phe Gly Ala Ser Arg Leu Ile Asn Arg Phe Gly Gln Glu Pro

10 15 20
ttt gcc ttc gct ttc gcc ggc caa gga tat gac tgg ttg aag acc ctt 211
Phe Ala Phe Ala Phe Ala Gly Gln Gly Tyr Asp Trp Leu Lys Thr Leu

25 30 35
cgt gcc gcg gtt gcc gca ggt gca ggc acc aat gtt agt gac atc gtc 259
Arg Ala Ala Val Ala Ala Gly Ala Gly Thr Asn Val Ser Asp Ile Val

40 45 50
gag cgc gca aat gcg ctg ctt gca cta gtt gca gat gat ctc att ggc 307
Glu Arg Ala Asn Ala Leu Leu Ala Leu Val Ala Asp Asp Leu Ile Gly

55 60 65
acc ctt cca ttt ggt ttc gat cca gtg gct tgg gct aac aac tcc gaa 355
Thr Leu Pro Phe Gly Phe Asp Pro Val Ala Trp Ala Asn Asn Ser Glu

70 75 80 85
gat cca gct ttc gat act gca caa tct gca gtg agc gtg ccg ggt atc 403
Asp Pro Ala Phe Asp Thr Ala Gln Ser Ala Val Ser Val Pro Gly Ile

90 95 100
ttt gtc tcc cag atc gca acc ctg gat tcc ctt gag gcg cag cgc ctt 451
Phe Val Ser Gln Ile Ala Thr Leu Asp Ser Leu Glu Ala Gln Arg Leu

105 110 115

gat gtg gat cag gct gtg tcc agc att ggt cat tcc cag ggc gta ttg	499
Asp Val Asp Gln Ala Val Ser Ser Ile Gly His Ser Gln Gly Val Leu	
120 125 130	
ggc gtg cac ctg ctc aat gat gcg act cgt gct gat gaa ctc gtt gcc	547
Gly Val His Leu Leu Asn Asp Ala Thr Arg Ala Asp Glu Leu Val Ala	
135 140 145	
att gcg cag ttg atc ggt gca gcg atc acc cgc acc gca cgc atg acg	595
Ile Ala Gln Leu Ile Gly Ala Ala Ile Thr Arg Thr Ala Arg Met Thr	
150 155 160 165	
ggc ctg atc gcg cag ggc gac aac atg ccg atg ctg tcg atc gcc gga	643
Gly Leu Ile Ala Gln Gly Asp Asn Met Pro Met Leu Ser Ile Ala Gly	
170 175 180	
att tcc cgc gaa cag ctt cag caa gct atc gac gcg gcc tgc gcc gaa	691
Ile Ser Arg Glu Gln Leu Gln Gln Ala Ile Asp Ala Ala Cys Ala Glu	
185 190 195	
gtc cct gcg gag atc cgc ccg gtt atc ggt ctg cgc aac tca cgc gat	739
Val Pro Ala Glu Ile Arg Pro Val Ile Gly Leu Arg Asn Ser Arg Asp	
200 205 210	
tct tat gtt ttg gtt ggc cgc cca gac gac aac gct cgc gtt gtt aag	787
Ser Tyr Val Leu Val Gly Arg Pro Asp Asp Asn Ala Arg Val Val Lys	
215 220 225	
gtc att gag gca atg gct gcc aag gat aag aag gcc att gaa gat aag	835
Val Ile Glu Ala Met Ala Ala Lys Asp Lys Lys Ala Ile Glu Asp Lys	
230 235 240 245	
ctg cgc ggc ggt tcc gcg ttc agc ccc cgt att act ccg ctg aag gtg	883
Leu Arg Gly Gly Ser Ala Phe Ser Pro Arg Ile Thr Pro Leu Lys Val	
250 255 260	
cag gct gct ttc cat cac cca gct atg aac atg gct gtg gag cag acc	931
Gln Ala Ala Phe His His Pro Ala Met Asn Met Ala Val Glu Gln Thr	
265 270 275	
gtg gcg tgg gca acc act gct ggt ttg gat gtg gaa ctc acc cgc gag	979
Val Ala Trp Ala Thr Thr Ala Gly Leu Asp Val Glu Leu Thr Arg Glu	
280 285 290	
atc gcc gct gat gtt ttg gtt aac cct gtc gat tgg gta gca cgc gtc	1027
Ile Ala Ala Asp Val Leu Val Asn Pro Val Asp Trp Val Ala Arg Val	
295 300 305	
aac gaa gcg tat gag gct ggc gct cgc tgg ttc ctc gac gtt gga cca	1075
Asn Glu Ala Tyr Glu Ala Gly Ala Arg Trp Phe Leu Asp Val Gly Pro	
310 315 320 325	
gat ggt ggc atc gtt aag ctg act gcc aac atc ctt gag ggc cgc ggc	1123
Asp Gly Gly Ile Val Lys Leu Thr Ala Asn Ile Leu Glu Gly Arg Gly	
330 335 340	

gcg gat tcc ttc tat gtt ggt gac gcc gca ggc cag gcc aag ata ttt	1171
Ala Asp Ser Phe Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gly Gln Ala Lys Ile Phe	
345 350 355	
gat gct ggc atg gca cct gaa ctt cca gtg gat tac cag gag ttc gca	1219
Asp Ala Gly Met Ala Pro Glu Leu Pro Val Asp Tyr Gln Glu Phe Ala	
360 365 370	
cca cgc gtt gag cac gtt gat gga acc cca cgc ctg gtt acc aag ttc	1267
Pro Arg Val Glu His Val Asp Gly Thr Pro Arg Leu Val Thr Lys Phe	
375 380 385	
act gag ctg acc ggc cgc acc cca atg atg ctg gct ggc atg acc cca	1315
Thr Glu Leu Thr Gly Arg Thr Pro Met Met Leu Ala Gly Met Thr Pro	
390 395 400 405	
acc acc gtt gac cct gcc att gtt gca gcc gct gca aac ggt gga cac	1363
Thr Thr Val Asp Pro Ala Ile Val Ala Ala Ala Ala Asn Gly Gly His	
410 415 420	
tgg gct gag ctc gct ggt ggc gga cag gtt acc cca gag ctg ctg gaa	1411
Trp Ala Glu Leu Ala Gly Gly Gly Gln Val Thr Pro Glu Leu Leu Glu	
425 430 435	
acc cac atc gca cag ctc acc gac atg ctt gag cca ggt atc aac gcc	1459
Thr His Ile Ala Gln Leu Thr Asp Met Leu Glu Pro Gly Ile Asn Ala	
440 445 450	
cag ttc aac tcc atg ttc ttg gat cca tac ctg tgg aag atg cag att	1507
Gln Phe Asn Ser Met Phe Leu Asp Pro Tyr Leu Trp Lys Met Gln Ile	
455 460 465	
ggt ggc aag cgc ctt gtt cct aag gcc cgc gct aat ggt gca tcc atc	1555
Gly Gly Lys Arg Leu Val Pro Lys Ala Arg Ala Asn Gly Ala Ser Ile	
470 475 480 485	
gac ggc atc gtc atc acc gcc ggc att cct gaa aag gat gaa gct gtt	1603
Asp Gly Ile Val Ile Thr Ala Gly Ile Pro Glu Lys Asp Glu Ala Val	
490 495 500	
gca ttg gtc aag gaa ctg atg cgt gat ggt ttc cct tgg atc gca ttc	1651
Ala Leu Val Lys Glu Leu Met Arg Asp Gly Phe Pro Trp Ile Ala Phe	
505 510 515	
aag cca ggt gcc atc aag cag gtt aac tct gtg ttg gct atc gct aag	1699
Lys Pro Gly Ala Ile Lys Gln Val Asn Ser Val Leu Ala Ile Ala Lys	
520 525 530	
gaa gtt cca gaa ctc ccc atc atc att cag att gag ggt ggc gtt gca	1747
Glu Val Pro Glu Leu Pro Ile Ile Ile Gln Ile Glu Gly Gly Val Ala	
535 540 545	
ggt gga cac cac tct tgg gaa gac ctc gat gag ctg ctg atc gcc acc	1795
Gly Gly His His Ser Trp Glu Asp Leu Asp Glu Leu Leu Ile Ala Thr	

550 555 560 565
tac ggc aag gtc cgc gca ctg gat aac gtg gtg ctg tgt gtc ggc ggt 1843
Tyr Gly Lys Val Arg Ala Leu Asp Asn Val Val Leu Cys Val Gly Gly

570 575 580
ggc att ggc tca cct gag cgc gct gct gat tac gtc acc ggt tcc tgg 1891
Gly Ile Gly Ser Pro Glu Arg Ala Ala Asp Tyr Val Thr Gly Ser Trp

585 590 595
tcc act tcc tac ggc ctg cca gct atg cct gtt gat ggc atc ttg gtg 1939
Ser Thr Ser Tyr Gly Leu Pro Ala Met Pro Val Asp Gly Ile Leu Val

600 605 610
ggt acc gct gcg atg gca acc aag gaa gca acc acc tcc cag gcc gtc 1987
Gly Thr Ala Ala Met Ala Thr Lys Glu Ala Thr Thr Ser Gln Ala Val

615 620 625
aag gaa ctt ctt gtt tcc acc cag ggc tct gat gaa tgg gtt cct gct 2035
Lys Glu Leu Leu Val Ser Thr Gln Gly Ser Asp Glu Trp Val Pro Ala

630 635 640 645
ggt ggc gca aag aac gga atg gca tat ggc cgt tcc cag ctt ggc gca 2083
Gly Gly Ala Lys Asn Gly Met Ala Tyr Gly Arg Ser Gln Leu Gly Ala

650 655 660
gac atc cac gag atc gac aac tcc ttt gct aag gct gga cgc ctt ctt 2131
Asp Ile His Glu Ile Asp Asn Ser Phe Ala Lys Ala Gly Arg Leu Leu

665 670 675
gat gag gtt gca ggc cat gaa acg gat ttg caa gcg cgc ccg gat gag 2179
Asp Glu Val Ala Gly His Glu Thr Asp Leu Gln Ala Arg Pro Asp Glu

680 685 690
atc att
Ile Ile 2185

695

<210> 52

<211> 695

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 52

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

Phe Gly Gln Glu Pro Phe Ala Phe Ala Phe Ala Gly Gln Gly Tyr Asp
20 25 30

Trp Leu Lys Thr Leu Arg Ala Ala Val Ala Ala Gly Ala Gly Thr Asn
35 40 45

Val Ser Asp Ile Val Glu Arg Ala Asn Ala Leu Leu Ala Leu Val Ala

50	55	60
Asp Asp Leu Ile Gly Thr Leu Pro Phe Gly Phe Asp Pro Val Ala Trp		
65	70	75 80
Ala Asn Asn Ser Glu Asp Pro Ala Phe Asp Thr Ala Gln Ser Ala Val		
	85	90 95
Ser Val Pro Gly Ile Phe Val Ser Gln Ile Ala Thr Leu Asp Ser Leu		
	100	105 110
Glu Ala Gln Arg Leu Asp Val Asp Gln Ala Val Ser Ser Ile Gly His		
	115	120 125
Ser Gln Gly Val Leu Gly Val His Leu Leu Asn Asp Ala Thr Arg Ala		
	130	135 140
Asp Glu Leu Val Ala Ile Ala Gln Leu Ile Gly Ala Ala Ile Thr Arg		
	145	150 155 160
Thr Ala Arg Met Thr Gly Leu Ile Ala Gln Gly Asp Asn Met Pro Met		
	165	170 175
Leu Ser Ile Ala Gly Ile Ser Arg Glu Gln Leu Gln Gln Ala Ile Asp		
	180	185 190
Ala Ala Cys Ala Glu Val Pro Ala Glu Ile Arg Pro Val Ile Gly Leu		
	195	200 205
Arg Asn Ser Arg Asp Ser Tyr Val Leu Val Gly Arg Pro Asp Asp Asn		
	210	215 220
Ala Arg Val Val Lys Val Ile Glu Ala Met Ala Ala Lys Asp Lys Lys		
	225	230 235 240
Ala Ile Glu Asp Lys Leu Arg Gly Gly Ser Ala Phe Ser Pro Arg Ile		
	245	250 255
Thr Pro Leu Lys Val Gln Ala Ala Phe His His Pro Ala Met Asn Met		
	260	265 270
Ala Val Glu Gln Thr Val Ala Trp Ala Thr Thr Ala Gly Leu Asp Val		
	275	280 285
Glu Leu Thr Arg Glu Ile Ala Ala Asp Val Leu Val Asn Pro Val Asp		
	290	295 300
Trp Val Ala Arg Val Asn Glu Ala Tyr Glu Ala Gly Ala Arg Trp Phe		
	305	310 315 320
Leu Asp Val Gly Pro Asp Gly Gly Ile Val Lys Leu Thr Ala Asn Ile		
	325	330 335
Leu Glu Gly Arg Gly Ala Asp Ser Phe Tyr Val Gly Asp Ala Ala Gly		
	340	345 350
Gln Ala Lys Ile Phe Asp Ala Gly Met Ala Pro Glu Leu Pro Val Asp		
	355	360 365

Tyr Gln Glu Phe Ala Pro Arg Val Glu His Val Asp Gly Thr Pro Arg
 370 375 380
 Leu Val Thr Lys Phe Thr Glu Leu Thr Gly Arg Thr Pro Met Met Leu
 385 390 395 400
 Ala Gly Met Thr Pro Thr Thr Val Asp Pro Ala Ile Val Ala Ala Ala
 405 410 415
 Ala Asn Gly Gly His Trp Ala Glu Leu Ala Gly Gly Gly Gln Val Thr
 420 425 430
 Pro Glu Leu Leu Glu Thr His Ile Ala Gln Leu Thr Asp Met Leu Glu
 435 440 445
 Pro Gly Ile Asn Ala Gln Phe Asn Ser Met Phe Leu Asp Pro Tyr Leu
 450 455 460
 Trp Lys Met Gln Ile Gly Gly Lys Arg Leu Val Pro Lys Ala Arg Ala
 465 470 475 480
 Asn Gly Ala Ser Ile Asp Gly Ile Val Ile Thr Ala Gly Ile Pro Glu
 485 490 495
 Lys Asp Glu Ala Val Ala Leu Val Lys Glu Leu Met Arg Asp Gly Phe
 500 505 510
 Pro Trp Ile Ala Phe Lys Pro Gly Ala Ile Lys Gln Val Asn Ser Val
 515 520 525
 Leu Ala Ile Ala Lys Glu Val Pro Glu Leu Pro Ile Ile Ile Gln Ile
 530 535 540
 Glu Gly Gly Val Ala Gly Gly His His Ser Trp Glu Asp Leu Asp Glu
 545 550 555 560
 Leu Leu Ile Ala Thr Tyr Gly Lys Val Arg Ala Leu Asp Asn Val Val
 565 570 575
 Leu Cys Val Gly Gly Gly Ile Gly Ser Pro Glu Arg Ala Ala Asp Tyr
 580 585 590
 Val Thr Gly Ser Trp Ser Thr Ser Tyr Gly Leu Pro Ala Met Pro Val
 595 600 605
 Asp Gly Ile Leu Val Gly Thr Ala Ala Met Ala Thr Lys Glu Ala Thr
 610 615 620
 Thr Ser Gln Ala Val Lys Glu Leu Leu Val Ser Thr Gln Gly Ser Asp
 625 630 635 640
 Glu Trp Val Pro Ala Gly Gly Ala Lys Asn Gly Met Ala Tyr Gly Arg
 645 650 655
 Ser Gln Leu Gly Ala Asp Ile His Glu Ile Asp Asn Ser Phe Ala Lys
 660 665 670
 Ala Gly Arg Leu Leu Asp Glu Val Ala Gly His Glu Thr Asp Leu Gln

675	680	685	
Ala Arg Pro Asp Glu Ile Ile			
690	695		
<210> 53			
<211> 3831			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(3831)			
<223> FRXA00572			
<400> 53			
cag tgg ctc aac cgc tac ctc gag ctg tct ggc cct gtt gat ggt cag	48		
Gln Trp Leu Asn Arg Tyr Leu Glu Leu Ser Gly Pro Val Asp Gly Gln			
1 5 10 15			
tgg att gat gct tcc tgg gct gca cgt ttt gcc cag atg ctg gag cgt	96		
Trp Ile Asp Ala Ser Trp Ala Ala Arg Phe Ala Gln Met Leu Glu Arg			
20 25 30			
gcc gag gcg cgt ttg atc gag cag gat cat ggc caa ttt gag cca agc	144		
Ala Glu Ala Arg Leu Ile Glu Gln Asp His Gly Gln Phe Glu Pro Ser			
35 40 45			
ctg acg gtg gag gat ggc gtc gac aag ctt gtt gct gct tac ccg cat	192		
Leu Thr Val Glu Asp Gly Val Asp Lys Leu Val Ala Ala Tyr Pro His			
50 55 60			
gcc gca acc gac ctg ctc acc ccg gct gat gtc gcc tgg ttc ttg ggc	240		
Ala Ala Thr Asp Leu Leu Thr Pro Ala Asp Val Ala Trp Phe Leu Gly			
65 70 75 80			
ctg tgc cgc acg ccg ggc aag cct gtg aac ttt gtg ccc gtc att gat	288		
Leu Cys Arg Thr Pro Gly Lys Pro Val Asn Phe Val Pro Val Ile Asp			
85 90 95			
aag gac gtg cgt cgc tgg tgg cgc tcg gac tcc ctg tgg cag tcc cac	336		
Lys Asp Val Arg Arg Trp Trp Arg Ser Asp Ser Leu Trp Gln Ser His			
100 105 110			
gat gat cgc tac acc gct gat cag gtg gct att atc cct ggt gtc gtc	384		
Asp Asp Arg Tyr Thr Ala Asp Gln Val Ala Ile Ile Pro Gly Val Val			
115 120 125			
gcc gtt gct ggc atc acc aag gcc aac gaa cct gtc gct gac ctg ctt	432		
Ala Val Ala Gly Ile Thr Lys Ala Asn Glu Pro Val Ala Asp Leu Leu			
130 135 140			
gat cgc ttt gtc gac gcc acc atc gag cgc atc gat gag cac gat tcc	480		

Asp Arg Phe Val Asp Ala Thr Ile Glu Arg Ile Asp Glu His Asp Ser

145 150 155 160
cgc tcc cgc gac atc atg ggc aaa gtg ctt tcc tca cct ggc aca ttc 528
Arg Ser Arg Asp Ile Met Gly Lys Val Leu Ser Ser Pro Gly Thr Phe

165 170 175
tgg gct ggc cgc aac atc cca tcg gtg atc cac agc ctt ggg cat gct 576
Trp Ala Gly Arg Asn Ile Pro Ser Val Ile His Ser Leu Gly His Ala

180 185 190
gac aag tgg tcc cgc tcc gaa ttc gaa gca ttc cat agc cca acc ggc 624
Asp Lys Trp Ser Arg Ser Glu Phe Glu Ala Phe His Ser Pro Thr Gly

195 200 205
gcc aac ttg gtg tac gaa gac gcc gag cac gcg atg ctg act gtg cct 672
Ala Asn Leu Val Tyr Glu Asp Ala Glu His Ala Met Leu Thr Val Pro

210 215 220
ttg gcg ggt tcc acc gca ttc ggc acc acc gct gag ctg aaa atc cgt 720
Leu Ala Gly Ser Thr Ala Phe Gly Thr Thr Ala Glu Leu Lys Ile Arg

225 230 235 240
ttc acc agc ccc atc gac gct ctg cca agc gct gtc cca ctg gtc acc 768
Phe Thr Ser Pro Ile Asp Ala Leu Pro Ser Ala Val Pro Leu Val Thr

245 250 255
cag gaa gac gct gaa gcc gcg atg ggt gaa ctg acc cgc atc gca gct 816
Gln Glu Asp Ala Glu Ala Ala Met Gly Glu Leu Thr Arg Ile Ala Ala

260 265 270
ggc ggc acc ctg gca act gtg aac aat ggc acc gct acc tgg gaa acc 864
Gly Gly Thr Leu Ala Thr Val Asn Asn Gly Thr Ala Thr Trp Glu Thr

275 280 285
tcc gtc gat gcc ggc gtc atc gct gac tac aac aac gtc acc gca ggc 912
Ser Val Asp Ala Gly Val Ile Ala Asp Tyr Asn Asn Val Thr Ala Gly

290 295 300
tac ctg cca gca tcc gtt gtt cct gca cac acc gca cct gac gtg ctg 960
Tyr Leu Pro Ala Ser Val Val Pro Ala His Thr Ala Pro Asp Val Leu

305 310 315 320
gtt ggc cgc gca tgg cca gca gtt ttc gct gcc gta aag tcc gca gtc 1008
Val Gly Arg Ala Trp Pro Ala Val Phe Ala Ala Val Lys Ser Ala Val

325 330 335
atc cca ggc acc gat tcc gca tcc gtt gtg gaa ggc atg ctg tcc ctg 1056
Ile Pro Gly Thr Asp Ser Ala Ser Val Val Glu Gly Met Leu Ser Leu

340 345 350
gtt cac ctg gag cac cac att gtg ctc aag tcc gat gtc cca acc gac 1104
Val His Leu Glu His His Ile Val Leu Lys Ser Asp Val Pro Thr Asp

355 360 365
ggc gcg ctg aag gtt tcc gcg act gcc gat gag gta gtc gat acc gac 1152

Gly Ala Leu Lys Val Ser Ala Thr Ala Asp Glu Val Val Asp Thr Asp

370 375 380
ctg ggt cgc ctc gtg atc gtg cgc gca gaa atc gcc gac gca gaa ggc 1200
Leu Gly Arg Leu Val Ile Val Arg Ala Glu Ile Ala Asp Ala Glu Gly

385 390 395 400
aac ctg att gct acg ttg gct gag cgt ttc gcg atc cgc gga cgc aag 1248
Asn Leu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Arg Phe Ala Ile Arg Gly Arg Lys

405 410 415
ggc aac gct gtc gca cgc acc aac acc tcc gca ctg cca acc acc gtg 1296
Gly Asn Ala Val Ala Arg Thr Asn Thr Ser Ala Leu Pro Thr Thr Val

420 425 430
gac acc cca cgc tca gct cgc gca gtg gca acc gtt gtt gca cct gaa 1344
Asp Thr Pro Arg Ser Ala Arg Ala Val Ala Thr Val Val Ala Pro Glu

435 440 445
tcc atg cgc cca ttc gct gtg atc tcc ggt gac cgc aac cca att cac 1392
Ser Met Arg Pro Phe Ala Val Ile Ser Gly Asp Arg Asn Pro Ile His

450 455 460
gtc tct gat gtt gcg gct tcc ctg gct ggt ctg cca ggt gtg atc gtg 1440
Val Ser Asp Val Ala Ala Ser Leu Ala Gly Leu Pro Gly Val Ile Val

465 470 475 480
cac ggc atg tgg acc tct gcc atc ggt gaa ctg atc gcc ggt gca gca 1488
His Gly Met Trp Thr Ser Ala Ile Gly Glu Leu Ile Ala Gly Ala Ala

485 490 495
ttc aac gat gag cag atc caa act ccc gca gcc aag gtc gtg gaa tac 1536
Phe Asn Asp Glu Gln Ile Gln Thr Pro Ala Ala Lys Val Val Glu Tyr

500 505 510
acc gca acc atg ctg gca cca gtt ctt cca ggt gaa gaa att gag ttc 1584
Thr Ala Thr Met Leu Ala Pro Val Leu Pro Gly Glu Glu Ile Glu Phe

515 520 525
agc gtt gag cgc tcc gca gtg gac aac cgc cca gga atg gga gag gtc 1632
Ser Val Glu Arg Ser Ala Val Asp Asn Arg Pro Gly Met Gly Glu Val

530 535 540
cgc acc gtt acc gca acc gtc aac ggc aac tta gtg ctt acc gcc acc 1680
Arg Thr Val Thr Ala Thr Val Asn Gly Asn Leu Val Leu Thr Ala Thr

545 550 555 560
gct gtt gtg gca gct cca tct act ttc tac gca ttc cca ggc cag ggc 1728
Ala Val Val Ala Ala Pro Ser Thr Phe Tyr Ala Phe Pro Gly Gln Gly

565 570 575
att cag tcc cag ggc atg ggt atg gaa gca cgc cgt aac tct cag gca 1776
Ile Gln Ser Gln Gly Met Gly Met Glu Ala Arg Arg Asn Ser Gln Ala

580 585 590
gct cgc gct atc tgg gac cgc gcc gat gca cac acc cgc aat aag ctg 1824

Ala Arg Ala Ile Trp Asp Arg Ala Asp Ala His Thr Arg Asn Lys Leu

595 600 605
ggc ttc tcc atc gtg gaa atc gtg gaa aac aac cca cgc gaa gta acc 1872
Gly Phe Ser Ile Val Glu Ile Val Glu Asn Asn Pro Arg Glu Val Thr

610 615 620
gtg gca ggg gag aag ttc ttc cac cca gac ggc gtt ttg tac ctc acc 1920
Val Ala Gly Glu Lys Phe Phe His Pro Asp Gly Val Leu Tyr Leu Thr

625 630 635 640
cag ttc acc cag gtg ggc atg gca act ctg ggc gtt gct cag atc gct 1968
Gln Phe Thr Gln Val Gly Met Ala Thr Leu Gly Val Ala Gln Ile Ala

645 650 655
gaa atg cgt gaa gca cat gcc ttg aac cag cgt gca tac ttt gct gga 2016
Glu Met Arg Glu Ala His Ala Leu Asn Gln Arg Ala Tyr Phe Ala Gly

660 665 670
cac tcc gtt ggt gag tac aac gcg ctt gct gca tat gct ggt gtg ctg 2064
His Ser Val Gly Glu Tyr Asn Ala Leu Ala Ala Tyr Ala Gly Val Leu

675 680 685
tcc ctg gaa tcc gtt ctg gag atc gtt tac cgt cgt ggc ttg acc atg 2112
Ser Leu Glu Ser Val Leu Glu Ile Val Tyr Arg Arg Gly Leu Thr Met

690 695 700
cac cgc ttg gtg gat cgc gat gaa aac ggt ctg tcc aac tac gcg ctc 2160
His Arg Leu Val Asp Arg Asp Glu Asn Gly Leu Ser Asn Tyr Ala Leu

705 710 715 720
gca gct ctt cgc ccc aac aag atg ggt ctg acc gca gac aac gtt ttc 2208
Ala Ala Leu Arg Pro Asn Lys Met Gly Leu Thr Ala Asp Asn Val Phe

725 730 735
gat tac gtt gcg tct gtt tcc gaa gct tcc ggt gaa ttc ctg gag atc 2256
Asp Tyr Val Ala Ser Val Ser Glu Ala Ser Gly Glu Phe Leu Glu Ile

740 745 750
gtt aac tac aac ttg gct ggc ctg cag tac gca gtt gct gga acc cag 2304
Val Asn Tyr Asn Leu Ala Gly Leu Gln Tyr Ala Val Ala Gly Thr Gln

755 760 765
gct ggt ctt gcc gcc ctt cgt gcc gat gtt gag aac cgt gca cca ggt 2352
Ala Gly Leu Ala Ala Leu Arg Ala Asp Val Glu Asn Arg Ala Pro Gly

770 775 780
cag cgt gcc ttc att ttg atc cct ggc att gac gtg cca ttc cac tcc 2400
Gln Arg Ala Phe Ile Leu Ile Pro Gly Ile Asp Val Pro Phe His Ser

785 790 795 800
tcc aag ctg cgc gac ggt gtg ggc gcg ttc cgt gag cac ctt gat tcc 2448
Ser Lys Leu Arg Asp Gly Val Gly Ala Phe Arg Glu His Leu Asp Ser

805 810 815
ctg atc cca gct gag ctg gat ctg gat gtg ctg gtt ggc cgc tac att 2496

Leu Ile Pro Ala Glu Leu Asp Leu Asp Val Leu Val Gly Arg Tyr Ile

820 825 830
cca aac ttg gtg gct cgc cca ttc gaa ctc act gaa gag ttc gtg gca 2544
Pro Asn Leu Val Ala Arg Pro Phe Glu Leu Thr Glu Glu Phe Val Ala

835 840 845
tcc atg gca gaa gtg gtg gag tcc acc tat gtc aat gag atc ttg gct 2592
Ser Met Ala Glu Val Val Glu Ser Thr Tyr Val Asn Glu Ile Leu Ala

850 855 860
gat ttc aag gct gct tcc gcc gat aag cag aag ctt gcc cgc acg ttg 2640
Asp Phe Lys Ala Ala Ser Ala Asp Lys Gln Lys Leu Ala Arg Thr Leu

865 870 875 880
ctt att gag ctg ctt gca tgg cag ttc gca tca cct gtg cgc tgg atc 2688
Leu Ile Glu Leu Leu Ala Trp Gln Phe Ala Ser Pro Val Arg Trp Ile

885 890 895
gag act cag gat ctg ttg atc aag ggc ctt caa gct gag cgt ttc gtg 2736
Glu Thr Gln Asp Leu Leu Ile Lys Gly Leu Gln Ala Glu Arg Phe Val

900 905 910
gag gtc ggt gtt ggc tct gct cca acg ctt gcc aac atg atg ggc cag 2784
Glu Val Gly Val Gly Ser Ala Pro Thr Leu Ala Asn Met Met Gly Gln

915 920 925
acc ctg cgc ctt cct cag tac gcg gac gcc acc att gag gtg tta aac 2832
Thr Leu Arg Leu Pro Gln Tyr Ala Asp Ala Thr Ile Glu Val Leu Asn

930 935 940
att gag cgc gat cgc cca gtt gtg ttc gct acc gat gag gtt gtg cgt 2880
Ile Glu Arg Asp Arg Pro Val Val Phe Ala Thr Asp Glu Val Val Arg

945 950 955 960
gaa gtg gcg gtt gaa gag acc cca gca gct cct gca gaa acc act gaa 2928
Glu Val Ala Val Glu Glu Thr Pro Ala Ala Pro Ala Glu Thr Thr Glu

965 970 975
acc cca gca acc cca gca acc cca gcc cct gtt gca gct gca gcc cct 2976
Thr Pro Ala Thr Pro Ala Thr Pro Ala Pro Val Ala Ala Ala Pro

980 985 990
gcc acc ggc ggc cct cgc cca gat gac atc agc ttc act cct tct gat 3024
Ala Thr Gly Gly Pro Arg Pro Asp Asp Ile Ser Phe Thr Pro Ser Asp

995 1000 1005
gcc act gaa atg ctc atc gct atc tgg acc aag gtt cgc cca gat cag 3072
Ala Thr Glu Met Leu Ile Ala Ile Trp Thr Lys Val Arg Pro Asp Gln

1010 1015 1020
atg ggt gcc act gat tcc atc gag acc ctg gtt gag ggc gtg tcc tct 3120
Met Gly Ala Thr Asp Ser Ile Glu Thr Leu Val Glu Gly Val Ser Ser

1025 1030 1035 1040

cgc cgt aac cag ctc ctg ctg gat ctt ggt gtg gag ttc ggc ctc ggc 3168
Arg Arg Asn Gln Leu Leu Leu Asp Leu Gly Val Glu Phe Gly Leu Gly

1045 1050 1055
gca att gac gga gca gcc gat gct gag ctc ggt gat cta aag gtc acc 3216
Ala Ile Asp Gly Ala Ala Asp Ala Glu Leu Gly Asp Leu Lys Val Thr

1060 1065 1070
gtg tcc aag atg gct aag ggc tac aag gcg ttt ggc cct gtg ctc tcc 3264
Val Ser Lys Met Ala Lys Gly Tyr Lys Ala Phe Gly Pro Val Leu Ser

1075 1080 1085
gat gct gca gct gat gcc ctg cgt cgc ctc act ggt cct acc ggt aag 3312
Asp Ala Ala Ala Asp Ala Leu Arg Arg Leu Thr Gly Pro Thr Gly Lys

1090 1095 1100
cgc ccg gga tac atc gca gag cgc gtc acc ggc acg tgg gaa ttg ggc 3360
Arg Pro Gly Tyr Ile Ala Glu Arg Val Thr Gly Thr Trp Glu Leu Gly

1105 1110 1115 1120
cag ggc tgg gct gac cac gtg gtc gct gaa gtt gtg atc ggc gcc cgc 3408
Gln Gly Trp Ala Asp His Val Val Ala Glu Val Val Ile Gly Ala Arg

1125 1130 1135
gaa ggc gca tcc ctg cgc ggc ggc gac ctg gcg tca ctg tct cct gca 3456
Glu Gly Ala Ser Leu Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Ser Pro Ala

1140 1145 1150
agc cca gcg tct gca tca gat ctt gat tcg ctt atc gac gca gcc gtc 3504
Ser Pro Ala Ser Ala Ser Asp Leu Asp Ser Leu Ile Asp Ala Ala Val

1155 1160 1165
cag gcc gta gcc tcc cgc cgc ggc gtt gcg gtc tcc ctg cct tca gca 3552
Gln Ala Val Ala Ser Arg Arg Gly Val Ala Val Ser Leu Pro Ser Ala

1170 1175 1180
ggc ggc gct gcc ggt ggc gtg gtt gat tcc gca gct ctt ggc gag ttt 3600
Gly Gly Ala Ala Gly Gly Val Val Asp Ser Ala Ala Leu Gly Glu Phe

1185 1190 1195 1200
gca gag cag gtc acc gga cac gat ggt gtg ctt gct cag gca gcc cgc 3648
Ala Glu Gln Val Thr Gly His Asp Gly Val Leu Ala Gln Ala Ala Arg

1205 1210 1215
acc atc ttg acc cag ttg ggt ctt gat aag cca gca acc gtt tcc gtg 3696
Thr Ile Leu Thr Gln Leu Gly Leu Asp Lys Pro Ala Thr Val Ser Val

1220 1225 1230
gaa gac acc gca gag gaa gac ctc tac gag ttg gtc tcc aag gaa ctc 3744
Glu Asp Thr Ala Glu Glu Asp Leu Tyr Glu Leu Val Ser Lys Glu Leu

1235 1240 1245
ggt tct gat tgg cca cgt cag gtt gca cca agc ttc gat gaa gaa aag 3792
Gly Ser Asp Trp Pro Arg Gln Val Ala Pro Ser Phe Asp Glu Glu Lys

1250 1255 1260

gtt gtt ctg ctt gat gac cgt tgg gct tct gcg cgt gag 3831
Val Val Leu Leu Asp Asp Arg Trp Ala Ser Ala Arg Glu

1265 1270 1275

<210> 54
<211> 1277
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 54
Gln Trp Leu Asn Arg Tyr Leu Glu Leu Ser Gly Pro Val Asp Gly Gln
1 5 10 15

Trp Ile Asp Ala Ser Trp Ala Ala Arg Phe Ala Gln Met Leu Glu Arg
20 25 30

Ala Glu Ala Arg Leu Ile Glu Gln Asp His Gly Gln Phe Glu Pro Ser
35 40 45

Leu Thr Val Glu Asp Gly Val Asp Lys Leu Val Ala Ala Tyr Pro His
50 55 60

Ala Ala Thr Asp Leu Leu Thr Pro Ala Asp Val Ala Trp Phe Leu Gly
65 70 75 80

Leu Cys Arg Thr Pro Gly Lys Pro Val Asn Phe Val Pro Val Ile Asp
85 90 95

Lys Asp Val Arg Arg Trp Trp Arg Ser Asp Ser Leu Trp Gln Ser His
100 105 110

Asp Asp Arg Tyr Thr Ala Asp Gln Val Ala Ile Ile Pro Gly Val Val
115 120 125

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

Asp Arg Phe Val Asp Ala Thr Ile Glu Arg Ile Asp Glu His Asp Ser
145 150 155 160

Arg Ser Arg Asp Ile Met Gly Lys Val Leu Ser Ser Pro Gly Thr Phe
165 170 175

Trp Ala Gly Arg Asn Ile Pro Ser Val Ile His Ser Leu Gly His Ala
180 185 190

Asp Lys Trp Ser Arg Ser Glu Phe Glu Ala Phe His Ser Pro Thr Gly
195 200 205

Ala Asn Leu Val Tyr Glu Asp Ala Glu His Ala Met Leu Thr Val Pro
210 215 220

Leu Ala Gly Ser Thr Ala Phe Gly Thr Thr Ala Glu Leu Lys Ile Arg
225 230 235 240

Phe Thr Ser Pro Ile Asp Ala Leu Pro Ser Ala Val Pro Leu Val Thr
 245 250 255
 Gln Glu Asp Ala Glu Ala Ala Met Gly Glu Leu Thr Arg Ile Ala Ala
 260 265 270
 Gly Gly Thr Leu Ala Thr Val Asn Asn Gly Thr Ala Thr Trp Glu Thr
 275 280 285
 Ser Val Asp Ala Gly Val Ile Ala Asp Tyr Asn Asn Val Thr Ala Gly
 290 295 300
 Tyr Leu Pro Ala Ser Val Val Pro Ala His Thr Ala Pro Asp Val Leu
 305 310 315 320
 Val Gly Arg Ala Trp Pro Ala Val Phe Ala Ala Val Lys Ser Ala Val
 325 330 335
 Ile Pro Gly Thr Asp Ser Ala Ser Val Val Glu Gly Met Leu Ser Leu
 340 345 350
 Val His Leu Glu His His Ile Val Leu Lys Ser Asp Val Pro Thr Asp
 355 360 365
 Gly Ala Leu Lys Val Ser Ala Thr Ala Asp Glu Val Val Asp Thr Asp
 370 375 380
 Leu Gly Arg Leu Val Ile Val Arg Ala Glu Ile Ala Asp Ala Glu Gly
 385 390 395 400
 Asn Leu Ile Ala Thr Leu Ala Glu Arg Phe Ala Ile Arg Gly Arg Lys
 405 410 415
 Gly Asn Ala Val Ala Arg Thr Asn Thr Ser Ala Leu Pro Thr Thr Val
 420 425 430
 Asp Thr Pro Arg Ser Ala Arg Ala Val Ala Thr Val Val Ala Pro Glu
 435 440 445
 Ser Met Arg Pro Phe Ala Val Ile Ser Gly Asp Arg Asn Pro Ile His
 450 455 460
 Val Ser Asp Val Ala Ala Ser Leu Ala Gly Leu Pro Gly Val Ile Val
 465 470 475 480
 His Gly Met Trp Thr Ser Ala Ile Gly Glu Leu Ile Ala Gly Ala Ala
 485 490 495
 Phe Asn Asp Glu Gln Ile Gln Thr Pro Ala Ala Lys Val Val Glu Tyr
 500 505 510
 Thr Ala Thr Met Leu Ala Pro Val Leu Pro Gly Glu Glu Ile Glu Phe
 515 520 525
 Ser Val Glu Arg Ser Ala Val Asp Asn Arg Pro Gly Met Gly Glu Val
 530 535 540
 Arg Thr Val Thr Ala Thr Val Asn Gly Asn Leu Val Leu Thr Ala Thr

545	550	555	560
Ala Val Val	Ala Ala Pro Ser Thr Phe Tyr	Ala Phe Pro Gly Gln Gly	
	565	570	575
Ile Gln Ser	Gln Gly Met Gly Met Glu Ala Arg Arg Asn Ser Gln Ala		
	580	585	590
Ala Arg Ala	Ile Trp Asp Arg Ala Asp Ala His Thr Arg Asn Lys Leu		
	595	600	605
Gly Phe Ser	Ile Val Glu Ile Val Glu Asn Asn Pro Arg Glu Val Thr		
	610	615	620
Val Ala Gly	Glu Lys Phe Phe His Pro Asp Gly Val Leu Tyr Leu Thr		
	625	630	635
Gln Phe Thr	Gln Val Gly Met Ala Thr Leu Gly Val Ala Gln Ile Ala		
	645	650	655
Glu Met Arg	Glu Ala His Ala Leu Asn Gln Arg Ala Tyr Phe Ala Gly		
	660	665	670
His Ser Val	Gly Glu Tyr Asn Ala Leu Ala Ala Tyr Ala Gly Val Leu		
	675	680	685
Ser Leu Glu	Ser Val Leu Glu Ile Val Tyr Arg Arg Gly Leu Thr Met		
	690	695	700
His Arg Leu	Val Asp Arg Asp Glu Asn Gly Leu Ser Asn Tyr Ala Leu		
	705	710	715
Ala Ala Leu	Arg Pro Asn Lys Met Gly Leu Thr Ala Asp Asn Val Phe		
	725	730	735
Asp Tyr Val	Ala Ser Val Ser Glu Ala Ser Gly Glu Phe Leu Glu Ile		
	740	745	750
Val Asn Tyr	Asn Leu Ala Gly Leu Gln Tyr Ala Val Ala Gly Thr Gln		
	755	760	765
Ala Gly Leu	Ala Ala Leu Arg Ala Asp Val Glu Asn Arg Ala Pro Gly		
	770	775	780
Gln Arg Ala	Phe Ile Leu Ile Pro Gly Ile Asp Val Pro Phe His Ser		
	785	790	795
Ser Lys Leu	Arg Asp Gly Val Gly Ala Phe Arg Glu His Leu Asp Ser		
	805	810	815
Leu Ile Pro	Ala Glu Leu Asp Leu Asp Val Leu Val Gly Arg Tyr Ile		
	820	825	830
Pro Asn Leu	Val Ala Arg Pro Phe Glu Leu Thr Glu Glu Phe Val Ala		
	835	840	845
Ser Met Ala	Glu Val Val Glu Ser Thr Tyr Val Asn Glu Ile Leu Ala		
	850	855	860

Asp Phe Lys Ala Ala Ser Ala Asp Lys Gln Lys Leu Ala Arg Thr Leu
 865 870 875 880
 Leu Ile Glu Leu Leu Ala Trp Gln Phe Ala Ser Pro Val Arg Trp Ile
 885 890 895
 Glu Thr Gln Asp Leu Leu Ile Lys Gly Leu Gln Ala Glu Arg Phe Val
 900 905 910
 Glu Val Gly Val Gly Ser Ala Pro Thr Leu Ala Asn Met Met Gly Gln
 915 920 925
 Thr Leu Arg Leu Pro Gln Tyr Ala Asp Ala Thr Ile Glu Val Leu Asn
 930 935 940
 Ile Glu Arg Asp Arg Pro Val Val Phe Ala Thr Asp Glu Val Val Arg
 945 950 955 960
 Glu Val Ala Val Glu Glu Thr Pro Ala Ala Pro Ala Glu Thr Thr Glu
 965 970 975
 Thr Pro Ala Thr Pro Ala Thr Pro Ala Pro Val Ala Ala Ala Pro
 980 985 990
 Ala Thr Gly Gly Pro Arg Pro Asp Asp Ile Ser Phe Thr Pro Ser Asp
 995 1000 1005
 Ala Thr Glu Met Leu Ile Ala Ile Trp Thr Lys Val Arg Pro Asp Gln
 1010 1015 1020
 Met Gly Ala Thr Asp Ser Ile Glu Thr Leu Val Glu Gly Val Ser Ser
 1025 1030 1035 1040
 Arg Arg Asn Gln Leu Leu Leu Asp Leu Gly Val Glu Phe Gly Leu Gly
 1045 1050 1055
 Ala Ile Asp Gly Ala Ala Asp Ala Glu Leu Gly Asp Leu Lys Val Thr
 1060 1065 1070
 Val Ser Lys Met Ala Lys Gly Tyr Lys Ala Phe Gly Pro Val Leu Ser
 1075 1080 1085
 Asp Ala Ala Ala Asp Ala Leu Arg Arg Leu Thr Gly Pro Thr Gly Lys
 1090 1095 1100
 Arg Pro Gly Tyr Ile Ala Glu Arg Val Thr Gly Thr Trp Glu Leu Gly
 1105 1110 1115 1120
 Gln Gly Trp Ala Asp His Val Val Ala Glu Val Val Ile Gly Ala Arg
 1125 1130 1135
 Glu Gly Ala Ser Leu Arg Gly Gly Asp Leu Ala Ser Leu Ser Pro Ala
 1140 1145 1150
 Ser Pro Ala Ser Ala Ser Asp Leu Asp Ser Leu Ile Asp Ala Ala Val
 1155 1160 1165
 Gln Ala Val Ala Ser Arg Arg Gly Val Ala Val Ser Leu Pro Ser Ala

[illegible]

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

295	300	305	
gca tct cca ttt gtc aca act gca ttc gct gag ctg ggt gtg atc agc			1075
Ala Ser Pro Phe Val Thr Thr Ala Phe Ala Glu Leu Gly Val Ile Ser			
310	315	320	325
cca acc ggc aag atc cac gca ttc tct gat gat gcc gat ggt ttc gtg			1123
Pro Thr Gly Lys Ile His Ala Phe Ser Asp Asp Ala Asp Gly Phe Val			
330	335	340	
cgt tcc gac ggc gcc gga gtc gtt gtg ctg aag cgc gtg gat gac gca			1171
Arg Ser Asp Gly Ala Gly Val Val Val Leu Lys Arg Val Asp Asp Ala			
345	350	355	
atc cgc gac ggc gac aag atc atc ggt gtg atc aag ggt tct gca gtg			1219
Ile Arg Asp Gly Asp Lys Ile Ile Gly Val Ile Lys Gly Ser Ala Val			
360	365	370	
aac tcc gat ggt cac tcc aac gga ctg acc gct cca aac cct gac gca			1267
Asn Ser Asp Gly His Ser Asn Gly Leu Thr Ala Pro Asn Pro Asp Ala			
375	380	385	
cag gtt gat gtg ctg cag cgt gca tat gtt gac gct cag gtt gat ccc			1315
Gln Val Asp Val Leu Gln Arg Ala Tyr Val Asp Ala Gln Val Asp Pro			
390	395	400	405
acc acc gtg gat tac gtt gag gct cac ggc acc ggc acc atc ctg ggt			1363
Thr Thr Val Asp Tyr Val Glu Ala His Gly Thr Gly Thr Ile Leu Gly			
410	415	420	
gac ccc att gaa gca act gcc ctg ggt gct gtt ttg ggc tat ggc cgt			1411
Asp Pro Ile Glu Ala Thr Ala Leu Gly Ala Val Leu Gly Tyr Gly Arg			
425	430	435	
gac gca tcc acc cca act ctt ctg ggc tct gca aag tcc aac ttc ggc			1459
Asp Ala Ser Thr Pro Thr Leu Leu Gly Ser Ala Lys Ser Asn Phe Gly			
440	445	450	
cac act gag tca gct gcg ggt att gca ggt gtc atc aag gtg ctg ctt			1507
His Thr Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ala Gly Val Ile Lys Val Leu Leu			
455	460	465	
gct ttg cag aac aag act ctg cca cca acc gtg aac ttt gca ggt cca			1555
Ala Leu Gln Asn Lys Thr Leu Pro Pro Thr Val Asn Phe Ala Gly Pro			
470	475	480	485
aac cgc tac atc gat ttc gat gct gag cgt ttg gaa gtt gtg gaa gat			1603
Asn Arg Tyr Ile Asp Phe Asp Ala Glu Arg Leu Glu Val Val Glu Asp			
490	495	500	
cca cgt gaa tgg ccg gaa tac aac ggt cac gca gta gct ggt gtg tct			1651
Pro Arg Glu Trp Pro Glu Tyr Asn Gly His Ala Val Ala Gly Val Ser			
505	510	515	
gcg ttc ggg ttc ggt gga acc aac gcg cac gtg gtg atc tct gag tac			1699
Ala Phe Gly Phe Gly Gly Thr Asn Ala His Val Val Ile Ser Glu Tyr			

520	525	530	
aac gca gaa gac tac gaa acc cgt gcc ccg aag gag gcg ttg ctt cct			1747
Asn Ala Glu Asp Tyr Glu Thr Arg Ala Pro Lys Glu Ala Leu Leu Pro			
535	540	545	
gac cag cag gtt gcc ctg ccg gtg tct ggt cac ctg cca tcc agg cgt			1795
Asp Gln Gln Val Ala Leu Pro Val Ser Gly His Leu Pro Ser Arg Arg			
550	555	560	565
cga caa gca gct gct gac ttg gcg gac ttc ttg gag ggc cgc aaa gat			1843
Arg Gln Ala Ala Ala Asp Leu Ala Asp Phe Leu Glu Gly Arg Lys Asp			
570	575	580	
tgc gac cta acc cca gta gcc cgc gcg ctg gca ggc cgc aat cat ggc			1891
Cys Asp Leu Thr Pro Val Ala Arg Ala Leu Ala Gly Arg Asn His Gly			
585	590	595	
cgc tcc cgc gca gtc gtg ctt gca agc act atc gag gaa gcc gta aag			1939
Arg Ser Arg Ala Val Val Leu Ala Ser Thr Ile Glu Glu Ala Val Lys			
600	605	610	
cgc ctg cgc cag gtc gca gaa ggc aag gtc agc gtc ggt atc tcc gca			1987
Arg Leu Arg Gln Val Ala Glu Gly Lys Val Ser Val Gly Ile Ser Ala			
615	620	625	
gct gat tcc cca gcg gcc aac ggt cct gtg ttt gtg tac tcc ggt ttc			2035
Ala Asp Ser Pro Ala Ala Asn Gly Pro Val Phe Val Tyr Ser Gly Phe			
630	635	640	645
gga tcc cag cac cgc ctc atg atc aag gaa ttg tgc tca att tcg cca			2083
Gly Ser Gln His Arg Leu Met Ile Lys Glu Leu Cys Ser Ile Ser Pro			
650	655	660	
cag ttc cgc gag cgc atc gaa gag ctc gat gaa atg gtt aag ttc gag			2131
Gln Phe Arg Glu Arg Ile Glu Glu Leu Asp Glu Met Val Lys Phe Glu			
665	670	675	
tcc ggc tgg tcc atc atg aaa ctt gtt ttg gat gat gag caa act tac			2179
Ser Gly Trp Ser Ile Met Lys Leu Val Leu Asp Asp Glu Gln Thr Tyr			
680	685	690	
gac acc gag acc gcg cag gtt gtg atc acc gca atc cag atc gca ctg			2227
Asp Thr Glu Thr Ala Gln Val Val Ile Thr Ala Ile Gln Ile Ala Leu			
695	700	705	
act gac ctg ttg gca agc ttc ggt gta aag cca gct gcc gtc atg ggc			2275
Thr Asp Leu Leu Ala Ser Phe Gly Val Lys Pro Ala Ala Val Met Gly			
710	715	720	725
atg tcg atg ggt gag atc gct gcc gct tac gct gcc ggt gga ctc agc			2323
Met Ser Met Gly Glu Ile Ala Ala Ala Tyr Ala Ala Gly Gly Leu Ser			
730	735	740	
gac cgc gat acc atg ctc att gcc agc cac cgt tcc cgc cta atg ggc			2371
Asp Arg Asp Thr Met Leu Ile Ala Ser His Arg Ser Arg Leu Met Gly			

745	750	755	
gag ggc gag aag tcc ctg gct gag gat cag ctg ggt gcc atg gct gtg	2419		
Glu Gly Glu Lys Ser Leu Ala Glu Asp Gln Leu Gly Ala Met Ala Val			
760	765	770	
gtg gaa ttc gcc gct gcg gac ctg gat aag ttc atc gaa gaa aac cct	2467		
Val Glu Phe Ala Ala Ala Asp Leu Asp Lys Phe Ile Glu Glu Asn Pro			
775	780	785	
gag tac aag ggc att gag cct gct gtt tat gca ggc cca ggc atg act	2515		
Glu Tyr Lys Gly Ile Glu Pro Ala Val Tyr Ala Gly Pro Gly Met Thr			
790	795	800	805
acc gtg ggt gga cct cgc gac gcc gtg gtt cag ttc gta gag aag ctg	2563		
Thr Val Gly Gly Pro Arg Asp Ala Val Val Gln Phe Val Glu Lys Leu			
810	815	820	
gaa tct gaa gac aag ttt gcc cgc ctg ctc aac gtc aag ggc gct ggc	2611		
Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ala Arg Leu Leu Asn Val Lys Gly Ala Gly			
825	830	835	
cac acc tct gct gtg gaa cca ctt ctt ggt gag ctc gct ggc gaa atc	2659		
His Thr Ser Ala Val Glu Pro Leu Leu Gly Glu Leu Ala Gly Glu Ile			
840	845	850	
gct ggc atc gag cca ctt ccg ctg cag atc ccg ttg ttc agc tct gtc	2707		
Ala Gly Ile Glu Pro Leu Pro Leu Gln Ile Pro Leu Phe Ser Ser Val			
855	860	865	
gat cag ggt gtt acc tac cca gtt gga gca gtg gtc cac gac gcc gat	2755		
Asp Gln Gly Val Thr Tyr Pro Val Gly Ala Val Val His Asp Ala Asp			
870	875	880	885
tac atg ctc cgc tgt acc cgc cag tcc gtg tac ttc cag gac tcc acc	2803		
Tyr Met Leu Arg Cys Thr Arg Gln Ser Val Tyr Phe Gln Asp Ser Thr			
890	895	900	
gaa gct gca ttc gct gca ggc cac aac acc ttg gtg gaa att tcc ccg	2851		
Glu Ala Ala Phe Ala Ala Gly His Asn Thr Leu Val Glu Ile Ser Pro			
905	910	915	
aac cca gtt gca ctc atg ggc atg atg aac acc gcg ttc acc gtg ggc	2899		
Asn Pro Val Ala Leu Met Gly Met Met Asn Thr Ala Phe Thr Val Gly			
920	925	930	
aag cct gat gca cag ctg ctg ttc agc ctg aag cga aaa gtc cca gag	2947		
Lys Pro Asp Ala Gln Leu Leu Phe Ser Leu Lys Arg Lys Val Pro Glu			
935	940	945	
gca gaa tcc ctc cgc gac ctt ctg gcg aag ctg tac gtc aac ggc gca	2995		
Ala Glu Ser Leu Arg Asp Leu Leu Ala Lys Leu Tyr Val Asn Gly Ala			
950	955	960	965
aac gtt gat ttc tcc gcg ctg tac ggc gaa ggt gaa acc atc gat ccg	3043		
Asn Val Asp Phe Ser Ala Leu Tyr Gly Glu Gly Glu Thr Ile Asp Pro			

970 975 980
 cca cac atc acc tgg aag cac cag cgc ttc tgg act tcc gca cgc cca 3091
 Pro His Ile Thr Trp Lys His Gln Arg Phe Trp Thr Ser Ala Arg Pro

985 990 995
 tcc tct ggc gca tcc ctg gat ctg ccg ggc ttc cgc gtg aat ctg cca 3139
 Ser Ser Gly Ala Ser Leu Asp Leu Pro Gly Phe Arg Val Asn Leu Pro

1000 1005 1010
 aac aac act gtg gcg ttt tcc acc gca gcc gaa ctg gca cca tcc gca 3187
 Asn Asn Thr Val Ala Phe Ser Thr Ala Ala Glu Leu Ala Pro Ser Ala

1015 1020 1025
 gtg gca atc atg gaa gca gcc gcc atg gct gtc acc cca ggt tcc tcc 3235
 Val Ala Ile Met Glu Ala Ala Ala Met Ala Val Thr Pro Gly Ser Ser

1030 1035 1040 1045
 gtc gac gca gtg gac gag cgc gac atg ctg cca cca agc ggc gaa atc 3283
 Val Asp Ala Val Asp Glu Arg Asp Met Leu Pro Pro Ser Gly Glu Ile

1050 1055 1060
 acc acc atc gtg act cgc tcc ttg ggc ggt ttg agc ctg tcc gta tac 3331
 Thr Thr Ile Val Thr Arg Ser Leu Gly Gly Leu Ser Leu Ser Val Tyr

1065 1070 1075
 aag att gag gga acc acc agc act ctt gtc gcc gaa ggt ttc gca gcc 3379
 Lys Ile Glu Gly Thr Thr Ser Thr Leu Val Ala Glu Gly Phe Ala Ala

1080 1085 1090
 aac cca gga ttc gcc gca gca tct tcc ttc gac ggt cca ggc tac gac 3427
 Asn Pro Gly Phe Ala Ala Ala Ser Ser Phe Asp Gly Pro Gly Tyr Asp

1095 1100 1105
 gga ttc aac acc gat tac agc gac cag cca gac cct cgc tcc gac ctg 3475
 Gly Phe Asn Thr Asp Tyr Ser Asp Gln Pro Asp Pro Arg Ser Asp Leu

1110 1115 1120 1125
 cct ttg gac atc gaa gca gtc cgc tgg gac cca gcg acc gaa acc gtc 3523
 Pro Leu Asp Ile Glu Ala Val Arg Trp Asp Pro Ala Thr Glu Thr Val

1130 1135 1140
 gaa gag cgc atg cgc gcc atc gtc tcc gaa gca atg ggc tac gac gtg 3571
 Glu Glu Arg Met Arg Ala Ile Val Ser Glu Ala Met Gly Tyr Asp Val

1145 1150 1155
 gat gac ctc cca cgc gaa ctc cca ctg att gac ctc ggc ctc gac tcc 3619
 Asp Asp Leu Pro Arg Glu Leu Pro Leu Ile Asp Leu Gly Leu Asp Ser

1160 1165 1170
 ctc atg ggc atg cgc atc aaa aac cgc atc gaa aat gac ttc cag atc 3667
 Leu Met Gly Met Arg Ile Lys Asn Arg Ile Glu Asn Asp Phe Gln Ile

1175 1180 1185
 cca cca ctc cag gtc caa gcg ctc cgc gat gca tcc gtc gct gac gtg 3715

Pro Pro Leu Gln Val Gln Ala Leu Arg Asp Ala Ser Val Ala Asp Val

1190 1195 1200 1205
gta atc atg gtg gaa aac atg gtc gct ggc cgc tcc tct gag acg ctt 3763
Val Ile Met Val Glu Asn Met Val Ala Gly Arg Ser Ser Glu Thr Leu

1210 1215 1220
gtc gac gcc acc ccg cag gtg cca gct gag gca gca ggg gag gct caa 3811
Val Asp Ala Thr Pro Gln Val Pro Ala Glu Ala Ala Gly Glu Ala Gln

1225 1230 1235
gct gct gag tct tct gct tcg ggc gag gac gtg cag ggc gtt ggc gtt 3859
Ala Ala Glu Ser Ser Ala Ser Gly Glu Asp Val Gln Gly Val Gly Val

1240 1245 1250
gca ccg cga gat gcg tcg gaa cgc atg gtc ttt ggt act tgg gca ggc 3907
Ala Pro Arg Asp Ala Ser Glu Arg Met Val Phe Gly Thr Trp Ala Gly

1255 1260 1265
ctg act ggc gct gcg gca gct ggc gtg acc agc aag ttg cca cag atc 3955
Leu Thr Gly Ala Ala Ala Ala Gly Val Thr Ser Lys Leu Pro Gln Ile

1270 1275 1280 1285
gat gtc gat act gca acc gca att gcc gag cgc ctc acc gag cgt tcc 4003
Asp Val Asp Thr Ala Thr Ala Ile Ala Glu Arg Leu Thr Glu Arg Ser

1290 1295 1300
gga att gaa atc agc act gaa cag gtg ttg gct gca gaa acc ctc gaa 4051
Gly Ile Glu Ile Ser Thr Glu Gln Val Leu Ala Ala Glu Thr Leu Glu

1305 1310 1315
cca ctg tct gac ctg gtg cgt gaa ggc ctc gaa act gaa gtt cag ggc 4099
Pro Leu Ser Asp Leu Val Arg Glu Gly Leu Glu Thr Glu Val Gln Gly

1320 1325 1330
aac att cgt gtg ctg cgt gga cgt gca gaa ggc tcc acc aag cct gca 4147
Asn Ile Arg Val Leu Arg Gly Arg Ala Glu Gly Ser Thr Lys Pro Ala

1335 1340 1345
gtg ttc atg ttc cac cca gct ggc ggt tct tcc gtg gtc tac caa cca 4195
Val Phe Met Phe His Pro Ala Gly Gly Ser Ser Val Val Tyr Gln Pro

1350 1355 1360 1365
cta atg cgt cgt ctg cct gaa gat gtc cct gtc tat ggc gtt gag cgt 4243
Leu Met Arg Arg Leu Pro Glu Asp Val Pro Val Tyr Gly Val Glu Arg

1370 1375 1380
ctg gaa ggc gat ctc gct gac cgc gcg gca gca tat gtt gat gac atc 4291
Leu Glu Gly Asp Leu Ala Asp Arg Ala Ala Ala Tyr Val Asp Asp Ile

1385 1390 1395
aag aag tac tcc gat ggc ttc cca gta gtt ttg ggt ggc tgg agc ttc 4339
Lys Lys Tyr Ser Asp Gly Phe Pro Val Val Leu Gly Gly Trp Ser Phe

1400 1405 1410
ggc ggt gcc gtt gcc ttc gag gtt gcc cac caa ctg gtt ggc tcc gat 4387

Gly Gly Ala Val Ala Phe Glu Val Ala His Gln Leu Val Gly Ser Asp

1415 1420 1425
gtt gag gta gct acc gtg gcg ttg ctg gat act gtg cag cct tca aac 4435
Val Glu Val Ala Thr Val Ala Leu Leu Asp Thr Val Gln Pro Ser Asn

1430 1435 1440 1445
cca gca cca gat acc gct gag gaa act cgt gca cgc tgg act cgc tac 4483
Pro Ala Pro Asp Thr Ala Glu Glu Thr Arg Ala Arg Trp Thr Arg Tyr

1450 1455 1460
gcg gac ttc gcc aag aag acc tac ggc ctt gat ttc gag gta cct ttt 4531
Ala Asp Phe Ala Lys Lys Thr Tyr Gly Leu Asp Phe Glu Val Pro Phe

1465 1470 1475
gaa atc ttg gac acc atc ggt gaa gac gga atg ctg tcc atg atg acc 4579
Glu Ile Leu Asp Thr Ile Gly Glu Asp Gly Met Leu Ser Met Met Thr

1480 1485 1490
gac ttc ctg gcc aac acc gac gcc tcc gag cac gga ttg tcc gca ggt 4627
Asp Phe Leu Ala Asn Thr Asp Ala Ser Glu His Gly Leu Ser Ala Gly

1495 1500 1505
gtg ctt gaa cac cag cgc gct tct ttt gtg gac aac cgc atc ctg gct 4675
Val Leu Glu His Gln Arg Ala Ser Phe Val Asp Asn Arg Ile Leu Ala

1510 1515 1520 1525
aaa ctt aat ttt gca gac tgg gcc aac gtt gaa gcc cct gtc atc ctg 4723
Lys Leu Asn Phe Ala Asp Trp Ala Asn Val Glu Ala Pro Val Ile Leu

1530 1535 1540
ttc cgc gcg gaa cgc atg cat gat gga gct atc gaa ctt gaa cca aac 4771
Phe Arg Ala Glu Arg Met His Asp Gly Ala Ile Glu Leu Glu Pro Asn

1545 1550 1555
tat gcc aag att gat caa gat gga gga tgg tcc gga att gtc aac gat 4819
Tyr Ala Lys Ile Asp Gln Asp Gly Gly Trp Ser Gly Ile Val Asn Asp

1560 1565 1570
ttg gaa att gtt cag ctg aat ggt gac cac ctg gca gtt gtc gat gaa 4867
Leu Glu Ile Val Gln Leu Asn Gly Asp His Leu Ala Val Val Asp Glu

1575 1580 1585
cca gaa atc ggc aca gtc gga gct cat ttg agt cgc cgc att gat gag 4915
Pro Glu Ile Gly Thr Val Gly Ala His Leu Ser Arg Arg Ile Asp Glu

1590 1595 1600 1605
att tct cgg aag aat tagtaacgga gagctgacgg aag 4953
Ile Ser Arg Lys Asn

1610

<210> 56
<211> 1610
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 56

```

Met Glu Gln Ser Gln Ser Ser Asp Gln Lys Met Thr Val Glu Gln Val
 1             5             10             15

Arg Thr Trp Leu Arg Asp Trp Val Val Arg Thr Thr Gly Ile Pro Val
      20             25             30

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

Arg Asp Val Val Val Leu Ser Gly Glu Leu Glu Asn Leu Leu Asp Thr
      50             55             60

Ser Leu Asp Ala Thr Ile Ala Tyr Glu Tyr Pro Thr Ile Arg Ser Leu
      65             70             75             80

Ala Gln Arg Leu Val Glu Gly Glu Pro Arg Arg Ala His Thr Gln Arg
      85             90             95

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

Ala Val Val Gly Met Ala Ala Arg Tyr Pro Gly Ala Glu Ser Leu Glu
      115            120            125

Asp Met Trp Lys Leu Leu Val Glu Gly Arg Asp Gly Ile Ser Asp Leu
      130            135            140

Pro Ile Gly Arg Trp Ser Glu Tyr Ala Gly Asp Glu Val Met Ser Arg
      145            150            155            160

Lys Met Glu Glu Phe Ser Thr Ile Gly Gly Tyr Leu Ser Asp Ile Ser
      165            170            175

Ser Phe Asp Ala Glu Phe Phe Gly Leu Ser Pro Leu Glu Ala Ala Asn
      180            185            190

Met Asp Pro Gln Gln Arg Ile Leu Leu Glu Leu Thr Trp Glu Ala Leu
      195            200            205

Glu Tyr Ala Arg Ile Ala Pro Asn Thr Leu Arg Gly Glu Ala Val Gly
      210            215            220

Val Phe Ile Gly Ser Ser Asn Asn Asp Tyr Gly Met Met Ile Ala Ala
      225            230            235            240

Asp Pro Ala Glu Ala His Pro Tyr Ala Leu Thr Gly Thr Ser Ser Ala
      245            250            255

Ile Val Ala Asn Arg Ile Asn Tyr Ala Phe Asp Phe Arg Gly Pro Ser
      260            265            270

Val Asn Val Asp Thr Ala Cys Ser Ser Ser Leu Val Ala Val His Gln
      275            280            285

```

Ala Val Arg Ala Leu Arg Asn Gly Glu Ala Asp His Ala Ile Ala Gly
290 295 300

Gly Val Asn Ile Leu Ala Ser Pro Phe Val Thr Thr Ala Phe Ala Glu
305 310 315 320

Leu Gly Val Ile Ser Pro Thr Gly Lys Ile His Ala Phe Ser Asp Asp
325 330 335

Ala Asp Gly Phe Val Arg Ser Asp Gly Ala Gly Val Val Val Leu Lys
340 345 350

Arg Val Asp Asp Ala Ile Arg Asp Gly Asp Lys Ile Ile Gly Val Ile
355 360 365

Lys Gly Ser Ala Val Asn Ser Asp Gly His Ser Asn Gly Leu Thr Ala
370 375 380

Pro Asn Pro Asp Ala Gln Val Asp Val Leu Gln Arg Ala Tyr Val Asp
385 390 395 400

Ala Gln Val Asp Pro Thr Thr Val Asp Tyr Val Glu Ala His Gly Thr
405 410 415

Gly Thr Ile Leu Gly Asp Pro Ile Glu Ala Thr Ala Leu Gly Ala Val
420 425 430

Leu Gly Tyr Gly Arg Asp Ala Ser Thr Pro Thr Leu Leu Gly Ser Ala
435 440 445

Lys Ser Asn Phe Gly His Thr Glu Ser Ala Ala Gly Ile Ala Gly Val
450 455 460

Ile Lys Val Leu Leu Ala Leu Gln Asn Lys Thr Leu Pro Pro Thr Val
465 470 475 480

Asn Phe Ala Gly Pro Asn Arg Tyr Ile Asp Phe Asp Ala Glu Arg Leu
485 490 495

Glu Val Val Glu Asp Pro Arg Glu Trp Pro Glu Tyr Asn Gly His Ala
500 505 510

Val Ala Gly Val Ser Ala Phe Gly Phe Gly Gly Thr Asn Ala His Val
515 520 525

Val Ile Ser Glu Tyr Asn Ala Glu Asp Tyr Glu Thr Arg Ala Pro Lys
530 535 540

Glu Ala Leu Leu Pro Asp Gln Gln Val Ala Leu Pro Val Ser Gly His
545 550 555 560

Leu Pro Ser Arg Arg Arg Gln Ala Ala Ala Asp Leu Ala Asp Phe Leu
565 570 575

Glu Gly Arg Lys Asp Cys Asp Leu Thr Pro Val Ala Arg Ala Leu Ala
580 585 590

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

595	600	605
Glu Glu Ala Val Lys Arg Leu Arg Gln Val Ala Glu Gly Lys Val Ser		
610	615	620
Val Gly Ile Ser Ala Ala Asp Ser Pro Ala Ala Asn Gly Pro Val Phe		
625	630	635
Val Tyr Ser Gly Phe Gly Ser Gln His Arg Leu Met Ile Lys Glu Leu		
645	650	655
Cys Ser Ile Ser Pro Gln Phe Arg Glu Arg Ile Glu Glu Leu Asp Glu		
660	665	670
Met Val Lys Phe Glu Ser Gly Trp Ser Ile Met Lys Leu Val Leu Asp		
675	680	685
Asp Glu Gln Thr Tyr Asp Thr Glu Thr Ala Gln Val Val Ile Thr Ala		
690	695	700
Ile Gln Ile Ala Leu Thr Asp Leu Leu Ala Ser Phe Gly Val Lys Pro		
705	710	715
Ala Ala Val Met Gly Met Ser Met Gly Glu Ile Ala Ala Ala Tyr Ala		
725	730	735
Ala Gly Gly Leu Ser Asp Arg Asp Thr Met Leu Ile Ala Ser His Arg		
740	745	750
Ser Arg Leu Met Gly Glu Gly Glu Lys Ser Leu Ala Glu Asp Gln Leu		
755	760	765
Gly Ala Met Ala Val Val Glu Phe Ala Ala Ala Asp Leu Asp Lys Phe		
770	775	780
Ile Glu Glu Asn Pro Glu Tyr Lys Gly Ile Glu Pro Ala Val Tyr Ala		
785	790	795
Gly Pro Gly Met Thr Thr Val Gly Gly Pro Arg Asp Ala Val Val Gln		
805	810	815
Phe Val Glu Lys Leu Glu Ser Glu Asp Lys Phe Ala Arg Leu Leu Asn		
820	825	830
Val Lys Gly Ala Gly His Thr Ser Ala Val Glu Pro Leu Leu Gly Glu		
835	840	845
Leu Ala Gly Glu Ile Ala Gly Ile Glu Pro Leu Pro Leu Gln Ile Pro		
850	855	860
Leu Phe Ser Ser Val Asp Gln Gly Val Thr Tyr Pro Val Gly Ala Val		
865	870	875
Val His Asp Ala Asp Tyr Met Leu Arg Cys Thr Arg Gln Ser Val Tyr		
885	890	895
Phe Gln Asp Ser Thr Glu Ala Ala Phe Ala Ala Gly His Asn Thr Leu		
900	905	910

Val Glu Ile Ser Pro Asn Pro Val Ala Leu Met Gly Met Met Asn Thr
915 920 925

Ala Phe Thr Val Gly Lys Pro Asp Ala Gln Leu Leu Phe Ser Leu Lys
930 935 940

Arg Lys Val Pro Glu Ala Glu Ser Leu Arg Asp Leu Leu Ala Lys Leu
945 950 955 960

Tyr Val Asn Gly Ala Asn Val Asp Phe Ser Ala Leu Tyr Gly Glu Gly
965 970 975

Glu Thr Ile Asp Pro Pro His Ile Thr Trp Lys His Gln Arg Phe Trp
980 985 990

Thr Ser Ala Arg Pro Ser Ser Gly Ala Ser Leu Asp Leu Pro Gly Phe
995 1000 1005

Arg Val Asn Leu Pro Asn Asn Thr Val Ala Phe Ser Thr Ala Ala Glu
1010 1015 1020

Leu Ala Pro Ser Ala Val Ala Ile Met Glu Ala Ala Ala Met Ala Val
1025 1030 1035 1040

Thr Pro Gly Ser Ser Val Asp Ala Val Asp Glu Arg Asp Met Leu Pro
1045 1050 1055

Pro Ser Gly Glu Ile Thr Thr Ile Val Thr Arg Ser Leu Gly Gly Leu
1060 1065 1070

Ser Leu Ser Val Tyr Lys Ile Glu Gly Thr Thr Ser Thr Leu Val Ala
1075 1080 1085

Glu Gly Phe Ala Ala Asn Pro Gly Phe Ala Ala Ala Ser Ser Phe Asp
1090 1095 1100

Gly Pro Gly Tyr Asp Gly Phe Asn Thr Asp Tyr Ser Asp Gln Pro Asp
1105 1110 1115 1120

Pro Arg Ser Asp Leu Pro Leu Asp Ile Glu Ala Val Arg Trp Asp Pro
1125 1130 1135

Ala Thr Glu Thr Val Glu Glu Arg Met Arg Ala Ile Val Ser Glu Ala
1140 1145 1150

Met Gly Tyr Asp Val Asp Asp Leu Pro Arg Glu Leu Pro Leu Ile Asp
1155 1160 1165

Leu Gly Leu Asp Ser Leu Met Gly Met Arg Ile Lys Asn Arg Ile Glu
1170 1175 1180

Asn Asp Phe Gln Ile Pro Pro Leu Gln Val Gln Ala Leu Arg Asp Ala
1185 1190 1195 1200

Ser Val Ala Asp Val Val Ile Met Val Glu Asn Met Val Ala Gly Arg
1205 1210 1215

Ser Ser Glu Thr Leu Val Asp Ala Thr Pro Gln Val Pro Ala Glu Ala

1220	1225	1230
Ala Gly Glu Ala Gln Ala Ala Glu Ser Ser Ala Ser Gly Glu Asp Val		
1235	1240	1245
Gln Gly Val Gly Val Ala Pro Arg Asp Ala Ser Glu Arg Met Val Phe		
1250	1255	1260
Gly Thr Trp Ala Gly Leu Thr Gly Ala Ala Ala Ala Gly Val Thr Ser		
1265	1270	1275
Lys Leu Pro Gln Ile Asp Val Asp Thr Ala Thr Ala Ile Ala Glu Arg		
1285	1290	1295
Leu Thr Glu Arg Ser Gly Ile Glu Ile Ser Thr Glu Gln Val Leu Ala		
1300	1305	1310
Ala Glu Thr Leu Glu Pro Leu Ser Asp Leu Val Arg Glu Gly Leu Glu		
1315	1320	1325
Thr Glu Val Gln Gly Asn Ile Arg Val Leu Arg Gly Arg Ala Glu Gly		
1330	1335	1340
Ser Thr Lys Pro Ala Val Phe Met Phe His Pro Ala Gly Gly Ser Ser		
1345	1350	1355
Val Val Tyr Gln Pro Leu Met Arg Arg Leu Pro Glu Asp Val Pro Val		
1365	1370	1375
Tyr Gly Val Glu Arg Leu Glu Gly Asp Leu Ala Asp Arg Ala Ala Ala		
1380	1385	1390
Tyr Val Asp Asp Ile Lys Lys Tyr Ser Asp Gly Phe Pro Val Val Leu		
1395	1400	1405
Gly Gly Trp Ser Phe Gly Gly Ala Val Ala Phe Glu Val Ala His Gln		
1410	1415	1420
Leu Val Gly Ser Asp Val Glu Val Ala Thr Val Ala Leu Leu Asp Thr		
1425	1430	1435
Val Gln Pro Ser Asn Pro Ala Pro Asp Thr Ala Glu Glu Thr Arg Ala		
1445	1450	1455
Arg Trp Thr Arg Tyr Ala Asp Phe Ala Lys Lys Thr Tyr Gly Leu Asp		
1460	1465	1470
Phe Glu Val Pro Phe Glu Ile Leu Asp Thr Ile Gly Glu Asp Gly Met		
1475	1480	1485
Leu Ser Met Met Thr Asp Phe Leu Ala Asn Thr Asp Ala Ser Glu His		
1490	1495	1500
Gly Leu Ser Ala Gly Val Leu Glu His Gln Arg Ala Ser Phe Val Asp		
1505	1510	1515
Asn Arg Ile Leu Ala Lys Leu Asn Phe Ala Asp Trp Ala Asn Val Glu		
1525	1530	1535

Ala Pro Val Ile Leu Phe Arg Ala Glu Arg Met His Asp Gly Ala Ile
1540 1545 1550

Glu Leu Glu Pro Asn Tyr Ala Lys Ile Asp Gln Asp Gly Gly Trp Ser
1555 1560 1565

Gly Ile Val Asn Asp Leu Glu Ile Val Gln Leu Asn Gly Asp His Leu
1570 1575 1580

Ala Val Val Asp Glu Pro Glu Ile Gly Thr Val Gly Ala His Leu Ser
1585 1590 1595 1600

Arg Arg Ile Asp Glu Ile Ser Arg Lys Asn
1605 1610

<210> 57

<211> 930

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(907)

<223> RXA02691

<400> 57

cttagggctt atctgttttc cagccttget ttttactagg cgctcctgtc ccgcttcagt 60
caccaaaacc acaccctgg ttatgaccag atcggctaaa atg aac acc atg cct 115
Met Asn Thr Met Pro

1 5
gac caa ccg ctc aac cag gac gga ttc cct acc gca tcc aaa ggg gtg 163
Asp Gln Pro Leu Asn Gln Asp Gly Phe Pro Thr Ala Ser Lys Gly Val

10 15 20
gaa ccc gac aac ctc ccc gac cgc gtt ctc gtg gac ggc ctt aaa cca 211
Glu Pro Asp Asn Leu Pro Asp Arg Val Leu Val Asp Gly Leu Lys Pro

25 30 35
aag cat cag cag ctt cgt gaa att ttg gag gaa atc tgc acc acc cag 259
Lys His Gln Gln Leu Arg Glu Ile Leu Glu Glu Ile Cys Thr Thr Gln

40 45 50
ctt cag cct ggg gac atg ctg cct ggt gag cgc atc ctg gaa gaa aag 307
Leu Gln Pro Gly Asp Met Leu Pro Gly Glu Arg Ile Leu Glu Glu Lys

55 60 65
tat ggc gtc agc cga att acg gtt cgt cgg gcg att ggt gat ctg gtc 355
Tyr Gly Val Ser Arg Ile Thr Val Arg Arg Ala Ile Gly Asp Leu Val

70 75 80 85
gcg tcc ggc agg ttg aag cga gct cgc ggc aaa ggt acc ttc gtg gcc 403
Ala Ser Gly Arg Leu Lys Arg Ala Arg Gly Lys Gly Thr Phe Val Ala

90 95 100

cac tcg ccg ttg att tcc cgc ctg cat ttg gcc tcg ttt tcc gca gag 451
His Ser Pro Leu Ile Ser Arg Leu His Leu Ala Ser Phe Ser Ala Glu

105 110 115
atg gcc gcc cag aag cta tcg gct acc agc agg att ttg agt tct tcc 499
Met Ala Ala Gln Lys Leu Ser Ala Thr Ser Arg Ile Leu Ser Ser Ser

120 125 130
cgc ggt ccc gcc cca gat gat att gct gat ttc ttt ggt acc gat cgc 547
Arg Gly Pro Ala Pro Asp Asp Ile Ala Asp Phe Phe Gly Thr Asp Arg

135 140 145
gcg gcc cag cac atc acg ttg cgc cgc ctg cgc ttt gga aat ggt cga 595
Ala Ala Gln His Ile Thr Leu Arg Arg Leu Arg Phe Gly Asn Gly Arg

150 155 160 165
ccc tat gcc att gac aac ggt tgg tac aac tcc gaa ttc gca cct gac 643
Pro Tyr Ala Ile Asp Asn Gly Trp Tyr Asn Ser Glu Phe Ala Pro Asp

170 175 180
ctg ctg gaa aat gat gtg tac aac tcc gtg tac tcc atc ctg gac cgc 691
Leu Leu Glu Asn Asp Val Tyr Asn Ser Val Tyr Ser Ile Leu Asp Arg

185 190 195
gtc tat ggc gtc ccc gtc acc cag gcc gag caa acg gtc acc gcc gta 739
Val Tyr Gly Val Pro Val Thr Gln Ala Glu Gln Thr Val Thr Ala Val

200 205 210
gca gcc gac gaa gac acc gca cgg ctt ctg gac gtc acc ccc ggc gcc 787
Ala Ala Asp Glu Asp Thr Ala Arg Leu Leu Asp Val Thr Pro Gly Ala

215 220 225
cca ctc ctt cgt atc ctt cga cag tca ctt tct ggc gat aag ccc gtg 835
Pro Leu Leu Arg Ile Leu Arg Gln Ser Leu Ser Gly Asp Lys Pro Val

230 235 240 245
gaa tgg tgc gtt tcc ttg tac cga acc gac cga tat tct tta aaa aca 883
Glu Trp Cys Val Ser Leu Tyr Arg Thr Asp Arg Tyr Ser Leu Lys Thr

250 255 260
ttg gtt aca cgc tcc gaa gat ctc tgacgtgaac ccattttggt ggc 930
Leu Val Thr Arg Ser Glu Asp Leu

265

<210> 58

<211> 269

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 58

Met Asn Thr Met Pro Asp Gln Pro Leu Asn Gln Asp Gly Phe Pro Thr
1 5 10 15

Ala Ser Lys Gly Val Glu Pro Asp Asn Leu Pro Asp Arg Val Leu Val
20 25 30

Asp Gly Leu Lys Pro Lys His Gln Gln Leu Arg Glu Ile Leu Glu Glu
35 40 45

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

Ile Leu Glu Glu Lys Tyr Gly Val Ser Arg Ile Thr Val Arg Arg Ala
65 70 75 80

Ile Gly Asp Leu Val Ala Ser Gly Arg Leu Lys Arg Ala Arg Gly Lys
85 90 95

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

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

Ile Leu Ser Ser Ser Arg Gly Pro Ala Pro Asp Asp Ile Ala Asp Phe
130 135 140

Phe Gly Thr Asp Arg Ala Ala Gln His Ile Thr Leu Arg Arg Leu Arg
145 150 155 160

Phe Gly Asn Gly Arg Pro Tyr Ala Ile Asp Asn Gly Trp Tyr Asn Ser
165 170 175

Glu Phe Ala Pro Asp Leu Leu Glu Asn Asp Val Tyr Asn Ser Val Tyr
180 185 190

Ser Ile Leu Asp Arg Val Tyr Gly Val Pro Val Thr Gln Ala Glu Gln
195 200 205

Thr Val Thr Ala Val Ala Ala Asp Glu Asp Thr Ala Arg Leu Leu Asp
210 215 220

Val Thr Pro Gly Ala Pro Leu Leu Arg Ile Leu Arg Gln Ser Leu Ser
225 230 235 240

Gly Asp Lys Pro Val Glu Trp Cys Val Ser Leu Tyr Arg Thr Asp Arg
245 250 255

Tyr Ser Leu Lys Thr Leu Val Thr Arg Ser Glu Asp Leu
260 265

<210> 59

<211> 1968

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1945)

<223> RXA00880

<400> 59

tccatgtggt taaagatatg cctaaagatc tgaccaaaaa cgtgactaaa gacgtgacga 60
cacaagtaca gccaaattaa aggaaagggtt gaatttgacc atg act tca cct aat 115
Met Thr Ser Pro Asn

1 5
acc ctg cag gaa tac act gaa cct gcc aag tac acc atc gga gaa tct 163
Thr Leu Gln Glu Tyr Thr Glu Pro Ala Lys Tyr Thr Ile Gly Glu Ser

10 15 20
gaa acc tgc ctg acc gcc ctt cta gat cag att aag act cga cct tac 211
Glu Thr Cys Leu Thr Ala Leu Leu Asp Gln Ile Lys Thr Arg Pro Tyr

25 30 35
gga gtt ttg ttc agc aag cct gcc aac tat gag tgg gtg aat gta act 259
Gly Val Leu Phe Ser Lys Pro Ala Asn Tyr Glu Trp Val Asn Val Thr

40 45 50
gcc aaa gaa ttt cag gac gag gtt ttt gcg gtt gca aaa gga att att 307
Ala Lys Glu Phe Gln Asp Glu Val Phe Ala Val Ala Lys Gly Ile Ile

55 60 65
tca gtc ggc gta gag cag gga gac cgt gtc gcg ctg ctg tcc aat act 355
Ser Val Gly Val Glu Gln Gly Asp Arg Val Ala Leu Leu Ser Asn Thr

70 75 80 85
cgc tat gag tgg gct gtg ctt gat ttc gct atc tgg gcc gct ggc gca 403
Arg Tyr Glu Trp Ala Val Leu Asp Phe Ala Ile Trp Ala Ala Gly Ala

90 95 100
gtg agc gtg cct atc tac agc tcc tct tca ctg tcc caa att gag tgg 451
Val Ser Val Pro Ile Tyr Ser Ser Ser Ser Leu Ser Gln Ile Glu Trp

105 110 115
atc att gag gat tcc ggc gct gtt ttg gcc att acc gaa acc cct gat 499
Ile Ile Glu Asp Ser Gly Ala Val Leu Ala Ile Thr Glu Thr Pro Asp

120 125 130
cat acc gac ttg atg aag aac ctg gtc atc ggt gaa gac gga act cca 547
His Thr Asp Leu Met Lys Asn Leu Val Ile Gly Glu Asp Gly Thr Pro

135 140 145
gcg att aag ggt tca cct tcc aag ctg cgc cgc att cta gag atc aac 595
Ala Ile Lys Gly Ser Pro Ser Lys Leu Arg Arg Ile Leu Glu Ile Asn

150 155 160 165
tct tcg gcg ttg gag acc ttg aag ttt gag ggc cgc gag ctt tct gat 643
Ser Ser Ala Leu Glu Thr Leu Lys Phe Glu Gly Arg Glu Leu Ser Asp

170 175 180
gag ctg gtg tgg gaa cgc att cat gca acc aag gcc gct gac ctg gcg 691
Glu Leu Val Trp Glu Arg Ile His Ala Thr Lys Ala Ala Asp Leu Ala

185 190 195

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

atc aag atc aat gaa gat ggc gaa atc atg cta aaa ggc gag atg ttg 1411
Ile Lys Ile Asn Glu Asp Gly Glu Ile Met Leu Lys Gly Glu Met Leu

425 430 435
ttc cag gga tat tgg aac aac cca gaa gcc aca gca gaa gcc ctc cac 1459
Phe Gln Gly Tyr Trp Asn Asn Pro Glu Ala Thr Ala Glu Ala Leu His

440 445 450
gac ggt tgg ttc aac acc ggc gat ctg ggt gag ctg ttg gag tct gga 1507
Asp Gly Trp Phe Asn Thr Gly Asp Leu Gly Glu Leu Leu Glu Ser Gly

455 460 465
cac ctg gtg atc acc gga cgt aag aaa gat ctg atc gtg acc gcg ggc 1555
His Leu Val Ile Thr Gly Arg Lys Lys Asp Leu Ile Val Thr Ala Gly

470 475 480 485
ggc aag aac gtt tcc cca gga ccc atg gaa gac atc atc cgc gca cac 1603
Gly Lys Asn Val Ser Pro Gly Pro Met Glu Asp Ile Ile Arg Ala His

490 495 500
cca ctg gtc agc cag gcc atg gtg gtg ggc gat ggt aaa cca ttc gtt 1651
Pro Leu Val Ser Gln Ala Met Val Val Gly Asp Gly Lys Pro Phe Val

505 510 515
ggc ctg ctg gtg acc ttg gat cca gat atg ttg aag cgg tgg aag ctg 1699
Gly Leu Leu Val Thr Leu Asp Pro Asp Met Leu Lys Arg Trp Lys Leu

520 525 530
aac cac aac att gcg gaa tcc cgc acg gtt tct gag att gct act gat 1747
Asn His Asn Ile Ala Glu Ser Arg Thr Val Ser Glu Ile Ala Thr Asp

535 540 545
cct gca ctg cgt gcg gaa atc cag gat gca gtc aac aac gct aat gcc 1795
Pro Ala Leu Arg Ala Glu Ile Gln Asp Ala Val Asn Asn Ala Asn Ala

550 555 560 565
acg gtg tct cat tca gag gcg atc aag cgg ttc tac atc ctt gat cgc 1843
Thr Val Ser His Ser Glu Ala Ile Lys Arg Phe Tyr Ile Leu Asp Arg

570 575 580
gac ctg acc gag gaa gcc gac gag ctg acc cca acg ctg aag gtc aag 1891
Asp Leu Thr Glu Glu Ala Asp Glu Leu Thr Pro Thr Leu Lys Val Lys

585 590 595
cgc aac gtt gtt gtt cgc cgt tac gca gac gcc atc gac cac atc tac 1939
Arg Asn Val Val Val Arg Arg Tyr Ala Asp Ala Ile Asp His Ile Tyr

600 605 610
aac cga tgagtaacac agagacccaa ttt 1968
Asn Arg

615

<210> 60

<211> 615

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 60

```

Met Thr Ser Pro Asn Thr Leu Gln Glu Tyr Thr Glu Pro Ala Lys Tyr
 1           5           10           15

Thr Ile Gly Glu Ser Glu Thr Cys Leu Thr Ala Leu Leu Asp Gln Ile
          20           25           30

Lys Thr Arg Pro Tyr Gly Val Leu Phe Ser Lys Pro Ala Asn Tyr Glu
          35           40           45

Trp Val Asn Val Thr Ala Lys Glu Phe Gln Asp Glu Val Phe Ala Val
          50           55           60

Ala Lys Gly Ile Ile Ser Val Gly Val Glu Gln Gly Asp Arg Val Ala
65           70           75           80

Leu Leu Ser Asn Thr Arg Tyr Glu Trp Ala Val Leu Asp Phe Ala Ile
          85           90           95

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

Ser Gln Ile Glu Trp Ile Ile Glu Asp Ser Gly Ala Val Leu Ala Ile
          115          120          125

Thr Glu Thr Pro Asp His Thr Asp Leu Met Lys Asn Leu Val Ile Gly
          130          135          140

Glu Asp Gly Thr Pro Ala Ile Lys Gly Ser Pro Ser Lys Leu Arg Arg
          145          150          155          160

Ile Leu Glu Ile Asn Ser Ser Ala Leu Glu Thr Leu Lys Phe Glu Gly
          165          170          175

Arg Glu Leu Ser Asp Glu Leu Val Trp Glu Arg Ile His Ala Thr Lys
          180          185          190

Ala Ala Asp Leu Ala Ser Leu Val Tyr Thr Ser Gly Thr Thr Gly Arg
          195          200          205

Pro Lys Gly Cys Glu Leu Ser His Tyr His Trp Leu Ala Glu Val Arg
          210          215          220

Ala Leu Ile Thr Asn Asp Ile Gly Ala Ile Ala Met Pro Gly Ser Arg
          225          230          235          240

Leu Leu Thr Phe Leu Pro Leu Ala His Val Leu Ala Arg Ala Val His
          245          250          255

Leu Ala Phe Ala Val Thr Gly Ala Thr Gln Ser His Trp Ser Asp Phe
          260          265          270

Ser Thr Leu Thr Leu Glu Leu Gln Arg Ser Arg Pro Asn Leu Ile Leu
          275          280          285

```

Gly Val Pro Arg Val Phe Glu Lys Val Arg Asn Ala Ala Ala Ala Asn
 290 295 300
 Ala Ala Asp Gly Gly Ala Ile Lys Arg Ile Met Phe Glu Arg Ala Glu
 305 310 315 320
 Lys Ala Ala Ile Glu Tyr Ser Met Ala Leu Asp Thr Ala Glu Gly Pro
 325 330 335
 Ser Lys Ser Gln Val Met Ala His Lys Ala Phe Asp Lys Leu Val Tyr
 340 345 350
 Ser Lys Ile Arg Ala Ala Val Gly Gly Asp Val Gln Tyr Ala Ile Thr
 355 360 365
 Gly Gly Ser Ala Met Gly Gln Glu Leu Leu His Phe Phe Arg Gly Val
 370 375 380
 Gly Met Thr Ile Tyr Glu Gly Tyr Gly Leu Thr Glu Ser Ala Ala Ala
 385 390 395 400
 Ala Ala Val Asp Phe Thr Asp Gln Lys Ile Gly Thr Val Gly Lys Pro
 405 410 415
 Met Gly Gly Met Thr Ile Lys Ile Asn Glu Asp Gly Glu Ile Met Leu
 420 425 430
 Lys Gly Glu Met Leu Phe Gln Gly Tyr Trp Asn Asn Pro Glu Ala Thr
 435 440 445
 Ala Glu Ala Leu His Asp Gly Trp Phe Asn Thr Gly Asp Leu Gly Glu
 450 455 460
 Leu Leu Glu Ser Gly His Leu Val Ile Thr Gly Arg Lys Lys Asp Leu
 465 470 475 480
 Ile Val Thr Ala Gly Gly Lys Asn Val Ser Pro Gly Pro Met Glu Asp
 485 490 495
 Ile Ile Arg Ala His Pro Leu Val Ser Gln Ala Met Val Val Gly Asp
 500 505 510
 Gly Lys Pro Phe Val Gly Leu Leu Val Thr Leu Asp Pro Asp Met Leu
 515 520 525
 Lys Arg Trp Lys Leu Asn His Asn Ile Ala Glu Ser Arg Thr Val Ser
 530 535 540
 Glu Ile Ala Thr Asp Pro Ala Leu Arg Ala Glu Ile Gln Asp Ala Val
 545 550 555 560
 Asn Asn Ala Asn Ala Thr Val Ser His Ser Glu Ala Ile Lys Arg Phe
 565 570 575
 Tyr Ile Leu Asp Arg Asp Leu Thr Glu Glu Ala Asp Glu Leu Thr Pro
 580 585 590
 Thr Leu Lys Val Lys Arg Asn Val Val Val Arg Arg Tyr Ala Asp Ala

595 600 605

Ile Asp His Ile Tyr Asn Arg
610 615

<210> 61
<211> 1047
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1024)
<223> RXA01060

<400> 61
ttccatttac acatctgttc gactcgcgcc cgaatgatgt cgcacaaaca tgagaagcta 60
cttcataact ttactgatt gataagaatg gacaaagaca atg aac cgc aca ctc 115
Met Asn Arg Thr Leu

1 5
cga aca ctt ggc tgg ctt gct gcc gta att caa gaa gat ccg gag ccc 163
Arg Thr Leu Gly Trp Leu Ala Ala Val Ile Gln Glu Asp Pro Glu Pro

10 15 20
tgg ttc acc act gat ccc gac acc gat tat gtc cct tat gta aat agt 211
Trp Phe Thr Thr Asp Pro Asp Thr Asp Tyr Val Pro Tyr Val Asn Ser

25 30 35
ttc tca ttt gaa tcc ctt tcc ctc gtt cca gat gct ctg atg ctg ctc 259
Phe Ser Phe Glu Ser Leu Ser Leu Val Pro Asp Ala Leu Met Leu Leu

40 45 50
aaa cgt tct ctt cac ctt gcg atg gag caa cag gac ctc cca gtg aag 307
Lys Arg Ser Leu His Leu Ala Met Glu Gln Gln Asp Leu Pro Val Lys

55 60 65
gat cta caa gaa gca ctg agg cac gta cta gtt ttc aaa ttc cac ttc 355
Asp Leu Gln Glu Ala Leu Arg His Val Leu Val Phe Lys Phe His Phe

70 75 80 85
agg gaa gaa tgg gag ctg gaa tta gca tgg gac tcc gag cgg acc aag 403
Arg Glu Glu Trp Glu Leu Glu Leu Ala Trp Asp Ser Glu Arg Thr Lys

90 95 100
tct gcg gtg aga att att gag agc aca aaa gaa tct ctt gcc gat caa 451
Ser Ala Val Arg Ile Ile Glu Ser Thr Lys Glu Ser Leu Ala Asp Gln

105 110 115
tac aga gat tac aaa tac gca ttc ttg cct gag cta att ttc cag gaa 499
Tyr Arg Asp Tyr Lys Tyr Ala Phe Leu Pro Glu Leu Ile Phe Gln Glu

120 125 130
tca cgc ggg atc ttt gac ttt gag ctg gag gga tac acc ctc aaa gta 547

Ser Arg Gly Ile Phe Asp Phe Glu Leu Glu Gly Tyr Thr Leu Lys Val

135 140 145
gga caa agc acg ctt tcc att cct tgg gac atg atc gcc aat ggt tat 595
Gly Gln Ser Thr Leu Ser Ile Pro Trp Asp Met Ile Ala Asn Gly Tyr

150 155 160 165
gtc cct gca agt ctt cgg aat ttt gga gaa tta atg gac cgt gac acc 643
Val Pro Ala Ser Leu Arg Asn Phe Gly Glu Leu Met Asp Arg Asp Thr

170 175 180
gga gat ctt gat gca gat ccc att ctg aga cct cga gaa ctc aaa ttt 691
Gly Asp Leu Asp Ala Asp Pro Ile Leu Arg Pro Arg Glu Leu Lys Phe

185 190 195
gag atc cat aat tgt cca gat ctt aat cct tgg ata atg cgg gaa act 739
Glu Ile His Asn Cys Pro Asp Leu Asn Pro Trp Ile Met Arg Glu Thr

200 205 210
ttt gat ttc atg atg gaa atc gca act gaa aca gga tgg ttc cat gct 787
Phe Asp Phe Met Met Glu Ile Ala Thr Glu Thr Gly Trp Phe His Ala

215 220 225
ctc aac ccc gca tat aat tcc gtc tac acc tac gat ctt att tct cgc 835
Leu Asn Pro Ala Tyr Asn Ser Val Tyr Thr Tyr Asp Leu Ile Ser Arg

230 235 240 245
atg cca gat ttc ctt gtt gaa ggg agc ttt cgt ccg cat tca gtg aaa 883
Met Pro Asp Phe Leu Val Glu Gly Ser Phe Arg Pro His Ser Val Lys

250 255 260
cga tct tgg gaa aaa att caa aag ata gct aaa gct gtt gag tct tat 931
Arg Ser Trp Glu Lys Ile Gln Lys Ile Ala Lys Ala Val Glu Ser Tyr

265 270 275
gca tct cac gat tac tgc atg tca acg ctg aca cat gac tac agg gca 979
Ala Ser His Asp Tyr Cys Met Ser Thr Leu Thr His Asp Tyr Arg Ala

280 285 290
atc gag tta tcc ctg acg cct aca aaa act gag gaa cca agc aca 1024
Ile Glu Leu Ser Leu Thr Pro Thr Lys Thr Glu Glu Pro Ser Thr

295 300 305
taagaaaacc tcgcctgccc act 1047

<210> 62
<211> 308
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 62
Met Asn Arg Thr Leu Arg Thr Leu Gly Trp Leu Ala Ala Val Ile Gln

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

<210> 63
 <211> 1848
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1825)
 <223> RXN01722

<400> 63
 ctcatccccc tcgctaaaag ctgcataaag ttctgacgtt ttcaaagttg attgcttgca 60
 ctgtcgttgc gtgtcgcacg ccccggtat tgttgattgc atg ctc agc acg atg 115
 Met Leu Ser Thr Met

 1 5
 cag gac gtc cca ctg tca tta acc aga atc ctc gag tac ggg tcc act 163
 Gln Asp Val Pro Leu Ser Leu Thr Arg Ile Leu Glu Tyr Gly Ser Thr

 10 15 20
 gtt cac ggt gat act ttg atc acc acg tgg ggc ggt gcc gat ggc att 211
 Val His Gly Asp Thr Leu Ile Thr Thr Trp Gly Gly Ala Asp Gly Ile

 25 30 35
 gaa caa gca cag caa act ttt agt gct gtg ggg gct aga gct gcg gct 259
 Glu Gln Ala Gln Gln Thr Phe Ser Ala Val Gly Ala Arg Ala Ala Ala

 40 45 50
 ttg gct cat gcg ctg cat gat tct tta ggt att act ggg gat cag cga 307
 Leu Ala His Ala Leu His Asp Ser Leu Gly Ile Thr Gly Asp Gln Arg

 55 60 65
 gtg gcg tcg atg ctc tat aac tgc gcg gaa cac atg gaa act atg ttt 355
 Val Ala Ser Met Leu Tyr Asn Cys Ala Glu His Met Glu Thr Met Phe

 70 75 80 85
 gca gtc gca tgc atg ggt gcc gtg ttt aat ccg ctg aac aag cag ttg 403
 Ala Val Ala Cys Met Gly Ala Val Phe Asn Pro Leu Asn Lys Gln Leu

 90 95 100
 atg aat gat cag att gtg ttc att ctc aat cac tct gaa gct gaa gtg 451
 Met Asn Asp Gln Ile Val Phe Ile Leu Asn His Ser Glu Ala Glu Val

 105 110 115
 gtt atc gct gat ccg cgc atg gct gaa caa ttg ggt gag atc tta aaa 499
 Val Ile Ala Asp Pro Arg Met Ala Glu Gln Leu Gly Glu Ile Leu Lys

 120 125 130
 gaa aca cca aaa gtt cgt gcc gtg gtg ttt att gga ccg aat gat ttc 547
 Glu Thr Pro Lys Val Arg Ala Val Val Phe Ile Gly Pro Asn Asp Phe

 135 140 145
 tct agc gcg gcg gcc cac atg ccg gag gga atg aag ctg tat tcc tat 595

Ser Ser Ala Ala Ala His Met Pro Glu Gly Met Lys Leu Tyr Ser Tyr

150 155 160 165
gaa gcg ctc ctt gac ggc cgt tcc act gtt tac aac tgg ccc gag cag 643
Glu Ala Leu Leu Asp Gly Arg Ser Thr Val Tyr Asn Trp Pro Glu Gln

170 175 180
gat gaa cgc act gct gct gca att tgc tat tcc acc ggt aca tcg gga 691
Asp Glu Arg Thr Ala Ala Ala Ile Cys Tyr Ser Thr Gly Thr Ser Gly

185 190 195
ccg ccg aag ggt gtg gtg tat tcc cac cgc tcg ctt tat tta cag tcg 739
Pro Pro Lys Gly Val Val Tyr Ser His Arg Ser Leu Tyr Leu Gln Ser

200 205 210
ttg agc ttg cgc acc acg gat tcc ctc gca gtg gaa cac ggc gaa acg 787
Leu Ser Leu Arg Thr Thr Asp Ser Leu Ala Val Glu His Gly Glu Thr

215 220 225
ttc ctg tgc tgt gtg ccg att tac cac gtc ctc agc tgg ggc gtg ccg 835
Phe Leu Cys Cys Val Pro Ile Tyr His Val Leu Ser Trp Gly Val Pro

230 235 240 245
atc gca gcg ttt atg tcc ggc act ccc ctg gtg ctt cct gga ccg gat 883
Ile Ala Ala Phe Met Ser Gly Thr Pro Leu Val Leu Pro Gly Pro Asp

250 255 260
ctt tct gcg ccg aca ttg gca aag atc att tcc acc acg ctg cct cgc 931
Leu Ser Ala Pro Thr Leu Ala Lys Ile Ile Ser Thr Thr Leu Pro Arg

265 270 275
gtg gcg cat ggc gtg cct act ctc tgg att cag ctg atg gtt cac tac 979
Val Ala His Gly Val Pro Thr Leu Trp Ile Gln Leu Met Val His Tyr

280 285 290
ctg aaa aat ccc cca gag cgt atg tct ctg cgt gag cta tac gtg ggc 1027
Leu Lys Asn Pro Pro Glu Arg Met Ser Leu Arg Glu Leu Tyr Val Gly

295 300 305
ggt tct gcg gtg cct cca atc gtg atc acc atg tgg gag cag cgc tat 1075
Gly Ser Ala Val Pro Pro Ile Val Ile Thr Met Trp Glu Gln Arg Tyr

310 315 320 325
ggc gtg gat gtt gtc cac gtg tgg ggt atg acg gaa acc tcc acc gtg 1123
Gly Val Asp Val Val His Val Trp Gly Met Thr Glu Thr Ser Thr Val

330 335 340
ggt act gtg tct cgc cca cca tca ggt gtt tct ggt gaa agc cgg tgg 1171
Gly Thr Val Ser Arg Pro Pro Ser Gly Val Ser Gly Glu Ser Arg Trp

345 350 355
aat tat cga gtc tcc cag ggc cga ttc ccc gcc tcc ctg cag tac cgc 1219
Asn Tyr Arg Val Ser Gln Gly Arg Phe Pro Ala Ser Leu Gln Tyr Arg

360 365 370
att gtc aac gac ggc cag gtc atg gcg tcc acc gac cgc aac gag ggc 1267

Ile Val Asn Asp Gly Gln Val Met Ala Ser Thr Asp Arg Asn Glu Gly

375 380 385
gag att cag gtc cgc ggt ccg tgg gtg act gca agt tac ttc cac ccc 1315
Glu Ile Gln Val Arg Gly Pro Trp Val Thr Ala Ser Tyr Phe His Pro

390 395 400 405
gat gtg gaa aaa gaa ggt ggc acc gcc tca aca ttc cgc gac cat gac 1363
Asp Val Glu Lys Glu Gly Gly Thr Ala Ser Thr Phe Arg Asp His Asp

410 415 420
gtt gaa gag gaa aac gat gag ctc ttc acc gcc gac ggc tgg ctg cgc 1411
Val Glu Glu Glu Asn Asp Glu Leu Phe Thr Ala Asp Gly Trp Leu Arg

425 430 435
acc ggg gac gtt gga tct gtc acc agc gat gga ttc ctc acc atc caa 1459
Thr Gly Asp Val Gly Ser Val Thr Ser Asp Gly Phe Leu Thr Ile Gln

440 445 450
gac cgc gcc cgc gat gtc atc cgt tct ggc ggc gag tgg att tac tcc 1507
Asp Arg Ala Arg Asp Val Ile Arg Ser Gly Gly Glu Trp Ile Tyr Ser

455 460 465
gct cag ctg gaa aac ctc atc gtg gct acg gaa gag gtt gtc gaa tgc 1555
Ala Gln Leu Glu Asn Leu Ile Val Ala Thr Glu Glu Val Val Glu Cys

470 475 480 485
gcc gtc att ggc ttc ccc gat gac aag tgg gtg gaa cgt ccc ctc gca 1603
Ala Val Ile Gly Phe Pro Asp Asp Lys Trp Val Glu Arg Pro Leu Ala

490 495 500
gtc acc atg ctc tac ccc ggc att gaa cgc acc cgg gaa acc gcc gag 1651
Val Thr Met Leu Tyr Pro Gly Ile Glu Arg Thr Arg Glu Thr Ala Glu

505 510 515
cgc ctc cgc gat caa ctt cgc gac cgc cta ccc aac tgg atg ctg cca 1699
Arg Leu Arg Asp Gln Leu Arg Asp Arg Leu Pro Asn Trp Met Leu Pro

520 525 530
gaa tat tgg aca ttt gtt gat gag gtg gat aaa acc tcc gtc ggt aaa 1747
Glu Tyr Trp Thr Phe Val Asp Glu Val Asp Lys Thr Ser Val Gly Lys

535 540 545
tat gac aag aag gac ctc cgc aac cac ctg cgc aac ggc gat ttc gaa 1795
Tyr Asp Lys Lys Asp Leu Arg Asn His Leu Arg Asn Gly Asp Phe Glu

550 555 560 565
gta att aag ctt aaa ggg cca ggt gaa aaa taacttcct atttattccg 1845
Val Ile Lys Leu Lys Gly Pro Gly Glu Lys

570 575
gct 1848

<210> 64
<211> 575

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 64

Met Leu Ser Thr Met Gln Asp Val Pro Leu Ser Leu Thr Arg Ile Leu
1 5 10 15

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

Gly Ala Asp Gly Ile Glu Gln Ala Gln Gln Thr Phe Ser Ala Val Gly
35 40 45

Ala Arg Ala Ala Ala Leu Ala His Ala Leu His Asp Ser Leu Gly Ile
50 55 60

Thr Gly Asp Gln Arg Val Ala Ser Met Leu Tyr Asn Cys Ala Glu His
65 70 75 80

Met Glu Thr Met Phe Ala Val Ala Cys Met Gly Ala Val Phe Asn Pro
85 90 95

Leu Asn Lys Gln Leu Met Asn Asp Gln Ile Val Phe Ile Leu Asn His
100 105 110

Ser Glu Ala Glu Val Val Ile Ala Asp Pro Arg Met Ala Glu Gln Leu
115 120 125

Gly Glu Ile Leu Lys Glu Thr Pro Lys Val Arg Ala Val Val Phe Ile
130 135 140

Gly Pro Asn Asp Phe Ser Ser Ala Ala Ala His Met Pro Glu Gly Met
145 150 155 160

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

Asn Trp Pro Glu Gln Asp Glu Arg Thr Ala Ala Ala Ile Cys Tyr Ser
180 185 190

Thr Gly Thr Ser Gly Pro Pro Lys Gly Val Val Tyr Ser His Arg Ser
195 200 205

Leu Tyr Leu Gln Ser Leu Ser Leu Arg Thr Thr Asp Ser Leu Ala Val
210 215 220

Glu His Gly Glu Thr Phe Leu Cys Cys Val Pro Ile Tyr His Val Leu
225 230 235 240

Ser Trp Gly Val Pro Ile Ala Ala Phe Met Ser Gly Thr Pro Leu Val
245 250 255

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

Thr Thr Leu Pro Arg Val Ala His Gly Val Pro Thr Leu Trp Ile Gln

275	280	285
Leu Met Val His Tyr Leu Lys Asn Pro Pro Glu Arg Met Ser Leu Arg		
290	295	300
Glu Leu Tyr Val Gly Gly Ser Ala Val Pro Pro Ile Val Ile Thr Met		
305	310	315
Trp Glu Gln Arg Tyr Gly Val Asp Val Val His Val Trp Gly Met Thr		
	325	330
		335
Glu Thr Ser Thr Val Gly Thr Val Ser Arg Pro Pro Ser Gly Val Ser		
	340	345
		350
Gly Glu Ser Arg Trp Asn Tyr Arg Val Ser Gln Gly Arg Phe Pro Ala		
	355	360
		365
Ser Leu Gln Tyr Arg Ile Val Asn Asp Gly Gln Val Met Ala Ser Thr		
	370	375
		380
Asp Arg Asn Glu Gly Glu Ile Gln Val Arg Gly Pro Trp Val Thr Ala		
385	390	395
		400
Ser Tyr Phe His Pro Asp Val Glu Lys Glu Gly Gly Thr Ala Ser Thr		
	405	410
		415
Phe Arg Asp His Asp Val Glu Glu Glu Asn Asp Glu Leu Phe Thr Ala		
	420	425
		430
Asp Gly Trp Leu Arg Thr Gly Asp Val Gly Ser Val Thr Ser Asp Gly		
	435	440
		445
Phe Leu Thr Ile Gln Asp Arg Ala Arg Asp Val Ile Arg Ser Gly Gly		
	450	455
		460
Glu Trp Ile Tyr Ser Ala Gln Leu Glu Asn Leu Ile Val Ala Thr Glu		
465	470	475
		480
Glu Val Val Glu Cys Ala Val Ile Gly Phe Pro Asp Asp Lys Trp Val		
	485	490
		495
Glu Arg Pro Leu Ala Val Thr Met Leu Tyr Pro Gly Ile Glu Arg Thr		
	500	505
		510
Arg Glu Thr Ala Glu Arg Leu Arg Asp Gln Leu Arg Asp Arg Leu Pro		
	515	520
		525
Asn Trp Met Leu Pro Glu Tyr Trp Thr Phe Val Asp Glu Val Asp Lys		
	530	535
		540
Thr Ser Val Gly Lys Tyr Asp Lys Lys Asp Leu Arg Asn His Leu Arg		
545	550	555
		560
Asn Gly Asp Phe Glu Val Ile Lys Leu Lys Gly Pro Gly Glu Lys		
	565	570
		575

<210> 65

<211> 1848

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1825)

<223> FRXA01722

<220>

<221> VARIANT

<222> 479

<223> Xaa = Thr

<220>

<221> VARIANT

<222> 574

<223> Xaa = Glu

<400> 65

ctcattcccc tcgctaaaag ctgcataaag tttcgacgtt ttcaaagttg attgcttgca 60
ctgtcgttgc gtgtcgcatg ccccggtat tgttgattgc atg ctc agc acg atg 115
Met Leu Ser Thr Met

1 5
cag gac gtc cca ctg tca tta acc aga atc ctc gag tac ggg tcc act 163
Gln Asp Val Pro Leu Ser Leu Thr Arg Ile Leu Glu Tyr Gly Ser Thr

10 15 20
gtt cac ggt gat act ttg atc acc acg tgg ggc ggt gcc gat ggc att 211
Val His Gly Asp Thr Leu Ile Thr Thr Trp Gly Gly Ala Asp Gly Ile

25 30 35
gaa caa gca cag caa act ttt agt gct gtg ggg gct aga gct gcg gct 259
Glu Gln Ala Gln Gln Thr Phe Ser Ala Val Gly Ala Arg Ala Ala Ala

40 45 50
ttg gct cat gcg ctg cat gat tct tta ggt att act ggg gat cag cga 307
Leu Ala His Ala Leu His Asp Ser Leu Gly Ile Thr Gly Asp Gln Arg

55 60 65
gtg gcg tcg atg ctc tat aac tgc gcg gaa cac atg gaa act atg ttt 355
Val Ala Ser Met Leu Tyr Asn Cys Ala Glu His Met Glu Thr Met Phe

70 75 80 85
gca gtc gca tgc atg ggt gcc gtg ttt aat ccg ctg aac aag cag ttg 403
Ala Val Ala Cys Met Gly Ala Val Phe Asn Pro Leu Asn Lys Gln Leu

90 95 100
atg aat gat cag att gtg ttc att ctc aat cac tct gaa gct gaa gtg 451
Met Asn Asp Gln Ile Val Phe Ile Leu Asn His Ser Glu Ala Glu Val

105 110 115
gtt atc gct gat ccg cgc atg gct gaa caa ttg ggt gag atc tta aaa 499

Val Ile Ala Asp Pro Arg Met Ala Glu Gln Leu Gly Glu Ile Leu Lys

120 125 130
gaa aca cca aaa gtt cgt gcc gtg gtg ttt att gga ccg aat gat ttc 547
Glu Thr Pro Lys Val Arg Ala Val Val Phe Ile Gly Pro Asn Asp Phe

135 140 145
tct agc gcg gcg gcc cac atg ccg gag gga atg aag ctg tat tcc tat 595
Ser Ser Ala Ala Ala His Met Pro Glu Gly Met Lys Leu Tyr Ser Tyr

150 155 160 165
gaa gcg ctc ctt gac gcc cgt tcc act gtt tac aac tgg ccc gag cag 643
Glu Ala Leu Leu Asp Gly Arg Ser Thr Val Tyr Asn Trp Pro Glu Gln

170 175 180
gat gaa cgc act gct gct gca att tgc tat tcc acc ggt aca tcg gga 691
Asp Glu Arg Thr Ala Ala Ala Ile Cys Tyr Ser Thr Gly Thr Ser Gly

185 190 195
ccg ccg aag ggt gtg gtg tat tcc cac cgc tcg ctt tat tta cag tcg 739
Pro Pro Lys Gly Val Val Tyr Ser His Arg Ser Leu Tyr Leu Gln Ser

200 205 210
ttg agc ttg cgc acc acg gat tcc ctc gca gtg gaa cac gcc gaa acg 787
Leu Ser Leu Arg Thr Thr Asp Ser Leu Ala Val Glu His Gly Glu Thr

215 220 225
ttc ctg tgc tgt gtg ccg att tac cac gtc ctc agc tgg gcc gtg ccg 835
Phe Leu Cys Cys Val Pro Ile Tyr His Val Leu Ser Trp Gly Val Pro

230 235 240 245
atc gca gcg ttt atg tcc gcc act ccc ctg gtg ctt cct gga ccg gat 883
Ile Ala Ala Phe Met Ser Gly Thr Pro Leu Val Leu Pro Gly Pro Asp

250 255 260
ctt tct gcg ccg aca ttg gca aag atc att tcc acc acg ctg cct cgc 931
Leu Ser Ala Pro Thr Leu Ala Lys Ile Ile Ser Thr Thr Leu Pro Arg

265 270 275
gtg gcg cat gcc gtg cct act ctc tgg att cag ctg atg gtt cac tac 979
Val Ala His Gly Val Pro Thr Leu Trp Ile Gln Leu Met Val His Tyr

280 285 290
ctg aaa aat ccc cca gag cgt atg tct ctg cgt gag cta tac gtg gcc 1027
Leu Lys Asn Pro Pro Glu Arg Met Ser Leu Arg Glu Leu Tyr Val Gly

295 300 305
ggt tct gcg gtg cct cca atc gtg atc acc atg tgg gag cag cgc tat 1075
Gly Ser Ala Val Pro Pro Ile Val Ile Thr Met Trp Glu Gln Arg Tyr

310 315 320 325
ggc gtg gat gtt gtc cac gtg tgg ggt atg acg gaa acc tcc acc gtg 1123
Gly Val Asp Val Val His Val Trp Gly Met Thr Glu Thr Ser Thr Val

330 335 340
ggt act gtg tct cgc cca cca tca ggt gtt tct ggt gaa agc cgg tgg 1171

Gly Thr Val Ser Arg Pro Pro Ser Gly Val Ser Gly Glu Ser Arg Trp

345 350 355
aat tat cga gtc tcc cag ggc cga ttc ccc gcc tcc ctg cag tac cgc 1219
Asn Tyr Arg Val Ser Gln Gly Arg Phe Pro Ala Ser Leu Gln Tyr Arg

360 365 370
att gtc aac gac ggc cag gtc atg gcg tcc acc gac cgc aac gag ggc 1267
Ile Val Asn Asp Gly Gln Val Met Ala Ser Thr Asp Arg Asn Glu Gly

375 380 385
gag att cag gtc cgc ggt ccg tgg gtg act gca agt tac ttc cac ccc 1315
Glu Ile Gln Val Arg Gly Pro Trp Val Thr Ala Ser Tyr Phe His Pro

390 395 400 405
gat gtg gaa aaa gaa ggt ggc acc gcc tca aca ttc cgc gac cat gac 1363
Asp Val Glu Lys Glu Gly Gly Thr Ala Ser Thr Phe Arg Asp His Asp

410 415 420
gtt gaa gag gaa aac gat gag ctc ttc acc gcc gac ggc tgg ctg cgc 1411
Val Glu Glu Glu Asn Asp Glu Leu Phe Thr Ala Asp Gly Trp Leu Arg

425 430 435
acc ggg gac gtt gga tct gtc acc agc gat gga ttc ctc acc atc caa 1459
Thr Gly Asp Val Gly Ser Val Thr Ser Asp Gly Phe Leu Thr Ile Gln

440 445 450
gac cgc gcc cgc gat gtc atc cgt tct ggc ggc gag tgg att tac tcc 1507
Asp Arg Ala Arg Asp Val Ile Arg Ser Gly Gly Glu Trp Ile Tyr Ser

455 460 465
gct cag ctg gaa aac ctc atc gtg gct acs gaa gag gtt gtc gaa tgc 1555
Ala Gln Leu Glu Asn Leu Ile Val Ala Xaa Glu Glu Val Val Glu Cys

470 475 480 485
gcc gtc att ggc ttc ccc gat gac aag tgg gtg gaa cgt ccc ctc gca 1603
Ala Val Ile Gly Phe Pro Asp Asp Lys Trp Val Glu Arg Pro Leu Ala

490 495 500
gtc acc atg ctc tac ccc ggc att gaa cgc acc cgg gaa acc gcc gag 1651
Val Thr Met Leu Tyr Pro Gly Ile Glu Arg Thr Arg Glu Thr Ala Glu

505 510 515
cgc ctc cgc gat caa ctt cgc gac cgc cta ccc aac tgg atg ctg cca 1699
Arg Leu Arg Asp Gln Leu Arg Asp Arg Leu Pro Asn Trp Met Leu Pro

520 525 530
gaa tat tgg aca ttt gtt gat gag gtg gat aaa acc tcc gtc ggt aaa 1747
Glu Tyr Trp Thr Phe Val Asp Glu Val Asp Lys Thr Ser Val Gly Lys

535 540 545
tat gac aag aag gac ctc cgc aac cac ctg cgc aac ggc gat ttc gaa 1795
Tyr Asp Lys Lys Asp Leu Arg Asn His Leu Arg Asn Gly Asp Phe Glu

550 555 560 565

gta att aag ctt aaa ggg cca ggt gar aaa taacttcct atttattccg 1845
Val Ile Lys Leu Lys Gly Pro Gly Xaa Lys

570 575
gct 1848

<210> 66
<211> 575
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 479
<223> Xaa = Thr

<220>
<221> VARIANT
<222> 574
<223> Xaa = Glu

<400> 66
Met Leu Ser Thr Met Gln Asp Val Pro Leu Ser Leu Thr Arg Ile Leu
1 5 10 15

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

Gly Ala Asp Gly Ile Glu Gln Ala Gln Gln Thr Phe Ser Ala Val Gly
35 40 45

Ala Arg Ala Ala Ala Leu Ala His Ala Leu His Asp Ser Leu Gly Ile
50 55 60

Thr Gly Asp Gln Arg Val Ala Ser Met Leu Tyr Asn Cys Ala Glu His
65 70 75 80

Met Glu Thr Met Phe Ala Val Ala Cys Met Gly Ala Val Phe Asn Pro
85 90 95

Leu Asn Lys Gln Leu Met Asn Asp Gln Ile Val Phe Ile Leu Asn His
100 105 110

Ser Glu Ala Glu Val Val Ile Ala Asp Pro Arg Met Ala Glu Gln Leu
115 120 125

Gly Glu Ile Leu Lys Glu Thr Pro Lys Val Arg Ala Val Val Phe Ile
130 135 140

Gly Pro Asn Asp Phe Ser Ser Ala Ala Ala His Met Pro Glu Gly Met
145 150 155 160

Lys Leu Tyr Ser Tyr Glu Ala Leu Leu Asp Gly Arg Ser Thr Val Tyr

165	170	175
Asn Trp Pro Glu Gln Asp Glu Arg Thr Ala Ala Ala Ile Cys Tyr Ser		
180	185	190
Thr Gly Thr Ser Gly Pro Pro Lys Gly Val Val Tyr Ser His Arg Ser		
195	200	205
Leu Tyr Leu Gln Ser Leu Ser Leu Arg Thr Thr Asp Ser Leu Ala Val		
210	215	220
Glu His Gly Glu Thr Phe Leu Cys Cys Val Pro Ile Tyr His Val Leu		
225	230	235 240
Ser Trp Gly Val Pro Ile Ala Ala Phe Met Ser Gly Thr Pro Leu Val		
245	250	255
Leu Pro Gly Pro Asp Leu Ser Ala Pro Thr Leu Ala Lys Ile Ile Ser		
260	265	270
Thr Thr Leu Pro Arg Val Ala His Gly Val Pro Thr Leu Trp Ile Gln		
275	280	285
Leu Met Val His Tyr Leu Lys Asn Pro Pro Glu Arg Met Ser Leu Arg		
290	295	300
Glu Leu Tyr Val Gly Gly Ser Ala Val Pro Pro Ile Val Ile Thr Met		
305	310	315 320
Trp Glu Gln Arg Tyr Gly Val Asp Val Val His Val Trp Gly Met Thr		
325	330	335
Glu Thr Ser Thr Val Gly Thr Val Ser Arg Pro Pro Ser Gly Val Ser		
340	345	350
Gly Glu Ser Arg Trp Asn Tyr Arg Val Ser Gln Gly Arg Phe Pro Ala		
355	360	365
Ser Leu Gln Tyr Arg Ile Val Asn Asp Gly Gln Val Met Ala Ser Thr		
370	375	380
Asp Arg Asn Glu Gly Glu Ile Gln Val Arg Gly Pro Trp Val Thr Ala		
385	390	395 400
Ser Tyr Phe His Pro Asp Val Glu Lys Glu Gly Gly Thr Ala Ser Thr		
405	410	415
Phe Arg Asp His Asp Val Glu Glu Glu Asn Asp Glu Leu Phe Thr Ala		
420	425	430
Asp Gly Trp Leu Arg Thr Gly Asp Val Gly Ser Val Thr Ser Asp Gly		
435	440	445
Phe Leu Thr Ile Gln Asp Arg Ala Arg Asp Val Ile Arg Ser Gly Gly		
450	455	460
Glu Trp Ile Tyr Ser Ala Gln Leu Glu Asn Leu Ile Val Ala Xaa Glu		
465	470	475 480

Glu Val Val Glu Cys Ala Val Ile Gly Phe Pro Asp Asp Lys Trp Val
485 490 495

Glu Arg Pro Leu Ala Val Thr Met Leu Tyr Pro Gly Ile Glu Arg Thr
500 505 510

Arg Glu Thr Ala Glu Arg Leu Arg Asp Gln Leu Arg Asp Arg Leu Pro
515 520 525

Asn Trp Met Leu Pro Glu Tyr Trp Thr Phe Val Asp Glu Val Asp Lys
530 535 540

Thr Ser Val Gly Lys Tyr Asp Lys Lys Asp Leu Arg Asn His Leu Arg
545 550 555 560

Asn Gly Asp Phe Glu Val Ile Lys Leu Lys Gly Pro Gly Xaa Lys
565 570 575

<210> 67

<211> 1401

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1378)

<223> RXA01644

<400> 67

gtaggtagag gcttgtggtc actacttgtg gccacat ttt aaaaaaatgc acaagaagag 60
aaagcaaagc attatgagta acgccgtagc gcaggacctc atg acc atc gcc gac 115
Met Thr Ile Ala Asp

1 5
atc gtc gag gcc acg acc act gca ccc atc cca ttc cac atc act gcc 163
Ile Val Glu Ala Thr Thr Thr Ala Pro Ile Pro Phe His Ile Thr Ala

10 15 20
ttc gat gga agc ttc act ggc cct gaa gat gct ccc tac cag ctg ttt 211
Phe Asp Gly Ser Phe Thr Gly Pro Glu Asp Ala Pro Tyr Gln Leu Phe

25 30 35
gtt gcc aac acg gat gca gta tcc tac atc gca aca gcg cca gga gat 259
Val Ala Asn Thr Asp Ala Val Ser Tyr Ile Ala Thr Ala Pro Gly Asp

40 45 50
ttg ggt ttg gca cgt gcc tac ctc atg gga gac ctc atc gtg gaa ggt 307
Leu Gly Leu Ala Arg Ala Tyr Leu Met Gly Asp Leu Ile Val Glu Gly

55 60 65
gag cat ccc ggc cat cct tat ggg atc ttt gat gcg ttg aag gag ttc 355
Glu His Pro Gly His Pro Tyr Gly Ile Phe Asp Ala Leu Lys Glu Phe

70 75 80 85
tac cgc tgc ttc aaa cgc cca gat gca tcc acc acc ttg cag atc atg 403

Tyr Arg Cys Phe Lys Arg Pro Asp Ala Ser Thr Thr Leu Gln Ile Met

90 95 100
tgg act ctg cgg aaa atg aat gcc tta aaa ttc cag gaa att cca cca 451
Trp Thr Leu Arg Lys Met Asn Ala Leu Lys Phe Gln Glu Ile Pro Pro

105 110 115
atg gaa caa gcc cct gca tgg cgt aaa gca ctg atc aac ggg cta gca 499
Met Glu Gln Ala Pro Ala Trp Arg Lys Ala Leu Ile Asn Gly Leu Ala

120 125 130
tcc agg cac tcg aaa tcc cgc gac aag aaa gcc att agc tac cac tac 547
Ser Arg His Ser Lys Ser Arg Asp Lys Lys Ala Ile Ser Tyr His Tyr

135 140 145
gac gtg ggc aat gag ttc tac tcc ctg ttt tta gat gat tcc atg acc 595
Asp Val Gly Asn Glu Phe Tyr Ser Leu Phe Leu Asp Asp Ser Met Thr

150 155 160 165
tat acc tgc gcg tat tat cca acg cca gaa tca agt ttg gaa gaa gcc 643
Tyr Thr Cys Ala Tyr Tyr Pro Thr Pro Glu Ser Ser Leu Glu Glu Ala

170 175 180
caa gaa aac aaa tac cgc ctc atc ttt gaa aaa ctg cgt ctg aaa gaa 691
Gln Glu Asn Lys Tyr Arg Leu Ile Phe Glu Lys Leu Arg Leu Lys Glu

185 190 195
ggc gat cgc ctc cta gac gtg gga tgc ggt tgg gga ggc atg gtc cgc 739
Gly Asp Arg Leu Leu Asp Val Gly Cys Gly Trp Gly Gly Met Val Arg

200 205 210
tac gcc gcc aaa cac ggt gtg aaa gcc atc gga gtt acg ctg tct gaa 787
Tyr Ala Ala Lys His Gly Val Lys Ala Ile Gly Val Thr Leu Ser Glu

215 220 225
cag caa tat gag tgg ggt caa gca gag atc aaa cgc caa ggt ttg gaa 835
Gln Gln Tyr Glu Trp Gly Gln Ala Glu Ile Lys Arg Gln Gly Leu Glu

230 235 240 245
gac ctc gcg gaa att cgc ttc atg gat tac cgc gat gtt cca gaa act 883
Asp Leu Ala Glu Ile Arg Phe Met Asp Tyr Arg Asp Val Pro Glu Thr

250 255 260
gga ttc gat gcg atc tca gca atc ggc atc att gaa cac atc ggt gtg 931
Gly Phe Asp Ala Ile Ser Ala Ile Gly Ile Ile Glu His Ile Gly Val

265 270 275
aac aac tat ccc gac tac ttt gaa ttg ctc agc agc aaa ctc aaa aca 979
Asn Asn Tyr Pro Asp Tyr Phe Glu Leu Leu Ser Ser Lys Leu Lys Thr

280 285 290
ggc gga ctg atg ctc aac cac agc atc acc tac cca gac aac cgc ccc 1027
Gly Gly Leu Met Leu Asn His Ser Ile Thr Tyr Pro Asp Asn Arg Pro

295 300 305
cgc cac gca ggt gca ttt att gat cgc tac att ttc ccc gac ggt gaa 1075

Arg His Ala Gly Ala Phe Ile Asp Arg Tyr Ile Phe Pro Asp Gly Glu

310 315 320 325
ctc act ggc tct ggc acc ctg atc aag cac atg cag gac aac ggt ttc 1123
Leu Thr Gly Ser Gly Thr Leu Ile Lys His Met Gln Asp Asn Gly Phe

330 335 340
gaa gtg ctg cac gaa gaa aac ctc cgc ttt gat tac caa cgc acc ctg 1171
Glu Val Leu His Glu Glu Asn Leu Arg Phe Asp Tyr Gln Arg Thr Leu

345 350 355
cac gcg tgg tgc gaa aac ctc aaa gaa aat tgg gag gaa gca gtt gaa 1219
His Ala Trp Cys Glu Asn Leu Lys Glu Asn Trp Glu Glu Ala Val Glu

360 365 370
ctc gcc ggt gaa ccc act gca cga ctc ttt ggc ctg tac atg gca ggt 1267
Leu Ala Gly Glu Pro Thr Ala Arg Leu Phe Gly Leu Tyr Met Ala Gly

375 380 385
tcg gaa tgg gga ttt gcc cac aac atc gtc cag ctg cac caa gta ctg 1315
Ser Glu Trp Gly Phe Ala His Asn Ile Val Gln Leu His Gln Val Leu

390 395 400 405
ggg gtg aaa ctc gat gag cag gga agt cgc gga gaa gtt cct gaa aga 1363
Gly Val Lys Leu Asp Glu Gln Gly Ser Arg Gly Glu Val Pro Glu Arg

410 415 420
atg tgg tgg act atc taaagaaaca atgtttcttt tta 1401
Met Trp Trp Thr Ile

425

<210> 68
<211> 426
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 68
Met Thr Ile Ala Asp Ile Val Glu Ala Thr Thr Thr Ala Pro Ile Pro
1 5 10 15

Phe His Ile Thr Ala Phe Asp Gly Ser Phe Thr Gly Pro Glu Asp Ala
20 25 30

Pro Tyr Gln Leu Phe Val Ala Asn Thr Asp Ala Val Ser Tyr Ile Ala
35 40 45

Thr Ala Pro Gly Asp Leu Gly Leu Ala Arg Ala Tyr Leu Met Gly Asp
50 55 60

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

Ala Leu Lys Glu Phe Tyr Arg Cys Phe Lys Arg Pro Asp Ala Ser Thr

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

Leu His Gln Val Leu Gly Val Lys Leu Asp Glu Gln Gly Ser Arg Gly
405 410 415

Glu Val Pro Glu Arg Met Trp Trp Thr Ile
420 425

<210> 69

<211> 1437

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1414)

<223> RXA02029

<400> 69

cgcacgtaca ctacttttag cagttaaccc gccgaacttt cttgattaag tattcattga 60
gcgttcttgg cataaatccc actggaggtg catcaaactg atg gca gag gca cgt 115
Met Ala Glu Ala Arg

1 5
ttg cgc cat ctt gaa ccc att gat gtg gaa gag tgg cct ggg gtg gcg 163
Leu Arg His Leu Glu Pro Ile Asp Val Glu Glu Trp Pro Gly Val Ala

10 15 20
tca gtg ccc aac cta gcg ttt gct ggt gca cgc gca cgg caa gca gaa 211
Ser Val Pro Asn Leu Ala Phe Ala Gly Ala Arg Ala Arg Gln Ala Glu

25 30 35
tat cga ttt gcc aag gcc tgc agc aac gca ggt tta gtt ctg cta gga 259
Tyr Arg Phe Ala Lys Ala Cys Ser Asn Ala Gly Leu Val Leu Leu Gly

40 45 50
aat gac ccg gat ctc att att gat cat gag gaa tta ttc tca cgt ttg 307
Asn Asp Pro Asp Leu Ile Ile Asp His Glu Glu Leu Phe Ser Arg Leu

55 60 65
gcc gca tcg ggc tgg ctg ggg ctc gct gag agc tac atg gca ggc gag 355
Ala Ala Ser Gly Trp Leu Gly Leu Ala Glu Ser Tyr Met Ala Gly Glu

70 75 80 85
tgg cgc agc gag agg ctt gcc gac gtc ttg acc gct ttg ttg gga act 403
Trp Arg Ser Glu Arg Leu Ala Asp Val Leu Thr Ala Leu Leu Gly Thr

90 95 100
ggg ttt aaa ccc cgc ggc aaa cta tct gga tcg ttc acc ctg cca ggg 451
Gly Phe Lys Pro Arg Gly Lys Leu Ser Gly Ser Phe Thr Leu Pro Gly

105 110 115
caa gct gtg gat gcc gga ggc gca cta ccc aat gaa ctc att cgt tta 499
Gln Ala Val Asp Ala Gly Gly Ala Leu Pro Asn Glu Leu Ile Arg Leu

120

125

130

agt tca ggt gat ggc atg agc gca ttt ggt gga gtt ttt gcc tcc ggt	547
Ser Ser Gly Asp Gly Met Ser Ala Phe Gly Gly Val Phe Ala Ser Gly	
135 140 145	
ggt cca acc act tta cgt acc gca gtg aaa agc cat gtg ccg gga gct	595
Val Pro Thr Thr Leu Arg Thr Ala Val Lys Ser His Val Pro Gly Ala	
150 155 160 165	
ggt cgc aat agg gag ccc gca tct cac ttt gtg gat atc acc aag atc	643
Gly Arg Asn Arg Glu Pro Ala Ser His Phe Val Asp Ile Thr Lys Ile	
170 175 180	
tcg gag cct gtg gcc gtg gag cgt gaa gac ctc ggc gag gct cag cgc	691
Ser Glu Pro Val Ala Val Glu Arg Glu Asp Leu Gly Glu Ala Gln Arg	
185 190 195	
cga gca gcg tcc ttt ttg ctt gac ggc gcc aaa gtt aaa gcc gga agc	739
Arg Ala Ala Ser Phe Leu Leu Asp Gly Ala Lys Val Lys Ala Gly Ser	
200 205 210	
cat gtg ttg gag ttt ccc agc agt ggt gga gct tta gct att ttg gct	787
His Val Leu Glu Phe Pro Ser Ser Gly Gly Ala Leu Ala Ile Leu Ala	
215 220 225	
gct cga cgc cag gga act gtt gac gct tta acg gct gat ccc gcg caa	835
Ala Arg Arg Gln Gly Thr Val Asp Ala Leu Thr Ala Asp Pro Ala Gln	
230 235 240 245	
ggt tca agc ctg gag gag acg ttt gtg ctc gcc ggt gtg gag gag gat	883
Val Ser Ser Leu Glu Glu Thr Phe Val Leu Ala Gly Val Glu Glu Asp	
250 255 260	
att cac atc gag gtc att ccc cag gcg att ccc tcg cca cgc gaa tgg	931
Ile His Ile Glu Val Ile Pro Gln Ala Ile Pro Ser Pro Arg Glu Trp	
265 270 275	
ggt ggc gcc tac gat tcg ata gtc gcc atg gag aag cta gaa gtg gtg	979
Gly Gly Ala Tyr Asp Ser Ile Val Ala Met Glu Lys Leu Glu Val Val	
280 285 290	
ggc aag cac ggt tcc aag cgg ttt att aaa gct atc gac aga atg ctc	1027
Gly Lys His Gly Ser Lys Arg Phe Ile Lys Ala Ile Asp Arg Met Leu	
295 300 305	
acc acc ggc ggc aac gta gcc atg caa tcc ttg gta gct act gac caa	1075
Thr Thr Gly Gly Asn Val Ala Met Gln Ser Leu Val Ala Thr Asp Gln	
310 315 320 325	
tgg agt cct gtg tgt tct gaa gcg att tct ttg ctc aag gcc tat att	1123
Trp Ser Pro Val Cys Ser Glu Ala Ile Ser Leu Leu Lys Ala Tyr Ile	
330 335 340	
tgg cct gcg ctg cat tac cca act gtt gat gaa gtt cat cag ctt gtt	1171
Trp Pro Ala Leu His Tyr Pro Thr Val Asp Glu Val His Gln Leu Val	
345 350 355	

gat agg gat tct tct ctg cgc gtg gtg aag gaa aca cac ttt gcg ggc 1219
Asp Arg Asp Ser Ser Leu Arg Val Val Lys Glu Thr His Phe Ala Gly

360 365 370
cat tac cta aaa agc gtg cag ttg caa cgt gaa gtg ttt gaa ggc cag 1267
His Tyr Leu Lys Ser Val Gln Leu Gln Arg Glu Val Phe Glu Gly Gln

375 380 385
ata cgc gaa gcg gcg gca gat ggc ttt gat gcc gtc tac cgc cgc atg 1315
Ile Arg Glu Ala Ala Ala Asp Gly Phe Asp Ala Val Tyr Arg Arg Met

390 395 400 405
tgg gtg tat cac tac gcg ctt att gaa gcc ctg tta cgc ctg gga tgt 1363
Trp Val Tyr His Tyr Ala Leu Ile Glu Ala Leu Leu Arg Leu Gly Cys

410 415 420
ctc aat gca gtg caa ttt gcg ttg acg aca aga aac aga agg ggg cgt 1411
Leu Asn Ala Val Gln Phe Ala Leu Thr Thr Arg Asn Arg Arg Gly Arg

425 430 435
cga taagcaaaaa tcttttagac ctc 1437
Arg

<210> 70
<211> 438
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

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

Glu Leu Ile Arg Leu Ser Ser Gly Asp Gly Met Ser Ala Phe Gly Gly
 130 135 140
 Val Phe Ala Ser Gly Val Pro Thr Thr Leu Arg Thr Ala Val Lys Ser
 145 150 155 160
 His Val Pro Gly Ala Gly Arg Asn Arg Glu Pro Ala Ser His Phe Val
 165 170 175
 Asp Ile Thr Lys Ile Ser Glu Pro Val Ala Val Glu Arg Glu Asp Leu
 180 185 190
 Gly Glu Ala Gln Arg Arg Ala Ala Ser Phe Leu Leu Asp Gly Ala Lys
 195 200 205
 Val Lys Ala Gly Ser His Val Leu Glu Phe Pro Ser Ser Gly Gly Ala
 210 215 220
 Leu Ala Ile Leu Ala Ala Arg Arg Gln Gly Thr Val Asp Ala Leu Thr
 225 230 235 240
 Ala Asp Pro Ala Gln Val Ser Ser Leu Glu Glu Thr Phe Val Leu Ala
 245 250 255
 Gly Val Glu Glu Asp Ile His Ile Glu Val Ile Pro Gln Ala Ile Pro
 260 265 270
 Ser Pro Arg Glu Trp Gly Gly Ala Tyr Asp Ser Ile Val Ala Met Glu
 275 280 285
 Lys Leu Glu Val Val Gly Lys His Gly Ser Lys Arg Phe Ile Lys Ala
 290 295 300
 Ile Asp Arg Met Leu Thr Thr Gly Gly Asn Val Ala Met Gln Ser Leu
 305 310 315 320
 Val Ala Thr Asp Gln Trp Ser Pro Val Cys Ser Glu Ala Ile Ser Leu
 325 330 335
 Leu Lys Ala Tyr Ile Trp Pro Ala Leu His Tyr Pro Thr Val Asp Glu
 340 345 350
 Val His Gln Leu Val Asp Arg Asp Ser Ser Leu Arg Val Val Lys Glu
 355 360 365
 Thr His Phe Ala Gly His Tyr Leu Lys Ser Val Gln Leu Gln Arg Glu
 370 375 380
 Val Phe Glu Gly Gln Ile Arg Glu Ala Ala Ala Asp Gly Phe Asp Ala
 385 390 395 400
 Val Tyr Arg Arg Met Trp Val Tyr His Tyr Ala Leu Ile Glu Ala Leu
 405 410 415
 Leu Arg Leu Gly Cys Leu Asn Ala Val Gln Phe Ala Leu Thr Thr Arg
 420 425 430
 Asn Arg Arg Gly Arg Arg

435

<210> 71

<211> 1140

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1117)

<223> RXA01801

<400> 71

tttggattcc ttccgatta tgtcttgatc gccattctg tcacatccgg gttgtctaaa 60
caccgcgaa gatttcctgt gatgtgccac actggttctc atg tct aac gta gtg 115
Met Ser Asn Val Val

1 5
aac act ttt gtc cag aat tcc acc ggt atg gtg gag ctt aat cgt ccc 163
Asn Thr Phe Val Gln Asn Ser Thr Gly Met Val Glu Leu Asn Arg Pro

10 15 20
aaa gcg ctc aat tct ctt aat cag gaa atg atc gat ctc gtt cag gaa 211
Lys Ala Leu Asn Ser Leu Asn Gln Glu Met Ile Asp Leu Val Gln Glu

25 30 35
gct cta acc act tgg gct gat gat gat cag gtg cag cag gtt ctc att 259
Ala Leu Thr Thr Trp Ala Asp Asp Asp Gln Val Gln Gln Val Leu Ile

40 45 50
tac tca tcc tcg gag cgt gca ttt tgt gcc ggc ggt gat gtg cgc gcg 307
Tyr Ser Ser Ser Glu Arg Ala Phe Cys Ala Gly Gly Asp Val Arg Ala

55 60 65
gtc cgt gag agc gtg ttg gag ggc gat gtt gcg gcc ggc gat aag tat 355
Val Arg Glu Ser Val Leu Glu Gly Asp Val Ala Ala Gly Asp Lys Tyr

70 75 80 85
ttc atc gat gag ttc gcg atg aac aac acg ttg gga acc tat ccg aag 403
Phe Ile Asp Glu Phe Ala Met Asn Asn Thr Leu Gly Thr Tyr Pro Lys

90 95 100
ccg gtc att tct gtg atc aac ggc gtc gcg atg ggt ggc gga atg gga 451
Pro Val Ile Ser Val Ile Asn Gly Val Ala Met Gly Gly Gly Met Gly

105 110 115
att tcc atg cat gga tcg cac cgg atc gtc acg gaa aaa gcg ttc gcg 499
Ile Ser Met His Gly Ser His Arg Ile Val Thr Glu Lys Ala Phe Ala

120 125 130
tcg atg cct gag atg gcg atc ggc tat gtt ccc gat gtg ggc ttt act 547
Ser Met Pro Glu Met Ala Ile Gly Tyr Val Pro Asp Val Gly Phe Thr

135

140

145

tat ttc ggt cag cgt gca tgc tgc ctg gcc atc gcc aca ttt ttg gcg 595
Tyr Phe Gly Gln Arg Ala Ser Ser Leu Ala Ile Ala Thr Phe Leu Ala

150 155 160 165
gtg acc ggg tgg cgc atg agc cct gcc gat atg ctg tgg gct ggc gtc 643
Val Thr Gly Trp Arg Met Ser Pro Ala Asp Met Leu Trp Ala Gly Val

170 175 180
gca acg cat ttt gtt gag gat gcg cag ggg ttc att gat gcg gtc ttg 691
Ala Thr His Phe Val Glu Asp Ala Gln Gly Phe Ile Asp Ala Val Leu

185 190 195
aac gag tgc ctt gat ggc gcg ctg gag aaa ttc tcc acg caa cct acg 739
Asn Glu Ser Leu Asp Gly Ala Leu Glu Lys Phe Ser Thr Gln Pro Thr

200 205 210
ggc agc agc gag ctg gcc ggc gtc gcc agc cag att gag gag acc ttt 787
Gly Ser Ser Glu Leu Ala Gly Val Ala Ser Gln Ile Glu Glu Thr Phe

215 220 225
ggg cac agc tct tgg gcg ctt atc gac gcc tcc ctc cgg tct cac ccc 835
Gly His Ser Ser Trp Ala Leu Ile Asp Ala Ser Leu Arg Ser His Pro

230 235 240 245
gat gct gaa ttt gtt gcc aag gtg gat ggg ctg atg gcg tgc gca gca 883
Asp Ala Glu Phe Val Ala Lys Val Asp Gly Leu Met Ala Ser Ala Ala

250 255 260
ccg gca tgc gtg gtg gct acc gtg aag ctg atg cat caa aac agt gag 931
Pro Ala Ser Val Val Ala Thr Val Lys Leu Met His Gln Asn Ser Glu

265 270 275
gcg acc act ctg cgt gaa ggc ttg gac aat gaa ttg gcg atg tct ctt 979
Ala Thr Thr Leu Arg Glu Gly Leu Asp Asn Glu Leu Ala Met Ser Leu

280 285 290
tat atg atc cgc cag cct gat ttt gct gaa ggt gtg cgt gca gtg ttg 1027
Tyr Met Ile Arg Gln Pro Asp Phe Ala Glu Gly Val Arg Ala Val Leu

295 300 305
gtt gat aaa gac cgc aat gca gcc ttc tcc cca gcc aac tac gaa gat 1075
Val Asp Lys Asp Arg Asn Ala Ala Phe Ser Pro Ala Asn Tyr Glu Asp

310 315 320 325
gtt gat gag tca cat ttt gtg acc ttg ttc cag cgc agt tca 1117
Val Asp Glu Ser His Phe Val Thr Leu Phe Gln Arg Ser Ser

330 335
taaaaccgcc aaacttttga tag 1140

<210> 72

<211> 339

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 72

Met Ser Asn Val Val Asn Thr Phe Val Gln Asn Ser Thr Gly Met Val
1 5 10 15

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

Asp Leu Val Gln Glu Ala Leu Thr Thr Trp Ala Asp Asp Asp Gln Val
35 40 45

Gln Gln Val Leu Ile Tyr Ser Ser Ser Glu Arg Ala Phe Cys Ala Gly
50 55 60

Gly Asp Val Arg Ala Val Arg Glu Ser Val Leu Glu Gly Asp Val Ala
65 70 75 80

Ala Gly Asp Lys Tyr Phe Ile Asp Glu Phe Ala Met Asn Asn Thr Leu
85 90 95

Gly Thr Tyr Pro Lys Pro Val Ile Ser Val Ile Asn Gly Val Ala Met
100 105 110

Gly Gly Gly Met Gly Ile Ser Met His Gly Ser His Arg Ile Val Thr
115 120 125

Glu Lys Ala Phe Ala Ser Met Pro Glu Met Ala Ile Gly Tyr Val Pro
130 135 140

Asp Val Gly Phe Thr Tyr Phe Gly Gln Arg Ala Ser Ser Leu Ala Ile
145 150 155 160

Ala Thr Phe Leu Ala Val Thr Gly Trp Arg Met Ser Pro Ala Asp Met
165 170 175

Leu Trp Ala Gly Val Ala Thr His Phe Val Glu Asp Ala Gln Gly Phe
180 185 190

Ile Asp Ala Val Leu Asn Glu Ser Leu Asp Gly Ala Leu Glu Lys Phe
195 200 205

Ser Thr Gln Pro Thr Gly Ser Ser Glu Leu Ala Gly Val Ala Ser Gln
210 215 220

Ile Glu Glu Thr Phe Gly His Ser Ser Trp Ala Leu Ile Asp Ala Ser
225 230 235 240

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

Met Ala Ser Ala Ala Pro Ala Ser Val Val Ala Thr Val Lys Leu Met
260 265 270

His Gln Asn Ser Glu Ala Thr Thr Leu Arg Glu Gly Leu Asp Asn Glu
275 280 285

Leu Ala Met Ser Leu Tyr Met Ile Arg Gln Pro Asp Phe Ala Glu Gly

290 295 300

Val Arg Ala Val Leu Val Asp Lys Asp Arg Asn Ala Ala Phe Ser Pro
305 310 315 320

Ala Asn Tyr Glu Asp Val Asp Glu Ser His Phe Val Thr Leu Phe Gln
325 330 335

Arg Ser Ser

<210> 73
<211> 1086
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1063)
<223> RXN02512

<400> 73
gctggaaagt cccattggc taaggaattt accaaggcac cagcaggtgc gaaggcagat 60
tacagcaaca ccaataaaaa attagccgag ggagcatcgc atg aag ccg aag gat 115
Met Lys Pro Lys Asp

1 5
ttc tgc aca gcg gaa aat tgg gcg gag aat tta agc gca ctg ggc tat 163
Phe Cys Thr Ala Glu Asn Trp Ala Glu Asn Leu Ser Ala Leu Gly Tyr

10 15 20
cta gct ggt tgg cgt ttt gtc cgg atg ctc cct ttg cct att gct cgc 211
Leu Ala Gly Trp Arg Phe Val Arg Met Leu Pro Leu Pro Ile Ala Arg

25 30 35
cgg gtg ttt gac ctt ggg gcg gat ctg gcg tcg aaa agc gga aaa ggc 259
Arg Val Phe Asp Leu Gly Ala Asp Leu Ala Ser Lys Ser Gly Lys Gly

40 45 50
atg ggg cag cta cgc gct aat ctg gcg cgg gtg gtc ggt gcg gaa aac 307
Met Gly Gln Leu Arg Ala Asn Leu Ala Arg Val Val Gly Ala Glu Asn

55 60 65
gtt acg cag gcg ctg gtg aag caa gca acg cgc agc tat gcg cgg tat 355
Val Thr Gln Ala Leu Val Lys Gln Ala Thr Arg Ser Tyr Ala Arg Tyr

70 75 80 85
tgg ctg gaa gcg ttc cgg cta ccg gcg atc gcg cga gat cct gag ctg 403
Trp Leu Glu Ala Phe Arg Leu Pro Ala Ile Ala Arg Asp Pro Glu Leu

90 95 100
ctt gcg cgg ttg cgt aag gga act gtt ggc cta gat ttg ttg gat gaa 451
Leu Ala Arg Leu Arg Lys Gly Thr Val Gly Leu Asp Leu Leu Asp Glu

105 110 115
tct ttg gct gcc ggc aag ggc gta gtt ttg acg ctc cca cac agc ggc 499

Ser Leu Ala Ala Gly Lys Gly Val Val Leu Thr Leu Pro His Ser Gly

120 125 130
aac tgg gat atg gct ggc gct ttt ctg att agc cat cat ggg caa ttc 547
Asn Trp Asp Met Ala Gly Ala Phe Leu Ile Ser His His Gly Gln Phe

135 140 145
acc acc gtt gca gaa agg gtc aag ccg gaa cgc ttg ttt gaa gcg ttc 595
Thr Thr Val Ala Glu Arg Val Lys Pro Glu Arg Leu Phe Glu Ala Phe

150 155 160 165
gtg gag ttt cga gaa agc ctt gga ttt gag gtg ctg cct ctc acc ggt 643
Val Glu Phe Arg Glu Ser Leu Gly Phe Glu Val Leu Pro Leu Thr Gly

170 175 180
ggc gag cgt ccg ccg ttt gaa aag ctg aaa gag cgc ctg aca tct gga 691
Gly Glu Arg Pro Pro Phe Glu Lys Leu Lys Glu Arg Leu Thr Ser Gly

185 190 195
ggt atc gtg tgc ctt ctt ggg gag cgt gac ctg cgg cat tcc ggc gtg 739
Gly Ile Val Cys Leu Leu Gly Glu Arg Asp Leu Arg His Ser Gly Val

200 205 210
gag acc act ttt ttt ggt gag aag acc tcc atg cca gca gga cct gcg 787
Glu Thr Thr Phe Phe Gly Glu Lys Thr Ser Met Pro Ala Gly Pro Ala

215 220 225
cag ctg gcc att gaa aca ggt gcg gcg ctg cac gtg gtg cat cca tgg 835
Gln Leu Ala Ile Glu Thr Gly Ala Ala Leu His Val Val His Pro Trp

230 235 240 245
ttc gat gac gac ggc tgg ggt ctc agc gta tcc gat gcc gtg acc gtg 883
Phe Asp Asp Asp Gly Trp Gly Leu Ser Val Ser Asp Ala Val Thr Val

250 255 260
gat aat tta tcc gac acg gtg cag cgg atc gca cat ctt ttt atg gca 931
Asp Asn Leu Ser Asp Thr Val Gln Arg Ile Ala His Leu Phe Met Ala

265 270 275
aat att acg gcg cac ccc gct gat tgg cat atg ctc caa ccc ctg tgg 979
Asn Ile Thr Ala His Pro Ala Asp Trp His Met Leu Gln Pro Leu Trp

280 285 290
ttt ggt gat ttg gat ccg gag cgt ctc aag cgc tct agg gag cag aca 1027
Phe Gly Asp Leu Asp Pro Glu Arg Leu Lys Arg Ser Arg Glu Gln Thr

295 300 305
aat gtt cac aaa ccg gtg gca tta cag gag gac aat taggtgcgaa 1073
Asn Val His Lys Pro Val Ala Leu Gln Glu Asp Asn

310 315 320
ttggaatggt ctg 1086

<210> 74

<211> 321

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 74

Met Lys Pro Lys Asp Phe Cys Thr Ala Glu Asn Trp Ala Glu Asn Leu
1 5 10 15

Ser Ala Leu Gly Tyr Leu Ala Gly Trp Arg Phe Val Arg Met Leu Pro
20 25 30

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

Lys Ser Gly Lys Gly Met Gly Gln Leu Arg Ala Asn Leu Ala Arg Val
50 55 60

Val Gly Ala Glu Asn Val Thr Gln Ala Leu Val Lys Gln Ala Thr Arg
65 70 75 80

Ser Tyr Ala Arg Tyr Trp Leu Glu Ala Phe Arg Leu Pro Ala Ile Ala
85 90 95

Arg Asp Pro Glu Leu Leu Ala Arg Leu Arg Lys Gly Thr Val Gly Leu
100 105 110

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

Leu Pro His Ser Gly Asn Trp Asp Met Ala Gly Ala Phe Leu Ile Ser
130 135 140

His His Gly Gln Phe Thr Thr Val Ala Glu Arg Val Lys Pro Glu Arg
145 150 155 160

Leu Phe Glu Ala Phe Val Glu Phe Arg Glu Ser Leu Gly Phe Glu Val
165 170 175

Leu Pro Leu Thr Gly Gly Glu Arg Pro Pro Phe Glu Lys Leu Lys Glu
180 185 190

Arg Leu Thr Ser Gly Gly Ile Val Cys Leu Leu Gly Glu Arg Asp Leu
195 200 205

Arg His Ser Gly Val Glu Thr Thr Phe Phe Gly Glu Lys Thr Ser Met
210 215 220

Pro Ala Gly Pro Ala Gln Leu Ala Ile Glu Thr Gly Ala Ala Leu His
225 230 235 240

Val Val His Pro Trp Phe Asp Asp Asp Gly Trp Gly Leu Ser Val Ser
245 250 255

Asp Ala Val Thr Val Asp Asn Leu Ser Asp Thr Val Gln Arg Ile Ala
260 265 270

His Leu Phe Met Ala Asn Ile Thr Ala His Pro Ala Asp Trp His Met

275 280 285

Leu Gln Pro Leu Trp Phe Gly Asp Leu Asp Pro Glu Arg Leu Lys Arg
290 295 300

Ser Arg Glu Gln Thr Asn Val His Lys Pro Val Ala Leu Gln Glu Asp
305 310 315 320

Asn

<210> 75
<211> 1057
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1057)
<223> FRXA02512

<400> 75
gctggaaagt cccattggc taaggaattt accaaggcac cagcaggtgc gaaggcagat 60
tacagcaaca ccaataaaa attagccgag ggagcatcgc atg aag ccg aag gat 115
Met Lys Pro Lys Asp

1 5
ttc tgc aca gcg gaa aat tgg gcg gag aat tta agc gca ctg ggc tat 163
Phe Cys Thr Ala Glu Asn Trp Ala Glu Asn Leu Ser Ala Leu Gly Tyr

10 15 20
cta gct ggt tgg cgt ttt gtc cgg atg ctc cct ttg cct att gct cgc 211
Leu Ala Gly Trp Arg Phe Val Arg Met Leu Pro Leu Pro Ile Ala Arg

25 30 35
cgg gtg ttt gac ctt ggg gcg gat ctg gcg tcg aaa agc gga aaa ggc 259
Arg Val Phe Asp Leu Gly Ala Asp Leu Ala Ser Lys Ser Gly Lys Gly

40 45 50
atg ggg cag cta cgc gct aat ctg gcg cgg gtg gtc ggt gcg gaa aac 307
Met Gly Gln Leu Arg Ala Asn Leu Ala Arg Val Val Gly Ala Glu Asn

55 60 65
gtt acg cag gcg ctg gtg aag caa gca acg cgc agc tat gcg cgg tat 355
Val Thr Gln Ala Leu Val Lys Gln Ala Thr Arg Ser Tyr Ala Arg Tyr

70 75 80 85
tgg ctg gaa gcg ttc cgg cta ccg gcg atc gcg cga gat cct gag ctg 403
Trp Leu Glu Ala Phe Arg Leu Pro Ala Ile Ala Arg Asp Pro Glu Leu

90 95 100
ctt gcg cgg ttg cgt aag gga act gtt ggc cta gat ttg ttg gat gaa 451
Leu Ala Arg Leu Arg Lys Gly Thr Val Gly Leu Asp Leu Leu Asp Glu

105 110 115
tct ttg gct gcc ggc aag ggc gta gtt ttg acg ctc cca cac agc ggc 499

Ser Leu Ala Ala Gly Lys Gly Val Val Leu Thr Leu Pro His Ser Gly

120 125 130
aac tgg gat atg gct ggc gct ttt ctg att agc cat cat ggg caa ttc 547
Asn Trp Asp Met Ala Gly Ala Phe Leu Ile Ser His His Gly Gln Phe

135 140 145
acc acc gtt gca gaa agg gtc aag ccg gaa cgc ttg ttt gaa gcg ttc 595
Thr Thr Val Ala Glu Arg Val Lys Pro Glu Arg Leu Phe Glu Ala Phe

150 155 160 165
gtg gag ttt cga gaa agc ctt gga ttt gag gtg ctg cct ctc acc ggt 643
Val Glu Phe Arg Glu Ser Leu Gly Phe Glu Val Leu Pro Leu Thr Gly

170 175 180
ggc gag cgt ccg ccg ttt gaa aag ctg aaa gag cgc ctg aca tct gga 691
Gly Glu Arg Pro Pro Phe Glu Lys Leu Lys Glu Arg Leu Thr Ser Gly

185 190 195
ggt atc gtg tgc ctt ctt ggg gag cgt gac ctg cgg cat tcc ggc gtg 739
Gly Ile Val Cys Leu Leu Gly Glu Arg Asp Leu Arg His Ser Gly Val

200 205 210
gag acc act ttt ttt ggt gag aag acc tcc atg cca gca gga cct gcg 787
Glu Thr Thr Phe Phe Gly Glu Lys Thr Ser Met Pro Ala Gly Pro Ala

215 220 225
cag ctg gcc att gaa aca ggt gcg gcg ctg cac gtg gtg cat cca tgg 835
Gln Leu Ala Ile Glu Thr Gly Ala Ala Leu His Val Val His Pro Trp

230 235 240 245
ttc gat gac gac ggc tgg ggt ctc agc gta tcc gat gcc gtg acc gtg 883
Phe Asp Asp Asp Gly Trp Gly Leu Ser Val Ser Asp Ala Val Thr Val

250 255 260
gat aat tta tcc gac acg gtg cag cgg atc gca cat ctt ttt atg gca 931
Asp Asn Leu Ser Asp Thr Val Gln Arg Ile Ala His Leu Phe Met Ala

265 270 275
aat att acg gcg cac ccc gct gat tgg cat atg ctc caa ccc ctg tgg 979
Asn Ile Thr Ala His Pro Ala Asp Trp His Met Leu Gln Pro Leu Trp

280 285 290
ttt ggt gat ttg gat ccg gag cgt ctc aag cgc tct agg gag cag aca 1027
Phe Gly Asp Leu Asp Pro Glu Arg Leu Lys Arg Ser Arg Glu Gln Thr

295 300 305
aat gtt cac aaa ccg gtg gca tta cag gag 1057
Asn Val His Lys Pro Val Ala Leu Gln Glu

310 315

<210> 76
<211> 319
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 76

```

Met Lys Pro Lys Asp Phe Cys Thr Ala Glu Asn Trp Ala Glu Asn Leu
 1             5             10             15

Ser Ala Leu Gly Tyr Leu Ala Gly Trp Arg Phe Val Arg Met Leu Pro
      20             25             30

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

Lys Ser Gly Lys Gly Met Gly Gln Leu Arg Ala Asn Leu Ala Arg Val
      50             55             60

Val Gly Ala Glu Asn Val Thr Gln Ala Leu Val Lys Gln Ala Thr Arg
      65             70             75             80

Ser Tyr Ala Arg Tyr Trp Leu Glu Ala Phe Arg Leu Pro Ala Ile Ala
      85             90             95

Arg Asp Pro Glu Leu Leu Ala Arg Leu Arg Lys Gly Thr Val Gly Leu
      100            105            110

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

Leu Pro His Ser Gly Asn Trp Asp Met Ala Gly Ala Phe Leu Ile Ser
      130            135            140

His His Gly Gln Phe Thr Thr Val Ala Glu Arg Val Lys Pro Glu Arg
      145            150            155            160

Leu Phe Glu Ala Phe Val Glu Phe Arg Glu Ser Leu Gly Phe Glu Val
      165            170            175

Leu Pro Leu Thr Gly Gly Glu Arg Pro Pro Phe Glu Lys Leu Lys Glu
      180            185            190

Arg Leu Thr Ser Gly Gly Ile Val Cys Leu Leu Gly Glu Arg Asp Leu
      195            200            205

Arg His Ser Gly Val Glu Thr Thr Phe Phe Gly Glu Lys Thr Ser Met
      210            215            220

Pro Ala Gly Pro Ala Gln Leu Ala Ile Glu Thr Gly Ala Ala Leu His
      225            230            235            240

Val Val His Pro Trp Phe Asp Asp Asp Gly Trp Gly Leu Ser Val Ser
      245            250            255

Asp Ala Val Thr Val Asp Asn Leu Ser Asp Thr Val Gln Arg Ile Ala
      260            265            270

His Leu Phe Met Ala Asn Ile Thr Ala His Pro Ala Asp Trp His Met
      275            280            285

```


Leu Gln Pro Leu Trp Phe Gly Asp Leu Asp Pro Glu Arg Leu Lys Arg
290 295 300

Ser Arg Glu Gln Thr Asn Val His Lys Pro Val Ala Leu Gln Glu
305 310 315

<210> 77

<211> 1389

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1366)

<223> RXA00899

<400> 77

tttgctgctc ccctacgtcg gactccact gttctgctt atgggatcgc catacatcaa 60
ccggtgacgc caccgatcc aacaagaaat caacgacctc atg gaa gac gtc cac 115
Met Glu Asp Val His

1 5
gac gac gtc ccc gac atc ccc acc gga atg gat gtc tcc gcg gaa gtt 163
Asp Asp Val Pro Asp Ile Pro Thr Gly Met Asp Val Ser Ala Glu Val

10 15 20
gaa tct gtc atc aaa ctc aac cgc cgc ctc acc cgc atg cca gca gtg 211
Glu Ser Val Ile Lys Leu Asn Arg Arg Leu Thr Arg Met Pro Ala Val

25 30 35
acc ggc gga aac aac ggc ttc tac tcc gac tac cgt gaa tcc ctc aaa 259
Thr Gly Gly Asn Asn Gly Phe Tyr Ser Asp Tyr Arg Glu Ser Leu Lys

40 45 50
cgg atg acc gcc gca atc gac gaa gcc gaa gaa tac atc tac gtc gag 307
Arg Met Thr Ala Ala Ile Asp Glu Ala Glu Glu Tyr Ile Tyr Val Glu

55 60 65
atc tac atc atg gcc tgg gat tcc tac acc caa cca ttc ttc gca gca 355
Ile Tyr Ile Met Ala Trp Asp Ser Tyr Thr Gln Pro Phe Phe Ala Ala

70 75 80 85
ctc gaa cga gcc cac aac cgc ggc gtc aaa gtc cga ctc ctt ttc gac 403
Leu Glu Arg Ala His Asn Arg Gly Val Lys Val Arg Leu Leu Phe Asp

90 95 100
cac gtc ggc agc tgg aaa tac ccc ggc tac cac cgc ctc aaa aaa gaa 451
His Val Gly Ser Trp Lys Tyr Pro Gly Tyr His Arg Leu Lys Lys Glu

105 110 115
ctc aac cgc atg ggc ttc gcc tgg tac ctc atg ctc ccc ctc caa ccc 499
Leu Asn Arg Met Gly Phe Ala Trp Tyr Leu Met Leu Pro Leu Gln Pro

120

125

130

tgg cga cgc cgc ttc cgc cga ccc gac ctg cgc aac cac cgc aaa atg	547
Trp Arg Arg Arg Phe Arg Arg Pro Asp Leu Arg Asn His Arg Lys Met	
135 140 145	
ctc atc atc gac ggc cac acc gca ttc atg ggc tcc caa aat ctc atc	595
Leu Ile Ile Asp Gly His Thr Ala Phe Met Gly Ser Gln Asn Leu Ile	
150 155 160 165	
gcc ccg agt tac cta caa aag aaa aac atc aaa ctc ggc cgc gaa tgg	643
Ala Pro Ser Tyr Leu Gln Lys Lys Asn Ile Lys Leu Gly Arg Glu Trp	
170 175 180	
aaa gac ctc atg gtc gaa ctc acc ggc ccc atc gtc tcc tcc atg gaa	691
Lys Asp Leu Met Val Glu Leu Thr Gly Pro Ile Val Ser Ser Met Glu	
185 190 195	
atg atc ttc gcc ggc gac tgg tac gtc gaa tcc aac gaa gcc ctc gac	739
Met Ile Phe Ala Gly Asp Trp Tyr Val Glu Ser Asn Glu Ala Leu Asp	
200 205 210	
atc cgc gac cac gca gaa gcc cac ggc tac atc ggc aac act caa aaa	787
Ile Arg Asp His Ala Glu Ala His Gly Tyr Ile Gly Asn Thr Gln Lys	
215 220 225	
gac tcc gcc acc aac ctc gtg cag ctc atc ccc tcc ggc cct ggt tac	835
Asp Ser Ala Thr Asn Leu Val Gln Leu Ile Pro Ser Gly Pro Gly Tyr	
230 235 240 245	
acc aca gaa ccc aac ctg cgc atg ttc aac tcc atc gtt cac cac gcc	883
Thr Thr Glu Pro Asn Leu Arg Met Phe Asn Ser Ile Val His His Ala	
250 255 260	
aaa gaa cga ctc atc ttg tgc agc ccc tac ttc atc ccc gac gaa tcc	931
Lys Glu Arg Leu Ile Leu Cys Ser Pro Tyr Phe Ile Pro Asp Glu Ser	
265 270 275	
ctc ctc gaa gcc gtc acc tca gcc tgc tac cgc gga gta acc gtc gaa	979
Leu Leu Glu Ala Val Thr Ser Ala Cys Tyr Arg Gly Val Thr Val Glu	
280 285 290	
cta ttc gtc tct gaa caa gcc gac caa ttc gcc atc gac cac gcc caa	1027
Leu Phe Val Ser Glu Gln Ala Asp Gln Phe Ala Ile Asp His Ala Gln	
295 300 305	
tcc tcc tac tac cag gca ctc ctt gaa gcc ggc gtg aaa atc tac caa	1075
Ser Ser Tyr Tyr Gln Ala Leu Leu Glu Ala Gly Val Lys Ile Tyr Gln	
310 315 320 325	
ttc ccc aaa ccc gac gtc ctc cac acc aag tac atg atc gcc gac ccc	1123
Phe Pro Lys Pro Asp Val Leu His Thr Lys Tyr Met Ile Ala Asp Pro	
330 335 340	
gac gac acc acc ggc aac gaa gcc ctc gga gtc ctc gga tcc tcc aac	1171
Asp Asp Thr Thr Gly Asn Glu Ala Leu Gly Val Leu Gly Ser Ser Asn	
345 350 355	

ctc gac atc cgc agc ttt ggc ctc aac tac gaa atc tcc ctg atg atc 1219
 Leu Asp Ile Arg Ser Phe Gly Leu Asn Tyr Glu Ile Ser Leu Met Ile

360 365 370
 gcc aaa ggc aac ctc atc cac gaa ctc aac gcc ctc acc gac cgt tac 1267
 Ala Lys Gly Asn Leu Ile His Glu Leu Asn Ala Leu Thr Asp Arg Tyr

375 380 385
 cgc aca gta agt ttc aag ctc acc ttg gat aag tgg aac cag cgc agt 1315
 Arg Thr Val Ser Phe Lys Leu Thr Leu Asp Lys Trp Asn Gln Arg Ser

390 395 400 405
 tgg cgg cgc cgc tac gtg gac aat gtc atg cgt ttg acc tcg gcg ctg 1363
 Trp Arg Arg Arg Tyr Val Asp Asn Val Met Arg Leu Thr Ser Ala Leu

410 415 420
 cag tagtttggcg cgtttggagt gcg 1389
 Gln

<210> 78
 <211> 422
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 78
 Met Glu Asp Val His Asp Asp Val Pro Asp Ile Pro Thr Gly Met Asp
 1 5 10 15

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

Arg Met Pro Ala Val Thr Gly Gly Asn Asn Gly Phe Tyr Ser Asp Tyr
 35 40 45

Arg Glu Ser Leu Lys Arg Met Thr Ala Ala Ile Asp Glu Ala Glu Glu
 50 55 60

Tyr Ile Tyr Val Glu Ile Tyr Ile Met Ala Trp Asp Ser Tyr Thr Gln
 65 70 75 80

Pro Phe Phe Ala Ala Leu Glu Arg Ala His Asn Arg Gly Val Lys Val
 85 90 95

Arg Leu Leu Phe Asp His Val Gly Ser Trp Lys Tyr Pro Gly Tyr His
 100 105 110

Arg Leu Lys Lys Glu Leu Asn Arg Met Gly Phe Ala Trp Tyr Leu Met
 115 120 125

Leu Pro Leu Gln Pro Trp Arg Arg Arg Phe Arg Arg Pro Asp Leu Arg
 130 135 140

Asn His Arg Lys Met Leu Ile Ile Asp Gly His Thr Ala Phe Met Gly

145 150 155 160
 Ser Gln Asn Leu Ile Ala Pro Ser Tyr Leu Gln Lys Lys Asn Ile Lys
 165 170 175
 Leu Gly Arg Glu Trp Lys Asp Leu Met Val Glu Leu Thr Gly Pro Ile
 180 185 190
 Val Ser Ser Met Glu Met Ile Phe Ala Gly Asp Trp Tyr Val Glu Ser
 195 200 205
 Asn Glu Ala Leu Asp Ile Arg Asp His Ala Glu Ala His Gly Tyr Ile
 210 215 220
 Gly Asn Thr Gln Lys Asp Ser Ala Thr Asn Leu Val Gln Leu Ile Pro
 225 230 235 240
 Ser Gly Pro Gly Tyr Thr Thr Glu Pro Asn Leu Arg Met Phe Asn Ser
 245 250 255
 Ile Val His His Ala Lys Glu Arg Leu Ile Leu Cys Ser Pro Tyr Phe
 260 265 270
 Ile Pro Asp Glu Ser Leu Leu Glu Ala Val Thr Ser Ala Cys Tyr Arg
 275 280 285
 Gly Val Thr Val Glu Leu Phe Val Ser Glu Gln Ala Asp Gln Phe Ala
 290 295 300
 Ile Asp His Ala Gln Ser Ser Tyr Tyr Gln Ala Leu Leu Glu Ala Gly
 305 310 315 320
 Val Lys Ile Tyr Gln Phe Pro Lys Pro Asp Val Leu His Thr Lys Tyr
 325 330 335
 Met Ile Ala Asp Pro Asp Asp Thr Thr Gly Asn Glu Ala Leu Gly Val
 340 345 350
 Leu Gly Ser Ser Asn Leu Asp Ile Arg Ser Phe Gly Leu Asn Tyr Glu
 355 360 365
 Ile Ser Leu Met Ile Ala Lys Gly Asn Leu Ile His Glu Leu Asn Ala
 370 375 380
 Leu Thr Asp Arg Tyr Arg Thr Val Ser Phe Lys Leu Thr Leu Asp Lys
 385 390 395 400
 Trp Asn Gln Arg Ser Trp Arg Arg Arg Tyr Val Asp Asn Val Met Arg
 405 410 415
 Leu Thr Ser Ala Leu Gln
 420

<210> 79

<211> 1452

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1429)
 <223> RXN00819

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1264
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1267
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1268
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1279
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1281
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1285
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1301
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 1304
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> VARIANT

<222> 390

<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<220>

<221> VARIANT

<222> 394

<223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg

<220>

<221> VARIANT

<222> 401

<223> Xaa = Tyr, His, Asn, or Asp

<220>

<221> VARIANT

<222> 402

<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<400> 79

gatgagggttc gtcggggaat cctcaaagac aatgcggtga aggtacttgg cctagccgct 60
agcactgagc gcggatctca agcagaaaag gtcgtgcaac atg cgt gat ccc att 115
Met Arg Asp Pro Ile

caa ggt gct gtt att cct tct gat ctt ttt ggt ttc gca gaa gtt ctc 163
Gln Gly Ala Val Ile Pro Ser Asp Leu Phe Gly Phe Ala Glu Val Leu

acc gaa gcc gaa cgc gca gtt ctt ctg gaa acc cgc agg gtg ctt gag 211
Thr Glu Ala Glu Arg Ala Val Leu Leu Glu Thr Arg Arg Val Leu Glu

gaa gag gtg aag cct tat att aat gag gcc tgg gat aag gca gtc ttc 259
Glu Glu Val Lys Pro Tyr Ile Asn Glu Ala Trp Asp Lys Ala Val Phe

ccc gat gag atc gtg cag ccc ctc caa gat ctg caa ttg ctt gat ccg 307
Pro Asp Glu Ile Val Gln Pro Leu Gln Asp Leu Gln Leu Leu Asp Pro

cct gca ctt cgg gaa gca ggg gag tcg gtt cga gac att ttc act ggt 355
Pro Ala Leu Arg Glu Ala Gly Glu Ser Val Arg Asp Ile Phe Thr Gly

ttc cgc aat ttt gaa ctc gcg cgc tgt gac atc aat gtt ggt acc tat 403
Phe Arg Asn Phe Glu Leu Ala Arg Cys Asp Ile Asn Val Gly Thr Tyr

tac aac gca tct gct ggt ctc ttc cga acg gcc tgc atg gtt ggt ggc 451
Tyr Asn Ala Ser Ala Gly Leu Phe Arg Thr Ala Cys Met Val Gly Gly

105

110

115

tcc ccg gag cag gcg cag cga ttg gat gcg cag atc aaa tct ggt gag	499
Ser Pro Glu Gln Ala Gln Arg Leu Asp Ala Gln Ile Lys Ser Gly Glu	
120 125 130	
gtc aag ggc gtt ttt gca ctg acg gaa cct gat cat ggc tct gat atc	547
Val Lys Gly Val Phe Ala Leu Thr Glu Pro Asp His Gly Ser Asp Ile	
135 140 145	
gca ggt ggt ctg gca acc acg gcc act aag gac gca gac acc ggc gag	595
Ala Gly Gly Leu Ala Thr Thr Ala Thr Lys Asp Ala Asp Thr Gly Glu	
150 155 160 165	
tgg att atc aat ggt gaa aaa cgg tgg atc ggt ggt gct tcc act gct	643
Trp Ile Ile Asn Gly Glu Lys Arg Trp Ile Gly Gly Ala Ser Thr Ala	
170 175 180	
gat ttg atc gct acc ttc gcc agg gat aca gcc gat aac cag gtg aaa	691
Asp Leu Ile Ala Thr Phe Ala Arg Asp Thr Ala Asp Asn Gln Val Lys	
185 190 195	
tgc ttc ctc gtg gca cct cag gca gag ggc gtg tcc atg gag att att	739
Cys Phe Leu Val Ala Pro Gln Ala Glu Gly Val Ser Met Glu Ile Ile	
200 205 210	
gat cgc aaa gcc tca ctg cgc atc atg caa aat gca cac att acc tat	787
Asp Arg Lys Ala Ser Leu Arg Ile Met Gln Asn Ala His Ile Thr Tyr	
215 220 225	
aac aat gtc cgg gtg tct ggg gat gcg cgg ctg cac aac atc aat tct	835
Asn Asn Val Arg Val Ser Gly Asp Ala Arg Leu His Asn Ile Asn Ser	
230 235 240 245	
ttc aag gat gtt tcg gaa tgc ctg cgc cgt atg cgt tcc gat gtg gcg	883
Phe Lys Asp Val Ser Glu Cys Leu Arg Arg Met Arg Ser Asp Val Ala	
250 255 260	
tgg atg gcg gtc ggt gcg cag gca ggt gcc tat gaa gca gcc gtg aag	931
Trp Met Ala Val Gly Ala Gln Ala Gly Ala Tyr Glu Ala Ala Val Lys	
265 270 275	
tat gtg cgc agc agg gaa cag ttt ggc cgt ccg atc gcg ggg ttc cag	979
Tyr Val Arg Ser Arg Glu Gln Phe Gly Arg Pro Ile Ala Gly Phe Gln	
280 285 290	
ttg att cag gaa aag ctc gcg ctc atg ctg ggc aat ctc acg gcg tcg	1027
Leu Ile Gln Glu Lys Leu Ala Leu Met Leu Gly Asn Leu Thr Ala Ser	
295 300 305	
ctg ggc atg atg gtc aaa ctc acc gat cag cag cag gcg gga att ttc	1075
Leu Gly Met Met Val Lys Leu Thr Asp Gln Gln Gln Ala Gly Ile Phe	
310 315 320 325	
aaa gag gaa aac tcc gcg ctg gcg aaa atg ttt acc tcg ctc aaa ctt	1123
Lys Glu Glu Asn Ser Ala Leu Ala Lys Met Phe Thr Ser Leu Lys Leu	
330 335 340	

cgg gag acc gct agt tgg gcg cgg gaa atc tgc gga ggc aac ggc atc 1171
Arg Glu Thr Ala Ser Trp Ala Arg Glu Ile Cys Gly Gly Asn Gly Ile

345 350 355
att ttg gac aac gat gtt gcc cgg ttc cat gcc gat gca gaa gcc gtc 1219
Ile Leu Asp Asn Asp Val Ala Arg Phe His Ala Asp Ala Glu Ala Val

360 365 370
tat tca tat gaa ggc acc cac gaa atc aat gca ctc atc gtt ggn cgn 1267
Tyr Ser Tyr Glu Gly Thr His Glu Ile Asn Ala Leu Ile Val Gly Arg

375 380 385
ncc att ctg ggn cnt ctn ttc ttt tta tat tat nac nct ttt gag gag 1315
Xaa Ile Leu Gly Xaa Leu Phe Phe Leu Tyr Tyr Xaa Xaa Phe Glu Glu

390 395 400 405
gat ctt cat gac tac ttc cac cac ccc aaa cca tcg ttt ctt tcg aag 1363
Asp Leu His Asp Tyr Phe His His Pro Lys Pro Ser Phe Leu Ser Lys

410 415 420
acg cac caa ccc tca ccg gcc agg acc tgg gct ttt cgc agt ggc gca 1411
Thr His Gln Pro Ser Pro Ala Arg Thr Trp Ala Phe Arg Ser Gly Ala

425 430 435
ctg tca ccc agg aga tgg tgaacacctt ggcgagcgca act 1452
Leu Ser Pro Arg Arg Trp

440

<210> 80
<211> 443
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 390
<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<220>
<221> VARIANT
<222> 394
<223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg

<220>
<221> VARIANT
<222> 401
<223> Xaa = Tyr, His, Asn, or Asp

<220>
<221> VARIANT

<222> 402

<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<400> 80

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

Phe Ala Glu Val Leu Thr Glu Ala Glu Arg Ala Val Leu Leu Glu Thr
20 25 30

Arg Arg Val Leu Glu Glu Glu Val Lys Pro Tyr Ile Asn Glu Ala Trp
35 40 45

Asp Lys Ala Val Phe Pro Asp Glu Ile Val Gln Pro Leu Gln Asp Leu
50 55 60

Gln Leu Leu Asp Pro Pro Ala Leu Arg Glu Ala Gly Glu Ser Val Arg
65 70 75 80

Asp Ile Phe Thr Gly Phe Arg Asn Phe Glu Leu Ala Arg Cys Asp Ile
85 90 95

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

Cys Met Val Gly Gly Ser Pro Glu Gln Ala Gln Arg Leu Asp Ala Gln
115 120 125

Ile Lys Ser Gly Glu Val Lys Gly Val Phe Ala Leu Thr Glu Pro Asp
130 135 140

His Gly Ser Asp Ile Ala Gly Gly Leu Ala Thr Thr Ala Thr Lys Asp
145 150 155 160

Ala Asp Thr Gly Glu Trp Ile Ile Asn Gly Glu Lys Arg Trp Ile Gly
165 170 175

Gly Ala Ser Thr Ala Asp Leu Ile Ala Thr Phe Ala Arg Asp Thr Ala
180 185 190

Asp Asn Gln Val Lys Cys Phe Leu Val Ala Pro Gln Ala Glu Gly Val
195 200 205

Ser Met Glu Ile Ile Asp Arg Lys Ala Ser Leu Arg Ile Met Gln Asn
210 215 220

Ala His Ile Thr Tyr Asn Asn Val Arg Val Ser Gly Asp Ala Arg Leu
225 230 235 240

His Asn Ile Asn Ser Phe Lys Asp Val Ser Glu Cys Leu Arg Arg Met
245 250 255

Arg Ser Asp Val Ala Trp Met Ala Val Gly Ala Gln Ala Gly Ala Tyr
260 265 270

Glu Ala Ala Val Lys Tyr Val Arg Ser Arg Glu Gln Phe Gly Arg Pro

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

<210> 81
 <211> 1030
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (18)..(1007)
 <223> FRXA00819

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 842
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 845
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature

<222> 846
<223> n indicates any nucleotide

<220>
<221> misc_feature
<222> 857
<223> n indicates any nucleotide

<220>
<221> misc_feature
<222> 859
<223> n indicates any nucleotide

<220>
<221> misc_feature
<222> 863
<223> n indicates any nucleotide

<220>
<221> misc_feature
<222> 879
<223> n indicates any nucleotide

<220>
<221> misc_feature
<222> 882
<223> n indicates any nucleotide

<220>
<221> VARIANT
<222> 277
<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<220>
<221> VARIANT
<222> 281
<223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg

<220>
<221> VARIANT
<222> 288
<223> Xaa = Tyr, His, Asn, or Asp

<220>
<221> VARIANT
<222> 289

<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<400> 81

tcttccgaac ggcctgc atg gtt ggt ggc tcc ccg gag cag gcg cag cga	50
Met Val Gly Gly Ser Pro Glu Gln Ala Gln Arg	
1 5 10	
ttg gat gcg cag atc aaa tct ggt gag gtc aag ggc gtt ttt gca ctg	98
Leu Asp Ala Gln Ile Lys Ser Gly Glu Val Lys Gly Val Phe Ala Leu	
15 20 25	
acg gaa cct gat cat ggc tct gat atc gca ggt ggt ctg gca acc acg	146
Thr Glu Pro Asp His Gly Ser Asp Ile Ala Gly Gly Leu Ala Thr Thr	
30 35 40	
gcc act aag gac gca gac acc ggc gag tgg att atc aat ggt gaa aaa	194
Ala Thr Lys Asp Ala Asp Thr Gly Glu Trp Ile Ile Asn Gly Glu Lys	
45 50 55	
cgg tgg atc ggt ggt gct tcc act gct gat ttg atc gct acc ttc gcc	242
Arg Trp Ile Gly Gly Ala Ser Thr Ala Asp Leu Ile Ala Thr Phe Ala	
60 65 70 75	
agg gat aca gcc gat aac cag gtg aaa tgc ttc ctc gtg gca cct cag	290
Arg Asp Thr Ala Asp Asn Gln Val Lys Cys Phe Leu Val Ala Pro Gln	
80 85 90	
gca gag ggc gtg tcc atg gag att att gat cgc aaa gcc tca ctg cgc	338
Ala Glu Gly Val Ser Met Glu Ile Ile Asp Arg Lys Ala Ser Leu Arg	
95 100 105	
atc atg caa aat gca cac att acc tat aac aat gtc cgg gtg tct ggg	386
Ile Met Gln Asn Ala His Ile Thr Tyr Asn Asn Val Arg Val Ser Gly	
110 115 120	
gat gcg cgg ctg cac aac atc aat tct ttc aag gat gtt tgc gaa tgc	434
Asp Ala Arg Leu His Asn Ile Asn Ser Phe Lys Asp Val Ser Glu Cys	
125 130 135	
ctg cgc cgt atg cgt tcc gat gtg gcg tgg atg gcg gtc ggt gcg cag	482
Leu Arg Arg Met Arg Ser Asp Val Ala Trp Met Ala Val Gly Ala Gln	
140 145 150 155	
gca ggt gcc tat gaa gca gcc gtg aag tat gtg gcg agc agg gaa cag	530
Ala Gly Ala Tyr Glu Ala Ala Val Lys Tyr Val Arg Ser Arg Glu Gln	
160 165 170	
ttt ggc cgt ccg atc gcg ggg ttc cag ttg att cag gaa aag ctc gcg	578
Phe Gly Arg Pro Ile Ala Gly Phe Gln Leu Ile Gln Glu Lys Leu Ala	
175 180 185	
ctc atg ctg ggc aat ctc acg gcg tgc ctg ggc atg atg gtc aaa ctc	626
Leu Met Leu Gly Asn Leu Thr Ala Ser Leu Gly Met Met Val Lys Leu	

190	195	200	
acc gat cag cag cag gcg gga att ttc aaa gag gaa aac tcc gcg ctg			674
Thr Asp Gln Gln Gln Ala Gly Ile Phe Lys Glu Glu Asn Ser Ala Leu			
205	210	215	
gcg aaa atg ttt acc tcg ctc aaa ctt cgg gag acc gct agt tgg gcg			722
Ala Lys Met Phe Thr Ser Leu Lys Leu Arg Glu Thr Ala Ser Trp Ala			
220	225	230	235
cgg gaa atc tgc gga ggc aac ggc atc att ttg gac aac gat gtt gcc			770
Arg Glu Ile Cys Gly Gly Asn Gly Ile Ile Leu Asp Asn Asp Val Ala			
240	245	250	
cgg ttc cat gcc gat gca gaa gcc gtc tat tca tat gaa ggc acc cac			818
Arg Phe His Ala Asp Ala Glu Ala Val Tyr Ser Tyr Glu Gly Thr His			
255	260	265	
gaa atc aat gca ctc atc gtt ggn cgn ncc att ctg ggn cnt ctn ttc			866
Glu Ile Asn Ala Leu Ile Val Gly Arg Xaa Ile Leu Gly Xaa Leu Phe			
270	275	280	
ttt tta tat tat nac nct ttt gag gag gat ctt cat gac tac ttc cac			914
Phe Leu Tyr Tyr Xaa Xaa Phe Glu Glu Asp Leu His Asp Tyr Phe His			
285	290	295	
cac ccc aaa cca tcg ttt ctt tcg aag acg cac caa ccc tca ccg gcc			962
His Pro Lys Pro Ser Phe Leu Ser Lys Thr His Gln Pro Ser Pro Ala			
300	305	310	315
agg acc tgg gct ttt cgc agt ggc gca ctg tca ccc agg aga tgg			1007
Arg Thr Trp Ala Phe Arg Ser Gly Ala Leu Ser Pro Arg Arg Trp			
320	325	330	
tgaacacctt cgcgacgca act			1030

<210> 82
 <211> 330
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 277
 <223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 281
 <223> Xaa = Leu, Pro, His, or Arg

<220>
 <221> VARIANT

<222> 288

<223> Xaa = Tyr, His, Asn, or Asp

<220>

<221> VARIANT

<222> 289

<223> Xaa = Ser, Pro, Thr, or Ala

<400> 82

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

Lys Ser Gly Glu Val Lys Gly Val Phe Ala Leu Thr Glu Pro Asp His
20 25 30

Gly Ser Asp Ile Ala Gly Gly Leu Ala Thr Thr Ala Thr Lys Asp Ala
35 40 45

Asp Thr Gly Glu Trp Ile Ile Asn Gly Glu Lys Arg Trp Ile Gly Gly
50 55 60

Ala Ser Thr Ala Asp Leu Ile Ala Thr Phe Ala Arg Asp Thr Ala Asp
65 70 75 80

Asn Gln Val Lys Cys Phe Leu Val Ala Pro Gln Ala Glu Gly Val Ser
85 90 95

Met Glu Ile Ile Asp Arg Lys Ala Ser Leu Arg Ile Met Gln Asn Ala
100 105 110

His Ile Thr Tyr Asn Asn Val Arg Val Ser Gly Asp Ala Arg Leu His
115 120 125

Asn Ile Asn Ser Phe Lys Asp Val Ser Glu Cys Leu Arg Arg Met Arg
130 135 140

Ser Asp Val Ala Trp Met Ala Val Gly Ala Gln Ala Gly Ala Tyr Glu
145 150 155 160

Ala Ala Val Lys Tyr Val Arg Ser Arg Glu Gln Phe Gly Arg Pro Ile
165 170 175

Ala Gly Phe Gln Leu Ile Gln Glu Lys Leu Ala Leu Met Leu Gly Asn
180 185 190

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

Ala Gly Ile Phe Lys Glu Glu Asn Ser Ala Leu Ala Lys Met Phe Thr
210 215 220

Ser Leu Lys Leu Arg Glu Thr Ala Ser Trp Ala Arg Glu Ile Cys Gly
225 230 235 240

Gly Asn Gly Ile Ile Leu Asp Asn Asp Val Ala Arg Phe His Ala Asp

245 250 255

Ala Glu Ala Val Tyr Ser Tyr Glu Gly Thr His Glu Ile Asn Ala Leu
260 265 270

Ile Val Gly Arg Xaa Ile Leu Gly Xaa Leu Phe Phe Leu Tyr Tyr Xaa
275 280 285

Xaa Phe Glu Glu Asp Leu His Asp Tyr Phe His His Pro Lys Pro Ser
290 295 300

Phe Leu Ser Lys Thr His Gln Pro Ser Pro Ala Arg Thr Trp Ala Phe
305 310 315 320

Arg Ser Gly Ala Leu Ser Pro Arg Arg Trp
325 330

<210> 83
<211> 391
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(391)
<223> FRXA01766

<400> 83
gatgagggttc gtccgggaat cctcaaagac aatgcggtga aggtacttgg cctagccgct 60
agcactgagc gcggatctca agcagaaaag gtcgtgcaac atg cgt gat ccc att 115
Met Arg Asp Pro Ile

1 5
caa ggt gct gtt att cct tct gat ctt ttt ggt ttc gca gaa gtt ctc 163
Gln Gly Ala Val Ile Pro Ser Asp Leu Phe Gly Phe Ala Glu Val Leu

10 15 20
acc gaa gcc gaa cgc gca gtt ctt ctg gaa acc cgc agg gtg ctt gag 211
Thr Glu Ala Glu Arg Ala Val Leu Leu Glu Thr Arg Arg Val Leu Glu

25 30 35
gaa gag gtg aag cct tat att aat gag gcc tgg gat aag gca gtc ttc 259
Glu Glu Val Lys Pro Tyr Ile Asn Glu Ala Trp Asp Lys Ala Val Phe

40 45 50
ccc gat gag atc gtg cag ccc ctc caa gat ctg caa ttg ctt gat ccg 307
Pro Asp Glu Ile Val Gln Pro Leu Gln Asp Leu Gln Leu Leu Asp Pro

55 60 65
cct gca ctt cgg gaa gca ggg gag tcg gtt cga gac att ttc act ggt 355
Pro Ala Leu Arg Glu Ala Gly Glu Ser Val Arg Asp Ile Phe Thr Gly

70 75 80 85
ttc cgc aat ttt gaa ctc gcg cgc tgt gac atc aat 391

Phe Arg Asn Phe Glu Leu Ala Arg Cys Asp Ile Asn

90

95

<210> 84

<211> 97

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 84

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

Phe Ala Glu Val Leu Thr Glu Ala Glu Arg Ala Val Leu Leu Glu Thr
20 25 30

Arg Arg Val Leu Glu Glu Glu Val Lys Pro Tyr Ile Asn Glu Ala Trp
35 40 45

Asp Lys Ala Val Phe Pro Asp Glu Ile Val Gln Pro Leu Gln Asp Leu
50 55 60

Gln Leu Leu Asp Pro Pro Ala Leu Arg Glu Ala Gly Glu Ser Val Arg
65 70 75 80

Asp Ile Phe Thr Gly Phe Arg Asn Phe Glu Leu Ala Arg Cys Asp Ile
85 90 95

Asn

<210> 85

<211> 1659

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1636)

<223> RXN01762

<400> 85

tggagtgatg aattttccta tagaacgttt tttaaagcat tgacttttta aacgtttacg 60
cttttaatatga cttaaagct gatctaaagc acaaaggaga atg aaa gtg aac ctc 115
Met Lys Val Asn Leu

1

5

gga ata gga agc tac cca cga cgc agg gca act gtt cga cca gag tcc 163
Gly Ile Gly Ser Tyr Pro Arg Arg Arg Ala Thr Val Arg Pro Glu Ser

10

15

20

act gca atc gaa ttc gaa ggc acc agc atc acc tac gga gaa ttc agc 211
Thr Ala Ile Glu Phe Glu Gly Thr Ser Ile Thr Tyr Gly Glu Phe Ser

25	30	35	
aaa cga gtc aat cgg ctt gga cat gct ctt cta gac ctc ggc gtt gcg	259		
Lys Arg Val Asn Arg Leu Gly His Ala Leu Leu Asp Leu Gly Val Ala			
40	45	50	
cac caa gat cga gta gct tat gtc gga ttc aac cac cct gcc ctg cta	307		
His Gln Asp Arg Val Ala Tyr Val Gly Phe Asn His Pro Ala Leu Leu			
55	60	65	
gaa gtg ttc ttt tca acg aac ctc att ggg gca aca ccc gtg ctt gtt	355		
Glu Val Phe Phe Ser Thr Asn Leu Ile Gly Ala Thr Pro Val Leu Val			
70	75	80	85
aac cct cgc cta tcg gca aac gaa atc gat tac atc atc caa gac agc	403		
Asn Pro Arg Leu Ser Ala Asn Glu Ile Asp Tyr Ile Ile Gln Asp Ser			
90	95	100	
ggg ggc agc atc gtg ttt tac gga atc gac ctc atc gag cac gcc act	451		
Gly Ala Ser Ile Val Phe Tyr Gly Ile Asp Leu Ile Glu His Ala Thr			
105	110	115	
tac ctc caa gaa ctc cat cca gag atc atc atg gtg gcc gtt gaa ggc	499		
Tyr Leu Gln Glu Leu His Pro Glu Ile Ile Met Val Ala Val Glu Gly			
120	125	130	
gat gag ggt cca ggt ttg cgt cga aaa gcg ctt att gaa gcg gcg agc	547		
Asp Glu Gly Pro Gly Leu Arg Arg Lys Ala Leu Ile Glu Ala Ala Ser			
135	140	145	
gac gcc gac atc gac cta gaa gtc agc gat gat gac ctg gtg ctg ctc	595		
Asp Ala Asp Ile Asp Leu Glu Val Ser Asp Asp Asp Leu Val Leu Leu			
150	155	160	165
atg tac acc tcc gga acc act ggc cgc cca aag ggc gcc atg tta tcc	643		
Met Tyr Thr Ser Gly Thr Thr Gly Arg Pro Lys Gly Ala Met Leu Ser			
170	175	180	
cac cga aac ctc ttc ttt aac tac ttc aat gcc ctg ctc agc cag gaa	691		
His Arg Asn Leu Phe Phe Asn Tyr Phe Asn Ala Leu Leu Ser Gln Glu			
185	190	195	
att gaa caa ggc gcg gta ctt tta tcc act gcg ccg tta ttc cac atc	739		
Ile Glu Gln Gly Ala Val Leu Leu Ser Thr Ala Pro Leu Phe His Ile			
200	205	210	
gcg ggc ctc aac atg acc acc atc ccg gtg atg atg aag ggc gga aag	787		
Ala Gly Leu Asn Met Thr Thr Ile Pro Val Met Met Lys Gly Gly Lys			
215	220	225	
gtg atc atc cac cgc gaa ttc cgg gca gag cac gtc ctc gac gaa atc	835		
Val Ile Ile His Arg Glu Phe Arg Ala Glu His Val Leu Asp Glu Ile			
230	235	240	245
gaa cgc tcc aag gta tcc gaa tcc ttc atg gtg cca gcg atg atc gac	883		
Glu Arg Ser Lys Val Ser Glu Ser Phe Met Val Pro Ala Met Ile Asp			

250	255	260	
atg ttg tcc aac cac cca tca ttt gcc gaa cgc gac ctt tct tcc ctt			931
Met Leu Ser Asn His Pro Ser Phe Ala Glu Arg Asp Leu Ser Ser Leu			
265	270	275	
cgc gcc atc atg gtg ggc ggc tct ccc ctt agc gaa cgt gcg ctg cga			979
Arg Ala Ile Met Val Gly Gly Ser Pro Leu Ser Glu Arg Ala Leu Arg			
280	285	290	
atc tgg caa gga cgc gac gta aaa att gtc caa ggc ttc ggc atg aca			1027
Ile Trp Gln Gly Arg Asp Val Lys Ile Val Gln Gly Phe Gly Met Thr			
295	300	305	
gaa acc gca ccg ggc gcc tgt atc ctc gag gca aca gac aca agc aca			1075
Glu Thr Ala Pro Gly Ala Cys Ile Leu Glu Ala Thr Asp Thr Ser Thr			
310	315	320	325
cac ctt gga acc gca ggt cga gcc cac ttc ttc acc gac atc aaa cta			1123
His Leu Gly Thr Ala Gly Arg Ala His Phe Phe Thr Asp Ile Lys Leu			
330	335	340	
gtg gac ccg aaa acc ggc gaa gaa gtc ccc acc gga gag gcc ggc gaa			1171
Val Asp Pro Lys Thr Gly Glu Glu Val Pro Thr Gly Glu Ala Gly Glu			
345	350	355	
gtt ctc atc cgc gga cca cat gtg atg acc gga tac tgg aac cga cca			1219
Val Leu Ile Arg Gly Pro His Val Met Thr Gly Tyr Trp Asn Arg Pro			
360	365	370	
gaa gac acc gcc agc gca cta caa aat ggc tgg tac cac tcc gga gat			1267
Glu Asp Thr Ala Ser Ala Leu Gln Asn Gly Trp Tyr His Ser Gly Asp			
375	380	385	
atc gcc atc aaa gat gaa gac ggc tac tac acc atc aaa gac cgc atc			1315
Ile Ala Ile Lys Asp Glu Asp Gly Tyr Tyr Thr Ile Lys Asp Arg Ile			
390	395	400	405
aaa gac atg tac atc tcc ggc ggc gaa aac att tac ccc gca gaa gtc			1363
Lys Asp Met Tyr Ile Ser Gly Gly Glu Asn Ile Tyr Pro Ala Glu Val			
410	415	420	
gaa caa gca ctc cag gaa ctg gaa gca gtc ctt gat gcc gca gtc atc			1411
Glu Gln Ala Leu Gln Glu Leu Glu Ala Val Leu Asp Ala Ala Val Ile			
425	430	435	
gga gtc ccc gat gaa cga tgg ggc gaa act ggc atc gcc ttt gtc tcc			1459
Gly Val Pro Asp Glu Arg Trp Gly Glu Thr Gly Ile Ala Phe Val Ser			
440	445	450	
atc cga gaa agc tac ctg acc aac cca cca acc gga ccg gaa cta cga			1507
Ile Arg Glu Ser Tyr Leu Thr Asn Pro Pro Thr Gly Pro Glu Leu Arg			
455	460	465	
gaa cta cta ggc agt gtc cta gcc aga tac aaa ctt cca cga gaa atc			1555

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

470 475 480 485
cac atc atc gaa gaa ctc ccc cgc aac gcc aca ggc aaa atc caa aag 1603
His Ile Ile Glu Glu Leu Pro Arg Asn Ala Thr Gly Lys Ile Gln Lys

 490 495 500
aac atc ctg cga gac ttc acc atc ccc gtt tca taaaccccc aacgtcactt 1656
Asn Ile Leu Arg Asp Phe Thr Ile Pro Val Ser

 505 510
tga 1659

<210> 86
<211> 512
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 86
Met Lys Val Asn Leu Gly Ile Gly Ser Tyr Pro Arg Arg Arg Ala Thr
1 5 10 15

Val Arg Pro Glu Ser Thr Ala Ile Glu Phe Glu Gly Thr Ser Ile Thr
 20 25 30

Tyr Gly Glu Phe Ser Lys Arg Val Asn Arg Leu Gly His Ala Leu Leu
 35 40 45

Asp Leu Gly Val Ala His Gln Asp Arg Val Ala Tyr Val Gly Phe Asn
 50 55 60

His Pro Ala Leu Leu Glu Val Phe Phe Ser Thr Asn Leu Ile Gly Ala
65 70 75 80

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

Ile Ile Gln Asp Ser Gly Ala Ser Ile Val Phe Tyr Gly Ile Asp Leu
 100 105 110

Ile Glu His Ala Thr Tyr Leu Gln Glu Leu His Pro Glu Ile Ile Met
 115 120 125

Val Ala Val Glu Gly Asp Glu Gly Pro Gly Leu Arg Arg Lys Ala Leu
130 135 140

Ile Glu Ala Ala Ser Asp Ala Asp Ile Asp Leu Glu Val Ser Asp Asp
145 150 155 160

Asp Leu Val Leu Leu Met Tyr Thr Ser Gly Thr Thr Gly Arg Pro Lys
 165 170 175

Gly Ala Met Leu Ser His Arg Asn Leu Phe Phe Asn Tyr Phe Asn Ala
 180 185 190

Leu Leu Ser Gln Glu Ile Glu Gln Gly Ala Val Leu Leu Ser Thr Ala
 195 200 205
 Pro Leu Phe His Ile Ala Gly Leu Asn Met Thr Thr Ile Pro Val Met
 210 215 220
 Met Lys Gly Gly Lys Val Ile Ile His Arg Glu Phe Arg Ala Glu His
 225 230 235 240
 Val Leu Asp Glu Ile Glu Arg Ser Lys Val Ser Glu Ser Phe Met Val
 245 250 255
 Pro Ala Met Ile Asp Met Leu Ser Asn His Pro Ser Phe Ala Glu Arg
 260 265 270
 Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ala Ile Met Val Gly Gly Ser Pro Leu Ser
 275 280 285
 Glu Arg Ala Leu Arg Ile Trp Gln Gly Arg Asp Val Lys Ile Val Gln
 290 295 300
 Gly Phe Gly Met Thr Glu Thr Ala Pro Gly Ala Cys Ile Leu Glu Ala
 305 310 315 320
 Thr Asp Thr Ser Thr His Leu Gly Thr Ala Gly Arg Ala His Phe Phe
 325 330 335
 Thr Asp Ile Lys Leu Val Asp Pro Lys Thr Gly Glu Glu Val Pro Thr
 340 345 350
 Gly Glu Ala Gly Glu Val Leu Ile Arg Gly Pro His Val Met Thr Gly
 355 360 365
 Tyr Trp Asn Arg Pro Glu Asp Thr Ala Ser Ala Leu Gln Asn Gly Trp
 370 375 380
 Tyr His Ser Gly Asp Ile Ala Ile Lys Asp Glu Asp Gly Tyr Tyr Thr
 385 390 395 400
 Ile Lys Asp Arg Ile Lys Asp Met Tyr Ile Ser Gly Gly Glu Asn Ile
 405 410 415
 Tyr Pro Ala Glu Val Glu Gln Ala Leu Gln Glu Leu Glu Ala Val Leu
 420 425 430
 Asp Ala Ala Val Ile Gly Val Pro Asp Glu Arg Trp Gly Glu Thr Gly
 435 440 445
 Ile Ala Phe Val Ser Ile Arg Glu Ser Tyr Leu Thr Asn Pro Pro Thr
 450 455 460
 Gly Pro Glu Leu Arg Glu Leu Leu Gly Ser Val Leu Ala Arg Tyr Lys
 465 470 475 480
 Leu Pro Arg Glu Ile His Ile Ile Glu Glu Leu Pro Arg Asn Ala Thr
 485 490 495
 Gly Lys Ile Gln Lys Asn Ile Leu Arg Asp Phe Thr Ile Pro Val Ser

500

505

510

<210> 87

<211> 1372

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1363)

<223> FRXA01762

<400> 87

tggagtgatg aattttccta tagaacgttt tttaaagcat tgacttttta aacgtttacg 60
cttttaataga cttcaaagct gatctaaagc acaaaggaga atg aaa gtg aac ctc 115
Met Lys Val Asn Leu

1 5
gga ata gga agc tac cca cga cgc agg gca act gtt cga cca gag tcc 163
Gly Ile Gly Ser Tyr Pro Arg Arg Arg Ala Thr Val Arg Pro Glu Ser

10 15 20
act gca atc gaa ttc gaa ggc acc agc atc acc tac gga gaa ttc agc 211
Thr Ala Ile Glu Phe Glu Gly Thr Ser Ile Thr Tyr Gly Glu Phe Ser

25 30 35
aaa cga gtc aat cgg ctt gga cat gct ctt cta gac ctc ggc gtt gcg 259
Lys Arg Val Asn Arg Leu Gly His Ala Leu Leu Asp Leu Gly Val Ala

40 45 50
cac caa gat cga gta gct tat gtc gga ttc aac cac cct gcc ctg cta 307
His Gln Asp Arg Val Ala Tyr Val Gly Phe Asn His Pro Ala Leu Leu

55 60 65
gaa gtg ttc ttt tca acg aac ctc att ggg gca aca ccc gtg ctt gtt 355
Glu Val Phe Phe Ser Thr Asn Leu Ile Gly Ala Thr Pro Val Leu Val

70 75 80 85
aac cct cgc cta tcg gca aac gaa atc gat tac atc atc caa gac agc 403
Asn Pro Arg Leu Ser Ala Asn Glu Ile Asp Tyr Ile Ile Gln Asp Ser

90 95 100
ggt gcg agc atc gtg ttt tac gga atc gac ctc atc gag cac gcc act 451
Gly Ala Ser Ile Val Phe Tyr Gly Ile Asp Leu Ile Glu His Ala Thr

105 110 115
tac ctc caa gaa ctc cat cca gag atc atc atg gtg gcc gtt gaa ggc 499
Tyr Leu Gln Glu Leu His Pro Glu Ile Ile Met Val Ala Val Glu Gly

120 125 130
gat gag ggt cca ggt ttg cgt cga aaa gcg ctt att gaa gcg gcg agc 547
Asp Glu Gly Pro Gly Leu Arg Arg Lys Ala Leu Ile Glu Ala Ala Ser

135	140	145	
gac gcc gac atc gac cta gaa gtc agc gat gat gac ctg gtg ctg ctc			595
Asp Ala Asp Ile Asp Leu Glu Val Ser Asp Asp Asp Leu Val Leu Leu			
150	155	160	165
atg tac acc tcc gga acc act ggc cgc cca aag ggc gcc atg tta tcc			643
Met Tyr Thr Ser Gly Thr Thr Gly Arg Pro Lys Gly Ala Met Leu Ser			
	170	175	180
cac cga aac ctc ttc ttt aac tac ttc aat gcc ctg ctc agc cag gaa			691
His Arg Asn Leu Phe Phe Asn Tyr Phe Asn Ala Leu Leu Ser Gln Glu			
	185	190	195
att gaa caa ggc gcg gta ctt tta tcc act gcg ccg tta ttc cac atc			739
Ile Glu Gln Gly Ala Val Leu Leu Ser Thr Ala Pro Leu Phe His Ile			
	200	205	210
gcg ggc ctc aac atg acc acc atc ccg gtg atg atg aag ggc gga aag			787
Ala Gly Leu Asn Met Thr Thr Ile Pro Val Met Met Lys Gly Gly Lys			
	215	220	225
gtg atc atc cac cgc gaa ttc cgg gca gag cac gtc ctc gac gaa atc			835
Val Ile Ile His Arg Glu Phe Arg Ala Glu His Val Leu Asp Glu Ile			
	230	235	240
gaa cgc tcc aag gta tcc gaa tcc ttc atg gtg cca gcg atg atc gac			883
Glu Arg Ser Lys Val Ser Glu Ser Phe Met Val Pro Ala Met Ile Asp			
	250	255	260
atg ttg tcc aac cac cca tca ttt gcc gaa cgc gac ctt tct tcc ctt			931
Met Leu Ser Asn His Pro Ser Phe Ala Glu Arg Asp Leu Ser Ser Leu			
	265	270	275
cgc gcc atc atg gtg ggc ggc tct ccc ctt agc gaa cgt gcg ctg cga			979
Arg Ala Ile Met Val Gly Gly Ser Pro Leu Ser Glu Arg Ala Leu Arg			
	280	285	290
atc tgg caa gga cgc gac gta aaa att gtc caa ggc ttc ggc atg aca			1027
Ile Trp Gln Gly Arg Asp Val Lys Ile Val Gln Gly Phe Gly Met Thr			
	295	300	305
gaa acc gca ccg ggc gcc tgt atc ctc gag gca aca gac aca agc aca			1075
Glu Thr Ala Pro Gly Ala Cys Ile Leu Glu Ala Thr Asp Thr Ser Thr			
	310	315	320
cac ctt gga acc gca ggt cga gcc cac ttc ttc acc gac atc aaa cta			1123
His Leu Gly Thr Ala Gly Arg Ala His Phe Phe Thr Asp Ile Lys Leu			
	330	335	340
gtg gac ccg aaa acc ggc gaa gaa gtc ccc acc gga gag gcc ggc gaa			1171
Val Asp Pro Lys Thr Gly Glu Glu Val Pro Thr Gly Glu Ala Gly Glu			
	345	350	355
gtt ctc atc cgc gga cca cat gtg atg acc gga tac tgg aac cga cca			1219
Val Leu Ile Arg Gly Pro His Val Met Thr Gly Tyr Trp Asn Arg Pro			

360 365 370
gaa gac acc gcc agc gca cta caa aat ggc tgg tac cac tcc gga gat 1267
Glu Asp Thr Ala Ser Ala Leu Gln Asn Gly Trp Tyr His Ser Gly Asp

375 380 385
atc gcc atc aaa gat gaa gac ggc tac tac acc atc aaa gac cgc atc 1315
Ile Ala Ile Lys Asp Glu Asp Gly Tyr Tyr Thr Ile Lys Asp Arg Ile

390 395 400 405
aaa gac atg tac atc tcc ggc ggc gaa aac att tac ccc gca gaa gtc 1363
Lys Asp Met Tyr Ile Ser Gly Gly Glu Asn Ile Tyr Pro Ala Glu Val

410 415 420
taagtaccc 1372

<210> 88
<211> 421
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 88
Met Lys Val Asn Leu Gly Ile Gly Ser Tyr Pro Arg Arg Arg Ala Thr
1 5 10 15

Val Arg Pro Glu Ser Thr Ala Ile Glu Phe Glu Gly Thr Ser Ile Thr
20 25 30

Tyr Gly Glu Phe Ser Lys Arg Val Asn Arg Leu Gly His Ala Leu Leu
35 40 45

Asp Leu Gly Val Ala His Gln Asp Arg Val Ala Tyr Val Gly Phe Asn
50 55 60

His Pro Ala Leu Leu Glu Val Phe Phe Ser Thr Asn Leu Ile Gly Ala
65 70 75 80

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

Ile Ile Gln Asp Ser Gly Ala Ser Ile Val Phe Tyr Gly Ile Asp Leu
100 105 110

Ile Glu His Ala Thr Tyr Leu Gln Glu Leu His Pro Glu Ile Ile Met
115 120 125

Val Ala Val Glu Gly Asp Glu Gly Pro Gly Leu Arg Arg Lys Ala Leu
130 135 140

Ile Glu Ala Ala Ser Asp Ala Asp Ile Asp Leu Glu Val Ser Asp Asp
145 150 155 160

Asp Leu Val Leu Leu Met Tyr Thr Ser Gly Thr Thr Gly Arg Pro Lys
165 170 175

Gly Ala Met Leu Ser His Arg Asn Leu Phe Phe Asn Tyr Phe Asn Ala

180	185	190
Leu Leu Ser Gln Glu Ile Glu Gln Gly Ala Val Leu Leu Ser Thr Ala		
195	200	205
Pro Leu Phe His Ile Ala Gly Leu Asn Met Thr Thr Ile Pro Val Met		
210	215	220
Met Lys Gly Gly Lys Val Ile Ile His Arg Glu Phe Arg Ala Glu His		
225	230	235
Val Leu Asp Glu Ile Glu Arg Ser Lys Val Ser Glu Ser Phe Met Val		
245	250	255
Pro Ala Met Ile Asp Met Leu Ser Asn His Pro Ser Phe Ala Glu Arg		
260	265	270
Asp Leu Ser Ser Leu Arg Ala Ile Met Val Gly Gly Ser Pro Leu Ser		
275	280	285
Glu Arg Ala Leu Arg Ile Trp Gln Gly Arg Asp Val Lys Ile Val Gln		
290	295	300
Gly Phe Gly Met Thr Glu Thr Ala Pro Gly Ala Cys Ile Leu Glu Ala		
305	310	315
Thr Asp Thr Ser Thr His Leu Gly Thr Ala Gly Arg Ala His Phe Phe		
325	330	335
Thr Asp Ile Lys Leu Val Asp Pro Lys Thr Gly Glu Glu Val Pro Thr		
340	345	350
Gly Glu Ala Gly Glu Val Leu Ile Arg Gly Pro His Val Met Thr Gly		
355	360	365
Tyr Trp Asn Arg Pro Glu Asp Thr Ala Ser Ala Leu Gln Asn Gly Trp		
370	375	380
Tyr His Ser Gly Asp Ile Ala Ile Lys Asp Glu Asp Gly Tyr Tyr Thr		
385	390	395
Ile Lys Asp Arg Ile Lys Asp Met Tyr Ile Ser Gly Gly Glu Asn Ile		
405	410	415
Tyr Pro Ala Glu Val		
420		

<210> 89

<211> 867

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(844)

<223> RXA00681

<400> 89

aagggaagg ttgtcattgt tgatccagat gcgccacgca tcgaaggacc cggcgcgcac 60
agccatgcgc actcagtagc agcacatggg gtggatacac atg cct agt cca cgc 115
Met Pro Ser Pro Arg

1 5
act gtt ctt atc act ggt gcc gct ggc ggt ttg ggt cgg gca ttc gct 163
Thr Val Leu Ile Thr Gly Ala Ala Gly Gly Leu Gly Arg Ala Phe Ala

10 15 20
gaa ggt ttc gca gcc caa gga gac cgt atc gcg gtg gcg gat atc aat 211
Glu Gly Phe Ala Ala Gln Gly Asp Arg Ile Ala Val Ala Asp Ile Asn

25 30 35
ctg gat ggg gcg caa gag acc gtt gac aag ctg aaa gca ttg ggc gca 259
Leu Asp Gly Ala Gln Glu Thr Val Asp Lys Leu Lys Ala Leu Gly Ala

40 45 50
gat gcc gca gcc ttt gaa gtt gat gtc acg tct ttg gag tcc acc gag 307
Asp Ala Ala Ala Phe Glu Val Asp Val Thr Ser Leu Glu Ser Thr Glu

55 60 65
gcc cta gcc gcc ggt gcc gct gag ttt ggc ggt ggc cga att gat gtc 355
Ala Leu Ala Ala Gly Ala Ala Glu Phe Gly Gly Gly Arg Ile Asp Val

70 75 80 85
ctt att aat aac gca gcg ata tat gcg aca gtg act cgt tca ccg ttt 403
Leu Ile Asn Asn Ala Ala Ile Tyr Ala Thr Val Thr Arg Ser Pro Phe

90 95 100
gag gat att gac cct gcg gag tgg gat ttg gtc atg gga gtc aat ctc 451
Glu Asp Ile Asp Pro Ala Glu Trp Asp Leu Val Met Gly Val Asn Leu

105 110 115
aaa ggc ccg tgg ttg gtg acg cgt tct gtg agt ccg ttt ttg tcc gat 499
Lys Gly Pro Trp Leu Val Thr Arg Ser Val Ser Pro Phe Leu Ser Asp

120 125 130
aat gcc cgt gtg gtc aat ctt tcc agc gcg act gtg ttt tca gga tct 547
Asn Ala Arg Val Val Asn Leu Ser Ser Ala Thr Val Phe Ser Gly Ser

135 140 145
gca cac tgg gcg cac tac gtg gca tcc aaa ggt ggg gtc att gct tta 595
Ala His Trp Ala His Tyr Val Ala Ser Lys Gly Gly Val Ile Ala Leu

150 155 160 165
acc agg gtg ctt gct aaa gag ctg ggt ggt cgt ggg atc acg gtc aat 643
Thr Arg Val Leu Ala Lys Glu Leu Gly Gly Arg Gly Ile Thr Val Asn

170 175 180
gcg gtt gcg cct ggg ttt acg ctg act gaa gcc agc ttg gga ctc atg 691
Ala Val Ala Pro Gly Phe Thr Leu Thr Glu Ala Ser Leu Gly Leu Met

185 190 195

gat agc gcg gaa acg tac ggt gtc gat cgc gga tcc atc aag cgc gca 739
Asp Ser Ala Glu Thr Tyr Gly Val Asp Arg Gly Ser Ile Lys Arg Ala

200 205 210
agc caa ccg aaa gac atc gtc ggc acc acc atg ttt ctt gca tcc cca 787
Ser Gln Pro Lys Asp Ile Val Gly Thr Thr Met Phe Leu Ala Ser Pro

215 220 225
gaa gcc gaa tac atc act ggg caa aca ctc atc gtt gat ggt ggc cga 835
Glu Ala Glu Tyr Ile Thr Gly Gln Thr Leu Ile Val Asp Gly Gly Arg

230 235 240 245
cag ttc atc taagtactaa aagttctaag gag 867
Gln Phe Ile

<210> 90
<211> 248
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 90
Met Pro Ser Pro Arg Thr Val Leu Ile Thr Gly Ala Ala Gly Gly Leu
1 5 10 15

Gly Arg Ala Phe Ala Glu Gly Phe Ala Ala Gln Gly Asp Arg Ile Ala
20 25 30

Val Ala Asp Ile Asn Leu Asp Gly Ala Gln Glu Thr Val Asp Lys Leu
35 40 45

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

Leu Glu Ser Thr Glu Ala Leu Ala Ala Gly Ala Ala Glu Phe Gly Gly
65 70 75 80

Gly Arg Ile Asp Val Leu Ile Asn Asn Ala Ala Ile Tyr Ala Thr Val
85 90 95

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

Met Gly Val Asn Leu Lys Gly Pro Trp Leu Val Thr Arg Ser Val Ser
115 120 125

Pro Phe Leu Ser Asp Asn Ala Arg Val Val Asn Leu Ser Ser Ala Thr
130 135 140

Val Phe Ser Gly Ser Ala His Trp Ala His Tyr Val Ala Ser Lys Gly
145 150 155 160

Gly Val Ile Ala Leu Thr Arg Val Leu Ala Lys Glu Leu Gly Gly Arg

165 170 175

Gly Ile Thr Val Asn Ala Val Ala Pro Gly Phe Thr Leu Thr Glu Ala
180 185 190

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

Ser Ile Lys Arg Ala Ser Gln Pro Lys Asp Ile Val Gly Thr Thr Met
210 215 220

Phe Leu Ala Ser Pro Glu Ala Glu Tyr Ile Thr Gly Gln Thr Leu Ile
225 230 235 240

Val Asp Gly Gly Arg Gln Phe Ile
245

<210> 91
<211> 837
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(814)
<223> RXA00802

<400> 91
gccatggtga tcacaccagt gtgggggctg aggctccaca cttggaggaa tggattaaac 60
gcgggcacta agccccgaac gattagtagg cttgggcacc atg gat ctt aaa ctt 115
Met Asp Leu Lys Leu

1 5
ggt ggc caa gtc ata ctt gtt gtt ggc ggt gca gga act att ggt tct 163
Gly Gly Gln Val Ile Leu Val Val Gly Gly Ala Gly Thr Ile Gly Ser

10 15 20
gaa gtt gta aaa ctc tta act gaa gaa ggc gca acc gcg gta gcg gcg 211
Glu Val Val Lys Leu Leu Thr Glu Glu Gly Ala Thr Ala Val Ala Ala

25 30 35
tcg aga agc acg ccc tta tct att gac gct tcg gat gaa gcg tcc gtc 259
Ser Arg Ser Thr Pro Leu Ser Ile Asp Ala Ser Asp Glu Ala Ser Val

40 45 50
cgt gcg ggc att gat cag gtg atc gca gaa cat ggt cgc ctg gat ggg 307
Arg Ala Gly Ile Asp Gln Val Ile Ala Glu His Gly Arg Leu Asp Gly

55 60 65
ctg gtt gtt tct tct gca ccc gct gcg caa acg ctc agc gcg gag aca 355
Leu Val Val Ser Ser Ala Pro Ala Ala Gln Thr Leu Ser Ala Glu Thr

70 75 80 85
gca gat gat ccg gac act gtg ttg gct gct att gaa ggc aaa gcc atc 403

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

90 95 100

acg ttt atg aag gct gca acc gtg gcg ctc gag aag atg cgt gag gct 451
Thr Phe Met Lys Ala Ala Thr Val Ala Leu Glu Lys Met Arg Glu Ala

105 110 115

gga cat ggg cgc atc gtt gca ctt tcc ggc atg aac tca tac aaa aca 499
Gly His Gly Arg Ile Val Ala Leu Ser Gly Met Asn Ser Tyr Lys Thr

120 125 130

ttg agt act act gcg tcg gcg cga aat gct gcg ctg aat gtc gtg gtg 547
Leu Ser Thr Thr Ala Ser Ala Arg Asn Ala Ala Leu Asn Val Val Val

135 140 145

aaa aat ttg gcg gat cgt cac gcg ggc acc gga att aca gta aat gcg 595
Lys Asn Leu Ala Asp Arg His Ala Gly Thr Gly Ile Thr Val Asn Ala

150 155 160 165

att agc ccg gga ttc gtg gta gct gag cca gac gct gag gta aac cgc 643
Ile Ser Pro Gly Phe Val Val Ala Glu Pro Asp Ala Glu Val Asn Arg

170 175 180

gca aat ggt gac acc acg tgg agg agg tcg cgg agg cga tcg cgt ttt 691
Ala Asn Gly Asp Thr Thr Trp Arg Arg Ser Arg Arg Arg Ser Arg Phe

185 190 195

tgt tgt cgc cgc gca ccg cat caa ttt ctg gag aga tta ttt cgg tgg 739
Cys Cys Arg Arg Ala Pro His Gln Phe Leu Glu Arg Leu Phe Arg Trp

200 205 210

gac ata agg cga agg gca tca tcc ttc ctt agc tcg cgt gag ctt ccc 787
Asp Ile Arg Arg Arg Ala Ser Ser Phe Leu Ser Ser Arg Glu Leu Pro

215 220 225

aag cgt aag cac ccc cgt gtg agg gca taacggccgt tctgttaaag 834
Lys Arg Lys His Pro Arg Val Arg Ala

230 235

att 837

<210> 92
<211> 238
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 92
Met Asp Leu Lys Leu Gly Gly Gln Val Ile Leu Val Val Gly Gly Ala
1 5 10 15
Gly Thr Ile Gly Ser Glu Val Val Lys Leu Leu Thr Glu Glu Gly Ala
20 25 30
Thr Ala Val Ala Ala Ser Arg Ser Thr Pro Leu Ser Ile Asp Ala Ser

35 40 45
 Asp Glu Ala Ser Val Arg Ala Gly Ile Asp Gln Val Ile Ala Glu His
 50 55 60
 Gly Arg Leu Asp Gly Leu Val Val Ser Ser Ala Pro Ala Ala Gln Thr
 65 70 75 80
 Leu Ser Ala Glu Thr Ala Asp Asp Pro Asp Thr Val Leu Ala Ala Ile
 85 90 95
 Glu Gly Lys Ala Ile Thr Phe Met Lys Ala Ala Thr Val Ala Leu Glu
 100 105 110
 Lys Met Arg Glu Ala Gly His Gly Arg Ile Val Ala Leu Ser Gly Met
 115 120 125
 Asn Ser Tyr Lys Thr Leu Ser Thr Thr Ala Ser Ala Arg Asn Ala Ala
 130 135 140
 Leu Asn Val Val Val Lys Asn Leu Ala Asp Arg His Ala Gly Thr Gly
 145 150 155 160
 Ile Thr Val Asn Ala Ile Ser Pro Gly Phe Val Val Ala Glu Pro Asp
 165 170 175
 Ala Glu Val Asn Arg Ala Asn Gly Asp Thr Thr Trp Arg Arg Ser Arg
 180 185 190
 Arg Arg Ser Arg Phe Cys Cys Arg Arg Ala Pro His Gln Phe Leu Glu
 195 200 205
 Arg Leu Phe Arg Trp Asp Ile Arg Arg Arg Ala Ser Ser Phe Leu Ser
 210 215 220
 Ser Arg Glu Leu Pro Lys Arg Lys His Pro Arg Val Arg Ala
 225 230 235
 <210> 93
 <211> 329
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(306)
 <223> RXA02133
 <400> 93
 gaa aac ccc tac att ggc gga gct gga tac aac gca gca aaa ttc ggt 48
 Glu Asn Pro Tyr Ile Gly Gly Ala Gly Tyr Asn Ala Ala Lys Phe Gly
 1 5 10 15
 gta gca gca ttc aac cgt gtg ctt cgc ttg gaa acc cac cag cag acc 96
 Val Ala Ala Phe Asn Arg Val Leu Arg Leu Glu Thr His Gln Gln Thr

20 25 30
 ctt cgc gta tct gag atc gat cca ggt cga gtt gcc acg gaa gaa ttc 144
 Leu Arg Val Ser Glu Ile Asp Pro Gly Arg Val Ala Thr Glu Glu Phe

 35 40 45
 tcc ctc gtt cgt ttc ggc gga gat aaa gaa cgc gca gaa gca gtc tat 192
 Ser Leu Val Arg Phe Gly Gly Asp Lys Glu Arg Ala Glu Ala Val Tyr

 50 55 60
 gac gac gtc ctc aac ctc acc gct gaa gac atc gca gag tct gtg cgt 240
 Asp Asp Val Leu Asn Leu Thr Ala Glu Asp Ile Ala Glu Ser Val Arg

 65 70 75 80
 tgg gtc gcg agc ctt cca aag cac atg aac att gac cgc atg cgt att 288
 Trp Val Ala Ser Leu Pro Lys His Met Asn Ile Asp Arg Met Arg Ile

 85 90 95
 aca cct cgc gat cag gtc taaaaccgc actcttttga aat 329
 Thr Pro Arg Asp Gln Val

100

<210> 94
 <211> 102
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 94
 Glu Asn Pro Tyr Ile Gly Gly Ala Gly Tyr Asn Ala Ala Lys Phe Gly
 1 5 10 15

 Val Ala Ala Phe Asn Arg Val Leu Arg Leu Glu Thr His Gln Gln Thr
 20 25 30

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

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

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

 Trp Val Ala Ser Leu Pro Lys His Met Asn Ile Asp Arg Met Arg Ile
 85 90 95

 Thr Pro Arg Asp Gln Val
 100

<210> 95
 <211> 1347
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1324)

<223> RXN01114

<400> 95

ttcgggtggaa gatataccgca agctggtgct gccgcagctt ttagaaacgg ctcaagcaat 60
ttcgacagat ctctctgcac tctaaattaa ggatcaaaaa atg aac cct caa gat 115
Met Asn Pro Gln Asp

1 5
att gtc atc tgt tcc cca ttg cgc acc cca gtt ggt gct tac ggc gga 163
Ile Val Ile Cys Ser Pro Leu Arg Thr Pro Val Gly Ala Tyr Gly Gly

10 15 20
tcc ttc acc ggc gtc cct gtt gaa gaa ttg gcc acc acc gtg atc aac 211
Ser Phe Thr Gly Val Pro Val Glu Glu Leu Ala Thr Thr Val Ile Asn

25 30 35
gcg atc gtt gag gca acc ggc atc acc ggc gac gat gtg gac gat ctg 259
Ala Ile Val Glu Ala Thr Gly Ile Thr Gly Asp Asp Val Asp Asp Leu

40 45 50
atc ctc ggc cag gca tcc ccc aac ggt gcg gct cca gca ctg ggc cgt 307
Ile Leu Gly Gln Ala Ser Pro Asn Gly Ala Ala Pro Ala Leu Gly Arg

55 60 65
gtt gtt gct cta gat tcc aag ctt ggc caa aac gtt cca ggc atg cag 355
Val Val Ala Leu Asp Ser Lys Leu Gly Gln Asn Val Pro Gly Met Gln

70 75 80 85
ctt gat cgc cgc tgt ggt tcc ggc ctg cag gca atc gtc acc gct gct 403
Leu Asp Arg Arg Cys Gly Ser Gly Leu Gln Ala Ile Val Thr Ala Ala

90 95 100
gca cac gtt gca tcc ggc gct gct gat ctg atc atc gca ggt ggc gca 451
Ala His Val Ala Ser Gly Ala Ala Asp Leu Ile Ile Ala Gly Gly Ala

105 110 115
gaa tcc atg agc cgc gtt gag tac acc gtg tcc ggc gat atc cgt tgg 499
Glu Ser Met Ser Arg Val Glu Tyr Thr Val Ser Gly Asp Ile Arg Trp

120 125 130
ggt gtc aag ggc ggc gac atg cag ctt cgt gac cgc ctt gca gaa gca 547
Gly Val Lys Gly Gly Asp Met Gln Leu Arg Asp Arg Leu Ala Glu Ala

135 140 145
cgc gaa acc gct ggc gga cgc aac cac ccg atc cct ggt ggc atg atc 595
Arg Glu Thr Ala Gly Gly Arg Asn His Pro Ile Pro Gly Gly Met Ile

150 155 160 165
gag acc gct gag aac ctg cgt cgc gaa tac ggc atc tcc cgc gag gag 643
Glu Thr Ala Glu Asn Leu Arg Arg Glu Tyr Gly Ile Ser Arg Glu Glu

170

175

180

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

390 395 400 405
aag gag aac taaaaatggc tattttgcac agc 1347
Lys Glu Asn

<210> 96
<211> 408
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 96																	
Met	Asn	Pro	Gln	Asp	Ile	Val	Ile	Cys	Ser	Pro	Leu	Arg	Thr	Pro	Val		
1				5					10						15		
Gly	Ala	Tyr	Gly	Gly	Ser	Phe	Thr	Gly	Val	Pro	Val	Glu	Glu	Leu	Ala		
			20					25					30				
Thr	Thr	Val	Ile	Asn	Ala	Ile	Val	Glu	Ala	Thr	Gly	Ile	Thr	Gly	Asp		
		35					40					45					
Asp	Val	Asp	Asp	Leu	Ile	Leu	Gly	Gln	Ala	Ser	Pro	Asn	Gly	Ala	Ala		
	50					55					60						
Pro	Ala	Leu	Gly	Arg	Val	Val	Ala	Leu	Asp	Ser	Lys	Leu	Gly	Gln	Asn		
65					70					75						80	
Val	Pro	Gly	Met	Gln	Leu	Asp	Arg	Arg	Cys	Gly	Ser	Gly	Leu	Gln	Ala		
				85					90					95			
Ile	Val	Thr	Ala	Ala	Ala	His	Val	Ala	Ser	Gly	Ala	Ala	Asp	Leu	Ile		
			100					105					110				
Ile	Ala	Gly	Gly	Ala	Glu	Ser	Met	Ser	Arg	Val	Glu	Tyr	Thr	Val	Ser		
		115					120					125					
Gly	Asp	Ile	Arg	Trp	Gly	Val	Lys	Gly	Gly	Asp	Met	Gln	Leu	Arg	Asp		
	130					135					140						
Arg	Leu	Ala	Glu	Ala	Arg	Glu	Thr	Ala	Gly	Gly	Arg	Asn	His	Pro	Ile		
145					150					155					160		
Pro	Gly	Gly	Met	Ile	Glu	Thr	Ala	Glu	Asn	Leu	Arg	Arg	Glu	Tyr	Gly		
			165						170					175			
Ile	Ser	Arg	Glu	Glu	Gln	Asp	Lys	Ile	Ser	Ala	Ala	Ser	Gln	Gln	Arg		
			180					185					190				
Trp	Gly	Lys	Ala	Ala	Asp	Ala	Gly	Leu	Phe	Asp	Asp	Glu	Ile	Val	Pro		
		195					200					205					
Val	Thr	Val	Pro	Ala	Lys	Lys	Arg	Gly	Gln	Glu	Pro	Thr	Ile	Val	Ser		
	210					215					220						
Arg	Asp	Glu	His	Gly	Arg	Pro	Gly	Thr	Thr	Val	Glu	Lys	Leu	Ala	Ala		

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

<210> 97
 <211> 815
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(792)
 <223> FRXA01114

<400> 97
 cgc ctt gca gaa gca cgc gaa acc gct ggc gga cgc aac cac ccg atc 48
 Arg Leu Ala Glu Ala Arg Glu Thr Ala Gly Gly Arg Asn His Pro Ile

 1 5 10 15
 cct ggt ggc atg atc gag acc gct gag aac ctg cgt cgc gaa tac ggc 96
 Pro Gly Gly Met Ile Glu Thr Ala Glu Asn Leu Arg Arg Glu Tyr Gly

 20 25 30
 atc tcc cgc gag gag cag gac aag atc tcc gca gcg tcc cag cag cgt 144

Ile Ser Arg Glu Glu Gln Asp Lys Ile Ser Ala Ala Ser Gln Gln Arg

35 40 45
tgg ggc aag gct gct gat gcg ggg ctt ttc gac gac gag atc gtg cca 192
Trp Gly Lys Ala Ala Asp Ala Gly Leu Phe Asp Asp Glu Ile Val Pro

50 55 60
gtc acc gtc cct gcc aag aag cgc ggc cag gag cca acc atc gtt tct 240
Val Thr Val Pro Ala Lys Lys Arg Gly Gln Glu Pro Thr Ile Val Ser

65 70 75 80
cga gac gag cat ggt cga cca gga aca acc gtc gaa aag ctt gct gct 288
Arg Asp Glu His Gly Arg Pro Gly Thr Thr Val Glu Lys Leu Ala Ala

85 90 95
ttg cgc ccc atc atg ggc cgc cag gat gcg gaa gca acc gtc acc gct 336
Leu Arg Pro Ile Met Gly Arg Gln Asp Ala Glu Ala Thr Val Thr Ala

100 105 110
ggc aac gcg tcc ggc caa aat gat ggc gct gct gcc gtc atc gtg acc 384
Gly Asn Ala Ser Gly Gln Asn Asp Gly Ala Ala Ala Val Ile Val Thr

115 120 125
act cgc gcc aag gcc gag gag aag ggc ctg cgc cca gtc atg cgt ttg 432
Thr Arg Ala Lys Ala Glu Glu Lys Gly Leu Arg Pro Val Met Arg Leu

130 135 140
gct ggc tgg tct gtg gct gct gtt ccc cca gag acc atg ggt att gga 480
Ala Gly Trp Ser Val Ala Ala Val Pro Pro Glu Thr Met Gly Ile Gly

145 150 155 160
cct gtt cct gcc acc aag aag gtc ctg gat cgt ttg ggc ctt acc ctg 528
Pro Val Pro Ala Thr Lys Lys Val Leu Asp Arg Leu Gly Leu Thr Leu

165 170 175
gag gac atc ggc gcg atc gaa ctc aac gaa gct ttc gca gct cag gca 576
Glu Asp Ile Gly Ala Ile Glu Leu Asn Glu Ala Phe Ala Ala Gln Ala

180 185 190
ctg tct gtg ctg aag gaa tgg aac att tct tgg gaa gat gag cgc gtc 624
Leu Ser Val Leu Lys Glu Trp Asn Ile Ser Trp Glu Asp Glu Arg Val

195 200 205
aac cca ctg ggt tcc ggt att tcc atg gga cac cca gtc ggt gcc acc 672
Asn Pro Leu Gly Ser Gly Ile Ser Met Gly His Pro Val Gly Ala Thr

210 215 220
ggt gct cgc atg gca gta acc ttg gct cac cgc atg cag cgt gaa aac 720
Gly Ala Arg Met Ala Val Thr Leu Ala His Arg Met Gln Arg Glu Asn

225 230 235 240
act cag tac gga ctg gcc acc atg tgc atc ggt ggc ggc cag ggt ctt 768
Thr Gln Tyr Gly Leu Ala Thr Met Cys Ile Gly Gly Gly Gln Gly Leu

245 250 255
gca gct gtc ttt gaa aag gag aac taaaatggc tattttgcac agc 815

Ala Ala Val Phe Glu Lys Glu Asn

260

<210> 98

<211> 264

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 98

Arg Leu Ala Glu Ala Arg Glu Thr Ala Gly Gly Arg Asn His Pro Ile
1 5 10 15

Pro Gly Gly Met Ile Glu Thr Ala Glu Asn Leu Arg Arg Glu Tyr Gly
20 25 30

Ile Ser Arg Glu Glu Gln Asp Lys Ile Ser Ala Ala Ser Gln Gln Arg
35 40 45

Trp Gly Lys Ala Ala Asp Ala Gly Leu Phe Asp Asp Glu Ile Val Pro
50 55 60

Val Thr Val Pro Ala Lys Lys Arg Gly Gln Glu Pro Thr Ile Val Ser
65 70 75 80

Arg Asp Glu His Gly Arg Pro Gly Thr Thr Val Glu Lys Leu Ala Ala
85 90 95

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

Gly Asn Ala Ser Gly Gln Asn Asp Gly Ala Ala Ala Val Ile Val Thr
115 120 125

Thr Arg Ala Lys Ala Glu Glu Lys Gly Leu Arg Pro Val Met Arg Leu
130 135 140

Ala Gly Trp Ser Val Ala Ala Val Pro Pro Glu Thr Met Gly Ile Gly
145 150 155 160

Pro Val Pro Ala Thr Lys Lys Val Leu Asp Arg Leu Gly Leu Thr Leu
165 170 175

Glu Asp Ile Gly Ala Ile Glu Leu Asn Glu Ala Phe Ala Ala Gln Ala
180 185 190

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

Asn Pro Leu Gly Ser Gly Ile Ser Met Gly His Pro Val Gly Ala Thr
210 215 220

Gly Ala Arg Met Ala Val Thr Leu Ala His Arg Met Gln Arg Glu Asn
225 230 235 240

Thr Gln Tyr Gly Leu Ala Thr Met Cys Ile Gly Gly Gly Gln Gly Leu

	245	250	255			
Ala Ala Val Phe Glu Lys Glu Asn						
	260					
<210>	99					
<211>	978					
<212>	DNA					
<213>	Corynebacterium glutamicum					
<220>						
<221>	CDS					
<222>	(101)..(955)					
<223>	RXA01894					
 <400>	99					
agaatttttt cgaaaatgct ggcacccatca acagtgcacat tgttagaaac ttcaaggaga				60		
acccatgaat gaaccggagc aacatcacccg gtccatgagg atg ccc aaa ccc aaa				115		
			Met Pro Lys Pro Lys			
			1	5		
aat aat gcg ggt cga gat ctg 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 ctg 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 ctg 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> 100
<211> 285
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 100
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> 101

<211> 600

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(577)

<223> RXA02599

<400> 101

gatcaagcat catacgaatgt cggagattgt ggccggcgctt gttacaggag cagttgcaac 60
 cggcatttgt tatgcactcc tacttgcgta aaggagaatt atg gat cag cta atc 115
 Met Asp Gln Leu Ile

1 5
 ctc gac gca ttt atc ggc ttg aga gtg act tgg ctg agt ccg gtg att 163
 Leu Asp Ala Phe Ile Gly Leu Arg Val Thr Trp Leu Ser Pro Val Ile

10 15 20
 att ttg ttc acc cag ctc acc ggg cca aca ctg atg ttt gtg tat gcg 211
 Ile Leu Phe Thr Gln Leu Thr Gly Pro Thr Leu Met Phe Val Tyr Ala

25 30 35
 ctt gtg tgg ggc ttg ttg cgc aag agc gcc act gcc ccg atc gcg gtg 259
 Leu Val Trp Gly Leu Leu Arg Lys Ser Ala Thr Ala Pro Ile Ala Val

40 45 50
 ggg ctg gct aat ctg atc agt cat ttt ctc aag agg gcg ttt gaa ccg 307
 Gly Leu Ala Asn Leu Ile Ser His Phe Leu Lys Arg Ala Phe Glu Arg

55 60 65
 cct cga cca aat aca gca gag cac ttg gtt gta gaa act aac ttt tca 355
 Pro Arg Pro Asn Thr Ala Glu His Leu Val Val Glu Thr Asn Phe Ser

70 75 80 85
 ttc cct tct ggt cat gct gtg ggc gct gca gca tgt gcc gtg gca gtg 403
 Phe Pro Ser Gly His Ala Val Gly Ala Ala Ala Cys Ala Val Ala Val

90 95 100
 ggg tac tcc gtg aac cgg tgg tgg aaa ctc acg ctg tgg gta atc gcg 451
 Gly Tyr Ser Val Asn Arg Trp Trp Lys Leu Thr Leu Trp Val Ile Ala

105 110 115
 ctg ctt gtg ggg ctg tct cgg ttg tat gtc ggt gtg cat tgg ccc agc 499
 Leu Leu Val Gly Leu Ser Arg Leu Tyr Val Gly Val His Trp Pro Ser

120 125 130
 gat gtg ctt gcc ggc tgg gcc atc ggt gcg ttg act tca gtg gtg gtg 547
 Asp Val Leu Ala Gly Trp Ala Ile Gly Ala Leu Thr Ser Val Val Val

135 140 145
 ttt acc agc tgg aac ctc ctc cag cgc cgc tgaaccact gctgaaagtg 597
 Phe Thr Ser Trp Asn Leu Leu Gln Arg Arg

150 155 600
 gta

<210> 102

<211> 159

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 102

Met Asp Gln Leu Ile Leu Asp Ala Phe Ile Gly Leu Arg Val Thr Trp

1	5	10	15
Leu Ser Pro Val Ile Ile Leu Phe Thr Gln Leu Thr Gly Pro Thr Leu	20	25	30
Met Phe Val Tyr Ala Leu Val Trp Gly Leu Leu Arg Lys Ser Ala Thr	35	40	45
Ala Pro Ile Ala Val Gly Leu Ala Asn Leu Ile Ser His Phe Leu Lys	50	55	60
Arg Ala Phe Glu Arg Pro Arg Pro Asn Thr Ala Glu His Leu Val Val	65	70	75
Glu Thr Asn Phe Ser Phe Pro Ser Gly His Ala Val Gly Ala Ala Ala	85	90	95
Cys Ala Val Ala Val Gly Tyr Ser Val Asn Arg Trp Trp Lys Leu Thr	100	105	110
Leu Trp Val Ile Ala Leu Leu Val Gly Leu Ser Arg Leu Tyr Val Gly	115	120	125
Val His Trp Pro Ser Asp Val Leu Ala Gly Trp Ala Ile Gly Ala Leu	130	135	140
Thr Ser Val Val Val Phe Thr Ser Trp Asn Leu Leu Gln Arg Arg	145	150	155
<210> 103			
<211> 999			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(976)			
<223> RXN02638			
<400> 103			
ctctgttggtt gttcctgagg cgcttcgtcc attcgtgggc aaagacgtgc tcaagccagt	60		
gaaacaagcc ggtaattaa gcggaaagct cgtggtcgac atg gtc aaa agg ttt	115		
		Met Val Lys Arg Phe	
		1	5
ggc ttt ttc gta gag gat tcc ctg cct aag gtt ccg ctg cat ccc gaa	163		
Gly Phe Phe Val Glu Asp Ser Leu Pro Lys Val Pro Leu His Pro Glu			
	10	15	20
gag tca cgg gag acg ttt tat ggg cgc atc atc att agt gct gtg cgg	211		
Glu Ser Arg Glu Thr Phe Tyr Gly Arg Ile Ile Ile Ser Ala Val Arg			
	25	30	35
acg gtg atg aaa gcc cag gat gtg cag att tcc atc ttc ggt gcg gag	259		

Thr Val Met Lys Ala Gln Asp Val Gln Ile Ser Ile Phe Gly Ala Glu

40 45 50
aac att ccg acc acc ggc ggc gca ctt ttc gca tca acc aca ctg gtt 307
Asn Ile Pro Thr Thr Gly Gly Ala Leu Phe Ala Ser Thr Thr Leu Val

55 60 65
att atg act tca ttc tgg gtg gta tcc ccc gca ttc gtg cgg ggt aag 355
Ile Met Thr Ser Phe Trp Val Val Ser Pro Ala Phe Val Arg Gly Lys

70 75 80 85
cgc ctg gtt cga ttc atg gcg aag aag gaa att ttc gac acc cca gtt 403
Arg Leu Val Arg Phe Met Ala Lys Lys Glu Ile Phe Asp Thr Pro Val

90 95 100
gtc ggc acc ctc atg cgc tgg atg aag cac gtc tct gtg gac cgc tcc 451
Val Gly Thr Leu Met Arg Trp Met Lys His Val Ser Val Asp Arg Ser

105 110 115
gca ggt gcc ggt tcc atg gaa gat gcg cgg aag cgt ctc gac gcc ggc 499
Ala Gly Ala Gly Ser Met Glu Asp Ala Arg Lys Arg Leu Asp Ala Gly

120 125 130
agc ctc gtc ggt atc ttc cct gag gcg acg gtg tca cgg tcc ttt gaa 547
Ser Leu Val Gly Ile Phe Pro Glu Ala Thr Val Ser Arg Ser Phe Glu

135 140 145
atc aag gaa cta aaa act ggc gcc gtc cgc atc gcc gac agc gct aac 595
Ile Lys Glu Leu Lys Thr Gly Ala Val Arg Ile Ala Asp Ser Ala Asn

150 155 160 165
gtt ccg ctg ctg cca ctt att att tgg ggc ggc cag cgc atc atc acc 643
Val Pro Leu Leu Pro Leu Ile Ile Trp Gly Gly Gln Arg Ile Ile Thr

170 175 180
aaa gac atc gag cgc gac ttc ggc cgc tcc cac atc ccc gta ttc atc 691
Lys Asp Ile Glu Arg Asp Phe Gly Arg Ser His Ile Pro Val Phe Ile

185 190 195
agc gtg ggt gaa ccc gtc gac gcc agc ggc gat ccc gac gaa gca acg 739
Ser Val Gly Glu Pro Val Asp Ala Ser Gly Asp Pro Asp Glu Ala Thr

200 205 210
gaa cgc ctc tac gag gct atg aaa aag ctt ctc gac gaa acc cgc acc 787
Glu Arg Leu Tyr Glu Ala Met Lys Lys Leu Leu Asp Glu Thr Arg Thr

215 220 225
gcc tac gaa caa aag tat ggc cca ttc gaa ggt gga gaa ttg tgg cgc 835
Ala Tyr Glu Gln Lys Tyr Gly Pro Phe Glu Gly Gly Glu Leu Trp Arg

230 235 240 245
ccg aaa tcc ctc ggc ggc ggc gcc cca acg ttg gag cag gcg aaa atg 883
Pro Lys Ser Leu Gly Gly Gly Ala Pro Thr Leu Glu Gln Ala Lys Met

250 255 260
ttg gaa atc gcc gaa cgg gaa cgt cga caa gca aaa cgc gcg gca aag 931

Leu Glu Ile Ala Glu Arg Glu Arg Arg Gln Ala Lys Arg Ala Ala Lys

265 270 275
gtc gcc aag aaa cgc acc acc ttt ata agg aaa atc ttt aaa aaa 976
Val Ala Lys Lys Arg Thr Thr Phe Ile Arg Lys Ile Phe Lys Lys

280 285 290
tgattgcact gggttcagcg ccc 999

<210> 104
<211> 292
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 104
Met Val Lys Arg Phe Gly Phe Phe Val Glu Asp Ser Leu Pro Lys Val
1 5 10 15

Pro Leu His Pro Glu Glu Ser Arg Glu Thr Phe Tyr Gly Arg Ile Ile
20 25 30

Ile Ser Ala Val Arg Thr Val Met Lys Ala Gln Asp Val Gln Ile Ser
35 40 45

Ile Phe Gly Ala Glu Asn Ile Pro Thr Thr Gly Gly Ala Leu Phe Ala
50 55 60

Ser Thr Thr Leu Val Ile Met Thr Ser Phe Trp Val Val Ser Pro Ala
65 70 75 80

Phe Val Arg Gly Lys Arg Leu Val Arg Phe Met Ala Lys Lys Glu Ile
85 90 95

Phe Asp Thr Pro Val Val Gly Thr Leu Met Arg Trp Met Lys His Val
100 105 110

Ser Val Asp Arg Ser Ala Gly Ala Gly Ser Met Glu Asp Ala Arg Lys
115 120 125

Arg Leu Asp Ala Gly Ser Leu Val Gly Ile Phe Pro Glu Ala Thr Val
130 135 140

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

Ala Asp Ser Ala Asn Val Pro Leu Leu Pro Leu Ile Ile Trp Gly Gly
165 170 175

Gln Arg Ile Ile Thr Lys Asp Ile Glu Arg Asp Phe Gly Arg Ser His
180 185 190

Ile Pro Val Phe Ile Ser Val Gly Glu Pro Val Asp Ala Ser Gly Asp
195 200 205

Pro Asp Glu Ala Thr Glu Arg Leu Tyr Glu Ala Met Lys Lys Leu Leu

210	215	220	
Asp Glu Thr Arg Thr Ala Tyr Glu Gln Lys Tyr Gly Pro Phe Glu Gly			
225	230	235	240
Gly Glu Leu Trp Arg Pro Lys Ser Leu Gly Gly Gly Ala Pro Thr Leu			
	245	250	255
Glu Gln Ala Lys Met Leu Glu Ile Ala Glu Arg Glu Arg Arg Gln Ala			
	260	265	270
Lys Arg Ala Ala Lys Val Ala Lys Lys Arg Thr Thr Phe Ile Arg Lys			
	275	280	285
Ile Phe Lys Lys			
290			
<210> 105			
<211> 534			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (8)..(511)			
<223> FRXA02638			
<400> 105			
atgaaga atg gcg cgg aag cgt ctt aac gcc ggc agc ctc gtc ggt atc	49		
Met Ala Arg Lys Arg Leu Asn Ala Gly Ser Leu Val Gly Ile			
1 5 10			
ttc cct gag gcg acg gtg tca cgg tcc ttt gaa atc aag gaa cta aaa	97		
Phe Pro Glu Ala Thr Val Ser Arg Ser Phe Glu Ile Lys Glu Leu Lys			
15 20 25 30			
act ggc gcc gtc cgc atc gcc gac agc gct aac gtt ccg ctg ctg cca	145		
Thr Gly Ala Val Arg Ile Ala Asp Ser Ala Asn Val Pro Leu Leu Pro			
35 40 45			
ctt att att tgg ggc ggc cag cgc atc atc acc aaa gac atc gag cgc	193		
Leu Ile Ile Trp Gly Gly Gln Arg Ile Ile Thr Lys Asp Ile Glu Arg			
50 55 60			
gac ttc ggc cgc tcc cac atc ccc gta ttc atc agc gtg ggt gaa ccc	241		
Asp Phe Gly Arg Ser His Ile Pro Val Phe Ile Ser Val Gly Glu Pro			
65 70 75			
gtc gac gcc agc ggc gat ccc gac gaa gca acg gaa cgc ctc tac gag	289		
Val Asp Ala Ser Gly Asp Pro Asp Glu Ala Thr Glu Arg Leu Tyr Glu			
80 85 90			
gct atg aaa aag ctt ctc gac gaa acc cgc acc gcc tac gaa caa aag	337		
Ala Met Lys Lys Leu Leu Asp Glu Thr Arg Thr Ala Tyr Glu Gln Lys			

95 100 105 110
 tat ggc cca ttc gaa ggt gga gaa ttg tgg cgc cgc aaa tcc ctc ggc 385
 Tyr Gly Pro Phe Glu Gly Gly Glu Leu Trp Arg Pro Lys Ser Leu Gly

 115 120 125
 ggc ggc gcc cca acg ttg gag cag gcg aaa atg ttg gaa atc gcc gaa 433
 Gly Gly Ala Pro Thr Leu Glu Gln Ala Lys Met Leu Glu Ile Ala Glu

 130 135 140
 cgg gaa cgt cga caa gca aaa cgc gcg gca aag gtc gcc aag aaa cgc 481
 Arg Glu Arg Arg Gln Ala Lys Arg Ala Ala Lys Val Ala Lys Lys Arg

 145 150 155
 acc acc ttt ata agg aaa atc ttt aaa aaa tgattgcact gggttcagcg 531
 Thr Thr Phe Ile Arg Lys Ile Phe Lys Lys

 160 165
 ccc 534

 <210> 106
 <211> 168
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <400> 106
 Met Ala Arg Lys Arg Leu Asn Ala Gly Ser Leu Val Gly Ile Phe Pro
 1 5 10 15

 Glu Ala Thr Val Ser Arg Ser Phe Glu Ile Lys Glu Leu Lys Thr Gly
 20 25 30

 Ala Val Arg Ile Ala Asp Ser Ala Asn Val Pro Leu Leu Pro Leu Ile
 35 40 45

 Ile Trp Gly Gly Gln Arg Ile Ile Thr Lys Asp Ile Glu Arg Asp Phe
 50 55 60

 Gly Arg Ser His Ile Pro Val Phe Ile Ser Val Gly Glu Pro Val Asp
 65 70 75 80

 Ala Ser Gly Asp Pro Asp Glu Ala Thr Glu Arg Leu Tyr Glu Ala Met
 85 90 95

 Lys Lys Leu Leu Asp Glu Thr Arg Thr Ala Tyr Glu Gln Lys Tyr Gly
 100 105 110

 Pro Phe Glu Gly Gly Glu Leu Trp Arg Pro Lys Ser Leu Gly Gly Gly
 115 120 125

 Ala Pro Thr Leu Glu Gln Ala Lys Met Leu Glu Ile Ala Glu Arg Glu
 130 135 140

 Arg Arg Gln Ala Lys Arg Ala Ala Lys Val Ala Lys Lys Arg Thr Thr
 145 150 155 160

Phe Ile Arg Lys Ile Phe Lys Lys
165

<210> 107
<211> 637
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(637)
<223> RXA00856

<400> 107
gttttttagga atagagtggg ctcaagcttt gtgacaagtt ttttggagaa atcattacta 60
gtcgtagtct tcaatttggg tgcaggtagg gtggaacacc gtg agt gat gta tca 115
Val Ser Asp Val Ser

1 5
gca ggc gta aat ggc gca caa gat cca agc aat caa gcg gtc aag cct 163
Ala Gly Val Asn Gly Ala Gln Asp Pro Ser Asn Gln Ala Val Lys Pro

10 15 20
tcc aac tgg aac ctt ccg aac ttc ttg acc agc ttg cgt atc att gtc 211
Ser Asn Trp Asn Leu Pro Asn Phe Leu Thr Ser Leu Arg Ile Ile Val

25 30 35
atc cct ttg ttt gcg tgg ctt acg ctt aaa ggt gag acg gaa aac aat 259
Ile Pro Leu Phe Ala Trp Leu Thr Leu Lys Gly Glu Thr Glu Asn Asn

40 45 50
gct ttt gcc tgg tgg gcg ttg gtt gtt ttc att ttg ctc atg atc acc 307
Ala Phe Ala Trp Trp Ala Leu Val Val Phe Ile Leu Leu Met Ile Thr

55 60 65
gac aag ctt gac ggc gat att gcg cga gca cgt ggc ctg gtc act gac 355
Asp Lys Leu Asp Gly Asp Ile Ala Arg Ala Arg Gly Leu Val Thr Asp

70 75 80 85
ttt ggc aag atc gcg gat ccg att gcc gat aag gcg ttg atg acc aca 403
Phe Gly Lys Ile Ala Asp Pro Ile Ala Asp Lys Ala Leu Met Thr Thr

90 95 100
gca ttt gtc tgt ttc aac atc atc ggc att ttg ccc tgg tgg gtc act 451
Ala Phe Val Cys Phe Asn Ile Ile Gly Ile Leu Pro Trp Trp Val Thr

105 110 115
gcg ttg att gtg ctt cga gag ttc ggc att acc atc tgg cgt ttc ttc 499
Ala Leu Ile Val Leu Arg Glu Phe Gly Ile Thr Ile Trp Arg Phe Phe

120 125 130
caa ctg cgc gct gga aat gtt gtg cct gca tca aag ggg ggc aag ctt 547
Gln Leu Arg Ala Gly Asn Val Val Pro Ala Ser Lys Gly Gly Lys Leu

135 140 145
aag act gct ctg cag act gtt gcc gtt gct ctg tat ctg tgc cct ttc 595
Lys Thr Ala Leu Gln Thr Val Ala Val Ala Leu Tyr Leu Cys Pro Phe

150 155 160 165
cca agt tgg atg gat att cca agc cag atc gtc atg tat gca 637
Pro Ser Trp Met Asp Ile Pro Ser Gln Ile Val Met Tyr Ala

170 175

<210> 108
<211> 179
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 108
Val Ser Asp Val Ser Ala Gly Val Asn Gly Ala Gln Asp Pro Ser Asn
1 5 10 15

Gln Ala Val Lys Pro Ser Asn Trp Asn Leu Pro Asn Phe Leu Thr Ser
20 25 30

Leu Arg Ile Ile Val Ile Pro Leu Phe Ala Trp Leu Thr Leu Lys Gly
35 40 45

Glu Thr Glu Asn Asn Ala Phe Ala Trp Trp Ala Leu Val Val Phe Ile
50 55 60

Leu Leu Met Ile Thr Asp Lys Leu Asp Gly Asp Ile Ala Arg Ala Arg
65 70 75 80

Gly Leu Val Thr Asp Phe Gly Lys Ile Ala Asp Pro Ile Ala Asp Lys
85 90 95

Ala Leu Met Thr Thr Ala Phe Val Cys Phe Asn Ile Ile Gly Ile Leu
100 105 110

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

Ile Trp Arg Phe Phe Gln Leu Arg Ala Gly Asn Val Val Pro Ala Ser
130 135 140

Lys Gly Gly Lys Leu Lys Thr Ala Leu Gln Thr Val Ala Val Ala Leu
145 150 155 160

Tyr Leu Cys Pro Phe Pro Ser Trp Met Asp Ile Pro Ser Gln Ile Val
165 170 175

Met Tyr Ala

<210> 109
<211> 780
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(757)

<223> RXA02511

<400> 109

ccatgcttgc gcaagcatgg ggcaccattg atggggcacc aggcactgtc gacccaacgc 60
tgacttcagc gatccgtacc gcagcaccga aggagcactg atg ctg gga ctt cat 115
Met Leu Gly Leu His

1 5
gga cgt aag cct gcg cag gtt att gtt gag cct gtt gcc aaa ttg atg 163
Gly Arg Lys Pro Ala Gln Val Ile Val Glu Pro Val Ala Lys Leu Met

10 15 20
atc aag ttg aag gtg acg cct aat cag ctc acc tta gtc agc gct ggc 211
Ile Lys Leu Lys Val Thr Pro Asn Gln Leu Thr Leu Val Ser Ala Gly

25 30 35
ctc acc gtt ggg gtg gct ttg ctg ctg att cct acg ggg cat ttg att 259
Leu Thr Val Gly Val Ala Leu Leu Leu Ile Pro Thr Gly His Leu Ile

40 45 50
tgg gcg gca gtt ttg acg ggc ctg ttt gcg gct ttc gac atg att gat 307
Trp Ala Ala Val Leu Thr Gly Leu Phe Ala Ala Phe Asp Met Ile Asp

55 60 65
ggc acg gtt gct cgc atg caa ggt ggt ggc acc aaa ttt ggt gcc acc 355
Gly Thr Val Ala Arg Met Gln Gly Gly Gly Thr Lys Phe Gly Ala Thr

70 75 80 85
ttg gat gcc acg tgt gac cgc atc act gat ggt gca cta ttt ggt gcg 403
Leu Asp Ala Thr Cys Asp Arg Ile Thr Asp Gly Ala Leu Phe Gly Ala

90 95 100
att acc tgg tgg ctg gtg tat tcc tac gat gca cca cag gca ttg gtc 451
Ile Thr Trp Trp Leu Val Tyr Ser Tyr Asp Ala Pro Gln Ala Leu Val

105 110 115
gct gcc tcc ttg gtt tgt ttg gtt gcc tcc cag gtg atc tct tac gtg 499
Ala Ala Ser Leu Val Cys Leu Val Ala Ser Gln Val Ile Ser Tyr Val

120 125 130
aaa gcc agg gga gag gcc tcc gga ttc acc atg gac ggc ggt ctc gtg 547
Lys Ala Arg Gly Glu Ala Ser Gly Phe Thr Met Asp Gly Gly Leu Val

135 140 145
gaa cgc cct gag cgt ctg att gtc agc ctt gtt ggt ttg ggg ctg acc 595
Glu Arg Pro Glu Arg Leu Ile Val Ser Leu Val Gly Leu Gly Leu Thr

150 155 160 165
gga atg ggc gtt cca tat gcc atc gat gtg gca ctg tgg gcc ctt gca 643

Gly Met Gly Val Pro Tyr Ala Ile Asp Val Ala Leu Trp Ala Leu Ala

170 175 180

gct ggc agt att tac act gtt gtg cag cgc ttg gtc atg gct gga aag 691

Ala Gly Ser Ile Tyr Thr Val Val Gln Arg Leu Val Met Ala Gly Lys

185 190 195

tcc cca ttg gct aag gaa ttt acc aag gca cca gca ggt gcg aag gca 739

Ser Pro Leu Ala Lys Glu Phe Thr Lys Ala Pro Ala Gly Ala Lys Ala

200 205 210

gat tac agc aac acc aaa taaaattag ccgaggagc atc 780

Asp Tyr Ser Asn Thr Lys

215

<210> 110

<211> 219

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 110

Met Leu Gly Leu His Gly Arg Lys Pro Ala Gln Val Ile Val Glu Pro

1 5 10 15

Val Ala Lys Leu Met Ile Lys Leu Lys Val Thr Pro Asn Gln Leu Thr

20 25 30

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

35 40 45

Thr Gly His Leu Ile Trp Ala Ala Val Leu Thr Gly Leu Phe Ala Ala

50 55 60

Phe Asp Met Ile Asp Gly Thr Val Ala Arg Met Gln Gly Gly Gly Thr

65 70 75 80

Lys Phe Gly Ala Thr Leu Asp Ala Thr Cys Asp Arg Ile Thr Asp Gly

85 90 95

Ala Leu Phe Gly Ala Ile Thr Trp Trp Leu Val Tyr Ser Tyr Asp Ala

100 105 110

Pro Gln Ala Leu Val Ala Ala Ser Leu Val Cys Leu Val Ala Ser Gln

115 120 125

Val Ile Ser Tyr Val Lys Ala Arg Gly Glu Ala Ser Gly Phe Thr Met

130 135 140

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

145 150 155 160

Gly Leu Gly Leu Thr Gly Met Gly Val Pro Tyr Ala Ile Asp Val Ala

165 170 175

Leu Trp Ala Leu Ala Ala Gly Ser Ile Tyr Thr Val Val Gln Arg Leu
180 185 190

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

Ala Gly Ala Lys Ala Asp Tyr Ser Asn Thr Lys
210 215

<210> 111
<211> 678
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(655)
<223> RXN02836

<400> 111
ccatcactcg gcttcaccgt ctacgggtgct gcccgagga cagagcgccc ccaaaagctc 60
gcttcagacg ggatccaccc cctcgagatg gacgtcaccg atg aca atc gat gaa 115
Met Thr Ile Asp Glu

1 5
ggc cgt cgc cag ttc gag gtc aat gta ttc ggc gcg atg gcc ctc acc 163
Gly Arg Arg Gln Phe Glu Val Asn Val Phe Gly Ala Met Ala Leu Thr

10 15 20
cga ctc gtc ctg ccc cac atg cag aaa caa aag tgg ggg acg atc gtg 211
Arg Leu Val Leu Pro His Met Gln Lys Gln Lys Trp Gly Thr Ile Val

25 30 35
aac atc aca tcg atg ggc ggg aag atc tac acg cct ctc ggc ggc tgg 259
Asn Ile Thr Ser Met Gly Gly Lys Ile Tyr Thr Pro Leu Gly Gly Trp

40 45 50
tat cac ggc acc aag ttc gcc ctc gag gcc ctc tcg gac gcc ctc cgc 307
Tyr His Gly Thr Lys Phe Ala Leu Glu Ala Leu Ser Asp Ala Leu Arg

55 60 65
ctg gag gtc gcc cca ttc ggc atc gac gtt gtt gtc atc gaa ccg ggc 355
Leu Glu Val Ala Pro Phe Gly Ile Asp Val Val Val Ile Glu Pro Gly

70 75 80 85
ggc atc gcc acc gag tgg gga gga atc gct gcc gac aat ctc gac gca 403
Gly Ile Ala Thr Glu Trp Gly Gly Ile Ala Ala Asp Asn Leu Asp Ala

90 95 100
gtg tcg aaa gac agc gca tac aag cgc cag gct gac gca gta tcg aag 451
Val Ser Lys Asp Ser Ala Tyr Lys Arg Gln Ala Asp Ala Val Ser Lys

105 110 115
tcg ttg cga tct gag gcg aac agc aac cgc aac tca cca ccg tcg gtt 499

Ser Leu Arg Ser Glu Ala Asn Ser Asn Arg Asn Ser Pro Pro Ser Val

120 125 130
gtc gcc gat gcg att gga aag gcc gtg acg gca cgt cac ccc aag acc 547
Val Ala Asp Ala Ile Gly Lys Ala Val Thr Ala Arg His Pro Lys Thr

135 140 145
cgc tat gcc atc ggc ttc ggt gcc aaa ccg ctg att gcc tcg cgc aac 595
Arg Tyr Ala Ile Gly Phe Gly Ala Lys Pro Leu Ile Ala Ser Arg Asn

150 155 160 165
atc ctc acc gat cgc cag ttc gac cca gtg atc act cga gcg act ggc 643
Ile Leu Thr Asp Arg Gln Phe Asp Pro Val Ile Thr Arg Ala Thr Gly

170 175 180
gtc ccc cgc gac tgaccactct tctgcgccg tca 678
Val Pro Arg Asp

185

<210> 112
<211> 185
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 112
Met Thr Ile Asp Glu Gly Arg Arg Gln Phe Glu Val Asn Val Phe Gly
1 5 10 15
Ala Met Ala Leu Thr Arg Leu Val Leu Pro His Met Gln Lys Gln Lys
20 25 30
Trp Gly Thr Ile Val Asn Ile Thr Ser Met Gly Gly Lys Ile Tyr Thr
35 40 45
Pro Leu Gly Gly Trp Tyr His Gly Thr Lys Phe Ala Leu Glu Ala Leu
50 55 60
Ser Asp Ala Leu Arg Leu Glu Val Ala Pro Phe Gly Ile Asp Val Val
65 70 75 80
Val Ile Glu Pro Gly Gly Ile Ala Thr Glu Trp Gly Gly Ile Ala Ala
85 90 95
Asp Asn Leu Asp Ala Val Ser Lys Asp Ser Ala Tyr Lys Arg Gln Ala
100 105 110
Asp Ala Val Ser Lys Ser Leu Arg Ser Glu Ala Asn Ser Asn Arg Asn
115 120 125
Ser Pro Pro Ser Val Val Ala Asp Ala Ile Gly Lys Ala Val Thr Ala
130 135 140
Arg His Pro Lys Thr Arg Tyr Ala Ile Gly Phe Gly Ala Lys Pro Leu
145 150 155 160

Ile Ala Ser Arg Asn Ile Leu Thr Asp Arg Gln Phe Asp Pro Val Ile
165 170 175

Thr Arg Ala Thr Gly Val Pro Arg Asp
180 185

<210> 113

<211> 406

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(406)

<223> FRXA02836

<400> 113

ccatcactcg gcttcaccgt ctacgggtgt gcccgcagga cagagcgccc ccaaaagctc 60
gcttcagacg ggatccaccc cctcgagatg gacgtcaccg atg aca atc gat gaa 115
Met Thr Ile Asp Glu

1 5
ggc cgt cgc cag ttc gag gtc aat gta ttc ggc gcg atg gcc ctc acc 163
Gly Arg Arg Gln Phe Glu Val Asn Val Phe Gly Ala Met Ala Leu Thr

10 15 20
cga ctc gtc ctg ccc cac atg cag aaa caa aag tgg ggg acg atc gtg 211
Arg Leu Val Leu Pro His Met Gln Lys Gln Lys Trp Gly Thr Ile Val

25 30 35
aac atc aca tcg atg ggc ggg aag atc tac acg cct ctc ggc ggc tgg 259
Asn Ile Thr Ser Met Gly Gly Lys Ile Tyr Thr Pro Leu Gly Gly Trp

40 45 50
tat cac ggc acc aag ttc gcc ctc gag gcc ctc tcg gac gcc ctc cgc 307
Tyr His Gly Thr Lys Phe Ala Leu Glu Ala Leu Ser Asp Ala Leu Arg

55 60 65
ctg gag gtc gcc cca ttc ggc atc gac gtt gtt gtc atc gaa ccg ggc 355
Leu Glu Val Ala Pro Phe Gly Ile Asp Val Val Val Ile Glu Pro Gly

70 75 80 85
ggc atc gcc acc gag tgg gga gga atc gct gcc gac aat ctc gac gca 403
Gly Ile Ala Thr Glu Trp Gly Gly Ile Ala Ala Asp Asn Leu Asp Ala

90 95 100
gtg 406
Val

<210> 114

<211> 102

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 114

Met Thr Ile Asp Glu Gly Arg Arg Gln Phe Glu Val Asn Val Phe Gly
1 5 10 15

Ala Met Ala Leu Thr Arg Leu Val Leu Pro His Met Gln Lys Gln Lys
20 25 30

Trp Gly Thr Ile Val Asn Ile Thr Ser Met Gly Gly Lys Ile Tyr Thr
35 40 45

Pro Leu Gly Gly Trp Tyr His Gly Thr Lys Phe Ala Leu Glu Ala Leu
50 55 60

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

Val Ile Glu Pro Gly Gly Ile Ala Thr Glu Trp Gly Gly Ile Ala Ala
85 90 95

Asp Asn Leu Asp Ala Val
100

<210> 115

<211> 1227

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1204)

<223> RXA02578

<400> 115

ggcaaaatg aggaacagca cgcccgaat aatgaggacc gttgcagatc gtttcataaa 60
aacagccac acctttccgc taaactcgca tgttgaata atg tct acc caa tca 115
Met Ser Thr Gln Ser

1 5
tat gca ccc atc cgc cat cgc gga ttc atc agc tca ctc gag gga cta 163
Tyr Ala Pro Ile Arg His Arg Gly Phe Ile Ser Ser Leu Glu Gly Leu

10 15 20
cgc gca atc gcc tcc ctg gga gtc ttg gcg acc cac gtt gca ttc caa 211
Arg Ala Ile Ala Ser Leu Gly Val Leu Ala Thr His Val Ala Phe Gln

25 30 35
acc tcc gtc gac ccc gcc agc aac atc ggt gca gta ctc gcg cgt ttc 259
Thr Ser Val Asp Pro Ala Ser Asn Ile Gly Ala Val Leu Ala Arg Phe

40 45 50
gac ttt ttc gtc gcc gtc ttc ttc gcc ctc tcc gcc ttc gtt ctt tgg 307

Asp Phe Phe Val Ala Val Phe Phe Ala Leu Ser Ala Phe Val Leu Trp

55 60 65 355
cga cgc cgc gcc ggg caa cca gtg gga ctg tac tac ctc aaa cgc cta
Arg Arg Arg Ala Gly Gln Pro Val Gly Leu Tyr Tyr Leu Lys Arg Leu

70 75 80 85 403
gcc cgc atc atg ccc gca tac tgg gca acg gtc att gca gtc ctg ctg
Ala Arg Ile Met Pro Ala Tyr Trp Ala Thr Val Ile Ala Val Leu Leu

90 95 100 451
ttt att ccc acc ggc ccc tgg tta gcc aac ctg acg atg acc caa atc
Phe Ile Pro Thr Gly Pro Trp Leu Ala Asn Leu Thr Met Thr Gln Ile

105 110 115 499
tac tgg cca gac ggg ctc atg aca ggc ctc acc cac ctt tgg tcc ctg
Tyr Trp Pro Asp Gly Leu Met Thr Gly Leu Thr His Leu Trp Ser Leu

120 125 130 547
tgc gtg gaa gtg gcg ttt tac ctg gtg atg ccg ctt ctc gcg tgg gtg
Cys Val Glu Val Ala Phe Tyr Leu Val Met Pro Leu Leu Ala Trp Val

135 140 145 595
ttg gat agg ttt ggt cgg ccg gtg cgc atc ctg ttg att gtt ggt ggg
Leu Asp Arg Phe Gly Arg Pro Val Arg Ile Leu Leu Ile Val Gly Gly

150 155 160 165 643
gca gtg ttg agt ctg gcg tgg ccg tgg att ccc ctt gtg gag cat gcg
Ala Val Leu Ser Leu Ala Trp Pro Trp Ile Pro Leu Val Glu His Ala

170 175 180 691
ttg gac gag ggg tgg gcg aac atg cag atc tgg cca ccc gct tac gct
Leu Asp Glu Gly Trp Ala Asn Met Gln Ile Trp Pro Pro Ala Tyr Ala

185 190 195 739
tgc tgg ttt gca gtc ggc atg atc gcc gca gaa att gaa gga gtt cga
Cys Trp Phe Ala Val Gly Met Ile Ala Ala Glu Ile Glu Gly Val Arg

200 205 210 787
ttc cca cgg gtt ccg agc ttt gtg tgg gtg ggt tta gct tta gtg gtc
Phe Pro Arg Val Pro Ser Phe Val Trp Val Gly Leu Ala Leu Val Val

215 220 225 835
gct tgg atc gcg ggc caa gaa tgg ttc gga cca cta ggt tta gtg cac
Ala Trp Ile Ala Gly Gln Glu Trp Phe Gly Pro Leu Gly Leu Val His

230 235 240 245 883
ccc agc ccc tgg gaa ttc aac tta aga gtc ctc gcg ggc aca ctt ttc
Pro Ser Pro Trp Glu Phe Asn Leu Arg Val Leu Ala Gly Thr Leu Phe

250 255 260 931
gct gta ttt ctg gtg gtt ccc tac gcg ctg ggt acg ccc tct cgg ctt
Ala Val Phe Leu Val Val Pro Tyr Ala Leu Gly Thr Pro Ser Arg Leu

265 270 275 979
ctt gat tcc agt tgg atg aaa acg ctc ggc acc tgg tcg tat tcc atc

Leu Asp Ser Ser Trp Met Lys Thr Leu Gly Thr Trp Ser Tyr Ser Ile

280 285 290
 ttc ctc tgg cac ctt ccc gtg ctg acg att gtg ttc cca ctg ctc ggg 1027
 Phe Leu Trp His Leu Pro Val Leu Thr Ile Val Phe Pro Leu Leu Gly

295 300 305
 ttg cct tta ttt agt gga aat ttc ctg ttg gtg ttc atc gtg acg gtc 1075
 Leu Pro Leu Phe Ser Gly Asn Phe Leu Leu Val Phe Ile Val Thr Val

310 315 320 325
 ttg ttg acg atc cca gtt gcc gcc atc agc tac acc ttc atc gaa gag 1123
 Leu Leu Thr Ile Pro Val Ala Ala Ile Ser Tyr Thr Phe Ile Glu Glu

330 335 340
 ccc atc agc ggt gga ccc ggc gcg cca ttc agg ctg ggg gtc gtt agg 1171
 Pro Ile Ser Gly Gly Pro Gly Ala Pro Phe Arg Leu Gly Val Val Arg

345 350 355
 att cac cat ttt tct ggg ggt agg tct gga aaa tgatgaattg gcaccacgtc 1224
 Ile His His Phe Ser Gly Gly Arg Ser Gly Lys

360 365
 aag 1227

<210> 116

<211> 368

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 116

Met Ser Thr Gln Ser Tyr Ala Pro Ile Arg His Arg Gly Phe Ile Ser
 1 5 10 15

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

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

Val Leu Ala Arg Phe Asp Phe Phe Val Ala Val Phe Phe Ala Leu Ser
 50 55 60

Ala Phe Val Leu Trp Arg Arg Arg Ala Gly Gln Pro Val Gly Leu Tyr
 65 70 75 80

Tyr Leu Lys Arg Leu Ala Arg Ile Met Pro Ala Tyr Trp Ala Thr Val
 85 90 95

Ile Ala Val Leu Leu Phe Ile Pro Thr Gly Pro Trp Leu Ala Asn Leu
 100 105 110

Thr Met Thr Gln Ile Tyr Trp Pro Asp Gly Leu Met Thr Gly Leu Thr
 115 120 125

His Leu Trp Ser Leu Cys Val Glu Val Ala Phe Tyr Leu Val Met Pro
130 135 140

Leu Leu Ala Trp Val Leu Asp Arg Phe Gly Arg Pro Val Arg Ile Leu
145 150 155 160

Leu Ile Val Gly Gly Ala Val Leu Ser Leu Ala Trp Pro Trp Ile Pro
165 170 175

Leu Val Glu His Ala Leu Asp Glu Gly Trp Ala Asn Met Gln Ile Trp
180 185 190

Pro Pro Ala Tyr Ala Cys Trp Phe Ala Val Gly Met Ile Ala Ala Glu
195 200 205

Ile Glu Gly Val Arg Phe Pro Arg Val Pro Ser Phe Val Trp Val Gly
210 215 220

Leu Ala Leu Val Val Ala Trp Ile Ala Gly Gln Glu Trp Phe Gly Pro
225 230 235 240

Leu Gly Leu Val His Pro Ser Pro Trp Glu Phe Asn Leu Arg Val Leu
245 250 255

Ala Gly Thr Leu Phe Ala Val Phe Leu Val Val Pro Tyr Ala Leu Gly
260 265 270

Thr Pro Ser Arg Leu Leu Asp Ser Ser Trp Met Lys Thr Leu Gly Thr
275 280 285

Trp Ser Tyr Ser Ile Phe Leu Trp His Leu Pro Val Leu Thr Ile Val
290 295 300

Phe Pro Leu Leu Gly Leu Pro Leu Phe Ser Gly Asn Phe Leu Leu Val
305 310 315 320

Phe Ile Val Thr Val Leu Leu Thr Ile Pro Val Ala Ala Ile Ser Tyr
325 330 335

Thr Phe Ile Glu Glu Pro Ile Ser Gly Gly Pro Gly Ala Pro Phe Arg
340 345 350

Leu Gly Val Val Arg Ile His His Phe Ser Gly Gly Arg Ser Gly Lys
355 360 365

<210> 117
<211> 924
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(901)
<223> RXA02150

<400> 117

```

gtgtttttcg gtgggtcg atgacgcatg tccacaaaa gagccacccc ttaaagaaat 60
taaaaagtgg ttttgtagc ttcgcagcaa aatacacatc gtg ggt aac gta ttc 115
                               Val Gly Asn Val Phe

                               1                               5
tta gaa gtt cct aca gca gta aag cgc gaa gaa ggg gta aac cca aac 163
Leu Glu Val Pro Thr Ala Val Lys Arg Glu Glu Gly Val Asn Pro Asn

                               10                               15                               20
atc atg aaa aac aac tgg tat cgg ctt ttc aag tat gtg cta att ggc 211
Ile Met Lys Asn Asn Trp Tyr Arg Leu Phe Lys Tyr Val Leu Ile Gly

                               25                               30                               35
ccg ttt ttg cgt gtg tac aac cgc ccg gag atc gaa ggc aaa gaa aac 259
Pro Phe Leu Arg Val Tyr Asn Arg Pro Glu Ile Glu Gly Lys Glu Asn

                               40                               45                               50
atc cct gca gaa ggt gcc gcg atc atg gcg tcc aac cac gaa gca gtg 307
Ile Pro Ala Glu Gly Ala Ala Ile Met Ala Ser Asn His Glu Ala Val

                               55                               60                               65
atg gat tcc ttt tat ttt ccc ctg ctg tgc cca cgg cag ctg acc ttc 355
Met Asp Ser Phe Tyr Phe Pro Leu Leu Cys Pro Arg Gln Leu Thr Phe

                               70                               75                               80                               85
cca gcg aag gcc gaa tac ttc aca tca cca ggt att aaa ggc aag atg 403
Pro Ala Lys Ala Glu Tyr Phe Thr Ser Pro Gly Ile Lys Gly Lys Met

                               90                               95                               100
cag aag tgg ttt ttt act tct gtg ggg caa gta ccc ctg gac cgc acc 451
Gln Lys Trp Phe Phe Thr Ser Val Gly Gln Val Pro Leu Asp Arg Thr

                               105                               110                               115
gca gat aat gcc atg gat tct ttg atg aat acc gcc aaa atg gtg ctg 499
Ala Asp Asn Ala Met Asp Ser Leu Met Asn Thr Ala Lys Met Val Leu

                               120                               125                               130
gat cgg gga gac ctc ttc ggt att tac cct gaa gga tct cgt tcg ccc 547
Asp Arg Gly Asp Leu Phe Gly Ile Tyr Pro Glu Gly Ser Arg Ser Pro

                               135                               140                               145
gat ggt cgc atc tac aag ggc aaa acc gga atg gcc tat gtt gcg atg 595
Asp Gly Arg Ile Tyr Lys Gly Lys Thr Gly Met Ala Tyr Val Ala Met

                               150                               155                               160                               165
gaa act ggt acg aca gtt atc ccc gtt gcc atg att ggc agc cgg gac 643
Glu Thr Gly Thr Thr Val Ile Pro Val Ala Met Ile Gly Ser Arg Asp

                               170                               175                               180
gcg aac cct atc gga agt tgg ttt ccg aaa ccc gca aaa gtc agg atc 691
Ala Asn Pro Ile Gly Ser Trp Phe Pro Lys Pro Ala Lys Val Arg Ile

                               185                               190                               195
aag gta gga agc cca att gat ccc ctc gca ttc gtc aaa gaa cat ggg 739

```

Lys Val Gly Ser Pro Ile Asp Pro Leu Ala Phe Val Lys Glu His Gly

200 205 210
 ttg aag cct gga acc tac gaa gca gcg cgc aag ctg aca gat cac gtt 787
 Leu Lys Pro Gly Thr Tyr Glu Ala Ala Arg Lys Leu Thr Asp His Val

215 220 225
 atg ttc att ctt gct gat ctc act ggt cag ccg tat gtt gat gcg tac 835
 Met Phe Ile Leu Ala Asp Leu Thr Gly Gln Pro Tyr Val Asp Ala Tyr

230 235 240 245
 tct aaa gat gtg aaa aac gct ctg gag gaa gga aaa gga tac ccg gag 883
 Ser Lys Asp Val Lys Asn Ala Leu Glu Glu Gly Lys Gly Tyr Pro Glu

250 255 260
 ggc aca gct cct tca cag taatcgggtc ttttctgtta aaa 924
 Gly Thr Ala Pro Ser Gln

265

<210> 118
 <211> 267
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 118
 Val Gly Asn Val Phe Leu Glu Val Pro Thr Ala Val Lys Arg Glu Glu
 1 5 10 15

Gly Val Asn Pro Asn Ile Met Lys Asn Asn Trp Tyr Arg Leu Phe Lys
 20 25 30

Tyr Val Leu Ile Gly Pro Phe Leu Arg Val Tyr Asn Arg Pro Glu Ile
 35 40 45

Glu Gly Lys Glu Asn Ile Pro Ala Glu Gly Ala Ala Ile Met Ala Ser
 50 55 60

Asn His Glu Ala Val Met Asp Ser Phe Tyr Phe Pro Leu Leu Cys Pro
 65 70 75 80

Arg Gln Leu Thr Phe Pro Ala Lys Ala Glu Tyr Phe Thr Ser Pro Gly
 85 90 95

Ile Lys Gly Lys Met Gln Lys Trp Phe Phe Thr Ser Val Gly Gln Val
 100 105 110

Pro Leu Asp Arg Thr Ala Asp Asn Ala Met Asp Ser Leu Met Asn Thr
 115 120 125

Ala Lys Met Val Leu Asp Arg Gly Asp Leu Phe Gly Ile Tyr Pro Glu
 130 135 140

Gly Ser Arg Ser Pro Asp Gly Arg Ile Tyr Lys Gly Lys Thr Gly Met

145											150											155											160
Ala	Tyr	Val	Ala	Met	Glu	Thr	Gly	Thr	Thr	Val	Ile	Pro	Val	Ala	Met																		
					165					170										175													
Ile	Gly	Ser	Arg	Asp	Ala	Asn	Pro	Ile	Gly	Ser	Trp	Phe	Pro	Lys	Pro																		
					180					185										190													
Ala	Lys	Val	Arg	Ile	Lys	Val	Gly	Ser	Pro	Ile	Asp	Pro	Leu	Ala	Phe																		
					195					200					205																		
Val	Lys	Glu	His	Gly	Leu	Lys	Pro	Gly	Thr	Tyr	Glu	Ala	Ala	Arg	Lys																		
					210					215					220																		
Leu	Thr	Asp	His	Val	Met	Phe	Ile	Leu	Ala	Asp	Leu	Thr	Gly	Gln	Pro																		
					225					230					235					240													
Tyr	Val	Asp	Ala	Tyr	Ser	Lys	Asp	Val	Lys	Asn	Ala	Leu	Glu	Glu	Gly																		
					245					250					255																		
Lys	Gly	Tyr	Pro	Glu	Gly	Thr	Ala	Pro	Ser	Gln																							
					260					265																							
<210> 119																																	
<211> 504																																	
<212> DNA																																	
<213> Corynebacterium glutamicum																																	
<220>																																	
<221> CDS																																	
<222> (101)..(481)																																	
<223> RXA00607																																	
<400> 119																																	
cactgccagc aacgccaacg gttgaaccgc aaccagaagg cgatgaagac tggccccgaac																60																	
ccatcaaccc cgcaggcgat aacaaagagg aggcaaaccg atg att ctc gca ctg																115																	
																Met Ile Leu Ala Leu																	
																1 5																	
aca gtc gcg ata ctt ttc ggt gga ggt gtc tac ctc att cag caa cgc																163																	
Thr Val Ala Ile Leu Phe Gly Gly Gly Val Tyr Leu Ile Gln Gln Arg																																	
																10 15 20																	
gga atg gtg cgc atc gtc ttc ggc atg tca ctg atc ggc cac gca gcg																211																	
Gly Met Val Arg Ile Val Phe Gly Met Ser Leu Ile Gly His Ala Ala																																	
																25 30 35																	
aac ctg acc atc ctg tac gcc ggt gtg ccc acg tgg cgc ggc gaa gcc																259																	
Asn Leu Thr Ile Leu Tyr Ala Gly Val Pro Thr Trp Arg Gly Glu Ala																																	
																40 45 50																	
ttc ccc gac agg acc ccg ctt acc gac gcc gcc gat cca ctc ccc cag																307																	
Phe Pro Asp Arg Thr Pro Leu Thr Asp Ala Ala Asp Pro Leu Pro Gln																																	
55 60 65																																	

gcc ttc gtc ctc acc gcc atc gtc atc gcg atg gcc acc aca acc atc 355
Ala Phe Val Leu Thr Ala Ile Val Ile Ala Met Ala Thr Thr Thr Ile

70 75 80 85
atg ttg gcc ttg gca gca ctg gga cgc agc gac gac acc cgg tcc atc 403
Met Leu Ala Leu Ala Ala Leu Gly Arg Ser Asp Asp Thr Arg Ser Ile

90 95 100
gaa cca gat gac gat caa tcg cct ttg act act agc gct cgt tca gtc 451
Glu Pro Asp Asp Asp Gln Ser Pro Leu Thr Thr Ser Ala Arg Ser Val

105 110 115
acc aac cca aca gat cag gag gat aaa gct taaatggcca tggatgttct 501
Thr Asn Pro Thr Asp Gln Glu Asp Lys Ala

120 125
cct 504

<210> 120
<211> 127
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 120
Met Ile Leu Ala Leu Thr Val Ala Ile Leu Phe Gly Gly Gly Val Tyr
1 5 10 15

Leu Ile Gln Gln Arg Gly Met Val Arg Ile Val Phe Gly Met Ser Leu
20 25 30

Ile Gly His Ala Ala Asn Leu Thr Ile Leu Tyr Ala Gly Val Pro Thr
35 40 45

Trp Arg Gly Glu Ala Phe Pro Asp Arg Thr Pro Leu Thr Asp Ala Ala
50 55 60

Asp Pro Leu Pro Gln Ala Phe Val Leu Thr Ala Ile Val Ile Ala Met
65 70 75 80

Ala Thr Thr Thr Ile Met Leu Ala Leu Ala Ala Leu Gly Arg Ser Asp
85 90 95

Asp Thr Arg Ser Ile Glu Pro Asp Asp Asp Gln Ser Pro Leu Thr Thr
100 105 110

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

<210> 121
<211> 1119
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1096)

<223> RXA02397

<400> 121

gtgtgaataa aacttgtttc ctggtcattt cccctactga actgcgctta tgcctatgct 60
tagaaaccag agacaagctt aagaaggaca ggggccggcc atg aat gat ttc gaa 115
Met Asn Asp Phe Glu

1 5
aca acc atc gat cgg atc tct aaa gaa caa gat ccc gca gcc cga agc 163
Thr Thr Ile Asp Arg Ile Ser Lys Glu Gln Asp Pro Ala Ala Arg Ser

10 15 20
cgc gtg gaa cag ttc att gtg gaa aca gta cgt gca cta ccc aac ttg 211
Arg Val Glu Gln Phe Ile Val Glu Thr Val Arg Ala Leu Pro Asn Leu

25 30 35
acc acc aaa caa ggt gca tcg ttg gct atc caa ctt ctt gat gcg gta 259
Thr Thr Lys Gln Gly Ala Ser Leu Ala Ile Gln Leu Leu Asp Ala Val

40 45 50
cag ctc gcg gat gcg gcg gga acc aag ggg ggt gcg tcg aca agc aat 307
Gln Leu Ala Asp Ala Ala Gly Thr Lys Gly Gly Ala Ser Thr Ser Asn

55 60 65
gct tca tcg ctg cct gac acc ttt gac gcg ctg acc agc ctg att ggc 355
Ala Ser Ser Leu Pro Asp Thr Phe Asp Ala Leu Thr Ser Leu Ile Gly

70 75 80 85
aag ctc gat gtg cgc agc gat tct gaa tgg cgc tcg ttt ggg ttc cag 403
Lys Leu Asp Val Arg Ser Asp Ser Glu Trp Arg Ser Phe Gly Phe Gln

90 95 100
cct tct gaa act gcg cac ccg cta atg atc gct atc cct gag att gag 451
Pro Ser Glu Thr Ala His Pro Leu Met Ile Ala Ile Pro Glu Ile Glu

105 110 115
att ttt tat cag cac acc gat gtg gag ccg gga agc gat gac gcc gtg 499
Ile Phe Tyr Gln His Thr Asp Val Glu Pro Gly Ser Asp Asp Ala Val

120 125 130
gcg ccg gac ttt cag gaa aat cag gat atg tgg cgc agg cgt ctc gga 547
Ala Pro Asp Phe Gln Glu Asn Gln Asp Met Trp Arg Arg Arg Leu Gly

135 140 145
tct gtc acc gaa cca aac ctt ata tat aaa gag ttt tcc gga ccc ggc 595
Ser Val Thr Glu Pro Asn Leu Ile Tyr Lys Glu Phe Ser Gly Pro Gly

150 155 160 165
aaa gcg cag cgt gcc gta gaa atg ctg ggc aat ctg tgg aag atc ggc 643
Lys Ala Gln Arg Ala Val Glu Met Leu Gly Asn Leu Trp Lys Ile Gly

170 175 180
gtg gtg gtg agt agg aat acg gaa agt cgc ctt ggg tta act cgt gtg 691

Val Val Val Ser Arg Asn Thr Glu Ser Arg Leu Gly Leu Thr Arg Val

185 190 195
gaa tac acc ccc acc cct ggc gaa gta ccc gtg ccg ctg atg tcg gag 739
Glu Tyr Thr Pro Thr Pro Gly Glu Val Pro Val Pro Leu Met Ser Glu

200 205 210
aag aac tgt tgg tac agc att cgg gtg tct gaa acc att ggt gag aac 787
Lys Asn Cys Trp Tyr Ser Ile Arg Val Ser Glu Thr Ile Gly Glu Asn

215 220 225
cag gtt ccg gaa att gtg cgc tgc tta ggc gag att ttc tgt ggc tat 835
Gln Val Pro Glu Ile Val Arg Cys Leu Gly Glu Ile Phe Cys Gly Tyr

230 235 240 245
ctt ccc cag atg tgg ctc aaa gaa cca gta aag gcc ggc aag ttg cga 883
Leu Pro Gln Met Trp Leu Lys Glu Pro Val Lys Ala Gly Lys Leu Arg

250 255 260
atc caa gaa tcg gaa gca gca gcg tat atc gcg atg gcg cga cta gat 931
Ile Gln Glu Ser Glu Ala Ala Ala Tyr Ile Ala Met Ala Arg Leu Asp

265 270 275
ctt tcc cca cgc acc ggc aac acc act tgg acc aac agc tat att tcc 979
Leu Ser Pro Arg Thr Gly Asn Thr Thr Trp Thr Asn Ser Tyr Ile Ser

280 285 290
acg cgt cct ctc tcc ccc gct ttt agg tgg gac gtg gtg ctg gag gct 1027
Thr Arg Pro Leu Ser Pro Ala Phe Arg Trp Asp Val Val Leu Glu Ala

295 300 305
tcc cac caa ttg gag aac ctg ctg cgt gga gac aca ggg ccg gtc act 1075
Ser His Gln Leu Glu Asn Leu Leu Arg Gly Asp Thr Gly Pro Val Thr

310 315 320 325
gcc aca caa tcg gca gct ggt taaccaaag ttcacgtgga gat 1119
Ala Thr Gln Ser Ala Ala Gly

330

<210> 122
<211> 332
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 122
Met Asn Asp Phe Glu Thr Thr Ile Asp Arg Ile Ser Lys Glu Gln Asp
1 5 10 15
Pro Ala Ala Arg Ser Arg Val Glu Gln Phe Ile Val Glu Thr Val Arg
20 25 30
Ala Leu Pro Asn Leu Thr Thr Lys Gln Gly Ala Ser Leu Ala Ile Gln

35	40	45
Leu Leu Asp Ala Val Gln Leu Ala Asp Ala Ala Gly Thr Lys Gly Gly		
50	55	60
Ala Ser Thr Ser Asn Ala Ser Ser Leu Pro Asp Thr Phe Asp Ala Leu		
65	70	75
Thr Ser Leu Ile Gly Lys Leu Asp Val Arg Ser Asp Ser Glu Trp Arg		
85	90	95
Ser Phe Gly Phe Gln Pro Ser Glu Thr Ala His Pro Leu Met Ile Ala		
100	105	110
Ile Pro Glu Ile Glu Ile Phe Tyr Gln His Thr Asp Val Glu Pro Gly		
115	120	125
Ser Asp Asp Ala Val Ala Pro Asp Phe Gln Glu Asn Gln Asp Met Trp		
130	135	140
Arg Arg Arg Leu Gly Ser Val Thr Glu Pro Asn Leu Ile Tyr Lys Glu		
145	150	155
Phe Ser Gly Pro Gly Lys Ala Gln Arg Ala Val Glu Met Leu Gly Asn		
165	170	175
Leu Trp Lys Ile Gly Val Val Val Ser Arg Asn Thr Glu Ser Arg Leu		
180	185	190
Gly Leu Thr Arg Val Glu Tyr Thr Pro Thr Pro Gly Glu Val Pro Val		
195	200	205
Pro Leu Met Ser Glu Lys Asn Cys Trp Tyr Ser Ile Arg Val Ser Glu		
210	215	220
Thr Ile Gly Glu Asn Gln Val Pro Glu Ile Val Arg Cys Leu Gly Glu		
225	230	235
Ile Phe Cys Gly Tyr Leu Pro Gln Met Trp Leu Lys Glu Pro Val Lys		
245	250	255
Ala Gly Lys Leu Arg Ile Gln Glu Ser Glu Ala Ala Ala Tyr Ile Ala		
260	265	270
Met Ala Arg Leu Asp Leu Ser Pro Arg Thr Gly Asn Thr Thr Trp Thr		
275	280	285
Asn Ser Tyr Ile Ser Thr Arg Pro Leu Ser Pro Ala Phe Arg Trp Asp		
290	295	300
Val Val Leu Glu Ala Ser His Gln Leu Glu Asn Leu Leu Arg Gly Asp		
305	310	315
Thr Gly Pro Val Thr Ala Thr Gln Ser Ala Ala Gly		
325	330	

<210> 123
 <211> 1462
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1462)

<223> RXN03110

<400> 123

aatgagtga cctgcgcttg aactataccc cctgggggtat tactgtagat tctcaatacc 60
ccgaggggta tctagttttt acgttgagaa ggagagctca gtg ctt att gaa cgc 115
Val Leu Ile Glu Arg

1 5
atc tac gac gaa gac ctt gcg cag gcc agc tat ttc att ggc tgc caa 163
Ile Tyr Asp Glu Asp Leu Ala Gln Ala Ser Tyr Phe Ile Gly Cys Gln

10 15 20
gcc cac aac acc gca gtc gtg gtt gat ccg cgt cgc gat att gcc gtc 211
Ala His Asn Thr Ala Val Val Val Asp Pro Arg Arg Asp Ile Ala Val

25 30 35
tat ctg gac atg gcc aag aaa aac gga atg gag att gtt gga gtt acc 259
Tyr Leu Asp Met Ala Lys Lys Asn Gly Met Glu Ile Val Gly Val Thr

40 45 50
gaa acc cat atc cat gcg gac tat ttg tca gga acc cgt gag tta gct 307
Glu Thr His Ile His Ala Asp Tyr Leu Ser Gly Thr Arg Glu Leu Ala

55 60 65
gct gca act aat gcc acc atg tac gtc tca ggg gag ggc ggc gcc gat 355
Ala Ala Thr Asn Ala Thr Met Tyr Val Ser Gly Glu Gly Gly Ala Asp

70 75 80 85
tgg cag tat gaa ttc gac gcc gag cga ata tgc gac ggc agc gag att 403
Trp Gln Tyr Glu Phe Asp Ala Glu Arg Ile Cys Asp Gly Ser Glu Ile

90 95 100
cgc ctg gga aat ctg gtg ctc aca gct gtt cac acc cca ggc cat acc 451
Arg Leu Gly Asn Leu Val Leu Thr Ala Val His Thr Pro Gly His Thr

105 110 115
ccg gaa cac tta tcg ttc ctg ctg aag gac ggc gcg ttc gca gat gag 499
Pro Glu His Leu Ser Phe Leu Leu Lys Asp Gly Ala Phe Ala Asp Glu

120 125 130
cca gga ttc atg ctc act ggc gat ttc gtt ttc gcg ggt gat ctt ggc 547
Pro Gly Phe Met Leu Thr Gly Asp Phe Val Phe Ala Gly Asp Leu Gly

135 140 145
cga cca gat ttg ctc gat gaa gca gct ggg gga gtg gac act cgt ttt 595
Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly Val Asp Thr Arg Phe

150 155 160 165
gag ggg gct cgc caa atg ttc aag agc ttg aag gaa aaa ttc ctg aca 643

Glu Gly Ala Arg Gln Met Phe Lys Ser Leu Lys Glu Lys Phe Leu Thr

170 175 180
 ttg cct gat cac atc cag atc ttc cct ggt cat ggt tcc ggt tcc gcg 691
 Leu Pro Asp His Ile Gln Ile Phe Pro Gly His Gly Ser Gly Ser Ala

185 190 195
 tgt ggc aaa gcc ttg ggt tcg gtt cct tca aca aca ctt gga tat gaa 739
 Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ser Val Pro Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Glu

200 205 210
 cgt caa ttt gcg tgg tgg gga aag tat ctg gag gca gat gat gaa caa 787
 Arg Gln Phe Ala Trp Trp Gly Lys Tyr Leu Glu Ala Asp Asp Glu Gln

215 220 225
 gga ttc att gat gag ctt ctg gaa ggc caa cct gat gca cct gca tac 835
 Gly Phe Ile Asp Glu Leu Leu Glu Gly Gln Pro Asp Ala Pro Ala Tyr

230 235 240 245
 ttc ggc agg atg aag agg caa aat agg caa ggg ccc gca att atg ggc 883
 Phe Gly Arg Met Lys Arg Gln Asn Arg Gln Gly Pro Ala Ile Met Gly

250 255 260
 gct cgc gag ctg ttg cca cag ctg gaa gct tct gat ctg cac gac gtc 931
 Ala Arg Glu Leu Leu Pro Gln Leu Glu Ala Ser Asp Leu His Asp Val

265 270 275
 att gtt gtt gat acc cgc tca gcc gat gaa gtt cac cag ggc act gta 979
 Ile Val Val Asp Thr Arg Ser Ala Asp Glu Val His Gln Gly Thr Val

280 285 290
 gct ggt gca gtg aat att cct gcg ggc aat tcg atg gcg aaa ttt ggc 1027
 Ala Gly Ala Val Asn Ile Pro Ala Gly Asn Ser Met Ala Lys Phe Gly

295 300 305
 tcg tgg acc gtt gat ccc gag aag gat tcc cga gct ttg gtt ctg ctc 1075
 Ser Trp Thr Val Asp Pro Glu Lys Asp Ser Arg Ala Leu Val Leu Leu

310 315 320 325
 gcg gca agc caa att ggt gcc atg gag atg tgg gac cac atg gtt cgc 1123
 Ala Ala Ser Gln Ile Gly Ala Met Glu Met Trp Asp His Met Val Arg

330 335 340
 gtg gga atc gat aat gtt gct ggt ttt atc acc aac ttt gat ggg gtg 1171
 Val Gly Ile Asp Asn Val Ala Gly Phe Ile Thr Asn Phe Asp Gly Val

345 350 355
 gac cta gtt gca ccg caa act gtg tcc cca gat cag ctg gat gaa ttg 1219
 Asp Leu Val Ala Pro Gln Thr Val Ser Pro Asp Gln Leu Asp Glu Leu

360 365 370
 gaa tac gat cta ctt ctt gat gtc cgc aac cgc agt gaa gtc gaa gaa 1267
 Glu Tyr Asp Leu Leu Leu Asp Val Arg Asn Arg Ser Glu Val Glu Glu

375 380 385
 ggc tac atc cca gga gca ctc cat att aat ggt gca tcc gtg ctg tgg 1315

Gly Tyr Ile Pro Gly Ala Leu His Ile Asn Gly Ala Ser Val Leu Trp

390 395 400 405
aat ctg gag aaa ctg cca cgt gac gga aag atc gtg agc tac tgc aag 1363
Asn Leu Glu Lys Leu Pro Arg Asp Gly Lys Ile Val Ser Tyr Cys Lys

410 415 420
agt gga aca cgc agc tca atc gcc gca agc acc ctg cgt aat gct ggt 1411
Ser Gly Thr Arg Ser Ser Ile Ala Ala Ser Thr Leu Arg Asn Ala Gly

425 430 435
ttt gat gtg gtg gaa ctt caa gga tcc tat gac aac tgg gtc cgg cac 1459
Phe Asp Val Val Glu Leu Gln Gly Ser Tyr Asp Asn Trp Val Arg His

440 445 450
aac 1462
Asn

<210> 124
<211> 454
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 124
Val Leu Ile Glu Arg Ile Tyr Asp Glu Asp Leu Ala Gln Ala Ser Tyr
1 5 10 15
Phe Ile Gly Cys Gln Ala His Asn Thr Ala Val Val Val Asp Pro Arg
20 25 30
Arg Asp Ile Ala Val Tyr Leu Asp Met Ala Lys Lys Asn Gly Met Glu
35 40 45
Ile Val Gly Val Thr Glu Thr His Ile His Ala Asp Tyr Leu Ser Gly
50 55 60
Thr Arg Glu Leu Ala Ala Ala Thr Asn Ala Thr Met Tyr Val Ser Gly
65 70 75 80
Glu Gly Gly Ala Asp Trp Gln Tyr Glu Phe Asp Ala Glu Arg Ile Cys
85 90 95
Asp Gly Ser Glu Ile Arg Leu Gly Asn Leu Val Leu Thr Ala Val His
100 105 110
Thr Pro Gly His Thr Pro Glu His Leu Ser Phe Leu Leu Lys Asp Gly
115 120 125
Ala Phe Ala Asp Glu Pro Gly Phe Met Leu Thr Gly Asp Phe Val Phe
130 135 140
Ala Gly Asp Leu Gly Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly

145	150	155	160
Val Asp Thr Arg Phe Glu Gly Ala Arg Gln Met Phe Lys Ser Leu Lys			
	165	170	175
Glu Lys Phe Leu Thr Leu Pro Asp His Ile Gln Ile Phe Pro Gly His			
	180	185	190
Gly Ser Gly Ser Ala Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ser Val Pro Ser Thr			
	195	200	205
Thr Leu Gly Tyr Glu Arg Gln Phe Ala Trp Trp Gly Lys Tyr Leu Glu			
	210	215	220
Ala Asp Asp Glu Gln Gly Phe Ile Asp Glu Leu Leu Glu Gly Gln Pro			
	225	230	235
Asp Ala Pro Ala Tyr Phe Gly Arg Met Lys Arg Gln Asn Arg Gln Gly			
	245	250	255
Pro Ala Ile Met Gly Ala Arg Glu Leu Leu Pro Gln Leu Glu Ala Ser			
	260	265	270
Asp Leu His Asp Val Ile Val Val Asp Thr Arg Ser Ala Asp Glu Val			
	275	280	285
His Gln Gly Thr Val Ala Gly Ala Val Asn Ile Pro Ala Gly Asn Ser			
	290	295	300
Met Ala Lys Phe Gly Ser Trp Thr Val Asp Pro Glu Lys Asp Ser Arg			
	305	310	315
Ala Leu Val Leu Leu Ala Ala Ser Gln Ile Gly Ala Met Glu Met Trp			
	325	330	335
Asp His Met Val Arg Val Gly Ile Asp Asn Val Ala Gly Phe Ile Thr			
	340	345	350
Asn Phe Asp Gly Val Asp Leu Val Ala Pro Gln Thr Val Ser Pro Asp			
	355	360	365
Gln Leu Asp Glu Leu Glu Tyr Asp Leu Leu Leu Asp Val Arg Asn Arg			
	370	375	380
Ser Glu Val Glu Glu Gly Tyr Ile Pro Gly Ala Leu His Ile Asn Gly			
	385	390	395
Ala Ser Val Leu Trp Asn Leu Glu Lys Leu Pro Arg Asp Gly Lys Ile			
	405	410	415
Val Ser Tyr Cys Lys Ser Gly Thr Arg Ser Ser Ile Ala Ala Ser Thr			
	420	425	430
Leu Arg Asn Ala Gly Phe Asp Val Val Glu Leu Gln Gly Ser Tyr Asp			
	435	440	445
Asn Trp Val Arg His Asn			
	450		

<210> 125
 <211> 1023
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1023)
 <223> FRXA00660

<400> 125
 cca ggc cat acc ccg gaa cac tta tcg ttc ctg ctg aag gac ggc gcg 48
 Pro Gly His Thr Pro Glu His Leu Ser Phe Leu Leu Lys Asp Gly Ala

1 5 10 15
 ttc gca cat gag cca gga ttc atg ctc act ggc gat ttc gtt ttc gcg 96
 Phe Ala His Glu Pro Gly Phe Met Leu Thr Gly Asp Phe Val Phe Ala

20 25 30
 ggt gat ctt ggc cga cca gat ttg ctc gat gaa gca gct ggg gga gtg 144
 Gly Asp Leu Gly Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly Val

35 40 45
 gac act cgt ttt gag ggg gct cgc caa atg ttc aag agc ttg aag gaa 192
 Asp Thr Arg Phe Glu Gly Ala Arg Gln Met Phe Lys Ser Leu Lys Glu

50 55 60
 aaa ttc ctg aca ttg cct gat cac atc cag atc ttc cct ggt cat ggt 240
 Lys Phe Leu Thr Leu Pro Asp His Ile Gln Ile Phe Pro Gly His Gly

65 70 75 80
 tcc ggt tcc gcg tgt ggc aaa gcc ttg ggt tcg gtt cct tca aca aca 288
 Ser Gly Ser Ala Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ser Val Pro Ser Thr Thr

85 90 95
 ctt gga tat gaa cgt caa ttt gcg tgg tgg gga aag tat ctg gag gca 336
 Leu Gly Tyr Glu Arg Gln Phe Ala Trp Trp Gly Lys Tyr Leu Glu Ala

100 105 110
 gat gat gaa caa gga ttc att gat gag ctt ctg gaa ggc caa cct gat 384
 Asp Asp Glu Gln Gly Phe Ile Asp Glu Leu Leu Glu Gly Gln Pro Asp

115 120 125
 gca cct gca tac ttc ggc agg atg aag agg caa aat agg caa ggg ccc 432
 Ala Pro Ala Tyr Phe Gly Arg Met Lys Arg Gln Asn Arg Gln Gly Pro

130 135 140
 gca att atg ggc gct cgc gag ctg ttg cca cag ctg gaa gct tct gat 480
 Ala Ile Met Gly Ala Arg Glu Leu Leu Pro Gln Leu Glu Ala Ser Asp

145 150 155 160
 ctg cac gac gtc att gtt gtt gat acc cgc tca gcc gat gaa gtt cac 528
 Leu His Asp Val Ile Val Val Asp Thr Arg Ser Ala Asp Glu Val His

165	170	175	
cag ggc act gta gct ggt gca gtg aat att cct gcg ggc aat tcg atg			576
Gln Gly Thr Val Ala Gly Ala Val Asn Ile Pro Ala Gly Asn Ser Met			
180	185	190	
gcg aaa ttt ggc tcg tgg acc gtt gat ccc gag aag gat tcc cga gct			624
Ala Lys Phe Gly Ser Trp Thr Val Asp Pro Glu Lys Asp Ser Arg Ala			
195	200	205	
ttg gtt ctg ctc gcg gca agc caa att ggt gcc atg gag atg tgg gac			672
Leu Val Leu Leu Ala Ala Ser Gln Ile Gly Ala Met Glu Met Trp Asp			
210	215	220	
cac atg gtt cgc gtg gga atc gat aat gtt gct ggt ttt atc acc aac			720
His Met Val Arg Val Gly Ile Asp Asn Val Ala Gly Phe Ile Thr Asn			
225	230	235	240
ttt gat ggg gtg gac cta gtt gca ccg caa act gtg tcc cca gat cag			768
Phe Asp Gly Val Asp Leu Val Ala Pro Gln Thr Val Ser Pro Asp Gln			
245	250	255	
ctg gat gaa ttg gaa tac gat cta ctt ctt gat gtc cgc aac cgc agt			816
Leu Asp Glu Leu Glu Tyr Asp Leu Leu Leu Asp Val Arg Asn Arg Ser			
260	265	270	
gaa gtc gaa gaa ggc tac atc cca gga gca ctc cat att aat ggt gca			864
Glu Val Glu Glu Gly Tyr Ile Pro Gly Ala Leu His Ile Asn Gly Ala			
275	280	285	
tcc gtg ctg tgg aat ctg gag aaa ctg cca cgt gac gga aag atc gtg			912
Ser Val Leu Trp Asn Leu Glu Lys Leu Pro Arg Asp Gly Lys Ile Val			
290	295	300	
agc tac tgc aag agt gga aca cgc agc tca atc gcc gca agc acc ctg			960
Ser Tyr Cys Lys Ser Gly Thr Arg Ser Ser Ile Ala Ala Ser Thr Leu			
305	310	315	320
cgt aat gct ggt ttt gat gtg gtg gaa ctt caa gga tcc tat gac aac			1008
Arg Asn Ala Gly Phe Asp Val Val Glu Leu Gln Gly Ser Tyr Asp Asn			
325	330	335	
tgg gtc cgg cac aac			1023
Trp Val Arg His Asn			

340

<210> 126

<211> 341

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 126

Pro Gly His Thr Pro Glu His Leu Ser Phe Leu Leu Lys Asp Gly Ala

1	5	10	15
Phe Ala His Glu Pro Gly Phe Met Leu Thr Gly Asp Phe Val Phe Ala	20	25	30
Gly Asp Leu Gly Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly Val	35	40	45
Asp Thr Arg Phe Glu Gly Ala Arg Gln Met Phe Lys Ser Leu Lys Glu	50	55	60
Lys Phe Leu Thr Leu Pro Asp His Ile Gln Ile Phe Pro Gly His Gly	65	70	75
Ser Gly Ser Ala Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ser Val Pro Ser Thr Thr	85	90	95
Leu Gly Tyr Glu Arg Gln Phe Ala Trp Trp Gly Lys Tyr Leu Glu Ala	100	105	110
Asp Asp Glu Gln Gly Phe Ile Asp Glu Leu Leu Glu Gly Gln Pro Asp	115	120	125
Ala Pro Ala Tyr Phe Gly Arg Met Lys Arg Gln Asn Arg Gln Gly Pro	130	135	140
Ala Ile Met Gly Ala Arg Glu Leu Leu Pro Gln Leu Glu Ala Ser Asp	145	150	155
Leu His Asp Val Ile Val Val Asp Thr Arg Ser Ala Asp Glu Val His	165	170	175
Gln Gly Thr Val Ala Gly Ala Val Asn Ile Pro Ala Gly Asn Ser Met	180	185	190
Ala Lys Phe Gly Ser Trp Thr Val Asp Pro Glu Lys Asp Ser Arg Ala	195	200	205
Leu Val Leu Leu Ala Ala Ser Gln Ile Gly Ala Met Glu Met Trp Asp	210	215	220
His Met Val Arg Val Gly Ile Asp Asn Val Ala Gly Phe Ile Thr Asn	225	230	235
Phe Asp Gly Val Asp Leu Val Ala Pro Gln Thr Val Ser Pro Asp Gln	245	250	255
Leu Asp Glu Leu Glu Tyr Asp Leu Leu Leu Asp Val Arg Asn Arg Ser	260	265	270
Glu Val Glu Glu Gly Tyr Ile Pro Gly Ala Leu His Ile Asn Gly Ala	275	280	285
Ser Val Leu Trp Asn Leu Glu Lys Leu Pro Arg Asp Gly Lys Ile Val	290	295	300
Ser Tyr Cys Lys Ser Gly Thr Arg Ser Ser Ile Ala Ala Ser Thr Leu	305	310	315
			320

Arg Asn Ala Gly Phe Asp Val Val Glu Leu Gln Gly Ser Tyr Asp Asn
325 330 335

Trp Val Arg His Asn
340

<210> 127

<211> 756

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(733)

<223> RXA00801

<400> 127

ggataagttt gtttctgagc gtattggtct tgatgatgtt gaagaggctt tcaacacccat 60
gaaggctggc gacgtgctgc gttctgtggt ggagatctaa atg gct cac gac gga 115
Met Ala His Asp Gly

1 5
ttg cgc gta gaa aac att gtc acc tca ggc atc ttt gcc ctt gat ggt 163
Leu Arg Val Glu Asn Ile Val Thr Ser Gly Ile Phe Ala Leu Asp Gly

10 15 20
ggc gaa tgg gaa gtc gac aac aac atc tgg gtt gtg gga aat gat gat 211
Gly Glu Trp Glu Val Asp Asn Asn Ile Trp Val Val Gly Asn Asp Asp

25 30 35
gag gtt ttc atc atc gat gcg gca cac act gca gca ccc atc atc gag 259
Glu Val Phe Ile Ile Asp Ala Ala His Thr Ala Ala Pro Ile Ile Glu

40 45 50
gct gtc ggt gga cgt gct gtg aag ggc att ttg tgc acc cac gca cac 307
Ala Val Gly Gly Arg Ala Val Lys Gly Ile Leu Cys Thr His Ala His

55 60 65
aat gac cac atc act gtc gca cca gag cta tcc aag gaa ttt gat gca 355
Asn Asp His Ile Thr Val Ala Pro Glu Leu Ser Lys Glu Phe Asp Ala

70 75 80 85
cca atc ttc gtg cac cca ggt gac caa atg ctg tgg gag gaa acc cac 403
Pro Ile Phe Val His Pro Gly Asp Gln Met Leu Trp Glu Glu Thr His

90 95 100
gga aac ctg acc cac gag gat ttg gca gat cag cag aag ttc caa atc 451
Gly Asn Leu Thr His Glu Asp Leu Ala Asp Gln Gln Lys Phe Gln Ile

105 110 115
gct gga act gaa ctg atc gtg ctt aat acc cct gga cac tca cct gga 499
Ala Gly Thr Glu Leu Ile Val Leu Asn Thr Pro Gly His Ser Pro Gly

120

125

130

tcc agc tgc ttc tac ctc cct gaa gca aac gag ctc ttc tct gga gac 547
Ser Ser Cys Phe Tyr Leu Pro Glu Ala Asn Glu Leu Phe Ser Gly Asp

135 140 145
act ttg ttc cag ggt ggg ccg gga gca act ggc cgt aag tac agc tcc 595
Thr Leu Phe Gln Gly Gly Pro Gly Ala Thr Gly Arg Lys Tyr Ser Ser

150 155 160 165
ttt gac acc atc att gag tcc ctc aag acc tca att ttg gat cta cca 643
Phe Asp Thr Ile Ile Glu Ser Leu Lys Thr Ser Ile Leu Asp Leu Pro

170 175 180
gcg gaa acc acc gtg cgc act ggc cat ggt gat cac acc agt gtg ggg 691
Ala Glu Thr Thr Val Arg Thr Gly His Gly Asp His Thr Ser Val Gly

185 190 195
gct gag gct cca cac ttg gag gaa tgg att aaa cgc ggg cac 733
Ala Glu Ala Pro His Leu Glu Glu Trp Ile Lys Arg Gly His

200 205 210
taagccccga acgattagta ggc 756

<210> 128

<211> 211

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 128

Met Ala His Asp Gly Leu Arg Val Glu Asn Ile Val Thr Ser Gly Ile
1 5 10 15

Phe Ala Leu Asp Gly Gly Glu Trp Glu Val Asp Asn Asn Ile Trp Val
20 25 30

Val Gly Asn Asp Asp Glu Val Phe Ile Ile Asp Ala Ala His Thr Ala
35 40 45

Ala Pro Ile Ile Glu Ala Val Gly Gly Arg Ala Val Lys Gly Ile Leu
50 55 60

Cys Thr His Ala His Asn Asp His Ile Thr Val Ala Pro Glu Leu Ser
65 70 75 80

Lys Glu Phe Asp Ala Pro Ile Phe Val His Pro Gly Asp Gln Met Leu
85 90 95

Trp Glu Glu Thr His Gly Asn Leu Thr His Glu Asp Leu Ala Asp Gln
100 105 110

Gln Lys Phe Gln Ile Ala Gly Thr Glu Leu Ile Val Leu Asn Thr Pro
115 120 125

Gly His Ser Pro Gly Ser Ser Cys Phe Tyr Leu Pro Glu Ala Asn Glu
130 135 140

Leu Phe Ser Gly Asp Thr Leu Phe Gln Gly Gly Pro Gly Ala Thr Gly
145 150 155 160

Arg Lys Tyr Ser Ser Phe Asp Thr Ile Ile Glu Ser Leu Lys Thr Ser
165 170 175

Ile Leu Asp Leu Pro Ala Glu Thr Thr Val Arg Thr Gly His Gly Asp
180 185 190

His Thr Ser Val Gly Ala Glu Ala Pro His Leu Glu Glu Trp Ile Lys
195 200 205

Arg Gly His
210

<210> 129
<211> 966
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(943)
<223> RXA00821

<400> 129
ttaaagctt gcttctcgac gcaaaaaccc atccggcgca tcccttcaat gttaggggtg 60
cgctgctatt ttctcctcca gttctacgaa atgacttatt gtg act aag ctt gag 115
Val Thr Lys Leu Glu

1 5
cgc atg gag cat cct gct tac agc caa ttg cgg cgg gtt acc ccg tcc 163
Arg Met Glu His Pro Ala Tyr Ser Gln Leu Arg Pro Val Thr Pro Ser

10 15 20
gca tct gtt gtt ttg tgc cct aat ccc ggt tac agc tcg ctg gaa ggc 211
Ala Ser Val Val Leu Cys Pro Asn Pro Gly Tyr Ser Ser Leu Glu Gly

25 30 35
act aat tct tgg gtt atc cgg gca cca gaa gac ccc cgg agc att gtc 259
Thr Asn Ser Trp Val Ile Arg Ala Pro Glu Asp Pro Arg Ser Ile Val

40 45 50
atc gat cca ggt cct gaa gat gag ggc cac ctt aac gtc ttg cat tcc 307
Ile Asp Pro Gly Pro Glu Asp Glu Gly His Leu Asn Val Leu His Ser

55 60 65
aag gct gag gag gtg ggt ttg att ctt ctg acc cac cgt cac tat gat 355
Lys Ala Glu Glu Val Gly Leu Ile Leu Leu Thr His Arg His Tyr Asp

70 75 80 85
cat gct gac ggc gca cag cgt ttc cgt cag ctg acc aat gca cct gtg 403
His Ala Asp Gly Ala Gln Arg Phe Arg Gln Leu Thr Asn Ala Pro Val

90 95 100

cgt gcg atg gac cct tcg tac tgt gct ggt gcg gag gag att cat gat 451
Arg Ala Met Asp Pro Ser Tyr Cys Ala Gly Ala Glu Glu Ile His Asp

105 110 115
ggt gag atc atc acg atc gac ggt gtc acc cca cag att gag gtg gtg 499
Gly Glu Ile Ile Thr Ile Asp Gly Val Thr Pro Gln Ile Glu Val Val

120 125 130
gcc aca cct ggt cat acc cgt gat tct gtg tct tat ttc atc tgg agt 547
Ala Thr Pro Gly His Thr Arg Asp Ser Val Ser Tyr Phe Ile Trp Ser

135 140 145
gga gtc cct cat gag tcc act ttg gag ggc atc gtt tct ggc gac acc 595
Gly Val Pro His Glu Ser Thr Leu Glu Gly Ile Val Ser Gly Asp Thr

150 155 160 165
att gcg ggt cgt cac acc acg atg att tca gag acc gac ggc gat ttg 643
Ile Ala Gly Arg His Thr Thr Met Ile Ser Glu Thr Asp Gly Asp Leu

170 175 180
ggt gag tac ctg aat tct ttg gcc att ttg gag gag cgc ggc aag gat 691
Gly Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Ala Ile Leu Glu Glu Arg Gly Lys Asp

185 190 195
att ccg ctg ctt cca gga cat ggt cca gat gga cag gac gtg tcc tcc 739
Ile Pro Leu Leu Pro Gly His Gly Pro Asp Gly Gln Asp Val Ser Ser

200 205 210
ttc gcg cgt aag tac att gag cgt cgt gag ctg cgt ctg aac cag atc 787
Phe Ala Arg Lys Tyr Ile Glu Arg Arg Glu Leu Arg Leu Asn Gln Ile

215 220 225
cgt gag gta tgg gag acc cgt ggc cgt gac gtg tcc atg aag gat ctc 835
Arg Glu Val Trp Glu Thr Arg Gly Arg Asp Val Ser Met Lys Asp Leu

230 235 240 245
atc gac gcc atc tac gat gat gtt gat cca gtt ctg cgt ggt gca gcc 883
Ile Asp Ala Ile Tyr Asp Asp Val Asp Pro Val Leu Arg Gly Ala Ala

250 255 260
gag cag tcc act cat gtg gct att cgt tac ctg cag gct cag gaa gct 931
Glu Gln Ser Thr His Val Ala Ile Arg Tyr Leu Gln Ala Gln Glu Ala

265 270 275
tcc gcc tca aac taaacacttt taactaaaca aca 966
Ser Ala Ser Asn

280

<210> 130

<211> 281

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 130

Val Thr Lys Leu Glu Arg Met Glu His Pro Ala Tyr Ser Gln Leu Arg
1 5 10 15

Pro Val Thr Pro Ser Ala Ser Val Val Leu Cys Pro Asn Pro Gly Tyr
20 25 30

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

Pro Arg Ser Ile Val Ile Asp Pro Gly Pro Glu Asp Glu Gly His Leu
50 55 60

Asn Val Leu His Ser Lys Ala Glu Glu Val Gly Leu Ile Leu Leu Thr
65 70 75 80

His Arg His Tyr Asp His Ala Asp Gly Ala Gln Arg Phe Arg Gln Leu
85 90 95

Thr Asn Ala Pro Val Arg Ala Met Asp Pro Ser Tyr Cys Ala Gly Ala
100 105 110

Glu Glu Ile His Asp Gly Glu Ile Ile Thr Ile Asp Gly Val Thr Pro
115 120 125

Gln Ile Glu Val Val Ala Thr Pro Gly His Thr Arg Asp Ser Val Ser
130 135 140

Tyr Phe Ile Trp Ser Gly Val Pro His Glu Ser Thr Leu Glu Gly Ile
145 150 155 160

Val Ser Gly Asp Thr Ile Ala Gly Arg His Thr Thr Met Ile Ser Glu
165 170 175

Thr Asp Gly Asp Leu Gly Glu Tyr Leu Asn Ser Leu Ala Ile Leu Glu
180 185 190

Glu Arg Gly Lys Asp Ile Pro Leu Leu Pro Gly His Gly Pro Asp Gly
195 200 205

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

Arg Leu Asn Gln Ile Arg Glu Val Trp Glu Thr Arg Gly Arg Asp Val
225 230 235 240

Ser Met Lys Asp Leu Ile Asp Ala Ile Tyr Asp Asp Val Asp Pro Val
245 250 255

Leu Arg Gly Ala Ala Glu Gln Ser Thr His Val Ala Ile Arg Tyr Leu
260 265 270

Gln Ala Gln Glu Ala Ser Ala Ser Asn
275 280

<210> 131

<211> 1530

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1507)

<223> RXN02966

<400> 131

aaatataccc cccaggggat cttgacagat taaagctcga tgttttaggc tctacatata 60
ccccacggg tatccctca actttgatct aaggtgtcac atg ctt ttt gaa cgc 115
Met Leu Phe Glu Arg

1 5
atc tac gaa gaa ggc ctc gcc caa gcc agc tat ttc att ggc tgc caa 163
Ile Tyr Glu Glu Gly Leu Ala Gln Ala Ser Tyr Phe Ile Gly Cys Gln

10 15 20
cgc gaa ggc aaa gcg att gtt gtt gat gct cgc cga gat atc cag acc 211
Arg Glu Gly Lys Ala Ile Val Val Asp Ala Arg Arg Asp Ile Gln Thr

25 30 35
tat ctg gac ctt gca gca aaa aac aac atg gtc att agc gcc gta acc 259
Tyr Leu Asp Leu Ala Ala Lys Asn Asn Met Val Ile Ser Ala Val Thr

40 45 50
gaa acc cat att cat gcc gat tat ctc tcc ggt act cgc gaa ctt gca 307
Glu Thr His Ile His Ala Asp Tyr Leu Ser Gly Thr Arg Glu Leu Ala

55 60 65
gct gcc acc ggc gcc gag att ttc ctc tct ggc gaa ggc gga gct gat 355
Ala Ala Thr Gly Ala Glu Ile Phe Leu Ser Gly Glu Gly Gly Ala Asp

70 75 80 85
tgg caa tat ggc ttt aca ggc acc acc ttg atg cac aat tcc acc atc 403
Trp Gln Tyr Gly Phe Thr Gly Thr Thr Leu Met His Asn Ser Thr Ile

90 95 100
aag ctg gga aat atc acc atc aca gcc aag cac act ccc gga cac act 451
Lys Leu Gly Asn Ile Thr Ile Thr Ala Lys His Thr Pro Gly His Thr

105 110 115
cca gag cac ctg tca ttt ttg att act gat ggt gcg gtc tca aag gat 499
Pro Glu His Leu Ser Phe Leu Ile Thr Asp Gly Ala Val Ser Lys Asp

120 125 130
ccc ggt ttt atg ctc agc ggt gac ttc gtc ttc gta ggt gac gtg gga 547
Pro Gly Phe Met Leu Ser Gly Asp Phe Val Phe Val Gly Asp Val Gly

135 140 145
cgt cca gat tta ctt gat gag gca gct ggc ggc gtg gac acc cgc ttc 595
Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly Val Asp Thr Arg Phe

150 155 160 165
gcc gga gca cag caa ctc ttc cat agc cta aaa gag cag ttc ctt gca 643

Ala Gly Ala Gln Gln Leu Phe His Ser Leu Lys Glu Gln Phe Leu Ala

170 175 180
ctc ccc gac cac att cag gtt tat cca ggt cat ggt gct ggc agc cct 691
Leu Pro Asp His Ile Gln Val Tyr Pro Gly His Gly Ala Gly Ser Pro

185 190 195
tgt ggc aag gca ttg ggc gcg atc cct agc acc acc gtg gga tat gaa 739
Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ala Ile Pro Ser Thr Thr Val Gly Tyr Glu

200 205 210
aag gct aat gcg tgg tgg gct cca tat ctg cgc agt gat gat gaa gcc 787
Lys Ala Asn Ala Trp Trp Ala Pro Tyr Leu Arg Ser Asp Asp Glu Ala

215 220 225
ggc ttt gtg gaa gag ctt ctc gac ggc cag cca gat gcc cac gct tac 835
Gly Phe Val Glu Glu Leu Leu Asp Gly Gln Pro Asp Ala His Ala Tyr

230 235 240 245
ttt gct cgc atg aaa aag cag aac aag cag gga cct gca gta ctt agt 883
Phe Ala Arg Met Lys Lys Gln Asn Lys Gln Gly Pro Ala Val Leu Ser

250 255 260
aca tta tcc ccg ctt gtg aag cta gaa gcc gag gaa gtc gtc gaa aag 931
Thr Leu Ser Pro Leu Val Lys Leu Glu Ala Glu Glu Val Val Glu Lys

265 270 275
ctt ggt tct gaa gca gta ttt gtg gat acc cgc gag caa aac caa gtc 979
Leu Gly Ser Glu Ala Val Phe Val Asp Thr Arg Glu Gln Asn Gln Val

280 285 290
cat ctc gga acc gtt gtt ggg gca ttg aat att ccg cgc ggc gcc aag 1027
His Leu Gly Thr Val Val Gly Ala Leu Asn Ile Pro Arg Gly Ala Lys

295 300 305
gcg tcc aat ttt gcg gcg tgg gtt att gat cct caa aag gat gct cag 1075
Ala Ser Asn Phe Ala Ala Trp Val Ile Asp Pro Gln Lys Asp Ala Gln

310 315 320 325
gac ctt att gtt ttg gct ccg gac gcc aat acc gct gcg gat ttc cgc 1123
Asp Leu Ile Val Leu Ala Pro Asp Ala Asn Thr Ala Ala Asp Phe Arg

330 335 340
gac gct ttg ctg cgg gtt ggc atc gac act gtg cgt tat ttc acc aac 1171
Asp Ala Leu Leu Arg Val Gly Ile Asp Thr Val Arg Tyr Phe Thr Asn

345 350 355
agt atc gat gga ttg cct acc ttt gtg cca gaa ctc atc tcc ccc gct 1219
Ser Ile Asp Gly Leu Pro Thr Phe Val Pro Glu Leu Ile Ser Pro Ala

360 365 370
gag cta gct gag acc aac tat gac gca ctg att gat atc cgt gca aag 1267
Glu Leu Ala Glu Thr Asn Tyr Asp Ala Leu Ile Asp Ile Arg Ala Lys

375 380 385
tcc gaa ttt gcc gct ggc agc att ccc ggc gcg cag cag ctt tct gga 1315

Ser Glu Phe Ala Ala Gly Ser Ile Pro Gly Ala Gln Gln Leu Ser Gly

390 395 400 405
 ggt tgc gcc atg tgg cgc ctc aat gag ctg cct gcg ggt ggc act ttg 1363
 Gly Ser Ala Met Trp Arg Leu Asn Glu Leu Pro Ala Gly Gly Thr Leu

410 415 420
 gta acc ttc tgc caa tca gga gcg cga aat acc gtg gta gcc aat gct 1411
 Val Thr Phe Cys Gln Ser Gly Ala Arg Asn Thr Val Val Ala Asn Ala

425 430 435
 ttg cga cgc gcc gga ttc acc gtt atc gag ctg gag ggc agc tac gcc 1459
 Leu Arg Arg Ala Gly Phe Thr Val Ile Glu Leu Glu Gly Ser Tyr Ala

440 445 450
 gcg tgg gaa aaa tca gct gcc aat cct aaa aac ttg cag act gcc gtc 1507
 Ala Trp Glu Lys Ser Ala Ala Asn Pro Lys Asn Leu Gln Thr Ala Val

455 460 465
 tagttttaga tccggcgtg tat 1530

<210> 132
 <211> 469
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 132
 Met Leu Phe Glu Arg Ile Tyr Glu Glu Gly Leu Ala Gln Ala Ser Tyr
 1 5 10 15

Phe Ile Gly Cys Gln Arg Glu Gly Lys Ala Ile Val Val Asp Ala Arg
 20 25 30

Arg Asp Ile Gln Thr Tyr Leu Asp Leu Ala Ala Lys Asn Asn Met Val
 35 40 45

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

Thr Arg Glu Leu Ala Ala Ala Thr Gly Ala Glu Ile Phe Leu Ser Gly
 65 70 75 80

Glu Gly Gly Ala Asp Trp Gln Tyr Gly Phe Thr Gly Thr Thr Leu Met
 85 90 95

His Asn Ser Thr Ile Lys Leu Gly Asn Ile Thr Ile Thr Ala Lys His
 100 105 110

Thr Pro Gly His Thr Pro Glu His Leu Ser Phe Leu Ile Thr Asp Gly
 115 120 125

Ala Val Ser Lys Asp Pro Gly Phe Met Leu Ser Gly Asp Phe Val Phe
 130 135 140

Val Gly Asp Val Gly Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly

145	150	155	160
Val Asp Thr Arg Phe Ala Gly Ala Gln Gln Leu Phe His Ser Leu Lys			
	165	170	175
Glu Gln Phe Leu Ala Leu Pro Asp His Ile Gln Val Tyr Pro Gly His			
	180	185	190
Gly Ala Gly Ser Pro Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ala Ile Pro Ser Thr			
	195	200	205
Thr Val Gly Tyr Glu Lys Ala Asn Ala Trp Trp Ala Pro Tyr Leu Arg			
	210	215	220
Ser Asp Asp Glu Ala Gly Phe Val Glu Glu Leu Leu Asp Gly Gln Pro			
	225	230	235
Asp Ala His Ala Tyr Phe Ala Arg Met Lys Lys Gln Asn Lys Gln Gly			
	245	250	255
Pro Ala Val Leu Ser Thr Leu Ser Pro Leu Val Lys Leu Glu Ala Glu			
	260	265	270
Glu Val Val Glu Lys Leu Gly Ser Glu Ala Val Phe Val Asp Thr Arg			
	275	280	285
Glu Gln Asn Gln Val His Leu Gly Thr Val Val Gly Ala Leu Asn Ile			
	290	295	300
Pro Arg Gly Ala Lys Ala Ser Asn Phe Ala Ala Trp Val Ile Asp Pro			
	305	310	315
Gln Lys Asp Ala Gln Asp Leu Ile Val Leu Ala Pro Asp Ala Asn Thr			
	325	330	335
Ala Ala Asp Phe Arg Asp Ala Leu Leu Arg Val Gly Ile Asp Thr Val			
	340	345	350
Arg Tyr Phe Thr Asn Ser Ile Asp Gly Leu Pro Thr Phe Val Pro Glu			
	355	360	365
Leu Ile Ser Pro Ala Glu Leu Ala Glu Thr Asn Tyr Asp Ala Leu Ile			
	370	375	380
Asp Ile Arg Ala Lys Ser Glu Phe Ala Ala Gly Ser Ile Pro Gly Ala			
	385	390	395
Gln Gln Leu Ser Gly Gly Ser Ala Met Trp Arg Leu Asn Glu Leu Pro			
	405	410	415
Ala Gly Gly Thr Leu Val Thr Phe Cys Gln Ser Gly Ala Arg Asn Thr			
	420	425	430
Val Val Ala Asn Ala Leu Arg Arg Ala Gly Phe Thr Val Ile Glu Leu			
	435	440	445
Glu Gly Ser Tyr Ala Ala Trp Glu Lys Ser Ala Ala Asn Pro Lys Asn			
	450	455	460

Leu Gln Thr Ala Val

465

<210> 133

<211> 1530

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1507)

<223> FRXA01833

<400> 133

aaatatatccc cccagggtat cttgacagat taaagctcga tgttttaggc tctacatata 60
ccccacggg tatccctca actttgatct aaggtgtcac atg ctt ttt gaa cgc 115
Met Leu Phe Glu Arg

1 5
atc tac gaa gaa ggc ctc gcc caa gcc agc tat ttc att ggc tgc caa 163
Ile Tyr Glu Glu Gly Leu Ala Gln Ala Ser Tyr Phe Ile Gly Cys Gln

10 15 20
cgc gaa ggc aaa gcg att gtt gtt gat gct cgc cga gat atc cag acc 211
Arg Glu Gly Lys Ala Ile Val Val Asp Ala Arg Arg Asp Ile Gln Thr

25 30 35
tat ctg gac ctt gca gca aaa aac aac atg gtc att agc gcc gta acc 259
Tyr Leu Asp Leu Ala Ala Lys Asn Asn Met Val Ile Ser Ala Val Thr

40 45 50
gaa acc cat att cat gcc gat tat ctc tcc ggt act cgc gaa ctt gca 307
Glu Thr His Ile His Ala Asp Tyr Leu Ser Gly Thr Arg Glu Leu Ala

55 60 65
gct gcc acc ggc gcc gag att ttc ctc tct ggc gaa ggc gga gct gat 355
Ala Ala Thr Gly Ala Glu Ile Phe Leu Ser Gly Glu Gly Gly Ala Asp

70 75 80 85
tgg caa tat ggc ttt aca ggc acc acc ttg atg cac aat tcc acc atc 403
Trp Gln Tyr Gly Phe Thr Gly Thr Thr Leu Met His Asn Ser Thr Ile

90 95 100
aag ctg gaa aat atc acc atc aca gcc aag cac act ccc gga cac act 451
Lys Leu Glu Asn Ile Thr Ile Thr Ala Lys His Thr Pro Gly His Thr

105 110 115
cca gag cac ctg tca ttt ttg att act gat ggt gcg gtc tca aag gat 499
Pro Glu His Leu Ser Phe Leu Ile Thr Asp Gly Ala Val Ser Lys Asp

120 125 130
ccc ggt ttt atg ctc agc ggt gac ttc gtc ttc gta ggt gac gtg gga 547
Pro Gly Phe Met Leu Ser Gly Asp Phe Val Phe Val Gly Asp Val Gly

135	140	145	
cgt cca gat tta ctt gat gag gca gct ggc ggc gtg gac acc cgc ttc			595
Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly Val Asp Thr Arg Phe			
150	155	160	165
gcc gga gca cag caa ctc ttc cat agc cta aaa gag cag ttc ctt gca			643
Ala Gly Ala Gln Gln Leu Phe His Ser Leu Lys Glu Gln Phe Leu Ala			
170	175	180	
ctc ccc gac cac att cag gtt tat cca ggt cat ggt gct ggc agc cct			691
Leu Pro Asp His Ile Gln Val Tyr Pro Gly His Gly Ala Gly Ser Pro			
185	190	195	
tgt ggc aag gca ttg ggc gcg atc cct agc acc acc gtg gga tat gaa			739
Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ala Ile Pro Ser Thr Thr Val Gly Tyr Glu			
200	205	210	
aag gct aat gcg tgg tgg gct cca tat ctg cgc agt gat gat gaa gcc			787
Lys Ala Asn Ala Trp Trp Ala Pro Tyr Leu Arg Ser Asp Asp Glu Ala			
215	220	225	
ggc ttt gtg gaa gag ctt ctc gac ggc cag cca gat gcc cac gct tac			835
Gly Phe Val Glu Glu Leu Leu Asp Gly Gln Pro Asp Ala His Ala Tyr			
230	235	240	245
ttt gct cgc atg aaa aag cag aac aag cag gga cct gca gta ctt agt			883
Phe Ala Arg Met Lys Lys Gln Asn Lys Gln Gly Pro Ala Val Leu Ser			
250	255	260	
aca tta tcc ccg ctt gtg aag cta gaa gcc gag gaa gtc gtc gaa aag			931
Thr Leu Ser Pro Leu Val Lys Leu Glu Ala Glu Glu Val Val Glu Lys			
265	270	275	
ctt ggt tct gaa gca gta ttt gtg gat acc cgc gag caa aac caa gtc			979
Leu Gly Ser Glu Ala Val Phe Val Asp Thr Arg Glu Gln Asn Gln Val			
280	285	290	
cat ctc gga acc gtt gtt ggg gca ttg aat att ccg cgc ggc gcc aag			1027
His Leu Gly Thr Val Val Gly Ala Leu Asn Ile Pro Arg Gly Ala Lys			
295	300	305	
gcg tcc aat ttt gcg gcg tgg gtt att gat cct caa aag gat gct cag			1075
Ala Ser Asn Phe Ala Ala Trp Val Ile Asp Pro Gln Lys Asp Ala Gln			
310	315	320	325
gac ctt att gtt ttg gct ccg gac gcc aat acc gct gcg gat ttc cgc			1123
Asp Leu Ile Val Leu Ala Pro Asp Ala Asn Thr Ala Ala Asp Phe Arg			
330	335	340	
gac gct ttg ctg cgg gtt ggc atc gac act gtg cgt tat ttc acc aac			1171
Asp Ala Leu Leu Arg Val Gly Ile Asp Thr Val Arg Tyr Phe Thr Asn			
345	350	355	
agt atc gat gga ttg cct acc ttt gtg cca gaa ctc atc tcc ccc gct			1219
Ser Ile Asp Gly Leu Pro Thr Phe Val Pro Glu Leu Ile Ser Pro Ala			

360	365	370	
gag cta gct gag acc aac tat gac gca ctg att gat atc cgt gca aag			1267
Glu Leu Ala Glu Thr Asn Tyr Asp Ala Leu Ile Asp Ile Arg Ala Lys			
375	380	385	
tcc gaa ttt gcc gct ggc agc att ccc ggc gcg cag cag ctt tct gga			1315
Ser Glu Phe Ala Ala Gly Ser Ile Pro Gly Ala Gln Gln Leu Ser Gly			
390	395	400	405
ggc tgc gcc atg tgg cgc ctc aat gag ctg cct gcg ggt ggc act ttg			1363
Gly Ser Ala Met Trp Arg Leu Asn Glu Leu Pro Ala Gly Gly Thr Leu			
410	415	420	
gta acc ttc tgc caa tca gga gcg cga aat acc gtg gta gcc aat gct			1411
Val Thr Phe Cys Gln Ser Gly Ala Arg Asn Thr Val Val Ala Asn Ala			
425	430	435	
ttg cga cgc gcc gga ttc acc gtt atc gag ctg gag ggc agc tac gcc			1459
Leu Arg Arg Ala Gly Phe Thr Val Ile Glu Leu Glu Gly Ser Tyr Ala			
440	445	450	
gcg tgg gaa aaa tca gct gcc aat cct aaa aac ttg cag act gcc gtc			1507
Ala Trp Glu Lys Ser Ala Ala Asn Pro Lys Asn Leu Gln Thr Ala Val			
455	460	465	
tagttttaga tccggcgctg tat			1530

<210> 134

<211> 469

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 134

Met	Leu	Phe	Glu	Arg	Ile	Tyr	Glu	Glu	Gly	Leu	Ala	Gln	Ala	Ser	Tyr
1				5					10					15	

Phe	Ile	Gly	Cys	Gln	Arg	Glu	Gly	Lys	Ala	Ile	Val	Val	Asp	Ala	Arg
			20					25					30		

Arg	Asp	Ile	Gln	Thr	Tyr	Leu	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Asn	Asn	Met	Val
		35						40					45		

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

Thr	Arg	Glu	Leu	Ala	Ala	Ala	Thr	Gly	Ala	Glu	Ile	Phe	Leu	Ser	Gly
65					70					75				80	

Glu	Gly	Gly	Ala	Asp	Trp	Gln	Tyr	Gly	Phe	Thr	Gly	Thr	Thr	Leu	Met
			85						90					95	

His	Asn	Ser	Thr	Ile	Lys	Leu	Glu	Asn	Ile	Thr	Ile	Thr	Ala	Lys	His
			100					105					110		

Thr	Pro	Gly	His	Thr	Pro	Glu	His	Leu	Ser	Phe	Leu	Ile	Thr	Asp	Gly

115	120	125
Ala Val Ser Lys Asp Pro Gly Phe Met Leu Ser Gly Asp Phe Val Phe		
130	135	140
Val Gly Asp Val Gly Arg Pro Asp Leu Leu Asp Glu Ala Ala Gly Gly		
145	150	155
Val Asp Thr Arg Phe Ala Gly Ala Gln Gln Leu Phe His Ser Leu Lys		
165	170	175
Glu Gln Phe Leu Ala Leu Pro Asp His Ile Gln Val Tyr Pro Gly His		
180	185	190
Gly Ala Gly Ser Pro Cys Gly Lys Ala Leu Gly Ala Ile Pro Ser Thr		
195	200	205
Thr Val Gly Tyr Glu Lys Ala Asn Ala Trp Trp Ala Pro Tyr Leu Arg		
210	215	220
Ser Asp Asp Glu Ala Gly Phe Val Glu Glu Leu Leu Asp Gly Gln Pro		
225	230	235
Asp Ala His Ala Tyr Phe Ala Arg Met Lys Lys Gln Asn Lys Gln Gly		
245	250	255
Pro Ala Val Leu Ser Thr Leu Ser Pro Leu Val Lys Leu Glu Ala Glu		
260	265	270
Glu Val Val Glu Lys Leu Gly Ser Glu Ala Val Phe Val Asp Thr Arg		
275	280	285
Glu Gln Asn Gln Val His Leu Gly Thr Val Val Gly Ala Leu Asn Ile		
290	295	300
Pro Arg Gly Ala Lys Ala Ser Asn Phe Ala Ala Trp Val Ile Asp Pro		
305	310	315
Gln Lys Asp Ala Gln Asp Leu Ile Val Leu Ala Pro Asp Ala Asn Thr		
325	330	335
Ala Ala Asp Phe Arg Asp Ala Leu Leu Arg Val Gly Ile Asp Thr Val		
340	345	350
Arg Tyr Phe Thr Asn Ser Ile Asp Gly Leu Pro Thr Phe Val Pro Glu		
355	360	365
Leu Ile Ser Pro Ala Glu Leu Ala Glu Thr Asn Tyr Asp Ala Leu Ile		
370	375	380
Asp Ile Arg Ala Lys Ser Glu Phe Ala Ala Gly Ser Ile Pro Gly Ala		
385	390	395
Gln Gln Leu Ser Gly Gly Ser Ala Met Trp Arg Leu Asn Glu Leu Pro		
405	410	415
Ala Gly Gly Thr Leu Val Thr Phe Cys Gln Ser Gly Ala Arg Asn Thr		
420	425	430

Val Val Ala Asn Ala Leu Arg Arg Ala Gly Phe Thr Val Ile Glu Leu
435 440 445

Glu Gly Ser Tyr Ala Ala Trp Glu Lys Ser Ala Ala Asn Pro Lys Asn
450 455 460

Leu Gln Thr Ala Val
465

<210> 135

<211> 675

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(652)

<223> RXA01853

<400> 135

gaatgtccaa cgtcaaaaaa attcttttct atcctaaccg tatcttcaca ccttgaggga 60
atgatggggg agcgccgctt acgcactaca ctgtttattc atg gag atc ctc gga 115
Met Glu Ile Leu Gly

1 5
ttc gcg gct ggt ccg tat aaa aca aat tgc tat gtg gtg cgc ggg gag 163
Phe Ala Ala Gly Pro Tyr Lys Thr Asn Cys Tyr Val Val Arg Gly Glu

10 15 20
aat gag gtc gcg atc att gat cct ggc atg cat gcc cac gat gat ttg 211
Asn Glu Val Ala Ile Ile Asp Pro Gly Met His Ala His Asp Asp Leu

25 30 35
gtg gaa tac atc acc acg aat aat ttg agc gtg gac aag att gtg ctc 259
Val Glu Tyr Ile Thr Thr Asn Asn Leu Ser Val Asp Lys Ile Val Leu

40 45 50
acc cac gga cac att gat cac acc cgt gat gct ggt gtt gtg gca aag 307
Thr His Gly His Ile Asp His Thr Arg Asp Ala Gly Val Val Ala Lys

55 60 65
cgt ttc aat gcg ccg gtc tat atc cat cct gat gat gcg ttt ttc ctt 355
Arg Phe Asn Ala Pro Val Tyr Ile His Pro Asp Asp Ala Phe Phe Leu

70 75 80 85
gag gtc tac aag gga tct gga aca aag acg gcc atg ctt ttc gac gcc 403
Glu Val Tyr Lys Gly Ser Gly Thr Lys Thr Ala Met Leu Phe Asp Ala

90 95 100
gac aac atg gtg tcc cct gat cct gag tca ctg cgt gat ctg gtt gat 451
Asp Asn Met Val Ser Pro Asp Pro Glu Ser Leu Arg Asp Leu Val Asp

105 110 115
ggt gag aca atc act ttg gct ggc gaa gaa ttc acg ttg aag cat gca 499

Gly Glu Thr Ile Thr Leu Ala Gly Glu Glu Phe Thr Leu Lys His Ala

120 125 130
cca ggg cat tca cct ggt tgt acg ctg atc gtc ggc aag gaa tac tgc 547
Pro Gly His Ser Pro Gly Cys Thr Leu Ile Val Gly Lys Glu Tyr Cys

135 140 145
ttt agc ggt gat gtg ttg ttc aag ggc tct att ggt cgc act gat ttt 595
Phe Ser Gly Asp Val Leu Phe Lys Gly Ser Ile Gly Arg Thr Asp Phe

150 155 160 165
gag tgg tct gat gca gat gcc atg aat gag tca cta cgc acg gca gtg 643
Glu Trp Ser Asp Ala Asp Ala Met Asn Glu Ser Leu Arg Thr Ala Val

170 175 180
ctc cca ctt tgatgatgca ttgcagattc ttc 675
Leu Pro Leu

<210> 136
<211> 184
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 136
Met Glu Ile Leu Gly Phe Ala Ala Gly Pro Tyr Lys Thr Asn Cys Tyr
1 5 10 15

Val Val Arg Gly Glu Asn Glu Val Ala Ile Ile Asp Pro Gly Met His
20 25 30

Ala His Asp Asp Leu Val Glu Tyr Ile Thr Thr Asn Asn Leu Ser Val
35 40 45

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

Gly Val Val Ala Lys Arg Phe Asn Ala Pro Val Tyr Ile His Pro Asp
65 70 75 80

Asp Ala Phe Phe Leu Glu Val Tyr Lys Gly Ser Gly Thr Lys Thr Ala
85 90 95

Met Leu Phe Asp Ala Asp Asn Met Val Ser Pro Asp Pro Glu Ser Leu
100 105 110

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

Thr Leu Lys His Ala Pro Gly His Ser Pro Gly Cys Thr Leu Ile Val
130 135 140

Gly Lys Glu Tyr Cys Phe Ser Gly Asp Val Leu Phe Lys Gly Ser Ile

[illegible]

Thr Pro Gly Gly Ala Val Leu Thr Ala Glu Ile Asp Gly Lys Thr His

120 125 130
ctt ttc gtg ggt gac agc ctc ttc ccc ggc ggt ttg ggc aaa acc agc 547
Leu Phe Val Gly Asp Ser Leu Phe Pro Gly Gly Leu Gly Lys Thr Ser

135 140 145
agc gaa ggc gac ttc gtc cga ctg ttc aac gat gtc aaa gag cgc atc 595
Ser Glu Gly Asp Phe Val Arg Leu Phe Asn Asp Val Lys Glu Arg Ile

150 155 160 165
ttt gac acc tac gac gat gac agc atc gtg tgg cca ggt cac ggc aag 643
Phe Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Ser Ile Val Trp Pro Gly His Gly Lys

170 175 180
gaa acc acc ctt gga gcc gag cgt cca cag ctg gaa atc tgg tgg gag 691
Glu Thr Thr Leu Gly Ala Glu Arg Pro Gln Leu Glu Ile Trp Trp Glu

185 190 195
cgt cgc tgg taagcgttt tctcaaccag gca 723
Arg Arg Trp

200

<210> 138

<211> 200

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 138

Met Thr Asn Glu Leu Thr Leu His His Ile Ser Val Ser Gln Met Asp
1 5 10 15

Asn Asn Cys Tyr Leu Leu Ala Ala Asn Gly Asn Gly Leu Leu Ile Asp
20 25 30

Ala Ala Asp Asp Ala Ala Ala Leu Leu Lys Leu Ala Glu Asp Ala Gly
35 40 45

Val Thr Ile Thr Lys Val Leu Thr Thr His Arg His Ala Asp His Val
50 55 60

Arg Ala Leu Pro Glu Val Leu Gln Lys Thr Gly Ala Thr His Tyr Ala
65 70 75 80

Pro Phe Leu Glu Val Pro Ala Leu Pro Ser Ala Val Asp Val Glu Leu
85 90 95

His His Gly Asp Ser Ile Glu Phe Glu Gly His Val Phe Pro Ile Ser
100 105 110

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

Asp Gly Lys Thr His Leu Phe Val Gly Asp Ser Leu Phe Pro Gly Gly

130	135	140	
Leu Gly Lys Thr Ser Ser Glu Gly Asp Phe Val Arg Leu Phe Asn Asp			
145	150	155	160
Val Lys Glu Arg Ile Phe Asp Thr Tyr Asp Asp Asp Ser Ile Val Trp			
	165	170	175
Pro Gly His Gly Lys Glu Thr Thr Leu Gly Ala Glu Arg Pro Gln Leu			
	180	185	190
Glu Ile Trp Trp Glu Arg Arg Trp			
195	200		
<210> 139			
<211> 404			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(381)			
<223> FRXA02424			
<400> 139			
acc gga gca act cac tac gcg cct ttc ctt gag gtg cca gct ttg ccc	48		
Thr Gly Ala Thr His Tyr Ala Pro Phe Leu Glu Val Pro Ala Leu Pro			
1 5 10 15			
tcc gct gtt gat gtg gaa ctg cat cat ggt gat tca att gaa ttt gag	96		
Ser Ala Val Asp Val Glu Leu His His Gly Asp Ser Ile Glu Phe Glu			
20 25 30			
ggt cat gta ttc cct atc agc att ctg cgc ggc cac acc cca ggc ggt	144		
Gly His Val Phe Pro Ile Ser Ile Leu Arg Gly His Thr Pro Gly Gly			
35 40 45			
gca gta ctc acc gct gag atc gac ggt aaa act cac ctt ttc gtg ggt	192		
Ala Val Leu Thr Ala Glu Ile Asp Gly Lys Thr His Leu Phe Val Gly			
50 55 60			
gac agc ctc ttc ccc ggc ggt ttg ggc aaa acc agc agc gaa ggc gac	240		
Asp Ser Leu Phe Pro Gly Gly Leu Gly Lys Thr Ser Ser Glu Gly Asp			
65 70 75 80			
ttc gtc cga ctg ttc aac gat gtc aaa gag cgc atc ttt gac acc tac	288		
Phe Val Arg Leu Phe Asn Asp Val Lys Glu Arg Ile Phe Asp Thr Tyr			
85 90 95			
gac gat gac agc atc gtg tgg cca ggt cac ggc aag gaa acc acc ctt	336		
Asp Asp Asp Ser Ile Val Trp Pro Gly His Gly Lys Glu Thr Thr Leu			
100 105 110			
gga gcc gag cgt cca cag ctg gaa atc tgg tgg gag cgt cgc tgg	381		

Gly Ala Glu Arg Pro Gln Leu Glu Ile Trp Trp Glu Arg Arg Trp

115 120 125
taagcgcttt tctcaaccag gca 404

<210> 140
<211> 127
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 140
Thr Gly Ala Thr His Tyr Ala Pro Phe Leu Glu Val Pro Ala Leu Pro
1 5 10 15

Ser Ala Val Asp Val Glu Leu His His Gly Asp Ser Ile Glu Phe Glu
20 25 30

Gly His Val Phe Pro Ile Ser Ile Leu Arg Gly His Thr Pro Gly Gly
35 40 45

Ala Val Leu Thr Ala Glu Ile Asp Gly Lys Thr His Leu Phe Val Gly
50 55 60

Asp Ser Leu Phe Pro Gly Gly Leu Gly Lys Thr Ser Ser Glu Gly Asp
65 70 75 80

Phe Val Arg Leu Phe Asn Asp Val Lys Glu Arg Ile Phe Asp Thr Tyr
85 90 95

Asp Asp Asp Ser Ile Val Trp Pro Gly His Gly Lys Glu Thr Thr Leu
100 105 110

Gly Ala Glu Arg Pro Gln Leu Glu Ile Trp Trp Glu Arg Arg Trp
115 120 125

<210> 141
<211> 882
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(859)
<223> RXN00419

<400> 141
gtcgggtgaa gactcgaaat gagatcgacc caaccggagt ctttgcattc gacatgtccc 60
gccgacttga gctttcttaa gaaagggctt gaactaaaca atg ctt aac gca gtg 115
Met Leu Asn Ala Val
1 5
ggc aaa gcc caa aac att ctc ctt ctt ggt gga acc tct gag atc ggt 163

Gly Lys Ala Gln Asn Ile Leu Leu Leu Gly Gly Thr Ser Glu Ile Gly

10 15 20
att tcc att gtc tcc cgc ttc ctc aag cag ggt cca tcc cat gtg acc 211
Ile Ser Ile Val Ser Arg Phe Leu Lys Gln Gly Pro Ser His Val Thr

25 30 35
ttg gca gcg cgt aaa gat tcc cca cgc gtg gac gca gca gtc gca gag 259
Leu Ala Ala Arg Lys Asp Ser Pro Arg Val Asp Ala Ala Val Ala Glu

40 45 50
atc aaa gca gct ggc gct gct tcc gtt gct gtt gtt gat ttc gat gcg 307
Ile Lys Ala Ala Gly Ala Ala Ser Val Ala Val Val Asp Phe Asp Ala

55 60 65
ctc gac acc gaa tcc cac cct gca gcc atc gac gca gcc ttt gaa aac 355
Leu Asp Thr Glu Ser His Pro Ala Ala Ile Asp Ala Ala Phe Glu Asn

70 75 80 85
ggc gac gtt gac gta gca atc gtg gct ttc ggc atc ctc ggc gac aac 403
Gly Asp Val Asp Val Ala Ile Val Ala Phe Gly Ile Leu Gly Asp Asn

90 95 100
gaa gca cag tgg cgc gac caa gca cta gca gtg gaa gca acc acc gtg 451
Glu Ala Gln Trp Arg Asp Gln Ala Leu Ala Val Glu Ala Thr Thr Val

105 110 115
aac tac acc gcc ggc gtt tcc gta ggt gta ctg ctg ggc cag aaa ttt 499
Asn Tyr Thr Ala Gly Val Ser Val Gly Val Leu Leu Gly Gln Lys Phe

120 125 130
gag cag cag ggc cac ggc acc atc gtg gca ttg tcc tct gtg gca ggc 547
Glu Gln Gln Gly His Gly Thr Ile Val Ala Leu Ser Ser Val Ala Gly

135 140 145
cag cga gtc cgc cgc tcc aac ttt gtc tac ggc tcc gcc aag gca ggt 595
Gln Arg Val Arg Arg Ser Asn Phe Val Tyr Gly Ser Ala Lys Ala Gly

150 155 160 165
ttc gac ggt ttc tac acc cag ctc ggc gaa gcc ctg cgt gga tcc ggt 643
Phe Asp Gly Phe Tyr Thr Gln Leu Gly Glu Ala Leu Arg Gly Ser Gly

170 175 180
gcc aac gta ttg gtg gtt cgc cca ggc cag gta cgc acc aag atg tcc 691
Ala Asn Val Leu Val Val Arg Pro Gly Gln Val Arg Thr Lys Met Ser

185 190 195
gca gat ggt ggc gaa gcc cca ctg acc gtc aac cgc gaa gac gtg gca 739
Ala Asp Gly Gly Glu Ala Pro Leu Thr Val Asn Arg Glu Asp Val Ala

200 205 210
gat gct gtt tat gat gca gtg gtg aac aag aag gac atc atc ttt gtc 787
Asp Ala Val Tyr Asp Ala Val Val Asn Lys Lys Asp Ile Ile Phe Val

215 220 225
cac cca ctg ttc cag tac gtc tct ttt gcg ttc caa ttc att ccg cga 835

His Pro Leu Phe Gln Tyr Val Ser Phe Ala Phe Gln Phe Ile Pro Arg

230 235 240 245
gca atc ttc cgc aag ctg ccg ttc taacggaagt tacggaagtt acg 882
Ala Ile Phe Arg Lys Leu Pro Phe

250

<210> 142

<211> 253

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 142

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> 143

<211> 485

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(462)

<223> FRXA00419

<400> 143

gac aac gaa gca cag tgg cgc gac caa gca cta gca gtg gaa gca acc 48
Asp Asn Glu Ala Gln Trp Arg Asp Gln Ala Leu Ala Val Glu Ala Thr

1 5 10 15
acc gtg aac tac acc gcc ggc gtt tcc gta ggt gta ctg ctg ggc cag 96
Thr Val Asn Tyr Thr Ala Gly Val Ser Val Gly Val Leu Leu Gly Gln

20 25 30
aaa ttt gag cag cag ggc cac ggc acc atc gtg gca ttg tcc tct gtg 144
Lys Phe Glu Gln Gln Gly His Gly Thr Ile Val Ala Leu Ser Ser Val

35 40 45
gca ggc cag cga gtc cgc cgc tcc aac ttt gtc tac ggc tcc gcc aag 192
Ala Gly Gln Arg Val Arg Arg Ser Asn Phe Val Tyr Gly Ser Ala Lys

50 55 60
gca ggt ttc gac ggt ttc tac acc cag ctc ggc gaa gcc ctg cgt gga 240
Ala Gly Phe Asp Gly Phe Tyr Thr Gln Leu Gly Glu Ala Leu Arg Gly

65 70 75 80
tcc ggt gcc aac gta ttg gtg gtt cgc cca ggc cag gta cgc acc aag 288
Ser Gly Ala Asn Val Leu Val Val Arg Pro Gly Gln Val Arg Thr Lys

85 90 95
atg tcc gca gat ggt ggc gaa gcc cca ctg acc gtc aac cgc gaa gac 336
Met Ser Ala Asp Gly Gly Glu Ala Pro Leu Thr Val Asn Arg Glu Asp

100 105 110
gtg gca gat gct gtt tat gat gca gtg gtg aac aag aag gac atc atc 384
Val Ala Asp Ala Val Tyr Asp Ala Val Val Asn Lys Lys Asp Ile Ile

115 120 125
ttt gtc cac cca ctg ttc cag tac gtc tct ttt ggc ttc caa ttc att 432
Phe Val His Pro Leu Phe Gln Tyr Val Ser Phe Ala Phe Gln Phe Ile

130 135 140
ccg cga gca atc ttc cgc aag ctg ccg ttc taacggaagt tacggaagtt 482

Pro Arg Ala Ile Phe Arg Lys Leu Pro Phe

145
acg

485

<210> 144
<211> 154
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 144
Asp Asn Glu Ala Gln Trp Arg Asp Gln Ala Leu Ala Val Glu Ala Thr
1 5 10 15

Thr Val Asn Tyr Thr Ala Gly Val Ser Val Gly Val Leu Leu Gly Gln
20 25 30

Lys Phe Glu Gln Gln Gly His Gly Thr Ile Val Ala Leu Ser Ser Val
35 40 45

Ala Gly Gln Arg Val Arg Arg Ser Asn Phe Val Tyr Gly Ser Ala Lys
50 55 60

Ala Gly Phe Asp Gly Phe Tyr Thr Gln Leu Gly Glu Ala Leu Arg Gly
65 70 75 80

Ser Gly Ala Asn Val Leu Val Val Arg Pro Gly Gln Val Arg Thr Lys
85 90 95

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

Val Ala Asp Ala Val Tyr Asp Ala Val Val Asn Lys Lys Asp Ile Ile
115 120 125

Phe Val His Pro Leu Phe Gln Tyr Val Ser Phe Ala Phe Gln Phe Ile
130 135 140

Pro Arg Ala Ile Phe Arg Lys Leu Pro Phe
145 150

<210> 145
<211> 259
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(259)
<223> FRXA00421

<400> 145
gctggttgaa gactcgaaat gagatcgacc caaccggagt ctttgcattc gacatgtccc 60

gccgacttga gctttcttaa gaaagggctt gaactaaaca atg ctt aac gca gtg 115
Met Leu Asn Ala Val

1 5
ggc aaa gcc caa aac att ctc ctt ctt ggt gga acc tct gag atc ggt 163
Gly Lys Ala Gln Asn Ile Leu Leu Leu Gly Gly Thr Ser Glu Ile Gly

10 15 20
att tcc att gtc tcc cgc ttc ctc aag cag ggt cca tcc cat gtg acc 211
Ile Ser Ile Val Ser Arg Phe Leu Lys Gln Gly Pro Ser His Val Thr

25 30 35
ttg gca gcg cgt aaa gat tcc cca cgc gtg gac gca gca gtc gca gag 259
Leu Ala Ala Arg Lys Asp Ser Pro Arg Val Asp Ala Ala Val Ala Glu

40 45 50

<210> 146

<211> 53

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 146

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
50

<210> 147

<211> 861

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(838)

<223> RXN02923

<400> 147

gcatctacat tgaaggaatc cacggagcgc gcatcgaaga catcgttgtg gtgaatgaag 60
acggttgtga aaccctcaac aaccagccca aggaactgcg ttg agc att ctt ctc 115
Leu Ser Ile Leu Leu

1 5
cta ggc gga acc tct gac att gcc ggt gag att gcc acg ttg acg tgt 163

Leu Gly Gly Thr Ser Asp Ile Ala Gly Glu Ile Ala Thr Leu Thr Cys

10 15 20
cac ggc gaa gac gtt gtt ttg gct gct cgt cga cca gag gct gca cag 211
His Gly Glu Asp Val Val Leu Ala Ala Arg Arg Pro Glu Ala Ala Gln

25 30 35
ggc tta gcg gaa gat ctt cga cag cgc ggt gcc aca tct gtt cat gtt 259
Gly Leu Ala Glu Asp Leu Arg Gln Arg Gly Ala Thr Ser Val His Val

40 45 50
ttg agc ttt gac gcc caa gta cta gac acg cac cga gaa ctt gtg aag 307
Leu Ser Phe Asp Ala Gln Val Leu Asp Thr His Arg Glu Leu Val Lys

55 60 65
aaa aca caa gag cta gct ggc gag att tcc ctt gcc gtg gtt gct ttt 355
Lys Thr Gln Glu Leu Ala Gly Glu Ile Ser Leu Ala Val Val Ala Phe

70 75 80 85
ggc atc ttg gga gac caa gaa cgc gca gaa acc gat gag acc cat gcg 403
Gly Ile Leu Gly Asp Gln Glu Arg Ala Glu Thr Asp Glu Thr His Ala

90 95 100
gta gag atc gcc acc gtg gat tac acc gct cag gtc tcc atg ctc act 451
Val Glu Ile Ala Thr Val Asp Tyr Thr Ala Gln Val Ser Met Leu Thr

105 110 115
gtg ctt gct gat gag ctc cgc gca caa act act cca gca gcg atc gtg 499
Val Leu Ala Asp Glu Leu Arg Ala Gln Thr Thr Pro Ala Ala Ile Val

120 125 130
gcg ttt tcc tcg att gct ggg tgg cgg gcg cgc cgg cct aac tat gtc 547
Ala Phe Ser Ser Ile Ala Gly Trp Arg Ala Arg Arg Pro Asn Tyr Val

135 140 145
tat gga tcc acc aag gct ggt ctc gat gca ttt tgc caa ggg ctt gca 595
Tyr Gly Ser Thr Lys Ala Gly Leu Asp Ala Phe Cys Gln Gly Leu Ala

150 155 160 165
gat agc ctg cat ggg aca cac gtg cga ttg att att gcg cgt cct ggc 643
Asp Ser Leu His Gly Thr His Val Arg Leu Ile Ile Ala Arg Pro Gly

170 175 180
ttt gtt att ggt tct atg acc acg ggg atg aag cct gct ccg atg tcg 691
Phe Val Ile Gly Ser Met Thr Thr Gly Met Lys Pro Ala Pro Met Ser

185 190 195
gtg tat cca cga gat gtt gcc gca gct gtt gtt agt gct tat acc tct 739
Val Tyr Pro Arg Asp Val Ala Ala Ala Val Val Ser Ala Tyr Thr Ser

200 205 210
aag aag agg agc acg acc ttg tgg att ccg gga cgt ctg cgg gtt ctc 787
Lys Lys Arg Ser Thr Thr Leu Trp Ile Pro Gly Arg Leu Arg Val Leu

215 220 225
gcc tgg att atg cgg atg gtt cct cgt ccg gtg tgg cgg aag atg cca 835

Ala Trp Ile Met Arg Met Val Pro Arg Pro Val Trp Arg Lys Met Pro

230 235 240 245
cgc tagatacccg ttcagccctc aca 861
Arg

<210> 148
<211> 246
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 148
Leu Ser Ile Leu Leu Leu Gly Gly Thr Ser Asp Ile Ala Gly Glu Ile
1 5 10 15

Ala Thr Leu Thr Cys His Gly Glu Asp Val Val Leu Ala Ala Arg Arg
20 25 30

Pro Glu Ala Ala Gln Gly Leu Ala Glu Asp Leu Arg Gln Arg Gly Ala
35 40 45

Thr Ser Val His Val Leu Ser Phe Asp Ala Gln Val Leu Asp Thr His
50 55 60

Arg Glu Leu Val Lys Lys Thr Gln Glu Leu Ala Gly Glu Ile Ser Leu
65 70 75 80

Ala Val Val Ala Phe Gly Ile Leu Gly Asp Gln Glu Arg Ala Glu Thr
85 90 95

Asp Glu Thr His Ala Val Glu Ile Ala Thr Val Asp Tyr Thr Ala Gln
100 105 110

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

Pro Ala Ala Ile Val Ala Phe Ser Ser Ile Ala Gly Trp Arg Ala Arg
130 135 140

Arg Pro Asn Tyr Val Tyr Gly Ser Thr Lys Ala Gly Leu Asp Ala Phe
145 150 155 160

Cys Gln Gly Leu Ala Asp Ser Leu His Gly Thr His Val Arg Leu Ile
165 170 175

Ile Ala Arg Pro Gly Phe Val Ile Gly Ser Met Thr Thr Gly Met Lys
180 185 190

Pro Ala Pro Met Ser Val Tyr Pro Arg Asp Val Ala Ala Ala Val Val
195 200 205

Ser Ala Tyr Thr Ser Lys Lys Arg Ser Thr Thr Leu Trp Ile Pro Gly
210 215 220

Arg Leu Arg Val Leu Ala Trp Ile Met Arg Met Val Pro Arg Pro Val
225 230 235 240

Trp Arg Lys Met Pro Arg
245

<210> 149

<211> 1203

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1180)

<223> RXN02922

<400> 149

cccaccgcgg cgcaagctac cgcctaggcg ctcggaactc caccgccact attgatctca 60
gttccatata cgcccaacta gtttcccagg gagcccactc atg atc tca ccg caa 115
Met Ile Ser Pro Gln

1 5
aca atc atc gac aat ctt gct cca gtc ctc gcg gag atc gca gca acg 163
Thr Ile Ile Asp Asn Leu Ala Pro Val Leu Ala Glu Ile Ala Ala Thr

10 15 20
gct gcg cag cgc gaa cag gat cga gaa ttc agc cgt gat ttg gca aag 211
Ala Ala Gln Arg Glu Gln Asp Arg Glu Phe Ser Arg Asp Leu Ala Lys

25 30 35
cag ctt agt gcc ggt ggg ttc act aaa ctc cgc att cca gtt gaa ttt 259
Gln Leu Ser Ala Gly Gly Phe Thr Lys Leu Arg Ile Pro Val Glu Phe

40 45 50
ggc ggt ttg ggt ttt agc ctt cca gaa gca ttt gag gtg ctg gtg gca 307
Gly Gly Leu Gly Phe Ser Leu Pro Glu Ala Phe Glu Val Leu Val Ala

55 60 65
gcg gcc gct gca gat tca aat atc gcg cag gga ttg cgg cct cac ttc 355
Ala Ala Ala Ala Asp Ser Asn Ile Ala Gln Gly Leu Arg Pro His Phe

70 75 80 85
ttg gca gtg gag agc tta ttg atc gct cct tat tca gag cac cgc acc 403
Leu Ala Val Glu Ser Leu Leu Ile Ala Pro Tyr Ser Glu His Arg Thr

90 95 100
aag tgg ctg cga aaa atc gct gag aaa ggc gtg gtc att ggc aat gcg 451
Lys Trp Leu Arg Lys Ile Ala Glu Lys Gly Val Val Ile Gly Asn Ala

105 110 115
ttg act gaa gtg gga aac aag cca ggt gag ctg aaa acc aag atc cga 499
Leu Thr Glu Val Gly Asn Lys Pro Gly Glu Leu Lys Thr Lys Ile Arg

120

125

130

aag gaa ggc gag tct tac gtt ctc agc gac acc aag ttc tat tcc acg 547
Lys Glu Gly Glu Ser Tyr Val Leu Ser Asp Thr Lys Phe Tyr Ser Thr

135 140 145
ggc agt ctt tac gcc gac tgg att caa gta cat gcg aaa gat gag gaa 595
Gly Ser Leu Tyr Ala Asp Trp Ile Gln Val His Ala Lys Asp Glu Glu

150 155 160 165
gat caa gat gtt ttc gcc ttt gtt gat cgc gac gca tca ggc gtt gtt 643
Asp Gln Asp Val Phe Ala Phe Val Asp Arg Asp Ala Ser Gly Val Val

170 175 180
ttg gtg gat tac tgg gac gaa ttt ggg caa caa cta ttt gcc tcc gga 691
Leu Val Asp Tyr Trp Asp Glu Phe Gly Gln Gln Leu Phe Ala Ser Gly

185 190 195
acc agc ttc ttt gaa aaa gtc gtg gta gat cca ctg gac att gtc acc 739
Thr Ser Phe Phe Glu Lys Val Val Val Asp Pro Leu Asp Ile Val Thr

200 205 210
cgt gat tac acc gca ccc agc gct ttc cag gcg ctg gcg cag tca cat 787
Arg Asp Tyr Thr Ala Pro Ser Ala Phe Gln Ala Leu Ala Gln Ser His

215 220 225
cat ttg tct acg ttg act ggt att tcg cag gca atc acc cgt gac att 835
His Leu Ser Thr Leu Thr Gly Ile Ser Gln Ala Ile Thr Arg Asp Ile

230 235 240 245
gtt acc tat gta caa aac cgc acc cgt att ttc agc cac gga agt ggt 883
Val Thr Tyr Val Gln Asn Arg Thr Arg Ile Phe Ser His Gly Ser Gly

250 255 260
gac ctt cca cgc ttt gat ccg cag gtg caa cag gtg gtg ggt gag gtg 931
Asp Leu Pro Arg Phe Asp Pro Gln Val Gln Gln Val Val Gly Glu Val

265 270 275
aaa gcc aag tcg tat gca gtc gag aaa atc ttt cag ggt ttc gca caa 979
Lys Ala Lys Ser Tyr Ala Val Glu Lys Ile Phe Gln Gly Phe Ala Gln

280 285 290
gaa ctg gat ctt gtc gtc gat aag gca aaa gcc ggc act gct acg gag 1027
Glu Leu Asp Leu Val Val Asp Lys Ala Lys Ala Gly Thr Ala Thr Glu

295 300 305
gtc gat ctg gcc gct gtc gac ctg agc gcc tac caa gcc cag tta gcg 1075
Val Asp Leu Ala Ala Val Asp Leu Ser Ala Tyr Gln Ala Gln Leu Ala

310 315 320 325
gtg gca cct ttg gtg ctg agc cag gcc acc cag gcc ttt gag gtt ggc 1123
Val Ala Pro Leu Val Leu Ser Gln Ala Thr Gln Ala Phe Glu Val Gly

330 335 340
gca gat gcc tta aac ggc ggc cac gtg gct gcc caa tac acg atc gga 1171
Ala Asp Ala Leu Asn Gly Gly His Val Ala Ala Gln Tyr Thr Ile Gly

345 350 355

tcc ttg tca tgagccaaga aattttgagc cat 1203
 Ser Leu Ser

360

<210> 150
 <211> 360
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

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

										245					250					255				
Ser	His	Gly	Ser	Gly	Asp	Leu	Pro	Arg	Phe	Asp	Pro	Gln	Val	Gln	Gln									
										260					265					270				
Val	Val	Gly	Glu	Val	Lys	Ala	Lys	Ser	Tyr	Ala	Val	Glu	Lys	Ile	Phe									
										275					280					285				
Gln	Gly	Phe	Ala	Gln	Glu	Leu	Asp	Leu	Val	Val	Asp	Lys	Ala	Lys	Ala									
										290					295					300				
Gly	Thr	Ala	Thr	Glu	Val	Asp	Leu	Ala	Ala	Val	Asp	Leu	Ser	Ala	Tyr									
305										310					315					320				
Gln	Ala	Gln	Leu	Ala	Val	Ala	Pro	Leu	Val	Leu	Ser	Gln	Ala	Thr	Gln									
										325					330					335				
Ala	Phe	Glu	Val	Gly	Ala	Asp	Ala	Leu	Asn	Gly	Gly	His	Val	Ala	Ala									
										340					345					350				
Gln	Tyr	Thr	Ile	Gly	Ser	Leu	Ser																	
355										360														
<210> 151																								
<211> 516																								
<212> DNA																								
<213> Corynebacterium glutamicum																								
<220>																								
<221> CDS																								
<222> (101)..(493)																								
<223> RXN03065																								
<400> 151																								
gacggcgccca actctgcatt cttegcctca gcgtgcgtgg cagtgtttgc actgatcgtg 60																								
ggcttcctttg taaagaggcc agcccgctaa gctaggtcgc atg atc agc att gga 115																								
Met Ile Ser Ile Gly																								
1 5																								
acc gac ctc gtt cac att tcg gcg ttc gca gag cag ctt gca cag ccg 163																								
Thr Asp Leu Val His Ile Ser Ala Phe Ala Glu Gln Leu Ala Gln Pro																								
10 15 20																								
gga agt tcc ttc atg gag gtg ttt tcc gca ggg gag cgt cgt aaa gca 211																								
Gly Ser Ser Phe Met Glu Val Phe Ser Ala Gly Glu Arg Arg Lys Ala																								
25 30 35																								
aat gaa cgc cag gca agc cgc tac gcc gag cat ttg gcg ggg cgg tgg 259																								
Asn Glu Arg Gln Ala Ser Arg Tyr Ala Glu His Leu Ala Gly Arg Trp																								
40 45 50																								
gcg gca aaa gaa tcc ttt att aag gcc tgg tca cag gcc att tat ggc 307																								
Ala Ala Lys Glu Ser Phe Ile Lys Ala Trp Ser Gln Ala Ile Tyr Gly																								
55 60 65																								

cag cca ccc gtg atc gcc gaa gaa gcc gtg gtg tgg cgg gac atc gaa 355
Gln Pro Pro Val Ile Ala Glu Glu Ala Val Val Trp Arg Asp Ile Glu

70 75 80 85
gtt cgc gca gac gcg tgg ggg cgc gtc gcg atc gaa ttg gcg ccc gaa 403
Val Arg Ala Asp Ala Trp Gly Arg Val Ala Ile Glu Leu Ala Pro Glu

90 95 100
ttg gcc gca gtg gtc cgg gaa tcc atc ggg gag ttt tcc agc agc ttg 451
Leu Ala Ala Val Val Arg Glu Ser Ile Gly Glu Phe Ser Ser Ser Leu

105 110 115
agc atc agc cac gac ggc gac tac gcg gtg gaa cgt gcg tgt 493
Ser Ile Ser His Asp Gly Asp Tyr Ala Val Glu Arg Ala Cys

120 125 130
tgactatcca gtagccacgg aga 516

<210> 152
<211> 131
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 152
Met Ile Ser Ile Gly Thr Asp Leu Val His Ile Ser Ala Phe Ala Glu
1 5 10 15

Gln Leu Ala Gln Pro Gly Ser Ser Phe Met Glu Val Phe Ser Ala Gly
20 25 30

Glu Arg Arg Lys Ala Asn Glu Arg Gln Ala Ser Arg Tyr Ala Glu His
35 40 45

Leu Ala Gly Arg Trp Ala Ala Lys Glu Ser Phe Ile Lys Ala Trp Ser
50 55 60

Gln Ala Ile Tyr Gly Gln Pro Pro Val Ile Ala Glu Glu Ala Val Val
65 70 75 80

Trp Arg Asp Ile Glu Val Arg Ala Asp Ala Trp Gly Arg Val Ala Ile
85 90 95

Glu Leu Ala Pro Glu Leu Ala Ala Val Val Arg Glu Ser Ile Gly Glu
100 105 110

Phe Ser Ser Ser Leu Ser Ile Ser His Asp Gly Asp Tyr Ala Val Glu
115 120 125

Arg Ala Cys
130

<210> 153
<211> 543
<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(520)

<223> RXN03132

<400> 153

taacttattt atacataaaa acacaataaa aaccgcacac gcggcgaaac ttcaataaat 60
ccctagactg caaaaaatgg ttaggctaac cttatttcca atg aat gtg aat caa 115
Met Asn Val Asn Gln

1 5
cag ttg gga gcc cgc acc gcc atg aac cac cct gag acc gca acc gtc 163
Gln Leu Gly Ala Arg Thr Ala Met Asn His Pro Glu Thr Ala Thr Val

10 15 20
ctt cgc tcc atc tct gac atg gtt agc acc gaa acc aat ccg cgc cgt 211
Leu Arg Ser Ile Ser Asp Met Val Ser Thr Glu Thr Asn Pro Arg Arg

25 30 35
aaa agc cgc ctc gag cag ctc att tac gcc acc gcc agc gcc tgg ccc 259
Lys Ser Arg Leu Glu Gln Leu Ile Tyr Ala Thr Ala Ser Ala Trp Pro

40 45 50
cac tac ccc att gcc cac gca gcc cag gcc gcg gtg caa tta gcc agg 307
His Tyr Pro Ile Ala His Ala Ala Gln Ala Ala Val Gln Leu Ala Arg

55 60 65
cca atg cgg gtt ttt gag ctc cag agc ttt gaa ggc gtc aag cac gca 355
Pro Met Arg Val Phe Glu Leu Gln Ser Phe Glu Gly Val Lys His Ala

70 75 80 85
ctc cac cac atc gat ctt cgc ccc gcc ctc gaa tgg gac atc atg gga 403
Leu His His Ile Asp Leu Arg Pro Ala Leu Glu Trp Asp Ile Met Gly

90 95 100
ttt ccc gaa tcc ccc gac acg ctg ccc att ttg ctc agt gac ctg cgc 451
Phe Pro Glu Ser Pro Asp Thr Leu Pro Ile Leu Leu Ser Asp Leu Arg

105 110 115
gac ccc cct tac gcc acc act gct gtg cca cct caa tcc acg cca cgc 499
Asp Pro Pro Tyr Ala Thr Thr Ala Val Pro Pro Gln Ser Thr Pro Arg

120 125 130
tcc gct cac cga tcc aca cat tgacgcttcc aggcgccacc gcg 543
Ser Ala His Arg Ser Thr His

135 140

<210> 154

<211> 140

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 154

```

Met Asn Val Asn Gln Gln Leu Gly Ala Arg Thr Ala Met Asn His Pro
  1             5             10             15

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

Thr Asn Pro Arg Arg Lys Ser Arg Leu Glu Gln Leu Ile Tyr Ala Thr
          35             40             45

Ala Ser Ala Trp Pro His Tyr Pro Ile Ala His Ala Ala Gln Ala Ala
          50             55             60

Val Gln Leu Ala Arg Pro Met Arg Val Phe Glu Leu Gln Ser Phe Glu
          65             70             75             80

Gly Val Lys His Ala Leu His His Ile Asp Leu Arg Pro Ala Leu Glu
          85             90             95

Trp Asp Ile Met Gly Phe Pro Glu Ser Pro Asp Thr Leu Pro Ile Leu
          100            105            110

Leu Ser Asp Leu Arg Asp Pro Pro Tyr Ala Thr Thr Ala Val Pro Pro
          115            120            125

Gln Ser Thr Pro Arg Ser Ala His Arg Ser Thr His
          130            135            140

```

<210> 155

<211> 461

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(438)

<223> RXN03157

<400> 155

```

ggc cac ctc gac atc gtg acc cgc gcc gcc gcg caa ttt agc gaa gtc   48
Gly His Leu Asp Ile Val Thr Arg Ala Ala Ala Gln Phe Ser Glu Val

  1             5             10             15

acc atc ttg gtc acc gcc aac ccc aac aaa aac tca gga ctg ttc acc   96
Thr Ile Leu Val Thr Ala Asn Pro Asn Lys Asn Ser Gly Leu Phe Thr

          20             25             30

gtc gca gaa cgc atg gat ctc atc cgc gaa tcc acc gca cac ctg gac   144
Val Ala Glu Arg Met Asp Leu Ile Arg Glu Ser Thr Ala His Leu Asp

          35             40             45

aac gta aaa gta gac act tgg gcc tca ctg ctc gtg gat tac acc acc   192

```

Asn Val Lys Val Asp Thr Trp Ala Ser Leu Leu Val Asp Tyr Thr Thr

50 55 60
gaa cat ggc atc ggc gcc cta gtc aaa ggc ctg cga agc tcc ctc gac 240
Glu His Gly Ile Gly Ala Leu Val Lys Gly Leu Arg Ser Ser Leu Asp

65 70 75 80
tac gaa tac gag ctc ccc atg gca cag atg aac agg cga ctc acg ggc 288
Tyr Glu Tyr Glu Leu Pro Met Ala Gln Met Asn Arg Arg Leu Thr Gly

85 90 95
gta gac acc ttc ttc ctc ctc acc gac gag aaa tac ggc tac gtc agc 336
Val Asp Thr Phe Phe Leu Leu Thr Asp Glu Lys Tyr Gly Tyr Val Ser

100 105 110
tcc aca ctg tgc aaa gaa gtt gcc cgc ttc ggt ggc gat gtc tcc ggc 384
Ser Thr Leu Cys Lys Glu Val Ala Arg Phe Gly Gly Asp Val Ser Gly

115 120 125
ctc cta cct gag gta gtg gca aaa gcc gtg aca gaa aaa tac agc aac 432
Leu Leu Pro Glu Val Val Ala Lys Ala Val Thr Glu Lys Tyr Ser Asn

130 135 140
cag cac tagtttcttt tgcatcaagc gtc 461
Gln His

145

<210> 156
<211> 146
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 156
Gly His Leu Asp Ile Val Thr Arg Ala Ala Ala Gln Phe Ser Glu Val
1 5 10 15
Thr Ile Leu Val Thr Ala Asn Pro Asn Lys Asn Ser Gly Leu Phe Thr
20 25 30
Val Ala Glu Arg Met Asp Leu Ile Arg Glu Ser Thr Ala His Leu Asp
35 40 45
Asn Val Lys Val Asp Thr Trp Ala Ser Leu Leu Val Asp Tyr Thr Thr
50 55 60
Glu His Gly Ile Gly Ala Leu Val Lys Gly Leu Arg Ser Ser Leu Asp
65 70 75 80
Tyr Glu Tyr Glu Leu Pro Met Ala Gln Met Asn Arg Arg Leu Thr Gly
85 90 95
Val Asp Thr Phe Phe Leu Leu Thr Asp Glu Lys Tyr Gly Tyr Val Ser
100 105 110

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

Leu Leu Pro Glu Val Val Ala Lys Ala Val Thr Glu Lys Tyr Ser Asn
130 135 140

Gln His
145

<210> 157

<211> 1206

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1183)

<223> RXN00934

<400> 157

ccaacccctg tggtttggtg atttggatcc ggagcgtctc aagcgtctc gggagcagac 60
aaatgttcac aaaccggtgg cattacagga ggacaattag gtg cga att gga atg 115
Val Arg Ile Gly Met

1 5
gtc tgc ccg tac tcc ttc gat gag ccg ggc ggt gtt caa gcg cat atc 163
Val Cys Pro Tyr Ser Phe Asp Glu Pro Gly Gly Val Gln Ala His Ile

10 15 20
ctt gac tta gcg cga acc ttc att gcc caa ggc cat gag gtt cag gtg 211
Leu Asp Leu Ala Arg Thr Phe Ile Ala Gln Gly His Glu Val Gln Val

25 30 35
ctt ggt ccg tgt agt gcg gat acg cag gtg ccc gat ttc gtg gtg cgc 259
Leu Gly Pro Cys Ser Ala Asp Thr Gln Val Pro Asp Phe Val Val Arg

40 45 50
ggg ggt ggc agc atc ccg att ccg tac aat ggc tcg gtt gcc cgc ttg 307
Gly Gly Gly Ser Ile Pro Ile Pro Tyr Asn Gly Ser Val Ala Arg Leu

55 60 65
agc ttt ggg ccg aaa atg ttc aag gcc gtg cgc acg ttc ctc cgc gaa 355
Ser Phe Gly Pro Lys Met Phe Lys Ala Val Arg Thr Phe Leu Arg Glu

70 75 80 85
ggc aac ttc gat gtg ctg cat atc cat gaa ccg aat tca cca agt ttt 403
Gly Asn Phe Asp Val Leu His Ile His Glu Pro Asn Ser Pro Ser Phe

90 95 100
tcc atg gcg gcg cta cgc ttt gcg gaa ggc ccc atc gtt gct act tac 451
Ser Met Ala Ala Leu Arg Phe Ala Glu Gly Pro Ile Val Ala Thr Tyr

105 110 115
cac gcc tcc agt agc gga tcg aag ctg ctc aag gct ttc tta cca gtg 499

His Ala Ser Ser Ser Gly Ser Lys Leu Leu Lys Ala Phe Leu Pro Val

120 125 130
 ctt tcg ccc atg ctg gag aaa gtg cgc gca ggc atc gcc gtg tct gaa 547
 Leu Ser Pro Met Leu Glu Lys Val Arg Ala Gly Ile Ala Val Ser Glu

135 140 145
 atg gct cgg cgc tgg cag gtg gag caa gtc ggc ggc gat ccc gtg ctg 595
 Met Ala Arg Arg Trp Gln Val Glu Gln Val Gly Gly Asp Pro Val Leu

150 155 160 165
 atc ccc aac ggg gta gag acc tcc atg ttc aaa gcc gcg cgc caa atc 643
 Ile Pro Asn Gly Val Glu Thr Ser Met Phe Lys Ala Ala Arg Gln Ile

170 175 180
 gaa ccg aat gat cct gta gag atc gtc ttt ttg ggt cgc ctc gat gag 691
 Glu Pro Asn Asp Pro Val Glu Ile Val Phe Leu Gly Arg Leu Asp Glu

185 190 195
 tcc cgc aaa ggc ctc gac atc ctc ctg cgc gct ctg acc agg ctg gat 739
 Ser Arg Lys Gly Leu Asp Ile Leu Leu Arg Ala Leu Thr Arg Leu Asp

200 205 210
 cgc ccg ttt acc tgc acc gtc att ggc ggc ggc acc ccg cga gaa gtc 787
 Arg Pro Phe Thr Cys Thr Val Ile Gly Gly Gly Thr Pro Arg Glu Val

215 220 225
 gcc ggc atc aac ttt gtg ggc cgc gtc agc gat gag gaa aag gca gca 835
 Ala Gly Ile Asn Phe Val Gly Arg Val Ser Asp Glu Glu Lys Ala Ala

230 235 240 245
 atc tta ggt cgc gca gac atc tat gtc gca ccc aac acc ggc ggc gaa 883
 Ile Leu Gly Arg Ala Asp Ile Tyr Val Ala Pro Asn Thr Gly Gly Glu

250 255 260
 agc ttc ggc atc gtg cta gtt gaa gcg atg gcc gcg gga tgc gct gtc 931
 Ser Phe Gly Ile Val Leu Val Glu Ala Met Ala Ala Gly Cys Ala Val

265 270 275
 gtc gcc agc gac cta gaa gcg ttc tcc ctg gtc acc gat tct gaa gcc 979
 Val Ala Ser Asp Leu Glu Ala Phe Ser Leu Val Thr Asp Ser Glu Ala

280 285 290
 gca cag cca gcg ggc gtg cta ttt aaa acc ggc tca gac gcc gac cta 1027
 Ala Gln Pro Ala Gly Val Leu Phe Lys Thr Gly Ser Asp Ala Asp Leu

295 300 305
 gcc aaa aaa ctt caa gcg ctt atc gac gac ccc tcc tcc cgt tcc acg 1075
 Ala Lys Lys Leu Gln Ala Leu Ile Asp Asp Pro Ser Ser Arg Ser Thr

310 315 320 325
 ctt atc gcc gcg ggg cta aag cgc gca aac gcc tac gac tgg tcg aca 1123
 Leu Ile Ala Ala Gly Leu Lys Arg Ala Asn Ala Tyr Asp Trp Ser Thr

330 335 340
 gta tcc acc cag gtc atg gca gtc tat gaa acc att gcg atc gac aaa 1171

Val Ser Thr Gln Val Met Ala Val Tyr Glu Thr Ile Ala Ile Asp Lys

345 350 355 1206
gtg agg ctt gga tgacccttgt ttacctctc atc
Val Arg Leu Gly

360

<210> 158

<211> 361

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 158

Val Arg Ile Gly Met Val Cys Pro Tyr Ser Phe Asp Glu Pro Gly Gly
1 5 10 15

Val Gln Ala His Ile Leu Asp Leu Ala Arg Thr Phe Ile Ala Gln Gly
20 25 30

His Glu Val Gln Val Leu Gly Pro Cys Ser Ala Asp Thr Gln Val Pro
35 40 45

Asp Phe Val Val Arg Gly Gly Gly Ser Ile Pro Ile Pro Tyr Asn Gly
50 55 60

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

Thr Phe Leu Arg Glu Gly Asn Phe Asp Val Leu His Ile His Glu Pro
85 90 95

Asn Ser Pro Ser Phe Ser Met Ala Ala Leu Arg Phe Ala Glu Gly Pro
100 105 110

Ile Val Ala Thr Tyr His Ala Ser Ser Ser Gly Ser Lys Leu Leu Lys
115 120 125

Ala Phe Leu Pro Val Leu Ser Pro Met Leu Glu Lys Val Arg Ala Gly
130 135 140

Ile Ala Val Ser Glu Met Ala Arg Arg Trp Gln Val Glu Gln Val Gly
145 150 155 160

Gly Asp Pro Val Leu Ile Pro Asn Gly Val Glu Thr Ser Met Phe Lys
165 170 175

Ala Ala Arg Gln Ile Glu Pro Asn Asp Pro Val Glu Ile Val Phe Leu
180 185 190

Gly Arg Leu Asp Glu Ser Arg Lys Gly Leu Asp Ile Leu Leu Arg Ala
195 200 205

Leu Thr Arg Leu Asp Arg Pro Phe Thr Cys Thr Val Ile Gly Gly Gly
210 215 220

Thr Pro Arg Glu Val Ala Gly Ile Asn Phe Val Gly Arg Val Ser Asp
225 230 235 240

Glu Glu Lys Ala Ala Ile Leu Gly Arg Ala Asp Ile Tyr Val Ala Pro
245 250 255

Asn Thr Gly Gly Glu Ser Phe Gly Ile Val Leu Val Glu Ala Met Ala
260 265 270

Ala Gly Cys Ala Val Val Ala Ser Asp Leu Glu Ala Phe Ser Leu Val
275 280 285

Thr Asp Ser Glu Ala Ala Gln Pro Ala Gly Val Leu Phe Lys Thr Gly
290 295 300

Ser Asp Ala Asp Leu Ala Lys Lys Leu Gln Ala Leu Ile Asp Asp Pro
305 310 315 320

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

Tyr Asp Trp Ser Thr Val Ser Thr Gln Val Met Ala Val Tyr Glu Thr
340 345 350

Ile Ala Ile Asp Lys Val Arg Leu Gly
355 360

<210> 159

<211> 1320

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1297)

<223> RXN00792

<400> 159

cacctttggt gctgagccag gccacccagg cctttgaggt tggcgcagat gccttaaacg 60
gcggccacgt ggctgcccaa tacacgatcg gatccttgtc atg agc caa gaa att 115
Met Ser Gln Glu Ile

1 5
ttg agc cat ttt gca ccc gca tta gag cgc att cga agc ggc gcc gtc 163
Leu Ser His Phe Ala Pro Ala Leu Glu Arg Ile Arg Ser Gly Ala Val

10 15 20
gag cgc gaa cag cag cgc gcc ttg cca gtg gaa gag att aaa gag ctg 211
Glu Arg Glu Gln Gln Arg Ala Leu Pro Val Glu Glu Ile Lys Glu Leu

25 30 35
gta gag cta ggt ttt act ggg ctt cga gtg ccc gaa gaa cta ggc ggt 259
Val Glu Leu Gly Phe Thr Gly Leu Arg Val Pro Glu Glu Leu Gly Gly

40

45

50

gcg ggc gct tcc ctg gaa agc gta gtt gag tta ctg atc gag atc gcg 307
Ala Gly Ala Ser Leu Glu Ser Val Val Glu Leu Leu Ile Glu Ile Ala

55 60 65
ggc gcc gat tcc aat atc gcc caa gcc ctg cgc gga cat ttt gcc ttc 355
Gly Ala Asp Ser Asn Ile Ala Gln Ala Leu Arg Gly His Phe Ala Phe

70 75 80 85
gtg gaa cta ctc ctg gaa gcg ccg gag agc gaa ttc cgc acc cat tgg 403
Val Glu Leu Leu Leu Glu Ala Pro Glu Ser Glu Phe Arg Thr His Trp

90 95 100
ctg cgc gaa gtc gcc acc gga aga ctt gtg ggc aac gcc gaa agt gag 451
Leu Arg Glu Val Ala Thr Gly Arg Leu Val Gly Asn Ala Glu Ser Glu

105 110 115
aaa cgc ggc gtt tac ggc gat ccg cag acc ttc atc gat gag gtg gag 499
Lys Arg Gly Val Tyr Gly Asp Pro Gln Thr Phe Ile Asp Glu Val Glu

120 125 130
act gaa aac gga ccg att ttc gtg ctc aac ggc act aag ttt tat acc 547
Thr Glu Asn Gly Pro Ile Phe Val Leu Asn Gly Thr Lys Phe Tyr Thr

135 140 145
acc ggc acc tat ttt gcg gac tac acc tgg acc acc gcg ctg ctg cgc 595
Thr Gly Thr Tyr Phe Ala Asp Tyr Thr Trp Thr Thr Ala Leu Leu Arg

150 155 160 165
aac ctt aac ggc caa gaa act ttg gtc agt ttg ccg gtc gat ctg cac 643
Asn Leu Asn Gly Gln Glu Thr Leu Val Ser Leu Pro Val Asp Leu His

170 175 180
gcg ccg ggc gtg gat gtt gct gat gat tgg agc ggg ttt ggg caa aag 691
Ala Pro Gly Val Asp Val Ala Asp Asp Trp Ser Gly Phe Gly Gln Lys

185 190 195
ctc acc gcc tct gga acg acc acg ttt aaa gac ctg gag gtg gat ccg 739
Leu Thr Ala Ser Gly Thr Thr Thr Phe Lys Asp Leu Glu Val Asp Pro

200 205 210
cgg tgg atc att cca cgc act gat gcg ccc acg ctg gtg tgg acg tat 787
Arg Trp Ile Ile Pro Arg Thr Asp Ala Pro Thr Leu Val Trp Thr Tyr

215 220 225
ctg cag ctg agc ctg ctg acc gtg ctg gtt ggc agt gcc gca gca gct 835
Leu Gln Leu Ser Leu Leu Thr Val Leu Val Gly Ser Ala Ala Ala Ala

230 235 240 245
gtc gat gag gtg gtt gcc cgc gcc caa tcc tcc acc aga aat gcg tgg 883
Val Asp Glu Val Val Ala Arg Ala Gln Ser Ser Thr Arg Asn Ala Trp

250 255 260
aac cct ggc gtc gag cgc cgc agc gat ccg gcc gca acc ata gcg atc 931
Asn Pro Gly Val Glu Arg Arg Ser Asp Pro Ala Ala Thr Ile Ala Ile

265 270 275

ggc gac gca cgc agc cga gtc acc gtt att cgt gga gcg ctt ctc gac 979
Gly Asp Ala Arg Ser Arg Val Thr Val Ile Arg Gly Ala Leu Leu Asp

280 285 290
gcc acc cgc cac gtt tcc aac gcc gcc acg atc gta acc ccc gaa gcc 1027
Ala Thr Arg His Val Ser Asn Ala Ala Thr Ile Val Thr Pro Glu Ala

295 300 305
ttc aac gag gcg gac gct att gtt gca gcg ctc tgg ccc atc gtc tcc 1075
Phe Asn Glu Ala Asp Ala Ile Val Ala Ala Leu Trp Pro Ile Val Ser

310 315 320 325
gga caa gct ttg gtg gtg aca tcc aac gtt ttc gat gcg gtg ggt gca 1123
Gly Gln Ala Leu Val Val Thr Ser Asn Val Phe Asp Ala Val Gly Ala

330 335 340
tct gca gtg ctt ggt gag cat tcc att gat cgc cac tgg cgc aat gtg 1171
Ser Ala Val Leu Gly Glu His Ser Ile Asp Arg His Trp Arg Asn Val

345 350 355
cgt acc gtg tcc tca aac aac ccg gtg ttc ctg gcc aag aat gca gtg 1219
Arg Thr Val Ser Ser Asn Asn Pro Val Phe Leu Ala Lys Asn Ala Val

360 365 370
ggg gag tat gcc ctc aac ggc act cct gtg ggt acc aac att ggt aaa 1267
Gly Glu Tyr Ala Leu Asn Gly Thr Pro Val Gly Thr Asn Ile Gly Lys

375 380 385
gca ctg agc cgt ccg gtg agc cta agc agc tagacgtgtg atttcgctgg 1317
Ala Leu Ser Arg Pro Val Ser Leu Ser Ser

390 395
ttt 1320

<210> 160
<211> 399
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 160
Met Ser Gln Glu Ile Leu Ser His Phe Ala Pro Ala Leu Glu Arg Ile
1 5 10 15
Arg Ser Gly Ala Val Glu Arg Glu Gln Gln Arg Ala Leu Pro Val Glu
20 25 30
Glu Ile Lys Glu Leu Val Glu Leu Gly Phe Thr Gly Leu Arg Val Pro
35 40 45
Glu Glu Leu Gly Gly Ala Gly Ala Ser Leu Glu Ser Val Val Glu Leu
50 55 60
Leu Ile Glu Ile Ala Gly Ala Asp Ser Asn Ile Ala Gln Ala Leu Arg

65	70	75	80
Gly His Phe Ala Phe Val Glu Leu Leu Leu Glu Ala Pro Glu Ser Glu	85	90	95
Phe Arg Thr His Trp Leu Arg Glu Val Ala Thr Gly Arg Leu Val Gly	100	105	110
Asn Ala Glu Ser Glu Lys Arg Gly Val Tyr Gly Asp Pro Gln Thr Phe	115	120	125
Ile Asp Glu Val Glu Thr Glu Asn Gly Pro Ile Phe Val Leu Asn Gly	130	135	140
Thr Lys Phe Tyr Thr Thr Gly Thr Tyr Phe Ala Asp Tyr Thr Trp Thr	145	150	155
Thr Ala Leu Leu Arg Asn Leu Asn Gly Gln Glu Thr Leu Val Ser Leu	165	170	175
Pro Val Asp Leu His Ala Pro Gly Val Asp Val Ala Asp Asp Trp Ser	180	185	190
Gly Phe Gly Gln Lys Leu Thr Ala Ser Gly Thr Thr Thr Phe Lys Asp	195	200	205
Leu Glu Val Asp Pro Arg Trp Ile Ile Pro Arg Thr Asp Ala Pro Thr	210	215	220
Leu Val Trp Thr Tyr Leu Gln Leu Ser Leu Leu Thr Val Leu Val Gly	225	230	235
Ser Ala Ala Ala Ala Val Asp Glu Val Val Ala Arg Ala Gln Ser Ser	245	250	255
Thr Arg Asn Ala Trp Asn Pro Gly Val Glu Arg Arg Ser Asp Pro Ala	260	265	270
Ala Thr Ile Ala Ile Gly Asp Ala Arg Ser Arg Val Thr Val Ile Arg	275	280	285
Gly Ala Leu Leu Asp Ala Thr Arg His Val Ser Asn Ala Ala Thr Ile	290	295	300
Val Thr Pro Glu Ala Phe Asn Glu Ala Asp Ala Ile Val Ala Ala Leu	305	310	315
Trp Pro Ile Val Ser Gly Gln Ala Leu Val Val Thr Ser Asn Val Phe	325	330	335
Asp Ala Val Gly Ala Ser Ala Val Leu Gly Glu His Ser Ile Asp Arg	340	345	350
His Trp Arg Asn Val Arg Thr Val Ser Ser Asn Asn Pro Val Phe Leu	355	360	365
Ala Lys Asn Ala Val Gly Glu Tyr Ala Leu Asn Gly Thr Pro Val Gly	370	375	380

Thr Asn Ile Gly Lys Ala Leu Ser Arg Pro Val Ser Leu Ser Ser
385 390 395

<210> 161
<211> 969
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(946)
<223> RXN00931

<400> 161
ccgtaaccta atcggtgaaa catcacctta ttgctgggct ttgcacgcta ctctttgtga 60
gtaacctcac cgaagtgcac aaattaattg ggagtgatca gtg aaa act att gaa 115
Val Lys Thr Ile Glu

1 5
gat att ttg acc ttg gaa gaa atc gac cgc gat att tac cgt ggt ccc 163
Asp Ile Leu Thr Leu Glu Glu Ile Asp Arg Asp Ile Tyr Arg Gly Pro

10 15 20
gtt atc gaa tct tat tta gcc agg act ttc ggt ggc cag gtc gct gcc 211
Val Ile Glu Ser Tyr Leu Ala Arg Thr Phe Gly Gly Gln Val Ala Ala

25 30 35
caa gct tta gta gca gca acg cat act gtt gat aaa gcc ttt act gtg 259
Gln Ala Leu Val Ala Ala Thr His Thr Val Asp Lys Ala Phe Thr Val

40 45 50
cat tct ttg cat ggc tac ttt ata gct cct ggt gat cca aca gca ccc 307
His Ser Leu His Gly Tyr Phe Ile Ala Pro Gly Asp Pro Thr Ala Pro

55 60 65
gca att tat tta gtg gat cga gtt cgc gac gga aaa agc tac gtc acc 355
Ala Ile Tyr Leu Val Asp Arg Val Arg Asp Gly Lys Ser Tyr Val Thr

70 75 80 85
cgc tcg gtg cgt ggc atc caa gac ggc gaa gta atc ttc agc atg cag 403
Arg Ser Val Arg Gly Ile Gln Asp Gly Glu Val Ile Phe Ser Met Gln

90 95 100
gcc agc ttt cat cgt ggg gat gaa ggc att gag cac atg gac aag atg 451
Ala Ser Phe His Arg Gly Asp Glu Gly Ile Glu His Met Asp Lys Met

105 110 115
cgt aaa gtt cca gct cct gat gag atc aag gga aca gta gaa cgt atg 499
Arg Lys Val Pro Ala Pro Asp Glu Ile Lys Gly Thr Val Glu Arg Met

120 125 130
ccg atc tca agt agg cga gtg ctt gat gaa tgg gcg gaa tgg gat atc 547
Pro Ile Ser Ser Arg Arg Val Leu Asp Glu Trp Ala Glu Trp Asp Ile

135 140 145
 cgc gtt att ccg cag gat caa tta gaa ctc agc gat ttc acc gct act 595
 Arg Val Ile Pro Gln Asp Gln Leu Glu Leu Ser Asp Phe Thr Ala Thr

 150 155 160 165
 gag caa gct gtg tgg att cgg tgc acc gct gat ctt ccg gat aat ccc 643
 Glu Gln Ala Val Trp Ile Arg Cys Thr Ala Asp Leu Pro Asp Asn Pro

 170 175 180
 acc ttc cac cag tgc tca ctg act tat ctg tcc gat atg act ttg ctg 691
 Thr Phe His Gln Cys Ser Leu Thr Tyr Leu Ser Asp Met Thr Leu Leu

 185 190 195
 cat agt gcc ctg gtg cca cac cca ggt gag aaa atg cag atg gcc tca 739
 His Ser Ala Leu Val Pro His Pro Gly Glu Lys Met Gln Met Ala Ser

 200 205 210
 ctt gat cac gct gtg tgg ttc ctg cgt ccc ttc cgc gtc gat gaa tgg 787
 Leu Asp His Ala Val Trp Phe Leu Arg Pro Phe Arg Val Asp Glu Trp

 215 220 225
 ttg ctt tat gat cag cgc tct cca tgc gcc tca agt ggg cga gcc ttg 835
 Leu Leu Tyr Asp Gln Arg Ser Pro Ser Ala Ser Ser Gly Arg Ala Leu

 230 235 240 245
 act cac ggg cgg ctt ttc aac cag cag gga gat ttg gtc gct att gtc 883
 Thr His Gly Arg Leu Phe Asn Gln Gln Gly Asp Leu Val Ala Ile Val

 250 255 260
 aat caa gag gga atg acc cgc aca ctc cac gag ggt gcg caa tca att 931
 Asn Gln Glu Gly Met Thr Arg Thr Leu His Glu Gly Ala Gln Ser Ile

 265 270 275
 ccg atg cgc aaa gac taaaatgcag cgaacttgaa gat 969
 Pro Met Arg Lys Asp

280

<210> 162
 <211> 282
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 162
 Val Lys Thr Ile Glu Asp Ile Leu Thr Leu Glu Glu Ile Asp Arg Asp
 1 5 10 15

 Ile Tyr Arg Gly Pro Val Ile Glu Ser Tyr Leu Ala Arg Thr Phe Gly
 20 25 30

 Gly Gln Val Ala Ala Gln Ala Leu Val Ala Ala Thr His Thr Val Asp
 35 40 45

 Lys Ala Phe Thr Val His Ser Leu His Gly Tyr Phe Ile Ala Pro Gly

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

<210> 163

<211> 969

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(946)

<223> FRXA00931

<400> 163

ccgtaaccta atcggtgaaa catcacctta ttgctgggct ttgcacgcta ctctttgtga 60

gtaacctcac cgaagtgcac aaattaattg ggagtgatca gtg aaa act att gaa 115
Val Lys Thr Ile Glu

1 5
gat att ttg acc ttg gaa gaa atc gac cgc gat att tac cgt ggt ccc 163
Asp Ile Leu Thr Leu Glu Glu Ile Asp Arg Asp Ile Tyr Arg Gly Pro

10 15 20
gtt atc gaa tct tat tta gcc agg act ttc ggt ggc cag gtc gct gcc 211
Val Ile Glu Ser Tyr Leu Ala Arg Thr Phe Gly Gly Gln Val Ala Ala

25 30 35
caa gct tta gta gca gca acg cat act gtt gat aaa gcc ttt act gtg 259
Gln Ala Leu Val Ala Ala Thr His Thr Val Asp Lys Ala Phe Thr Val

40 45 50
cat tct ttg cat ggc tac ttt ata gct cct ggt gat cca aca gca ccc 307
His Ser Leu His Gly Tyr Phe Ile Ala Pro Gly Asp Pro Thr Ala Pro

55 60 65
gca att tat tta gtg gat cga gtt cgc gac gga aaa agc tac gtc acc 355
Ala Ile Tyr Leu Val Asp Arg Val Arg Asp Gly Lys Ser Tyr Val Thr

70 75 80 85
cgc tcg gtg cgt ggc atc caa gac ggc gaa gta atc ttc agc atg cag 403
Arg Ser Val Arg Gly Ile Gln Asp Gly Glu Val Ile Phe Ser Met Gln

90 95 100
gcc agc ttt cat cgt ggg gat gaa ggc att gag cac atg gac aag atg 451
Ala Ser Phe His Arg Gly Asp Glu Gly Ile Glu His Met Asp Lys Met

105 110 115
cgt aaa gtt cca gct cct gat gag atc aag gga aca gta gaa cgt atg 499
Arg Lys Val Pro Ala Pro Asp Glu Ile Lys Gly Thr Val Glu Arg Met

120 125 130
ccg atc tca agt agg cga gtg ctt gat gaa tgg gcg gaa tgg gat atc 547
Pro Ile Ser Ser Arg Arg Val Leu Asp Glu Trp Ala Glu Trp Asp Ile

135 140 145
cgc gtt att ccg cag gat caa tta gaa ctc agc gat ttc acc gct act 595
Arg Val Ile Pro Gln Asp Gln Leu Glu Leu Ser Asp Phe Thr Ala Thr

150 155 160 165
gag caa gct gtg tgg att cgg tgc acc gct gat ctt ccg gat aat ccc 643
Glu Gln Ala Val Trp Ile Arg Cys Thr Ala Asp Leu Pro Asp Asn Pro

170 175 180
acc ttc cac cag tgc tca ctg act tat ctg tcc gat atg act ttg ctg 691
Thr Phe His Gln Cys Ser Leu Thr Tyr Leu Ser Asp Met Thr Leu Leu

185 190 195
cat agt gcc ctg gtg cca cac cca ggt gag aaa atg cag atg gcc tca 739
His Ser Ala Leu Val Pro His Pro Gly Glu Lys Met Gln Met Ala Ser

200 205 210

ctt gat cac gct gtg tgg ttc ctg cgt ccc ttc cgc gtc gat gaa tgg 787
Leu Asp His Ala Val Trp Phe Leu Arg Pro Phe Arg Val Asp Glu Trp

215 220 225
ttg ctt tat gat cag cgc tct cca tcg gcc tca agt ggg cga gcc ttg 835
Leu Leu Tyr Asp Gln Arg Ser Pro Ser Ala Ser Ser Gly Arg Ala Leu

230 235 240 245
act cac ggg cgg ctt ttc aac cag cag gga gat ttg gtc gct att gtc 883
Thr His Gly Arg Leu Phe Asn Gln Gln Gly Asp Leu Val Ala Ile Val

250 255 260
aat caa gag gga atg acc cgc aca ctc cac gag ggt gcg caa tca att 931
Asn Gln Glu Gly Met Thr Arg Thr Leu His Glu Gly Ala Gln Ser Ile

265 270 275
ccg atg cgc aaa gac taaaatgcag cgaacttgaa gat 969
Pro Met Arg Lys Asp

280

<210> 164
<211> 282
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 164
Val Lys Thr Ile Glu Asp Ile Leu Thr Leu Glu Glu Ile Asp Arg Asp
1 5 10 15

Ile Tyr Arg Gly Pro Val Ile Glu Ser Tyr Leu Ala Arg Thr Phe Gly
20 25 30

Gly Gln Val Ala Ala Gln Ala Leu Val Ala Ala Thr His Thr Val Asp
35 40 45

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

Asp Pro Thr Ala Pro Ala Ile Tyr Leu Val Asp Arg Val Arg Asp Gly
65 70 75 80

Lys Ser Tyr Val Thr Arg Ser Val Arg Gly Ile Gln Asp Gly Glu Val
85 90 95

Ile Phe Ser Met Gln Ala Ser Phe His Arg Gly Asp Glu Gly Ile Glu
100 105 110

His Met Asp Lys Met Arg Lys Val Pro Ala Pro Asp Glu Ile Lys Gly
115 120 125

Thr Val Glu Arg Met Pro Ile Ser Ser Arg Arg Val Leu Asp Glu Trp
130 135 140

Ala Glu Trp Asp Ile Arg Val Ile Pro Gln Asp Gln Leu Glu Leu Ser

145											150											155											160
Asp	Phe	Thr	Ala	Thr	Glu	Gln	Ala	Val	Trp	Ile	Arg	Cys	Thr	Ala	Asp																		
					165					170										175													
Leu	Pro	Asp	Asn	Pro	Thr	Phe	His	Gln	Cys	Ser	Leu	Thr	Tyr	Leu	Ser																		
					180					185										190													
Asp	Met	Thr	Leu	Leu	His	Ser	Ala	Leu	Val	Pro	His	Pro	Gly	Glu	Lys																		
					195					200					205																		
Met	Gln	Met	Ala	Ser	Leu	Asp	His	Ala	Val	Trp	Phe	Leu	Arg	Pro	Phe																		
					210					215					220																		
Arg	Val	Asp	Glu	Trp	Leu	Leu	Tyr	Asp	Gln	Arg	Ser	Pro	Ser	Ala	Ser																		
225					230					235										240													
Ser	Gly	Arg	Ala	Leu	Thr	His	Gly	Arg	Leu	Phe	Asn	Gln	Gln	Gly	Asp																		
					245					250					255																		
Leu	Val	Ala	Ile	Val	Asn	Gln	Glu	Gly	Met	Thr	Arg	Thr	Leu	His	Glu																		
					260					265										270													
Gly	Ala	Gln	Ser	Ile	Pro	Met	Arg	Lys	Asp																								
					275					280																							
<210> 165																																	
<211> 510																																	
<212> DNA																																	
<213> Corynebacterium glutamicum																																	
<220>																																	
<221> CDS																																	
<222> (101)..(487)																																	
<223> RXN01421																																	
<400> 165																																	
ttgatgcacg tgcagaaatc gtcggcggtc cgtggcaccc atctgttaag ggagactcgg																60																	
ttactgcagg gatcctgcga gatcgagtaa acgcctaaag atg acg tcg aaa agc																115																	
																Met Thr Ser Lys Ser																	
																1 5																	
att agc ggc aag cgc ccg aat ctg ccg tcg ctc act gga gcg cgg tgg																163																	
Ile Ser Gly Lys Arg Pro Asn Leu Pro Ser Leu Thr Gly Ala Arg Trp																																	
																10 15 20																	
ctc gcg gcg ctc gct gtt tat ttt ttg cat gcg ttg gtg ttt ttg tcg																211																	
Leu Ala Ala Leu Ala Val Tyr Phe Leu His Ala Leu Val Phe Leu Ser																																	
																25 30 35																	
gtg tat ccg ttc cag cag tcg gaa ctg ttt gcc aca atc cat aaa ttt																259																	
Val Tyr Pro Phe Gln Gln Ser Glu Leu Phe Ala Thr Ile His Lys Phe																																	
																40 45 50																	
gtc ccc atg cag ctg ggt tca gct ggt gta acc ttc ttc ttt atc ttg																307																	

Val Pro Met Gln Leu Gly Ser Ala Gly Val Thr Phe Phe Phe Ile Leu

55 60 65
tcc gga ttt ttg atc tat tgg tca aat agc cag ctc aag ggc atg aag 355
Ser Gly Phe Leu Ile Tyr Trp Ser Asn Ser Gln Leu Lys Gly Met Lys

70 75 80 85
aat gtg ctg tat tac tgc aag cgc cgc atc acc aag att tat ccc atg 403
Asn Val Leu Tyr Tyr Cys Lys Arg Arg Ile Thr Lys Ile Tyr Pro Met

90 95 100
cac ttg att gcg ttg ccg atg ttt att gag gcg tcg gcg aag ttc acg 451
His Leu Ile Ala Leu Pro Met Phe Ile Glu Ala Ser Ala Lys Phe Thr

105 110 115
act aca ggc att acc tgg gtg ctg att ttg cgc gag taaagctgtg 497
Thr Thr Gly Ile Thr Trp Val Leu Ile Leu Arg Glu

120 125
gctgcggaat gcg 510

<210> 166
<211> 129
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 166
Met Thr Ser Lys Ser Ile Ser Gly Lys Arg Pro Asn Leu Pro Ser Leu
1 5 10 15

Thr Gly Ala Arg Trp Leu Ala Ala Leu Ala Val Tyr Phe Leu His Ala
20 25 30

Leu Val Phe Leu Ser Val Tyr Pro Phe Gln Gln Ser Glu Leu Phe Ala
35 40 45

Thr Ile His Lys Phe Val Pro Met Gln Leu Gly Ser Ala Gly Val Thr
50 55 60

Phe Phe Phe Ile Leu Ser Gly Phe Leu Ile Tyr Trp Ser Asn Ser Gln
65 70 75 80

Leu Lys Gly Met Lys Asn Val Leu Tyr Tyr Cys Lys Arg Arg Ile Thr
85 90 95

Lys Ile Tyr Pro Met His Leu Ile Ala Leu Pro Met Phe Ile Glu Ala
100 105 110

Ser Ala Lys Phe Thr Thr Thr Gly Ile Thr Trp Val Leu Ile Leu Arg
115 120 125

Glu

<210> 167
<211> 930

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(907)

<223> RXN02342

<400> 167

caggttcgtg ctgcgtgcgg gtagttttta aaggtaaaac tttttgggcg tgcgcctt 60
aaagcgcgt ttcgacgcg accccactac attggcttcc atg aac gtt gac att 115
Met Asn Val Asp Ile

1 5
tca cga tcc aga gag ccg cta aac gtt gag ctc ctg aag gaa aaa ttg 163
Ser Arg Ser Arg Glu Pro Leu Asn Val Glu Leu Leu Lys Glu Lys Leu

10 15 20
ctc caa aac ggt gac ttt ggc cag gtc att tac gaa aaa gtg aca ggc 211
Leu Gln Asn Gly Asp Phe Gly Gln Val Ile Tyr Glu Lys Val Thr Gly

25 30 35
tcc act aat gct gac ttg ctg gca ctt gca ggt tct ggc gct cca aac 259
Ser Thr Asn Ala Asp Leu Leu Ala Leu Ala Gly Ser Gly Ala Pro Asn

40 45 50
tgg acg gtg aaa act gtc gag ttt caa gat cat gcg cgt ggg cga ctc 307
Trp Thr Val Lys Thr Val Glu Phe Gln Asp His Ala Arg Gly Arg Leu

55 60 65
ggc gcg ccg tgg tct gcc cct gag ggt tcc caa aca atc gtg tct gtg 355
Gly Arg Pro Trp Ser Ala Pro Glu Gly Ser Gln Thr Ile Val Ser Val

70 75 80 85
ctc gtt caa cta tct att gat caa gtg gac cgg att ggc act att cca 403
Leu Val Gln Leu Ser Ile Asp Gln Val Asp Arg Ile Gly Thr Ile Pro

90 95 100
ctc gcg gcg gga ctc gct gtc atg gat gcg ttg aat gac ctc ggt gtg 451
Leu Ala Ala Gly Leu Ala Val Met Asp Ala Leu Asn Asp Leu Gly Val

105 110 115
gaa ggt gcc gga ctg aaa tgg ccc aac gat gtt caa atc cac ggc aag 499
Glu Gly Ala Gly Leu Lys Trp Pro Asn Asp Val Gln Ile His Gly Lys

120 125 130
aaa ctc tgc ggc atc ctg gtg gaa gcc acc ggc ttt gat tcc acc cca 547
Lys Leu Cys Gly Ile Leu Val Glu Ala Thr Gly Phe Asp Ser Thr Pro

135 140 145
aca gtt gtc atc ggt tgg ggc act aat atc agc ctg act aaa gag gag 595
Thr Val Val Ile Gly Trp Gly Thr Asn Ile Ser Leu Thr Lys Glu Glu

150 155 160 165

ctt cct gtt cct cat gca act tcc ctc gca ttg gaa ggt gtt gaa gtc 643
 Leu Pro Val Pro His Ala Thr Ser Leu Ala Leu Glu Gly Val Glu Val

 170 175 180
 gac aga acc aca ttc ctt att aat atg ctc aca cat ctg cat act cga 691
 Asp Arg Thr Thr Phe Leu Ile Asn Met Leu Thr His Leu His Thr Arg

 185 190 195
 ctg gac cag tgg cag ggt cca agt gtg gat tgg ctc gat gat tac cgt 739
 Leu Asp Gln Trp Gln Gly Pro Ser Val Asp Trp Leu Asp Asp Tyr Arg

 200 205 210
 gcg gta tgt tcc agt att ggc caa gat gtt cga gtg ctt cta cct ggg 787
 Ala Val Cys Ser Ser Ile Gly Gln Asp Val Arg Val Leu Leu Pro Gly

 215 220 225
 gat aaa gaa ctc tta ggt gaa gcg atc ggt gtc gcg act ggc gga gaa 835
 Asp Lys Glu Leu Leu Gly Glu Ala Ile Gly Val Ala Thr Gly Gly Glu

 230 235 240 245
 att cgt gtt cgc gat gct tcg ggc acc gtt cac acc ctc aac gcc ggt 883
 Ile Arg Val Arg Asp Ala Ser Gly Thr Val His Thr Leu Asn Ala Gly

 250 255 260
 gaa att acg cac ctt cgc ctg cag taagggtgacg gtatggggaa ttc 930
 Glu Ile Thr His Leu Arg Leu Gln

 265

 <210> 168
 <211> 269
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

 <400> 168
 Met Asn Val Asp Ile Ser Arg Ser Arg Glu Pro Leu Asn Val Glu Leu
 1 5 10 15
 Leu Lys Glu Lys Leu Leu Gln Asn Gly Asp Phe Gly Gln Val Ile Tyr
 20 25 30
 Glu Lys Val Thr Gly Ser Thr Asn Ala Asp Leu Leu Ala Leu Ala Gly
 35 40 45
 Ser Gly Ala Pro Asn Trp Thr Val Lys Thr Val Glu Phe Gln Asp His
 50 55 60
 Ala Arg Gly Arg Leu Gly Arg Pro Trp Ser Ala Pro Glu Gly Ser Gln
 65 70 75 80
 Thr Ile Val Ser Val Leu Val Gln Leu Ser Ile Asp Gln Val Asp Arg
 85 90 95
 Ile Gly Thr Ile Pro Leu Ala Ala Gly Leu Ala Val Met Asp Ala Leu

100	105	110	
Asn Asp Leu Gly Val Glu Gly Ala Gly Leu Lys Trp Pro Asn Asp Val			
115	120	125	
Gln Ile His Gly Lys Lys Leu Cys Gly Ile Leu Val Glu Ala Thr Gly			
130	135	140	
Phe Asp Ser Thr Pro Thr Val Val Ile Gly Trp Gly Thr Asn Ile Ser			
145	150	155	160
Leu Thr Lys Glu Glu Leu Pro Val Pro His Ala Thr Ser Leu Ala Leu			
165	170	175	
Glu Gly Val Glu Val Asp Arg Thr Thr Phe Leu Ile Asn Met Leu Thr			
180	185	190	
His Leu His Thr Arg Leu Asp Gln Trp Gln Gly Pro Ser Val Asp Trp			
195	200	205	
Leu Asp Asp Tyr Arg Ala Val Cys Ser Ser Ile Gly Gln Asp Val Arg			
210	215	220	
Val Leu Leu Pro Gly Asp Lys Glu Leu Leu Gly Glu Ala Ile Gly Val			
225	230	235	240
Ala Thr Gly Gly Glu Ile Arg Val Arg Asp Ala Ser Gly Thr Val His			
245	250	255	
Thr Leu Asn Ala Gly Glu Ile Thr His Leu Arg Leu Gln			
260	265		
<210> 169			
<211> 2762			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(2739)			
<223> RXN00563			
<400> 169			
ttc tac aag gat ctc tac gca cgt tcc gca cgc ggc acg gca gca ctg	48		
Phe Tyr Lys Asp Leu Tyr Ala Arg Ser Ala Arg Gly Thr Ala Ala Leu			
1 5 10 15			
tgg atc gtg gcg gct aac ttg agc tcc tac tca gac atc gac gcc atc	96		
Trp Ile Val Ala Ala Asn Leu Ser Ser Tyr Ser Asp Ile Asp Ala Ile			
20 25 30			
atc aac tgg gtc gga tcc gag cag acc acc acc gtc aac ggc gca tcc	144		
Ile Asn Trp Val Gly Ser Glu Gln Thr Thr Thr Val Asn Gly Ala Ser			
35 40 45			

aag ctg gtc aag cca gct ttg gtc cct acc ttg ctg ttc cca ttc gcg	192
Lys Leu Val Lys Pro Ala Leu Val Pro Thr Leu Leu Phe Pro Phe Ala	
50 55 60	
gca cct cgc gtg tcc gga tcc atg gca gat gca ggc cca cag gca gaa	240
Ala Pro Arg Val Ser Gly Ser Met Ala Asp Ala Gly Pro Gln Ala Glu	
65 70 75 80	
tcc cag atg cga ctt ctg ctc tgg tct gtt gag cgc ctc atc gca ggt	288
Ser Gln Met Arg Leu Leu Leu Trp Ser Val Glu Arg Leu Ile Ala Gly	
85 90 95	
ctt gcg cca ttg ggc tcc tcc atc aac gtg ggt cac cgc ctg cac gtg	336
Leu Ala Pro Leu Gly Ser Ser Ile Asn Val Gly His Arg Leu His Val	
100 105 110	
gtc atc cca ggt tca cca aac cgt gga cgc ttc ggt ggc gat ggt gca	384
Val Ile Pro Gly Ser Pro Asn Arg Gly Arg Phe Gly Gly Asp Gly Ala	
115 120 125	
tac ggt gaa tcc aag gca gct ctc gac gcc gtg gtt acc cgt tgg aac	432
Tyr Gly Glu Ser Lys Ala Ala Leu Asp Ala Val Val Thr Arg Trp Asn	
130 135 140	
gca gag caa gct gca tgg gga gca cac acc tcc ctc gtg cac gct cac	480
Ala Glu Gln Ala Ala Trp Gly Ala His Thr Ser Leu Val His Ala His	
145 150 155 160	
atc ggt tgg gtt cgc ggc acc ggc ctc atg ggc ggc aac gat cct ttg	528
Ile Gly Trp Val Arg Gly Thr Gly Leu Met Gly Gly Asn Asp Pro Leu	
165 170 175	
gtc aag gca gct gaa gaa gca ggc gtg gaa acc tac tcc acc caa gaa	576
Val Lys Ala Ala Glu Glu Ala Gly Val Glu Thr Tyr Ser Thr Gln Glu	
180 185 190	
att gca gag aaa ctg ctg tcc cag gca act tcc act gtt cgc gag cag	624
Ile Ala Glu Lys Leu Leu Ser Gln Ala Thr Ser Thr Val Arg Glu Gln	
195 200 205	
gca gca tcc gcg cca atc acc gtc gac ttc act ggc gga ctt ggt gaa	672
Ala Ala Ser Ala Pro Ile Thr Val Asp Phe Thr Gly Gly Leu Gly Glu	
210 215 220	
tct gat ctg aac ctg gcg gaa atg gca cgt gca gaa gca gct aag gca	720
Ser Asp Leu Asn Leu Ala Glu Met Ala Arg Ala Glu Ala Ala Lys Ala	
225 230 235 240	
gct aac gca cca gtg gtt gag gct cca cgc aca gtg gca gca ctg cca	768
Ala Asn Ala Pro Val Val Glu Ala Pro Arg Thr Val Ala Ala Leu Pro	
245 250 255	
act cct tac cga cca gtg gtt caa acc acc cct gat ttc gca ggt caa	816
Thr Pro Tyr Arg Pro Val Val Gln Thr Thr Pro Asp Phe Ala Gly Gln	
260 265 270	

gtc acc caa aac ctt gac gag atg gtc gtc atc gtt ggc gcc ggc gag	864		
Val Thr Gln Asn Leu Asp Glu Met Val Val Ile Val Gly Ala Gly Glu			
275	280	285	
ctc ggc cca ctg ggt tct gca cgt acg cgt ttc gac gcc gaa ctc aac	912		
Leu Gly Pro Leu Gly Ser Ala Arg Thr Arg Phe Asp Ala Glu Leu Asn			
290	295	300	
ggt tcc ctc tcc gcc gcg ggt gtc atc gaa ctt gca tgg acg atg gga	960		
Gly Ser Leu Ser Ala Ala Gly Val Ile Glu Leu Ala Trp Thr Met Gly			
305	310	315	320
ctt atc cac tgg gat gaa gat cca aag cca ggc tgg tac gac gac tcc	1008		
Leu Ile His Trp Asp Glu Asp Pro Lys Pro Gly Trp Tyr Asp Asp Ser			
325	330	335	
gac gac gca gtg gcc gaa gaa gac atc ttc gac cgc tac cac gac gaa	1056		
Asp Asp Ala Val Ala Glu Glu Asp Ile Phe Asp Arg Tyr His Asp Glu			
340	345	350	
gtc atg gca cgc gtt ggt gtc cgc aag tac aat gac atg cct gag tac	1104		
Val Met Ala Arg Val Gly Val Arg Lys Tyr Asn Asp Met Pro Glu Tyr			
355	360	365	
ggc atg atc gac aac ttt gca cca gag ctg acc acc gtc tac ctc gac	1152		
Gly Met Ile Asp Asn Phe Ala Pro Glu Leu Thr Thr Val Tyr Leu Asp			
370	375	380	
cag gac ctc acc ttc aac gtg gga tcc cgc gaa gag gca ctg acc tac	1200		
Gln Asp Leu Thr Phe Asn Val Gly Ser Arg Glu Glu Ala Leu Thr Tyr			
385	390	395	400
gtc gac tcc gag cca gaa ctc acc ttt gct tct ttc gac gaa gca gca	1248		
Val Asp Ser Glu Pro Glu Leu Thr Phe Ala Ser Phe Asp Glu Ala Ala			
405	410	415	
ggg gag tgg aag gtc act cgc aag gca ggc tcc gca atc cgc gta cct	1296		
Gly Glu Trp Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly Ser Ala Ile Arg Val Pro			
420	425	430	
cgc cgc atg gcg atg acc cgc ttc gtt ggt gga cag gtt cct aag gac	1344		
Arg Arg Met Ala Met Thr Arg Phe Val Gly Gly Gln Val Pro Lys Asp			
435	440	445	
ttc gac cca gct gtg tgg ggc att cca gct gac atg gtg gac aac ctg	1392		
Phe Asp Pro Ala Val Trp Gly Ile Pro Ala Asp Met Val Asp Asn Leu			
450	455	460	
gac acc gtc gcg ctg tgg aac att gtc tgt act gtc gac gcc ttc ctg	1440		
Asp Thr Val Ala Leu Trp Asn Ile Val Cys Thr Val Asp Ala Phe Leu			
465	470	475	480
tcc gct gga ttc acc cca gca gag ctg ctt gct tcc gtt cac cca gca	1488		
Ser Ala Gly Phe Thr Pro Ala Glu Leu Leu Ala Ser Val His Pro Ala			
485	490	495	

cgc gtg tcc tct acc caa ggc acc ggc atg ggc ggc atg gaa tcc ctc	1536
Arg Val Ser Ser Thr Gln Gly Thr Gly Met Gly Gly Met Glu Ser Leu	
500 505 510	
cgt ggc atc tac gtc gac cgc att ctg gca gag cca cgc gcc aac gac	1584
Arg Gly Ile Tyr Val Asp Arg Ile Leu Ala Glu Pro Arg Ala Asn Asp	
515 520 525	
gtt ctg cag gaa gca ctg ccc aac gtt gtt gca gct cac gtc atg cag	1632
Val Leu Gln Glu Ala Leu Pro Asn Val Val Ala Ala His Val Met Gln	
530 535 540	
tcc tac gtc ggt ggc tac gga cag atg atc cac cca gtc gca gct tgt	1680
Ser Tyr Val Gly Gly Tyr Gly Gln Met Ile His Pro Val Ala Ala Cys	
545 550 555 560	
gca acc gca gct gtt tct gtg gaa gaa gca ctg gac aag atc cgc atc	1728
Ala Thr Ala Ala Val Ser Val Glu Glu Ala Leu Asp Lys Ile Arg Ile	
565 570 575	
ggc aag tcc gac ttc gtt gtc gca ggt ggc ttc gat gcc ctg tcc gtt	1776
Gly Lys Ser Asp Phe Val Val Ala Gly Gly Phe Asp Ala Leu Ser Val	
580 585 590	
gaa ggc atc acc ggc ttc ggc gac atg gca gca acc gcc gac tcc gca	1824
Glu Gly Ile Thr Gly Phe Gly Asp Met Ala Ala Thr Ala Asp Ser Ala	
595 600 605	
gag atg gaa ggc aag gga att gag cac cgc ttc ttc tcc cgc gcc aac	1872
Glu Met Glu Gly Lys Gly Ile Glu His Arg Phe Phe Ser Arg Ala Asn	
610 615 620	
gac cgg cgc cgc ggt gga ttc atc gaa tcc gaa ggt ggc gga acc gtc	1920
Asp Arg Arg Arg Gly Gly Phe Ile Glu Ser Glu Gly Gly Gly Thr Val	
625 630 635 640	
ctt ctg gca cgc gga tca ctc gca gct gac ctg ggc ctt cca gta ctc	1968
Leu Leu Ala Arg Gly Ser Leu Ala Ala Asp Leu Gly Leu Pro Val Leu	
645 650 655	
ggt gtc atc gga ttc gca gag tcc ttt gca gat ggt gcc cac acc tcc	2016
Gly Val Ile Gly Phe Ala Glu Ser Phe Ala Asp Gly Ala His Thr Ser	
660 665 670	
atc cca gcc cca ggc ctc ggt gcc ctt ggt gct gct cgc gat ggt gtg	2064
Ile Pro Ala Pro Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ala Ala Arg Asp Gly Val	
675 680 685	
gaa tct cgc ctt gca gta gca ctg cgt tcc gtc ggt gtc tct gct gat	2112
Glu Ser Arg Leu Ala Val Ala Leu Arg Ser Val Gly Val Ser Ala Asp	
690 695 700	
gag atc tcc att atc tcc aag cac gac acc tcc acc aac gcg aat gat	2160
Glu Ile Ser Ile Ile Ser Lys His Asp Thr Ser Thr Asn Ala Asn Asp	

705	710	715	720	
cca aac gag tcc gac ctg cac gag cgc atc gca tcc gct atc ggt cgt	2208			
Pro Asn Glu Ser Asp Leu His Glu Arg Ile Ala Ser Ala Ile Gly Arg				
725	730	735		
gca gac ggc aac ccg atg tac gtg att tcc cag aag tca ctc acc gga	2256			
Ala Asp Gly Asn Pro Met Tyr Val Ile Ser Gln Lys Ser Leu Thr Gly				
740	745	750		
cac gcc aag ggt ggt gca gca gca ttc cag atg atc ggt ctc acc cag	2304			
His Ala Lys Gly Gly Ala Ala Ala Phe Gln Met Ile Gly Leu Thr Gln				
755	760	765		
gtc ctc cga tcc gga ctg gtg cca gcc aac cgc gca ctc gac tgc gtt	2352			
Val Leu Arg Ser Gly Leu Val Pro Ala Asn Arg Ala Leu Asp Cys Val				
770	775	780		
gac cca gta ctg tcc aag cat tcc cac ctc gtc tgg ctg cgc aag cca	2400			
Asp Pro Val Leu Ser Lys His Ser His Leu Val Trp Leu Arg Lys Pro				
785	790	795	800	
cta gac ctt cgt gcg aag gca cca aag gca ggt ctt gtt acc tcc ctt	2448			
Leu Asp Leu Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ala Gly Leu Val Thr Ser Leu				
805	810	815		
ggc ttc gga cac gtc tcc gct ctg gtt gcg att gtt cac cca gac gcc	2496			
Gly Phe Gly His Val Ser Ala Leu Val Ala Ile Val His Pro Asp Ala				
820	825	830		
ttc tat gag gca gtt cgt gtg gca cgt ggt gct gag gca gct gac gta	2544			
Phe Tyr Glu Ala Val Arg Val Ala Arg Gly Ala Glu Ala Ala Asp Val				
835	840	845		
tgg cgc gca tcc gcg atc gct cgc gaa gaa gca ggc ctt cgt acc atc	2592			
Trp Arg Ala Ser Ala Ile Ala Arg Glu Glu Ala Gly Leu Arg Thr Ile				
850	855	860		
gtc gcc ggt atg cac ggt ggc gta ctg tac gaa cgc cca gtc gag cgc	2640			
Val Ala Gly Met His Gly Gly Val Leu Tyr Glu Arg Pro Val Glu Arg				
865	870	875	880	
aac ctc ggt gtc cac gga gac gca gct aag gaa gtt gaa gct gca gtc	2688			
Asn Leu Gly Val His Gly Asp Ala Ala Lys Glu Val Glu Ala Ala Val				
885	890	895		
ctc ctg gat tcc cgc gcc cgc cta gtt gac ggt gtc ctc cgc gcc gaa	2736			
Leu Leu Asp Ser Arg Ala Arg Leu Val Asp Gly Val Leu Arg Ala Glu				
900	905	910		
ggc tagttggtta ttgcgttgag ccc	2762			
Gly				

<210> 170

<211> 913
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 170

```

Phe Tyr Lys Asp Leu Tyr Ala Arg Ser Ala Arg Gly Thr Ala Ala Leu
 1           5           10           15

Trp Ile Val Ala Ala Asn Leu Ser Ser Tyr Ser Asp Ile Asp Ala Ile
      20           25           30

Ile Asn Trp Val Gly Ser Glu Gln Thr Thr Thr Val Asn Gly Ala Ser
      35           40           45

Lys Leu Val Lys Pro Ala Leu Val Pro Thr Leu Leu Phe Pro Phe Ala
      50           55           60

Ala Pro Arg Val Ser Gly Ser Met Ala Asp Ala Gly Pro Gln Ala Glu
      65           70           75           80

Ser Gln Met Arg Leu Leu Leu Trp Ser Val Glu Arg Leu Ile Ala Gly
      85           90           95

Leu Ala Pro Leu Gly Ser Ser Ile Asn Val Gly His Arg Leu His Val
      100          105          110

Val Ile Pro Gly Ser Pro Asn Arg Gly Arg Phe Gly Gly Asp Gly Ala
      115          120          125

Tyr Gly Glu Ser Lys Ala Ala Leu Asp Ala Val Val Thr Arg Trp Asn
      130          135          140

Ala Glu Gln Ala Ala Trp Gly Ala His Thr Ser Leu Val His Ala His
      145          150          155          160

Ile Gly Trp Val Arg Gly Thr Gly Leu Met Gly Gly Asn Asp Pro Leu
      165          170          175

Val Lys Ala Ala Glu Glu Ala Gly Val Glu Thr Tyr Ser Thr Gln Glu
      180          185          190

Ile Ala Glu Lys Leu Leu Ser Gln Ala Thr Ser Thr Val Arg Glu Gln
      195          200          205

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

Ser Asp Leu Asn Leu Ala Glu Met Ala Arg Ala Glu Ala Ala Lys Ala
      225          230          235          240

Ala Asn Ala Pro Val Val Glu Ala Pro Arg Thr Val Ala Ala Leu Pro
      245          250          255

Thr Pro Tyr Arg Pro Val Val Gln Thr Thr Pro Asp Phe Ala Gly Gln
      260          265          270

Val Thr Gln Asn Leu Asp Glu Met Val Val Ile Val Gly Ala Gly Glu
    
```

275	280	285
Leu Gly Pro Leu Gly Ser Ala Arg Thr Arg Phe Asp Ala Glu Leu Asn		
290	295	300
Gly Ser Leu Ser Ala Ala Gly Val Ile Glu Leu Ala Trp Thr Met Gly		
305	310	315
Leu Ile His Trp Asp Glu Asp Pro Lys Pro Gly Trp Tyr Asp Asp Ser		
	325	330
Asp Asp Ala Val Ala Glu Glu Asp Ile Phe Asp Arg Tyr His Asp Glu		
	340	345
Val Met Ala Arg Val Gly Val Arg Lys Tyr Asn Asp Met Pro Glu Tyr		
	355	360
Gly Met Ile Asp Asn Phe Ala Pro Glu Leu Thr Thr Val Tyr Leu Asp		
	370	375
Gln Asp Leu Thr Phe Asn Val Gly Ser Arg Glu Glu Ala Leu Thr Tyr		
385	390	395
Val Asp Ser Glu Pro Glu Leu Thr Phe Ala Ser Phe Asp Glu Ala Ala		
	405	410
Gly Glu Trp Lys Val Thr Arg Lys Ala Gly Ser Ala Ile Arg Val Pro		
	420	425
Arg Arg Met Ala Met Thr Arg Phe Val Gly Gly Gln Val Pro Lys Asp		
	435	440
Phe Asp Pro Ala Val Trp Gly Ile Pro Ala Asp Met Val Asp Asn Leu		
	450	455
Asp Thr Val Ala Leu Trp Asn Ile Val Cys Thr Val Asp Ala Phe Leu		
465	470	475
Ser Ala Gly Phe Thr Pro Ala Glu Leu Leu Ala Ser Val His Pro Ala		
	485	490
Arg Val Ser Ser Thr Gln Gly Thr Gly Met Gly Gly Met Glu Ser Leu		
	500	505
Arg Gly Ile Tyr Val Asp Arg Ile Leu Ala Glu Pro Arg Ala Asn Asp		
	515	520
Val Leu Gln Glu Ala Leu Pro Asn Val Val Ala Ala His Val Met Gln		
	530	535
Ser Tyr Val Gly Gly Tyr Gly Gln Met Ile His Pro Val Ala Ala Cys		
545	550	555
Ala Thr Ala Ala Val Ser Val Glu Glu Ala Leu Asp Lys Ile Arg Ile		
	565	570
Gly Lys Ser Asp Phe Val Val Ala Gly Gly Phe Asp Ala Leu Ser Val		
	580	585
		590

Glu Gly Ile Thr Gly Phe Gly Asp Met Ala Ala Thr Ala Asp Ser Ala
 595 600 605
 Glu Met Glu Gly Lys Gly Ile Glu His Arg Phe Phe Ser Arg Ala Asn
 610 615 620
 Asp Arg Arg Arg Gly Gly Phe Ile Glu Ser Glu Gly Gly Gly Thr Val
 625 630 635 640
 Leu Leu Ala Arg Gly Ser Leu Ala Ala Asp Leu Gly Leu Pro Val Leu
 645 650 655
 Gly Val Ile Gly Phe Ala Glu Ser Phe Ala Asp Gly Ala His Thr Ser
 660 665 670
 Ile Pro Ala Pro Gly Leu Gly Ala Leu Gly Ala Ala Arg Asp Gly Val
 675 680 685
 Glu Ser Arg Leu Ala Val Ala Leu Arg Ser Val Gly Val Ser Ala Asp
 690 695 700
 Glu Ile Ser Ile Ile Ser Lys His Asp Thr Ser Thr Asn Ala Asn Asp
 705 710 715 720
 Pro Asn Glu Ser Asp Leu His Glu Arg Ile Ala Ser Ala Ile Gly Arg
 725 730 735
 Ala Asp Gly Asn Pro Met Tyr Val Ile Ser Gln Lys Ser Leu Thr Gly
 740 745 750
 His Ala Lys Gly Gly Ala Ala Ala Phe Gln Met Ile Gly Leu Thr Gln
 755 760 765
 Val Leu Arg Ser Gly Leu Val Pro Ala Asn Arg Ala Leu Asp Cys Val
 770 775 780
 Asp Pro Val Leu Ser Lys His Ser His Leu Val Trp Leu Arg Lys Pro
 785 790 795 800
 Leu Asp Leu Arg Ala Lys Ala Pro Lys Ala Gly Leu Val Thr Ser Leu
 805 810 815
 Gly Phe Gly His Val Ser Ala Leu Val Ala Ile Val His Pro Asp Ala
 820 825 830
 Phe Tyr Glu Ala Val Arg Val Ala Arg Gly Ala Glu Ala Ala Asp Val
 835 840 845
 Trp Arg Ala Ser Ala Ile Ala Arg Glu Glu Ala Gly Leu Arg Thr Ile
 850 855 860
 Val Ala Gly Met His Gly Gly Val Leu Tyr Glu Arg Pro Val Glu Arg
 865 870 875 880
 Asn Leu Gly Val His Gly Asp Ala Ala Lys Glu Val Glu Ala Ala Val
 885 890 895
 Leu Leu Asp Ser Arg Ala Arg Leu Val Asp Gly Val Leu Arg Ala Glu

900 905 910

Gly

<210> 171
 <211> 2937
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2914)
 <223> RXN02168

<400> 171
 agggtttagt catctatttc ggctacgctc acgtaaccta cgcattcgta agtggtcattg 60
 ggtccaagaa gccattcca agacttagga gctttatttc gtg agt att tct tca 115
 Val Ser Ile Ser Ser

1 5
 ctg aca ccg ctg cac tct ttc aaa gag cca gca att ctg tac gcc ggt 163
 Leu Thr Pro Leu His Ser Phe Lys Glu Pro Ala Ile Leu Tyr Ala Gly

10 15 20
 cag gct tct gcc tgg cag cag gtg atc gct gat tcc agc gaa gac cac 211
 Gln Ala Ser Ala Trp Gln Gln Val Ile Ala Asp Ser Ser Glu Asp His

25 30 35
 atc acc gca acg cac ctg cgc gag ctc ctg tct cgc tcc cgt gca aag 259
 Ile Thr Ala Thr His Leu Arg Glu Leu Leu Ser Arg Ser Arg Ala Lys

40 45 50
 act gca cct ttc gct cgc caa atc acc gcc atc gtg cct ggc tca ctt 307
 Thr Ala Pro Phe Ala Arg Gln Ile Thr Ala Ile Val Pro Gly Ser Leu

55 60 65
 gct cgt ctt gag gaa ctg acc cgc gaa gac gca caa atc ggt gca gac 355
 Ala Arg Leu Glu Glu Leu Thr Arg Glu Asp Ala Gln Ile Gly Ala Asp

70 75 80 85
 atc gac gca cag cct gcc gtt tcc att cca ggc att ctg ctg gga cag 403
 Ile Asp Ala Gln Pro Ala Val Ser Ile Pro Gly Ile Leu Leu Gly Gln

90 95 100
 atc gct gca acc cgt cag ctg cgt gac ctc gga ctc gat gtc gca gca 451
 Ile Ala Ala Thr Arg Gln Leu Arg Asp Leu Gly Leu Asp Val Ala Ala

105 110 115
 gct tcc cgc ctt gga cac tcc cag ggc att ttg ggc gtt gaa gca gta 499
 Ala Ser Arg Leu Gly His Ser Gln Gly Ile Leu Gly Val Glu Ala Val

120 125 130
 gac aat gaa gaa gac gtt tta gct ttc gcc atc ctg ctg ggc gca gca 547

Asp Asn Glu Glu Asp Val Leu Ala Phe Ala Ile Leu Leu Gly Ala Ala

135 140 145
gct tcc cag ttc gct ggc aag ggc gca cat atg ctc tct gtt cgc ggc 595
Ala Ser Gln Phe Ala Gly Lys Gly Ala His Met Leu Ser Val Arg Gly

150 155 160 165
ctg tcc cgt gag atc atc cag gac acc atc gct ggt gtc gat ggg gta 643
Leu Ser Arg Glu Ile Ile Gln Asp Thr Ile Ala Gly Val Asp Gly Val

170 175 180
gag gtc tcc ctg cgc aac gct cgt gca cac ttt gtt gtc tct ggt aag 691
Glu Val Ser Leu Arg Asn Ala Arg Ala His Phe Val Val Ser Gly Lys

185 190 195
cca gag gca ctg aag aag gct gct gct gct cta cag cgc gca gct gat 739
Pro Glu Ala Leu Lys Lys Ala Ala Ala Leu Gln Arg Ala Ala Asp

200 205 210
gtt tac aac gaa gac atc aac gaa aag cgc aag ggt gga tcc ctg gca 787
Val Tyr Asn Glu Asp Ile Asn Glu Lys Arg Lys Gly Gly Ser Leu Ala

215 220 225
gag cct aag ttt gac tac ttg gat gtg gcc att cct ttc cac cac tcc 835
Glu Pro Lys Phe Asp Tyr Leu Asp Val Ala Ile Pro Phe His His Ser

230 235 240 245
tcc atg cag gac gca gcc gac ttg gct gtc gag tgg gca acc acc tgt 883
Ser Met Gln Asp Ala Ala Asp Leu Ala Val Glu Trp Ala Thr Thr Cys

250 255 260
ggc cta aac gtc aac gcg cgc gcg ttg gca gaa gca att cta gtt aac 931
Gly Leu Asn Val Asn Ala Arg Ala Leu Ala Glu Ala Ile Leu Val Asn

265 270 275
cca gct gac tgg gtt gag cag atc gca aac ctc aag gct gat tac gtt 979
Pro Ala Asp Trp Val Glu Gln Ile Ala Asn Leu Lys Ala Asp Tyr Val

280 285 290
ctt tcc ctc gat gca ggc gtc agc cgt ttc acc gct cca ttg cta gac 1027
Leu Ser Leu Asp Ala Gly Val Ser Arg Phe Thr Ala Pro Leu Leu Asp

295 300 305
ggt cgc gga atc tct ttg gtt cct gcg ttc tcc gct gca gag cgc gac 1075
Gly Arg Gly Ile Ser Leu Val Pro Ala Phe Ser Ala Ala Glu Arg Asp

310 315 320 325
aac ttg gct cgc cct ggc ttc cac gtt cct acc gct gag gat tgg tcc 1123
Asn Leu Ala Arg Pro Gly Phe His Val Pro Thr Ala Glu Asp Trp Ser

330 335 340
gag ttc gct cca aag ctg gtt aag ctt cca aac ggt gag cac aag gtt 1171
Glu Phe Ala Pro Lys Leu Val Lys Leu Pro Asn Gly Glu His Lys Val

345 350 355
ctc acc ggg ttc tcc cgc ctg act ggt tat tcc cca atc gtc ctg gct 1219

Leu Thr Gly Phe Ser Arg Leu Thr Gly Tyr Ser Pro Ile Val Leu Ala

360 365 370
ggc atg acc cca acc acc gtt gat cct gag atc gtt gca gct gca gcg 1267
Gly Met Thr Pro Thr Thr Val Asp Pro Glu Ile Val Ala Ala Ala Ala

375 380 385
aac gct gga cac tgg gcc gaa atg gcc ggt ggc gga cag tac tct gaa 1315
Asn Ala Gly His Trp Ala Glu Met Ala Gly Gly Gly Gln Tyr Ser Glu

390 395 400 405
gaa gtc ttc acc aag aac aag gaa aag ctc gtt tcc ctg ctc aag gtt 1363
Glu Val Phe Thr Lys Asn Lys Glu Lys Leu Val Ser Leu Leu Lys Val

410 415 420
gga cgc tcc gca cag ttc aac tcc atg ttc ttc gac cgc tac atg tgg 1411
Gly Arg Ser Ala Gln Phe Asn Ser Met Phe Phe Asp Arg Tyr Met Trp

425 430 435
aac ctg cag ttc ggt gca cag cgc atc gtt tcc aag gca cgt gca acc 1459
Asn Leu Gln Phe Gly Ala Gln Arg Ile Val Ser Lys Ala Arg Ala Thr

440 445 450
ggt acc tcc atc aac ggt gtt gtt gtc tcc gct ggt atc cca gag gtt 1507
Gly Thr Ser Ile Asn Gly Val Val Val Ser Ala Gly Ile Pro Glu Val

455 460 465
gag gaa gca act gag ctg atc aac gat ctg aac gct gat ggc ttc cca 1555
Glu Glu Ala Thr Glu Leu Ile Asn Asp Leu Asn Ala Asp Gly Phe Pro

470 475 480 485
tac gtt gca ttc aag cca ggc acc gtg gat cag atc cgc gca acc ctg 1603
Tyr Val Ala Phe Lys Pro Gly Thr Val Asp Gln Ile Arg Ala Thr Leu

490 495 500
aag att gct gat gca aac cca gag acc aag atc atc atc cag atc gag 1651
Lys Ile Ala Asp Ala Asn Pro Glu Thr Lys Ile Ile Ile Gln Ile Glu

505 510 515
gac gga cac gct ggt ggc cac cac tcc tgg gtc aac ttg gac gat ctg 1699
Asp Gly His Ala Gly Gly His His Ser Trp Val Asn Leu Asp Asp Leu

520 525 530
ctc ctg acc acc tac gca gag ctg cgt tcc cgc aag aac gtt gtc gtc 1747
Leu Leu Thr Thr Tyr Ala Glu Leu Arg Ser Arg Lys Asn Val Val Val

535 540 545
atg atc ggt ggc ggc atc gga acc cct gca aag gct gct tac tac ctg 1795
Met Ile Gly Gly Gly Ile Gly Thr Pro Ala Lys Ala Ala Tyr Tyr Leu

550 555 560 565
acc ggt gaa tgg tcc acc gat ttg ggc ttc cca gca atg cca gtg gac 1843
Thr Gly Glu Trp Ser Thr Asp Leu Gly Phe Pro Ala Met Pro Val Asp

570 575 580
ggc atc ctc gtg ggt acc gct gcc atg gca acc aag gaa gca acc act 1891

Gly Ile Leu Val Gly Thr Ala Ala Met Ala Thr Lys Glu Ala Thr Thr

585 590 595
tct cct cag gtc aag cag gca ctg gtc gac acc cca ggt gtt gat cca 1939
Ser Pro Gln Val Lys Gln Ala Leu Val Asp Thr Pro Gly Val Asp Pro

600 605 610
cac gac gct ggc ggc tgg gtt ggc cgt ggc gat gct cgt ggt ggc gtg 1987
His Asp Ala Gly Gly Trp Val Gly Arg Gly Asp Ala Arg Gly Gly Val

615 620 625
acc tct ggt ctg tca cac ctg cac gct gac atg tac gag ctg gac aac 2035
Thr Ser Gly Leu Ser His Leu His Ala Asp Met Tyr Glu Leu Asp Asn

630 635 640 645
gat tct gct gca gct tcc cgc ctg atc tct tcc atc gat tct gat gat 2083
Asp Ser Ala Ala Ala Ser Arg Leu Ile Ser Ser Ile Asp Ser Asp Asp

650 655 660
tac gca gat cac cgc gaa gag ctc atc gag gct atc aac aag acc gct 2131
Tyr Ala Asp His Arg Glu Glu Leu Ile Glu Ala Ile Asn Lys Thr Ala

665 670 675
aag cct ttc ttc ggc gag gtc gaa gag atg act tac gca gag tgg atc 2179
Lys Pro Phe Phe Gly Glu Val Glu Glu Met Thr Tyr Ala Glu Trp Ile

680 685 690
cag cgt tgg gtt gag ctt gct tac cca act cag gac cca acc tgg gat 2227
Gln Arg Trp Val Glu Leu Ala Tyr Pro Thr Gln Asp Pro Thr Trp Asp

695 700 705
gat cgt ttc ctc gat ttg gtt cac cgc att gaa gct cgt ctc aac gag 2275
Asp Arg Phe Leu Asp Leu Val His Arg Ile Glu Ala Arg Leu Asn Glu

710 715 720 725
gca gag cac ggc gcc atc acc aca ctg ttc cca gac cat gcg tct gtg 2323
Ala Glu His Gly Ala Ile Thr Thr Leu Phe Pro Asp His Ala Ser Val

730 735 740
gaa aat gag gaa gag gcc gtc gaa aag ctt ctt gct gct tac ccg cag 2371
Glu Asn Glu Glu Glu Ala Val Glu Lys Leu Leu Ala Ala Tyr Pro Gln

745 750 755
gcc cgc gag atc cag gtc tct gcg cgc gac gcc gcg tgg ttt att ggt 2419
Ala Arg Glu Ile Gln Val Ser Ala Arg Asp Ala Ala Trp Phe Ile Gly

760 765 770
ctg tgc cgc aag cac cac aag cct atg cct tgg gtt cca gca atc gat 2467
Leu Cys Arg Lys His His Lys Pro Met Pro Trp Val Pro Ala Ile Asp

775 780 785
gct gac cta gca cgc tgg tgg ggc ctt gac acc ctg tgg cag tcc cag 2515
Ala Asp Leu Ala Arg Trp Trp Gly Leu Asp Thr Leu Trp Gln Ser Gln

790 795 800 805

aac gag cgc tac ggc gcg aac tca gtc cgc gtt atc cca gga cca gtc 2563
Asn Glu Arg Tyr Gly Ala Asn Ser Val Arg Val Ile Pro Gly Pro Val

810 815 820
tcc gtc gcc ggc atc gac cgt gtt gac gag cca gtt gca gag ctg etc 2611
Ser Val Ala Gly Ile Asp Arg Val Asp Glu Pro Val Ala Glu Leu Leu

825 830 835
ggc cgc ttc gaa gct gcc tgc gtt gac gct ctc gac ggc gag cca gaa 2659
Gly Arg Phe Glu Ala Ala Cys Val Asp Ala Leu Asp Gly Glu Pro Glu

840 845 850
gag atc ttc gct cgc ctc aat gag tcc aag aac gag cgc gaa ttc ctg 2707
Glu Ile Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Lys Asn Glu Arg Glu Phe Leu

855 860 865
ctg gct acc cca cac atc gtg tgg cac ggc aac ctg atc gac aac cca 2755
Leu Ala Thr Pro His Ile Val Trp His Gly Asn Leu Ile Asp Asn Pro

870 875 880 885
gct cac gtc ctc aac gag ggt gct ttc gag ctc atc gag gag gat ggc 2803
Ala His Val Leu Asn Glu Gly Ala Phe Glu Leu Ile Glu Glu Asp Gly

890 895 900
tac tgg gtc atc cgt atc ctg gct gat tcc tac ttc gac gat ctg cca 2851
Tyr Trp Val Ile Arg Ile Leu Ala Asp Ser Tyr Phe Asp Asp Leu Pro

905 910 915
gtt gag cag cgc cca tac ctg gtt cag cat gtt gac atc cca gtt gag 2899
Val Glu Gln Arg Pro Tyr Leu Val Gln His Val Asp Ile Pro Val Glu

920 925 930
ctg ggt gac gct ggt tgaaccggtg gtttcccaat tgg 2937
Leu Gly Asp Ala Gly

935

<210> 172

<211> 938

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 172

Val Ser Ile Ser Ser Leu Thr Pro Leu His Ser Phe Lys Glu Pro Ala

1 5 10 15

Ile Leu Tyr Ala Gly Gln Ala Ser Ala Trp Gln Gln Val Ile Ala Asp

20 25 30

Ser Ser Glu Asp His Ile Thr Ala Thr His Leu Arg Glu Leu Leu Ser

35 40 45

Arg Ser Arg Ala Lys Thr Ala Pro Phe Ala Arg Gln Ile Thr Ala Ile

50	55	60
Val Pro Gly Ser Leu Ala Arg Leu Glu Glu Leu Thr Arg Glu Asp Ala		
65	70	75
Gln Ile Gly Ala Asp Ile Asp Ala Gln Pro Ala Val Ser Ile Pro Gly		
	85	90
Ile Leu Leu Gly Gln Ile Ala Ala Thr Arg Gln Leu Arg Asp Leu Gly		
	100	105
Leu Asp Val Ala Ala Ala Ser Arg Leu Gly His Ser Gln Gly Ile Leu		
	115	120
Gly Val Glu Ala Val Asp Asn Glu Glu Asp Val Leu Ala Phe Ala Ile		
	130	135
Leu Leu Gly Ala Ala Ala Ser Gln Phe Ala Gly Lys Gly Ala His Met		
	145	150
Leu Ser Val Arg Gly Leu Ser Arg Glu Ile Ile Gln Asp Thr Ile Ala		
	165	170
Gly Val Asp Gly Val Glu Val Ser Leu Arg Asn Ala Arg Ala His Phe		
	180	185
Val Val Ser Gly Lys Pro Glu Ala Leu Lys Lys Ala Ala Ala Ala Leu		
	195	200
Gln Arg Ala Ala Asp Val Tyr Asn Glu Asp Ile Asn Glu Lys Arg Lys		
	210	215
Gly Gly Ser Leu Ala Glu Pro Lys Phe Asp Tyr Leu Asp Val Ala Ile		
	225	230
Pro Phe His His Ser Ser Met Gln Asp Ala Ala Asp Leu Ala Val Glu		
	245	250
Trp Ala Thr Thr Cys Gly Leu Asn Val Asn Ala Arg Ala Leu Ala Glu		
	260	265
Ala Ile Leu Val Asn Pro Ala Asp Trp Val Glu Gln Ile Ala Asn Leu		
	275	280
Lys Ala Asp Tyr Val Leu Ser Leu Asp Ala Gly Val Ser Arg Phe Thr		
	290	295
Ala Pro Leu Leu Asp Gly Arg Gly Ile Ser Leu Val Pro Ala Phe Ser		
	305	310
Ala Ala Glu Arg Asp Asn Leu Ala Arg Pro Gly Phe His Val Pro Thr		
	325	330
Ala Glu Asp Trp Ser Glu Phe Ala Pro Lys Leu Val Lys Leu Pro Asn		
	340	345
Gly Glu His Lys Val Leu Thr Gly Phe Ser Arg Leu Thr Gly Tyr Ser		
	355	360

Pro Ile Val Leu Ala Gly Met Thr Pro Thr Thr Val Asp Pro Glu Ile
370 375 380

Val Ala Ala Ala Ala Asn Ala Gly His Trp Ala Glu Met Ala Gly Gly
385 390 395 400

Gly Gln Tyr Ser Glu Glu Val Phe Thr Lys Asn Lys Glu Lys Leu Val
405 410 415

Ser Leu Leu Lys Val Gly Arg Ser Ala Gln Phe Asn Ser Met Phe Phe
420 425 430

Asp Arg Tyr Met Trp Asn Leu Gln Phe Gly Ala Gln Arg Ile Val Ser
435 440 445

Lys Ala Arg Ala Thr Gly Thr Ser Ile Asn Gly Val Val Val Ser Ala
450 455 460

Gly Ile Pro Glu Val Glu Glu Ala Thr Glu Leu Ile Asn Asp Leu Asn
465 470 475 480

Ala Asp Gly Phe Pro Tyr Val Ala Phe Lys Pro Gly Thr Val Asp Gln
485 490 495

Ile Arg Ala Thr Leu Lys Ile Ala Asp Ala Asn Pro Glu Thr Lys Ile
500 505 510

Ile Ile Gln Ile Glu Asp Gly His Ala Gly Gly His His Ser Trp Val
515 520 525

Asn Leu Asp Asp Leu Leu Leu Thr Thr Tyr Ala Glu Leu Arg Ser Arg
530 535 540

Lys Asn Val Val Val Met Ile Gly Gly Gly Ile Gly Thr Pro Ala Lys
545 550 555 560

Ala Ala Tyr Tyr Leu Thr Gly Glu Trp Ser Thr Asp Leu Gly Phe Pro
565 570 575

Ala Met Pro Val Asp Gly Ile Leu Val Gly Thr Ala Ala Met Ala Thr
580 585 590

Lys Glu Ala Thr Thr Ser Pro Gln Val Lys Gln Ala Leu Val Asp Thr
595 600 605

Pro Gly Val Asp Pro His Asp Ala Gly Gly Trp Val Gly Arg Gly Asp
610 615 620

Ala Arg Gly Gly Val Thr Ser Gly Leu Ser His Leu His Ala Asp Met
625 630 635 640

Tyr Glu Leu Asp Asn Asp Ser Ala Ala Ala Ser Arg Leu Ile Ser Ser
645 650 655

Ile Asp Ser Asp Asp Tyr Ala Asp His Arg Glu Glu Leu Ile Glu Ala
660 665 670

Ile Asn Lys Thr Ala Lys Pro Phe Phe Gly Glu Val Glu Glu Met Thr

675	680	685
Tyr Ala Glu Trp Ile Gln Arg Trp Val Glu Leu Ala Tyr Pro Thr Gln		
690	695	700
Asp Pro Thr Trp Asp Asp Arg Phe Leu Asp Leu Val His Arg Ile Glu		
705	710	715
Ala Arg Leu Asn Glu Ala Glu His Gly Ala Ile Thr Thr Leu Phe Pro		
725	730	735
Asp His Ala Ser Val Glu Asn Glu Glu Glu Ala Val Glu Lys Leu Leu		
740	745	750
Ala Ala Tyr Pro Gln Ala Arg Glu Ile Gln Val Ser Ala Arg Asp Ala		
755	760	765
Ala Trp Phe Ile Gly Leu Cys Arg Lys His His Lys Pro Met Pro Trp		
770	775	780
Val Pro Ala Ile Asp Ala Asp Leu Ala Arg Trp Trp Gly Leu Asp Thr		
785	790	795
Leu Trp Gln Ser Gln Asn Glu Arg Tyr Gly Ala Asn Ser Val Arg Val		
805	810	815
Ile Pro Gly Pro Val Ser Val Ala Gly Ile Asp Arg Val Asp Glu Pro		
820	825	830
Val Ala Glu Leu Leu Gly Arg Phe Glu Ala Ala Cys Val Asp Ala Leu		
835	840	845
Asp Gly Glu Pro Glu Glu Ile Phe Ala Arg Leu Asn Glu Ser Lys Asn		
850	855	860
Glu Arg Glu Phe Leu Leu Ala Thr Pro His Ile Val Trp His Gly Asn		
865	870	875
Leu Ile Asp Asn Pro Ala His Val Leu Asn Glu Gly Ala Phe Glu Leu		
885	890	895
Ile Glu Glu Asp Gly Tyr Trp Val Ile Arg Ile Leu Ala Asp Ser Tyr		
900	905	910
Phe Asp Asp Leu Pro Val Glu Gln Arg Pro Tyr Leu Val Gln His Val		
915	920	925
Asp Ile Pro Val Glu Leu Gly Asp Ala Gly		
930	935	

<210> 173

<211> 921

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(898)

<223> RXN01090

<400> 173

gccggtttgg gctggttga gctctagatc gtaagtgggtg tcgtacccat gacgtacat 60
taaccacgaa cgttttaag aagccacgaa ggagcctgac atg gcg tta cca cta 115
Met Ala Leu Pro Leu

1 5
ccc agc aag agc gct cga gca ctt gtt act ggg gca agc caa ggc att 163
Pro Ser Lys Ser Ala Arg Ala Leu Val Thr Gly Ala Ser Gln Gly Ile

10 15 20
ggc ctc gcc atc gcc aaa gat ttg gcg cgg tat ggg cac aac ctc att 211
Gly Leu Ala Ile Ala Lys Asp Leu Ala Arg Tyr Gly His Asn Leu Ile

25 30 35
ttg gtt gct cgc cgc gag gat gtc ctc aaa gag atc gcc gca gat cta 259
Leu Val Ala Arg Arg Glu Asp Val Leu Lys Glu Ile Ala Ala Asp Leu

40 45 50
gag aag aag cac ggc gtg atc gtt gag gtc cgc ccg gtg gat ttg agt 307
Glu Lys Lys His Gly Val Ile Val Glu Val Arg Pro Val Asp Leu Ser

55 60 65
gat gag cca gcc cgc aag gtg ttg atc gat gag atc aag aca agg gaa 355
Asp Glu Pro Ala Arg Lys Val Leu Ile Asp Glu Ile Lys Thr Arg Glu

70 75 80 85
atc aac atc atc att aac tct gct ggc atc gca agc ttt ggg ccg ttc 403
Ile Asn Ile Ile Ile Asn Ser Ala Gly Ile Ala Ser Phe Gly Pro Phe

90 95 100
aag gac cag gat tgg tct tat gag act gcc cag ttc tca ctt aat gcc 451
Lys Asp Gln Asp Trp Ser Tyr Glu Thr Ala Gln Phe Ser Leu Asn Ala

105 110 115
aca gcc gtt ttt gag ctc acc cac gcg gtg ttg ggt ggc atg att gac 499
Thr Ala Val Phe Glu Leu Thr His Ala Val Leu Gly Gly Met Ile Asp

120 125 130
cgt ggc acg ggc gct att tgc aat gtg gga tct gcg gct ggc aat gtg 547
Arg Gly Thr Gly Ala Ile Cys Asn Val Gly Ser Ala Ala Gly Asn Val

135 140 145
cca atc ccc aac aac gcc acg tat gtg ctc acc aag gct ggc gtg aac 595
Pro Ile Pro Asn Asn Ala Thr Tyr Val Leu Thr Lys Ala Gly Val Asn

150 155 160 165
gcg ttc acc gag gca atg cat tat gag ctg cgc gga act ggt gtg gcg 643
Ala Phe Thr Glu Ala Met His Tyr Glu Leu Arg Gly Thr Gly Val Ala

170 175 180
tgt act ttg ctc gca ccg gga cct gtc cgt gag gcg gag atc cct gag 691
Cys Thr Leu Leu Ala Pro Gly Pro Val Arg Glu Ala Glu Ile Pro Glu

185 190 195
tct gag aag tcg atc gtg gac aag gtt gtc cct gat ttc ttg tgg acc 739
Ser Glu Lys Ser Ile Val Asp Lys Val Val Pro Asp Phe Leu Trp Thr

200 205 210
acc tat gag tcc tgc tcc gca gag acc ttg cgt gcg ctg tct aag aat 787
Thr Tyr Glu Ser Cys Ser Ala Glu Thr Leu Arg Ala Leu Ser Lys Asn

215 220 225
cag cgt cgc gtt gtt cca ggt ccg ctg tcc aag gcc atg aat ttt gtg 835
Gln Arg Arg Val Val Pro Gly Pro Leu Ser Lys Ala Met Asn Phe Val

230 235 240 245
tcc tct gtt gct cca acc gct gtg ctc tcc cct gtt atg ggc tgg gtt 883
Ser Ser Val Ala Pro Thr Ala Val Leu Ser Pro Val Met Gly Trp Val

250 255 260
tat aag aag atg ggt tagtttttaa aagtgtctga atc 921
Tyr Lys Lys Met Gly

265

<210> 174

<211> 266

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 174

Met Ala Leu Pro Leu Pro Ser Lys Ser Ala Arg Ala Leu Val Thr Gly
1 5 10 15

Ala Ser Gln Gly Ile Gly Leu Ala Ile Ala Lys Asp Leu Ala Arg Tyr
20 25 30

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

Ile Ala Ala Asp Leu Glu Lys Lys His Gly Val Ile Val Glu Val Arg
50 55 60

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

Ile Lys Thr Arg Glu Ile Asn Ile Ile Ile Asn Ser Ala Gly Ile Ala
85 90 95

Ser Phe Gly Pro Phe Lys Asp Gln Asp Trp Ser Tyr Glu Thr Ala Gln
100 105 110

Phe Ser Leu Asn Ala Thr Ala Val Phe Glu Leu Thr His Ala Val Leu
115 120 125

Gly Gly Met Ile Asp Arg Gly Thr Gly Ala Ile Cys Asn Val Gly Ser
130 135 140

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

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

Gly Thr Gly Val Ala Cys Thr Leu Leu Ala Pro Gly Pro Val Arg Glu
180 185 190

Ala Glu Ile Pro Glu Ser Glu Lys Ser Ile Val Asp Lys Val Val Pro
195 200 205

Asp Phe Leu Trp Thr Thr Tyr Glu Ser Cys Ser Ala Glu Thr Leu Arg
210 215 220

Ala Leu Ser Lys Asn Gln Arg Arg Val Val Pro Gly Pro Leu Ser Lys
225 230 235 240

Ala Met Asn Phe Val Ser Ser Val Ala Pro Thr Ala Val Leu Ser Pro
245 250 255

Val Met Gly Trp Val Tyr Lys Lys Met Gly
260 265

<210> 175

<211> 1293

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1270)

<223> RXN02062

<400> 175

ttgtctaaac atcgttttgg ggtccgaatg atagccctt ttaatgcccc catttcggta 60
tcgctgcgca actgttttta gatggcta atgtgaaatt atg aga gtc gga atg 115
Met Arg Val Gly Met

1 5
atg aca aga gag tat cca cca gag gtt tac ggc ggc gct ggc gtg cac 163
Met Thr Arg Glu Tyr Pro Pro Glu Val Tyr Gly Gly Ala Gly Val His

10 15 20
gtc acc gaa ttg acc cga ttc atg cgt gag atc gct gaa gtt gat gtt 211
Val Thr Glu Leu Thr Arg Phe Met Arg Glu Ile Ala Glu Val Asp Val

25 30 35
cac tgc atg ggt gca cct cgc gat atg gag gga gtt ttc gtc cac ggc 259
His Cys Met Gly Ala Pro Arg Asp Met Glu Gly Val Phe Val His Gly

40 45 50
gtc gat cct gcc ttg gaa agc gcg aac cct gcg att aag aca ctg tcc 307
Val Asp Pro Ala Leu Glu Ser Ala Asn Pro Ala Ile Lys Thr Leu Ser

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

280 285 290
 cca ctg ggc atc gtg aac ttg gaa gca atg gcc tgc aac acc gca gtt 1027
 Pro Leu Gly Ile Val Asn Leu Glu Ala Met Ala Cys Asn Thr Ala Val

 295 300 305
 gtc gca tcc gac gtt gga ggc atc cct gag gtt gtt gtc gac ggc acc 1075
 Val Ala Ser Asp Val Gly Gly Ile Pro Glu Val Val Val Asp Gly Thr

 310 315 320 325
 acc ggc gcc ctc gtt cac tac gac gaa aat gat gtc gaa acc ttc gag 1123
 Thr Gly Ala Leu Val His Tyr Asp Glu Asn Asp Val Glu Thr Phe Glu

 330 335 340
 cgc gat atc gcc gaa gcg gtg aat aaa atg gtc gct gat cga gag acc 1171
 Arg Asp Ile Ala Glu Ala Val Asn Lys Met Val Ala Asp Arg Glu Thr

 345 350 355
 gca gcc aaa ttt ggt ctc gca ggg cgc gaa cgt gct atc aat gat ttc 1219
 Ala Ala Lys Phe Gly Leu Ala Gly Arg Glu Arg Ala Ile Asn Asp Phe

 360 365 370
 tcc tgg gca acg att gct cag cag acc att gat gtg tac aaa tcc ttg 1267
 Ser Trp Ala Thr Ile Ala Gln Gln Thr Ile Asp Val Tyr Lys Ser Leu

 375 380 385
 atg taaaaccgaa agccgggggaa cct 1293
 Met

 390

 <210> 176
 <211> 390
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <400> 176
 Met Arg Val Gly Met Met Thr Arg Glu Tyr Pro Pro Glu Val Tyr Gly
 1 5 10 15

 Gly Ala Gly Val His Val Thr Glu Leu Thr Arg Phe Met Arg Glu Ile
 20 25 30

 Ala Glu Val Asp Val His Cys Met Gly Ala Pro Arg Asp Met Glu Gly
 35 40 45

 Val Phe Val His Gly Val Asp Pro Ala Leu Glu Ser Ala Asn Pro Ala
 50 55 60

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

 Val Asp Val Val His Ser His Thr Trp Tyr Ala Gly Leu Gly Gly His
 85 90 95

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

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

<210> 177

<211> 1266

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1243)

<223> RXN02148

<400> 177

gcctcagact acggaatccc tgtgcagggtg gtatctgttg attcagcacc gttttatggt 60
gcgcgtcgct actaagaaat agttcgtcag gagaatcttt gtg tct gca tcc cga 115
Val Ser Ala Ser Arg

1 5
aaa act ctc gtt gtg acc aat gat ttt cct cca cgg atc ggc gga atc 163
Lys Thr Leu Val Val Thr Asn Asp Phe Pro Pro Arg Ile Gly Gly Ile

10 15 20
caa agc tat ttg agg gat ttc atc gct act caa gat cct gag tcg atc 211
Gln Ser Tyr Leu Arg Asp Phe Ile Ala Thr Gln Asp Pro Glu Ser Ile

25 30 35
gtg gtg ttt gcg tcg act caa aac gct gag gaa gcg cat gcc tac gac 259
Val Val Phe Ala Ser Thr Gln Asn Ala Glu Glu Ala His Ala Tyr Asp

40 45 50
aag act ttg gac tat gag gtc att agg tgg cct cgt tcg gtg atg ctg 307
Lys Thr Leu Asp Tyr Glu Val Ile Arg Trp Pro Arg Ser Val Met Leu

55 60 65
ccc acc cca aca acg gca cac gct atg gcg gag atc att cgt gag cga 355
Pro Thr Pro Thr Thr Ala His Ala Met Ala Glu Ile Ile Arg Glu Arg

70 75 80 85
gag atc gat aat gtg tgg ttc ggt gct gcg gct ccg ttg gcg ttg atg 403
Glu Ile Asp Asn Val Trp Phe Gly Ala Ala Ala Pro Leu Ala Leu Met

90 95 100
gca ggc aca gcg aag cag gca ggt gcg agc aag gtt att gcc tcc act 451
Ala Gly Thr Ala Lys Gln Ala Gly Ala Ser Lys Val Ile Ala Ser Thr

105 110 115
cat ggg cat gag gtg ggg tgg tca atg ctt cct gga tcg aga caa tcg 499
His Gly His Glu Val Gly Trp Ser Met Leu Pro Gly Ser Arg Gln Ser

120 125 130
ttg cgc aaa atc ggc act gag gtg gac gtg ctg act tat atc tcg cag 547
Leu Arg Lys Ile Gly Thr Glu Val Asp Val Leu Thr Tyr Ile Ser Gln

135 140 145
tac acg ctg cgc aga ttc aaa agt gct ttt gga tcg cac ccg act ttt 595
Tyr Thr Leu Arg Arg Phe Lys Ser Ala Phe Gly Ser His Pro Thr Phe

150 155 160 165
gaa cat ttg cct tcc ggc gtg gac gtt aag aga ttc act ccg gcc acg 643

Glu His Leu Pro Ser Gly Val Asp Val Lys Arg Phe Thr Pro Ala Thr

170 175 180
cca gag gac aaa agc gca aca agg aaa aag cta gga ttc acg gac acc 691
Pro Glu Asp Lys Ser Ala Thr Arg Lys Lys Leu Gly Phe Thr Asp Thr

185 190 195
acc ccg gtt att gcc tgt aac tcg cgt tta gtg ccg agg aaa ggc cag 739
Thr Pro Val Ile Ala Cys Asn Ser Arg Leu Val Pro Arg Lys Gly Gln

200 205 210
gac tcg ctg atc aag gcg atg cca cag gtg att gcg gcg cgc cca gat 787
Asp Ser Leu Ile Lys Ala Met Pro Gln Val Ile Ala Ala Arg Pro Asp

215 220 225
gcg cag ttg ctc att gtg ggc agt ggg cga tac gag tcg act ttg cgg 835
Ala Gln Leu Leu Ile Val Gly Ser Gly Arg Tyr Glu Ser Thr Leu Arg

230 235 240 245
cgc ctt gcc act gac gtg agc cag aac gtg aaa ttc ctt ggg cgc ctt 883
Arg Leu Ala Thr Asp Val Ser Gln Asn Val Lys Phe Leu Gly Arg Leu

250 255 260
gaa tat caa gat atg atc aac acg ctt gcc gcc gca gat att ttc gcg 931
Glu Tyr Gln Asp Met Ile Asn Thr Leu Ala Ala Ala Asp Ile Phe Ala

265 270 275
atg cca gcg cgc acc cgc ggt ggc gga ctt gat gtt gaa ggc ttg ggc 979
Met Pro Ala Arg Thr Arg Gly Gly Gly Leu Asp Val Glu Gly Leu Gly

280 285 290
att gtc tat ctc gag gca caa gcc tgc gga gtg ccg gtg ata gcc ggc 1027
Ile Val Tyr Leu Glu Ala Gln Ala Cys Gly Val Pro Val Ile Ala Gly

295 300 305
acc tct ggc ggc gcg cca gag acg gtg act ccg gca act ggc ctg gtt 1075
Thr Ser Gly Gly Ala Pro Glu Thr Val Thr Pro Ala Thr Gly Leu Val

310 315 320 325
gtg gag ggg tcg gac gtc gat aag ctg tct gag ctt tta att gag ctt 1123
Val Glu Gly Ser Asp Val Asp Lys Leu Ser Glu Leu Leu Ile Glu Leu

330 335 340
ctc gac gat ccg atc cgc cgc gcc gcg atg ggc gct gca ggt agg gcg 1171
Leu Asp Asp Pro Ile Arg Arg Ala Ala Met Gly Ala Ala Gly Arg Ala

345 350 355
cat gtg gag gcc gaa tgg tcg tgg gaa atc atg ggg gag ccg ttg acc 1219
His Val Glu Ala Glu Trp Ser Trp Glu Ile Met Gly Glu Arg Leu Thr

360 365 370
aat att ttg cag agt gaa cca cga tgatggttgg acagctgttg ata 1266
Asn Ile Leu Gln Ser Glu Pro Arg

375 380

<210> 178

<211> 381

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 178

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

Arg Ile Gly Gly Ile Gln Ser Tyr Leu Arg Asp Phe Ile Ala Thr Gln
20 25 30

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

Ala His Ala Tyr Asp Lys Thr Leu Asp Tyr Glu Val Ile Arg Trp Pro
50 55 60

Arg Ser Val Met Leu Pro Thr Pro Thr Thr Ala His Ala Met Ala Glu
65 70 75 80

Ile Ile Arg Glu Arg Glu Ile Asp Asn Val Trp Phe Gly Ala Ala Ala
85 90 95

Pro Leu Ala Leu Met Ala Gly Thr Ala Lys Gln Ala Gly Ala Ser Lys
100 105 110

Val Ile Ala Ser Thr His Gly His Glu Val Gly Trp Ser Met Leu Pro
115 120 125

Gly Ser Arg Gln Ser Leu Arg Lys Ile Gly Thr Glu Val Asp Val Leu
130 135 140

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

Ser His Pro Thr Phe Glu His Leu Pro Ser Gly Val Asp Val Lys Arg
165 170 175

Phe Thr Pro Ala Thr Pro Glu Asp Lys Ser Ala Thr Arg Lys Lys Leu
180 185 190

Gly Phe Thr Asp Thr Thr Pro Val Ile Ala Cys Asn Ser Arg Leu Val
195 200 205

Pro Arg Lys Gly Gln Asp Ser Leu Ile Lys Ala Met Pro Gln Val Ile
210 215 220

Ala Ala Arg Pro Asp Ala Gln Leu Leu Ile Val Gly Ser Gly Arg Tyr
225 230 235 240

Glu Ser Thr Leu Arg Arg Leu Ala Thr Asp Val Ser Gln Asn Val Lys
245 250 255

Phe Leu Gly Arg Leu Glu Tyr Gln Asp Met Ile Asn Thr Leu Ala Ala

260 265 270

Ala Asp Ile Phe Ala Met Pro Ala Arg Thr Arg Gly Gly Gly Leu Asp
275 280 285

Val Glu Gly Leu Gly Ile Val Tyr Leu Glu Ala Gln Ala Cys Gly Val
290 295 300

Pro Val Ile Ala Gly Thr Ser Gly Gly Ala Pro Glu Thr Val Thr Pro
305 310 315 320

Ala Thr Gly Leu Val Val Glu Gly Ser Asp Val Asp Lys Leu Ser Glu
325 330 335

Leu Leu Ile Glu Leu Leu Asp Asp Pro Ile Arg Arg Ala Ala Met Gly
340 345 350

Ala Ala Gly Arg Ala His Val Glu Ala Glu Trp Ser Trp Glu Ile Met
355 360 365

Gly Glu Arg Leu Thr Asn Ile Leu Gln Ser Glu Pro Arg
370 375 380

<210> 179
<211> 1287
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1264)
<223> RXN02595

<400> 179

gtgggtaaag gggactccga ggaagtccac gtcgtcttct ttcgcggcgc tgaggatggt 60
ttcgcggatt tgtgcggggg agtgggtggg agagaaaacg gtg atc gtt gtg gcc 115
Val Ile Val Val Ala

1 5

atg gct tcc att atg gct tgt tta aaa gca gct aga ctg aat aac cct 163
Met Ala Ser Ile Met Ala Cys Leu Lys Ala Ala Arg Leu Asn Asn Pro

10 15 20

atg aag atc ctt ttg ttg tgc tgg cgt gat acc act cat cct caa ggt 211
Met Lys Ile Leu Leu Leu Cys Trp Arg Asp Thr Thr His Pro Gln Gly

25 30 35

ggc gga agt gaa cgc tat ctg gag cgg gtg ggt gag ttt ttg gcg gat 259
Gly Gly Ser Glu Arg Tyr Leu Glu Arg Val Gly Glu Phe Leu Ala Asp

40 45 50

cag ggc cat gag gtg gtg ttt cgt act gct ggg cac acg gat gcg cca 307
Gln Gly His Glu Val Val Phe Arg Thr Ala Gly His Thr Asp Ala Pro

55 60 65

cgg cgt tct ttc cgc gat ggt gtg agg tat tcc agg agc ggt ggg aag 355
Arg Arg Ser Phe Arg Asp Gly Val Arg Tyr Ser Arg Ser Gly Gly Lys

70 75 80 85
ttt agt gtg tat ccc aag gcg tgg gtg gcc atg atg ttg ggt cgt gtg 403
Phe Ser Val Tyr Pro Lys Ala Trp Val Ala Met Met Leu Gly Arg Val

90 95 100
ggg att ggc acg ttt tcc aag gtt gat gtg gtg gtg gat acg cag aat 451
Gly Ile Gly Thr Phe Ser Lys Val Asp Val Val Val Asp Thr Gln Asn

105 110 115
ggc att ccg ttt ttt gga aag ttt ttc tcc ggt aag ccg act gtg ttg 499
Gly Ile Pro Phe Phe Gly Lys Phe Phe Ser Gly Lys Pro Thr Val Leu

120 125 130
ctc acg cat cat tgc cat aag gag cag tgg ccg gtg gtg ggt cgg gtg 547
Leu Thr His His Cys His Lys Glu Gln Trp Pro Val Val Gly Arg Val

135 140 145
ctg gcg aag gtt ggt tgg ctg att gag agc cag atc gcg ccg cgc gct 595
Leu Ala Lys Val Gly Trp Leu Ile Glu Ser Gln Ile Ala Pro Arg Ala

150 155 160 165
tac aaa act gcg ccg tat gtg act gtt tca gag ccg agc gct gag gag 643
Tyr Lys Thr Ala Pro Tyr Val Thr Val Ser Glu Pro Ser Ala Glu Glu

170 175 180
ctc att gcg ttg ggt gtg gat cag cag cgg att cat atc gtg cgc aat 691
Leu Ile Ala Leu Gly Val Asp Gln Gln Arg Ile His Ile Val Arg Asn

185 190 195
ggc gtg gat ccc gtg ccg ctg cac acg ccg aag ctg gat cgc gat ggc 739
Gly Val Asp Pro Val Pro Leu His Thr Pro Lys Leu Asp Arg Asp Gly

200 205 210
cag cat gcg gtg acg ttg tcg cgc ctg gtt ccg cac aag cag att gag 787
Gln His Ala Val Thr Leu Ser Arg Leu Val Pro His Lys Gln Ile Glu

215 220 225
cat gcg atg gat gtc gtc gcg gcg ctc gac ggc gtg gtg ctg gat gta 835
His Ala Met Asp Val Val Ala Ala Leu Asp Gly Val Val Leu Asp Val

230 235 240 245
gtc gaa agc ggt tgg tgg cag aag gaa ctg gtc gat tat gcc cgc acg 883
Val Glu Ser Gly Trp Trp Gln Lys Glu Leu Val Asp Tyr Ala Arg Thr

250 255 260
ctg ggt gtg agc gat cgc gtg gtt ttc cac ggc cag gtc gcc gag gat 931
Leu Gly Val Ser Asp Arg Val Val Phe His Gly Gln Val Ala Glu Asp

265 270 275
cac aag cac gcc ctg ttg gag cgc gcc acg att cat ctc atg cct tcg 979
His Lys His Ala Leu Leu Glu Arg Ala Thr Ile His Leu Met Pro Ser

280 285 290

cgc aag gaa ggc tgg ggc ctg gcg gtc acg gag gcg gcg cag cac ggc 1027
Arg Lys Glu Gly Trp Gly Leu Ala Val Thr Glu Ala Ala Gln His Gly

295 300 305
gtt ccg acg atc ggt tac cga agc tca ggc ggc ctg cgc gat tcc gtc 1075
Val Pro Thr Ile Gly Tyr Arg Ser Ser Gly Gly Leu Arg Asp Ser Val

310 315 320 325
gtc gac ggc gaa acc ggc ctg ctt gtc gac tcc aag gcc gag ctt att 1123
Val Asp Gly Glu Thr Gly Leu Leu Val Asp Ser Lys Ala Glu Leu Ile

330 335 340
tca gcc acc aaa acc ctg ctt atc gac gcc tcc ctc cgc tcc aag ctc 1171
Ser Ala Thr Lys Thr Leu Leu Ile Asp Ala Ser Leu Arg Ser Lys Leu

345 350 355
ggc gcc agc gcg aag cag cgc gcc gaa aac tac aag tgg gac acc gcg 1219
Gly Ala Ser Ala Lys Gln Arg Ala Glu Asn Tyr Lys Trp Asp Thr Ala

360 365 370
gga gcg cag ttc gag gaa cta ctt ctt ggt ctt gcg tcg aaa aag 1264
Gly Ala Gln Phe Glu Glu Leu Leu Leu Gly Leu Ala Ser Lys Lys

375 380 385
tagtcccagc ggcaacgccca tcc 1287

<210> 180

<211> 388

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 180

Val Ile Val Val Ala Met Ala Ser Ile Met Ala Cys Leu Lys Ala Ala
1 5 10 15

Arg Leu Asn Asn Pro Met Lys Ile Leu Leu Leu Cys Trp Arg Asp Thr
20 25 30

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

Glu Phe Leu Ala Asp Gln Gly His Glu Val Val Phe Arg Thr Ala Gly
50 55 60

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

Arg Ser Gly Gly Lys Phe Ser Val Tyr Pro Lys Ala Trp Val Ala Met
85 90 95

Met Leu Gly Arg Val Gly Ile Gly Thr Phe Ser Lys Val Asp Val Val
100 105 110

Val Asp Thr Gln Asn Gly Ile Pro Phe Phe Gly Lys Phe Phe Ser Gly

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

<210> 181

<211> 2334

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(2311)

<223> RXS00148

<400> 181

ctttgagggc agcgcgcatg cgcccgatgg ttatttgaac atgacaattg atgccgcggc 60
gacgctggct gacctgctag atgctttggg agcttaaate atg acg tcg atc cct 115
Met Thr Ser Ile Pro

1 5
aat ttt tca gac atc cca ttg act gct gag aca cgt gca tcg gag tca 163
Asn Phe Ser Asp Ile Pro Leu Thr Ala Glu Thr Arg Ala Ser Glu Ser

10 15 20
cac aac gtt gac gcc ggc aag gtg tgg aac act ccc gaa ggc att gat 211
His Asn Val Asp Ala Gly Lys Val Trp Asn Thr Pro Glu Gly Ile Asp

25 30 35
gtc aag cgc gta ttc acg cag gct gac cgc gac gag gcg caa gcg gcg 259
Val Lys Arg Val Phe Thr Gln Ala Asp Arg Asp Glu Ala Gln Ala Ala

40 45 50
gga cat ccg gtg gat tct ttg cca ggt caa aag cca ttt atg cgc ggg 307
Gly His Pro Val Asp Ser Leu Pro Gly Gln Lys Pro Phe Met Arg Gly

55 60 65
ccg tac cca act atg tac acc aat cag ccg tgg acg att cgc cag tac 355
Pro Tyr Pro Thr Met Tyr Thr Asn Gln Pro Trp Thr Ile Arg Gln Tyr

70 75 80 85
gca ggc ttt tca acc gcc gcg gaa tcc aat gcg ttt tat cgg agg aac 403
Ala Gly Phe Ser Thr Ala Ala Glu Ser Asn Ala Phe Tyr Arg Arg Asn

90 95 100
ctt gct gcg ggt caa aaa ggt ttg tcg gtt gcg ttc gat cta gcg acc 451
Leu Ala Ala Gly Gln Lys Gly Leu Ser Val Ala Phe Asp Leu Ala Thr

105 110 115
cac cgc ggt tat gac tcg gat aat gag cgc gtg gtc ggc gat gtg ggt 499
His Arg Gly Tyr Asp Ser Asp Asn Glu Arg Val Val Gly Asp Val Gly

120 125 130
atg gcc ggc gtg gcg att gat tcg att ttg gat atg cgt cag ctg ttt 547
Met Ala Gly Val Ala Ile Asp Ser Ile Leu Asp Met Arg Gln Leu Phe

135 140 145
gat ggc att gat ttg tcc agc gtg tcg gtg tcg atg acc atg aat ggc 595
Asp Gly Ile Asp Leu Ser Ser Val Ser Val Ser Met Thr Met Asn Gly

150 155 160 165
gct gtg ctg ccg att ctt gcg ttc tat atc gtg gcg gct gag gaa caa 643
Ala Val Leu Pro Ile Leu Ala Phe Tyr Ile Val Ala Ala Glu Glu Gln

170

175

180

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

390	395	400	405	
gag ttg ttg acc aat gag ctg gct aac cgc gcg cgc aag cac atc gat				1363
Glu Trp Leu Thr Asn Glu Leu Ala Asn Arg Ala Arg Lys His Ile Asp				
	410	415	420	
gag gtg gag gaa gcc gcc gga atg gcg cag gcc acc gcg cag gga att				1411
Glu Val Glu Glu Ala Gly Gly Met Ala Gln Ala Thr Ala Gln Gly Ile				
	425	430	435	
cct aag ctg cgc att gag gaa tca gcg gca cgc acc cag gct cgc att				1459
Pro Lys Leu Arg Ile Glu Glu Ser Ala Ala Arg Thr Gln Ala Arg Ile				
	440	445	450	
gat tcc gcc cgc cag gcg ctg atc gcc gtg aat cgc tac gtg gcg gaa				1507
Asp Ser Gly Arg Gln Ala Leu Ile Gly Val Asn Arg Tyr Val Ala Glu				
	455	460	465	
gaa gat gag gaa att gaa gtc ctc aag gtt gac aac acc aag gtt cgc				1555
Glu Asp Glu Glu Ile Glu Val Leu Lys Val Asp Asn Thr Lys Val Arg				
	470	475	480	
gca gaa cag ttg gct aaa ctc gcg caa ctg aaa gca gag cgc aac gat				1603
Ala Glu Gln Leu Ala Lys Leu Ala Gln Leu Lys Ala Glu Arg Asn Asp				
	490	495	500	
gcg gaa gtc aag gct gcg ctg gat gcg ttg aca gct gct gcc cgc aac				1651
Ala Glu Val Lys Ala Ala Leu Asp Ala Leu Thr Ala Ala Ala Arg Asn				
	505	510	515	
gag cat aaa gag cca ggg gat ttg gat cag aac ctg ctc aaa ctt gcc				1699
Glu His Lys Glu Pro Gly Asp Leu Asp Gln Asn Leu Leu Lys Leu Ala				
	520	525	530	
gtc gat gct gcg cgc gca aaa gct acc att gga gag atc tcc gat gct				1747
Val Asp Ala Ala Arg Ala Lys Ala Thr Ile Gly Glu Ile Ser Asp Ala				
	535	540	545	
ttg gaa gtt gtc ttt gcc cgc cac gaa gca gaa atc agg acg ctg tct				1795
Leu Glu Val Val Phe Gly Arg His Glu Ala Glu Ile Arg Thr Leu Ser				
	550	555	560	
ggc gtg tac aag gat gag gtt gga aag gaa gcc aca gtg agc aac gtc				1843
Gly Val Tyr Lys Asp Glu Val Gly Lys Glu Gly Thr Val Ser Asn Val				
	570	575	580	
gaa cgc gcg atc gcc ctg gct gac gcc ttt gag gct gag gaa gcc cgc				1891
Glu Arg Ala Ile Ala Leu Ala Asp Ala Phe Glu Ala Glu Glu Gly Arg				
	585	590	595	
cgc cca cgt atc ttt att gcc aag atg gcc cag gat gga cat gac cgt				1939
Arg Pro Arg Ile Phe Ile Ala Lys Met Gly Gln Asp Gly His Asp Arg				
	600	605	610	
gga cag aag gtt gtc gcg tct gcc tat gct gac ctg gcc atg gac gtg				1987
Gly Gln Lys Val Val Ala Ser Ala Tyr Ala Asp Leu Gly Met Asp Val				

615	620	625	
gat gtt gga ccg ctg ttt caa act cca gcc gaa gct gcc cgc gcc gcc	2035		
Asp Val Gly Pro Leu Phe Gln Thr Pro Ala Glu Ala Ala Arg Ala Ala			
630	635	640	645
gtg gac gcc gat gtt cac gtg gtg ggt atg tct tcg ctg gca gca ggc	2083		
Val Asp Ala Asp Val His Val Val Gly Met Ser Ser Leu Ala Ala Gly			
650	655	660	
cac ctc acc ttg ctg ccc gag ctg aag aaa gaa ctt gca gct ctt ggc	2131		
His Leu Thr Leu Leu Pro Glu Leu Lys Lys Glu Leu Ala Ala Leu Gly			
665	670	675	
cgc gat gac att ctg gtc acc gtg ggc ggc gtc att ccg ccg ggc gat	2179		
Arg Asp Asp Ile Leu Val Thr Val Gly Gly Val Ile Pro Pro Gly Asp			
680	685	690	
ttc cag gat ctc tac gat atg ggt gcc gcc gcg att tac cct tca gga	2227		
Phe Gln Asp Leu Tyr Asp Met Gly Ala Ala Ala Ile Tyr Pro Ser Gly			
695	700	705	
acc gtc atc gcg gag tcg gcg atc gat ctg atc acc cga ctc gcc gca	2275		
Thr Val Ile Ala Glu Ser Ala Ile Asp Leu Ile Thr Arg Leu Ala Ala			
710	715	720	725
cac ctg ggc ttt gac ctg gat gtg gat gtg aat gaa tgatcacggt	2321		
His Leu Gly Phe Asp Leu Asp Val Asp Val Asn Glu			
730	735		
ttctagaag aca	2334		

<210> 182
 <211> 737
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 182
 Met Thr Ser Ile Pro Asn Phe Ser Asp Ile Pro Leu Thr Ala Glu Thr
 1 5 10 15
 Arg Ala Ser Glu Ser His Asn Val Asp Ala Gly Lys Val Trp Asn Thr
 20 25 30
 Pro Glu Gly Ile Asp Val Lys Arg Val Phe Thr Gln Ala Asp Arg Asp
 35 40 45
 Glu Ala Gln Ala Ala Gly His Pro Val Asp Ser Leu Pro Gly Gln Lys
 50 55 60
 Pro Phe Met Arg Gly Pro Tyr Pro Thr Met Tyr Thr Asn Gln Pro Trp
 65 70 75 80
 Thr Ile Arg Gln Tyr Ala Gly Phe Ser Thr Ala Ala Glu Ser Asn Ala
 85 90 95

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

405	410	415
Arg Lys His Ile Asp Glu Val Glu Glu Ala Gly Gly Met Ala Gln Ala		
420	425	430
Thr Ala Gln Gly Ile Pro Lys Leu Arg Ile Glu Glu Ser Ala Ala Arg		
435	440	445
Thr Gln Ala Arg Ile Asp Ser Gly Arg Gln Ala Leu Ile Gly Val Asn		
450	455	460
Arg Tyr Val Ala Glu Glu Asp Glu Glu Ile Glu Val Leu Lys Val Asp		
465	470	475
Asn Thr Lys Val Arg Ala Glu Gln Leu Ala Lys Leu Ala Gln Leu Lys		
485	490	495
Ala Glu Arg Asn Asp Ala Glu Val Lys Ala Ala Leu Asp Ala Leu Thr		
500	505	510
Ala Ala Ala Arg Asn Glu His Lys Glu Pro Gly Asp Leu Asp Gln Asn		
515	520	525
Leu Leu Lys Leu Ala Val Asp Ala Ala Arg Ala Lys Ala Thr Ile Gly		
530	535	540
Glu Ile Ser Asp Ala Leu Glu Val Val Phe Gly Arg His Glu Ala Glu		
545	550	555
Ile Arg Thr Leu Ser Gly Val Tyr Lys Asp Glu Val Gly Lys Glu Gly		
565	570	575
Thr Val Ser Asn Val Glu Arg Ala Ile Ala Leu Ala Asp Ala Phe Glu		
580	585	590
Ala Glu Glu Gly Arg Arg Pro Arg Ile Phe Ile Ala Lys Met Gly Gln		
595	600	605
Asp Gly His Asp Arg Gly Gln Lys Val Val Ala Ser Ala Tyr Ala Asp		
610	615	620
Leu Gly Met Asp Val Asp Val Gly Pro Leu Phe Gln Thr Pro Ala Glu		
625	630	635
Ala Ala Arg Ala Ala Val Asp Ala Asp Val His Val Val Gly Met Ser		
645	650	655
Ser Leu Ala Ala Gly His Leu Thr Leu Leu Pro Glu Leu Lys Lys Glu		
660	665	670
Leu Ala Ala Leu Gly Arg Asp Asp Ile Leu Val Thr Val Gly Gly Val		
675	680	685
Ile Pro Pro Gly Asp Phe Gln Asp Leu Tyr Asp Met Gly Ala Ala Ala		
690	695	700
Ile Tyr Pro Ser Gly Thr Val Ile Ala Glu Ser Ala Ile Asp Leu Ile		
705	710	715
		720

Thr Arg Leu Ala Ala His Leu Gly Phe Asp Leu Asp Val Asp Val Asn
725 730 735

Glu

<210> 183

<211> 1971

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1948)

<223> RXS00149

<400> 183

ttttcgtagg taaacacagg tgaaggcttt acaagcttgt gaactcccta cacaaaagca 60
atccaatagc tatccataag caagagaaag taagtctacg ttg act gat ctc aca 115
Leu Thr Asp Leu Thr

1 5
aag act gcg gtg ccc gag gaa ctt tca gag aac ctc gaa act tgg tac 163
Lys Thr Ala Val Pro Glu Glu Leu Ser Glu Asn Leu Glu Thr Trp Tyr

10 15 20
aag gct gtg gcc ggt gtt ttc gcg cgc aca cag aaa aaa gac atc ggc 211
Lys Ala Val Ala Gly Val Phe Ala Arg Thr Gln Lys Lys Asp Ile Gly

25 30 35
gac att gcc gta gat gtg tgg aag aaa ctc atc gtc act aca ccg gat 259
Asp Ile Ala Val Asp Val Trp Lys Lys Leu Ile Val Thr Thr Pro Asp

40 45 50
ggt gtt gat atc aat ccg ctg tac acc aga gca gat gag tcc cag agg 307
Gly Val Asp Ile Asn Pro Leu Tyr Thr Arg Ala Asp Glu Ser Gln Arg

55 60 65
aaa ttc act gag gtt cct ggt gag ttt ccc ttc act agg gga acc act 355
Lys Phe Thr Glu Val Pro Gly Glu Phe Pro Phe Thr Arg Gly Thr Thr

70 75 80 85
gtt gat ggt gaa cgc gtt ggt tgg ggt gtt act gag act ttc gga cat 403
Val Asp Gly Glu Arg Val Gly Trp Gly Val Thr Glu Thr Phe Gly His

90 95 100
gac agc ccg aag aat atc aac gct gcg gtg ctg aat gct ctg aat tct 451
Asp Ser Pro Lys Asn Ile Asn Ala Ala Val Leu Asn Ala Leu Asn Ser

105 110 115
ggc acc acc aca ttg ggt ttt gag ttc tct gag gaa ttc acg gca gct 499
Gly Thr Thr Thr Leu Gly Phe Glu Phe Ser Glu Glu Phe Thr Ala Ala

120 125 130
gat ctt aaa gtt gct ctc gaa ggc gtg tat ctc aac atg gct ccg ttg 547

Asp Leu Lys Val Ala Leu Glu Gly Val Tyr Leu Asn Met Ala Pro Leu

135 140 145
ctg att cat gcg ggt gga tcc acg tca gag gtt gca gcg gcg ttg tat 595
Leu Ile His Ala Gly Gly Ser Thr Ser Glu Val Ala Ala Ala Leu Tyr

150 155 160 165
acg ttg gcg gag gaa gcc gga acg ttt ttt gct gcg ttg acc ttg ggt 643
Thr Leu Ala Glu Glu Ala Gly Thr Phe Phe Ala Ala Leu Thr Leu Gly

170 175 180
tct cgt cct ttg acg gcg cag gtt gat ggt tgc cac agt gac acc att 691
Ser Arg Pro Leu Thr Ala Gln Val Asp Gly Ser His Ser Asp Thr Ile

185 190 195
gaa gaa gca gtt cag ttg gca gtg aat gct tcc aag cgt gcg aat gtg 739
Glu Glu Ala Val Gln Leu Ala Val Asn Ala Ser Lys Arg Ala Asn Val

200 205 210
cgc gct atc ttg gtg gat ggt tcc agt ttt tcc aac cag ggc gcg tgc 787
Arg Ala Ile Leu Val Asp Gly Ser Ser Phe Ser Asn Gln Gly Ala Ser

215 220 225
gat gct caa gaa att ggt cta agt atc gcc gcc ggt gtg gat tat gtc 835
Asp Ala Gln Glu Ile Gly Leu Ser Ile Ala Ala Gly Val Asp Tyr Val

230 235 240 245
cgt cgc ttg gtc gat gca ggc ctt tcc acg gaa gct gca ctt aag cag 883
Arg Arg Leu Val Asp Ala Gly Leu Ser Thr Glu Ala Ala Leu Lys Gln

250 255 260
gtg gcg ttc cgt ttt gcg gtc acc gat gag cag ttc gcg cag att tct 931
Val Ala Phe Arg Phe Ala Val Thr Asp Glu Gln Phe Ala Gln Ile Ser

265 270 275
aag ctg cgt gtg gct cga cgt ctg tgg gcc agg gtg tgt gag gtg ctt 979
Lys Leu Arg Val Ala Arg Arg Leu Trp Ala Arg Val Cys Glu Val Leu

280 285 290
ggg ttt cca gag ctg gcc gta gca cca cag cat gcg gtg act gca cga 1027
Gly Phe Pro Glu Leu Ala Val Ala Pro Gln His Ala Val Thr Ala Arg

295 300 305
gcg atg ttt agc cag cgt gat ccg tgg gtg aat atg ctg cgc agt act 1075
Ala Met Phe Ser Gln Arg Asp Pro Trp Val Asn Met Leu Arg Ser Thr

310 315 320 325
gtt gca gct ttc gct gca ggc gtc ggt gga gca acc gat gtg gag gtt 1123
Val Ala Ala Phe Ala Ala Gly Val Gly Gly Ala Thr Asp Val Glu Val

330 335 340
cgt act ttt gat gat gcg atc cca gat gga gtt cct gga gtg tgc agg 1171
Arg Thr Phe Asp Asp Ala Ile Pro Asp Gly Val Pro Gly Val Ser Arg

345 350 355
aat ttc gct cac cgc atc gcg cgc aat act aat ttg ttg ttg cta gaa 1219

Asn Phe Ala His Arg Ile Ala Arg Asn Thr Asn Leu Leu Leu Leu Glu

360 365 370
gag tca cat ctt ggt cac gtg gtt gat cct gct ggt gga tca tat ttc 1267
Glu Ser His Leu Gly His Val Val Asp Pro Ala Gly Gly Ser Tyr Phe

375 380 385
gtg gag agc ttc acc gat gat cta gcg gag aag gcg tgg gct gtg ttc 1315
Val Glu Ser Phe Thr Asp Asp Leu Ala Glu Lys Ala Trp Ala Val Phe

390 395 400 405
agt ggc atc gaa gct gag ggc gga tac agt gca gct tgt gca tcc ggc 1363
Ser Gly Ile Glu Ala Glu Gly Gly Tyr Ser Ala Ala Cys Ala Ser Gly

410 415 420
acg gtg act gcc atg ctt gat cag acg tgg gag cag act cgc gct gat 1411
Thr Val Thr Ala Met Leu Asp Gln Thr Trp Glu Gln Thr Arg Ala Asp

425 430 435
gtg gcg tcg aga aag aag aag ctc act gga att aat gag ttc ccg aac 1459
Val Ala Ser Arg Lys Lys Lys Leu Thr Gly Ile Asn Glu Phe Pro Asn

440 445 450
ttg gcg gag tct ccg ctg cca gct gat cgt cgg gta gaa cct gca ggt 1507
Leu Ala Glu Ser Pro Leu Pro Ala Asp Arg Arg Val Glu Pro Ala Gly

455 460 465
gtg cgt cga tgg gca gcg gat ttt gaa gcg ctg cgc aat cgt tcg gat 1555
Val Arg Arg Trp Ala Ala Asp Phe Glu Ala Leu Arg Asn Arg Ser Asp

470 475 480 485
gct ttc ttg gaa aag aac ggc gcg agg cca cag atc acg atg att cct 1603
Ala Phe Leu Glu Lys Asn Gly Ala Arg Pro Gln Ile Thr Met Ile Pro

490 495 500
ctg gga ccg ttg tcc aag cac aat att cgc act ggt ttt act tcc aac 1651
Leu Gly Pro Leu Ser Lys His Asn Ile Arg Thr Gly Phe Thr Ser Asn

505 510 515
ctg ttg get tcc ggt ggc att gaa gca atc aac ccg ggt caa ctt gtt 1699
Leu Leu Ala Ser Gly Gly Ile Glu Ala Ile Asn Pro Gly Gln Leu Val

520 525 530
ccc ggc act gac gct ttt gca gaa gct gca cag gcc gca ggc att gta 1747
Pro Gly Thr Asp Ala Phe Ala Glu Ala Ala Gln Ala Ala Gly Ile Val

535 540 545
gtg gtg tgt gga acg gac caa gag tat gcc gaa acg ggg gag gga gcc 1795
Val Val Cys Gly Thr Asp Gln Glu Tyr Ala Glu Thr Gly Glu Gly Ala

550 555 560 565
gtc gaa aag ctc cgc gaa gcg ggc gtt gag cgc atc ctg ctt gct ggc 1843
Val Glu Lys Leu Arg Glu Ala Gly Val Glu Arg Ile Leu Leu Ala Gly

570 575 580
gcg ccg aag agc ttt gag ggc agc gcg cat gcg ccc gat ggt tat ttg 1891

Ala Pro Lys Ser Phe Glu Gly Ser Ala His Ala Pro Asp Gly Tyr Leu

585 590 595
aac atg aca att gat gcc gcg gcg acg ctg gct gac ctg cta gat gct 1939
Asn Met Thr Ile Asp Ala Ala Ala Thr Leu Ala Asp Leu Leu Asp Ala

600 605 610
ttg gga gct taaatcatga cgtcgatccc taa 1971
Leu Gly Ala

615

<210> 184

<211> 616

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 184

Leu Thr Asp Leu Thr Lys Thr Ala Val Pro Glu Glu Leu Ser Glu Asn
1 5 10 15

Leu Glu Thr Trp Tyr Lys Ala Val Ala Gly Val Phe Ala Arg Thr Gln
20 25 30

Lys Lys Asp Ile Gly Asp Ile Ala Val Asp Val Trp Lys Lys Leu Ile
35 40 45

Val Thr Thr Pro Asp Gly Val Asp Ile Asn Pro Leu Tyr Thr Arg Ala
50 55 60

Asp Glu Ser Gln Arg Lys Phe Thr Glu Val Pro Gly Glu Phe Pro Phe
65 70 75 80

Thr Arg Gly Thr Thr Val Asp Gly Glu Arg Val Gly Trp Gly Val Thr
85 90 95

Glu Thr Phe Gly His Asp Ser Pro Lys Asn Ile Asn Ala Ala Val Leu
100 105 110

Asn Ala Leu Asn Ser Gly Thr Thr Thr Leu Gly Phe Glu Phe Ser Glu
115 120 125

Glu Phe Thr Ala Ala Asp Leu Lys Val Ala Leu Glu Gly Val Tyr Leu
130 135 140

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

Ala Ala Ala Leu Tyr Thr Leu Ala Glu Glu Ala Gly Thr Phe Phe Ala
165 170 175

Ala Leu Thr Leu Gly Ser Arg Pro Leu Thr Ala Gln Val Asp Gly Ser
180 185 190

His Ser Asp Thr Ile Glu Glu Ala Val Gln Leu Ala Val Asn Ala Ser

195	200	205
Lys Arg Ala Asn Val Arg Ala Ile Leu Val Asp Gly Ser Ser Phe Ser		
210	215	220
Asn Gln Gly Ala Ser Asp Ala Gln Glu Ile Gly Leu Ser Ile Ala Ala		
225	230	235 240
Gly Val Asp Tyr Val Arg Arg Leu Val Asp Ala Gly Leu Ser Thr Glu		
245	250	255
Ala Ala Leu Lys Gln Val Ala Phe Arg Phe Ala Val Thr Asp Glu Gln		
260	265	270
Phe Ala Gln Ile Ser Lys Leu Arg Val Ala Arg Arg Leu Trp Ala Arg		
275	280	285
Val Cys Glu Val Leu Gly Phe Pro Glu Leu Ala Val Ala Pro Gln His		
290	295	300
Ala Val Thr Ala Arg Ala Met Phe Ser Gln Arg Asp Pro Trp Val Asn		
305	310	315 320
Met Leu Arg Ser Thr Val Ala Ala Phe Ala Ala Gly Val Gly Gly Ala		
325	330	335
Thr Asp Val Glu Val Arg Thr Phe Asp Asp Ala Ile Pro Asp Gly Val		
340	345	350
Pro Gly Val Ser Arg Asn Phe Ala His Arg Ile Ala Arg Asn Thr Asn		
355	360	365
Leu Leu Leu Leu Glu Glu Ser His Leu Gly His Val Val Asp Pro Ala		
370	375	380
Gly Gly Ser Tyr Phe Val Glu Ser Phe Thr Asp Asp Leu Ala Glu Lys		
385	390	395 400
Ala Trp Ala Val Phe Ser Gly Ile Glu Ala Glu Gly Gly Tyr Ser Ala		
405	410	415
Ala Cys Ala Ser Gly Thr Val Thr Ala Met Leu Asp Gln Thr Trp Glu		
420	425	430
Gln Thr Arg Ala Asp Val Ala Ser Arg Lys Lys Lys Leu Thr Gly Ile		
435	440	445
Asn Glu Phe Pro Asn Leu Ala Glu Ser Pro Leu Pro Ala Asp Arg Arg		
450	455	460
Val Glu Pro Ala Gly Val Arg Arg Trp Ala Ala Asp Phe Glu Ala Leu		
465	470	475 480
Arg Asn Arg Ser Asp Ala Phe Leu Glu Lys Asn Gly Ala Arg Pro Gln		
485	490	495
Ile Thr Met Ile Pro Leu Gly Pro Leu Ser Lys His Asn Ile Arg Thr		
500	505	510

Gly Phe Thr Ser Asn Leu Leu Ala Ser Gly Gly Ile Glu Ala Ile Asn
515 520 525

Pro Gly Gln Leu Val Pro Gly Thr Asp Ala Phe Ala Glu Ala Ala Gln
530 535 540

Ala Ala Gly Ile Val Val Val Cys Gly Thr Asp Gln Glu Tyr Ala Glu
545 550 555 560

Thr Gly Glu Gly Ala Val Glu Lys Leu Arg Glu Ala Gly Val Glu Arg
565 570 575

Ile Leu Leu Ala Gly Ala Pro Lys Ser Phe Glu Gly Ser Ala His Ala
580 585 590

Pro Asp Gly Tyr Leu Asn Met Thr Ile Asp Ala Ala Ala Thr Leu Ala
595 600 605

Asp Leu Leu Asp Ala Leu Gly Ala
610 615

<210> 185

<211> 1179

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1156)

<223> RXS02106

<400> 185

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> 186
<211> 352
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 186
Met Asn Asn His Phe Glu Leu Lys Val Pro Gly Gly Lys Leu Val Val
1 5 10 15

Val Asp Val Thr Thr Asp Leu Asp Ser Ile Ala Asp Val Lys Ile Ser
20 25 30

Gly Asp Phe Phe Leu Glu Pro Asp Glu Ala Phe Phe Ala Leu Gly Arg
35 40 45

Ala Leu Gln Gly Ala Ser Val Gly Asp Asn Thr Asp Arg Leu Gln Ala
50 55 60

Lys Leu Asp Ala Ala Leu Ala Glu Tyr Asp Asp Val Glu Leu His Gly
65 70 75 80

Phe Ser Thr Ala Asp Ile Ala Leu Ala Val Arg Arg Ala Val Thr Gly
85 90 95

Ala Gln Asp Phe Thr Asp Tyr Glu Trp Glu Ile Leu His Pro Gly Val
100 105 110

Leu Pro Thr Pro Leu Asn Val Ala Leu Asp Glu Leu Leu Asp Gln
115 120 125

Val Ala Ser Gly Gln Arg Gly Pro Thr Met Arg Ile Trp Asp Trp Asp
130 135 140

Asp Arg Ala Thr Val Ile Gly Ser Phe Gln Ser Tyr Val Asn Glu Ile
145 150 155 160

Asn Gln Glu Gly Val Asn Glu His Gly Val Thr Val Val Arg Arg Met

165										170					175				
Ser	Gly	Gly	Gly	Ala	Met	Phe	Met	Glu	Gly	Gly	Asn	Cys	Ile	Thr	Tyr				
180								185				190							
Ser	Leu	Tyr	Ala	Pro	Glu	Ser	Leu	Val	Ala	Gly	Leu	Ser	Tyr	Glu	Gln				
195								200				205							
Ser	Tyr	Glu	Tyr	Leu	Asp	Arg	Trp	Val	Ile	Ala	Ala	Leu	Lys	Thr	His				
210				215								220							
Asp	Val	Asp	Ala	Trp	Tyr	Val	Pro	Ile	Asn	Asp	Ile	Thr	Ser	Thr	Gly				
225						230						235		240					
Gly	Lys	Ile	Gly	Gly	Ala	Ala	Gln	Lys	Arg	Arg	Ser	Gly	Ala	Val	Leu				
				245								250				255			
His	His	Val	Thr	Met	Ser	Tyr	Asp	Ile	Asp	Ala	Asp	Met	Met	Thr	Gln				
260								265				270							
Val	Leu	Arg	Ile	Gly	Lys	Val	Lys	Ile	Ser	Asp	Lys	Gly	Leu	Arg	Ser				
275								280				285							
Ala	Lys	Lys	Arg	Val	Asp	Pro	Leu	Arg	Arg	Gln	Thr	Gly	Ala	Ser	Arg				
290								295				300							
Glu	Gln	Ile	Ile	Asp	Thr	Leu	Lys	Ser	Thr	Phe	Ser	Ala	Arg	Tyr	Gly				
305						310						315		320					
Ala	Gln	Glu	Val	Glu	Leu	Ser	Asp	Glu	Asp	Phe	Ala	Ala	Gly	His	Asp				
				325								330				335			
Leu	Val	Lys	Thr	Lys	Tyr	Ala	Thr	Glu	Glu	Trp	Thr	Lys	Arg	Val	Gln				
340								345				350							
<210> 187																			
<211> 876																			
<212> DNA																			
<213> Corynebacterium glutamicum																			
<220>																			
<221> CDS																			
<222> (101)..(853)																			
<223> RXS01746																			
<400> 187																			
aaaccgccac tcccctttca ctggggagtg gcggttttgt cgtttcatgc atgcagtgtg 60																			
tgacttatca acctgttag ggctagggtg gatatctatc atg act gca cca aga 115																			
Met Thr Ala Pro Arg																			
1 5																			
gat cct tttttc ccc gca gat ctt tct atc gcg gcg tct gca gag ccc 163																			
Asp Pro Phe Phe Pro Ala Asp Leu Ser Ile Arg Ala Ser Ala Glu Pro																			

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 cgg 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> 188
<211> 251
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 188
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> 189																																								
<211> 1167																																								
<212> DNA																																								
<213> Corynebacterium glutamicum																																								
<220>																																								
<221> CDS																																								
<222> (101)..(1144)																																								
<223> RXS01747																																								
<400> 189																																								
cgaagtagag	ccgattgcag	aatcggcgga	atgagacgtc	gaaaagcggtt	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> 190

<211> 348

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 190

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> 191
<211> 903
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(880)
<223> RXC01748

<400> 191
atcaccaaat gtggcggttt tgcgtcgaaa agcgtgctct ttctacacct ctttgaggtt 60
cattttcgcg gtttcctcac aatcgctat tgtaagtac atg gca gac gcg aaa 115
Met Ala Asp Ala Lys

1 5
aag cag gcg gat aaa gcc gcc aag aag cag gta aga gca gcc aag aag 163
Lys Gln Ala Asp Lys Ala Ala Lys Lys Gln Val Arg Ala Ala Lys Lys

10 15 20
gca cag cgc aag gag act cgc tca caa atg tgg cag gtc ttc aac atg 211
Ala Gln Arg Lys Glu Thr Arg Ser Gln Met Trp Gln Val Phe Asn Met

25 30 35
caa cgc aag cag gat aag gct ctt att ccg ctt ctg ttg ctc gct att 259
Gln Arg Lys Gln Asp Lys Ala Leu Ile Pro Leu Leu Leu Leu Ala Ile

40 45 50
ctt ggt atc ccg ctg gtc ctt ttc ctc atc ggt ttg att tgg ggt ggt 307
Leu Gly Ile Pro Leu Val Leu Phe Leu Ile Gly Leu Ile Trp Gly Gly

55 60 65
cag tgg tgg atg ctt ccg atc ggc att gct gca ggt gtt gta gct gca 355
Gln Trp Trp Met Leu Pro Ile Gly Ile Ala Ala Gly Val Val Ala Ala

70 75 80 85
atg ttt att ttc acc cgt cgc gtt gag cgt gac gtg tac aag cgc gcc 403

Met Phe Ile Phe Thr Arg Arg Val Glu Arg Asp Val Tyr Lys Arg Ala

90 95 100
gaa ggt cag cag ggt gct gct ggt tgg gct gtg gag aac ctg cgc tct 451
Glu Gly Gln Gln Gly Ala Ala Gly Trp Ala Val Glu Asn Leu Arg Ser

105 110 115
ggc gtg ggc atg acc tgg cgc acc aag acc gct gtt gca gtg acc act 499
Gly Val Gly Met Thr Trp Arg Thr Lys Thr Ala Val Ala Val Thr Thr

120 125 130
cag atg gat gca gtg cac cgc gtc att ggt ctg tgt ggt gtt gtg ctg 547
Gln Met Asp Ala Val His Arg Val Ile Gly Leu Cys Gly Val Val Leu

135 140 145
gtc ggc gag ggc tcc cct cac cgc ctg aag cca atg ctt gcg cag caa 595
Val Gly Glu Gly Ser Pro His Arg Leu Lys Pro Met Leu Ala Gln Gln

150 155 160 165
aag aag cgc ctg aac cgc gtg gca cct ggt gtt cca gtg tat gaa atc 643
Lys Lys Arg Leu Asn Arg Val Ala Pro Gly Val Pro Val Tyr Glu Ile

170 175 180
atc acg ggc aac ggc gaa ggc cag acc cct atc gcg aag ctg cag cgt 691
Ile Thr Gly Asn Gly Glu Gly Gln Thr Pro Ile Ala Lys Leu Gln Arg

185 190 195
gaa ctg gtc aag ctg cct cgc aac tac aag aag aac gac gtc gct gcc 739
Glu Leu Val Lys Leu Pro Arg Asn Tyr Lys Lys Asn Asp Val Ala Ala

200 205 210
ctg gcc gct cgc att gag gct atg gac aat gtc gga aac gct cct ggc 787
Leu Ala Ala Arg Ile Glu Ala Met Asp Asn Val Gly Asn Ala Pro Gly

215 220 225
gga tct ttg cct aag ggt cca ttg cca aag ggc gca agc atg tcc ggt 835
Gly Ser Leu Pro Lys Gly Pro Leu Pro Lys Gly Ala Ser Met Ser Gly

230 235 240 245
atg aac cgc cgc gct cgc cga cag gct gaa cgc aag ggc gag gct 880
Met Asn Arg Arg Ala Arg Arg Gln Ala Glu Arg Lys Gly Glu Ala

250 255 260
taaagccttt tcgttttcgc gtc 903

<210> 192

<211> 260

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 192

Met Ala Asp Ala Lys Lys Gln Ala Asp Lys Ala Ala Lys Lys Gln Val

1

5

10

15

Arg Ala Ala Lys Lys Ala Gln Arg Lys Glu Thr Arg Ser Gln Met Trp
20 25 30

Gln Val Phe Asn Met Gln Arg Lys Gln Asp Lys Ala Leu Ile Pro Leu
35 40 45

Leu Leu Leu Ala Ile Leu Gly Ile Pro Leu Val Leu Phe Leu Ile Gly
50 55 60

Leu Ile Trp Gly Gly Gln Trp Trp Met Leu Pro Ile Gly Ile Ala Ala
65 70 75 80

Gly Val Val Ala Ala Met Phe Ile Phe Thr Arg Arg Val Glu Arg Asp
85 90 95

Val Tyr Lys Arg Ala Glu Gly Gln Gln Gly Ala Ala Gly Trp Ala Val
100 105 110

Glu Asn Leu Arg Ser Gly Val Gly Met Thr Trp Arg Thr Lys Thr Ala
115 120 125

Val Ala Val Thr Thr Gln Met Asp Ala Val His Arg Val Ile Gly Leu
130 135 140

Cys Gly Val Val Leu Val Gly Glu Gly Ser Pro His Arg Leu Lys Pro
145 150 155 160

Met Leu Ala Gln Gln Lys Lys Arg Leu Asn Arg Val Ala Pro Gly Val
165 170 175

Pro Val Tyr Glu Ile Ile Thr Gly Asn Gly Glu Gly Gln Thr Pro Ile
180 185 190

Ala Lys Leu Gln Arg Glu Leu Val Lys Leu Pro Arg Asn Tyr Lys Lys
195 200 205

Asn Asp Val Ala Ala Leu Ala Ala Arg Ile Glu Ala Met Asp Asn Val
210 215 220

Gly Asn Ala Pro Gly Gly Ser Leu Pro Lys Gly Pro Leu Pro Lys Gly
225 230 235 240

Ala Ser Met Ser Gly Met Asn Arg Arg Ala Arg Arg Gln Ala Glu Arg
245 250 255

Lys Gly Glu Ala
260

<210> 193

<211> 936

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(913)

<223> RXC00354

<400> 193

ggcttgctcgg taaggctgca gggtagcggg agtttccttc agattggaag ttctttaatt 60
ttctcgatta tgtacctcat ttacgcgtaa agtttggggc atg gga aag tta ctt 115
Met Gly Lys Leu Leu

1 5
ttc gta gac atc ggt ggc aca ctg ctg gat tac tca aat gaa gtt ccg 163
Phe Val Asp Ile Gly Gly Thr Leu Leu Asp Tyr Ser Asn Glu Val Pro

10 15 20
cgt tcg gcc gtt gac gcg atc cgt aag gca cgc gcc aaa gga cac cgc 211
Arg Ser Ala Val Asp Ala Ile Arg Lys Ala Arg Ala Lys Gly His Arg

25 30 35
gtg tac ttg agc tct ggt cga agc agc gct gag gtg act tct cag ttg 259
Val Tyr Leu Ser Ser Gly Arg Ser Ser Ala Glu Val Thr Ser Gln Leu

40 45 50
tgg gat atc gga gtg gat ggc ctc att ggc gca aat ggt gga tat gtg 307
Trp Asp Ile Gly Val Asp Gly Leu Ile Gly Ala Asn Gly Gly Tyr Val

55 60 65
gaa agc gca cag gag tct gtg ttc cac cgc cgt ttg tcg ggt gag gag 355
Glu Ser Ala Gln Glu Ser Val Phe His Arg Arg Leu Ser Gly Glu Glu

70 75 80 85
acc cgc cac att gtg gag tgg ctc tac aac cgt ggt ttg gag ttt tat 403
Thr Arg His Ile Val Glu Trp Leu Tyr Asn Arg Gly Leu Glu Phe Tyr

90 95 100
ctc gag tcc aac aac ggt ttg tat gca agc cgt ggt ttc cgt gag gct 451
Leu Glu Ser Asn Asn Gly Leu Tyr Ala Ser Arg Gly Phe Arg Glu Ala

105 110 115
tct aag cca gtg ctg tct cgc ctt tcg gag aag acc gac gtg aca gtc 499
Ser Lys Pro Val Leu Ser Arg Leu Ser Glu Lys Thr Asp Val Thr Val

120 125 130
gat agc atg tac ccg gat atg ttc tgg ggc gcg agc ctt gat cgt gac 547
Asp Ser Met Tyr Pro Asp Met Phe Trp Gly Ala Ser Leu Asp Arg Asp

135 140 145
gat gtg aac aag atc agt tac atc ttc aat tct cag gaa gat ttg gac 595
Asp Val Asn Lys Ile Ser Tyr Ile Phe Asn Ser Gln Glu Asp Leu Asp

150 155 160 165
gca gcg cgt gag gcg ttc cct aac ctg gag cac acc acg tgg ggt ggt 643
Ala Ala Arg Glu Ala Phe Pro Asn Leu Glu His Thr Thr Trp Gly Gly

170 175 180
cag acg ggt gcg ttg ttc ggc acg atc ggt gtg tct gtc aac aag aag 691
Gln Thr Gly Ala Leu Phe Gly Thr Ile Gly Val Ser Val Asn Lys Lys

185 190 195

atc ggc gtg gat cgc ctg ctg aag tac ctg aac gca gat cgc gca aac 739
Ile Gly Val Asp Arg Leu Leu Lys Tyr Leu Asn Ala Asp Arg Ala Asn

200 205 210
acc att gcg ttc ggc gac agc gat gag gat ctc tcc cta ttt gag gcg 787
Thr Ile Ala Phe Gly Asp Ser Asp Glu Asp Leu Ser Leu Phe Glu Ala

215 220 225
agc gct tac ggc gtc gcg atg ggc gag gcc acc gaa tcg ctc aag gct 835
Ser Ala Tyr Gly Val Ala Met Gly Glu Ala Thr Glu Ser Leu Lys Ala

230 235 240 245
gct gct gac ctg gtc acg gat gct gtt ggg cag gac ggc ttg cgc aat 883
Ala Ala Asp Leu Val Thr Asp Ala Val Gly Gln Asp Gly Leu Arg Asn

250 255 260
gcg ttt tta aag ctt gag ctt atc gac gcc tgaccccatc aaagaacttc 933
Ala Phe Leu Lys Leu Glu Leu Ile Asp Ala

265 270
cca 936

<210> 194
<211> 271
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 194
Met Gly Lys Leu Leu Phe Val Asp Ile Gly Gly Thr Leu Leu Asp Tyr
1 5 10 15

Ser Asn Glu Val Pro Arg Ser Ala Val Asp Ala Ile Arg Lys Ala Arg
20 25 30

Ala Lys Gly His Arg Val Tyr Leu Ser Ser Gly Arg Ser Ser Ala Glu
35 40 45

Val Thr Ser Gln Leu Trp Asp Ile Gly Val Asp Gly Leu Ile Gly Ala
50 55 60

Asn Gly Gly Tyr Val Glu Ser Ala Gln Glu Ser Val Phe His Arg Arg
65 70 75 80

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

Gly Leu Glu Phe Tyr Leu Glu Ser Asn Asn Gly Leu Tyr Ala Ser Arg
100 105 110

Gly Phe Arg Glu Ala Ser Lys Pro Val Leu Ser Arg Leu Ser Glu Lys
115 120 125

Thr Asp Val Thr Val Asp Ser Met Tyr Pro Asp Met Phe Trp Gly Ala
130 135 140

Ser Leu Asp Arg Asp Asp Val Asn Lys Ile Ser Tyr Ile Phe Asn Ser
145 150 155 160

Gln Glu Asp Leu Asp Ala Ala Arg Glu Ala Phe Pro Asn Leu Glu His
165 170 175

Thr Thr Trp Gly Gly Gln Thr Gly Ala Leu Phe Gly Thr Ile Gly Val
180 185 190

Ser Val Asn Lys Lys Ile Gly Val Asp Arg Leu Leu Lys Tyr Leu Asn
195 200 205

Ala Asp Arg Ala Asn Thr Ile Ala Phe Gly Asp Ser Asp Glu Asp Leu
210 215 220

Ser Leu Phe Glu Ala Ser Ala Tyr Gly Val Ala Met Gly Glu Ala Thr
225 230 235 240

Glu Ser Leu Lys Ala Ala Ala Asp Leu Val Thr Asp Ala Val Gly Gln
245 250 255

Asp Gly Leu Arg Asn Ala Phe Leu Lys Leu Glu Leu Ile Asp Ala
260 265 270

<210> 195

<211> 1740

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1717)

<223> RXC01749

<400> 195

ggtttttgcg tgctctggtt tagggactgg ttttggaac gtgcccagtt ccacatcaaa 60
taacgctgag gtcgtactta atccatgaga tcatgaatgg gtg agc ttc ctt gta 115
Val Ser Phe Leu Val

1 5
gaa aat caa tta ctc gcg ttg gtt gtc atc atg acg gtc gga cta ttg 163
Glu Asn Gln Leu Leu Ala Leu Val Val Ile Met Thr Val Gly Leu Leu

10 15 20
ctc ggc cgc atc aaa att ttc ggg ttc cgt ctc ggc gtc gcc gct gta 211
Leu Gly Arg Ile Lys Ile Phe Gly Phe Arg Leu Gly Val Ala Ala Val

25 30 35
ctg ttt gta ggt cta gcg cta tcc acc att gag ccg gat att tcc gtc 259
Leu Phe Val Gly Leu Ala Leu Ser Thr Ile Glu Pro Asp Ile Ser Val

40 45 50
cca tcc ctc att tac gtg gtt gga ctg tcg ctt ttt gtc tac acg atc 307
Pro Ser Leu Ile Tyr Val Val Gly Leu Ser Leu Phe Val Tyr Thr Ile

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

280	285	290	
gtg ggc act ccc cta tcc aag ctc cag cca ctg ttt aaa gac atg ctg			1027
Val Gly Thr Pro Leu Ser Lys Leu Gln Pro Leu Phe Lys Asp Met Leu			
295	300	305	
atc acc cgc atc agg cgc ggc gac aca gat ttg gtg gcc tcc tcc gac			1075
Ile Thr Arg Ile Arg Arg Gly Asp Thr Asp Leu Val Ala Ser Ser Asp			
310	315	320	325
atg act ttg cag ctc ggt gac cgt gtc cgc gtt gtc gca cca gca gaa			1123
Met Thr Leu Gln Leu Gly Asp Arg Val Arg Val Val Ala Pro Ala Glu			
330	335	340	
aaa ctc cgc gaa gca acc caa ttg ctc ggc gat tcc tac aag aaa ctc			1171
Lys Leu Arg Glu Ala Thr Gln Leu Leu Gly Asp Ser Tyr Lys Lys Leu			
345	350	355	
tcc gat ttc aac ctg ctc cca ctc gct gcc ggc ctc atg atc ggt gtg			1219
Ser Asp Phe Asn Leu Leu Pro Leu Ala Ala Gly Leu Met Ile Gly Val			
360	365	370	
ctt gtc ggc atg gtg gag ttc cca cta cca ggt gga agc tcc ctg aaa			1267
Leu Val Gly Met Val Glu Phe Pro Leu Pro Gly Gly Ser Ser Leu Lys			
375	380	385	
ctg ggt aac gca ggt gga ccg cta gtt gtt gcg ctg ctg ctc ggc atg			1315
Leu Gly Asn Ala Gly Gly Pro Leu Val Val Ala Leu Leu Leu Gly Met			
390	395	400	405
atc aat cgc aca ggc aag ttc gtc tgg caa atc ccc tac gga gca aac			1363
Ile Asn Arg Thr Gly Lys Phe Val Trp Gln Ile Pro Tyr Gly Ala Asn			
410	415	420	
ctt gcc ctt cgc caa ctg ggc atc aca cta ttt ttg gct gcc atc ggt			1411
Leu Ala Leu Arg Gln Leu Gly Ile Thr Leu Phe Leu Ala Ala Ile Gly			
425	430	435	
acc tca gcg ggc gca gga ttt cga tca gcg atc agc gac ccc caa tca			1459
Thr Ser Ala Gly Ala Gly Phe Arg Ser Ala Ile Ser Asp Pro Gln Ser			
440	445	450	
ctc acc atc atc ggc ttc ggt gcg ctg ctc act ttg ttc atc tcc atc			1507
Leu Thr Ile Ile Gly Phe Gly Ala Leu Leu Thr Leu Phe Ile Ser Ile			
455	460	465	
acg gtg ctg ttc gtt ggc cac aaa ctg atg aaa atc ccc ttc ggt gaa			1555
Thr Val Leu Phe Val Gly His Lys Leu Met Lys Ile Pro Phe Gly Glu			
470	475	480	485
acc gct ggc atc ctc gcc ggt acg caa acc cac cct gct gtg ctg agt			1603
Thr Ala Gly Ile Leu Ala Gly Thr Gln Thr His Pro Ala Val Leu Ser			
490	495	500	
tat gtg tca gat gcc tcc cgc aac gag ctc cct gcc atg ggt tat acc			1651
Tyr Val Ser Asp Ala Ser Arg Asn Glu Leu Pro Ala Met Gly Tyr Thr			

505 510 515
tct gtg tat ccg ctg gcg atg atc gca aag atc ctg gcc gcc caa acg 1699
Ser Val Tyr Pro Leu Ala Met Ile Ala Lys Ile Leu Ala Ala Gln Thr

520 525 530
ttg ttg ttc cta ctt atc tagcattgac cccttaagcg cag 1740
Leu Leu Phe Leu Leu Ile

535

<210> 196
<211> 539
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 196
Val Ser Phe Leu Val Glu Asn Gln Leu Leu Ala Leu Val Val Ile Met
1 5 10 15

Thr Val Gly Leu Leu Leu Gly Arg Ile Lys Ile Phe Gly Phe Arg Leu
20 25 30

Gly Val Ala Ala Val Leu Phe Val Gly Leu Ala Leu Ser Thr Ile Glu
35 40 45

Pro Asp Ile Ser Val Pro Ser Leu Ile Tyr Val Val Gly Leu Ser Leu
50 55 60

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

Met Lys Thr Thr Gly Leu Arg Asn Asn Ala Leu Thr Leu Gly Ala Ile
85 90 95

Ile Ala Thr Thr Ala Leu Ala Trp Ala Leu Ile Thr Val Leu Asn Ile
100 105 110

Asp Ala Ala Ser Gly Ala Gly Met Leu Thr Gly Ala Leu Thr Asn Thr
115 120 125

Pro Ala Met Ala Ala Val Val Asp Ala Leu Pro Ser Leu Ile Asp Asp
130 135 140

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

Leu Ala Tyr Pro Leu Gly Val Leu Ile Val Ile Leu Ser Ile Ala Ile
165 170 175

Phe Ser Ser Val Phe Lys Val Asp His Asn Lys Glu Ala Glu Glu Ala
180 185 190

Gly Val Ala Val Gln Glu Leu Lys Gly Arg Arg Ile Arg Val Thr Val
195 200 205

Ala Asp Leu Pro Ala Leu Glu Asn Ile Pro Glu Leu Leu Asn Leu His

210	215	220	
Val Ile Val Ser Arg Val Glu Arg Asp Gly Glu Gln Phe Ile Pro Leu			
225	230	235	240
Tyr Gly Glu His Ala Arg Ile Gly Asp Val Leu Thr Val Val Gly Ala			
	245	250	255
Asp Glu Glu Leu Asn Arg Ala Glu Lys Ala Ile Gly Glu Leu Ile Asp			
	260	265	270
Gly Asp Pro Tyr Ser Asn Val Glu Leu Asp Tyr Arg Arg Ile Phe Val			
	275	280	285
Ser Asn Thr Ala Val Val Gly Thr Pro Leu Ser Lys Leu Gln Pro Leu			
	290	295	300
Phe Lys Asp Met Leu Ile Thr Arg Ile Arg Arg Gly Asp Thr Asp Leu			
305	310	315	320
Val Ala Ser Ser Asp Met Thr Leu Gln Leu Gly Asp Arg Val Arg Val			
	325	330	335
Val Ala Pro Ala Glu Lys Leu Arg Glu Ala Thr Gln Leu Leu Gly Asp			
	340	345	350
Ser Tyr Lys Lys Leu Ser Asp Phe Asn Leu Leu Pro Leu Ala Ala Gly			
	355	360	365
Leu Met Ile Gly Val Leu Val Gly Met Val Glu Phe Pro Leu Pro Gly			
	370	375	380
Gly Ser Ser Leu Lys Leu Gly Asn Ala Gly Gly Pro Leu Val Val Ala			
385	390	395	400
Leu Leu Leu Gly Met Ile Asn Arg Thr Gly Lys Phe Val Trp Gln Ile			
	405	410	415
Pro Tyr Gly Ala Asn Leu Ala Leu Arg Gln Leu Gly Ile Thr Leu Phe			
	420	425	430
Leu Ala Ala Ile Gly Thr Ser Ala Gly Ala Gly Phe Arg Ser Ala Ile			
	435	440	445
Ser Asp Pro Gln Ser Leu Thr Ile Ile Gly Phe Gly Ala Leu Leu Thr			
	450	455	460
Leu Phe Ile Ser Ile Thr Val Leu Phe Val Gly His Lys Leu Met Lys			
465	470	475	480
Ile Pro Phe Gly Glu Thr Ala Gly Ile Leu Ala Gly Thr Gln Thr His			
	485	490	495
Pro Ala Val Leu Ser Tyr Val Ser Asp Ala Ser Arg Asn Glu Leu Pro			
	500	505	510
Ala Met Gly Tyr Thr Ser Val Tyr Pro Leu Ala Met Ile Ala Lys Ile			
	515	520	525

Leu Ala Ala Gln Thr Leu Leu Phe Leu Leu Ile
530 535

<210> 197

<211> 1023

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1000)

<223> RXA02268

<400> 197

tgaatcgttg gtgcttcgag ttgggattgt tatgtgggga gacgtcgata agcaaaacac 60
ttgccgagcg caagccggcc tacggcgcta gtgtgagcac atg tcc cag gaa aat 115
Met Ser Gln Glu Asn

1 5
tct ggt ttg ttc aag cgc gcg att aca cgt ggg gtg gct aag gtg cgc 163
Ser Gly Leu Phe Lys Arg Ala Ile Thr Arg Gly Val Ala Lys Val Arg

10 15 20
cgg aat ccg cgc gag gat ttt gcg gag gaa ttc acc caa gaa ctc tac 211
Arg Asn Pro Arg Glu Asp Phe Ala Glu Glu Phe Thr Gln Glu Leu Tyr

25 30 35
gat cac gca aca aat atc acc ctg ccc ctg acg gcg cgg ctg aag ccg 259
Asp His Ala Thr Asn Ile Thr Leu Pro Leu Thr Ala Arg Leu Lys Pro

40 45 50
aat ggg ttt ttc cag gat gat tgg cgg gcg cga cca agt ggt gcg cga 307
Asn Gly Phe Phe Gln Asp Asp Trp Arg Ala Arg Pro Ser Gly Ala Arg

55 60 65
ccg tgg ccg atc gtg cta att cac gga tcc ggg gcc agc aag ggt tca 355
Pro Trp Pro Ile Val Leu Ile His Gly Ser Gly Ala Ser Lys Gly Ser

70 75 80 85
tgg gag gaa atg ggc gct gag ctg cgc agc aaa ggt tgg gcc gtg ttt 403
Trp Glu Glu Met Gly Ala Glu Leu Arg Ser Lys Gly Trp Ala Val Phe

90 95 100
gcc cct gac ttt gga acg cgt gcc acc gag cca att gcg gcg tcg gct 451
Ala Pro Asp Phe Gly Thr Arg Ala Thr Glu Pro Ile Ala Ala Ser Ala

105 110 115
gcc caa att ggt gcg tat att gat gcc gtt ttg ttg gtg acg ggc gct 499
Ala Gln Ile Gly Ala Tyr Ile Asp Ala Val Leu Leu Val Thr Gly Ala

120 125 130
gcg cag att gtg ctg gtt ggg cat tcg caa ggc ggt gtc gtg gcg cgg 547
Ala Gln Ile Val Leu Val Gly His Ser Gln Gly Gly Val Val Ala Arg

135	140	145	
tat tgg atg cgc acc tac ggc gga tac atg aag gtc agg cac atg att	595		
Tyr Trp Met Arg Thr Tyr Gly Gly Tyr Met Lys Val Arg His Met Ile			
150	155	160	165
tcc atc tct acg cca aat cac gga acg ctc atg gga ggc att tta aac	643		
Ser Ile Ser Thr Pro Asn His Gly Thr Leu Met Gly Gly Ile Leu Asn			
170	175	180	
ccg atg acg aag gtg aaa tcg gga gag gga acg atc gaa aag ctg atg	691		
Pro Met Thr Lys Val Lys Ser Gly Glu Gly Thr Ile Glu Lys Leu Met			
185	190	195	
cac aga cta ttc ggg ccc act ggt ttt gaa cag ctg cgc gga cac gac	739		
His Arg Leu Phe Gly Pro Thr Gly Phe Glu Gln Leu Arg Gly His Asp			
200	205	210	
atc atc gag ttt ttg gcc gac ggt ggg gac ctc gat cca ggc gtc acc	787		
Ile Ile Glu Phe Leu Ala Asp Gly Gly Asp Leu Asp Pro Gly Val Thr			
215	220	225	
tac acc tgc att ggt acc cat ttt gat cct ttc atc caa cct ccg gag	835		
Tyr Thr Cys Ile Gly Thr His Phe Asp Pro Phe Ile Gln Pro Pro Glu			
230	235	240	245
gtg gcc ttt ttg gag gtc aac gag gac gat gat cca aat cga gtc cac	883		
Val Ala Phe Leu Glu Val Asn Glu Asp Asp Asp Pro Asn Arg Val His			
250	255	260	
aat att tgg gtc gaa gat gaa cac ccg cgc gca atg att gcc cac aac	931		
Asn Ile Trp Val Glu Asp Glu His Pro Arg Ala Met Ile Ala His Asn			
265	270	275	
gat atg gtg cgc gat ccc agg gtg atc gaa atc gta cgc gca gag ctc	979		
Asp Met Val Arg Asp Pro Arg Val Ile Glu Ile Val Arg Ala Glu Leu			
280	285	290	
gac cgg gtg gca cgc ctc ggc taagttgggg acatggttga cgc	1023		
Asp Arg Val Ala Arg Leu Gly			
295	300		
<210> 198			
<211> 300			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 198			
Met Ser Gln Glu Asn Ser Gly Leu Phe Lys Arg Ala Ile Thr Arg Gly			
1 5 10 15			
Val Ala Lys Val Arg Arg Asn Pro Arg Glu Asp Phe Ala Glu Glu Phe			
20 25 30			
Thr Gln Glu Leu Tyr Asp His Ala Thr Asn Ile Thr Leu Pro Leu Thr			

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

<210> 199

<211> 1095

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1072)

<223> RXA02269

<400> 199

cgcaatgatt gccacacg atatggtgcg cgatcccagg gtgatcgaaa tcgtacgcgc 60
agagctcgac cgggtggcac gcctcggcta agttggggac atg gtt gac gcc ctc 115
Met Val Asp Ala Leu

1 5
aat gat ctc cgc cga gaa ctc aca aac gcg tta agg tcc gtg tgg aaa 163
Asn Asp Leu Arg Arg Glu Leu Thr Asn Ala Leu Arg Ser Val Trp Lys

10 15 20
aac ctc ccc act gat aac gcc ccg cag gcc gat gcc ttg cca gac gat 211
Asn Leu Pro Thr Asp Asn Ala Pro Gln Ala Asp Ala Leu Pro Asp Asp

25 30 35
gta gtg gaa gag att gcg ata aat ttc tac cgt gat ccc aaa aac cgc 259
Val Val Glu Glu Ile Ala Ile Asn Phe Tyr Arg Asp Pro Lys Asn Arg

40 45 50
ggc aaa ctc aac gaa gac aaa aca gat tcc ttg ccg atg ctc gcg cgc 307
Gly Lys Leu Asn Glu Asp Lys Thr Asp Ser Leu Pro Met Leu Ala Arg

55 60 65
ata cgt tca cgt gga ctt ttt gaa gac gat tgg cgc gcc cgc ccc acc 355
Ile Arg Ser Arg Gly Leu Phe Glu Asp Asp Trp Arg Ala Arg Pro Thr

70 75 80 85
gaa gac cgc ccc tgg cca gtg gta tta gtc cac gga act gga tca aca 403
Glu Asp Arg Pro Trp Pro Val Val Leu Val His Gly Thr Gly Ser Thr

90 95 100
aaa ggt gat tgg caa gac ttg gga gcc gat cta cgc cgc gac ggc tgg 451
Lys Gly Asp Trp Gln Asp Leu Gly Ala Asp Leu Arg Arg Asp Gly Trp

105 110 115
gca gtg ttt gca ccc gaa ttt ggc caa cgc gcc acc ggt tca gtc gca 499
Ala Val Phe Ala Pro Glu Phe Gly Gln Arg Ala Thr Gly Ser Val Ala

120 125 130
gaa tca tcc gca caa att ggc gcc tat ata gat aca gta ttg ctt gct 547
Glu Ser Ser Ala Gln Ile Gly Ala Tyr Ile Asp Thr Val Leu Leu Ala

135 140 145
aca gga gcc tca aaa gtc att gtc gtt ggc cac tcc caa ggc ggc gtg 595
Thr Gly Ala Ser Lys Val Ile Val Val Gly His Ser Gln Gly Gly Val

150 155 160 165
ttg ctg aga tac tgg atg cgt gtt ttg ggt ggt gca tcc aaa gtc aaa 643
Leu Leu Arg Tyr Trp Met Arg Val Leu Gly Gly Ala Ser Lys Val Lys

170 175 180
cac atg gtc tcc ctc gct gtc ccc aat cac ggc acc acc atg ggc gga 691
His Met Val Ser Leu Ala Val Pro Asn His Gly Thr Thr Met Gly Gly

185	190	195	
atc gtc agc ccg cta atc cgt aac aat cgt ggc gaa agt gtg gtt aat			739
Ile Val Ser Pro Leu Ile Arg Asn Asn Arg Gly Glu Ser Val Val Asn			
200	205	210	
tct gtc gtt caa tca tgg ttc ggc gaa gct gga ttt gaa atg atc cgc			787
Ser Val Val Gln Ser Trp Phe Gly Glu Ala Gly Phe Glu Met Ile Arg			
215	220	225	
gga cac gac acc atc aac gcc atc aat gaa ggc ggc gat ttg gat cca			835
Gly His Asp Thr Ile Asn Ala Ile Asn Glu Gly Gly Asp Leu Asp Pro			
230	235	240	245
gac gtg aca tat ctg tgc atc gcc acc cac ttt gac acc gtg att cag			883
Asp Val Thr Tyr Leu Cys Ile Ala Thr His Phe Asp Thr Val Ile Gln			
250	255	260	
ccc cct gaa acc tgc ttc cta gag gcc cgg aac ccc gaa gaa ctc aag			931
Pro Pro Glu Thr Cys Phe Leu Glu Ala Arg Asn Pro Glu Glu Leu Lys			
265	270	275	
cgg gtc caa aac atc tgg gtg gaa aac ctc gac ccc aat tca gtc gtg			979
Arg Val Gln Asn Ile Trp Val Glu Asn Leu Asp Pro Asn Ser Val Val			
280	285	290	
ctc cac gaa gca atg cct tac gat ccc cgc gta cgc gca ctg gtc agg			1027
Leu His Glu Ala Met Pro Tyr Asp Pro Arg Val Arg Ala Leu Val Arg			
295	300	305	
gcg gat ttg agc aaa ttg gtg gag att tcc gag act gcg gag aac			1072
Ala Asp Leu Ser Lys Leu Val Glu Ile Ser Glu Thr Ala Glu Asn			
310	315	320	
taggggtttt ggtggttgta			1095

<210> 200
 <211> 324
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 200
 Met Val Asp Ala Leu Asn Asp Leu Arg Arg Glu Leu Thr Asn Ala Leu
 1 5 10 15
 Arg Ser Val Trp Lys Asn Leu Pro Thr Asp Asn Ala Pro Gln Ala Asp
 20 25 30
 Ala Leu Pro Asp Asp Val Val Glu Glu Ile Ala Ile Asn Phe Tyr Arg
 35 40 45
 Asp Pro Lys Asn Arg Gly Lys Leu Asn Glu Asp Lys Thr Asp Ser Leu
 50 55 60
 Pro Met Leu Ala Arg Ile Arg Ser Arg Gly Leu Phe Glu Asp Asp Trp

65				70				75				80			
Arg	Ala	Arg	Pro	Thr	Glu	Asp	Arg	Pro	Trp	Pro	Val	Val	Leu	Val	His
				85				90				95			
Gly	Thr	Gly	Ser	Thr	Lys	Gly	Asp	Trp	Gln	Asp	Leu	Gly	Ala	Asp	Leu
100				105				110							
Arg	Arg	Asp	Gly	Trp	Ala	Val	Phe	Ala	Pro	Glu	Phe	Gly	Gln	Arg	Ala
115				120				125							
Thr	Gly	Ser	Val	Ala	Glu	Ser	Ser	Ala	Gln	Ile	Gly	Ala	Tyr	Ile	Asp
130				135				140							
Thr	Val	Leu	Leu	Ala	Thr	Gly	Ala	Ser	Lys	Val	Ile	Val	Val	Gly	His
145				150				155				160			
Ser	Gln	Gly	Gly	Val	Leu	Leu	Arg	Tyr	Trp	Met	Arg	Val	Leu	Gly	Gly
165				170				175							
Ala	Ser	Lys	Val	Lys	His	Met	Val	Ser	Leu	Ala	Val	Pro	Asn	His	Gly
180				185				190							
Thr	Thr	Met	Gly	Gly	Ile	Val	Ser	Pro	Leu	Ile	Arg	Asn	Asn	Arg	Gly
195				200				205							
Glu	Ser	Val	Val	Asn	Ser	Val	Val	Gln	Ser	Trp	Phe	Gly	Glu	Ala	Gly
210				215				220							
Phe	Glu	Met	Ile	Arg	Gly	His	Asp	Thr	Ile	Asn	Ala	Ile	Asn	Glu	Gly
225				230				235				240			
Gly	Asp	Leu	Asp	Pro	Asp	Val	Thr	Tyr	Leu	Cys	Ile	Ala	Thr	His	Phe
245				250				255							
Asp	Thr	Val	Ile	Gln	Pro	Pro	Glu	Thr	Cys	Phe	Leu	Glu	Ala	Arg	Asn
260				265				270							
Pro	Glu	Glu	Leu	Lys	Arg	Val	Gln	Asn	Ile	Trp	Val	Glu	Asn	Leu	Asp
275				280				285							
Pro	Asn	Ser	Val	Val	Leu	His	Glu	Ala	Met	Pro	Tyr	Asp	Pro	Arg	Val
290				295				300							
Arg	Ala	Leu	Val	Arg	Ala	Asp	Leu	Ser	Lys	Leu	Val	Glu	Ile	Ser	Glu
305				310				315				320			
Thr Ala Glu Asn															

<210> 201

<211> 1146

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1123)

<223> RXA01614

<400> 201

tgcaattcgc aaacatgagt agtatcgcg aagtttcacc acgtgaacat ttcagtcgac 60
tcgcgcacac cacaccaaca atcgacctat cgttatacgt atg aat cag atg cag 115
Met Asn Gln Met Gln

1 5
cag tgg aaa cca gac ttc ctg gga gag ggc tac caa aac ctc acc atc 163
Gln Trp Lys Pro Asp Phe Leu Gly Glu Gly Tyr Gln Asn Leu Thr Ile

10 15 20
gag ctc ggc gac gac ccg gat aat gaa aca gat gtt gtg aca acg gtt 211
Glu Leu Gly Asp Asp Pro Asp Asn Glu Thr Asp Val Val Thr Thr Val

25 30 35
gtg cgc tac aac cca gac aat cac gcg gac gag tct ttt gct gcc cgc 259
Val Arg Tyr Asn Pro Asp Asn His Ala Asp Glu Ser Phe Ala Ala Arg

40 45 50
cca gcg ttg ctg tgg gtt cac ggc atg acg gac tac ttc ttc cac act 307
Pro Ala Leu Leu Trp Val His Gly Met Thr Asp Tyr Phe Phe His Thr

55 60 65
gaa ttc gcg gag ttt ttc cac aat gcc ggt ttt gct gtg tac ggc att 355
Glu Phe Ala Glu Phe Phe His Asn Ala Gly Phe Ala Val Tyr Gly Ile

70 75 80 85
gat ctt aga aaa tgt gga cgc tcc tac cgt cca gga cag cag tgg cac 403
Asp Leu Arg Lys Cys Gly Arg Ser Tyr Arg Pro Gly Gln Gln Trp His

90 95 100
tac acc tct gat ctt gcc cat tac ttc cct gac tta aca gct gct gcc 451
Tyr Thr Ser Asp Leu Ala His Tyr Phe Pro Asp Leu Thr Ala Ala Ala

105 110 115
gag gtc atc tct tcc acc cac cct gag cta gtc ccc gtc gcc cat tcc 499
Glu Val Ile Ser Ser Thr His Pro Glu Leu Val Pro Val Ala His Ser

120 125 130
act ggt gga ctc atc gtt cct ctg tgg atg tcc cag atg cgc aca agc 547
Thr Gly Gly Leu Ile Val Pro Leu Trp Met Ser Gln Met Arg Thr Ser

135 140 145
aat cca gct gcc att gag aag att cca gcg ctg gtc ctc aac agt ccg 595
Asn Pro Ala Ala Ile Glu Lys Ile Pro Ala Leu Val Leu Asn Ser Pro

150 155 160 165
tgg ctg gac atg atg tat cca cca ctg ttc atc aag ctg atc acc cct 643
Trp Leu Asp Met Met Tyr Pro Pro Leu Phe Ile Lys Leu Ile Thr Pro

170 175 180
atg gtg agg gtg ttg ggc aaa cgc tcc ccc aca acc atc atc cca ggc 691
Met Val Arg Val Leu Gly Lys Arg Ser Pro Thr Thr Ile Ile Pro Gly

185	190	195	
gga ggt ttg gga gca tac gga aaa tcg atc cat aag aac ttt tac ggc	739		
Gly Gly Leu Gly Ala Tyr Gly Lys Ser Ile His Lys Asn Phe Tyr Gly			
200	205	210	
gaa tgg gac ttt gac acc acc atc aag cct gta gaa gga cat aaa aag	787		
Glu Trp Asp Phe Asp Thr Thr Ile Lys Pro Val Glu Gly His Lys Lys			
215	220	225	
agc atc gga tgg ctt cgg gca gtc atg gct ggc caa gca gaa atc cat	835		
Ser Ile Gly Trp Leu Arg Ala Val Met Ala Gly Gln Ala Glu Ile His			
230	235	240	245
cac gac cac gtg aat gtc gga gtg gac gtg ctc acg ctg tgt tca aat	883		
His Asp His Val Asn Val Gly Val Asp Val Leu Thr Leu Cys Ser Asn			
250	255	260	
aag tcc tgg ttg aag tct gaa tac aca gag gac acc aac act tca gac	931		
Lys Ser Trp Leu Lys Ser Glu Tyr Thr Glu Asp Thr Asn Thr Ser Asp			
265	270	275	
gcg gtt ttg gat gtg aaa cac att caa aag tgg gct cct cat ttg agc	979		
Ala Val Leu Asp Val Lys His Ile Gln Lys Trp Ala Pro His Leu Ser			
280	285	290	
tcg cca tcg tcc agg gtt gat gtt gag atc atc gac aac gct cgc cac	1027		
Ser Pro Ser Ser Arg Val Asp Val Glu Ile Ile Asp Asn Ala Arg His			
295	300	305	
gat att ttc ctc tca agg aaa ccc gcc aga gat cac gcc tct gaa gta	1075		
Asp Ile Phe Leu Ser Arg Lys Pro Ala Arg Asp His Ala Ser Glu Val			
310	315	320	325
ctc aac aac tgg ctg caa tcg aag ctt tcc agc ctc aaa cca tct caa	1123		
Leu Asn Asn Trp Leu Gln Ser Lys Leu Ser Ser Leu Lys Pro Ser Gln			
330	335	340	
taacaccgcg aattatagac tga	1146		

<210> 202
 <211> 341
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 202
 Met Asn Gln Met Gln Gln Trp Lys Pro Asp Phe Leu Gly Glu Gly Tyr
 1 5 10 15
 Gln Asn Leu Thr Ile Glu Leu Gly Asp Asp Pro Asp Asn Glu Thr Asp
 20 25 30
 Val Val Thr Thr Val Val Arg Tyr Asn Pro Asp Asn His Ala Asp Glu
 35 40 45

Ser Phe Ala Ala Arg Pro Ala Leu Leu Trp Val His Gly Met Thr Asp
50 55 60

Tyr Phe Phe His Thr Glu Phe Ala Glu Phe Phe His Asn Ala Gly Phe
65 70 75 80

Ala Val Tyr Gly Ile Asp Leu Arg Lys Cys Gly Arg Ser Tyr Arg Pro
85 90 95

Gly Gln Gln Trp His Tyr Thr Ser Asp Leu Ala His Tyr Phe Pro Asp
100 105 110

Leu Thr Ala Ala Ala Glu Val Ile Ser Ser Thr His Pro Glu Leu Val
115 120 125

Pro Val Ala His Ser Thr Gly Gly Leu Ile Val Pro Leu Trp Met Ser
130 135 140

Gln Met Arg Thr Ser Asn Pro Ala Ala Ile Glu Lys Ile Pro Ala Leu
145 150 155 160

Val Leu Asn Ser Pro Trp Leu Asp Met Met Tyr Pro Pro Leu Phe Ile
165 170 175

Lys Leu Ile Thr Pro Met Val Arg Val Leu Gly Lys Arg Ser Pro Thr
180 185 190

Thr Ile Ile Pro Gly Gly Gly Leu Gly Ala Tyr Gly Lys Ser Ile His
195 200 205

Lys Asn Phe Tyr Gly Glu Trp Asp Phe Asp Thr Thr Ile Lys Pro Val
210 215 220

Glu Gly His Lys Lys Ser Ile Gly Trp Leu Arg Ala Val Met Ala Gly
225 230 235 240

Gln Ala Glu Ile His His Asp His Val Asn Val Gly Val Asp Val Leu
245 250 255

Thr Leu Cys Ser Asn Lys Ser Trp Leu Lys Ser Glu Tyr Thr Glu Asp
260 265 270

Thr Asn Thr Ser Asp Ala Val Leu Asp Val Lys His Ile Gln Lys Trp
275 280 285

Ala Pro His Leu Ser Ser Pro Ser Ser Arg Val Asp Val Glu Ile Ile
290 295 300

Asp Asn Ala Arg His Asp Ile Phe Leu Ser Arg Lys Pro Ala Arg Asp
305 310 315 320

His Ala Ser Glu Val Leu Asn Asn Trp Leu Gln Ser Lys Leu Ser Ser
325 330 335

Leu Lys Pro Ser Gln
340

<210> 203

<211> 630

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(607)

<223> RXA01983

<400> 203

atatacgtgc catggcagcc ttgctgggca acctcaagca cactgaccta gaagagctcc 60
ccaccgatta ccaggggtgt cctcccatgt ccgctgcgtt atg gaa ggc tac gga 115
Met Glu Gly Tyr Gly

1 5
cct acc cag atc gaa aag ctc tta cct gca tac aca cag gtc aac aca 163
Pro Thr Gln Ile Glu Lys Leu Leu Pro Ala Tyr Thr Gln Val Asn Thr

10 15 20
gcc ggg aat aat cca gcg acg acg cct gag caa gat ctc ctc ggc gga 211
Ala Gly Asn Asn Pro Ala Thr Thr Pro Glu Gln Asp Leu Leu Gly Gly

25 30 35
gct gca acc tcg ccg gaa aac tac gac cac cag ctg cag tac gca gtc 259
Ala Ala Thr Ser Pro Glu Asn Tyr Asp His Gln Leu Gln Tyr Ala Val

40 45 50
gac gcc agt ccg gtg cat cag aat gcg gca cag gca ccg ccc ttc ctg 307
Asp Ala Ser Pro Val His Gln Asn Ala Ala Gln Ala Pro Pro Phe Leu

55 60 65
atc atg cac ggc act ggt gac cgg atg gtc cct ccg gag caa tcg gct 355
Ile Met His Gly Thr Gly Asp Arg Met Val Pro Pro Glu Gln Ser Ala

70 75 80 85
gcg ctg cac acc cat ctt gtg cag gct ggt cgg cag tcc acc ctg gta 403
Ala Leu His Thr His Leu Val Gln Ala Gly Arg Gln Ser Thr Leu Val

90 95 100
ctc att gag ggc ttt ggc cac ggt ttc ctc aat ccc ggg gaa gtc gcg 451
Leu Ile Glu Gly Phe Gly His Gly Phe Leu Asn Pro Gly Glu Val Ala

105 110 115
gag ctg ggg cca aac gtt cga cta gac aat ggt cgg ctc gag cgg gag 499
Glu Leu Gly Pro Asn Val Arg Leu Asp Asn Gly Arg Leu Glu Arg Glu

120 125 130
cct cag aca aat ttc agc gcg cag cag agt ccg gga aac ccc ttt gaa 547
Pro Gln Thr Asn Phe Ser Ala Gln Gln Ser Pro Gly Asn Pro Phe Glu

135 140 145
cta cag gga ctt gcc gcc gac cat gag atg atc aag cgc ttt ttc acc 595
Leu Gln Gly Leu Ala Ala Asp His Glu Met Ile Lys Arg Phe Phe Thr

150 155 160 165

ctg cac ctt cgc taagactcta ccttcacca act 630
Leu His Leu Arg

<210> 204
<211> 169
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 204
Met Glu Gly Tyr Gly Pro Thr Gln Ile Glu Lys Leu Leu Pro Ala Tyr
1 5 10 15
Thr Gln Val Asn Thr Ala Gly Asn Asn Pro Ala Thr Thr Pro Glu Gln
20 25 30
Asp Leu Leu Gly Gly Ala Ala Thr Ser Pro Glu Asn Tyr Asp His Gln
35 40 45
Leu Gln Tyr Ala Val Asp Ala Ser Pro Val His Gln Asn Ala Ala Gln
50 55 60
Ala Pro Pro Phe Leu Ile Met His Gly Thr Gly Asp Arg Met Val Pro
65 70 75 80
Pro Glu Gln Ser Ala Ala Leu His Thr His Leu Val Gln Ala Gly Arg
85 90 95
Gln Ser Thr Leu Val Leu Ile Glu Gly Phe Gly His Gly Phe Leu Asn
100 105 110
Pro Gly Glu Val Ala Glu Leu Gly Pro Asn Val Arg Leu Asp Asn Gly
115 120 125
Arg Leu Glu Arg Glu Pro Gln Thr Asn Phe Ser Ala Gln Gln Ser Pro
130 135 140
Gly Asn Pro Phe Glu Leu Gln Gly Leu Ala Ala Asp His Glu Met Ile
145 150 155 160
Lys Arg Phe Phe Thr Leu His Leu Arg
165

<210> 205
<211> 1414
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1414)
<223> RXN02947

<400> 205

gtatgttcac acaagaaccc tgcacaacgc cttcaaagta cgtcgaccac gaccaagcgc 60
attattcact ctcacccttc aggatttaga ctaagaaacc atg act gca gca cag 115
Met Thr Ala Ala Gln

1 5
acc aaa cct gac ctc acc acc acg gct gga aag ctg tcc gat ctt cgc 163
Thr Lys Pro Asp Leu Thr Thr Thr Ala Gly Lys Leu Ser Asp Leu Arg

10 15 20
tcc cgt ctt gca gaa gct caa gct cca atg ggc gaa gca act gta gaa 211
Ser Arg Leu Ala Glu Ala Gln Ala Pro Met Gly Glu Ala Thr Val Glu

25 30 35
aaa gtg cac gct gct ggc agg aag act gcc cgc gaa cgt atc gag tat 259
Lys Val His Ala Ala Gly Arg Lys Thr Ala Arg Glu Arg Ile Glu Tyr

40 45 50
ttg ctc gat gag ggc tct ttc gta gag atc gat gct ctt gct cgt cac 307
Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Val Glu Ile Asp Ala Leu Ala Arg His

55 60 65
cgt tcc aag aac ttc ggc ctg gat gcc aag cgt cca gtt act gac ggt 355
Arg Ser Lys Asn Phe Gly Leu Asp Ala Lys Arg Pro Val Thr Asp Gly

70 75 80 85
gtt gtg act ggt tac ggc acc atc gat ggc cgt aag gtc tgt gtg ttc 403
Val Val Thr Gly Tyr Gly Thr Ile Asp Gly Arg Lys Val Cys Val Phe

90 95 100
tcc cag gac ggc gct gta ttc ggt ggc gct ttg ggt gaa gtt tat ggt 451
Ser Gln Asp Gly Ala Val Phe Gly Gly Ala Leu Gly Glu Val Tyr Gly

105 110 115
gaa aag atc gtt aag gtt atg gat ctt gcg atc aag acc ggt gtg cct 499
Glu Lys Ile Val Lys Val Met Asp Leu Ala Ile Lys Thr Gly Val Pro

120 125 130
ttg atc gga atc aat gag ggt gct ggt gcg cgt atc cag gaa ggt gtt 547
Leu Ile Gly Ile Asn Glu Gly Ala Gly Ala Arg Ile Gln Glu Gly Val

135 140 145
gtg tct ctg ggt ctg tac tca cag atc ttc tac cgc aac acc cag gcg 595
Val Ser Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile Phe Tyr Arg Asn Thr Gln Ala

150 155 160 165
tct ggc gtt atc cca cag atc tct ttg atc atg ggt gcc tgc gct ggt 643
Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Leu Ile Met Gly Ala Cys Ala Gly

170 175 180
ggc cac gtg tac tcc cct gct ctg act gac ttc atc gtc atg gtg gat 691
Gly His Val Tyr Ser Pro Ala Leu Thr Asp Phe Ile Val Met Val Asp

185 190 195
cag act tcc aag atg ttt atc acc ggc cct gat gtc atc aag act gtc 739

Gln Thr Ser Lys Met Phe Ile Thr Gly Pro Asp Val Ile Lys Thr Val

200 205 210
acc ggt gaa gat gtc acc cag gag gag ctc ggt ggc gct cac acc cac 787
Thr Gly Glu Asp Val Thr Gln Glu Glu Leu Gly Gly Ala His Thr His

215 220 225
atg gct acc tcc ggt acc tcc cat tac tct gct tct gat gat tca gat 835
Met Ala Thr Ser Gly Thr Ser His Tyr Ser Ala Ser Asp Asp Ser Asp

230 235 240 245
gct ttg gat tgg gtt cgc gag ctg acc tct tat ctt cca tcc aac aac 883
Ala Leu Asp Trp Val Arg Glu Leu Thr Ser Tyr Leu Pro Ser Asn Asn

250 255 260
cgt gcg gaa act cct cgc cag gag gcc gac atc atg atc ggt tcc atc 931
Arg Ala Glu Thr Pro Arg Gln Glu Ala Asp Ile Met Ile Gly Ser Ile

265 270 275
cag gaa aac atc aac gat gtg gat ctg gaa ttg gac acc atc atc ccg 979
Gln Glu Asn Ile Asn Asp Val Asp Leu Glu Leu Asp Thr Ile Ile Pro

280 285 290
gat tcc ccg aac cag cct tat gac atg aag gaa gtt att tcc cgc atc 1027
Asp Ser Pro Asn Gln Pro Tyr Asp Met Lys Glu Val Ile Ser Arg Ile

295 300 305
gtc gac gac gcc gag ttc ttc gag atc cag gaa gac tac gca gag aac 1075
Val Asp Asp Ala Glu Phe Phe Glu Ile Gln Glu Asp Tyr Ala Glu Asn

310 315 320 325
atc ctg tgt ggc ttc gct cgc gtt gag gtc cgt tct gtt ggc atc gtg 1123
Ile Leu Cys Gly Phe Ala Arg Val Glu Val Arg Ser Val Gly Ile Val

330 335 340
gct aac cag cca acc cag ttc gct ggc tgc ttg gat att aag gca tct 1171
Ala Asn Gln Pro Thr Gln Phe Ala Gly Cys Leu Asp Ile Lys Ala Ser

345 350 355
gag aag gct gcc cgt ttc atc cgc acc tgc gat gcc ttc aac atc cca 1219
Glu Lys Ala Ala Arg Phe Ile Arg Thr Cys Asp Ala Phe Asn Ile Pro

360 365 370
atc ctt gag ttc gtg gac gtt cca ggc ttc ctg cct ggc acc aac cag 1267
Ile Leu Glu Phe Val Asp Val Pro Gly Phe Leu Pro Gly Thr Asn Gln

375 380 385
gaa ttc gac ggc atc atc cgc cgc ggc gca aag ctg ctt tac gct tac 1315
Glu Phe Asp Gly Ile Ile Arg Arg Gly Ala Lys Leu Leu Tyr Ala Tyr

390 395 400 405
gct gaa gca acc gtc ggc aag atc acc gtc atc acc cgc aag tcc tac 1363
Ala Glu Ala Thr Val Gly Lys Ile Thr Val Ile Thr Arg Lys Ser Tyr

410 415 420
ggc gga gcg tac tgc gtg atg ggt tcc aag gat atg ggc gct ggc ctg 1411

Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys Asp Met Gly Ala Gly Leu

425 430 435 1414
gta
Val

<210> 206
<211> 438
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 206
Met Thr Ala Ala Gln Thr Lys Pro Asp Leu Thr Thr Thr Ala Gly Lys
1 5 10 15

Leu Ser Asp Leu Arg Ser Arg Leu Ala Glu Ala Gln Ala Pro Met Gly
20 25 30

Glu Ala Thr Val Glu Lys Val His Ala Ala Gly Arg Lys Thr Ala Arg
35 40 45

Glu Arg Ile Glu Tyr Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Val Glu Ile Asp
50 55 60

Ala Leu Ala Arg His Arg Ser Lys Asn Phe Gly Leu Asp Ala Lys Arg
65 70 75 80

Pro Val Thr Asp Gly Val Val Thr Gly Tyr Gly Thr Ile Asp Gly Arg
85 90 95

Lys Val Cys Val Phe Ser Gln Asp Gly Ala Val Phe Gly Gly Ala Leu
100 105 110

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

Lys Thr Gly Val Pro Leu Ile Gly Ile Asn Glu Gly Ala Gly Ala Arg
130 135 140

Ile Gln Glu Gly Val Val Ser Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile Phe Tyr
145 150 155 160

Arg Asn Thr Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Leu Ile Met
165 170 175

Gly Ala Cys Ala Gly Gly His Val Tyr Ser Pro Ala Leu Thr Asp Phe
180 185 190

Ile Val Met Val Asp Gln Thr Ser Lys Met Phe Ile Thr Gly Pro Asp
195 200 205

Val Ile Lys Thr Val Thr Gly Glu Asp Val Thr Gln Glu Glu Leu Gly
210 215 220

Gly Ala His Thr His Met Ala Thr Ser Gly Thr Ser His Tyr Ser Ala
 225 230 235 240

Ser Asp Asp Ser Asp Ala Leu Asp Trp Val Arg Glu Leu Thr Ser Tyr
 245 250 255

Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ala Glu Thr Pro Arg Gln Glu Ala Asp Ile
 260 265 270

Met Ile Gly Ser Ile Gln Glu Asn Ile Asn Asp Val Asp Leu Glu Leu
 275 280 285

Asp Thr Ile Ile Pro Asp Ser Pro Asn Gln Pro Tyr Asp Met Lys Glu
 290 295 300

Val Ile Ser Arg Ile Val Asp Asp Ala Glu Phe Phe Glu Ile Gln Glu
 305 310 315 320

Asp Tyr Ala Glu Asn Ile Leu Cys Gly Phe Ala Arg Val Glu Val Arg
 325 330 335

Ser Val Gly Ile Val Ala Asn Gln Pro Thr Gln Phe Ala Gly Cys Leu
 340 345 350

Asp Ile Lys Ala Ser Glu Lys Ala Ala Arg Phe Ile Arg Thr Cys Asp
 355 360 365

Ala Phe Asn Ile Pro Ile Leu Glu Phe Val Asp Val Pro Gly Phe Leu
 370 375 380

Pro Gly Thr Asn Gln Glu Phe Asp Gly Ile Ile Arg Arg Gly Ala Lys
 385 390 395 400

Leu Leu Tyr Ala Tyr Ala Glu Ala Thr Val Gly Lys Ile Thr Val Ile
 405 410 415

Thr Arg Lys Ser Tyr Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys Asp
 420 425 430

Met Gly Ala Gly Leu Val
 435

<210> 207

<211> 688

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(688)

<223> FRXA02320

<400> 207

gatatgttcac acaagaaccc tgcacaacgc cttcaaagta cgtcgaccac gaccaagcgc 60
 attattcact ctcacccttc aggatttaga ctaagaaacc atg act gca gca cag 115

Met Thr Ala Ala Gln

1 5
acc aaa cct gac ctc acc acc acg gct gga aag ctg tcc gat ctt cgc 163
Thr Lys Pro Asp Leu Thr Thr Thr Ala Gly Lys Leu Ser Asp Leu Arg

10 15 20
tcc cgt ctt gca gaa gct caa gct cca atg ggc gaa gca act gta gaa 211
Ser Arg Leu Ala Glu Ala Gln Ala Pro Met Gly Glu Ala Thr Val Glu

25 30 35
aaa gtg cac gct gct ggc agg aag act gcc cgc gaa cgt atc gag tat 259
Lys Val His Ala Ala Gly Arg Lys Thr Ala Arg Glu Arg Ile Glu Tyr

40 45 50
ttg ctc gat gag ggc tct ttc gta gag atc gat gct ctt gct cgt cac 307
Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Val Glu Ile Asp Ala Leu Ala Arg His

55 60 65
cgt tcc aag aac ttc ggc ctg gat gcc aag cgt cca gtt act gac ggt 355
Arg Ser Lys Asn Phe Gly Leu Asp Ala Lys Arg Pro Val Thr Asp Gly

70 75 80 85
gtt gtg act ggt tac ggc acc atc gat ggc cgt aag gtc tgt gtg ttc 403
Val Val Thr Gly Tyr Gly Thr Ile Asp Gly Arg Lys Val Cys Val Phe

90 95 100
tcc cag gac ggc gct gta ttc ggt ggc gct ttg ggt gaa gtt tat ggt 451
Ser Gln Asp Gly Ala Val Phe Gly Gly Ala Leu Gly Glu Val Tyr Gly

105 110 115
gaa aag atc gtt aag gtt atg gat ctt gcg atc aag acc ggt gtg cct 499
Glu Lys Ile Val Lys Val Met Asp Leu Ala Ile Lys Thr Gly Val Pro

120 125 130
ttg atc gga atc aat gag ggt gct ggt gcg cgt atc cag gaa ggt gtt 547
Leu Ile Gly Ile Asn Glu Gly Ala Gly Ala Arg Ile Gln Glu Gly Val

135 140 145
gtg tct ctg ggt ctg tac tca cag atc ttc tac cgc aac acc cag gcg 595
Val Ser Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile Phe Tyr Arg Asn Thr Gln Ala

150 155 160 165
tct ggc gtt atc cca cag atc tct ttg atc atg ggt gcc tgc gct ggt 643
Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Leu Ile Met Gly Ala Cys Ala Gly

170 175 180
ggt cac gtg tac tcc cct gct ctg act gac ttc atc gtc atg gtg 688
Gly His Val Tyr Ser Pro Ala Leu Thr Asp Phe Ile Val Met Val

185 190 195

<210> 208

<211> 196

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 208

Met Thr Ala Ala Gln Thr Lys Pro Asp Leu Thr Thr Thr Ala Gly Lys
1 5 10 15

Leu Ser Asp Leu Arg Ser Arg Leu Ala Glu Ala Gln Ala Pro Met Gly
20 25 30

Glu Ala Thr Val Glu Lys Val His Ala Ala Gly Arg Lys Thr Ala Arg
35 40 45

Glu Arg Ile Glu Tyr Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Val Glu Ile Asp
50 55 60

Ala Leu Ala Arg His Arg Ser Lys Asn Phe Gly Leu Asp Ala Lys Arg
65 70 75 80

Pro Val Thr Asp Gly Val Val Thr Gly Tyr Gly Thr Ile Asp Gly Arg
85 90 95

Lys Val Cys Val Phe Ser Gln Asp Gly Ala Val Phe Gly Gly Ala Leu
100 105 110

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

Lys Thr Gly Val Pro Leu Ile Gly Ile Asn Glu Gly Ala Gly Ala Arg
130 135 140

Ile Gln Glu Gly Val Val Ser Leu Gly Leu Tyr Ser Gln Ile Phe Tyr
145 150 155 160

Arg Asn Thr Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Leu Ile Met
165 170 175

Gly Ala Cys Ala Gly Gly His Val Tyr Ser Pro Ala Leu Thr Asp Phe
180 185 190

Ile Val Met Val
195

<210> 209

<211> 519

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(519)

<223> FRXA02851

<220>

<221> misc_feature

<222> 135

<223> n indicates any nucleotide

<220>

<221> misc_feature

<222> 209

<223> n indicates any nucleotide

<220>

<221> misc_feature

<222> 215

<223> n indicates any nucleotide

<220>

<221> misc_feature

<222> 258

<223> n indicates any nucleotide

<220>

<221> VARIANT

<222> 70

<223> Xaa =Val, Ala, Asp, or Gly

<220>

<221> VARIANT

<222> 72

<223> Xaa = Phe or Leu

<220>

<221> VARIANT

<222> 86

<223> Xaa = Cys, Trp, or stop codon

<400> 209

cct cgc cag aag gcc gac atc atg atc ggt tcc atc cag gaa aac atc 48
Pro Arg Gln Lys Ala Asp Ile Met Ile Gly Ser Ile Gln Glu Asn Ile

1 5 10 15
aac gat gtg gat ctg gaa ttg gac acc atc atc ccg gat tcc ccg aac 96
Asn Asp Val Asp Leu Glu Leu Asp Thr Ile Ile Pro Asp Ser Pro Asn

20 25 30
cag cct tat gac atg aag gaa gtt att tcc cgc atc gtn gac gac gcc 144
Gln Pro Tyr Asp Met Lys Glu Val Ile Ser Arg Ile Val Asp Asp Ala

35 40 45
gag ttc ttc gag atc cag gaa gac tac gca gag aac atc ctg tgt ggc 192
Glu Phe Phe Glu Ile Gln Glu Asp Tyr Ala Glu Asn Ile Leu Cys Gly

50

55

60

ttc gct cgc gtt gag gnc cgt tnt gtt ggc atc gtg gct aac cag cca 240
Phe Ala Arg Val Glu Xaa Arg Xaa Val Gly Ile Val Ala Asn Gln Pro

65 70 75 80
acc cag ttc gct ggc tgn ttg gat att aag gca tct gag aag gct gcc 288
Thr Gln Phe Ala Gly Xaa Leu Asp Ile Lys Ala Ser Glu Lys Ala Ala

85 90 95
cgt ttc atc cgc acc tgc gat gcc ttc aac atc cca atc ctt gag ttc 336
Arg Phe Ile Arg Thr Cys Asp Ala Phe Asn Ile Pro Ile Leu Glu Phe

100 105 110
gtg gac gtt cca ggc ttc ctg cct ggc acc aac cag gaa ttc gac gcc 384
Val Asp Val Pro Gly Phe Leu Pro Gly Thr Asn Gln Glu Phe Asp Gly

115 120 125
atc atc cgc cgc ggc gca aag ctg ctt tac gct tac gct gaa gca acc 432
Ile Ile Arg Arg Gly Ala Lys Leu Leu Tyr Ala Tyr Ala Glu Ala Thr

130 135 140
gtc ggc aag atc acc gtc atc acc cgc aag tcc tac ggc gga gcg tac 480
Val Gly Lys Ile Thr Val Ile Thr Arg Lys Ser Tyr Gly Gly Ala Tyr

145 150 155 160
tgc gtg atg ggt tcc aag gat atg ggc gct ggc ctg gta 519
Cys Val Met Gly Ser Lys Asp Met Gly Ala Gly Leu Val

165 170

<210> 210
<211> 173
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 70
<223> Xaa =Val, Ala, Asp, or Gly

<220>
<221> VARIANT
<222> 72
<223> Xaa = Phe or Leu

<220>
<221> VARIANT
<222> 86
<223> Xaa = Cys, Trp, or stop codon

<400> 210
Pro Arg Gln Lys Ala Asp Ile Met Ile Gly Ser Ile Gln Glu Asn Ile

[illegible]

25	30	35	
ggt gaa aag gca gta gag aag gtc cac gct gct gga cgc ctc act gcc	259		
Gly Glu Lys Ala Val Glu Lys Val His Ala Ala Gly Arg Leu Thr Ala			
40	45	50	
cgt gag cgc ttg gat tac tta ctc gat gag ggc tcc ttc atc gag acc	307		
Arg Glu Arg Leu Asp Tyr Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Ile Glu Thr			
55	60	65	
gat cag ctg gct cgc cac cgc acc acc gct ttc tgc ctg ggc gct aag	355		
Asp Gln Leu Ala Arg His Arg Thr Thr Ala Phe Cys Leu Gly Ala Lys			
70	75	80	85
cgt cct gca acc gac ggt atc gtg acc ggc tgg ggc acc att gat gga	403		
Arg Pro Ala Thr Asp Gly Ile Val Thr Gly Trp Gly Thr Ile Asp Gly			
90	95	100	
cgc gaa gtc tgc atc ttc tcg cag gac ggc acc gta ttc ggt ggc gcg	451		
Arg Glu Val Cys Ile Phe Ser Gln Asp Gly Thr Val Phe Gly Gly Ala			
105	110	115	
ctt ggt gag gtg tac ggc gaa aag atg atc aag atc atg gag ctg gca	499		
Leu Gly Glu Val Tyr Gly Glu Lys Met Ile Lys Ile Met Glu Leu Ala			
120	125	130	
atc gac acc ggc cgc cca ttg atc ggt ctt tac gaa ggc gct ggc gct	547		
Ile Asp Thr Gly Arg Pro Leu Ile Gly Leu Tyr Glu Gly Ala Gly Ala			
135	140	145	
cgt att cag gac ggc gct gtc tcc ctg gac ttc att tcc cag acc ttc	595		
Arg Ile Gln Asp Gly Ala Val Ser Leu Asp Phe Ile Ser Gln Thr Phe			
150	155	160	165
tac caa aac att cag gct tct ggc gtt atc cca cag atc tcc gtc atc	643		
Tyr Gln Asn Ile Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro Gln Ile Ser Val Ile			
170	175	180	
atg ggc gca tgt gca ggt ggc aac gct tac ggc cca gct ctg acc gac	691		
Met Gly Ala Cys Ala Gly Gly Asn Ala Tyr Gly Pro Ala Leu Thr Asp			
185	190	195	
ttc gtg gtc atg gtg gac aag acc tcc aag atg ttc gtt acc ggc cca	739		
Phe Val Val Met Val Asp Lys Thr Ser Lys Met Phe Val Thr Gly Pro			
200	205	210	
gac gtg atc aag acc gtc acc ggc gag gaa atc acc cag gaa gag ctt	787		
Asp Val Ile Lys Thr Val Thr Gly Glu Glu Ile Thr Gln Glu Glu Leu			
215	220	225	
ggc gga gca acc acc cac atg gtg acc gct ggt aac tcc cac tac acc	835		
Gly Gly Ala Thr Thr His Met Val Thr Ala Gly Asn Ser His Tyr Thr			
230	235	240	245
gct gcg acc gat gag gaa gca ctg gat tgg gta cag gac ctg gtg tcc	883		
Ala Ala Thr Asp Glu Glu Ala Leu Asp Trp Val Gln Asp Leu Val Ser			

250	255	260	
ttc ctc cca tcc aac aat cgc tcc tac gca ccg atg gaa gac ttc gac			931
Phe Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ser Tyr Ala Pro Met Glu Asp Phe Asp			
265	270	275	
gag gaa gaa ggc ggc gtt gaa gaa aac atc acc gct gac gat ctg aag			979
Glu Glu Glu Gly Gly Val Glu Glu Asn Ile Thr Ala Asp Asp Leu Lys			
280	285	290	
ctc gac gag atc atc cca gat tcc gcg acc gtt cct tac gac gtc cgc			1027
Leu Asp Glu Ile Ile Pro Asp Ser Ala Thr Val Pro Tyr Asp Val Arg			
295	300	305	
gat gtc atc gaa tgc ctc acc gac gat ggc gaa tac ctg gaa atc cag			1075
Asp Val Ile Glu Cys Leu Thr Asp Asp Gly Glu Tyr Leu Glu Ile Gln			
310	315	320	325
gca gac cgc gca gaa aac gtt gtt att gca ttc ggc cgc atc gaa ggc			1123
Ala Asp Arg Ala Glu Asn Val Val Ile Ala Phe Gly Arg Ile Glu Gly			
330	335	340	
cag tcc gtt ggc ttt gtt gcc aac cag cca acc cag ttc gct ggc tgc			1171
Gln Ser Val Gly Phe Val Ala Asn Gln Pro Thr Gln Phe Ala Gly Cys			
345	350	355	
ctg gac atc gac tcc tct gag aag gca gct cgc ttc gtc cgc acc tgc			1219
Leu Asp Ile Asp Ser Ser Glu Lys Ala Ala Arg Phe Val Arg Thr Cys			
360	365	370	
gac gcg ttc aac atc cca atc gtc atg ctt gtc gac gtc ccc ggc ttc			1267
Asp Ala Phe Asn Ile Pro Ile Val Met Leu Val Asp Val Pro Gly Phe			
375	380	385	
ctc cca ggc gca ggc cag gag tac ggt ggc att ctg cgt cgt ggc gca			1315
Leu Pro Gly Ala Gly Gln Glu Tyr Gly Gly Ile Leu Arg Arg Gly Ala			
390	395	400	405
aag ctg ctc tac gca tac ggc gaa gca acc gtt cca aag atc acc gtc			1363
Lys Leu Leu Tyr Ala Tyr Gly Glu Ala Thr Val Pro Lys Ile Thr Val			
410	415	420	
acc atg cgt aag gct tac ggc gga gcg tac tgc gtg atg ggt tcc aag			1411
Thr Met Arg Lys Ala Tyr Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys			
425	430	435	
ggc ttg ggc tct gac atc aac ctt gca tgg cca acc gca cag atc gcc			1459
Gly Leu Gly Ser Asp Ile Asn Leu Ala Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala			
440	445	450	
gtc atg ggc gct gct ggc gca gtt gga ttc atc tac cgc aag gag ctc			1507
Val Met Gly Ala Ala Gly Ala Val Gly Phe Ile Tyr Arg Lys Glu Leu			
455	460	465	
atg gca gct gat gcc aag ggc ctc gat acc gta gct ctg gct aag tcc			1555

Met Ala Ala Asp Ala Lys Gly Leu Asp Thr Val Ala Leu Ala Lys Ser

470 475 480 485
 ttc gag cgc gag tat gaa gac cac atg ctc aac ccg tac cac gct gca 1603
 Phe Glu Arg Glu Tyr Glu Asp His Met Leu Asn Pro Tyr His Ala Ala

490 495 500
 gaa cgt ggc ctg atc gac gcc gtg atc ctg cca agc gaa acc cgc gga 1651
 Glu Arg Gly Leu Ile Asp Ala Val Ile Leu Pro Ser Glu Thr Arg Gly

505 510 515
 cag att tcc cgc aac ctt cgc ctg ctc aag cac aag aac gtc act cgc 1699
 Gln Ile Ser Arg Asn Leu Arg Leu Leu Lys His Lys Asn Val Thr Arg

520 525 530
 cct gct cgc aag cac ggc aac atg cca ctg taaatcggcg aatccataaa 1749
 Pro Ala Arg Lys His Gly Asn Met Pro Leu

535 540
 ggt 1752

<210> 212
 <211> 543
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 212
 Met Thr Ile Ser Ser Pro Leu Ile Asp Val Ala Asn Leu Pro Asp Ile
 1 5 10 15

Asn Thr Thr Ala Gly Lys Ile Ala Asp Leu Lys Ala Arg Arg Ala Glu
 20 25 30

Ala His Phe Pro Met Gly Glu Lys Ala Val Glu Lys Val His Ala Ala
 35 40 45

Gly Arg Leu Thr Ala Arg Glu Arg Leu Asp Tyr Leu Leu Asp Glu Gly
 50 55 60

Ser Phe Ile Glu Thr Asp Gln Leu Ala Arg His Arg Thr Thr Ala Phe
 65 70 75 80

Cys Leu Gly Ala Lys Arg Pro Ala Thr Asp Gly Ile Val Thr Gly Trp
 85 90 95

Gly Thr Ile Asp Gly Arg Glu Val Cys Ile Phe Ser Gln Asp Gly Thr
 100 105 110

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

Ile Met Glu Leu Ala Ile Asp Thr Gly Arg Pro Leu Ile Gly Leu Tyr
 130 135 140

Glu Gly Ala Gly Ala Arg Ile Gln Asp Gly Ala Val Ser Leu Asp Phe

145	150	155	160
Ile Ser Gln Thr Phe Tyr Gln Asn Ile Gln Ala Ser Gly Val Ile Pro	165	170	175
Gln Ile Ser Val Ile Met Gly Ala Cys Ala Gly Gly Asn Ala Tyr Gly	180	185	190
Pro Ala Leu Thr Asp Phe Val Val Met Val Asp Lys Thr Ser Lys Met	195	200	205
Phe Val Thr Gly Pro Asp Val Ile Lys Thr Val Thr Gly Glu Glu Ile	210	215	220
Thr Gln Glu Glu Leu Gly Gly Ala Thr Thr His Met Val Thr Ala Gly	225	230	235
Asn Ser His Tyr Thr Ala Ala Thr Asp Glu Glu Ala Leu Asp Trp Val	245	250	255
Gln Asp Leu Val Ser Phe Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ser Tyr Ala Pro	260	265	270
Met Glu Asp Phe Asp Glu Glu Glu Gly Gly Val Glu Glu Asn Ile Thr	275	280	285
Ala Asp Asp Leu Lys Leu Asp Glu Ile Ile Pro Asp Ser Ala Thr Val	290	295	300
Pro Tyr Asp Val Arg Asp Val Ile Glu Cys Leu Thr Asp Asp Gly Glu	305	310	315
Tyr Leu Glu Ile Gln Ala Asp Arg Ala Glu Asn Val Val Ile Ala Phe	325	330	335
Gly Arg Ile Glu Gly Gln Ser Val Gly Phe Val Ala Asn Gln Pro Thr	340	345	350
Gln Phe Ala Gly Cys Leu Asp Ile Asp Ser Ser Glu Lys Ala Ala Arg	355	360	365
Phe Val Arg Thr Cys Asp Ala Phe Asn Ile Pro Ile Val Met Leu Val	370	375	380
Asp Val Pro Gly Phe Leu Pro Gly Ala Gly Gln Glu Tyr Gly Gly Ile	385	390	395
Leu Arg Arg Gly Ala Lys Leu Leu Tyr Ala Tyr Gly Glu Ala Thr Val	405	410	415
Pro Lys Ile Thr Val Thr Met Arg Lys Ala Tyr Gly Gly Ala Tyr Cys	420	425	430
Val Met Gly Ser Lys Gly Leu Gly Ser Asp Ile Asn Leu Ala Trp Pro	435	440	445
Thr Ala Gln Ile Ala Val Met Gly Ala Ala Gly Ala Val Gly Phe Ile	450	455	460

Tyr Arg Lys Glu Leu Met Ala Ala Asp Ala Lys Gly Leu Asp Thr Val
465 470 475 480

Ala Leu Ala Lys Ser Phe Glu Arg Glu Tyr Glu Asp His Met Leu Asn
485 490 495

Pro Tyr His Ala Ala Glu Arg Gly Leu Ile Asp Ala Val Ile Leu Pro
500 505 510

Ser Glu Thr Arg Gly Gln Ile Ser Arg Asn Leu Arg Leu Leu Lys His
515 520 525

Lys Asn Val Thr Arg Pro Ala Arg Lys His Gly Asn Met Pro Leu
530 535 540

<210> 213

<211> 467

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(444)

<223> FRXA02321

<220>

<221> misc_feature

<222> 50

<223> n indicates any nucleotide

<220>

<221> misc_feature

<222> 51

<223> n indicates any nucleotide

<220>

<221> VARIANT

<222> 17

<223> Xaa = Val, Ala, Asp, Glu, or Gly

<400> 213

gag tac ggt ggc att ctg cgt cgt ggc gca aag ctg ctc tac gca tcg 48
Glu Tyr Gly Gly Ile Leu Arg Arg Gly Ala Lys Leu Leu Tyr Ala Ser

1 5 10 15
gnn gaa gca ccg gtt cca aag atc acc gtc acc atg cgt aag gct tac 96
Xaa Glu Ala Pro Val Pro Lys Ile Thr Val Thr Met Arg Lys Ala Tyr

20 25 30
ggc gga gcg tac tgc gtg atg ggt tcc aag ggc ttg ggc tct gac atc 144
Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys Gly Leu Gly Ser Asp Ile

35 40 45
aac ctt gca tgg cca acc gca cag atc gcc gtc atg ggc gct gct ggc 192
Asn Leu Ala Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala Val Met Gly Ala Ala Gly

50 55 60
gca gtt gga ttc atc tac cgc aag gag ctc atg gca gct gat gcc aag 240
Ala Val Gly Phe Ile Tyr Arg Lys Glu Leu Met Ala Ala Asp Ala Lys

65 70 75 80
ggc ctc gat acc gta gct ctg gct aag tcc ttc gag cgc gag tat gaa 288
Gly Leu Asp Thr Val Ala Leu Ala Lys Ser Phe Glu Arg Glu Tyr Glu

85 90 95
gac cac atg ctc aac ccg tac cac gct gca gaa cgt ggc ctg atc gac 336
Asp His Met Leu Asn Pro Tyr His Ala Ala Glu Arg Gly Leu Ile Asp

100 105 110
gcc gtg atc ctg cca agc gaa acc cgc gga cag att tcc cgc aac ctt 384
Ala Val Ile Leu Pro Ser Glu Thr Arg Gly Gln Ile Ser Arg Asn Leu

115 120 125
cgc ctg ctc aag cac aag aac gtc act cgc cct gct cgc aag cac ggc 432
Arg Leu Leu Lys His Lys Asn Val Thr Arg Pro Ala Arg Lys His Gly

130 135 140
aac atg cca ctg taaatcggcg aatccataaa ggt 467
Asn Met Pro Leu

145

<210> 214

<211> 148

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> VARIANT

<222> 17

<223> Xaa = Val, Ala, Asp, Glu, or Gly

<400> 214

Glu Tyr Gly Gly Ile Leu Arg Arg Gly Ala Lys Leu Leu Tyr Ala Ser
1 5 10 15

Xaa Glu Ala Pro Val Pro Lys Ile Thr Val Thr Met Arg Lys Ala Tyr
20 25 30

Gly Gly Ala Tyr Cys Val Met Gly Ser Lys Gly Leu Gly Ser Asp Ile
35 40 45

Asn Leu Ala Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala Val Met Gly Ala Ala Gly
50 55 60

Ala Val Gly Phe Ile Tyr Arg Lys Glu Leu Met Ala Ala Asp Ala Lys
65 70 75 80

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

Asp His Met Leu Asn Pro Tyr His Ala Ala Glu Arg Gly Leu Ile Asp
100 105 110

Ala Val Ile Leu Pro Ser Glu Thr Arg Gly Gln Ile Ser Arg Asn Leu
115 120 125

Arg Leu Leu Lys His Lys Asn Val Thr Arg Pro Ala Arg Lys His Gly
130 135 140

Asn Met Pro Leu
145

<210> 215

<211> 514

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(514)

<223> FRXA02343

<400> 215

tttaaaaact acccgcacgc agcacgaacc tgttcagtga tgtaaatcac cgcggaaata 60
ttgtggacgt taccgccgcc taccgctacg atttcaaaac atg acc att tcc tca 115
Met Thr Ile Ser Ser

1 5
cct ttg att gac gtc gcc aac ctt cca gac atc aac acc act gcc ggc 163
Pro Leu Ile Asp Val Ala Asn Leu Pro Asp Ile Asn Thr Thr Ala Gly

10 15 20
aag atc gcc gac ctt aag gct cgc cgc gcg gaa gcc cat ttc ccc atg 211
Lys Ile Ala Asp Leu Lys Ala Arg Arg Ala Glu Ala His Phe Pro Met

25 30 35
ggt gaa aag gca gta gag aag gtc cac gct gct gga cgc ctc act gcc 259
Gly Glu Lys Ala Val Glu Lys Val His Ala Ala Gly Arg Leu Thr Ala

40 45 50
cgt gag cgc ttg gat tac tta ctc gat gag ggc tcc ttc atc gag acc 307
Arg Glu Arg Leu Asp Tyr Leu Leu Asp Glu Gly Ser Phe Ile Glu Thr

55 60 65
gat cag ctg gct cgc cac cgc acc acc gct ttc tgc ctg ggc gct aag 355
Asp Gln Leu Ala Arg His Arg Thr Thr Ala Phe Cys Leu Gly Ala Lys

70 75 80 85
cgt cct gca acc gac ggc atc gtg acc ggc tgg ggc acc att gat gga 403

Arg Pro Ala Thr Asp Gly Ile Val Thr Gly Trp Gly Thr Ile Asp Gly
 90 95 100
 cgc gaa gtc tgc atc ttc tcg cag gac ggc acc gta ttc ggt ggc gcg 451
 Arg Glu Val Cys Ile Phe Ser Gln Asp Gly Thr Val Phe Gly Gly Ala
 105 110 115
 ctt ggt gag gtg tac ggc gaa aag atg atc aag atc atg gag ctg gca 499
 Leu Gly Glu Val Tyr Gly Glu Lys Met Ile Lys Ile Met Glu Leu Ala
 120 125 130
 atc gac acc ggc cgc 514
 Ile Asp Thr Gly Arg

135

<210> 216
 <211> 138
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 216
 Met Thr Ile Ser Ser Pro Leu Ile Asp Val Ala Asn Leu Pro Asp Ile
 1 5 10 15

Asn Thr Thr Ala Gly Lys Ile Ala Asp Leu Lys Ala Arg Arg Ala Glu
 20 25 30

Ala His Phe Pro Met Gly Glu Lys Ala Val Glu Lys Val His Ala Ala
 35 40 45

Gly Arg Leu Thr Ala Arg Glu Arg Leu Asp Tyr Leu Leu Asp Glu Gly
 50 55 60

Ser Phe Ile Glu Thr Asp Gln Leu Ala Arg His Arg Thr Thr Ala Phe
 65 70 75 80

Cys Leu Gly Ala Lys Arg Pro Ala Thr Asp Gly Ile Val Thr Gly Trp
 85 90 95

Gly Thr Ile Asp Gly Arg Glu Val Cys Ile Phe Ser Gln Asp Gly Thr
 100 105 110

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

Ile Met Glu Leu Ala Ile Asp Thr Gly Arg
 130 135

<210> 217
 <211> 492
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(492)
 <223> FRXA02850

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 258
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> misc_feature
 <222> 302
 <223> n indicates any nucleotide

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 86
 <223> Xaa = Ile or Met

<220>
 <221> VARIANT
 <222> 101
 <223> Xaa = Val, Ala, Asp, or Gly

<400> 217
 gaa gag ctt ggc gga gca acc acc cac atg gtg acc gct ggt aac tcc 48
 Glu Glu Leu Gly Gly Ala Thr Thr His Met Val Thr Ala Gly Asn Ser

1 5 10 15
 cac tac acc gct gcg acc gat gag gaa gca ctg gat tgg gta cag gac 96
 His Tyr Thr Ala Ala Thr Asp Glu Glu Ala Leu Asp Trp Val Gln Asp

20 25 30
 ctg gtg tcc ttc ctc cca tcc aac aat cgc tcc tac gca ccg atg gaa 144
 Leu Val Ser Phe Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ser Tyr Ala Pro Met Glu

35 40 45
 gac ttc gac gag gaa gaa ggc ggc gtt gaa gaa aac atc acc gct gac 192
 Asp Phe Asp Glu Glu Glu Gly Gly Val Glu Glu Asn Ile Thr Ala Asp

50 55 60
 gat ctg aag ctc gac gag atc atc cca gat tcc gcg acc gtt cct tac 240
 Asp Leu Lys Leu Asp Glu Ile Ile Pro Asp Ser Ala Thr Val Pro Tyr

65 70 75 80
 gac gtc cgc gat gtc atn gaa tgc ctc acc gac gat ggc gaa tac ctg 288
 Asp Val Arg Asp Val Xaa Glu Cys Leu Thr Asp Asp Gly Glu Tyr Leu

85 90 95
 gaa atc cag gca gnc cgc gca gaa aac gtt gtt att gca ttc ggc cgc 336

Glu Ile Gln Ala Xaa Arg Ala Glu Asn Val Val Ile Ala Phe Gly Arg

100 105 110
atc gaa ggc cag tcc gtt ggc ttt gtt gcc aac cag cca acc cag ttc 384
Ile Glu Gly Gln Ser Val Gly Phe Val Ala Asn Gln Pro Thr Gln Phe

115 120 125
gct ggc tgc ctg gac atc gac tcc tct gag aag gca gct cgc ttc gtc 432
Ala Gly Cys Leu Asp Ile Asp Ser Ser Glu Lys Ala Ala Arg Phe Val

130 135 140
cgc acc tgc gac gcg ttc aac atc cca atc gtc atg ctt gtg gac gtc 480
Arg Thr Cys Asp Ala Phe Asn Ile Pro Ile Val Met Leu Val Asp Val

145 150 155 160
ccc ggc ttc ctc 492
Pro Gly Phe Leu

<210> 218
<211> 164
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> VARIANT
<222> 86
<223> Xaa = Ile or Met

<220>
<221> VARIANT
<222> 101
<223> Xaa = Val, Ala, Asp, or Gly

<400> 218
Glu Glu Leu Gly Gly Ala Thr Thr His Met Val Thr Ala Gly Asn Ser
1 5 10 15

His Tyr Thr Ala Ala Thr Asp Glu Glu Ala Leu Asp Trp Val Gln Asp
20 25 30

Leu Val Ser Phe Leu Pro Ser Asn Asn Arg Ser Tyr Ala Pro Met Glu
35 40 45

Asp Phe Asp Glu Glu Glu Gly Gly Val Glu Glu Asn Ile Thr Ala Asp
50 55 60

Asp Leu Lys Leu Asp Glu Ile Ile Pro Asp Ser Ala Thr Val Pro Tyr
65 70 75 80

Asp Val Arg Asp Val Xaa Glu Cys Leu Thr Asp Asp Gly Glu Tyr Leu

85	90	95	
Glu Ile Gln Ala Xaa Arg Ala Glu Asn Val Val Ile Ala Phe Gly Arg			
100	105	110	
Ile Glu Gly Gln Ser Val Gly Phe Val Ala Asn Gln Pro Thr Gln Phe			
115	120	125	
Ala Gly Cys Leu Asp Ile Asp Ser Ser Glu Lys Ala Ala Arg Phe Val			
130	135	140	
Arg Thr Cys Asp Ala Phe Asn Ile Pro Ile Val Met Leu Val Asp Val			
145	150	155	160
Pro Gly Phe Leu			
<210> 219			
<211> 1671			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1648)			
<223> RXA02583			
<400> 219			
cagttgtcga tgaaccagaa atcggcacag tcggagctca tttgagtcgc cgcattgatg			60
agatttctcg gaagaattag taacggagag ctgacggaag ttg agt aac acc act			115
		Leu Ser Asn Thr Thr	
	1	5	
act gca gag aag cta gcg gat ctg cgc gca cgc ctg gag att gcc aaa			163
Thr Ala Glu Lys Leu Ala Asp Leu Arg Ala Arg Leu Glu Ile Ala Lys			
	10	15	20
gac cca ggt agt gaa cgc gca cgt aaa aag cgc gac gag gaa ggc cga			211
Asp Pro Gly Ser Glu Arg Ala Arg Lys Lys Arg Asp Glu Glu Gly Arg			
	25	30	35
acc acc cct cgt cag cgt att gat gct ctg ctt gat gcc gga tcc ttt			259
Thr Thr Pro Arg Gln Arg Ile Asp Ala Leu Leu Asp Ala Gly Ser Phe			
	40	45	50
gtg gag atc ggc gca cta ggc cgt acc ccg gat gaa ccc gat gcg cct			307
Val Glu Ile Gly Ala Leu Gly Arg Thr Pro Asp Glu Pro Asp Ala Pro			
	55	60	65
tac tct gac ggt gtg gtg act ggt tat ggt cgc atc gat ggt cgc cca			355
Tyr Ser Asp Gly Val Val Thr Gly Tyr Gly Arg Ile Asp Gly Arg Pro			
	70	75	80
gtg gcc atc tac gcc cat gac aag acc gtt tac ggt ggt tcc gtg ggc			403
Val Ala Ile Tyr Ala His Asp Lys Thr Val Tyr Gly Gly Ser Val Gly			

90	95	100	
atg act ttc gga cgt aaa gtc agc gaa gtc atg gac atg gct atc cgc			451
Met Thr Phe Gly Arg Lys Val Ser Glu Val Met Asp Met Ala Ile Arg			
105	110	115	
att ggt tgc cca gtt atc ggt att cag gat tcc ggc gga gcc cgc att			499
Ile Gly Cys Pro Val Ile Gly Ile Gln Asp Ser Gly Gly Ala Arg Ile			
120	125	130	
cag gat gcg gtg acc tcc ttg gcg atg tac tca gag atc gcg cgt cgt			547
Gln Asp Ala Val Thr Ser Leu Ala Met Tyr Ser Glu Ile Ala Arg Arg			
135	140	145	
cag ctt ccg ctg tct ggc cgc agc cct cag att tcc atc atg ctg ggt			595
Gln Leu Pro Leu Ser Gly Arg Ser Pro Gln Ile Ser Ile Met Leu Gly			
150	155	160	165
aaa tcg gca ggt ggc gca gtg tat gca cct gtg acc act gac ttt gtt			643
Lys Ser Ala Gly Gly Ala Val Tyr Ala Pro Val Thr Thr Asp Phe Val			
170	175	180	
atc ggc gtt gat ggt gaa aca gaa atg tat gtc acc ggc cca gcc gtg			691
Ile Gly Val Asp Gly Glu Thr Glu Met Tyr Val Thr Gly Pro Ala Val			
185	190	195	
atc aag gaa gtc acc ggc gag cag atc act tcc gca gac ctc ggt ggc			739
Ile Lys Glu Val Thr Gly Glu Gln Ile Thr Ser Ala Asp Leu Gly Gly			
200	205	210	
ggt gcg cag cag atg caa aac ggc aac att tcc tat ttg gcg tcc tct			787
Gly Ala Gln Gln Met Gln Asn Gly Asn Ile Ser Tyr Leu Ala Ser Ser			
215	220	225	
gaa gaa gag gcc ctg aat atg gtc aag gat ttg ctc gac ttc ctg cct			835
Glu Glu Glu Ala Leu Asn Met Val Lys Asp Leu Leu Asp Phe Leu Pro			
230	235	240	245
ttg acc tgc aat gat cca gcc cct gtg ttt gca gca cca acg gat gaa			883
Leu Thr Cys Asn Asp Pro Ala Pro Val Phe Ala Ala Pro Thr Asp Glu			
250	255	260	
gag atc gcc tac gac gaa gct ctg aac tcg ttc atg cct gac gac act			931
Glu Ile Ala Tyr Asp Glu Ala Leu Asn Ser Phe Met Pro Asp Asp Thr			
265	270	275	
aac cag ggc tac gac atg cat gac ctg ctg gac aag ctt ttc gac gac			979
Asn Gln Gly Tyr Asp Met His Asp Leu Leu Asp Lys Leu Phe Asp Asp			
280	285	290	
gcc aac ctg ctg gaa atc caa gag gag tac gcc ccc aac ctg atc act			1027
Ala Asn Leu Leu Glu Ile Gln Glu Glu Tyr Ala Pro Asn Leu Ile Thr			
295	300	305	
acc ttc gcc cgc gtt gat ggc aag gca gtc ggt gtg gtg gcc aac caa			1075

Thr Phe Ala Arg Val Asp Gly Lys Ala Val Gly Val Val Ala Asn Gln

310 315 320 325
cca atg gat aag gca ggc tgc atc gac gct gac gcc gcc gac aag ggc 1123
Pro Met Asp Lys Ala Gly Cys Ile Asp Ala Asp Ala Ala Asp Lys Gly

330 335 340
gcc cgc ttc atc cgt atc tgc gac gcc tac aac atc ccg atc atc ttc 1171
Ala Arg Phe Ile Arg Ile Cys Asp Ala Tyr Asn Ile Pro Ile Ile Phe

345 350 355
gtc gtg gac acc cct ggc tac ctg cct ggc gtg gac caa gag aag gtc 1219
Val Val Asp Thr Pro Gly Tyr Leu Pro Gly Val Asp Gln Glu Lys Val

360 365 370
ggc ttg att cac cgt ggc gca aag cta gcc ttc gca gtg gtg gaa tcg 1267
Gly Leu Ile His Arg Gly Ala Lys Leu Ala Phe Ala Val Val Glu Ser

375 380 385
acc gtc cct aag att tcc ttg atc gtg cgc aag gcc tac ggc gga gca 1315
Thr Val Pro Lys Ile Ser Leu Ile Val Arg Lys Ala Tyr Gly Gly Ala

390 395 400 405
tat gcc gtg atg ggt tcc aag aac ctc acc ggt gac ctc aac ttc gca 1363
Tyr Ala Val Met Gly Ser Lys Asn Leu Thr Gly Asp Leu Asn Phe Ala

410 415 420
tgg cca acc gca cag atc gcc gtg atg ggc gca gcc gca gct gtc gtg 1411
Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala Val Met Gly Ala Ala Ala Ala Val Val

425 430 435
atg atc cag ggc aag cag ctc gaa gcc gcc cca cct gag cag cgt gaa 1459
Met Ile Gln Gly Lys Gln Leu Glu Ala Ala Pro Pro Glu Gln Arg Glu

440 445 450
tac atg aag aaa ctg ttc atg gac ttc tac gat gag aac atg acc agc 1507
Tyr Met Lys Lys Leu Phe Met Asp Phe Tyr Asp Glu Asn Met Thr Ser

455 460 465
cca tat gtg gcc gcc gag cgt ggt tac atc gac gcc atg atc gaa cct 1555
Pro Tyr Val Ala Ala Glu Arg Gly Tyr Ile Asp Ala Met Ile Glu Pro

470 475 480 485
gca gag acc cgt ttg gtg ctt cgc cga gca gtc cgc cag ctg gaa acc 1603
Ala Glu Thr Arg Leu Val Leu Arg Arg Ala Val Arg Gln Leu Glu Thr

490 495 500
aag gct gtg cga gac ctc gac aag aag cac acg atc atg ccg atg 1648
Lys Ala Val Arg Asp Leu Asp Lys Lys His Thr Ile Met Pro Met

505 510 515
taacgtccaa agaattatcc aga 1671

<210> 220

<211> 516

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 220

Leu Ser Asn Thr Thr Thr Ala Glu Lys Leu Ala Asp Leu Arg Ala Arg
1 5 10 15

Leu Glu Ile Ala Lys Asp Pro Gly Ser Glu Arg Ala Arg Lys Lys Arg
20 25 30

Asp Glu Glu Gly Arg Thr Thr Pro Arg Gln Arg Ile Asp Ala Leu Leu
35 40 45

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

Glu Pro Asp Ala Pro Tyr Ser Asp Gly Val Val Thr Gly Tyr Gly Arg
65 70 75 80

Ile Asp Gly Arg Pro Val Ala Ile Tyr Ala His Asp Lys Thr Val Tyr
85 90 95

Gly Gly Ser Val Gly Met Thr Phe Gly Arg Lys Val Ser Glu Val Met
100 105 110

Asp Met Ala Ile Arg Ile Gly Cys Pro Val Ile Gly Ile Gln Asp Ser
115 120 125

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

Glu Ile Ala Arg Arg Gln Leu Pro Leu Ser Gly Arg Ser Pro Gln Ile
145 150 155 160

Ser Ile Met Leu Gly Lys Ser Ala Gly Gly Ala Val Tyr Ala Pro Val
165 170 175

Thr Thr Asp Phe Val Ile Gly Val Asp Gly Glu Thr Glu Met Tyr Val
180 185 190

Thr Gly Pro Ala Val Ile Lys Glu Val Thr Gly Glu Gln Ile Thr Ser
195 200 205

Ala Asp Leu Gly Gly Gly Ala Gln Gln Met Gln Asn Gly Asn Ile Ser
210 215 220

Tyr Leu Ala Ser Ser Glu Glu Ala Leu Asn Met Val Lys Asp Leu
225 230 235 240

Leu Asp Phe Leu Pro Leu Thr Cys Asn Asp Pro Ala Pro Val Phe Ala
245 250 255

Ala Pro Thr Asp Glu Glu Ile Ala Tyr Asp Glu Ala Leu Asn Ser Phe
260 265 270

Met Pro Asp Asp Thr Asn Gln Gly Tyr Asp Met His Asp Leu Leu Asp

275 280 285
 Lys Leu Phe Asp Asp Ala Asn Leu Leu Glu Ile Gln Glu Glu Tyr Ala
 290 295 300
 Pro Asn Leu Ile Thr Thr Phe Ala Arg Val Asp Gly Lys Ala Val Gly
 305 310 315 320
 Val Val Ala Asn Gln Pro Met Asp Lys Ala Gly Cys Ile Asp Ala Asp
 325 330 335
 Ala Ala Asp Lys Gly Ala Arg Phe Ile Arg Ile Cys Asp Ala Tyr Asn
 340 345 350
 Ile Pro Ile Ile Phe Val Val Asp Thr Pro Gly Tyr Leu Pro Gly Val
 355 360 365
 Asp Gln Glu Lys Val Gly Leu Ile His Arg Gly Ala Lys Leu Ala Phe
 370 375 380
 Ala Val Val Glu Ser Thr Val Pro Lys Ile Ser Leu Ile Val Arg Lys
 385 390 395 400
 Ala Tyr Gly Gly Ala Tyr Ala Val Met Gly Ser Lys Asn Leu Thr Gly
 405 410 415
 Asp Leu Asn Phe Ala Trp Pro Thr Ala Gln Ile Ala Val Met Gly Ala
 420 425 430
 Ala Ala Ala Val Val Met Ile Gln Gly Lys Gln Leu Glu Ala Ala Pro
 435 440 445
 Pro Glu Gln Arg Glu Tyr Met Lys Lys Leu Phe Met Asp Phe Tyr Asp
 450 455 460
 Glu Asn Met Thr Ser Pro Tyr Val Ala Ala Glu Arg Gly Tyr Ile Asp
 465 470 475 480
 Ala Met Ile Glu Pro Ala Glu Thr Arg Leu Val Leu Arg Arg Ala Val
 485 490 495
 Arg Gln Leu Glu Thr Lys Ala Val Arg Asp Leu Asp Lys Lys His Thr
 500 505 510
 Ile Met Pro Met
 515

<210> 221

<211> 1635

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1612)

<223> RXA00870

<400> 221

caagacggcg atgtcgccgc cgctgttgat accgcagcgc gacttgttca cacagatatt 60
caacaattca cttcgagag catttaagga atttacacac atg tct gaa cca caa 115
Met Ser Glu Pro Gln

1 5
acc atc tcg cac tgg att gac ggc gcg att tcc cca tcc act tcc ggc 163
Thr Ile Ser His Trp Ile Asp Gly Ala Ile Ser Pro Ser Thr Ser Gly

10 15 20
aag acc gct cct gtc tac aat cct gca act ggc cag gtc acc gcc aat 211
Lys Thr Ala Pro Val Tyr Asn Pro Ala Thr Gly Gln Val Thr Ala Asn

25 30 35
gtt gcg ctg gct agc cag gaa gag atc gat gcc acc atc gct tct gcc 259
Val Ala Leu Ala Ser Gln Glu Glu Ile Asp Ala Thr Ile Ala Ser Ala

40 45 50
acc aag gct gct aag acg tgg ggc aac ctg tct atc gct aag cgc caa 307
Thr Lys Ala Ala Lys Thr Trp Gly Asn Leu Ser Ile Ala Lys Arg Gln

55 60 65
gct gtg ctt ttc aac ttc cgt gag ctg ctg aat gct cgc aag ggt gag 355
Ala Val Leu Phe Asn Phe Arg Glu Leu Leu Asn Ala Arg Lys Gly Glu

70 75 80 85
ctg gcg gag atc atc act gca gag cac ggc aag gtc ttg tcc gat gcc 403
Leu Ala Glu Ile Ile Thr Ala Glu His Gly Lys Val Leu Ser Asp Ala

90 95 100
atg ggt gaa atc ctg cgc ggc cag gaa gtc gtg gag ctt gct acc ggt 451
Met Gly Glu Ile Leu Arg Gly Gln Glu Val Val Glu Leu Ala Thr Gly

105 110 115
ttc cca cac ctg ctt aaa ggt gcg ttc aac gag aac gtc tcc acc ggc 499
Phe Pro His Leu Leu Lys Gly Ala Phe Asn Glu Asn Val Ser Thr Gly

120 125 130
att gat gtg tat tcc ttg aag cag cca ctg ggt gtt gtc ggt atc atc 547
Ile Asp Val Tyr Ser Leu Lys Gln Pro Leu Gly Val Val Gly Ile Ile

135 140 145
agc ccg ttc aac ttc cct gcg atg gtg ccg atg tgg ttt ttc cca atc 595
Ser Pro Phe Asn Phe Pro Ala Met Val Pro Met Trp Phe Phe Pro Ile

150 155 160 165
gca atc gct gca ggc aac gca gtt att ttg aag cct tca gag aag gat 643
Ala Ile Ala Ala Gly Asn Ala Val Ile Leu Lys Pro Ser Glu Lys Asp

170 175 180
cct tcg gca gcg ctg tgg atg gct cag atc tgg aag gaa gct ggt ctt 691
Pro Ser Ala Ala Leu Trp Met Ala Gln Ile Trp Lys Glu Ala Gly Leu

185 190 195

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

acc aac gat ggt gga gcg gca cgc cgc ttc cag cat gag atc gaa gtg 1411
Thr Asn Asp Gly Gly Ala Ala Arg Arg Phe Gln His Glu Ile Glu Val

425 430 435
ggc atg atc ggc atc aac gta cca atc cca gtg cct gtt gcg tac cac 1459
Gly Met Ile Gly Ile Asn Val Pro Ile Pro Val Pro Val Ala Tyr His

440 445 450
tcc ttc ggt ggt tgg aag aac tcc ctc ttc ggt gac gcc aag gca tat 1507
Ser Phe Gly Gly Trp Lys Asn Ser Leu Phe Gly Asp Ala Lys Ala Tyr

455 460 465
ggc act caa ggt ttt gat ttc ttc acc agg gaa aag gcg atc acc agc 1555
Gly Thr Gln Gly Phe Asp Phe Phe Thr Arg Glu Lys Ala Ile Thr Ser

470 475 480 485
cgt tgg ctc gac cca gca acc cac ggt ggc att aac ctc ggt ttc cca 1603
Arg Trp Leu Asp Pro Ala Thr His Gly Gly Ile Asn Leu Gly Phe Pro

490 495 500
cag aac gat taattgaagg agagcacagg act 1635
Gln Asn Asp

<210> 222
<211> 504
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 222
Met Ser Glu Pro Gln Thr Ile Ser His Trp Ile Asp Gly Ala Ile Ser
1 5 10 15

Pro Ser Thr Ser Gly Lys Thr Ala Pro Val Tyr Asn Pro Ala Thr Gly
20 25 30

Gln Val Thr Ala Asn Val Ala Leu Ala Ser Gln Glu Glu Ile Asp Ala
35 40 45

Thr Ile Ala Ser Ala Thr Lys Ala Ala Lys Thr Trp Gly Asn Leu Ser
50 55 60

Ile Ala Lys Arg Gln Ala Val Leu Phe Asn Phe Arg Glu Leu Leu Asn
65 70 75 80

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

Val Leu Ser Asp Ala Met Gly Glu Ile Leu Arg Gly Gln Glu Val Val
100 105 110

Glu Leu Ala Thr Gly Phe Pro His Leu Leu Lys Gly Ala Phe Asn Glu
115 120 125

Asn Val Ser Thr Gly Ile Asp Val Tyr Ser Leu Lys Gln Pro Leu Gly
 130 135 140
 Val Val Gly Ile Ile Ser Pro Phe Asn Phe Pro Ala Met Val Pro Met
 145 150 155 160
 Trp Phe Phe Pro Ile Ala Ile Ala Ala Gly Asn Ala Val Ile Leu Lys
 165 170 175
 Pro Ser Glu Lys Asp Pro Ser Ala Ala Leu Trp Met Ala Gln Ile Trp
 180 185 190
 Lys Glu Ala Gly Leu Pro Asp Gly Val Phe Asn Val Leu Gln Gly Asp
 195 200 205
 Lys Leu Ala Val Asp Gly Leu Leu Asn Ser Pro Asp Val Ser Ala Ile
 210 215 220
 Ser Phe Val Gly Ser Thr Pro Ile Ala Lys Tyr Ile Tyr Glu Thr Ser
 225 230 235 240
 Ala Lys Asn Gly Lys Arg Val Gln Ala Leu Gly Gly Ala Lys Asn His
 245 250 255
 Met Leu Val Leu Pro Asp Ala Asp Leu Asp Leu Val Ala Asp Gln Ala
 260 265 270
 Ile Asn Ala Gly Tyr Gly Ala Ala Gly Glu Arg Cys Met Ala Val Ser
 275 280 285
 Val Val Leu Ala Ile Glu Ser Val Ala Asp Glu Leu Ile Glu Lys Ile
 290 295 300
 Lys Glu Arg Ile Asp Thr Leu Arg Ile Gly Asn Gly Ala Gly Asp Glu
 305 310 315 320
 Gln Gly Glu Pro His Leu Gly Pro Leu Ile Thr Asp Val His Arg Asp
 325 330 335
 Lys Val Ala Ser Tyr Val Asp Ile Ala Glu Ala Asp Gly Ala Lys Ile
 340 345 350
 Ile Val Asp Gly Arg Asn Cys Ala Val Asp Gly His Glu Glu Gly Phe
 355 360 365
 Phe Phe Gly Pro Thr Leu Ile Asp Asp Ile Pro Leu Thr Phe Arg Ala
 370 375 380
 Tyr Thr Glu Glu Ile Phe Gly Pro Val Leu Ser Val Val Arg Val Ala
 385 390 395 400
 Ser Phe Asp Glu Ala Ile Glu Leu Ile Asn Ser Gly Glu Phe Gly Asn
 405 410 415
 Gly Thr Ala Ile Phe Thr Asn Asp Gly Gly Ala Ala Arg Arg Phe Gln
 420 425 430
 His Glu Ile Glu Val Gly Met Ile Gly Ile Asn Val Pro Ile Pro Val

435 440 445

Pro Val Ala Tyr His Ser Phe Gly Gly Trp Lys Asn Ser Leu Phe Gly
450 455 460

Asp Ala Lys Ala Tyr Gly Thr Gln Gly Phe Asp Phe Phe Thr Arg Glu
465 470 475 480

Lys Ala Ile Thr Ser Arg Trp Leu Asp Pro Ala Thr His Gly Gly Ile
485 490 495

Asn Leu Gly Phe Pro Gln Asn Asp
500

<210> 223
<211> 1305
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1282)
<223> RXA01260

<400> 223
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 ctcgttgcc ctg 1305
His Met Ile Asn Phe

390

<210> 224

<211> 394

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 224

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> 225

<211> 294

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(271)

<223> RXA01261

<400> 225

gtgggtgttt ttcattttct tccactctaa aattaagtat ggaaaaccaa ccgcacccgg 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> 226

<211> 57

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 226

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> 227

<211> 555

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(532)

<223> RXA01136

<400> 227

ccctcgcaac accgacggta gcctcttgga aatggcgcgc atcgtgcgtg agctttcccg 60
ctaggacctg tctactgcct tcactttgtg cgaacaccgc atg acc ttg gat tac 115
Met Thr Leu Asp Tyr

1 5
ttc aag gca tcc ggc act gac tat gct ttg gga ttg gct gca gag tcg 163
Phe Lys Ala Ser Gly Thr Asp Tyr Ala Leu Gly Leu Ala Ala Glu Ser

10 15 20
gaa ggg gca cga cgc act ggt atc acc ggc atg gcg agt gca ttc aag 211
Glu Gly Ala Arg Arg Thr Gly Ile Thr Gly Met Ala Ser Ala Phe Lys

25 30 35
gag ttt gct ggt tgt ggt gag atc gac ctt gaa gca acc agg gta gaa 259
Glu Phe Ala Gly Cys Gly Glu Ile Asp Leu Glu Ala Thr Arg Val Glu

40 45 50
ggt ggc ctc aaa gtt agt gga aag ctt cgt tgg gct tcc aac ttg tgc 307
Gly Gly Leu Lys Val Ser Gly Lys Leu Arg Trp Ala Ser Asn Leu Cys

55 60 65
gaa gat cca gtg att gtg cct gct gca aag acc gca gag ggc tta caa 355
Glu Asp Pro Val Ile Val Pro Ala Ala Lys Thr Ala Glu Gly Leu Gln

70 75 80 85
cta ctg ttc gca ttg ggc gca gaa acc gaa ggt gtc acc ctc ggt tct 403
Leu Leu Phe Ala Leu Gly Ala Glu Thr Glu Gly Val Thr Leu Gly Ser

90 95 100
tca ctt gct cta ctc ggt ttg aac gca act gct tgc gct tgg gtg agc 451
Ser Leu Ala Leu Leu Gly Leu Asn Ala Thr Ala Cys Ala Trp Val Ser

105 110 115
ttt gag gat gtc ttc att cct ggg gct cag att cta agc cac gat ttc 499
Phe Glu Asp Val Phe Ile Pro Gly Ala Gln Ile Leu Ser His Asp Phe

120 125 130
ctt acc ttg tgg cat cgg tgc gcc caa cct tcg tgatcctacg gatctccgaa 552
Leu Thr Leu Trp His Arg Cys Ala Gln Pro Ser

135 140
tac 555

<210> 228

<211> 144

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 228

Met Thr Leu Asp Tyr Phe Lys Ala Ser Gly Thr Asp Tyr Ala Leu Gly

[illegible]

tgt gct acc cag tgg tct gga acc tac tgt gtc act gct tat gtt ggt	307
Cys Ala Thr Gln Trp Ser Gly Thr Tyr Cys Val Thr Ala Tyr Val Gly	
55 60 65	
cac att cac ttc act cgc cct att ccc tct ggc cac atg gtc gag gtg	355
His Ile His Phe Thr Arg Pro Ile Pro Ser Gly His Met Val Glu Val	
70 75 80 85	
cgt tcc cgc att gcg atg act ggc cgt tcc tcc atg cac atc gtg aat	403
Arg Ser Arg Ile Ala Met Thr Gly Arg Ser Ser Met His Ile Val Asn	
90 95 100	
gag gtg ctt tct gcg gat cct cgc gat ggc aac tac acc cgt gcg tgt	451
Glu Val Leu Ser Ala Asp Pro Arg Asp Gly Asn Tyr Thr Arg Ala Cys	
105 110 115	
gac tgc ttg gtt att ttc gtg gcg aag gac acc gca act ggt cgc gct	499
Asp Cys Leu Val Ile Phe Val Ala Lys Asp Thr Ala Thr Gly Arg Ala	
120 125 130	
acc cca gtt cct tca ttt acc cct aag aat gaa gaa gag cag cgc gtg	547
Thr Pro Val Pro Ser Phe Thr Pro Lys Asn Glu Glu Glu Gln Arg Val	
135 140 145	
ttg gaa gct gct aac tcc cgc atc ggg ctg cgc aag gct att gaa gcg	595
Leu Glu Ala Ala Asn Ser Arg Ile Gly Leu Arg Lys Ala Ile Glu Ala	
150 155 160 165	
gag atg gaa aag cag acg tac aac gga cct tct gag gcc cct cgt ttg	643
Glu Met Glu Lys Gln Thr Tyr Asn Gly Pro Ser Glu Ala Pro Arg Leu	
170 175 180	
att acc cgc ttc ttg gct aag cca aca gat atc aac tgg ggt ggc aag	691
Ile Thr Arg Phe Leu Ala Lys Pro Thr Asp Ile Asn Trp Gly Gly Lys	
185 190 195	
gtc cac ggt ggc act gcc atg gaa tgg atc gat gag gcg ggt gct gcg	739
Val His Gly Gly Thr Ala Met Glu Trp Ile Asp Glu Ala Gly Ala Ala	
200 205 210	
tgc acc atg gag tgg tct ggt aac cac acc gtt gcg gtt tat gct ggt	787
Cys Thr Met Glu Trp Ser Gly Asn His Thr Val Ala Val Tyr Ala Gly	
215 220 225	
ggt atc cgc ttc tac cag ccc att cag atc ggt gac ctc att gag gtg	835
Gly Ile Arg Phe Tyr Gln Pro Ile Gln Ile Gly Asp Leu Ile Glu Val	
230 235 240 245	
gac gcc cgc atg atg cgt acc gat aag cgt tcc atg cag atg tcc atc	883
Asp Ala Arg Met Met Arg Thr Asp Lys Arg Ser Met Gln Met Ser Ile	
250 255 260	
cac gtc cgt gcc ggt gat gct cac cgt ggc cgt gct gag cta gaa acc	931
His Val Arg Ala Gly Asp Ala His Arg Gly Arg Ala Glu Leu Glu Thr	
265 270 275	

gct att cac gca acg gtg acc tac tta gga att gat gtc gac gga gag 979
Ala Ile His Ala Thr Val Thr Tyr Leu Gly Ile Asp Val Asp Gly Glu

280 285 290
cct ttg cct gca cca cag ttt gtg cct cgt acc cct gag gat atc cag 1027
Pro Leu Pro Ala Pro Gln Phe Val Pro Arg Thr Pro Glu Asp Ile Gln

295 300 305
ttg gct gag cat gca aac atc ctg agg gat ctg cgt gct gat tac acc 1075
Leu Ala Glu His Ala Asn Ile Leu Arg Asp Leu Arg Ala Asp Tyr Thr

310 315 320 325
cca atg ccg ctg ttc cag cgc agg gtt cca ctg cag atc gac 1117
Pro Met Pro Leu Phe Gln Arg Arg Val Pro Leu Gln Ile Asp

330 335
tagttagacc cgaaaaagcc 1140

<210> 230
<211> 339
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 230
Met Ser Asp Asn Pro His Glu Asn Pro Arg Glu Asn Pro His Arg Ser
1 5 10 15
Pro Glu Val Val Leu Arg Phe Met Ala Ala Pro Thr Asp Val Leu Met
20 25 30
Ala Gly Ser His Gly Val Gly Gly Gly Arg Val Leu Glu Trp Ile Asp
35 40 45
Lys Ala Ala Tyr Ala Cys Ala Thr Gln Trp Ser Gly Thr Tyr Cys Val
50 55 60
Thr Ala Tyr Val Gly His Ile His Phe Thr Arg Pro Ile Pro Ser Gly
65 70 75 80
His Met Val Glu Val Arg Ser Arg Ile Ala Met Thr Gly Arg Ser Ser
85 90 95
Met His Ile Val Asn Glu Val Leu Ser Ala Asp Pro Arg Asp Gly Asn
100 105 110
Tyr Thr Arg Ala Cys Asp Cys Leu Val Ile Phe Val Ala Lys Asp Thr
115 120 125
Ala Thr Gly Arg Ala Thr Pro Val Pro Ser Phe Thr Pro Lys Asn Glu
130 135 140
Glu Glu Gln Arg Val Leu Glu Ala Ala Asn Ser Arg Ile Gly Leu Arg
145 150 155 160
Lys Ala Ile Glu Ala Glu Met Glu Lys Gln Thr Tyr Asn Gly Pro Ser

[illegible]

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

25 30 35
gtt ggc ggt ggc cga gtc ctg gaa tgg atc gat aag gct gct tat gct 259
Val Gly Gly Gly Arg Val Leu Glu Trp Ile Asp Lys Ala Ala Tyr Ala

40 45 50
tgt gct acc cac ggg tct gga acc tac tgc gtc act gct tat gtt ggt 307
Cys Ala Thr His Gly Ser Gly Thr Tyr Cys Val Thr Ala Tyr Val Gly

55 60 65
cac att 313
His Ile

70

<210> 232

<211> 71

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 232

Met Ser Asp Asn Pro His Glu Asn Pro Arg Glu Asn Pro His Arg Ser
1 5 10 15

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

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

Lys Ala Ala Tyr Ala Cys Ala Thr His Gly Ser Gly Thr Tyr Cys Val
50 55 60

Thr Ala Tyr Val Gly His Ile
65 70

<210> 233

<211> 802

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(802)

<223> RXA01580

<400> 233

cggtaaacgc ctcatataag tccaatgccca tgctcataac actaacagtt aaccgtgcgg 60
tcaactttgc tcctatcct taaaaagccc acagaaaagg atg tat aag aat atg 115
Met Tyr Lys Asn Met

	1	5	
cac att gtt gcc cat cgc ggt gcg gaa gat ctg cac ctc gaa aac acc			163
His Ile Val Ala His Arg Gly Ala Glu Asp Leu His Leu Glu Asn Thr			
	10	15	20
atg acc gct ttc cag gct gcc gcg ccc gct gac gct ttt gag ctg gat			211
Met Thr Ala Phe Gln Ala Ala Ala Pro Ala Asp Ala Phe Glu Leu Asp			
	25	30	35
atc cac gcc acc gct gac aat cag gtc gtc gtt atc cac gac cgc acc			259
Ile His Ala Thr Ala Asp Asn Gln Val Val Val Ile His Asp Arg Thr			
	40	45	50
gca gcg cgt gtt gcc gcg cca gat tcc ctg cac cgc gac acc ccg gtt			307
Ala Ala Arg Val Ala Ala Pro Asp Ser Leu His Arg Asp Thr Pro Val			
	55	60	65
gcg cgc tta agc gcc gcg caa atc aag gag ata acg ctt atc gac gga			355
Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gln Ile Lys Glu Ile Thr Leu Ile Asp Gly			
	70	75	80
tcc ccc gta cca acc ctg gag gaa gtt cta ctc cag acg agc ctg ccg			403
Ser Pro Val Pro Thr Leu Glu Glu Val Leu Leu Gln Thr Ser Leu Pro			
	90	95	100
atc caa gtg gaa atc aaa tct gcc ggt gca gtt cca gca gcc gca gca			451
Ile Gln Val Glu Ile Lys Ser Ala Gly Ala Val Pro Ala Ala Ala Ala			
	105	110	115
tta ttg cag aaa tac cca gag cac ctg gag cgc ctg ctg ttc atc agt			499
Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Glu His Leu Glu Arg Leu Leu Phe Ile Ser			
	120	125	130
ttc atc gat gca gca ctg gtg gaa atc gtg gat cga ctg cca gaa gct			547
Phe Ile Asp Ala Ala Leu Val Glu Ile Val Asp Arg Leu Pro Glu Ala			
	135	140	145
cgc gtg gga atc ttg cgc gat gcg tcc atg gat gat ctg cgc att ctt			595
Arg Val Gly Ile Leu Arg Asp Ala Ser Met Asp Asp Leu Arg Ile Leu			
	150	155	160
gat tac atc ccg cta aaa aat gtg ggc gcg atc ttg ccc tcg tgg aaa			643
Asp Tyr Ile Pro Leu Lys Asn Val Gly Ala Ile Leu Pro Ser Trp Lys			
	170	175	180
gca cta aac gtg gcg tca att gct gat cta cat acc aag gga atc aag			691
Ala Leu Asn Val Ala Ser Ile Ala Asp Leu His Thr Lys Gly Ile Lys			
	185	190	195
gtt ggc tgc tgg aca att cgg gat gaa aat gcg ttt ggg atc gca caa			739
Val Gly Cys Trp Thr Ile Arg Asp Glu Asn Ala Phe Gly Ile Ala Gln			
	200	205	210
caa gct ggc gtt gat tac ccc act gtt agc gat ccc tct cgt ttc tcg			787
Gln Ala Gly Val Asp Tyr Pro Thr Val Ser Asp Pro Ser Arg Phe Ser			

215 220 225 802
 cgc cct ccc ctg ctg
 Arg Pro Pro Leu Leu

230

<210> 234
 <211> 234
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 234
 Met Tyr Lys Asn Met His Ile Val Ala His Arg Gly Ala Glu Asp Leu
 1 5 10 15

His Leu Glu Asn Thr Met Thr Ala Phe Gln Ala Ala Ala Pro Ala Asp
 20 25 30

Ala Phe Glu Leu Asp Ile His Ala Thr Ala Asp Asn Gln Val Val Val
 35 40 45

Ile His Asp Arg Thr Ala Ala Arg Val Ala Ala Pro Asp Ser Leu His
 50 55 60

Arg Asp Thr Pro Val Ala Arg Leu Ser Ala Ala Gln Ile Lys Glu Ile
 65 70 75 80

Thr Leu Ile Asp Gly Ser Pro Val Pro Thr Leu Glu Glu Val Leu Leu
 85 90 95

Gln Thr Ser Leu Pro Ile Gln Val Glu Ile Lys Ser Ala Gly Ala Val
 100 105 110

Pro Ala Ala Ala Ala Leu Leu Gln Lys Tyr Pro Glu His Leu Glu Arg
 115 120 125

Leu Leu Phe Ile Ser Phe Ile Asp Ala Ala Leu Val Glu Ile Val Asp
 130 135 140

Arg Leu Pro Glu Ala Arg Val Gly Ile Leu Arg Asp Ala Ser Met Asp
 145 150 155 160

Asp Leu Arg Ile Leu Asp Tyr Ile Pro Leu Lys Asn Val Gly Ala Ile
 165 170 175

Leu Pro Ser Trp Lys Ala Leu Asn Val Ala Ser Ile Ala Asp Leu His
 180 185 190

Thr Lys Gly Ile Lys Val Gly Cys Trp Thr Ile Arg Asp Glu Asn Ala
 195 200 205

Phe Gly Ile Ala Gln Gln Ala Gly Val Asp Tyr Pro Thr Val Ser Asp
 210 215 220

Pro Ser Arg Phe Ser Arg Pro Pro Leu Leu

225 230

<210> 235
<211> 882
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(859)
<223> RXA02677

<400> 235
ttagtgcagt gtatttattt ccgttcacgc tgcggggctg gtggtttgga gggatactag 60
agtcgatagc aggtatataa aggccaggag agatgggttc atg aaa gtc atc gcg 115
Met Lys Val Ile Ala

1 5
cac cga ggt tta tcg tct cgc ttt ccc gaa tta aca gag tct gcg ttt 163
His Arg Gly Leu Ser Ser Arg Phe Pro Glu Leu Thr Glu Ser Ala Phe

10 15 20
cgg gcg gct cta gag cta ccg att cat gga att gaa act gat gtc cgg 211
Arg Ala Ala Leu Glu Leu Pro Ile His Gly Ile Glu Thr Asp Val Arg

25 30 35
ctg act aaa tgt ggc gaa gtg gtt aac gtc cat gac ccc att gtg gat 259
Leu Thr Lys Cys Gly Glu Val Val Asn Val His Asp Pro Ile Val Asp

40 45 50
cgc gtg tcg aat ggt cgc ggt cgg gtg tcg cgt ttg gac ttg gaa tcc 307
Arg Val Ser Asn Gly Arg Gly Arg Val Ser Arg Leu Asp Leu Glu Ser

55 60 65
ttg ctg agc ttg aac ttt gga acc aaa gaa acc cca gaa aaa gtg ctt 355
Leu Leu Ser Leu Asn Phe Gly Thr Lys Glu Thr Pro Glu Lys Val Leu

70 75 80 85
act tta aac aat cta tta gat att ttt gag gat tat cca gat aag cac 403
Thr Leu Asn Asn Leu Leu Asp Ile Phe Glu Asp Tyr Pro Asp Lys His

90 95 100
ctt tat ata gaa acc aag cac cca atg cgc tac gcg gtc atg ctg gaa 451
Leu Tyr Ile Glu Thr Lys His Pro Met Arg Tyr Ala Val Met Leu Glu

105 110 115
gaa gaa atc aca aaa atc tta aaa tat cgt ggg ctg acg gaa gac cca 499
Glu Glu Ile Thr Lys Ile Leu Lys Tyr Arg Gly Leu Thr Glu Asp Pro

120 125 130
cgc atc cac atc att tct ttt gca ctt ccc gcg atg tat cgc atg gct 547
Arg Ile His Ile Ile Ser Phe Ala Leu Pro Ala Met Tyr Arg Met Ala

135 140 145

cgc ctt gct cca cag ctt gat cgc att cat ctg cgc agg tgc tgg gag 595
Arg Leu Ala Pro Gln Leu Asp Arg Ile His Leu Arg Arg Ser Trp Glu

150 155 160 165
cgt tgg ggt aat ccg cgc gat gtg cgc tgc ggt gta ccc acc ggt ttg 643
Arg Trp Gly Asn Pro Arg Asp Val Arg Cys Gly Val Pro Thr Gly Leu

170 175 180
ggg ttg tgc ctg gag cgg gcg aag atg gat cca agg atg att ggg gcg 691
Gly Leu Ser Leu Glu Arg Ala Lys Met Asp Pro Arg Met Ile Gly Ala

185 190 195
aaa ggg tta ccc acc tat ctt ttc acc gtc gat aag caa aaa gac atg 739
Lys Gly Leu Pro Thr Tyr Leu Phe Thr Val Asp Lys Gln Lys Asp Met

200 205 210
ctg tgg gcg cgc gaa cag ggc gtc gac atg ctc gcc acc aat tat ccg 787
Leu Trp Ala Arg Glu Gln Gly Val Asp Met Leu Ala Thr Asn Tyr Pro

215 220 225
gac cgt gcg gcg gag ctt ttg aac gca cat ccc aag ccc gcc atg tac 835
Asp Arg Ala Ala Glu Leu Leu Asn Ala His Pro Lys Pro Ala Met Tyr

230 235 240 245
gct aat gcg cat ggc aaa gaa gac taagaagaat gaacagctgc cgg 882
Ala Asn Ala His Gly Lys Glu Asp

250

<210> 236
<211> 253
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 236
Met Lys Val Ile Ala His Arg Gly Leu Ser Ser Arg Phe Pro Glu Leu
1 5 10 15
Thr Glu Ser Ala Phe Arg Ala Ala Leu Glu Leu Pro Ile His Gly Ile
20 25 30
Glu Thr Asp Val Arg Leu Thr Lys Cys Gly Glu Val Val Asn Val His
35 40 45
Asp Pro Ile Val Asp Arg Val Ser Asn Gly Arg Gly Arg Val Ser Arg
50 55 60
Leu Asp Leu Glu Ser Leu Leu Ser Leu Asn Phe Gly Thr Lys Glu Thr
65 70 75 80
Pro Glu Lys Val Leu Thr Leu Asn Asn Leu Leu Asp Ile Phe Glu Asp
85 90 95
Tyr Pro Asp Lys His Leu Tyr Ile Glu Thr Lys His Pro Met Arg Tyr

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

<210> 237

<211> 1428

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1405)

<223> RXS01166

<400> 237

accgtaccca cagacacacc agaattaaca gaaacagact gaaaaacaac atcgctcgac 60
atgcgcgtaa tcctaaccgc cgcacactaa tgtggccgat atg ggc tac acc aac 115
Met Gly Tyr Thr Asn

1 5
ctc aac gac aca cgg gtc ttg cgc gcc ggg tca tgt gat gcc tgg tgg 163
Leu Asn Asp Thr Arg Val Leu Arg Ala Gly Ser Cys Asp Ala Trp Trp

10 15 20
cgc acg atg tct ccg cta gtg cag cag gga agt gag gca gtc ttt cgg 211
Arg Thr Met Ser Pro Leu Val Gln Gln Gly Ser Glu Ala Val Phe Arg

25 30 35
cgc atc atg ggt ctc tcg cgg cgt cct gat cgg aaa cct ggc ttt gac 259

Arg Ile Met Gly Leu Ser Arg Arg Pro Asp Arg Lys Pro Gly Phe Asp

40 45 50
gat gtc cca cat ttc ggc gca gct gtt cga gtt ccc ggt cta aaa cac 307
Asp Val Pro His Phe Gly Ala Ala Val Arg Val Pro Gly Leu Lys His

55 60 65
ggc acg ttg gtc aat gct gca ccc ttg aaa gtt ttg ggc gca cgg ggc 355
Gly Thr Leu Val Asn Ala Ala Pro Leu Lys Val Leu Gly Ala Arg Gly

70 75 80 85
gag ccc aac ccc gcg agt tcg tac cgt ttt gaa tac atc acc ggt gat 403
Glu Pro Asn Pro Ala Ser Ser Tyr Arg Phe Glu Tyr Ile Thr Gly Asp

90 95 100
tcc gca ggt cga gcc atc act gcg acc ggc gct gtc ctc ttt tcc aca 451
Ser Ala Gly Arg Ala Ile Thr Ala Thr Gly Ala Val Leu Phe Ser Thr

105 110 115
cgc ccc tgg aca acc ggc ccg cgt ccc gcg atc gcc atg gct cca tcc 499
Arg Pro Trp Thr Thr Gly Pro Arg Pro Ala Ile Ala Met Ala Pro Ser

120 125 130
acc caa ggc gtc gca cag cac tgc gat ccc tcc cac acc tgc gcc atc 547
Thr Gln Gly Val Ala Gln His Cys Asp Pro Ser His Thr Cys Ala Ile

135 140 145
gga ctc aac gca ttc tat gac aaa ccc ttc gac gca atc att gct tac 595
Gly Leu Asn Ala Phe Tyr Asp Lys Pro Phe Asp Ala Ile Ile Ala Tyr

150 155 160 165
gaa ctc ccc gtc atc ctc tgg ttt cta gct cac gga ctt gac gtt gtg 643
Glu Leu Pro Val Ile Leu Trp Phe Leu Ala His Gly Leu Asp Val Val

170 175 180
ttc atc gat tac ccc cgc gac ccc gca acc ggc gtc caa tac tat tgc 691
Phe Ile Asp Tyr Pro Arg Asp Pro Ala Thr Gly Val Gln Tyr Tyr Cys

185 190 195
gat tcc atc gct gca gct aaa tcg ctt ctc gac gcc gtc ctc gcc tcc 739
Asp Ser Ile Ala Ala Ala Lys Ser Leu Leu Asp Ala Val Leu Ala Ser

200 205 210
aga caa ctc ggc ctt tca ccg gaa gca ccg ctt ggc ctg tgg gga ttc 787
Arg Gln Leu Gly Leu Ser Pro Glu Ala Pro Leu Gly Leu Trp Gly Phe

215 220 225
tcc caa gga ggc ggc gcc act ggc tgg gct gca caa ttg cag gat tac 835
Ser Gln Gly Gly Gly Ala Thr Gly Trp Ala Ala Gln Leu Gln Asp Tyr

230 235 240 245
gca cct gat gtc cgc cca aag gca gcg gtc gtg ggc gct cca cca gtg 883
Ala Pro Asp Val Arg Pro Lys Ala Ala Val Val Gly Ala Pro Pro Val

250 255 260
gat ctc ttc cgc gtc ttg gac act gtc gac ggc gga ttg ctc acc gga 931

Asp Leu Phe Arg Val Leu Asp Thr Val Asp Gly Gly Leu Leu Thr Gly

265 270 275
gtg att gcc tac gcc atc gcg gga ctt gca gtg aac tct tca gag atg 979
Val Ile Ala Tyr Ala Ile Ala Gly Leu Ala Val Asn Ser Ser Glu Met

280 285 290
ttt gag gaa atc atg tcg gtg tta aat gaa cgc gga gtc agt gat gtg 1027
Phe Glu Glu Ile Met Ser Val Leu Asn Glu Arg Gly Val Ser Asp Val

295 300 305
ctg aaa aat atc acc agc tgc gcg gga ggt tcc ttg ttg gcc agt ggc 1075
Leu Lys Asn Ile Thr Ser Cys Ala Gly Gly Ser Leu Leu Ala Ser Gly

310 315 320 325
tac tcg tct tcc cgc ggg tgg aca cat cag ggc acg ccg ctg gca gac 1123
Tyr Ser Ser Ser Arg Gly Trp Thr His Gln Gly Thr Pro Leu Ala Asp

330 335 340
att ctg gac gat ctg cca ctt gtt gtc gct gag ttt ggg aag caa aag 1171
Ile Leu Asp Asp Leu Pro Leu Val Val Ala Glu Phe Gly Lys Gln Lys

345 350 355
ctg ggt cgt gtg gcg cca gaa atc cca gtg ctg ttg tgg ggc tct aaa 1219
Leu Gly Arg Val Ala Pro Glu Ile Pro Val Leu Leu Trp Gly Ser Lys

360 365 370
aat gat gat gtc att ccc att gat ccc att agg gaa ttg cgt gat agc 1267
Asn Asp Asp Val Ile Pro Ile Asp Pro Ile Arg Glu Leu Arg Asp Ser

375 380 385
tgg gcg gac aag ggt acg cca ttg acc tgg cat gaa tcc caa gcg ccg 1315
Trp Ala Asp Lys Gly Thr Pro Leu Thr Trp His Glu Ser Gln Ala Pro

390 395 400 405
cgt gtg cca gga cgc aca ggt ctc aac cat ttc ggg ccc tat ttt aga 1363
Arg Val Pro Gly Arg Thr Gly Leu Asn His Phe Gly Pro Tyr Phe Arg

410 415 420
aac ctg gaa aag tac tcg gga tgg ctc ata gat cat ctt gtc 1405
Asn Leu Glu Lys Tyr Ser Gly Trp Leu Ile Asp His Leu Val

425 430 435
tgagtgccgt tttaaagct cgg 1428

<210> 238
<211> 435
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 238
Met Gly Tyr Thr Asn Leu Asn Asp Thr Arg Val Leu Arg Ala Gly Ser
1 5 10 15

Cys Asp Ala Trp Trp Arg Thr Met Ser Pro Leu Val Gln Gln Gly Ser
 20 25 30
 Glu Ala Val Phe Arg Arg Ile Met Gly Leu Ser Arg Arg Pro Asp Arg
 35 40 45
 Lys Pro Gly Phe Asp Asp Val Pro His Phe Gly Ala Ala Val Arg Val
 50 55 60
 Pro Gly Leu Lys His Gly Thr Leu Val Asn Ala Ala Pro Leu Lys Val
 65 70 75 80
 Leu Gly Ala Arg Gly Glu Pro Asn Pro Ala Ser Ser Tyr Arg Phe Glu
 85 90 95
 Tyr Ile Thr Gly Asp Ser Ala Gly Arg Ala Ile Thr Ala Thr Gly Ala
 100 105 110
 Val Leu Phe Ser Thr Arg Pro Trp Thr Thr Gly Pro Arg Pro Ala Ile
 115 120 125
 Ala Met Ala Pro Ser Thr Gln Gly Val Ala Gln His Cys Asp Pro Ser
 130 135 140
 His Thr Cys Ala Ile Gly Leu Asn Ala Phe Tyr Asp Lys Pro Phe Asp
 145 150 155 160
 Ala Ile Ile Ala Tyr Glu Leu Pro Val Ile Leu Trp Phe Leu Ala His
 165 170 175
 Gly Leu Asp Val Val Phe Ile Asp Tyr Pro Arg Asp Pro Ala Thr Gly
 180 185 190
 Val Gln Tyr Tyr Cys Asp Ser Ile Ala Ala Ala Lys Ser Leu Leu Asp
 195 200 205
 Ala Val Leu Ala Ser Arg Gln Leu Gly Leu Ser Pro Glu Ala Pro Leu
 210 215 220
 Gly Leu Trp Gly Phe Ser Gln Gly Gly Gly Ala Thr Gly Trp Ala Ala
 225 230 235 240
 Gln Leu Gln Asp Tyr Ala Pro Asp Val Arg Pro Lys Ala Ala Val Val
 245 250 255
 Gly Ala Pro Pro Val Asp Leu Phe Arg Val Leu Asp Thr Val Asp Gly
 260 265 270
 Gly Leu Leu Thr Gly Val Ile Ala Tyr Ala Ile Ala Gly Leu Ala Val
 275 280 285
 Asn Ser Ser Glu Met Phe Glu Glu Ile Met Ser Val Leu Asn Glu Arg
 290 295 300
 Gly Val Ser Asp Val Leu Lys Asn Ile Thr Ser Cys Ala Gly Gly Ser
 305 310 315 320
 Leu Leu Ala Ser Gly Tyr Ser Ser Ser Arg Gly Trp Thr His Gln Gly

325 330 335
 Thr Pro Leu Ala Asp Ile Leu Asp Asp Leu Pro Leu Val Val Ala Glu
 340 345 350
 Phe Gly Lys Gln Lys Leu Gly Arg Val Ala Pro Glu Ile Pro Val Leu
 355 360 365
 Leu Trp Gly Ser Lys Asn Asp Asp Val Ile Pro Ile Asp Pro Ile Arg
 370 375 380
 Glu Leu Arg Asp Ser Trp Ala Asp Lys Gly Thr Pro Leu Thr Trp His
 385 390 395 400
 Glu Ser Gln Ala Pro Arg Val Pro Gly Arg Thr Gly Leu Asn His Phe
 405 410 415
 Gly Pro Tyr Phe Arg Asn Leu Glu Lys Tyr Ser Gly Trp Leu Ile Asp
 420 425 430
 His Leu Val
 435
 <210> 239
 <211> 690
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(667)
 <223> RXA00875

 <400> 239
 caatttggcg gcgctgctgg gtgatcgagg gccggttggt ccgggtgtga ttggtgactg 60
 ggtgaggggc taacgaaca atgtgtctaa gcttaggggc atg act act gag gtt 115
 Met Thr Thr Glu Val

 1 5
 gaa ctg gtt gtt tta gct gat tcc gag ggc aat cct att ggt act gcg 163
 Glu Leu Val Val Leu Ala Asp Ser Glu Gly Asn Pro Ile Gly Thr Ala

 10 15 20
 ccg aaa gct acg gtg cac act aag gac acg cct ctg cat ttc gcg ttt 211
 Pro Lys Ala Thr Val His Thr Lys Asp Thr Pro Leu His Phe Ala Phe

 25 30 35
 tcc acc tat att ttg aac ccg cgt ggg gag ctg ttg gtg acg cgt cgt 259
 Ser Thr Tyr Ile Leu Asn Pro Arg Gly Glu Leu Leu Val Thr Arg Arg

 40 45 50
 gca ttg tcg aag aag aca tgg cct ggt gtg tgg acg aac tct atg tgt 307
 Ala Leu Ser Lys Lys Thr Trp Pro Gly Val Trp Thr Asn Ser Met Cys

 55 60 65

ggg cac cct ggt ccg gat gag aca aac gcg gat gcg att cgt cgc agg 355
 Gly His Pro Gly Pro Asp Glu Thr Asn Ala Asp Ala Ile Arg Arg Arg

 70 75 80 85
 ggt gtc gat gag ttg ggg ctg gag gta gat tct ttc ttg gat att caa 403
 Gly Val Asp Glu Leu Gly Leu Glu Val Asp Ser Phe Leu Asp Ile Gln

 90 95 100
 gag att ctg cct gat tac cag tac cgt gct gtc gac gcg tcc ggc att 451
 Glu Ile Leu Pro Asp Tyr Gln Tyr Arg Ala Val Asp Ala Ser Gly Ile

 105 110 115
 gtg gag tgg gag ttg tgc ccg gtc cac ctc gtg cgt tta gcg gtg ggg 499
 Val Glu Trp Glu Leu Cys Pro Val His Leu Val Arg Leu Ala Val Gly

 120 125 130
 gaa ttt gtg gag cca ctg gat gat gag gtg gag gag ttc gag tgg gcg 547
 Glu Phe Val Glu Pro Leu Asp Asp Glu Val Glu Glu Phe Glu Trp Ala

 135 140 145
 gaa ccg cag aag ctt ttc gac gct gtt gat gcc aca cca ttt gtg ttt 595
 Glu Pro Gln Lys Leu Phe Asp Ala Val Asp Ala Thr Pro Phe Val Phe

 150 155 160 165
 tct cca tgg cta gtg gat cag ctt agc gcc cct gag ctg cgc caa gcc 643
 Ser Pro Trp Leu Val Asp Gln Leu Ser Ala Pro Glu Leu Arg Gln Ala

 170 175 180
 atc ctg gaa gcg ttt gac gca gag taactaacta gtctagaagc ctt 690
 Ile Leu Glu Ala Phe Asp Ala Glu

185

<210> 240
 <211> 189
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 240
 Met Thr Thr Glu Val Glu Leu Val Val Leu Ala Asp Ser Glu Gly Asn
 1 5 10 15

 Pro Ile Gly Thr Ala Pro Lys Ala Thr Val His Thr Lys Asp Thr Pro
 20 25 30

 Leu His Phe Ala Phe Ser Thr Tyr Ile Leu Asn Pro Arg Gly Glu Leu
 35 40 45

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

 Thr Asn Ser Met Cys Gly His Pro Gly Pro Asp Glu Thr Asn Ala Asp
 65 70 75 80

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

85	90	95	
Phe Leu Asp Ile Gln Glu Ile Leu Pro Asp Tyr Gln Tyr Arg Ala Val			
100	105	110	
Asp Ala Ser Gly Ile Val Glu Trp Glu Leu Cys Pro Val His Leu Val			
115	120	125	
Arg Leu Ala Val Gly Glu Phe Val Glu Pro Leu Asp Asp Glu Val Glu			
130	135	140	
Glu Phe Glu Trp Ala Glu Pro Gln Lys Leu Phe Asp Ala Val Asp Ala			
145	150	155	160
Thr Pro Phe Val Phe Ser Pro Trp Leu Val Asp Gln Leu Ser Ala Pro			
165	170	175	
Glu Leu Arg Gln Ala Ile Leu Glu Ala Phe Asp Ala Glu			
180	185		
<210> 241			
<211> 1308			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1285)			
<223> RXA01292			
<400> 241			
tccgctcccc tcgaagactt aaaaaacggg cgggattttg tgccgtcttt aaaaaagcca	60		
gcctggcaac caagcaatg tggaagaag tgtttcaaaa atg aca aaa gca gtg	115		
	Met Thr Lys Ala Val		
	1	5	
gtc atc ggc ggg gga cta gca gga cta gcc acc acc gca ctg ctc tta	163		
Val Ile Gly Gly Gly Leu Ala Gly Leu Ala Thr Thr Ala Leu Leu Leu			
	10	15	20
cgc gaa gga tat gaa gtc cac ctc gtc gaa caa aac gag cac ctc ggc	211		
Arg Glu Gly Tyr Glu Val His Leu Val Glu Gln Asn Glu His Leu Gly			
	25	30	35
ggc cgc gcc ggg acc ttc gaa ctc gac ggc ttc cgc tgg gac acc ggc	259		
Gly Arg Ala Gly Thr Phe Glu Leu Asp Gly Phe Arg Trp Asp Thr Gly			
	40	45	50
ccc agc tgg tac ctc atg ccc gac gcc atg tcc cac ttc ttt aag ctc	307		
Pro Ser Trp Tyr Leu Met Pro Asp Ala Met Ser His Phe Phe Lys Leu			
	55	60	65
tgc ggc acc tcc atc gac gac cac ctc gac ctc gtg cca ctt gaa ccc	355		
Cys Gly Thr Ser Ile Asp Asp His Leu Asp Leu Val Pro Leu Glu Pro			

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

295 300 305
 ttg gca ggc gtg aag ggg gag cac acc ctg ctt ttt cct ccg act ggg 1075
 Leu Ala Gly Val Lys Gly Glu His Thr Leu Leu Phe Pro Pro Thr Gly

310 315 320 325
 acg aag att tcc gca aag ttt tcg acg gct cca ccc cag aat tcc cgg 1123
 Thr Lys Ile Ser Ala Lys Phe Ser Thr Ala Pro Pro Gln Asn Ser Arg

330 335 340
 ctt cag aat cca tct aga tct cca aga cct ccg caa cag att ccg atg 1171
 Leu Gln Asn Pro Ser Arg Ser Pro Arg Pro Pro Gln Gln Ile Pro Met

345 350 355
 ccg cac ccg aag gcc acg aga acc tct tca tcc tgg tcc cag tac ccg 1219
 Pro His Pro Lys Ala Thr Arg Thr Ser Ser Ser Trp Ser Gln Tyr Pro

360 365 370
 ccg atg tct cca ttg gtc acg ggt ccg ctt acg gag aag aat ctg aca 1267
 Pro Met Ser Pro Leu Val Thr Gly Pro Leu Thr Glu Lys Asn Leu Thr

375 380 385
 tgg tgg gcc gga tcg caa tagcagcagt ggctcaaatt ggg 1308
 Trp Trp Ala Gly Ser Gln

390 395

<210> 242

<211> 395

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 242

Met Thr Lys Ala Val Val Ile Gly Gly Gly Leu Ala Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

Thr Ala Leu Leu Leu Arg Glu Gly Tyr Glu Val His Leu Val Glu Gln
 20 25 30

Asn Glu His Leu Gly Gly Arg Ala Gly Thr Phe Glu Leu Asp Gly Phe
 35 40 45

Arg Trp Asp Thr Gly Pro Ser Trp Tyr Leu Met Pro Asp Ala Met Ser
 50 55 60

His Phe Phe Lys Leu Cys Gly Thr Ser Ile Asp Asp His Leu Asp Leu
 65 70 75 80

Val Pro Leu Glu Pro Ala Tyr Arg Val Ile Asp Asp His Gly Glu Phe
 85 90 95

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

Arg Glu Pro Gly Ala Gly Ala Lys Leu Arg Thr Tyr Ile Asp Ser Ala
 115 120 125

Thr Gln Val Tyr Asn Leu Ala Ile Asp Gly Phe Leu Tyr Thr Asn Phe
130 135 140

Thr Asn Phe Ile Pro Tyr Leu Ser Pro Gly Met Leu Arg Leu Leu Pro
145 150 155 160

Lys Leu Leu Ala Ser Leu Ser Thr Ser Leu Lys Val Lys Val Asn Thr
165 170 175

Gln Phe Arg Asp Thr Lys Leu Arg Gln Ile Leu Ser Tyr Pro Ala Val
180 185 190

Phe Leu Ser Ser Asp Pro Ser His Thr Pro Ala Leu Tyr His Leu Met
195 200 205

Ser His Thr Asp Leu Val Gln Gly Val Ser Tyr Pro Arg Gly Gly Phe
210 215 220

Thr Ala Phe Ile Lys Ala Leu Ile Ser Leu Ile Asp Asp Ala Val Leu
225 230 235 240

His Leu Gly Thr Pro Val Ser Ala Ile Thr Thr Gln Gly Arg Asn Ala
245 250 255

Thr Gly Val Gln Val Gly Ser Glu Phe Ile Glu Ala Asp Ile Val Ile
260 265 270

Ser Cys Ala Asp Gln His His Thr Glu Thr Gln Leu Leu Pro Ala Ser
275 280 285

Leu Cys Ala Lys Pro Glu Thr Ser Trp Lys Asn Lys Gln Pro Gly Leu
290 295 300

Ser Thr Val Leu Val Leu Ala Gly Val Lys Gly Glu His Thr Leu Leu
305 310 315 320

Phe Pro Pro Thr Gly Thr Lys Ile Ser Ala Lys Phe Ser Thr Ala Pro
325 330 335

Pro Gln Asn Ser Arg Leu Gln Asn Pro Ser Arg Ser Pro Arg Pro Pro
340 345 350

Gln Gln Ile Pro Met Pro His Pro Lys Ala Thr Arg Thr Ser Ser Ser
355 360 365

Trp Ser Gln Tyr Pro Pro Met Ser Pro Leu Val Thr Gly Pro Leu Thr
370 375 380

Glu Lys Asn Leu Thr Trp Trp Ala Gly Ser Gln
385 390 395

<210> 243
<211> 450
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS

<222> (101)..(427)

<223> RXA01293

<400> 243

cgatgccgca cccgaaggcc acgagaacct cttcatcctg gtccagtagc ccgccgatgt 60
ctccattggt caccgggtccg cttacggaga agaattctgac atg gtg ggc cgg atc 115
Met Val Gly Arg Ile

1 5
gca ata gca gca gtg gct caa att ggg cga tgg gct ggc att gat ggt 163
Ala Ile Ala Ala Val Ala Gln Ile Gly Arg Trp Ala Gly Ile Asp Gly

10 15 20
ttg gaa agc cgc att gtt gtg cag cgc acc atc ggc cct gcc gac ttc 211
Leu Glu Ser Arg Ile Val Val Gln Arg Thr Ile Gly Pro Ala Asp Phe

25 30 35
gca gac cga tac aac tcc tgg agc ggc ggg tcc att ggc ccc tca cac 259
Ala Asp Arg Tyr Asn Ser Trp Ser Gly Gly Ser Ile Gly Pro Ser His

40 45 50
acc ctg gca caa tcg gcg ttc ttt agg ggt tct aac aaa tcc cgc aaa 307
Thr Leu Ala Gln Ser Ala Phe Phe Arg Gly Ser Asn Lys Ser Arg Lys

55 60 65
gta gat ggc ctg tat gac gca ggt gac acc aca gtt cca ggg gtg ggc 355
Val Asp Gly Leu Tyr Asp Ala Gly Asp Thr Thr Val Pro Gly Val Gly

70 75 80 85
gta tct atg tgt ttg atc tct gca gaa aac gtg ctc aag cgt ctc cgc 403
Val Ser Met Cys Leu Ile Ser Ala Glu Asn Val Leu Lys Arg Leu Arg

90 95 100
ggg gac aac agt gtg gat cgg act taacgggact tttttctttt gct 450
Gly Asp Asn Ser Val Asp Arg Thr

105

<210> 244

<211> 109

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 244

Met Val Gly Arg Ile Ala Ile Ala Ala Val Ala Gln Ile Gly Arg Trp
1 5 10 15

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

Gly Pro Ala Asp Phe Ala Asp Arg Tyr Asn Ser Trp Ser Gly Gly Ser
35 40 45

Ile Gly Pro Ser His Thr Leu Ala Gln Ser Ala Phe Phe Arg Gly Ser
50 55 60

Asn Lys Ser Arg Lys Val Asp Gly Leu Tyr Asp Ala Gly Asp Thr Thr
65 70 75 80

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

Leu Lys Arg Leu Arg Gly Asp Asn Ser Val Asp Arg Thr
100 105

<210> 245

<211> 1386

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1363)

<223> RXA02310

<400> 245

gaaatggaca aaaagctttt tgtttaaccg tagtcgacgg aaggcacttg aagcaccttg 60
ggttagtctt cttgctctcc ggactgagac aatggggttt gtg tct aca act ttt 115
Val Ser Thr Thr Phe

1 5
gat gtg ttg atc atc ggc gcg ggc ccc tca ggt gcc agc gcc gcc gtc 163
Asp Val Leu Ile Ile Gly Ala Gly Pro Ser Gly Ala Ser Ala Ala Val

10 15 20
cat gcg gcc agg act ggg ctt caa aca ttg ctt atc gac gcc tcc tcc 211
His Ala Ala Arg Thr Gly Leu Gln Thr Leu Leu Ile Asp Ala Ser Ser

25 30 35
ttc ccg cgg gat aaa acg tgt ggc gat ggc ctt act ccc cgt gcg att 259
Phe Pro Arg Asp Lys Thr Cys Gly Asp Gly Leu Thr Pro Arg Ala Ile

40 45 50
cac cag cta gaa ctt cta ggt gtt gct gat cag gtt acc ggg gat tat 307
His Gln Leu Glu Leu Leu Gly Val Ala Asp Gln Val Thr Gly Asp Tyr

55 60 65
ttc aac aag ggc ttg aaa ctg cat ggt ttt ggt ggc tct gtt gag gcg 355
Phe Asn Lys Gly Leu Lys Leu His Gly Phe Gly Gly Ser Val Glu Ala

70 75 80 85
ccg tgg ccg gag aca tat ttc acg aat aag ggt tcc gcg atg tcg cgg 403
Pro Trp Pro Glu Thr Tyr Phe Thr Asn Lys Gly Ser Ala Met Ser Arg

90 95 100
atg gag ttc gat gat ttg tta ttc cgc ttg gca aaa tct cat gag gaa 451
Met Glu Phe Asp Asp Leu Leu Phe Arg Leu Ala Lys Ser His Glu Glu

105	110	115	
gta acc acg tgg gag aac gcg agc gcc caa gac ccc att ttg agg ggg	499		
Val Thr Thr Trp Glu Asn Ala Ser Ala Gln Asp Pro Ile Leu Arg Gly			
120	125	130	
aat ttc ttg gaa ggc gtt gtg att aat cac gca ggg caa gag aaa acc	547		
Asn Phe Leu Glu Gly Val Val Ile Asn His Ala Gly Gln Glu Lys Thr			
135	140	145	
gtc aag gcg aag cat gtg att att gcc gat ggt gtc cgc tcc cct ttc	595		
Val Lys Ala Lys His Val Ile Ile Ala Asp Gly Val Arg Ser Pro Phe			
150	155	160	165
ggt aag aaa ctg ggt agg cag tgg caa cgc gat gag gtg tat ggc att	643		
Gly Lys Lys Leu Gly Arg Gln Trp Gln Arg Asp Glu Val Tyr Gly Ile			
170	175	180	
gcg gct cgt gct tat tgt gaa act ccg ctg tct gat gaa ccg tgg att	691		
Ala Ala Arg Ala Tyr Cys Glu Thr Pro Leu Ser Asp Glu Pro Trp Ile			
185	190	195	
cac tcc cat gtg gaa ctg cgc gat gaa gat ggt gtg gtg cag cca gga	739		
His Ser His Val Glu Leu Arg Asp Glu Asp Gly Val Val Gln Pro Gly			
200	205	210	
tat ggg tgg att ttc ccg ctg ggc aac ggc acg gtg aat ttg ggt tgt	787		
Tyr Gly Trp Ile Phe Pro Leu Gly Asn Gly Thr Val Asn Leu Gly Cys			
215	220	225	
ggc gcg ctc tcg acg gat acg aga cca gcg aag atc aat acg aag aaa	835		
Gly Ala Leu Ser Thr Asp Thr Arg Pro Ala Lys Ile Asn Thr Lys Lys			
230	235	240	245
ttg ttg agc ttc tat gcg ggt cag cgt cgt aaa gca tgg caa ctc ggg	883		
Leu Leu Ser Phe Tyr Ala Gly Gln Arg Arg Lys Ala Trp Gln Leu Gly			
250	255	260	
ccc gag cac gac gtc gcc tct gcc ctg ctg cct atg ggc ggc gcg gtg	931		
Pro Glu His Asp Val Ala Ser Ala Leu Leu Pro Met Gly Gly Ala Val			
265	270	275	
tcg aat gtg gct ggc gcg aac tgg atg ctg atc ggc gat tcc gcc gcg	979		
Ser Asn Val Ala Gly Ala Asn Trp Met Leu Ile Gly Asp Ser Ala Ala			
280	285	290	
tgt gtg aac ccg ctg aac ggc gaa ggc atc gac tat ggc ctg gaa acc	1027		
Cys Val Asn Pro Leu Asn Gly Glu Gly Ile Asp Tyr Gly Leu Glu Thr			
295	300	305	
gcg gcg atg gcc gtc gac acg ctt gtg gaa aac ccc aag cgc gat ttg	1075		
Ala Ala Met Ala Val Asp Thr Leu Val Glu Asn Pro Lys Arg Asp Leu			
310	315	320	325
acc ttg gta tgg cca cat agg ttg cgc gac gcg tac ggc gag acc ttc	1123		
Thr Leu Val Trp Pro His Arg Leu Arg Asp Ala Tyr Gly Glu Thr Phe			

```

          330          335          340
atg ttg gcg cgc acg gct gct cga ctg ctg acg tac ccg cag ttt ttg 1171
Met Leu Ala Arg Thr Ala Ala Arg Leu Leu Thr Tyr Pro Gln Phe Leu

          345          350          355
ccg atg gct ggg ccg ctc gca ttc cgc ggg ccg ctg caa aag gcc atc 1219
Pro Met Ala Gly Pro Leu Ala Phe Arg Gly Pro Leu Gln Lys Ala Ile

          360          365          370
atg ccg gcg gct gcg cgt ttg atg ggc aac ctg atc aca gag gag gat 1267
Met Pro Ala Ala Ala Arg Leu Met Gly Asn Leu Ile Thr Glu Glu Asp

          375          380          385
aaa gac ctg ctc gcc agg ggt tgg cag gcc gcc gga tcc gcg att agt 1315
Lys Asp Leu Leu Ala Arg Gly Trp Gln Ala Ala Gly Ser Ala Ile Ser

390          395          400          405
tgg gcg cgg aag ggc tcc cct ctg tgg gac tcg act agt tct ctg gtt 1363
Trp Ala Arg Lys Gly Ser Pro Leu Trp Asp Ser Thr Ser Ser Leu Val

          410          415          420
taatcgccga gtgcagcgcg acg 1386

```

<210> 246
 <211> 421
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 246
 Val Ser Thr Thr Phe Asp Val Leu Ile Ile Gly Ala Gly Pro Ser Gly
 1 5 10 15
 Ala Ser Ala Ala Val His Ala Ala Arg Thr Gly Leu Gln Thr Leu Leu
 20 25 30
 Ile Asp Ala Ser Ser Phe Pro Arg Asp Lys Thr Cys Gly Asp Gly Leu
 35 40 45
 Thr Pro Arg Ala Ile His Gln Leu Glu Leu Leu Gly Val Ala Asp Gln
 50 55 60
 Val Thr Gly Asp Tyr Phe Asn Lys Gly Leu Lys Leu His Gly Phe Gly
 65 70 75 80
 Gly Ser Val Glu Ala Pro Trp Pro Glu Thr Tyr Phe Thr Asn Lys Gly
 85 90 95
 Ser Ala Met Ser Arg Met Glu Phe Asp Asp Leu Leu Phe Arg Leu Ala
 100 105 110
 Lys Ser His Glu Glu Val Thr Thr Trp Glu Asn Ala Ser Ala Gln Asp
 115 120 125
 Pro Ile Leu Arg Gly Asn Phe Leu Glu Gly Val Val Ile Asn His Ala

130	135	140	
Gly Gln Glu Lys Thr Val Lys Ala Lys His Val Ile Ile Ala Asp Gly			
145	150	155	160
Val Arg Ser Pro Phe Gly Lys Lys Leu Gly Arg Gln Trp Gln Arg Asp			
	165	170	175
Glu Val Tyr Gly Ile Ala Ala Arg Ala Tyr Cys Glu Thr Pro Leu Ser			
	180	185	190
Asp Glu Pro Trp Ile His Ser His Val Glu Leu Arg Asp Glu Asp Gly			
	195	200	205
Val Val Gln Pro Gly Tyr Gly Trp Ile Phe Pro Leu Gly Asn Gly Thr			
	210	215	220
Val Asn Leu Gly Cys Gly Ala Leu Ser Thr Asp Thr Arg Pro Ala Lys			
	225	230	235
Ile Asn Thr Lys Lys Leu Leu Ser Phe Tyr Ala Gly Gln Arg Arg Lys			
	245	250	255
Ala Trp Gln Leu Gly Pro Glu His Asp Val Ala Ser Ala Leu Leu Pro			
	260	265	270
Met Gly Gly Ala Val Ser Asn Val Ala Gly Ala Asn Trp Met Leu Ile			
	275	280	285
Gly Asp Ser Ala Ala Cys Val Asn Pro Leu Asn Gly Glu Gly Ile Asp			
	290	295	300
Tyr Gly Leu Glu Thr Ala Ala Met Ala Val Asp Thr Leu Val Glu Asn			
	305	310	315
Pro Lys Arg Asp Leu Thr Leu Val Trp Pro His Arg Leu Arg Asp Ala			
	325	330	335
Tyr Gly Glu Thr Phe Met Leu Ala Arg Thr Ala Ala Arg Leu Leu Thr			
	340	345	350
Tyr Pro Gln Phe Leu Pro Met Ala Gly Pro Leu Ala Phe Arg Gly Pro			
	355	360	365
Leu Gln Lys Ala Ile Met Pro Ala Ala Ala Arg Leu Met Gly Asn Leu			
	370	375	380
Ile Thr Glu Glu Asp Lys Asp Leu Leu Ala Arg Gly Trp Gln Ala Ala			
	385	390	395
Gly Ser Ala Ile Ser Trp Ala Arg Lys Gly Ser Pro Leu Trp Asp Ser			
	405	410	415
Thr Ser Ser Leu Val			
	420		

<210> 247
 <211> 1170
 <212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1147)

<223> RXA02718

<400> 247

tccaccaaaa ttcagccgc atccccctat tcgattgaag gacgtctcct tgagcagttt 60
cgatgcccat gaccttgacc tcgacaaatt tccggaggtc gtg cga gat cgt ttg 115
Val Arg Asp Arg Leu

1 5
acg cag ttc ctc gat gct caa gag cta aca att gct gat atc ggc gct 163
Thr Gln Phe Leu Asp Ala Gln Glu Leu Thr Ile Ala Asp Ile Gly Ala

10 15 20
cct gtc aca gat gct gtg gcc cat ctt cgc agt ttc gtg ctc aat gga 211
Pro Val Thr Asp Ala Val Ala His Leu Arg Ser Phe Val Leu Asn Gly

25 30 35
gga aag cga atc cgt cct ctt tat gcg tgg gct ggt ttc ctg gcg gcg 259
Gly Lys Arg Ile Arg Pro Leu Tyr Ala Trp Ala Gly Phe Leu Ala Ala

40 45 50
caa ggc cat aag aat tct tct gaa aaa ctt gag tcc gtc ctt gac gcc 307
Gln Gly His Lys Asn Ser Ser Glu Lys Leu Glu Ser Val Leu Asp Ala

55 60 65
gca gcg agt ctc gaa ttc atc cag gct tgt gcc ttg att cat gac gat 355
Ala Ala Ser Leu Glu Phe Ile Gln Ala Cys Ala Leu Ile His Asp Asp

70 75 80 85
att atc gat tct tct gat acc cgg cgc gga gcc ccc aca gtt cac cgg 403
Ile Ile Asp Ser Ser Asp Thr Arg Arg Gly Ala Pro Thr Val His Arg

90 95 100
gct gtg gaa gct gat cac cgc gcc aat aat ttc gaa ggc gat ccc gag 451
Ala Val Glu Ala Asp His Arg Ala Asn Asn Phe Glu Gly Asp Pro Glu

105 110 115
cac ttt ggc gtt tca gtc tcg att ttg gct ggc gat atg gca ttg gtg 499
His Phe Gly Val Ser Val Ser Ile Leu Ala Gly Asp Met Ala Leu Val

120 125 130
tgg gca gaa gac atg ctg cag gat tcc ggt ttg agt gca gag gca ttg 547
Trp Ala Glu Asp Met Leu Gln Asp Ser Gly Leu Ser Ala Glu Ala Leu

135 140 145
gcc cgc acg agg gat gct tgg cgt ggc atg cgt act gag gtt att ggc 595
Ala Arg Thr Arg Asp Ala Trp Arg Gly Met Arg Thr Glu Val Ile Gly

150 155 160 165
ggc cag ctg ctt gat att tat cta gag tcg cac gcc aac gag tcg gtg 643

Gly Gln Leu Leu Asp Ile Tyr Leu Glu Ser His Ala Asn Glu Ser Val

170 175 180
gag ctt gcg gat tct gtc aac cgc ttc aaa acg gcc gct tac acg att 691
Glu Leu Ala Asp Ser Val Asn Arg Phe Lys Thr Ala Ala Tyr Thr Ile

185 190 195
gcg cgc cca ttg cac ctg ggc gcc tcc att gct ggc ggt tgc ccg cag 739
Ala Arg Pro Leu His Leu Gly Ala Ser Ile Ala Gly Gly Ser Pro Gln

200 205 210
ctt atc gac gcg ctc ctc cac tac ggc cac gac atc ggc att gca ttc 787
Leu Ile Asp Ala Leu Leu His Tyr Gly His Asp Ile Gly Ile Ala Phe

215 220 225
cag ttg agg gat gat ctg ctt ggt gtg ttt ggg gat ccc gct atc acc 835
Gln Leu Arg Asp Asp Leu Leu Gly Val Phe Gly Asp Pro Ala Ile Thr

230 235 240 245
ggc aaa cca gct gga gac gat atc cgt gaa ggc aag cgc act gtt ctt 883
Gly Lys Pro Ala Gly Asp Asp Ile Arg Glu Gly Lys Arg Thr Val Leu

250 255 260
ctt gcg ctc gct cta caa cgc gct gat aag caa tct cct gaa gct gca 931
Leu Ala Leu Ala Leu Gln Arg Ala Asp Lys Gln Ser Pro Glu Ala Ala

265 270 275
acg gcc att cgc gca ggt gtt gga aag gtg act tca cca gaa gat att 979
Thr Ala Ile Arg Ala Gly Val Gly Lys Val Thr Ser Pro Glu Asp Ile

280 285 290
gct gtc att aca gag cat att cga gct act ggt gct gaa gaa gaa gtt 1027
Ala Val Ile Thr Glu His Ile Arg Ala Thr Gly Ala Glu Glu Glu Val

295 300 305
gag cag cga att tcc cag ctg act gaa tcc ggt ttg gct cac ctc gat 1075
Glu Gln Arg Ile Ser Gln Leu Thr Glu Ser Gly Leu Ala His Leu Asp

310 315 320 325
gat gta gac atc ccc gat gag gtg cgc gca cag ttg cgg gca ctg gct 1123
Asp Val Asp Ile Pro Asp Glu Val Arg Ala Gln Leu Arg Ala Leu Ala

330 335 340
atc cgc tca acc gaa cgt cgg atg tagtagacgc gtatgacact ttt 1170
Ile Arg Ser Thr Glu Arg Arg Met

345

<210> 248

<211> 349

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 248

Val Arg Asp Arg Leu Thr Gln Phe Leu Asp Ala Gln Glu Leu Thr Ile
1 5 10 15

Ala Asp Ile Gly Ala Pro Val Thr Asp Ala Val Ala His Leu Arg Ser
20 25 30

Phe Val Leu Asn Gly Gly Lys Arg Ile Arg Pro Leu Tyr Ala Trp Ala
35 40 45

Gly Phe Leu Ala Ala Gln Gly His Lys Asn Ser Ser Glu Lys Leu Glu
50 55 60

Ser Val Leu Asp Ala Ala Ala Ser Leu Glu Phe Ile Gln Ala Cys Ala
65 70 75 80

Leu Ile His Asp Asp Ile Ile Asp Ser Ser Asp Thr Arg Arg Gly Ala
85 90 95

Pro Thr Val His Arg Ala Val Glu Ala Asp His Arg Ala Asn Asn Phe
100 105 110

Glu Gly Asp Pro Glu His Phe Gly Val Ser Val Ser Ile Leu Ala Gly
115 120 125

Asp Met Ala Leu Val Trp Ala Glu Asp Met Leu Gln Asp Ser Gly Leu
130 135 140

Ser Ala Glu Ala Leu Ala Arg Thr Arg Asp Ala Trp Arg Gly Met Arg
145 150 155 160

Thr Glu Val Ile Gly Gly Gln Leu Leu Asp Ile Tyr Leu Glu Ser His
165 170 175

Ala Asn Glu Ser Val Glu Leu Ala Asp Ser Val Asn Arg Phe Lys Thr
180 185 190

Ala Ala Tyr Thr Ile Ala Arg Pro Leu His Leu Gly Ala Ser Ile Ala
195 200 205

Gly Gly Ser Pro Gln Leu Ile Asp Ala Leu Leu His Tyr Gly His Asp
210 215 220

Ile Gly Ile Ala Phe Gln Leu Arg Asp Asp Leu Leu Gly Val Phe Gly
225 230 235 240

Asp Pro Ala Ile Thr Gly Lys Pro Ala Gly Asp Asp Ile Arg Glu Gly
245 250 255

Lys Arg Thr Val Leu Leu Ala Leu Ala Leu Gln Arg Ala Asp Lys Gln
260 265 270

Ser Pro Glu Ala Ala Thr Ala Ile Arg Ala Gly Val Gly Lys Val Thr
275 280 285

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

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

305	310	315	320
Leu Ala His	Leu Asp Asp Val Asp Ile	Pro Asp Glu Val Arg Ala Gln	
	325	330	335
Leu Arg Ala	Leu Ala Ile Arg Ser Thr	Glu Arg Arg Met	
	340	345	
<210> 249			
<211> 852			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(829)			
<223> RXA01067			
<400> 249			
ggctttaagg	ccgaggtgcc	tggtgaact	gcagccctc
cagaccctga	gatacaggcta	60	
aatggcaaac	acaaatagtt	tgcatggcag	aatagcttag
gtg	agt	gaa	ttc
caa			
		Val	Ser
		Glu	Phe
		Gln	
		1	5
gta	ccc	gaa	atc
cct	gcc	caa	ttc
cta	ccc	aag	cat
att	gcg	ctt	gtc
163			
Val	Pro	Glu	Ile
Pro	Ala	Gln	Phe
Leu	Pro	Lys	His
Ile	Ala	Leu	Val
	10	15	20
atg	gat	gga	aat
gga	cgc	tgg	gct
acc	gag	cgt	ggc
atg	aag	cgc	acc
211			
Met	Asp	Gly	Asn
Gly	Arg	Trp	Ala
Thr	Glu	Arg	Gly
Met	Lys	Arg	Thr
	25	30	35
gaa	ggc	cat	aag
cgt	ggc	gag	gca
gtc	ctg	ctt	gat
ggt	ggt	gat	gca
259			
Glu	Gly	His	Lys
Arg	Gly	Glu	Ala
Val	Leu	Leu	Asp
Val	Val	Asp	Ala
	40	45	50
tgc	att	gaa	ctt
ggt	ggt	ccg	tac
ctt	tct	gct	tat
gcc	ttc	tct	act
307			
Cys	Ile	Glu	Leu
Gly	Val	Pro	Tyr
Leu	Ser	Ala	Tyr
Ala	Phe	Ser	Thr
	55	60	65
gaa	aac	tgg	cgt
cgt	tcc	acc	gat
gag	gtc	cgt	ttc
ctc	atg	gga	ttc
355			
Glu	Asn	Trp	Arg
Arg	Ser	Thr	Asp
Glu	Val	Arg	Phe
Leu	Met	Gly	Phe
	70	75	80
aac	cga	gat	gtg
ctg	cga	caa	cgc
gat	gac	cta	cat
gaa	aag	ggc	
403			
Asn	Arg	Asp	Val
Leu	Arg	Arg	Gln
Arg	Asp	Asp	Leu
His	Glu	Lys	Gly
	90	95	100
gtt	cgt	gtg	cgt
tgg	ggt	ggc	cgt
ccc	cgc	ctg	tgg
cgt	tgc	gtt	
451			
Val	Arg	Val	Arg
Trp	Val	Gly	Arg
Arg	Pro	Arg	Leu
Trp	Arg	Ser	Val
	105	110	115
atc	cgt	gag	ctg
gaa	act	gcg	gaa
gag	cta	acc	aaa
gac	aac	acc	acc
499			

Ile Arg Glu Leu Glu Thr Ala Glu Glu Leu Thr Lys Asp Asn Thr Thr

120 125 130
atg acc ttg gcc atg tgt gtg aac tat ggt gga cgc gcc gaa atc atc 547
Met Thr Leu Ala Met Cys Val Asn Tyr Gly Gly Arg Ala Glu Ile Ile

135 140 145
gac gca gcc cgc gac atc gcc cgc ctt gca gct gaa ggc aaa ctg cgc 595
Asp Ala Ala Arg Asp Ile Ala Arg Leu Ala Ala Glu Gly Lys Leu Arg

150 155 160 165
ccg gaa caa atc act gag aag acc ttc ccg aac ttc ctc gac gaa cct 643
Pro Glu Gln Ile Thr Glu Lys Thr Phe Pro Asn Phe Leu Asp Glu Pro

170 175 180
gac atg cca gac gtc gac ctg ttc ctg cgc cca tcc ggt gag aag cgc 691
Asp Met Pro Asp Val Asp Leu Phe Leu Arg Pro Ser Gly Glu Lys Arg

185 190 195
acg tca aac ttc ctg ctg tgg cag tct gcc tac gcg gaa atg gtc tac 739
Thr Ser Asn Phe Leu Leu Trp Gln Ser Ala Tyr Ala Glu Met Val Tyr

200 205 210
caa gac aag ctg ttc cct gat ttc acg cag caa gat ctg tac gac gcg 787
Gln Asp Lys Leu Phe Pro Asp Phe Thr Gln Gln Asp Leu Tyr Asp Ala

215 220 225
gtc ctg gaa tac gcc aag cgg gat cgc aga ttc gga agc gca 829
Val Leu Glu Tyr Ala Lys Arg Asp Arg Arg Phe Gly Ser Ala

230 235 240
taatgcccac caaccagccg acg 852

<210> 250
<211> 243
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 250
Val Ser Glu Phe Gln Val Pro Glu Ile Pro Ala Gln Phe Leu Pro Lys
1 5 10 15
His Ile Ala Leu Val Met Asp Gly Asn Gly Arg Trp Ala Thr Glu Arg
20 25 30
Gly Met Lys Arg Thr Glu Gly His Lys Arg Gly Glu Ala Val Leu Leu
35 40 45
Asp Val Val Asp Ala Cys Ile Glu Leu Gly Val Pro Tyr Leu Ser Ala
50 55 60
Tyr Ala Phe Ser Thr Glu Asn Trp Arg Arg Ser Thr Asp Glu Val Arg
65 70 75 80

Phe Leu Met Gly Phe Asn Arg Asp Val Leu Arg Arg Gln Arg Asp Asp
85 90 95

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

Leu Trp Arg Ser Val Ile Arg Glu Leu Glu Thr Ala Glu Glu Leu Thr
115 120 125

Lys Asp Asn Thr Thr Met Thr Leu Ala Met Cys Val Asn Tyr Gly Gly
130 135 140

Arg Ala Glu Ile Ile Asp Ala Ala Arg Asp Ile Ala Arg Leu Ala Ala
145 150 155 160

Glu Gly Lys Leu Arg Pro Glu Gln Ile Thr Glu Lys Thr Phe Pro Asn
165 170 175

Phe Leu Asp Glu Pro Asp Met Pro Asp Val Asp Leu Phe Leu Arg Pro
180 185 190

Ser Gly Glu Lys Arg Thr Ser Asn Phe Leu Leu Trp Gln Ser Ala Tyr
195 200 205

Ala Glu Met Val Tyr Gln Asp Lys Leu Phe Pro Asp Phe Thr Gln Gln
210 215 220

Asp Leu Tyr Asp Ala Val Leu Glu Tyr Ala Lys Arg Asp Arg Arg Phe
225 230 235 240

Gly Ser Ala

<210> 251

<211> 564

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(541)

<223> RXA01269

<400> 251

gattatctct gcgccgattc agctggcaat agcagcagtt gtattgagag ctcattggtcg 60
tccgattcta tttcgtcaac caccacctgg gaaagacggt gtg gta ttt gag atg 115
Val Val Phe Glu Met

1

5

att aag ttt cga acc atg ctt gaa cca gat gaa aaa cat gta act gat 163
Ile Lys Phe Arg Thr Met Leu Glu Pro Asp Glu Lys His Val Thr Asp

10

15

20

gaa cag cgt cta act aaa gtt gga aag ctt ctg cgg gaa acg agt tta 211
Glu Gln Arg Leu Thr Lys Val Gly Lys Leu Leu Arg Glu Thr Ser Leu

25

30

35

gat gag tta cct aca ctc tgg aat gta ttt aaa ggt gat atg agc ctt 259
Asp Glu Leu Pro Thr Leu Trp Asn Val Phe Lys Gly Asp Met Ser Leu

40 45 50
gta ggg cct cga cct ttg ctt gtt agc tat ctg gaa cat tac tct tct 307
Val Gly Pro Arg Pro Leu Leu Val Ser Tyr Leu Glu His Tyr Ser Ser

55 60 65
gaa caa gct cga cgc cat gaa gtt cgt cct ggg att act ggt ttg gct 355
Glu Gln Ala Arg Arg His Glu Val Arg Pro Gly Ile Thr Gly Leu Ala

70 75 80 85
cag gtg aat ggc cgt aat caa act act tgg gat gaa cga ctt aag ttg 403
Gln Val Asn Gly Arg Asn Gln Thr Thr Trp Asp Glu Arg Leu Lys Leu

90 95 100
gat gtc gaa tat gtg gat cgc tgt agt ttg aaa cta gat ttc aaa ata 451
Asp Val Glu Tyr Val Asp Arg Cys Ser Leu Lys Leu Asp Phe Lys Ile

105 110 115
tta atc gcc act gta aaa aca gtt ctt tct aaa aag ggc att agt aat 499
Leu Ile Ala Thr Val Lys Thr Val Leu Ser Lys Lys Gly Ile Ser Asn

120 125 130
gaa ggt cat gtc acg atg cca tcc ttc att gaa gaa aga aaa 541
Glu Gly His Val Thr Met Pro Ser Phe Ile Glu Glu Arg Lys

135 140 145
tagcaggttaa aaattttact ttc 564

<210> 252

<211> 147

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 252

Val Val Phe Glu Met Ile Lys Phe Arg Thr Met Leu Glu Pro Asp Glu
1 5 10 15

Lys His Val Thr Asp Glu Gln Arg Leu Thr Lys Val Gly Lys Leu Leu
20 25 30

Arg Glu Thr Ser Leu Asp Glu Leu Pro Thr Leu Trp Asn Val Phe Lys
35 40 45

Gly Asp Met Ser Leu Val Gly Pro Arg Pro Leu Leu Val Ser Tyr Leu
50 55 60

Glu His Tyr Ser Ser Glu Gln Ala Arg Arg His Glu Val Arg Pro Gly
65 70 75 80

Ile Thr Gly Leu Ala Gln Val Asn Gly Arg Asn Gln Thr Thr Trp Asp
85 90 95

Glu Arg Leu Lys Leu Asp Val Glu Tyr Val Asp Arg Cys Ser Leu Lys
100 105 110

Leu Asp Phe Lys Ile Leu Ile Ala Thr Val Lys Thr Val Leu Ser Lys
115 120 125

Lys Gly Ile Ser Asn Glu Gly His Val Thr Met Pro Ser Phe Ile Glu
130 135 140

Glu Arg Lys
145

<210> 253

<211> 554

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(531)

<223> RXA01205

<400> 253

gta tcg gcc tat ccg ccg gcc atc atc gca gcg gct ctc gta gga att 48
Val Ser Ala Tyr Pro Pro Ala Ile Ile Ala Ala Ala Leu Val Gly Ile

1 5 10 15
tgc gcg gga gtt ttg ccc cat aat ttt gaa ccc tcg cga ata ttt atg 96
Cys Ala Gly Val Leu Pro His Asn Phe Glu Pro Ser Arg Ile Phe Met

20 25 30
ggc gat tcc ggc tcc atg ctc atc ggc ctg ctg ttg gct gca gca tcg 144
Gly Asp Ser Gly Ser Met Leu Ile Gly Leu Leu Leu Ala Ala Ala Ser

35 40 45
acc tca gcg tca gga aaa atc aac atg agc ctg tat ggc gca gct gat 192
Thr Ser Ala Ser Gly Lys Ile Asn Met Ser Leu Tyr Gly Ala Ala Asp

50 55 60
ttt atc gca ttg atc tca ccc atc atc gtt gtt ctc gcc gcc gtg gcc 240
Phe Ile Ala Leu Ile Ser Pro Ile Ile Val Val Leu Ala Ala Val Ala

65 70 75 80
atc cca ctg ctc gac ctc gtg atg gca gtg gtt agg cgc gtg ggc agg 288
Ile Pro Leu Leu Asp Leu Val Met Ala Val Val Arg Arg Val Gly Arg

85 90 95
gga gca tca ccc ttt tcc ccg gac aaa atg cat ctg cac cac cga ctg 336
Gly Ala Ser Pro Phe Ser Pro Asp Lys Met His Leu His His Arg Leu

100 105 110
ctg tcc atc gga cac acc cat agg cgc gtg gtc cta gtg ctc tac acc 384
Leu Ser Ile Gly His Thr His Arg Arg Val Val Leu Val Leu Tyr Thr

115 120 125
tgg gcg agc gcc gtg gca ttc ggc gca gtg agc ttc tcc gtc gtt ccg 432
Trp Ala Ser Ala Val Ala Phe Gly Ala Val Ser Phe Ser Val Val Pro

130 135 140
cca ctg ttt gcc acc gga tcg agc atc tgt ggc atc ctc atc gcc gtc 480
Pro Leu Phe Ala Thr Gly Ser Ser Ile Cys Gly Ile Leu Ile Ala Val

145 150 155 160
gct gtc aca gcc gtg cca gtg atg aaa agc cgg cga gcc gcc aaa ctt 528
Ala Val Thr Ala Val Pro Val Met Lys Ser Arg Arg Ala Ala Lys Leu

165 170 175
gat taagtgattg tcactttgga ttg 554
Asp

<210> 254
<211> 177
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 254
Val Ser Ala Tyr Pro Pro Ala Ile Ile Ala Ala Ala Leu Val Gly Ile
1 5 10 15

Cys Ala Gly Val Leu Pro His Asn Phe Glu Pro Ser Arg Ile Phe Met
20 25 30

Gly Asp Ser Gly Ser Met Leu Ile Gly Leu Leu Leu Ala Ala Ala Ser
35 40 45

Thr Ser Ala Ser Gly Lys Ile Asn Met Ser Leu Tyr Gly Ala Ala Asp
50 55 60

Phe Ile Ala Leu Ile Ser Pro Ile Ile Val Val Leu Ala Ala Val Ala
65 70 75 80

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

Gly Ala Ser Pro Phe Ser Pro Asp Lys Met His Leu His His Arg Leu
100 105 110

Leu Ser Ile Gly His Thr His Arg Arg Val Val Leu Val Leu Tyr Thr
115 120 125

Trp Ala Ser Ala Val Ala Phe Gly Ala Val Ser Phe Ser Val Val Pro
130 135 140

Pro Leu Phe Ala Thr Gly Ser Ser Ile Cys Gly Ile Leu Ile Ala Val
145 150 155 160

Ala Val Thr Ala Val Pro Val Met Lys Ser Arg Arg Ala Ala Lys Leu

165

170

175

Asp

<210> 255

<211> 882

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(859)

<223> RXA01576

<400> 255

atcggatgac tttcgcgatt gatacgtgcg cgattgctg cccgccagct gctcaagatc 60
aatggatttc atgacaatca agttatcatc actggggctc gtg gca cct aac agg 115
Val Ala Pro Asn Arg

1 5
aaa atc agc cat cat gca cta ggc tct att cct atc atg gat gca tca 163
Lys Ile Ser His His Ala Leu Gly Ser Ile Pro Ile Met Asp Ala Ser

10 15 20
aaa aac agc gac ttt aaa gac acc tgg cta gtc gta cct tgt tat aac 211
Lys Asn Ser Asp Phe Lys Asp Thr Trp Leu Val Val Pro Cys Tyr Asn

25 30 35
gag gca aca gtt atc cgg gaa gtt tta gag aac gca ctc aaa aca ttc 259
Glu Ala Thr Val Ile Arg Glu Val Leu Glu Asn Ala Leu Lys Thr Phe

40 45 50
cct aat att gtt gcg gtc aac gat ggc tcc ccg gac aac tcc gcg gaa 307
Pro Asn Ile Val Ala Val Asn Asp Gly Ser Pro Asp Asn Ser Ala Glu

55 60 65
gaa atc cat gcg gcc ggc gca cac ctg gtc aac cac ccc gtg aac ctc 355
Glu Ile His Ala Ala Gly Ala His Leu Val Asn His Pro Val Asn Leu

70 75 80 85
gga caa ggt gcc gcg atc caa acc ggc atc gaa tac gcc cgc aag caa 403
Gly Gln Gly Ala Ala Ile Gln Thr Gly Ile Glu Tyr Ala Arg Lys Gln

90 95 100
ccc ggt gca aaa tac ttt gta act ttc gac gcc gac ggc caa cac caa 451
Pro Gly Ala Lys Tyr Phe Val Thr Phe Asp Ala Asp Gly Gln His Gln

105 110 115
gtg aaa gac gtt atc cgc atg gtg gag cga ctg cgt gcc gag gac gtg 499
Val Lys Asp Val Ile Arg Met Val Glu Arg Leu Arg Ala Glu Asp Val

120 125 130
gac att atc gtc ggc acg cgt ttt gga cgc cca cgc caa gcc gat gac 547

Asp Ile Ile Val Gly Thr Arg Phe Gly Arg Pro Arg Gln Ala Asp Asp

135 140 145
cag gtg cca cta atc aag cgc ctt gtg ctg cgc acc gtg gtc ctg ctg 595
Gln Val Pro Leu Ile Lys Arg Leu Val Leu Arg Thr Val Val Leu Leu

150 155 160 165
tca ccg aaa acc cgc cga ctt ggg ctc acc gac gcc cac aac ggc ctg 643
Ser Pro Lys Thr Arg Arg Leu Gly Leu Thr Asp Ala His Asn Gly Leu

170 175 180
cgc gta ttc aac caa aaa gtg gcg cag gaa atg aac atc cgc atg aac 691
Arg Val Phe Asn Gln Lys Val Ala Gln Glu Met Asn Ile Arg Met Asn

185 190 195
ggc atg tcg cat gca tcc gaa atc gtc gac caa atc gat gaa cgc ggc 739
Gly Met Ser His Ala Ser Glu Ile Val Asp Gln Ile Asp Glu Arg Gly

200 205 210
tgg cgc att tca gaa gaa ccc gta gac atc ctc tac acc gaa tac tcc 787
Trp Arg Ile Ser Glu Glu Pro Val Asp Ile Leu Tyr Thr Glu Tyr Ser

215 220 225
atg agc aag ggg caa tcc ctg ctc aac ggc gta aac atc ctg gcc gac 835
Met Ser Lys Gly Gln Ser Leu Leu Asn Gly Val Asn Ile Leu Ala Asp

230 235 240 245
ggc ttc cta gcg agg aga ctc cca tgacgcagac caccacccaa atc 882
Gly Phe Leu Ala Arg Arg Leu Pro

250

<210> 256
<211> 253
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 256
Val Ala Pro Asn Arg Lys Ile Ser His His Ala Leu Gly Ser Ile Pro
1 5 10 15
Ile Met Asp Ala Ser Lys Asn Ser Asp Phe Lys Asp Thr Trp Leu Val
20 25 30
Val Pro Cys Tyr Asn Glu Ala Thr Val Ile Arg Glu Val Leu Glu Asn
35 40 45
Ala Leu Lys Thr Phe Pro Asn Ile Val Ala Val Asn Asp Gly Ser Pro
50 55 60
Asp Asn Ser Ala Glu Glu Ile His Ala Ala Gly Ala His Leu Val Asn
65 70 75 80
His Pro Val Asn Leu Gly Gln Gly Ala Ala Ile Gln Thr Gly Ile Glu

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

<210> 257
 <211> 1173
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1150)
 <223> RXN02309

<400> 257
 gtgccttcg tcgactacgg ttaaacaaaa agctttttgt ccatttcact ggattcaccg 60
 aaagaatgaa tccacactcg atcaccaaag gtagcgatga atg agt agc ggc cga 115
 Met Ser Ser Gly Arg

1 5
 acc gtt cca acc cgt tcc cac ggg ctc gga aaa gaa ggt gta tcc acc 163
 Thr Val Pro Thr Arg Ser His Gly Leu Gly Lys Glu Gly Val Ser Thr
 10 15 20
 aca gga gca tct cag gtc gag ttt ggt gat ccc gag cta acg gcc agg 211
 Thr Gly Ala Ser Gln Val Glu Phe Gly Asp Pro Glu Leu Thr Ala Arg

25 30 35

atc aat gac gcc atg gtg cag gta gaa gaa ctc ctg cac act gaa cta 259
Ile Asn Asp Ala Met Val Gln Val Glu Glu Leu Leu His Thr Glu Leu

40 45 50
tcg tcc ggg gaa gac ttc ctc gtc gat atc gtc atg cac cta aca cga 307
Ser Ser Gly Glu Asp Phe Leu Val Asp Ile Val Met His Leu Thr Arg

55 60 65
gcc ggc ggc aaa cga ttc cgc ccc atg ttt gca ctg ctg gcc tcc gag 355
Ala Gly Gly Lys Arg Phe Arg Pro Met Phe Ala Leu Leu Ala Ser Glu

70 75 80 85
ttc ggt gaa aaa cca ctc tcc gaa aac gtc atc aaa gcc gcc gtt gtc 403
Phe Gly Glu Lys Pro Leu Ser Glu Asn Val Ile Lys Ala Ala Val Val

90 95 100
gta gag atc acc cac ctg gcc acc ctg tac cac gac gat gtc atg gac 451
Val Glu Ile Thr His Leu Ala Thr Leu Tyr His Asp Asp Val Met Asp

105 110 115
gag gca tcc atg cgc cgc ggc gtc cca agt gct aac gcg cga tgg gac 499
Glu Ala Ser Met Arg Arg Gly Val Pro Ser Ala Asn Ala Arg Trp Asp

120 125 130
aac tcc gta gcc atc ctc gca ggc gac atc ctc cta gca cat gca tca 547
Asn Ser Val Ala Ile Leu Ala Gly Asp Ile Leu Leu Ala His Ala Ser

135 140 145
ggt ctg atg agt cag ctg ggt acc gac aca gtc gcc cac ttt gcc gaa 595
Gly Leu Met Ser Gln Leu Gly Thr Asp Thr Val Ala His Phe Ala Glu

150 155 160 165
aca ttc ggc gaa cta gtc acc ggc caa atg cgc gaa aca gtc ggg cca 643
Thr Phe Gly Glu Leu Val Thr Gly Gln Met Arg Glu Thr Val Gly Pro

170 175 180
cgc gac acc gac ccg atc gag cac tac acc aac gta atc cgt gaa aaa 691
Arg Asp Thr Asp Pro Ile Glu His Tyr Thr Asn Val Ile Arg Glu Lys

185 190 195
act ggt gtc ctc atc gcc tcc gca ggc tat ttg gga gcc atg cac gca 739
Thr Gly Val Leu Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Leu Gly Ala Met His Ala

200 205 210
ggc gcc gca cct gaa cac atc gac gcc ctg aag aac ttc ggc gca gcc 787
Gly Ala Ala Pro Glu His Ile Asp Ala Leu Lys Asn Phe Gly Ala Ala

215 220 225
gtc ggc atg atc ttc caa atc gtc gac gac atc atc gac atc ttc tcg 835
Val Gly Met Ile Phe Gln Ile Val Asp Asp Ile Ile Asp Ile Phe Ser

230 235 240 245
gaa acc cac gaa tcc gga aaa acg ccc ggc acc gac ctc cgc gaa ggt 883
Glu Thr His Glu Ser Gly Lys Thr Pro Gly Thr Asp Leu Arg Glu Gly

250

255

260

gta ttc acc ctc cca gtg ctc tac gca ctc cgt gaa gac acc ccc gtc 931
Val Phe Thr Leu Pro Val Leu Tyr Ala Leu Arg Glu Asp Thr Pro Val

265 270 275
ggc gca gaa ctc cgc gac atc ctc acc ggc cct cta gaa gac gag 979
Gly Ala Glu Leu Arg Asp Ile Leu Thr Gly Pro Leu Glu Asp Asp Glu

280 285 290
acc gtc aac cac gtc ctc gag ctc ctc tcc caa tcc ggc gga cgc caa 1027
Thr Val Asn His Val Leu Glu Leu Leu Ser Gln Ser Gly Gly Arg Gln

295 300 305
gca gcc ctc gac gag gtc tac cgc tac atg gac atc gcc aac gca gaa 1075
Ala Ala Leu Asp Glu Val Tyr Arg Tyr Met Asp Ile Ala Asn Ala Glu

310 315 320 325
ctc gac cgc ctc cca gac agc acc gtc aag gaa gcc ctc cgc aac ctt 1123
Leu Asp Arg Leu Pro Asp Ser Thr Val Lys Glu Ala Leu Arg Asn Leu

330 335 340
gca acc ttc aca gtc aag cgc gtc gga taaccccgta atccaccact 1170
Ala Thr Phe Thr Val Lys Arg Val Gly

345 350
taa 1173

<210> 258
<211> 350
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 258
Met Ser Ser Gly Arg Thr Val Pro Thr Arg Ser His Gly Leu Gly Lys
1 5 10 15
Glu Gly Val Ser Thr Thr Gly Ala Ser Gln Val Glu Phe Gly Asp Pro
20 25 30
Glu Leu Thr Ala Arg Ile Asn Asp Ala Met Val Gln Val Glu Glu Leu
35 40 45
Leu His Thr Glu Leu Ser Ser Gly Glu Asp Phe Leu Val Asp Ile Val
50 55 60
Met His Leu Thr Arg Ala Gly Gly Lys Arg Phe Arg Pro Met Phe Ala
65 70 75 80
Leu Leu Ala Ser Glu Phe Gly Glu Lys Pro Leu Ser Glu Asn Val Ile
85 90 95
Lys Ala Ala Val Val Val Glu Ile Thr His Leu Ala Thr Leu Tyr His
100 105 110
Asp Asp Val Met Asp Glu Ala Ser Met Arg Arg Gly Val Pro Ser Ala

115	120	125
Asn Ala Arg Trp Asp Asn Ser Val Ala Ile Leu Ala Gly Asp Ile Leu		
130	135	140
Leu Ala His Ala Ser Gly Leu Met Ser Gln Leu Gly Thr Asp Thr Val		
145	150	155
Ala His Phe Ala Glu Thr Phe Gly Glu Leu Val Thr Gly Gln Met Arg		
165	170	175
Glu Thr Val Gly Pro Arg Asp Thr Asp Pro Ile Glu His Tyr Thr Asn		
180	185	190
Val Ile Arg Glu Lys Thr Gly Val Leu Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Leu		
195	200	205
Gly Ala Met His Ala Gly Ala Ala Pro Glu His Ile Asp Ala Leu Lys		
210	215	220
Asn Phe Gly Ala Ala Val Gly Met Ile Phe Gln Ile Val Asp Asp Ile		
225	230	235
Ile Asp Ile Phe Ser Glu Thr His Glu Ser Gly Lys Thr Pro Gly Thr		
245	250	255
Asp Leu Arg Glu Gly Val Phe Thr Leu Pro Val Leu Tyr Ala Leu Arg		
260	265	270
Glu Asp Thr Pro Val Gly Ala Glu Leu Arg Asp Ile Leu Thr Gly Pro		
275	280	285
Leu Glu Asp Asp Glu Thr Val Asn His Val Leu Glu Leu Leu Ser Gln		
290	295	300
Ser Gly Gly Arg Gln Ala Ala Leu Asp Glu Val Tyr Arg Tyr Met Asp		
305	310	315
Ile Ala Asn Ala Glu Leu Asp Arg Leu Pro Asp Ser Thr Val Lys Glu		
325	330	335
Ala Leu Arg Asn Leu Ala Thr Phe Thr Val Lys Arg Val Gly		
340	345	350

<210> 259

<211> 1075

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1075)

<223> FRXA02309

<400> 259

gtgccttcgg tcgactacgg ttaacaaaa agctttttgt ccatttcact ggattcacgc 60

aaagaatgaa tccacactcg atcaccaaag gtagcgatga atg agt agc ggc cga 115
Met Ser Ser Gly Arg

1 5
acc gtt cca acc cgt tcc cac ggg ctc gga aaa gaa ggt gta tcc acc 163
Thr Val Pro Thr Arg Ser His Gly Leu Gly Lys Glu Gly Val Ser Thr

10 15 20
aca gga gca tct cag gtc gag ttt ggt gat ccc gag cta acg gcc agg 211
Thr Gly Ala Ser Gln Val Glu Phe Gly Asp Pro Glu Leu Thr Ala Arg

25 30 35
atc aat gac gcc atg gtg cag gta gaa gaa ctc ctg cac act gaa cta 259
Ile Asn Asp Ala Met Val Gln Val Glu Glu Leu Leu His Thr Glu Leu

40 45 50
tcg tcc ggg gaa gac ttc ctc gtc gat atc gtc atg cac cta aca cga 307
Ser Ser Gly Glu Asp Phe Leu Val Asp Ile Val Met His Leu Thr Arg

55 60 65
gcc ggc ggc aaa cga ttc cgc ccc atg ttt gca ctg ctg gcc tcc gag 355
Ala Gly Gly Lys Arg Phe Arg Pro Met Phe Ala Leu Leu Ala Ser Glu

70 75 80 85
ttc ggt gaa aaa cca ctc tcc gaa aac gtc atc aaa gcc gcc gtt gtc 403
Phe Gly Glu Lys Pro Leu Ser Glu Asn Val Ile Lys Ala Ala Val Val

90 95 100
gta gag atc acc cac ctg gcc acc ctg tac cac gac gat gtc atg gac 451
Val Glu Ile Thr His Leu Ala Thr Leu Tyr His Asp Asp Val Met Asp

105 110 115
gag gca tcc atg cgc cgc ggc gtc cca agt gct aac gcg cga tgg gac 499
Glu Ala Ser Met Arg Arg Gly Val Pro Ser Ala Asn Ala Arg Trp Asp

120 125 130
aac tcc gta gcc atc ctc gca ggc gac atc ctc cta gca cat gca tca 547
Asn Ser Val Ala Ile Leu Ala Gly Asp Ile Leu Leu Ala His Ala Ser

135 140 145
ggg ctg atg agt cag ctg ggt acc gac aca gtc gcc cac ttt gcc gaa 595
Gly Leu Met Ser Gln Leu Gly Thr Asp Thr Val Ala His Phe Ala Glu

150 155 160 165
aca ttc ggc gaa cta gtc acc ggc caa atg cgc gaa aca gtc ggg cca 643
Thr Phe Gly Glu Leu Val Thr Gly Gln Met Arg Glu Thr Val Gly Pro

170 175 180
cgc gac acc gac ccg atc gag cac tac acc aac gta atc cgt gaa aaa 691
Arg Asp Thr Asp Pro Ile Glu His Tyr Thr Asn Val Ile Arg Glu Lys

185 190 195
act ggt gtc ctc atc gcc tcc gca ggc tat ttg gga gcc atg cac gca 739
Thr Gly Val Leu Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Leu Gly Ala Met His Ala

200 205 210

ggc gcc gca cct gaa cac atc gac gcc ctg aag aac ttc ggc gca gcc 787
Gly Ala Ala Pro Glu His Ile Asp Ala Leu Lys Asn Phe Gly Ala Ala

215 220 225
gtc ggc atg atc ttc caa atc gtc gac gac atc atc gac atc ttc tcg 835
Val Gly Met Ile Phe Gln Ile Val Asp Asp Ile Ile Asp Ile Phe Ser

230 235 240 245
gaa acc cac gaa tcc gga aaa acg ccc ggc acc gac ctc cgc gaa ggt 883
Glu Thr His Glu Ser Gly Lys Thr Pro Gly Thr Asp Leu Arg Glu Gly

250 255 260
gta ttc acc ctc cca gtg ctc tac gca ctc cgt gaa gac acc ccc gtc 931
Val Phe Thr Leu Pro Val Leu Tyr Ala Leu Arg Glu Asp Thr Pro Val

265 270 275
ggc gca gaa ctc cgc gac atc ctc acc ggc cct cta gaa gac gac gag 979
Gly Ala Glu Leu Arg Asp Ile Leu Thr Gly Pro Leu Glu Asp Asp Glu

280 285 290
acc gtc aac cac gtc ctc gag ctc ctc tcc caa tcc ggc gga cgc caa 1027
Thr Val Asn His Val Leu Glu Leu Leu Ser Gln Ser Gly Gly Arg Gln

295 300 305
gca gcc ctc gac gag gtc tac cgc tac atg gac atc gcc aac gca gaa 1075
Ala Ala Leu Asp Glu Val Tyr Arg Tyr Met Asp Ile Ala Asn Ala Glu

310 315 320 325

<210> 260
<211> 325
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 260
Met Ser Ser Gly Arg Thr Val Pro Thr Arg Ser His Gly Leu Gly Lys
1 5 10 15
Glu Gly Val Ser Thr Thr Gly Ala Ser Gln Val Glu Phe Gly Asp Pro
20 25 30
Glu Leu Thr Ala Arg Ile Asn Asp Ala Met Val Gln Val Glu Glu Leu
35 40 45
Leu His Thr Glu Leu Ser Ser Gly Glu Asp Phe Leu Val Asp Ile Val
50 55 60
Met His Leu Thr Arg Ala Gly Gly Lys Arg Phe Arg Pro Met Phe Ala
65 70 75 80
Leu Leu Ala Ser Glu Phe Gly Glu Lys Pro Leu Ser Glu Asn Val Ile
85 90 95
Lys Ala Ala Val Val Val Glu Ile Thr His Leu Ala Thr Leu Tyr His
100 105 110

Asp Asp Val Met Asp Glu Ala Ser Met Arg Arg Gly Val Pro Ser Ala
 115 120 125
 Asn Ala Arg Trp Asp Asn Ser Val Ala Ile Leu Ala Gly Asp Ile Leu
 130 135 140
 Leu Ala His Ala Ser Gly Leu Met Ser Gln Leu Gly Thr Asp Thr Val
 145 150 155 160
 Ala His Phe Ala Glu Thr Phe Gly Glu Leu Val Thr Gly Gln Met Arg
 165 170 175
 Glu Thr Val Gly Pro Arg Asp Thr Asp Pro Ile Glu His Tyr Thr Asn
 180 185 190
 Val Ile Arg Glu Lys Thr Gly Val Leu Ile Ala Ser Ala Gly Tyr Leu
 195 200 205
 Gly Ala Met His Ala Gly Ala Ala Pro Glu His Ile Asp Ala Leu Lys
 210 215 220
 Asn Phe Gly Ala Ala Val Gly Met Ile Phe Gln Ile Val Asp Asp Ile
 225 230 235 240
 Ile Asp Ile Phe Ser Glu Thr His Glu Ser Gly Lys Thr Pro Gly Thr
 245 250 255
 Asp Leu Arg Glu Gly Val Phe Thr Leu Pro Val Leu Tyr Ala Leu Arg
 260 265 270
 Glu Asp Thr Pro Val Gly Ala Glu Leu Arg Asp Ile Leu Thr Gly Pro
 275 280 285
 Leu Glu Asp Asp Glu Thr Val Asn His Val Leu Glu Leu Leu Ser Gln
 290 295 300
 Ser Gly Gly Arg Gln Ala Ala Leu Asp Glu Val Tyr Arg Tyr Met Asp
 305 310 315 320
 Ile Ala Asn Ala Glu
 325

<210> 261
 <211> 1767
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1744)
 <223> RXN00477

<400> 261
 tgcgggagcg aatcagagtt ccaattcata tcaaactctc tacactcgct agagccacga 60
 tgaaaggtct atctatgagc atctacagaa agaattcgtg atg aag gtc tcg act 115

Met Lys Val Ser Thr															
1 5															
aaa act cca cgc tcc tca ggt acc gcc gta gtc ata ggc gca ggt gtt	163														
Lys Thr Pro Arg Ser Ser Gly Thr Ala Val Val Ile Gly Ala Gly Val															
10 15 20															
gct ggt tta gcc act tct gca ctt tta gca cgt gat ggc tgg caa gta	211														
Ala Gly Leu Ala Thr Ser Ala Leu Leu Ala Arg Asp Gly Trp Gln Val															
25 30 35															
act gtt ttg gaa aaa aat act gat gtc ggt ggc cga gct gga tcg ctt	259														
Thr Val Leu Glu Lys Asn Thr Asp Val Gly Gly Arg Ala Gly Ser Leu															
40 45 50															
gaa ata tca ggc ttt cct ggc ttt cga tgg gat acc gga cct tct tgg	307														
Glu Ile Ser Gly Phe Pro Gly Phe Arg Trp Asp Thr Gly Pro Ser Trp															
55 60 65															
tac ctc atg ccc gag gcc ttt gac cat ttc ttc gca ctt ttt ggt gca	355														
Tyr Leu Met Pro Glu Ala Phe Asp His Phe Phe Ala Leu Phe Gly Ala															
70 75 80 85															
tgt act tct gat tat ctc gat ttg gta gaa tta acg cct ggt tat cga	403														
Cys Thr Ser Asp Tyr Leu Asp Leu Val Glu Leu Thr Pro Gly Tyr Arg															
90 95 100															
gtt ttt tct ggc aca cat gac gct gtc gat gtc ccc act ggg cgt gaa	451														
Val Phe Ser Gly Thr His Asp Ala Val Asp Val Pro Thr Gly Arg Glu															
105 110 115															
gaa gca att gcg cta ttc gaa tcc atc gaa ccc ggc gcg ggt gca aaa	499														
Glu Ala Ile Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Pro Gly Ala Gly Ala Lys															
120 125 130															
cta gga aat tat ctt gat agc gcg gca gac gcc tat gac att gcc att	547														
Leu Gly Asn Tyr Leu Asp Ser Ala Ala Asp Ala Tyr Asp Ile Ala Ile															
135 140 145															
gat aga ttc ctt tat aat aat ttc tcc acg tta ggc ccg ctg ctt cac	595														
Asp Arg Phe Leu Tyr Asn Asn Phe Ser Thr Leu Gly Pro Leu Leu His															
150 155 160 165															
cgg gat gta ctg acc cga gct ggc cga ctg ttt tct cta ctg acc cgt	643														
Arg Asp Val Leu Thr Arg Ala Gly Arg Leu Phe Ser Leu Leu Thr Arg															
170 175 180															
tct tta caa aag tac gta aat agt caa ttc agt agc ccg gtg ttg cgc	691														
Ser Leu Gln Lys Tyr Val Asn Ser Gln Phe Ser Ser Pro Val Leu Arg															
185 190 195															
cag atc cta acc tat cca gca gtc ttc ctg tct tcc cga ccc act act	739														
Gln Ile Leu Thr Tyr Pro Ala Val Phe Leu Ser Ser Arg Pro Thr Thr															
200 205 210															
acc cca tcg atg tac cac ttg atg agt cat acc gat ttg gtg cag gga	787														

Thr Pro Ser Met Tyr His Leu Met Ser His Thr Asp Leu Val Gln Gly

215 220 225
gtg aaa tac cct ata ggt ggt ttt act gca gtg gtt aac gct ctg cat 835
Val Lys Tyr Pro Ile Gly Gly Phe Thr Ala Val Val Asn Ala Leu His

230 235 240 245
cag tta gcg ctg gaa aac ggg gtt gag ttt caa ctc gat tct gag gtc 883
Gln Leu Ala Leu Glu Asn Gly Val Glu Phe Gln Leu Asp Ser Glu Val

250 255 260
att tcc atc aac act gct tca tcg agg ggc aac aca agc gcc aca ggt 931
Ile Ser Ile Asn Thr Ala Ser Ser Arg Gly Asn Thr Ser Ala Thr Gly

265 270 275
gtg agc ttg ctt cac aac aga aaa gtg caa aat cta gat gcg gat ctt 979
Val Ser Leu Leu His Asn Arg Lys Val Gln Asn Leu Asp Ala Asp Leu

280 285 290
gtg gtt tca gca ggc gac cta cac cat aca gaa aat aat ctg ctt ccc 1027
Val Val Ser Ala Gly Asp Leu His His Thr Glu Asn Asn Leu Leu Pro

295 300 305
cgg gaa ctt cga acc tat ccc gaa cga tat tgg tcc aat cgc aat cct 1075
Arg Glu Leu Arg Thr Tyr Pro Glu Arg Tyr Trp Ser Asn Arg Asn Pro

310 315 320 325
gga att gga gcg gta tta atc ctc ctg ggc gta aaa gga gag tta ccc 1123
Gly Ile Gly Ala Val Leu Ile Leu Leu Gly Val Lys Gly Glu Leu Pro

330 335 340
cag ctc gac cat cac aac ctt ttc ttc agt gaa gat tgg aca gat gat 1171
Gln Leu Asp His His Asn Leu Phe Phe Ser Glu Asp Trp Thr Asp Asp

345 350 355
ttt gct gta gtt ttc gac ggg cct caa ctt acc cgc ccc cac aat gca 1219
Phe Ala Val Val Phe Asp Gly Pro Gln Leu Thr Arg Pro His Asn Ala

360 365 370
tca aat tcc att tat gtc tcc aag cct tca acg tcc gaa gac ggc gtt 1267
Ser Asn Ser Ile Tyr Val Ser Lys Pro Ser Thr Ser Glu Asp Gly Val

375 380 385
gca cct gct gga tac gaa aac ctt ttt gtt tta att ccg acc aag gcc 1315
Ala Pro Ala Gly Tyr Glu Asn Leu Phe Val Leu Ile Pro Thr Lys Ala

390 395 400 405
tct agc agc atc ggc cac ggt gat gcg tat atg cag tcg gct tca gca 1363
Ser Ser Ser Ile Gly His Gly Asp Ala Tyr Met Gln Ser Ala Ser Ala

410 415 420
tcc gtg gaa aca atc gcg tca cat gca atc aat caa att gct acg caa 1411
Ser Val Glu Thr Ile Ala Ser His Ala Ile Asn Gln Ile Ala Thr Gln

425 430 435
gcc ggc atc cct gac ctc act gac cga att gtg gtc aaa cgc acc att 1459

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

440 445 450
 ggc cct gcg gat ttt gag cac cgc tac cat tca tgg gta ggc agt gcg 1507
 Gly Pro Ala Asp Phe Glu His Arg Tyr His Ser Trp Val Gly Ser Ala

455 460 465
 ctg ggt cca gca cat acc ctc aga cag tcc gct ttc tta aga ggg cgc 1555
 Leu Gly Pro Ala His Thr Leu Arg Gln Ser Ala Phe Leu Arg Gly Arg

470 475 480 485
 aat agc tcc cgc aag gtc aat aac ctc ttc tat tcc ggt gcc acc acc 1603
 Asn Ser Ser Arg Lys Val Asn Asn Leu Phe Tyr Ser Gly Ala Thr Thr

490 495 500
 gtc ccg ggt gta gga ata ccc atg tgt tta att tct gcc gag aat att 1651
 Val Pro Gly Val Gly Ile Pro Met Cys Leu Ile Ser Ala Glu Asn Ile

505 510 515
 att aag cgt tta cat gcc gat acc agt gca gga cca ctg ccc gaa cca 1699
 Ile Lys Arg Leu His Ala Asp Thr Ser Ala Gly Pro Leu Pro Glu Pro

520 525 530
 ttg ccg cct aaa acg aca cca tct caa aag acc tca tac gat cat 1744
 Leu Pro Pro Lys Thr Thr Pro Ser Gln Lys Thr Ser Tyr Asp His

535 540 545
 taaattttga tccctatcat cga 1767

<210> 262
 <211> 548
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 262
 Met Lys Val Ser Thr Lys Thr Pro Arg Ser Ser Gly Thr Ala Val Val
 1 5 10 15

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

Asp Gly Trp Gln Val Thr Val Leu Glu Lys Asn Thr Asp Val Gly Gly
 35 40 45

Arg Ala Gly Ser Leu Glu Ile Ser Gly Phe Pro Gly Phe Arg Trp Asp
 50 55 60

Thr Gly Pro Ser Trp Tyr Leu Met Pro Glu Ala Phe Asp His Phe Phe
 65 70 75 80

Ala Leu Phe Gly Ala Cys Thr Ser Asp Tyr Leu Asp Leu Val Glu Leu
 85 90 95

Thr Pro Gly Tyr Arg Val Phe Ser Gly Thr His Asp Ala Val Asp Val

100	105	110
Pro Thr Gly Arg Glu Glu Ala Ile Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Pro		
115	120	125
Gly Ala Gly Ala Lys Leu Gly Asn Tyr Leu Asp Ser Ala Ala Asp Ala		
130	135	140
Tyr Asp Ile Ala Ile Asp Arg Phe Leu Tyr Asn Asn Phe Ser Thr Leu		
145	150	155
		160
Gly Pro Leu Leu His Arg Asp Val Leu Thr Arg Ala Gly Arg Leu Phe		
	165	170
		175
Ser Leu Leu Thr Arg Ser Leu Gln Lys Tyr Val Asn Ser Gln Phe Ser		
	180	185
		190
Ser Pro Val Leu Arg Gln Ile Leu Thr Tyr Pro Ala Val Phe Leu Ser		
	195	200
		205
Ser Arg Pro Thr Thr Thr Pro Ser Met Tyr His Leu Met Ser His Thr		
	210	215
		220
Asp Leu Val Gln Gly Val Lys Tyr Pro Ile Gly Gly Phe Thr Ala Val		
225	230	235
		240
Val Asn Ala Leu His Gln Leu Ala Leu Glu Asn Gly Val Glu Phe Gln		
	245	250
		255
Leu Asp Ser Glu Val Ile Ser Ile Asn Thr Ala Ser Ser Arg Gly Asn		
	260	265
		270
Thr Ser Ala Thr Gly Val Ser Leu Leu His Asn Arg Lys Val Gln Asn		
	275	280
		285
Leu Asp Ala Asp Leu Val Val Ser Ala Gly Asp Leu His His Thr Glu		
	290	295
		300
Asn Asn Leu Leu Pro Arg Glu Leu Arg Thr Tyr Pro Glu Arg Tyr Trp		
305	310	315
		320
Ser Asn Arg Asn Pro Gly Ile Gly Ala Val Leu Ile Leu Leu Gly Val		
	325	330
		335
Lys Gly Glu Leu Pro Gln Leu Asp His His Asn Leu Phe Phe Ser Glu		
	340	345
		350
Asp Trp Thr Asp Asp Phe Ala Val Val Phe Asp Gly Pro Gln Leu Thr		
	355	360
		365
Arg Pro His Asn Ala Ser Asn Ser Ile Tyr Val Ser Lys Pro Ser Thr		
	370	375
		380
Ser Glu Asp Gly Val Ala Pro Ala Gly Tyr Glu Asn Leu Phe Val Leu		
385	390	395
		400
Ile Pro Thr Lys Ala Ser Ser Ser Ile Gly His Gly Asp Ala Tyr Met		
	405	410
		415

Gln Ser Ala Ser Ala Ser Val Glu Thr Ile Ala Ser His Ala Ile Asn
420 425 430

Gln Ile Ala Thr Gln Ala Gly Ile Pro Asp Leu Thr Asp Arg Ile Val
435 440 445

Val Lys Arg Thr Ile Gly Pro Ala Asp Phe Glu His Arg Tyr His Ser
450 455 460

Trp Val Gly Ser Ala Leu Gly Pro Ala His Thr Leu Arg Gln Ser Ala
465 470 475 480

Phe Leu Arg Gly Arg Asn Ser Ser Arg Lys Val Asn Asn Leu Phe Tyr
485 490 495

Ser Gly Ala Thr Thr Val Pro Gly Val Gly Ile Pro Met Cys Leu Ile
500 505 510

Ser Ala Glu Asn Ile Ile Lys Arg Leu His Ala Asp Thr Ser Ala Gly
515 520 525

Pro Leu Pro Glu Pro Leu Pro Pro Lys Thr Thr Pro Ser Gln Lys Thr
530 535 540

Ser Tyr Asp His
545

<210> 263

<211> 1767

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1744)

<223> FRXA00477

<400> 263

tgcgggagcg aatcagagtt ccacttcata tcaaactctc tacactcgct agagccacga 60
tgaaaggtct atctatgagc atctacagaa agaattcgtg atg aag gtc tcg act 115
Met Lys Val Ser Thr

1 5
aaa act cca cgc tcc tca ggt acc gcc gta gtc ata ggc gca ggt gtt 163
Lys Thr Pro Arg Ser Ser Gly Thr Ala Val Val Ile Gly Ala Gly Val

10 15 20
gct ggt tta gcc act tct gca ctt tta gca cgt gat ggc tgg caa gta 211
Ala Gly Leu Ala Thr Ser Ala Leu Leu Ala Arg Asp Gly Trp Gln Val

25 30 35
act gtt ttg gaa aaa aat act gat gtc ggt ggc cga gct gga tcg ctt 259
Thr Val Leu Glu Lys Asn Thr Asp Val Gly Gly Arg Ala Gly Ser Leu

40

45

50

gaa ata tca ggc ttt cct ggc ttt cga tgg gat acc gga cct tct tgg 307
Glu Ile Ser Gly Phe Pro Gly Phe Arg Trp Asp Thr Gly Pro Ser Trp

55 60 65
tac ctc atg ccc gag gcc ttt gac cat ttc ttc gca ctt ttt ggt gca 355
Tyr Leu Met Pro Glu Ala Phe Asp His Phe Phe Ala Leu Phe Gly Ala

70 75 80 85
tgt act tct gat tat ctc gat ttg gta gaa tta acg cct ggt tat cga 403
Cys Thr Ser Asp Tyr Leu Asp Leu Val Glu Leu Thr Pro Gly Tyr Arg

90 95 100
gtt ttt tct ggc aca cat gac gct gtc gat gtc ccc act ggg cgt gaa 451
Val Phe Ser Gly Thr His Asp Ala Val Asp Val Pro Thr Gly Arg Glu

105 110 115
gaa gca att gcg cta ttc gaa tcc atc gaa ccc ggc gcg ggt gca aaa 499
Glu Ala Ile Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Pro Gly Ala Gly Ala Lys

120 125 130
cta gga aat tat ctt gat agc gcg gca gac gcc tat gac att gcc att 547
Leu Gly Asn Tyr Leu Asp Ser Ala Ala Asp Ala Tyr Asp Ile Ala Ile

135 140 145
gat aga ttc ctt tat aat aat ttc tcc acg tta ggc ccg ctg ctt cac 595
Asp Arg Phe Leu Tyr Asn Asn Phe Ser Thr Leu Gly Pro Leu Leu His

150 155 160 165
cgg gat gta ctg acc cga gct ggc cga ctg ttt tct cta ctg acc cgt 643
Arg Asp Val Leu Thr Arg Ala Gly Arg Leu Phe Ser Leu Leu Thr Arg

170 175 180
tct tta caa aag tac gta aat agt caa ttc agt agc ccg gtg ttg cgc 691
Ser Leu Gln Lys Tyr Val Asn Ser Gln Phe Ser Ser Pro Val Leu Arg

185 190 195
cag atc cta acc tat cca gca gtc ttc ctg tct tcc cga ccc act act 739
Gln Ile Leu Thr Tyr Pro Ala Val Phe Leu Ser Ser Arg Pro Thr Thr

200 205 210
acc cca tcg atg tac cac ttg atg agt cat acc gat ttg gtg cag gga 787
Thr Pro Ser Met Tyr His Leu Met Ser His Thr Asp Leu Val Gln Gly

215 220 225
gtg aaa tac cct ata ggt ggt ttt act gca gtg gtt aac gct ctg cat 835
Val Lys Tyr Pro Ile Gly Gly Phe Thr Ala Val Val Asn Ala Leu His

230 235 240 245
cag tta gcg ctg gaa aac ggg gtt gag ttt caa ctc gat tct gag gtc 883
Gln Leu Ala Leu Glu Asn Gly Val Glu Phe Gln Leu Asp Ser Glu Val

250 255 260
att tcc atc aac act gct tca tcg agg ggc aac aca agc gcc aca ggt 931
Ile Ser Ile Asn Thr Ala Ser Ser Arg Gly Asn Thr Ser Ala Thr Gly

265 270 275

gtg agc ttg ctt cac aac aga aaa gtg caa aat cta gat gcg gat ctt	979
Val Ser Leu Leu His Asn Arg Lys Val Gln Asn Leu Asp Ala Asp Leu	
280 285 290	
gtg gtt tca gca ggc gac cta cac cat aca gaa aat aat ctg ctt ccc	1027
Val Val Ser Ala Gly Asp Leu His His Thr Glu Asn Asn Leu Leu Pro	
295 300 305	
cgg gaa ctt cga acc tat ccc gaa cga tat tgg tcc aat cgc aat cct	1075
Arg Glu Leu Arg Thr Tyr Pro Glu Arg Tyr Trp Ser Asn Arg Asn Pro	
310 315 320 325	
gga att gga gcg gta tta atc ctc ctg ggc gta aaa gga gag tta ccc	1123
Gly Ile Gly Ala Val Leu Ile Leu Leu Gly Val Lys Gly Glu Leu Pro	
330 335 340	
cag ctc gac cat cac aac ctt ttc ttc agt gaa gat tgg aca gat gat	1171
Gln Leu Asp His His Asn Leu Phe Phe Ser Glu Asp Trp Thr Asp Asp	
345 350 355	
ttt gct gta gtt ttc gac ggg cct caa ctt acc cgc ccc cac aat gca	1219
Phe Ala Val Val Phe Asp Gly Pro Gln Leu Thr Arg Pro His Asn Ala	
360 365 370	
tca aat tcc att tat gtc tcc aag cct tca acg tcc gaa gac ggc gtt	1267
Ser Asn Ser Ile Tyr Val Ser Lys Pro Ser Thr Ser Glu Asp Gly Val	
375 380 385	
gca cct gct gga tac gaa aac ctt ttt gtt tta att ccg acc aag gcc	1315
Ala Pro Ala Gly Tyr Glu Asn Leu Phe Val Leu Ile Pro Thr Lys Ala	
390 395 400 405	
tct agc agc atc ggc cac ggt gat gcg tat atg cag tcg gct tca gca	1363
Ser Ser Ser Ile Gly His Gly Asp Ala Tyr Met Gln Ser Ala Ser Ala	
410 415 420	
tcc gtg gaa aca atc gcg tca cat gca atc aat caa att gct acg caa	1411
Ser Val Glu Thr Ile Ala Ser His Ala Ile Asn Gln Ile Ala Thr Gln	
425 430 435	
gcc ggc atc cct gac ctc act gac cga att gtg gtc aaa cgc acc att	1459
Ala Gly Ile Pro Asp Leu Thr Asp Arg Ile Val Val Lys Arg Thr Ile	
440 445 450	
ggc cct gcg gat ttt gag cac cgc tac cat tca tgg gta ggc agt gcg	1507
Gly Pro Ala Asp Phe Glu His Arg Tyr His Ser Trp Val Gly Ser Ala	
455 460 465	
ctg ggt cca gca cat acc ctc aga cag tcc gct ttc tta aga ggg cgc	1555
Leu Gly Pro Ala His Thr Leu Arg Gln Ser Ala Phe Leu Arg Gly Arg	
470 475 480 485	
aat agc tcc cgc aag gtc aat aac ctc ttc tat tcc ggt gcc acc acc	1603
Asn Ser Ser Arg Lys Val Asn Asn Leu Phe Tyr Ser Gly Ala Thr Thr	
490 495 500	

gtc ccg ggt gta gga ata ccc atg tgt tta att tct gcc gag aat att 1651
Val Pro Gly Val Gly Ile Pro Met Cys Leu Ile Ser Ala Glu Asn Ile

505 510 515
att aag cgt tta cat gcc gat acc agt gca gga cca ctg ccc gaa cca 1699
Ile Lys Arg Leu His Ala Asp Thr Ser Ala Gly Pro Leu Pro Glu Pro

520 525 530
ttg ccg cct aaa acg aca cca tct caa aag acc tca tac gat cat 1744
Leu Pro Pro Lys Thr Thr Pro Ser Gln Lys Thr Ser Tyr Asp His

535 540 545
taaattttga tccctatcat cga 1767

<210> 264
<211> 548
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 264
Met Lys Val Ser Thr Lys Thr Pro Arg Ser Ser Gly Thr Ala Val Val
1 5 10 15

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

Asp Gly Trp Gln Val Thr Val Leu Glu Lys Asn Thr Asp Val Gly Gly
35 40 45

Arg Ala Gly Ser Leu Glu Ile Ser Gly Phe Pro Gly Phe Arg Trp Asp
50 55 60

Thr Gly Pro Ser Trp Tyr Leu Met Pro Glu Ala Phe Asp His Phe Phe
65 70 75 80

Ala Leu Phe Gly Ala Cys Thr Ser Asp Tyr Leu Asp Leu Val Glu Leu
85 90 95

Thr Pro Gly Tyr Arg Val Phe Ser Gly Thr His Asp Ala Val Asp Val
100 105 110

Pro Thr Gly Arg Glu Glu Ala Ile Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Pro
115 120 125

Gly Ala Gly Ala Lys Leu Gly Asn Tyr Leu Asp Ser Ala Ala Asp Ala
130 135 140

Tyr Asp Ile Ala Ile Asp Arg Phe Leu Tyr Asn Asn Phe Ser Thr Leu
145 150 155 160

Gly Pro Leu Leu His Arg Asp Val Leu Thr Arg Ala Gly Arg Leu Phe
165 170 175

Ser Leu Leu Thr Arg Ser Leu Gln Lys Tyr Val Asn Ser Gln Phe Ser

180	185	190
Ser Pro Val Leu Arg Gln Ile Leu Thr Tyr Pro Ala Val Phe Leu Ser		
195	200	205
Ser Arg Pro Thr Thr Thr Pro Ser Met Tyr His Leu Met Ser His Thr		
210	215	220
Asp Leu Val Gln Gly Val Lys Tyr Pro Ile Gly Gly Phe Thr Ala Val		
225	230	235 240
Val Asn Ala Leu His Gln Leu Ala Leu Glu Asn Gly Val Glu Phe Gln		
245	250	255
Leu Asp Ser Glu Val Ile Ser Ile Asn Thr Ala Ser Ser Arg Gly Asn		
260	265	270
Thr Ser Ala Thr Gly Val Ser Leu Leu His Asn Arg Lys Val Gln Asn		
275	280	285
Leu Asp Ala Asp Leu Val Val Ser Ala Gly Asp Leu His His Thr Glu		
290	295	300
Asn Asn Leu Leu Pro Arg Glu Leu Arg Thr Tyr Pro Glu Arg Tyr Trp		
305	310	315 320
Ser Asn Arg Asn Pro Gly Ile Gly Ala Val Leu Ile Leu Leu Gly Val		
325	330	335
Lys Gly Glu Leu Pro Gln Leu Asp His His Asn Leu Phe Phe Ser Glu		
340	345	350
Asp Trp Thr Asp Asp Phe Ala Val Val Phe Asp Gly Pro Gln Leu Thr		
355	360	365
Arg Pro His Asn Ala Ser Asn Ser Ile Tyr Val Ser Lys Pro Ser Thr		
370	375	380
Ser Glu Asp Gly Val Ala Pro Ala Gly Tyr Glu Asn Leu Phe Val Leu		
385	390	395 400
Ile Pro Thr Lys Ala Ser Ser Ser Ile Gly His Gly Asp Ala Tyr Met		
405	410	415
Gln Ser Ala Ser Ala Ser Val Glu Thr Ile Ala Ser His Ala Ile Asn		
420	425	430
Gln Ile Ala Thr Gln Ala Gly Ile Pro Asp Leu Thr Asp Arg Ile Val		
435	440	445
Val Lys Arg Thr Ile Gly Pro Ala Asp Phe Glu His Arg Tyr His Ser		
450	455	460
Trp Val Gly Ser Ala Leu Gly Pro Ala His Thr Leu Arg Gln Ser Ala		
465	470	475 480
Phe Leu Arg Gly Arg Asn Ser Ser Arg Lys Val Asn Asn Leu Phe Tyr		
485	490	495

Ser Gly Ala Thr Thr Val Pro Gly Val Gly Ile Pro Met Cys Leu Ile
500 505 510

Ser Ala Glu Asn Ile Ile Lys Arg Leu His Ala Asp Thr Ser Ala Gly
515 520 525

Pro Leu Pro Glu Pro Leu Pro Pro Lys Thr Thr Pro Ser Gln Lys Thr
530 535 540

Ser Tyr Asp His
545

<210> 265

<211> 954

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(931)

<223> RXA00478

<400> 265

accagaagca gcctcagcta tgacacacca aaattcgcct ctcttcctta aaagtgcact 60
gagactttac aatcgggcct cattcaaggc ttcacataaa gtg atc gaa gaa tat 115
Val Ile Glu Glu Tyr

1 5
tcc acg agc ttc agt ctg tct acg tgg ttg cta tcc cca cgc ata cga 163
Ser Thr Ser Phe Ser Leu Ser Thr Trp Leu Leu Ser Pro Arg Ile Arg

10 15 20
aat gac ata cga aat ctc tat gca gta gtt cgt atc gcc gat gag att 211
Asn Asp Ile Arg Asn Leu Tyr Ala Val Val Arg Ile Ala Asp Glu Ile

25 30 35
gtc gac ggc act gca cat gcc gct ggt tgc tca act gcc aaa atc gaa 259
Val Asp Gly Thr Ala His Ala Ala Gly Cys Ser Thr Ala Lys Ile Glu

40 45 50
gag att ctc gat gcc tat gaa att gcg gtt ctt gca gca cca caa caa 307
Glu Ile Leu Asp Ala Tyr Glu Ile Ala Val Leu Ala Ala Pro Gln Gln

55 60 65
cgc ttc aac aca gat ctt gtt tta caa gct tat ggt gaa act gcc cga 355
Arg Phe Asn Thr Asp Leu Val Leu Gln Ala Tyr Gly Glu Thr Ala Arg

70 75 80 85
cgc tgt gat ttc gaa caa gag cat gta ata gcc ttc ttt gca tca atg 403
Arg Cys Asp Phe Glu Gln Glu His Val Ile Ala Phe Phe Ala Ser Met

90 95 100
cgt aag gac ctc aaa gct aat aca cac gac cca gat agc ttc aca acg 451
Arg Lys Asp Leu Lys Ala Asn Thr His Asp Pro Asp Ser Phe Thr Thr

105	110	115	
tat gtc tat ggc tcc gcg gaa gtt ata ggc ctg ctt tgt ctc agc gtt	499		
Tyr Val Tyr Gly Ser Ala Glu Val Ile Gly Leu Leu Cys Leu Ser Val			
120	125	130	
ttc aac caa ggt aga acg att agc aaa aaa cgg cta gag att atg caa	547		
Phe Asn Gln Gly Arg Thr Ile Ser Lys Lys Arg Leu Glu Ile Met Gln			
135	140	145	
aac gga gcc cgc tca ttg gga gcg gca ttc cag aaa att aac ttt ctc	595		
Asn Gly Ala Arg Ser Leu Gly Ala Ala Phe Gln Lys Ile Asn Phe Leu			
150	155	160	165
cgt gac ttg gca gaa gat cag caa aat ttg ggc cga ttt tat ttc ccc	643		
Arg Asp Leu Ala Glu Asp Gln Gln Asn Leu Gly Arg Phe Tyr Phe Pro			
170	175	180	
aaa acc agc caa gga act ctt act aaa gaa caa aaa gaa gat ctc atc	691		
Lys Thr Ser Gln Gly Thr Leu Thr Lys Glu Gln Lys Glu Asp Leu Ile			
185	190	195	
gct gat atc cgt caa gac cta gca att gcc cac gat gca ttt cca gaa	739		
Ala Asp Ile Arg Gln Asp Leu Ala Ile Ala His Asp Ala Phe Pro Glu			
200	205	210	
ata cca gtg cag gct cgc atc gga gtg atc tct gct tat ttg ctc ttt	787		
Ile Pro Val Gln Ala Arg Ile Gly Val Ile Ser Ala Tyr Leu Leu Phe			
215	220	225	
caa aaa ctc act gac cga att gag gct act cct acc gcc gat tta ttg	835		
Gln Lys Leu Thr Asp Arg Ile Glu Ala Thr Pro Thr Ala Asp Leu Leu			
230	235	240	245
cgg gag cga atc aga gtt cca ctt cat atc aaa ctc tct aca ctc gct	883		
Arg Glu Arg Ile Arg Val Pro Leu His Ile Lys Leu Ser Thr Leu Ala			
250	255	260	
aga gcc acg atg aaa ggt cta tct atg agc atc tac aga aag aat tcg	931		
Arg Ala Thr Met Lys Gly Leu Ser Met Ser Ile Tyr Arg Lys Asn Ser			
265	270	275	
tgatgaaggt ctcgactaaa act	954		

<210> 266

<211> 277

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 266

Val	Ile	Glu	Glu	Tyr	Ser	Thr	Ser	Phe	Ser	Leu	Ser	Thr	Trp	Leu	Leu
1					5					10				15	

Ser Pro Arg Ile Arg Asn Asp Ile Arg Asn Leu Tyr Ala Val Val Arg

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

<210> 267

<211> 1056

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1033)

<223> RXA01291

<400> 267

aacccgcagc ggggtggagcg gggctgaggg agacgtcgag aagcgtccct ttcggttgtc 60
tggatttctc gcggtaaagt ttctgtgaa ggagcgaggt gtg gct gat cag caa 115
Val Ala Asp Gln Gln

1 5
gat ttt ttg ggc cgt ttt gat gcg atg agc tca aag gcg acg gcc acg 163
Asp Phe Leu Gly Arg Phe Asp Ala Met Ser Ser Lys Ala Thr Ala Thr

10 15 20
gta atc gcc cat tat tcc tcc agt ttt act ctg gca tcg aag ctg ttg 211
Val Ile Ala His Tyr Ser Ser Ser Phe Thr Leu Ala Ser Lys Leu Leu

25 30 35
tcg ccg aaa att cgt cgc gat att gag gca ttg tac gca atg gtg cga 259
Ser Pro Lys Ile Arg Arg Asp Ile Glu Ala Leu Tyr Ala Met Val Arg

40 45 50
gtg gcc gat gag gtt gtg gac ggc gct gct gct gcc gcg ggg tgt gcg 307
Val Ala Asp Glu Val Val Asp Gly Ala Ala Ala Ala Ala Gly Cys Ala

55 60 65
ccg gac gcc gtt gcg gag att ttg gac aat tac gaa cgc cag gtt ctg 355
Pro Asp Ala Val Ala Glu Ile Leu Asp Asn Tyr Glu Arg Gln Val Leu

70 75 80 85
ctc agt ttg tcc gtt cct ttt cat acc gat cca gtg atc cat gcg ttt 403
Leu Ser Leu Ser Val Pro Phe His Thr Asp Pro Val Ile His Ala Phe

90 95 100
ggc aat acc gcc cgc aaa tgt ggt ttt gag cag gct cac atc gtg gcg 451
Gly Asn Thr Ala Arg Lys Cys Gly Phe Glu Gln Ala His Ile Val Ala

105 110 115
ttt ttt gat tcc atg cgc cgc gat ctc tcc caa acc tcc tat gat ccg 499
Phe Phe Asp Ser Met Arg Arg Asp Leu Ser Gln Thr Ser Tyr Asp Pro

120 125 130
act cag ttg gat gag tac att tac ggc tcc gct gag gtc atc ggg ttg 547
Thr Gln Leu Asp Glu Tyr Ile Tyr Gly Ser Ala Glu Val Ile Gly Leu

135 140 145
atg tgt ttg aaa att ttc ctc caa gat tcc act gcc agc ccg cag gat 595
Met Cys Leu Lys Ile Phe Leu Gln Asp Ser Thr Ala Ser Pro Gln Asp

150 155 160 165
cgg gcc acg atg gaa cac ggc gcc agg cgt ttg ggt gcg gca ttt caa 643
Arg Ala Thr Met Glu His Gly Ala Arg Arg Leu Gly Ala Ala Phe Gln

170 175 180
aag gta aat ttc ctg cga gat cta gct gaa gac cgc gaa ggc cta ggc 691
Lys Val Asn Phe Leu Arg Asp Leu Ala Glu Asp Arg Glu Gly Leu Gly

185	190	195	
cgt tct tat ttg ccg gta ttc acc gaa gaa atg cgc gat gag atc gtt			739
Arg Ser Tyr Leu Pro Val Phe Thr Glu Glu Met Arg Asp Glu Ile Val			
200	205	210	
act gat atc cga gag gat ttg gat gcc gcc cgg ctg agc att ccg ctg			787
Thr Asp Ile Arg Glu Asp Leu Asp Ala Ala Arg Leu Ser Ile Pro Leu			
215	220	225	
ctg cca ttt ggc gcg cga acc ggt gtg cgc gcc gcg acc gat ctc tac			835
Leu Pro Phe Gly Ala Arg Thr Gly Val Arg Ala Ala Thr Asp Leu Tyr			
230	235	240	245
ggt tgc ctc gtg gac aac ctg gaa tcc gcg tcc ctc gaa gac tta aaa			883
Gly Cys Leu Val Asp Asn Leu Glu Ser Ala Ser Leu Glu Asp Leu Lys			
250	255	260	
aac ggg cgg gat ttt gtg ccg tct tta aaa aag cca gcc tgg caa cca			931
Asn Gly Arg Asp Phe Val Pro Ser Leu Lys Lys Pro Ala Trp Gln Pro			
265	270	275	
aag caa tgt gga aag aag tgt ttc aaa aat gac aaa agc agt ggt cat			979
Lys Gln Cys Gly Lys Lys Cys Phe Lys Asn Asp Lys Ser Ser Gly His			
280	285	290	
cgg cgg ggg act agc agg act agc cac cac cgc act gct ctt acg cga			1027
Arg Arg Gly Thr Ser Arg Thr Ser His His Arg Thr Ala Leu Thr Arg			
295	300	305	
agg ata tgaagtcac ctgctgaac aaa			1056
Arg Ile			

310

<210> 268

<211> 311

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 268

Val	Ala	Asp	Gln	Gln	Asp	Phe	Leu	Gly	Arg	Phe	Asp	Ala	Met	Ser	Ser
1				5					10					15	

Lys	Ala	Thr	Ala	Thr	Val	Ile	Ala	His	Tyr	Ser	Ser	Ser	Phe	Thr	Leu
		20						25					30		

Ala	Ser	Lys	Leu	Leu	Ser	Pro	Lys	Ile	Arg	Arg	Asp	Ile	Glu	Ala	Leu
		35						40				45			

Tyr	Ala	Met	Val	Arg	Val	Ala	Asp	Glu	Val	Val	Asp	Gly	Ala	Ala	Ala
		50					55				60				

Ala Ala Gly Cys Ala Pro Asp Ala Val Ala Glu Ile Leu Asp Asn Tyr

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

<210> 269

<211> 1239

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1216)

<223> RXA00480

<400> 269

tttatggacc caaattcaca ctttctgtac ttcatcaaaa taaagcgcca tataacaaga 60
 ttgggaattt ttgcgagata actggccgtg tgatactcga atg gac aat ggc atg 115
 Met Asp Asn Gly Met

1 5
 aca atc acc aca gaa cat tca act cat cct gat ctt gat ttc aat gat 163
 Thr Ile Thr Thr Glu His Ser Thr His Pro Asp Leu Asp Phe Asn Asp

10 15 20
 gag att tat cgg gaa cta aac cgc atc tgc gct tcg cta tct caa cag 211
 Glu Ile Tyr Arg Glu Leu Asn Arg Ile Cys Ala Ser Leu Ser Gln Gln

25 30 35
 tgc agc aca tat caa cca gag ttc cgt acc tgc cta gat gct gct ttc 259
 Cys Ser Thr Tyr Gln Pro Glu Phe Arg Thr Cys Leu Asp Ala Ala Phe

40 45 50
 caa gct ttg cga ggt ggc aag tta atc cgc cct cga atg cta ctg ggg 307
 Gln Ala Leu Arg Gly Gly Lys Leu Ile Arg Pro Arg Met Leu Leu Gly

55 60 65
 cta tac aac acg ctt gta gac gat gac att gag gtc aaa ctc aac acc 355
 Leu Tyr Asn Thr Leu Val Asp Asp Asp Ile Glu Val Lys Leu Asn Thr

70 75 80 85
 gtt tta cag gta gca gtg gct tta gaa cta ctg cat ttt tcc ctt ttg 403
 Val Leu Gln Val Ala Val Ala Leu Glu Leu Leu His Phe Ser Leu Leu

90 95 100
 gtt cat gac gat gtt att gac gga gac ctc tat cgc cga ggc aaa ctt 451
 Val His Asp Asp Val Ile Asp Gly Asp Leu Tyr Arg Arg Gly Lys Leu

105 110 115
 aat ttt att ggg cag att ctc atg cat cgc aca cct gaa agt ttt gca 499
 Asn Phe Ile Gly Gln Ile Leu Met His Arg Thr Pro Glu Ser Phe Ala

120 125 130
 caa atc cag cgc gat cca gag cat cta gat tgg gca caa tct aat gga 547
 Gln Ile Gln Arg Asp Pro Glu His Leu Asp Trp Ala Gln Ser Asn Gly

135 140 145
 ctg ctt atg gga aat ctt ttt ctt gct gcc acc cat caa atc ttc gcg 595
 Leu Leu Met Gly Asn Leu Phe Leu Ala Ala Thr His Gln Ile Phe Ala

150 155 160 165
 cgc ctt gac ctt cca cat cac caa cgg gtt cga ctt tta gat tta ctc 643
 Arg Leu Asp Leu Pro His His Gln Arg Val Arg Leu Leu Asp Leu Leu

170 175 180
 aac cac acg ata aat gac act att gtg ggt gag ttt ctt gat gtg gga 691
 Asn His Thr Ile Asn Asp Thr Ile Val Gly Glu Phe Leu Asp Val Gly

185 190 195

tta agc agc aaa gcc atc agc ccc aat atg gac att gct cta gaa atg 739
Leu Ser Ser Lys Ala Ile Ser Pro Asn Met Asp Ile Ala Leu Glu Met

200 205 210
agt cgg cta aaa aca gcc aca tac act ttt gaa ctt cca atg aga gca 787
Ser Arg Leu Lys Thr Ala Thr Tyr Thr Phe Glu Leu Pro Met Arg Ala

215 220 225
gcg gca att ctc gcg gaa cta cct cag gag att gaa aca aag ata ggt 835
Ala Ala Ile Leu Ala Glu Leu Pro Gln Glu Ile Glu Thr Lys Ile Gly

230 235 240 245
gag ata ggc aca aac ttg ggc atc gct tat caa ttg cag gac gat tac 883
Glu Ile Gly Thr Asn Leu Gly Ile Ala Tyr Gln Leu Gln Asp Asp Tyr

250 255 260
tta tct act ttt ggt gac gca gcc gaa cac ggc aaa gat gcc ttt tct 931
Leu Ser Thr Phe Gly Asp Ala Ala Glu His Gly Lys Asp Ala Phe Ser

265 270 275
gac ctt cga gaa gga aaa gaa act aca att atc gcc ttc gct cga gat 979
Asp Leu Arg Glu Gly Lys Glu Thr Thr Ile Ile Ala Phe Ala Arg Asp

280 285 290
act gct aaa tgg act gat att caa gac aac ttc ggc tcc gca gat ctg 1027
Thr Ala Lys Trp Thr Asp Ile Gln Asp Asn Phe Gly Ser Ala Asp Leu

295 300 305
agc acc tct cag gca gag cga att caa cat ctt ctc ata cag tgt gga 1075
Ser Thr Ser Gln Ala Glu Arg Ile Gln His Leu Leu Ile Gln Cys Gly

310 315 320 325
gca aag aat cac tcc ttg aat gcc atc tcc gac cac tta aat atc tgc 1123
Ala Lys Asn His Ser Leu Asn Ala Ile Ser Asp His Leu Asn Ile Cys

330 335 340
cgt tcg atg atc aaa aca cta agc ccc cag gta gat ccc aag gct caa 1171
Arg Ser Met Ile Lys Thr Leu Ser Pro Gln Val Asp Pro Lys Ala Gln

345 350 355
aat tta tta ctt aaa caa gtt gag caa cta gcc agc cgc aaa tct 1216
Asn Leu Leu Leu Lys Gln Val Glu Gln Leu Ala Ser Arg Lys Ser

360 365 370
tagaactaac ctttacgcct tta 1239

<210> 270
<211> 372
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 270
Met Asp Asn Gly Met Thr Ile Thr Thr Glu His Ser Thr His Pro Asp

1	5	10	15
Leu Asp Phe Asn Asp Glu Ile Tyr Arg Glu Leu Asn Arg Ile Cys Ala	20	25	30
Ser Leu Ser Gln Gln Cys Ser Thr Tyr Gln Pro Glu Phe Arg Thr Cys	35	40	45
Leu Asp Ala Ala Phe Gln Ala Leu Arg Gly Gly Lys Leu Ile Arg Pro	50	55	60
Arg Met Leu Leu Gly Leu Tyr Asn Thr Leu Val Asp Asp Asp Ile Glu	65	70	75
Val Lys Leu Asn Thr Val Leu Gln Val Ala Val Ala Leu Glu Leu Leu	85	90	95
His Phe Ser Leu Leu Val His Asp Asp Val Ile Asp Gly Asp Leu Tyr	100	105	110
Arg Arg Gly Lys Leu Asn Phe Ile Gly Gln Ile Leu Met His Arg Thr	115	120	125
Pro Glu Ser Phe Ala Gln Ile Gln Arg Asp Pro Glu His Leu Asp Trp	130	135	140
Ala Gln Ser Asn Gly Leu Leu Met Gly Asn Leu Phe Leu Ala Ala Thr	145	150	155
His Gln Ile Phe Ala Arg Leu Asp Leu Pro His His Gln Arg Val Arg	165	170	175
Leu Leu Asp Leu Leu Asn His Thr Ile Asn Asp Thr Ile Val Gly Glu	180	185	190
Phe Leu Asp Val Gly Leu Ser Ser Lys Ala Ile Ser Pro Asn Met Asp	195	200	205
Ile Ala Leu Glu Met Ser Arg Leu Lys Thr Ala Thr Tyr Thr Phe Glu	210	215	220
Leu Pro Met Arg Ala Ala Ala Ile Leu Ala Glu Leu Pro Gln Glu Ile	225	230	235
Glu Thr Lys Ile Gly Glu Ile Gly Thr Asn Leu Gly Ile Ala Tyr Gln	245	250	255
Leu Gln Asp Asp Tyr Leu Ser Thr Phe Gly Asp Ala Ala Glu His Gly	260	265	270
Lys Asp Ala Phe Ser Asp Leu Arg Glu Gly Lys Glu Thr Thr Ile Ile	275	280	285
Ala Phe Ala Arg Asp Thr Ala Lys Trp Thr Asp Ile Gln Asp Asn Phe	290	295	300
Gly Ser Ala Asp Leu Ser Thr Ser Gln Ala Glu Arg Ile Gln His Leu	305	310	315
			320

Leu Ile Gln Cys Gly Ala Lys Asn His Ser Leu Asn Ala Ile Ser Asp
325 330 335

His Leu Asn Ile Cys Arg Ser Met Ile Lys Thr Leu Ser Pro Gln Val
340 345 350

Asp Pro Lys Ala Gln Asn Leu Leu Leu Lys Gln Val Glu Gln Leu Ala
355 360 365

Ser Arg Lys Ser
370

<210> 271
<211> 1056
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1033)
<223> RXS01879

<400> 271
ctttgcgggc cgtgatatt gatccaacgc ttcgtggcga aaagcttgat gtcactgact 60
atgtgcgcct agctggggtg ttgcagcaaa aggatgagaa gtg aaa att acc gct 115
Val Lys Ile Thr Ala

1 5
aag gcg tgg gcg aaa acc aac ctg cat tta ggt gtg gga ccg gct cac 163
Lys Ala Trp Ala Lys Thr Asn Leu His Leu Gly Val Gly Pro Ala His

10 15 20
gac gat gga ttt cac gag ctc atg acg gtg ttt caa acc att gat ctg 211
Asp Asp Gly Phe His Glu Leu Met Thr Val Phe Gln Thr Ile Asp Leu

25 30 35
ttt gac acc gtc acc tta acc acc ctc gat gag gag ttg gtg gag gag 259
Phe Asp Thr Val Thr Leu Thr Thr Leu Asp Glu Glu Leu Val Glu Glu

40 45 50
ggg agc gtc gtc aag caa tta tct gtg acc ggt gcc cgt ggc gtg cct 307
Gly Ser Val Val Lys Gln Leu Ser Val Thr Gly Ala Arg Gly Val Pro

55 60 65
gag gac gcc agc aat ctt gcg tgg cgc gct gtg gat gcg ttg gtt aag 355
Glu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Trp Arg Ala Val Asp Ala Leu Val Lys

70 75 80 85
cgg cgc gcg gaa aag acg ccg ctg tct gca gtt tgc ctg cat att tcc 403
Arg Arg Ala Glu Lys Thr Pro Leu Ser Ala Val Ser Leu His Ile Ser

90 95 100
aag ggg att ccg gtg gct ggc ggc atg gct ggc ggc tct gcg gat gcg 451
Lys Gly Ile Pro Val Ala Gly Gly Met Ala Gly Gly Ser Ala Asp Ala

105	110	115	
gct gcg aca ctg cgc gca gtg gat gcc tgg att ggg cct ttc ggc gag			499
Ala Ala Thr Leu Arg Ala Val Asp Ala Trp Ile Gly Pro Phe Gly Glu			
120	125	130	
gac aca ttg ctg gag gtt gcc gcg gag ctc ggc tca gat gtg ccg ttt			547
Asp Thr Leu Leu Glu Val Ala Ala Glu Leu Gly Ser Asp Val Pro Phe			
135	140	145	
tgc ctg ctt ggt ggc acc atg cgc ggt acc ggt cgc ggc gag cag ctg			595
Cys Leu Leu Gly Gly Thr Met Arg Gly Thr Gly Arg Gly Glu Gln Leu			
150	155	160	165
gta gat atg ttg acg cgc ggc aag cta cat tgg gtg gtg gcc gcg atg			643
Val Asp Met Leu Thr Arg Gly Lys Leu His Trp Val Val Ala Ala Met			
170	175	180	
gcg cat ggc ctg tcc acg cct gag gta ttc aaa aag cat gat gag ctg			691
Ala His Gly Leu Ser Thr Pro Glu Val Phe Lys Lys His Asp Glu Leu			
185	190	195	
aat ccg gaa tgc cat atg gat atc agc gac ctc agc gcc gca ctt ctc			739
Asn Pro Glu Ser His Met Asp Ile Ser Asp Leu Ser Ala Ala Leu Leu			
200	205	210	
acc ggc aac acc gcc gag gtg ggg cag tgg ctg cac aat gat ctg acc			787
Thr Gly Asn Thr Ala Glu Val Gly Gln Trp Leu His Asn Asp Leu Thr			
215	220	225	
agc gcc gca ctc agt ttg cgc cct gaa ctg cgc agc gtc ctc caa gaa			835
Ser Ala Ala Leu Ser Leu Arg Pro Glu Leu Arg Ser Val Leu Gln Glu			
230	235	240	245
ggc atc cgc tcc ggc gcg cat gca gga att gtc tcc ggc tcc ggc ccg			883
Gly Ile Arg Ser Gly Ala His Ala Gly Ile Val Ser Gly Ser Gly Pro			
250	255	260	
acc acg gta ttc ttg tgc gaa tgc gag cac aaa gcg caa gac gtt aaa			931
Thr Thr Val Phe Leu Cys Glu Ser Glu His Lys Ala Gln Asp Val Lys			
265	270	275	
gag gcg cta atc gac gcc ggc cag gtg tac gct gct tac acc gcc acc			979
Glu Ala Leu Ile Asp Ala Gly Gln Val Tyr Ala Ala Tyr Thr Ala Thr			
280	285	290	
ggc cct gcg gcc tca acc gcc gac cag cgc ggc gca cac att ttg act			1027
Gly Pro Ala Ala Ser Thr Ala Asp Gln Arg Gly Ala His Ile Leu Thr			
295	300	305	
gtt tca taataaagac aaacttaagt atc			1056
Val Ser			

310

<210> 272

<211> 311
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 272

```

Val Lys Ile Thr Ala Lys Ala Trp Ala Lys Thr Asn Leu His Leu Gly
  1             5             10             15

Val Gly Pro Ala His Asp Asp Gly Phe His Glu Leu Met Thr Val Phe
          20             25             30

Gln Thr Ile Asp Leu Phe Asp Thr Val Thr Leu Thr Thr Leu Asp Glu
      35             40             45

Glu Leu Val Glu Glu Gly Ser Val Val Lys Gln Leu Ser Val Thr Gly
      50             55             60

Ala Arg Gly Val Pro Glu Asp Ala Ser Asn Leu Ala Trp Arg Ala Val
      65             70             75             80

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

Ser Leu His Ile Ser Lys Gly Ile Pro Val Ala Gly Gly Met Ala Gly
      100             105             110

Gly Ser Ala Asp Ala Ala Ala Thr Leu Arg Ala Val Asp Ala Trp Ile
      115             120             125

Gly Pro Phe Gly Glu Asp Thr Leu Leu Glu Val Ala Ala Glu Leu Gly
      130             135             140

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

Arg Gly Glu Gln Leu Val Asp Met Leu Thr Arg Gly Lys Leu His Trp
          165             170             175

Val Val Ala Ala Met Ala His Gly Leu Ser Thr Pro Glu Val Phe Lys
          180             185             190

Lys His Asp Glu Leu Asn Pro Glu Ser His Met Asp Ile Ser Asp Leu
          195             200             205

Ser Ala Ala Leu Leu Thr Gly Asn Thr Ala Glu Val Gly Gln Trp Leu
      210             215             220

His Asn Asp Leu Thr Ser Ala Ala Leu Ser Leu Arg Pro Glu Leu Arg
      225             230             235             240

Ser Val Leu Gln Glu Gly Ile Arg Ser Gly Ala His Ala Gly Ile Val
          245             250             255

Ser Gly Ser Gly Pro Thr Thr Val Phe Leu Cys Glu Ser Glu His Lys
          260             265             270

Ala Gln Asp Val Lys Glu Ala Leu Ile Asp Ala Gly Gln Val Tyr Ala
    
```

275	280	285	
Ala Tyr Thr Ala Thr Gly Pro Ala Ala Ser Thr Ala Asp Gln Arg Gly			
290	295	300	
Ala His Ile Leu Thr Val Ser			
305	310		
<210> 273			
<211> 891			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(868)			
<223> RXS02023			
<400> 273			
gatgtggcag caatTTTgaa gcagTacctg agcgagTaaC cgcattcggg gttatcgtgg 60			
gacttccgaa atgTaaCTag agactagagg agGaaacacg atg gct cct aaa caa 115			
Met Ala Pro Lys Gln			
1 5			
act ccc agc cca gag aag aat cga aac ctg gtg gga cca gtt ctg caa 163			
Thr Pro Ser Pro Glu Lys Asn Arg Asn Leu Val Gly Pro Val Leu Gln			
10 15 20			
cgt cgg cag aca gag ggt act ttt gat caa cgc ttg cta gaa atg cgc 211			
Arg Arg Gln Thr Glu Gly Thr Phe Asp Gln Arg Leu Leu Glu Met Arg			
25 30 35			
gct gat cac aat tgg aag cac gcc gat cca tgg cgt gta ctg cgt att 259			
Ala Asp His Asn Trp Lys His Ala Asp Pro Trp Arg Val Leu Arg Ile			
40 45 50			
cag tct gag ttt gtg gcg ggt ttt gat gcc ctc cac gag atg cca aag 307			
Gln Ser Glu Phe Val Ala Gly Phe Asp Ala Leu His Glu Met Pro Lys			
55 60 65			
gcc gta acc gtc ttt ggt tcc gca cgc att aaa gag gat cac ccg tac 355			
Ala Val Thr Val Phe Gly Ser Ala Arg Ile Lys Glu Asp His Pro Tyr			
70 75 80 85			
tac aag gcg ggt gta gaa ctt ggt gaa aag ctc gtt gca gcg gac tac 403			
Tyr Lys Ala Gly Val Glu Leu Gly Glu Lys Leu Val Ala Ala Asp Tyr			
90 95 100			
gca gtt gtc acc ggt ggc ggt cca ggt ctg atg gaa gcc ccc aat aag 451			
Ala Val Val Thr Gly Gly Gly Pro Gly Leu Met Glu Ala Pro Asn Lys			
105 110 115			
ggg gca agc gag gcc aat ggt tta tca gtt ggt ctg ggc att gag ttg 499			

Gly Ala Ser Glu Ala Asn Gly Leu Ser Val Gly Leu Gly Ile Glu Leu

120 125 130
cca cat gaa cag cat ctg aac cct tat gtg gat ttg ggt ctg aac ttc 547
Pro His Glu Gln His Leu Asn Pro Tyr Val Asp Leu Gly Leu Asn Phe

135 140 145
cgg tac ttc ttc gca cgc aag acc atg ttc ctg aaa tac tcc cag gct 595
Arg Tyr Phe Phe Ala Arg Lys Thr Met Phe Leu Lys Tyr Ser Gln Ala

150 155 160 165
ttt gtg tgt ctg cct ggt ggt ttc ggc acg ctc gat gag ctt ttc gag 643
Phe Val Cys Leu Pro Gly Gly Phe Gly Thr Leu Asp Glu Leu Phe Glu

170 175 180
gtc ctc tgc atg gta caa acc ggc aag gta ccc aac ttt ccc atc gtg 691
Val Leu Cys Met Val Gln Thr Gly Lys Val Pro Asn Phe Pro Ile Val

185 190 195
ctg atc ggc act gag ttc tgg gca ggt ttg gtg gat tgg atc cgt cac 739
Leu Ile Gly Thr Glu Phe Trp Ala Gly Leu Val Asp Trp Ile Arg His

200 205 210
cgc ctg gta gag gaa ggc atg atc gat gag aag gat gtt gac cgg atg 787
Arg Leu Val Glu Glu Gly Met Ile Asp Glu Lys Asp Val Asp Arg Met

215 220 225
ttg gtc act gat gac ctg gat cag gcc gtc aaa ttc atc gtc gat gca 835
Leu Val Thr Asp Asp Leu Asp Gln Ala Val Lys Phe Ile Val Asp Ala

230 235 240 245
cac gct gga ttg gac gta gcg cgt ctc cac aat taagcagtgg ctacattagg 888
His Ala Gly Leu Asp Val Ala Arg Leu His Asn

250 255
tgt 891

<210> 274
<211> 256
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 274
Met Ala Pro Lys Gln Thr Pro Ser Pro Glu Lys Asn Arg Asn Leu Val
1 5 10 15
Gly Pro Val Leu Gln Arg Arg Gln Thr Glu Gly Thr Phe Asp Gln Arg
20 25 30
Leu Leu Glu Met Arg Ala Asp His Asn Trp Lys His Ala Asp Pro Trp
35 40 45
Arg Val Leu Arg Ile Gln Ser Glu Phe Val Ala Gly Phe Asp Ala Leu

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

<210> 275
<211> 1242
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1219)
<223> RXS00948
```

```

<400> 275
acaccctcca aatgatctcg taaaacagta ttgaatttag gtacgactct aatcgtacct 60
tgcctcaag ccaagctagt tgtacgatca aactcgttgt atg gca aac gtc gta 115
                                     Met Ala Asn Val Val
                                     1               5
cta gtc gat cga atg gag cct ttg gtg tcc aag ctg ttt acc cca att 163

```

Leu Val Asp Arg Met Glu Pro Leu Val Ser Lys Leu Phe Thr Pro Ile

10 15 20
caa atc cgc gac atc acc atc ccc aac cgc gtg tgg atg tca ccg atg 211
Gln Ile Arg Asp Ile Thr Ile Pro Asn Arg Val Trp Met Ser Pro Met

25 30 35
tgc acc tac tct gca gcc acc ggt tca ggt ctt ccc acc gat ttt cac 259
Cys Thr Tyr Ser Ala Ala Thr Gly Ser Gly Leu Pro Thr Asp Phe His

40 45 50
cag gct cat tac gca gct cgc gca gca ggt ggt gtc gga tta gtc atg 307
Gln Ala His Tyr Ala Ala Arg Ala Ala Gly Gly Val Gly Leu Val Met

55 60 65
gtt gaa gca act gga gtg aac ccc gta gct ccc atc tcc cca gtc gac 355
Val Glu Ala Thr Gly Val Asn Pro Val Ala Pro Ile Ser Pro Val Asp

70 75 80 85
ctt gga ctt tgg agc cat gac caa att gaa cca ttc tcc cga gtg aca 403
Leu Gly Leu Trp Ser His Asp Gln Ile Glu Pro Phe Ser Arg Val Thr

90 95 100
gca gct att cgc gcc ggt ggg gca gta ccg gcc gtt caa tta gcc cat 451
Ala Ala Ile Arg Ala Gly Gly Ala Val Pro Ala Val Gln Leu Ala His

105 110 115
gct ggc cgc aag gca tcc acc gat gct ccg tgg aat ggt ggc gga tat 499
Ala Gly Arg Lys Ala Ser Thr Asp Ala Pro Trp Asn Gly Gly Gly Tyr

120 125 130
gtt gga cca gaa acc aat gga tgg gag act gtc ggc ccc agc cct ctg 547
Val Gly Pro Glu Thr Asn Gly Trp Glu Thr Val Gly Pro Ser Pro Leu

135 140 145
gca ttc cca ggt ttg cct gct ccg cgc gag ctg acg gtt tca gaa atc 595
Ala Phe Pro Gly Leu Pro Ala Pro Arg Glu Leu Thr Val Ser Glu Ile

150 155 160 165
caa gag gtt gtg cag cag ttc gct ggc gcc gcc gtt cgt gcc gat cag 643
Gln Glu Val Val Gln Gln Phe Ala Gly Ala Ala Val Arg Ala Asp Gln

170 175 180
gct ggt ttt gat gtc gtg gaa att cac gca gca cac ggc tac ctt ttg 691
Ala Gly Phe Asp Val Val Glu Ile His Ala Ala His Gly Tyr Leu Leu

185 190 195
cat aac ttc ctt tct ccg atc tcc aac aag cgc acc gat tca tac ggc 739
His Asn Phe Leu Ser Pro Ile Ser Asn Lys Arg Thr Asp Ser Tyr Gly

200 205 210
gga tct tta gaa aac cgc gct cgc atc gtg ctc gaa gtc att gat gca 787
Gly Ser Leu Glu Asn Arg Ala Arg Ile Val Leu Glu Val Ile Asp Ala

215 220 225
atc cgc gca gtg tgg cca gag gaa aag cct gta ttc atg cgc att tcc 835

Ile Arg Ala Val Trp Pro Glu Glu Lys Pro Val Phe Met Arg Ile Ser

230 235 240 245
acc acc gac tgg gtg gag gaa aac cca cag gat gat cgc gag tcc tgg 883
Thr Thr Asp Trp Val Glu Glu Asn Pro Gln Asp Asp Arg Glu Ser Trp

250 255 260
acg ctg agc caa agc agg cag ctg gct ttg tgg gca tcc gag cac gga 931
Thr Leu Ser Gln Ser Arg Gln Leu Ala Leu Trp Ala Ser Glu His Gly

265 270 275
gtt gat ttg atc gat gcc tct tct ggt ggc ctc gac atc gtc ccc att 979
Val Asp Leu Ile Asp Ala Ser Ser Gly Gly Leu Asp Ile Val Pro Ile

280 285 290
ccg cat gac cgc gat tac caa acc gcg aag gcc gca gat ctt cac gca 1027
Pro His Asp Arg Asp Tyr Gln Thr Ala Lys Ala Ala Asp Leu His Ala

295 300 305
agt acc gga gtg aca gtc gct gct gtg ggg cgc att gat gac gcc caa 1075
Ser Thr Gly Val Thr Val Ala Ala Val Gly Arg Ile Asp Asp Ala Gln

310 315 320 325
act gcg cac aat ttg gtt gat tct ggc gat gtc aat gca gtt ttc ctc 1123
Thr Ala His Asn Leu Val Asp Ser Gly Asp Val Asn Ala Val Phe Leu

330 335 340
ggc cgt cca ctg ctc aag gat cct tcc tgg gca aac caa gca gcc ctc 1171
Gly Arg Pro Leu Leu Lys Asp Pro Ser Trp Ala Asn Gln Ala Ala Leu

345 350 355
gca cta ggt gcg gaa ccc agg tat gtt cac caa tac gac tac gta ctt 1219
Ala Leu Gly Ala Glu Pro Arg Tyr Val His Gln Tyr Asp Tyr Val Leu

360 365 370
taaaggagag ttgacatgaa ggt 1242

<210> 276
<211> 373
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 276
Met Ala Asn Val Val Leu Val Asp Arg Met Glu Pro Leu Val Ser Lys
1 5 10 15
Leu Phe Thr Pro Ile Gln Ile Arg Asp Ile Thr Ile Pro Asn Arg Val
20 25 30
Trp Met Ser Pro Met Cys Thr Tyr Ser Ala Ala Thr Gly Ser Gly Leu
35 40 45
Pro Thr Asp Phe His Gln Ala His Tyr Ala Ala Arg Ala Ala Gly Gly

50	55	60
Val Gly Leu Val Met Val Glu Ala Thr Gly Val Asn Pro Val Ala Pro		
65	70	75 80
Ile Ser Pro Val Asp Leu Gly Leu Trp Ser His Asp Gln Ile Glu Pro		
	85	90 95
Phe Ser Arg Val Thr Ala Ala Ile Arg Ala Gly Gly Ala Val Pro Ala		
	100	105 110
Val Gln Leu Ala His Ala Gly Arg Lys Ala Ser Thr Asp Ala Pro Trp		
	115	120 125
Asn Gly Gly Gly Tyr Val Gly Pro Glu Thr Asn Gly Trp Glu Thr Val		
	130	135 140
Gly Pro Ser Pro Leu Ala Phe Pro Gly Leu Pro Ala Pro Arg Glu Leu		
	145	150 155 160
Thr Val Ser Glu Ile Gln Glu Val Val Gln Gln Phe Ala Gly Ala Ala		
	165	170 175
Val Arg Ala Asp Gln Ala Gly Phe Asp Val Val Glu Ile His Ala Ala		
	180	185 190
His Gly Tyr Leu Leu His Asn Phe Leu Ser Pro Ile Ser Asn Lys Arg		
	195	200 205
Thr Asp Ser Tyr Gly Gly Ser Leu Glu Asn Arg Ala Arg Ile Val Leu		
	210	215 220
Glu Val Ile Asp Ala Ile Arg Ala Val Trp Pro Glu Glu Lys Pro Val		
	225	230 235 240
Phe Met Arg Ile Ser Thr Thr Asp Trp Val Glu Glu Asn Pro Gln Asp		
	245	250 255
Asp Arg Glu Ser Trp Thr Leu Ser Gln Ser Arg Gln Leu Ala Leu Trp		
	260	265 270
Ala Ser Glu His Gly Val Asp Leu Ile Asp Ala Ser Ser Gly Gly Leu		
	275	280 285
Asp Ile Val Pro Ile Pro His Asp Arg Asp Tyr Gln Thr Ala Lys Ala		
	290	295 300
Ala Asp Leu His Ala Ser Thr Gly Val Thr Val Ala Ala Val Gly Arg		
	305	310 315 320
Ile Asp Asp Ala Gln Thr Ala His Asn Leu Val Asp Ser Gly Asp Val		
	325	330 335
Asn Ala Val Phe Leu Gly Arg Pro Leu Leu Lys Asp Pro Ser Trp Ala		
	340	345 350
Asn Gln Ala Ala Leu Ala Leu Gly Ala Glu Pro Arg Tyr Val His Gln		
	355	360 365

Tyr Asp Tyr Val Leu
370

<210> 277

<211> 1026

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1003)

<223> RXS02228

<400> 277

acagaagcgt caactgctca acttctcgac agcgacgaca cacacggcgt gggacgctac 60
gttgctcgct ggacttttta acttaaggga gatctagatc gtg gta aca ccg atc 115
Val Val Thr Pro Ile

1 5
gca gtg gtt gga ccc act gca tct gga aaa tca gct ttg gga att gct 163
Ala Val Val Gly Pro Thr Ala Ser Gly Lys Ser Ala Leu Gly Ile Ala

10 15 20
cta gcc cac aag ctt gac ggt gaa gta gtc aat gtg gat tcc atg cag 211
Leu Ala His Lys Leu Asp Gly Glu Val Val Asn Val Asp Ser Met Gln

25 30 35
ctg tac aaa ggc atg gac atc ggc acg gca aag ctg act gtc gaa gaa 259
Leu Tyr Lys Gly Met Asp Ile Gly Thr Ala Lys Leu Thr Val Glu Glu

40 45 50
cgc gaa ggc att gcg cat cat cag ctc gat gtc tgg gac gtt acc gaa 307
Arg Glu Gly Ile Ala His His Gln Leu Asp Val Trp Asp Val Thr Glu

55 60 65
act gcg tca gtg gcg agg ttt caa tcc gac gcc gtt gcc gat gtg gaa 355
Thr Ala Ser Val Ala Arg Phe Gln Ser Asp Ala Val Ala Asp Val Glu

70 75 80 85
gat att atg tcc cgt ggc aaa acc ccc atc ttg gtt ggc ggc tcc atg 403
Asp Ile Met Ser Arg Gly Lys Thr Pro Ile Leu Val Gly Gly Ser Met

90 95 100
ttg tac gtc caa tct ttg gtc gat gat tgg caa ttc cca cct acc gac 451
Leu Tyr Val Gln Ser Leu Val Asp Asp Trp Gln Phe Pro Pro Thr Asp

105 110 115
agc gct gtt cgc gca cgc ttt gag gcc cgc ttg gca gac atc ggt gtc 499
Ser Ala Val Arg Ala Arg Phe Glu Ala Arg Leu Ala Asp Ile Gly Val

120 125 130
gaa gca cta cac gct gaa ctt act cag ctt gac cca gaa gca gca gcc 547
Glu Ala Leu His Ala Glu Leu Thr Gln Leu Asp Pro Glu Ala Ala Ala

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

295 300

<210> 278
 <211> 301
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 278
 Val Val Thr Pro Ile Ala Val Val Gly Pro Thr Ala Ser Gly Lys Ser
 1 5 10 15
 Ala Leu Gly Ile Ala Leu Ala His Lys Leu Asp Gly Glu Val Val Asn
 20 25 30

Val Asp Ser Met Gln Leu Tyr Lys Gly Met Asp Ile Gly Thr Ala Lys
35 40 45

Leu Thr Val Glu Glu Arg Glu Gly Ile Ala His His Gln Leu Asp Val
50 55 60

Trp Asp Val Thr Glu Thr Ala Ser Val Ala Arg Phe Gln Ser Asp Ala
65 70 75 80

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

Val Gly Gly Ser Met Leu Tyr Val Gln Ser Leu Val Asp Asp Trp Gln
100 105 110

Phe Pro Pro Thr Asp Ser Ala Val Arg Ala Arg Phe Glu Ala Arg Leu
115 120 125

Ala Asp Ile Gly Val Glu Ala Leu His Ala Glu Leu Thr Gln Leu Asp
130 135 140

Pro Glu Ala Ala Ala Val Ile Glu Ser Asn Asp Pro Arg Arg Thr Val
145 150 155 160

Arg Ala Leu Glu Val Ile Glu Leu Thr Gly Gln Pro Phe Gln Ala Ser
165 170 175

Gln Pro Pro Lys Asp Ala Pro Pro Arg Trp Gly Thr Arg Ile Ile Gly
180 185 190

Leu Lys Thr Thr Pro Glu Trp Leu Asn Pro Arg Ile Glu Gln Arg Thr
195 200 205

Ala Arg Met Phe Glu Gln Gly Phe Val Ala Glu Val Glu His Leu Val
210 215 220

Gln Gln Gly Leu Ile Ala Asp Ser Thr Ala Gly Arg Ala Ile Gly Tyr
225 230 235 240

Ser Gln Val Leu Ala Ala Met Ala Gly Glu Met Thr Trp Glu Asp Ala
245 250 255

Phe Glu Arg Thr Val Thr Gly Thr Arg Arg Tyr Val Arg Arg Gln Arg
260 265 270

Ser Trp Phe Asn Arg Asp His Arg Val Ser Trp Val Asp Ala Ser Gly
275 280 285

Asp Pro Thr Ala Gln Ala Leu Glu Ile Leu Gly Leu Gln
290 295 300

<210> 279

<211> 954

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(931)

<223> RXC01971

<400> 279

aggctcttggt tatttcggct actgattcag tagctgcgct ccgataggat tcttagtttt 60
cagttcagta tctttgagcc acggctagaa tgtgaatcct atg tct aag aag aag 115
Met Ser Lys Lys Lys

1 5
cct cgc ccc att ccg gtt cct gcc caa ttt atc cct ggt ctc att gat 163
Pro Arg Pro Ile Pro Val Pro Ala Gln Phe Ile Pro Gly Leu Ile Asp

10 15 20
gcg cat aca cat ttg gca tcg tgt gga gga gat ctt gca ggg ttg gtg 211
Ala His Thr His Leu Ala Ser Cys Gly Gly Asp Leu Ala Gly Leu Val

25 30 35
gaa agg gcc aag gag gcg ggc gtc gaa aag ctt tgt acc gtc ggt gat 259
Glu Arg Ala Lys Glu Ala Gly Val Glu Lys Leu Cys Thr Val Gly Asp

40 45 50
ggt ttg gct gag gcc gag ctt gcg ctg gag gcc gcg caa cag ttt ggc 307
Gly Leu Ala Glu Ala Glu Leu Ala Leu Glu Ala Ala Gln Gln Phe Gly

55 60 65
aat gtg ttt gct gcg tgt gcg att cat ccg acg aag gct gat cag ttg 355
Asn Val Phe Ala Ala Cys Ala Ile His Pro Thr Lys Ala Asp Gln Leu

70 75 80 85
gat ggg gct gcg cgt gcg cgg ctg acg cag atg gcg gcg gat ccg aat 403
Asp Gly Ala Ala Arg Ala Arg Leu Thr Gln Met Ala Ala Asp Pro Asn

90 95 100
tgt gtg gcc att ggt gag act ggt ttg gat tcg tat tgg atc aag cac 451
Cys Val Ala Ile Gly Glu Thr Gly Leu Asp Ser Tyr Trp Ile Lys His

105 110 115
gat cca gag gac acg gcg gcg ttg gat gtg caa gag gag gcg ctg cgc 499
Asp Pro Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asp Val Gln Glu Glu Ala Leu Arg

120 125 130
tgg cat att gat ttg gca att agt gcg gat aag ccg ttg atg att cac 547
Trp His Ile Asp Leu Ala Ile Ser Ala Asp Lys Pro Leu Met Ile His

135 140 145
aat cgt gag gcg gat gct gat ttg atg cga gtg ttg gcg gat gct cca 595
Asn Arg Glu Ala Asp Ala Asp Leu Met Arg Val Leu Ala Asp Ala Pro

150 155 160 165
cct cca aaa gat acg att ctg cat tgt ttt tct tcg ccg ttg gac gtg 643
Pro Pro Lys Asp Thr Ile Leu His Cys Phe Ser Ser Pro Leu Asp Val

170 175 180
gcg aag gaa gcg ttg gat cgt gga tat gtg ttg agt ttt gcg ggc aat 691

Ala Lys Glu Ala Leu Asp Arg Gly Tyr Val Leu Ser Phe Ala Gly Asn

185 190 195
gtg acg ttt aag cgt aat gag gag ttg cgg gag gct gct cgt att gcg 739
Val Thr Phe Lys Arg Asn Glu Glu Leu Arg Glu Ala Ala Arg Ile Ala

200 205 210
ccg att tcc cag att ttg att gaa acc gat gcg ccg tat atg acg ccg 787
Pro Ile Ser Gln Ile Leu Ile Glu Thr Asp Ala Pro Tyr Met Thr Pro

215 220 225
gag ccg ttt cgg ggg agt agg aat gag ccg tcg ttg att ggt cat acg 835
Glu Pro Phe Arg Gly Ser Arg Asn Glu Pro Ser Leu Ile Gly His Thr

230 235 240 245
gcg cta tgc att gcg gag gtt cgg ggg atg gct gtg gag gat gtt gcg 883
Ala Leu Cys Ile Ala Glu Val Arg Gly Met Ala Val Glu Asp Val Ala

250 255 260
gcg gct ttg aat gag aat ttt gat cgc gtt tat ggg gtc aca aat cta 931
Ala Ala Leu Asn Glu Asn Phe Asp Arg Val Tyr Gly Val Thr Asn Leu

265 270 275
taacgtgagg tagctcacag tca 954

<210> 280

<211> 277

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 280

Met Ser Lys Lys Lys Pro Arg Pro Ile Pro Val Pro Ala Gln Phe Ile
1 5 10 15

Pro Gly Leu Ile Asp Ala His Thr His Leu Ala Ser Cys Gly Gly Asp
20 25 30

Leu Ala Gly Leu Val Glu Arg Ala Lys Glu Ala Gly Val Glu Lys Leu
35 40 45

Cys Thr Val Gly Asp Gly Leu Ala Glu Ala Glu Leu Ala Leu Glu Ala
50 55 60

Ala Gln Gln Phe Gly Asn Val Phe Ala Ala Cys Ala Ile His Pro Thr
65 70 75 80

Lys Ala Asp Gln Leu Asp Gly Ala Ala Arg Ala Arg Leu Thr Gln Met
85 90 95

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

Tyr Trp Ile Lys His Asp Pro Glu Asp Thr Ala Ala Leu Asp Val Gln
115 120 125

Glu Glu Ala Leu Arg Trp His Ile Asp Leu Ala Ile Ser Ala Asp Lys
130 135 140

Pro Leu Met Ile His Asn Arg Glu Ala Asp Ala Asp Leu Met Arg Val
145 150 155 160

Leu Ala Asp Ala Pro Pro Pro Lys Asp Thr Ile Leu His Cys Phe Ser
165 170 175

Ser Pro Leu Asp Val Ala Lys Glu Ala Leu Asp Arg Gly Tyr Val Leu
180 185 190

Ser Phe Ala Gly Asn Val Thr Phe Lys Arg Asn Glu Glu Leu Arg Glu
195 200 205

Ala Ala Arg Ile Ala Pro Ile Ser Gln Ile Leu Ile Glu Thr Asp Ala
210 215 220

Pro Tyr Met Thr Pro Glu Pro Phe Arg Gly Ser Arg Asn Glu Pro Ser
225 230 235 240

Leu Ile Gly His Thr Ala Leu Cys Ile Ala Glu Val Arg Gly Met Ala
245 250 255

Val Glu Asp Val Ala Ala Ala Leu Asn Glu Asn Phe Asp Arg Val Tyr
260 265 270

Gly Val Thr Asn Leu
275

<210> 281

<211> 1650

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1627)

<223> RXC02697

<400> 281

tttggctcac ctcatgatg tagacatccc ccatgaggtg cgcgcacagt tgcgggcact 60
ggctatccgc tcaaccgaac gtcggatgta gtagacgcgt atg aca ctt ttt caa 115
Met Thr Leu Phe Gln

1 5
cgt tta acc aac cct gta gtg ctc ggc ggc cta gca ggt gtt ttg ctt 163
Arg Leu Thr Asn Pro Val Val Leu Gly Gly Leu Ala Gly Val Leu Leu

10 15 20
ctg ctc ggc tct ttc ggt ggc ggt gcc att cgg tac cgt ggc gga gtg 211
Leu Leu Gly Ser Phe Gly Gly Gly Ala Ile Arg Tyr Arg Gly Gly Val

25 30 35
ctc gat gcg ttg ggg ctt aac ttc ctt gct ttt ggc cac gcg cag ggt 259

Leu Asp Ala Leu Gly Leu Asn Phe Leu Ala Phe Gly His Ala Gln Gly

40 45 50
att tcc aat acc gtg ttg tgg gtt ggg cag ctg ctg ctg att ggc gcg 307
Ile Ser Asn Thr Val Leu Trp Val Gly Gln Leu Leu Leu Ile Gly Ala

55 60 65
tgg gtt cac ctt gga cgt cgg ttg ttc aag aaa aaa gtc gct gat gac 355
Trp Val His Leu Gly Arg Arg Leu Phe Lys Lys Lys Val Ala Asp Asp

70 75 80 85
acc gca gac gct gct gac tta ggt ctt gta aag cgc acg ttg tat gcc 403
Thr Ala Asp Ala Ala Asp Leu Gly Leu Val Lys Arg Thr Leu Tyr Ala

90 95 100
atg gtg gtg ccc ctc att ttt gcg gca cca atg atg tcg cgt gat gtt 451
Met Val Val Pro Leu Ile Phe Ala Ala Pro Met Met Ser Arg Asp Val

105 110 115
tat tcc tat ctc atg cag ggc gcg atg ctg cgt gat ggc ttc gat ccc 499
Tyr Ser Tyr Leu Met Gln Gly Ala Met Leu Arg Asp Gly Phe Asp Pro

120 125 130
tac act gag ggc gct gcg gta aac cct ggc ccc atg ttg ctt gag gtc 547
Tyr Thr Glu Gly Ala Ala Val Asn Pro Gly Pro Met Leu Leu Glu Val

135 140 145
tct cat gat tgg cgc aac acc acg acg ccg tat ggt cca cta cac ctg 595
Ser His Asp Trp Arg Asn Thr Thr Thr Pro Tyr Gly Pro Leu His Leu

150 155 160 165
tgg att gga gac atg atc acc acg gtt gtg ggc gat aat gtc acc ttg 643
Trp Ile Gly Asp Met Ile Thr Thr Val Val Gly Asp Asn Val Thr Leu

170 175 180
ggc gtc gtc gct tac aag atc ttg tcg atc att ggc ctt gct gtg aca 691
Gly Val Val Ala Tyr Lys Ile Leu Ser Ile Ile Gly Leu Ala Val Thr

185 190 195
ggc tgg agc att gtc cgc att gca caa cat ttt gga gcc aac cca gca 739
Gly Trp Ser Ile Val Arg Ile Ala Gln His Phe Gly Ala Asn Pro Ala

200 205 210
att gca ttg tgg att ggt gtg gcc aat cct gtg atg atc atc cac atg 787
Ile Ala Leu Trp Ile Gly Val Ala Asn Pro Val Met Ile Ile His Met

215 220 225
atc ggc ggc atg cac aat gaa tcc ctc atg gtg gga ttg gtc agc gtc 835
Ile Gly Gly Met His Asn Glu Ser Leu Met Val Gly Leu Val Ser Val

230 235 240 245
ggc ttg ttg cta gca ctg aag aag cgt ttc gtg gca ggt gtg gca ctc 883
Gly Leu Leu Leu Ala Leu Lys Lys Arg Phe Val Ala Gly Val Ala Leu

250 255 260
att gca gtg gct gtg tcg ctg aaa gct aca gcg gcg att gca ctt cct 931

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

265 270 275
 ttt gtg gtg tgg atc ggc atg cat cat ttc gca gga ttc tta gcc acc 979
 Phe Val Val Trp Ile Gly Met His His Phe Ala Gly Phe Leu Ala Thr

280 285 290
 aaa aag ggc aaa gac tcc cct acc ctt aag caa cag gtc ccc gcg ttc 1027
 Lys Lys Gly Lys Asp Ser Pro Thr Leu Lys Gln Gln Val Pro Ala Phe

295 300 305
 ttt gcc act gga gct gca ggt gtt gct gtc act ggt gtt gtt gtc agt 1075
 Phe Ala Thr Gly Ala Ala Gly Val Ala Val Thr Gly Val Val Val Ser

310 315 320 325
 gcg atc act tgg gcg tct ggc gct tcg tgg ggc tgg atc agt gag atc 1123
 Ala Ile Thr Trp Ala Ser Gly Ala Ser Trp Gly Trp Ile Ser Glu Ile

330 335 340
 agt ggc aac agc aag gta atc aac ccg ctg gct ttc cct tct ttg gtg 1171
 Ser Gly Asn Ser Lys Val Ile Asn Pro Leu Ala Phe Pro Ser Leu Val

345 350 355
 gcc agt gtg atc acc atg gtg gct gaa gtg ttc gtt gac gat ttc gac 1219
 Ala Ser Val Ile Thr Met Val Ala Glu Val Phe Val Asp Asp Phe Asp

360 365 370
 tac aac gca gtg gtt aat gtt gtg cgc tca atc tcc atg ctg atc atg 1267
 Tyr Asn Ala Val Val Asn Val Val Arg Ser Ile Ser Met Leu Ile Met

375 380 385
 ctt ggc ggg ttg gtc gta tgt tgg tgg ctg ttc cgc cag aac gaa cgc 1315
 Leu Gly Gly Leu Val Val Cys Trp Trp Leu Phe Arg Gln Asn Glu Arg

390 395 400 405
 agg gcg gtc act ggt aca gca gcg gct tat gcc gtg gct ttt gtg ttc 1363
 Arg Ala Val Thr Gly Thr Ala Ala Ala Tyr Ala Val Ala Phe Val Phe

410 415 420
 aat tct gtg acc ttg ccg tgg tac tac gcc agc ttg atc tct ttg etc 1411
 Asn Ser Val Thr Leu Pro Trp Tyr Tyr Ala Ser Leu Ile Ser Leu Leu

425 430 435
 ggc aca ttt aaa cca ccg atg tgg ttg att cgc ttc gca gcg ggt gct 1459
 Gly Thr Phe Lys Pro Pro Met Trp Leu Ile Arg Phe Ala Ala Gly Ala

440 445 450
 tcg gtg ttt atc gcg ctg atg ttt acc gga agt gga aac cac cag ctg 1507
 Ser Val Phe Ile Ala Leu Met Phe Thr Gly Ser Gly Asn His Gln Leu

455 460 465
 tac aac atc gtt acg gtg atc atc gca gca att atc gcg tgg ctt gcc 1555
 Tyr Asn Ile Val Thr Val Ile Ile Ala Ala Ile Ile Ala Trp Leu Ala

470 475 480 485

acc gtg gtg atc ttt gat gac act gac cct gca aca acg gcc acg gag 1603
Thr Val Val Ile Phe Asp Asp Thr Asp Pro Ala Thr Thr Ala Thr Glu

490 495 500
aaa ccc tcc ccg cat acc gtt tcc tagttgcata aggtaaaccg cca 1650
Lys Pro Ser Pro His Thr Val Ser

505

<210> 282

<211> 509

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 282

Met Thr Leu Phe Gln Arg Leu Thr Asn Pro Val Val Leu Gly Gly Leu
1 5 10 15

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

Tyr Arg Gly Gly Val Leu Asp Ala Leu Gly Leu Asn Phe Leu Ala Phe
35 40 45

Gly His Ala Gln Gly Ile Ser Asn Thr Val Leu Trp Val Gly Gln Leu
50 55 60

Leu Leu Ile Gly Ala Trp Val His Leu Gly Arg Arg Leu Phe Lys Lys
65 70 75 80

Lys Val Ala Asp Asp Thr Ala Asp Ala Ala Asp Leu Gly Leu Val Lys
85 90 95

Arg Thr Leu Tyr Ala Met Val Val Pro Leu Ile Phe Ala Ala Pro Met
100 105 110

Met Ser Arg Asp Val Tyr Ser Tyr Leu Met Gln Gly Ala Met Leu Arg
115 120 125

Asp Gly Phe Asp Pro Tyr Thr Glu Gly Ala Ala Val Asn Pro Gly Pro
130 135 140

Met Leu Leu Glu Val Ser His Asp Trp Arg Asn Thr Thr Thr Pro Tyr
145 150 155 160

Gly Pro Leu His Leu Trp Ile Gly Asp Met Ile Thr Thr Val Val Gly
165 170 175

Asp Asn Val Thr Leu Gly Val Val Ala Tyr Lys Ile Leu Ser Ile Ile
180 185 190

Gly Leu Ala Val Thr Gly Trp Ser Ile Val Arg Ile Ala Gln His Phe
195 200 205

Gly Ala Asn Pro Ala Ile Ala Leu Trp Ile Gly Val Ala Asn Pro Val

210	215	220
Met Ile Ile His Met Ile Gly Gly Met His Asn Glu Ser Leu Met Val		
225	230	235 240
Gly Leu Val Ser Val Gly Leu Leu Leu Ala Leu Lys Lys Arg Phe Val		
	245	250 255
Ala Gly Val Ala Leu Ile Ala Val Ala Val Ser Leu Lys Ala Thr Ala		
	260	265 270
Ala Ile Ala Leu Pro Phe Val Val Trp Ile Gly Met His His Phe Ala		
	275	280 285
Gly Phe Leu Ala Thr Lys Lys Gly Lys Asp Ser Pro Thr Leu Lys Gln		
	290	295 300
Gln Val Pro Ala Phe Phe Ala Thr Gly Ala Ala Gly Val Ala Val Thr		
305	310	315 320
Gly Val Val Val Ser Ala Ile Thr Trp Ala Ser Gly Ala Ser Trp Gly		
	325	330 335
Trp Ile Ser Glu Ile Ser Gly Asn Ser Lys Val Ile Asn Pro Leu Ala		
	340	345 350
Phe Pro Ser Leu Val Ala Ser Val Ile Thr Met Val Ala Glu Val Phe		
	355	360 365
Val Asp Asp Phe Asp Tyr Asn Ala Val Val Asn Val Val Arg Ser Ile		
	370	375 380
Ser Met Leu Ile Met Leu Gly Gly Leu Val Val Cys Trp Trp Leu Phe		
385	390	395 400
Arg Gln Asn Glu Arg Arg Ala Val Thr Gly Thr Ala Ala Ala Tyr Ala		
	405	410 415
Val Ala Phe Val Phe Asn Ser Val Thr Leu Pro Trp Tyr Tyr Ala Ser		
	420	425 430
Leu Ile Ser Leu Leu Gly Thr Phe Lys Pro Pro Met Trp Leu Ile Arg		
	435	440 445
Phe Ala Ala Gly Ala Ser Val Phe Ile Ala Leu Met Phe Thr Gly Ser		
	450	455 460
Gly Asn His Gln Leu Tyr Asn Ile Val Thr Val Ile Ile Ala Ala Ile		
465	470	475 480
Ile Ala Trp Leu Ala Thr Val Val Ile Phe Asp Asp Thr Asp Pro Ala		
	485	490 495
Thr Thr Ala Thr Glu Lys Pro Ser Pro His Thr Val Ser		
	500	505

<210> 283

<211> 1298

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1275)

<223> RXN01946

<400> 283

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> 284
<211> 425
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 284
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> 285

<211> 1298

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1275)

<223> FRXA01946

<400> 285

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> 286

<211> 425

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 286

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> 287

<211> 1812

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1789)

<223> RXN00164

<400> 287

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 cgc 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
ggg 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> 288
<211> 563
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 288
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
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
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
Ala Met Val Ser Gln Glu Val His Val Phe Ser Gly Thr Leu Arg Gln		
405	410	415
Asp Leu Thr Leu Ala Lys Pro Asp Ala Ser Asp Glu Glu Leu Ala His		
420	425	430
Ala Leu Gly Gln Val Asn Ala Leu Asp Trp Leu Glu Ser Leu Pro Glu		
435	440	445
Gly Leu Asp Thr Val Val Gly Ala Arg Gly Ile Gln Leu Glu Pro Val		
450	455	460
Val Ala Gln Gln Leu Ala Leu Ala Arg Val Leu Leu Leu Asn Pro Ala		
465	470	475
		480

Ile Val Ile Met Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ala Gly Ser Ala Gly Ala
485 490 495

Ser Ala Leu Glu Glu Ala Ala Asp Ala Val Ser Lys Asn Arg Ser Ala
500 505 510

Leu Val Val Ala His Arg Leu Asp Gln Ala Ser Arg Ala Asp Gln Ile
515 520 525

Leu Val Met Asp Lys Gly Glu Val Val Glu Ser Gly Thr His Gln Glu
530 535 540

Leu Leu Asp His Gly Gly Ile Tyr Gln Arg Leu Trp Thr Ala Trp Ser
545 550 555 560

Val Gly Arg

<210> 289

<211> 1812

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1789)

<223> FRXA00164

<400> 289

ctgcttttcgc ggaggttatg aaatgagtg 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> 290
 <211> 563
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 290
 Val Gly Arg Ile Pro Arg Ala Lys Trp Trp Phe Leu Gly Ala Leu Val
 1 5 10 15

Leu Leu Ser Ala Gly Ala Tyr Ala Ser Val Leu Val Pro Gln Val Leu
 20 25 30

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

Val Glu Leu Ser Val Ile Leu Ile Ala Val Ala Ile Ala Gly Ala Val
 50 55 60

Leu Ser Ala Cys Gly Phe Tyr Val Val Ser Arg Ile Ser Glu Lys Ile
 65 70 75 80

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

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

Thr Asp Asp Val Ser Glu Leu Ser Ala Ala Val Thr Glu Thr Val Pro
 115 120 125

Ile Leu Ser Ser Ser Leu Phe Thr Ile Ala Ala Thr Ile Ile Ala Leu
 130 135 140

Phe Ser Leu Asp Trp Gln Phe Val Leu Ile Pro Val Val Val Ala Pro
 145 150 155 160

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

Tyr Ala Ala Glu Arg Ala Ala Met Ala Glu Arg Ala Arg Lys Val Leu
 180 185 190

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

Ala Met His Asn Gln Ile Asp Gln Ala Ser Trp Ser Val Val Val Lys

210	215	220
Gly Ile Arg Ala Arg Thr Thr Met Leu Ile Leu Asn Met Trp Met Leu		
225	230	235 240
Phe Ala Glu Phe Leu Met Leu Ala Val Ala Leu Val Ile Gly Tyr Lys		
	245	250 255
Leu Val Ile Asp Asn Ala Leu Thr Ile Gly Ala Val Thr Gly Ala Val		
	260	265 270
Leu Met Ile Ile Arg Leu Arg Gly Pro Met Asn Met Phe Met Arg Val		
	275	280 285
Leu Asp Thr Ile Gln Ser Gly Tyr Ala Ser Leu Ala Arg Ile Val Gly		
	290	295 300
Val Val Ala Asp Pro Pro Ile Pro Val Pro Asp Ser Gly Val Lys Ala		
305	310	315 320
Pro Gln Gly Lys Val Glu Leu Arg Asn Val Ser Phe Ser Tyr Gly Asp		
	325	330 335
Ser Trp Ala Val Lys Asp Ile Asp Ile Thr Ile Asn Ser Gly Glu Thr		
	340	345 350
Val Ala Leu Val Gly Ala Ser Gly Ala Gly Lys Thr Thr Val Ala Ala		
	355	360 365
Leu Leu Ala Gly Leu Arg Val Pro Asp Gln Gly Gln Val Leu Val Asp		
	370	375 380
Asp Phe Pro Val Ser His Leu Ser Asp Arg Glu Arg Ile Ala Arg Leu		
385	390	395 400
Ala Met Val Ser Gln Glu Val His Val Phe Ser Gly Thr Leu Arg Gln		
	405	410 415
Asp Leu Thr Leu Ala Lys Pro Asp Ala Ser Asp Glu Glu Leu Ala His		
	420	425 430
Ala Leu Gly Gln Val Asn Ala Leu Asp Trp Leu Glu Ser Leu Pro Glu		
	435	440 445
Gly Leu Asp Thr Val Val Gly Ala Arg Gly Ile Gln Leu Glu Pro Val		
	450	455 460
Val Ala Gln Gln Leu Ala Leu Ala Arg Val Leu Leu Leu Asn Pro Ala		
465	470	475 480
Ile Val Ile Met Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ala Gly Ser Ala Gly Ala		
	485	490 495
Ser Ala Leu Glu Glu Ala Ala Asp Ala Val Ser Lys Asn Arg Ser Ala		
	500	505 510
Leu Val Val Ala His Arg Leu Asp Gln Ala Ser Arg Ala Asp Gln Ile		
	515	520 525

Leu Val Met Asp Lys Gly Glu Val Val Glu Ser Gly Thr His Gln Glu
530 535 540

Leu Leu Asp His Gly Gly Ile Tyr Gln Arg Leu Trp Thr Ala Trp Ser
545 550 555 560

Val Gly Arg

<210> 291
<211> 1140
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1117)
<223> RXN00243

<400> 291
cactgcgccca gatttttgat gccgacactg tggcaggtgt gcgcgctgag tacgaaaaat 60
ttaacaaagc agcccatgat ggaaatgaag aggaacagaa gtg acc agc gaa caa 115
Val Thr Ser Glu Gln

1 5
gct tta gat cct atc cac cca ggt cag ttc cgt ctt tct cgg att cag 163
Ala Leu Asp Pro Ile His Pro Gly Gln Phe Arg Leu Ser Arg Ile Gln

10 15 20
ttg atc aac tgg gga acc ttc cac gga acg gtg gac att cct gtg acc 211
Leu Ile Asn Trp Gly Thr Phe His Gly Thr Val Asp Ile Pro Val Thr

25 30 35
agg gaa gga atc tta gtt acc ggt ggt tgc gga tca gga aaa tcc acg 259
Arg Glu Gly Ile Leu Val Thr Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr

40 45 50
ctg att gat gcg atc acg gcg gta ttg ctt ccg caa gga aag ctg agg 307
Leu Ile Asp Ala Ile Thr Ala Val Leu Leu Pro Gln Gly Lys Leu Arg

55 60 65
ttt aac tct gcc gca cag gct aat act ccg cgg aat aag gga cgc agt 355
Phe Asn Ser Ala Ala Gln Ala Asn Thr Pro Arg Asn Lys Gly Arg Ser

70 75 80 85
ttg gtt acc tat atc cgt ggc gct tgg cgt gcg cag gag gat ccg ctg 403
Leu Val Thr Tyr Ile Arg Gly Ala Trp Arg Ala Gln Glu Asp Pro Leu

90 95 100
cag gat cag att gtc tcc acg tac cta cgt ccc cgc gca acc tat tgc 451
Gln Asp Gln Ile Val Ser Thr Tyr Leu Arg Pro Arg Ala Thr Tyr Ser

105 110 115
ctg gtt gga ttg act tat tcc aac ggt gaa ggc gtc gag cac acc ttg 499

Leu Val Gly Leu Thr Tyr Ser Asn Gly Glu Gly Val Glu His Thr Leu

120 125 130
gtg gct att ttc tat ctg aaa tcg gga cac aat tta acc tcc gat att 547
Val Ala Ile Phe Tyr Leu Lys Ser Gly His Asn Leu Thr Ser Asp Ile

135 140 145
tct tca tat tat ggt gtg ttt ccc gtt gat caa gac atc aat gcg ctg 595
Ser Ser Tyr Tyr Gly Val Phe Pro Val Asp Gln Asp Ile Asn Ala Leu

150 155 160 165
ctg gat ttc ctg aaa gag ggc atc gat aaa cgc cag atc aga gct gct 643
Leu Asp Phe Leu Lys Glu Gly Ile Asp Lys Arg Gln Ile Arg Ala Ala

170 175 180
ttc aag gaa gcc atc ttt agc gag cag cat tct gta ttc tcc ggc agg 691
Phe Lys Glu Ala Ile Phe Ser Glu Gln His Ser Val Phe Ser Gly Arg

185 190 195
ttt aga agc cgt ttg ggg atc tcc agt gag gaa gct ttg ctg ttg ttg 739
Phe Arg Ser Arg Leu Gly Ile Ser Ser Glu Glu Ala Leu Leu Leu Leu

200 205 210
cac cgc gcg cag tcg gcg aaa gat ctt caa agc ttg gat gat cta ttt 787
His Arg Ala Gln Ser Ala Lys Asp Leu Gln Ser Leu Asp Asp Leu Phe

215 220 225
cgg gat tac atg ctg gtg gaa ccg gat acg ttc agc att gcc aaa act 835
Arg Asp Tyr Met Leu Val Glu Pro Asp Thr Phe Ser Ile Ala Lys Thr

230 235 240 245
gcc gtg gaa caa ttc caa gac ctt gaa ggt gct tat gag cag gtc gaa 883
Ala Val Glu Gln Phe Gln Asp Leu Glu Gly Ala Tyr Glu Gln Val Glu

250 255 260
gat att aaa cgg cag atc cac acc ctg gat cct ttg gtg cag ctg aag 931
Asp Ile Lys Arg Gln Ile His Thr Leu Asp Pro Leu Val Gln Leu Lys

265 270 275
aat cgg cga gag aaa gcg caa cag tcc aaa gat cat gcc aat gca ctg 979
Asn Arg Arg Glu Lys Ala Gln Gln Ser Lys Asp His Ala Asn Ala Leu

280 285 290
aag aag gcg ctg ccg act gtc ggg aat cgc att aag aag gaa gag caa 1027
Lys Lys Ala Leu Pro Thr Val Gly Asn Arg Ile Lys Lys Glu Glu Gln

295 300 305
gaa ccg ctg gtt cga caa ttt act gtc gag caa acg cag cga agt cga 1075
Glu Pro Leu Val Arg Gln Phe Thr Val Glu Gln Thr Gln Arg Ser Arg

310 315 320 325
agg tgg agt ccg cca aaa ttg aga cag atc gtg ccc gcg aaa 1117
Arg Trp Ser Pro Pro Lys Leu Arg Gln Ile Val Pro Ala Lys

330 335

tgaaaaccct cgcgacgac aac

1140

<210> 292

<211> 339

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 292

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

Leu Ser Arg Ile Gln Leu Ile Asn Trp Gly Thr Phe His Gly Thr Val
20 25 30

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

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

Gln Gly Lys Leu Arg Phe Asn Ser Ala Ala Gln Ala Asn Thr Pro Arg
65 70 75 80

Asn Lys Gly Arg Ser Leu Val Thr Tyr Ile Arg Gly Ala Trp Arg Ala
85 90 95

Gln Glu Asp Pro Leu Gln Asp Gln Ile Val Ser Thr Tyr Leu Arg Pro
100 105 110

Arg Ala Thr Tyr Ser Leu Val Gly Leu Thr Tyr Ser Asn Gly Glu Gly
115 120 125

Val Glu His Thr Leu Val Ala Ile Phe Tyr Leu Lys Ser Gly His Asn
130 135 140

Leu Thr Ser Asp Ile Ser Ser Tyr Tyr Gly Val Phe Pro Val Asp Gln
145 150 155 160

Asp Ile Asn Ala Leu Leu Asp Phe Leu Lys Glu Gly Ile Asp Lys Arg
165 170 175

Gln Ile Arg Ala Ala Phe Lys Glu Ala Ile Phe Ser Glu Gln His Ser
180 185 190

Val Phe Ser Gly Arg Phe Arg Ser Arg Leu Gly Ile Ser Ser Glu Glu
195 200 205

Ala Leu Leu Leu Leu His Arg Ala Gln Ser Ala Lys Asp Leu Gln Ser
210 215 220

Leu Asp Asp Leu Phe Arg Asp Tyr Met Leu Val Glu Pro Asp Thr Phe
225 230 235 240

Ser Ile Ala Lys Thr Ala Val Glu Gln Phe Gln Asp Leu Glu Gly Ala
245 250 255

Tyr Glu Gln Val Glu Asp Ile Lys Arg Gln Ile His Thr Leu Asp Pro
260 265 270

Leu Val Gln Leu Lys Asn Arg Arg Glu Lys Ala Gln Gln Ser Lys Asp
275 280 285

His Ala Asn Ala Leu Lys Lys Ala Leu Pro Thr Val Gly Asn Arg Ile
290 295 300

Lys Lys Glu Glu Gln Glu Pro Leu Val Arg Gln Phe Thr Val Glu Gln
305 310 315 320

Thr Gln Arg Ser Arg Arg Trp Ser Pro Pro Lys Leu Arg Gln Ile Val
325 330 335

Pro Ala Lys

<210> 293

<211> 1027

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1027)

<223> FRXA00243

<400> 293

cactgcgccca gatttttgat gccgacactg tggcaggtgt gcgcgctgag tacgaaaaat 60
ttaacaaagc agcccatgat ggaaatgaag aggaacagaa gtg acc agc gaa caa 115
Val Thr Ser Glu Gln

1 5
get tta gat cct atc cac cca ggt cag ttc cgt ctt tct cgg att cag 163
Ala Leu Asp Pro Ile His Pro Gly Gln Phe Arg Leu Ser Arg Ile Gln

10 15 20
ttg atc aac tgg gga acc ttc cac gga acg gtg gac att cct gtg acc 211
Leu Ile Asn Trp Gly Thr Phe His Gly Thr Val Asp Ile Pro Val Thr

25 30 35
agg gaa gga atc tta gtt acc ggt ggt tgc gga tca gga aaa tcc acg 259
Arg Glu Gly Ile Leu Val Thr Gly Gly Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr

40 45 50
ctg att gat gcg atc acg gcg gta ttg ctt ccg caa gga aag ctg agg 307
Leu Ile Asp Ala Ile Thr Ala Val Leu Leu Pro Gln Gly Lys Leu Arg

55 60 65
ttt aac tct gcc gca cag gct aat act ccg cgg aat aag gga cgc agt 355
Phe Asn Ser Ala Ala Gln Ala Asn Thr Pro Arg Asn Lys Gly Arg Ser

70 75 80 85
ttg gtt acc tat atc cgt ggc gct tgg cgt gcg cag gag gat ccg ctg 403

Leu Val Thr Tyr Ile Arg Gly Ala Trp Arg Ala Gln Glu Asp Pro Leu

90 95 100
cag gat cag att gtc tcc acg tac cta cgt ccc cgc gca acc tat tgc 451
Gln Asp Gln Ile Val Ser Thr Tyr Leu Arg Pro Arg Ala Thr Tyr Ser

105 110 115
ctg gtt gga ttg act tat tcc aac ggt gaa ggc gtc gag cac acc ttg 499
Leu Val Gly Leu Thr Tyr Ser Asn Gly Glu Gly Val Glu His Thr Leu

120 125 130
gtg gct att ttc tat ctg aaa tgc gga cac aat tta acc tcc gat att 547
Val Ala Ile Phe Tyr Leu Lys Ser Gly His Asn Leu Thr Ser Asp Ile

135 140 145
tct tca tat tat ggt gtg ttt ccc gtt gat caa gac atc aat gcg ctg 595
Ser Ser Tyr Tyr Gly Val Phe Pro Val Asp Gln Asp Ile Asn Ala Leu

150 155 160 165
ctg gat ttc ctg aaa gag ggc atc gat aaa cgc cag atc aga gct gct 643
Leu Asp Phe Leu Lys Glu Gly Ile Asp Lys Arg Gln Ile Arg Ala Ala

170 175 180
ttc aag gaa gcc atc ttt agc gag cag cat tct gta ttc tcc ggc agg 691
Phe Lys Glu Ala Ile Phe Ser Glu Gln His Ser Val Phe Ser Gly Arg

185 190 195
ttt aga agc cgt ttg ggg atc tcc agt gag gaa gct ttg ctg ttg ttg 739
Phe Arg Ser Arg Leu Gly Ile Ser Ser Glu Glu Ala Leu Leu Leu Leu

200 205 210
cac cgc gcg cag tgc gcg aaa gat ctt caa agc ttg gat gat cta ttt 787
His Arg Ala Gln Ser Ala Lys Asp Leu Gln Ser Leu Asp Asp Leu Phe

215 220 225
cgg gat tac atg ctg gtg gaa ccg gat acg ttc agc att gcc aaa act 835
Arg Asp Tyr Met Leu Val Glu Pro Asp Thr Phe Ser Ile Ala Lys Thr

230 235 240 245
gcc gtg gaa caa ttc caa gac ctt gaa ggt gct tat gag cag gtc gaa 883
Ala Val Glu Gln Phe Gln Asp Leu Glu Gly Ala Tyr Glu Gln Val Glu

250 255 260
gat att aaa cgg cag atc cac acc ctg gat cct ttg gtg cag ctg aag 931
Asp Ile Lys Arg Gln Ile His Thr Leu Asp Pro Leu Val Gln Leu Lys

265 270 275
aat cgg cga gag aaa gcg caa cag tcc aaa gat cat gcc aat gca ctg 979
Asn Arg Arg Glu Lys Ala Gln Gln Ser Lys Asp His Ala Asn Ala Leu

280 285 290
aag aag gcg ctg ccg act gtc ggg aat cgc att aag aag gaa gag caa 1027
Lys Lys Ala Leu Pro Thr Val Gly Asn Arg Ile Lys Lys Glu Glu Gln

295 300 305

<210> 294

<211> 309

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 294

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

Leu Ser Arg Ile Gln Leu Ile Asn Trp Gly Thr Phe His Gly Thr Val
20 25 30

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

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

Gln Gly Lys Leu Arg Phe Asn Ser Ala Ala Gln Ala Asn Thr Pro Arg
65 70 75 80

Asn Lys Gly Arg Ser Leu Val Thr Tyr Ile Arg Gly Ala Trp Arg Ala
85 90 95

Gln Glu Asp Pro Leu Gln Asp Gln Ile Val Ser Thr Tyr Leu Arg Pro
100 105 110

Arg Ala Thr Tyr Ser Leu Val Gly Leu Thr Tyr Ser Asn Gly Glu Gly
115 120 125

Val Glu His Thr Leu Val Ala Ile Phe Tyr Leu Lys Ser Gly His Asn
130 135 140

Leu Thr Ser Asp Ile Ser Ser Tyr Tyr Gly Val Phe Pro Val Asp Gln
145 150 155 160

Asp Ile Asn Ala Leu Leu Asp Phe Leu Lys Glu Gly Ile Asp Lys Arg
165 170 175

Gln Ile Arg Ala Ala Phe Lys Glu Ala Ile Phe Ser Glu Gln His Ser
180 185 190

Val Phe Ser Gly Arg Phe Arg Ser Arg Leu Gly Ile Ser Ser Glu Glu
195 200 205

Ala Leu Leu Leu Leu His Arg Ala Gln Ser Ala Lys Asp Leu Gln Ser
210 215 220

Leu Asp Asp Leu Phe Arg Asp Tyr Met Leu Val Glu Pro Asp Thr Phe
225 230 235 240

Ser Ile Ala Lys Thr Ala Val Glu Gln Phe Gln Asp Leu Glu Gly Ala
245 250 255

Tyr Glu Gln Val Glu Asp Ile Lys Arg Gln Ile His Thr Leu Asp Pro

260 265 270

Leu Val Gln Leu Lys Asn Arg Arg Glu Lys Ala Gln Gln Ser Lys Asp
275 280 285

His Ala Asn Ala Leu Lys Lys Ala Leu Pro Thr Val Gly Asn Arg Ile
290 295 300

Lys Lys Glu Glu Gln
305

<210> 295
<211> 2325
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2302)
<223> RXA00259

<400> 295
ggccttatta acatacggcg gttctagcac acagcgatgg atgatgtgtc ccaccgatat 60
tgctgcatgt gccaaagattt agcacggtac agtgctagaa atg agc gga ctg ttt 115
Met Ser Gly Leu Phe

1 5
acc cca ttt tca gat gcg gca aaa aac aac acg gta aaa act gat gga 163
Thr Pro Phe Ser Asp Ala Ala Lys Asn Asn Thr Val Lys Thr Asp Gly

10 15 20
gat tca gta tct ggt cga gac ttg cct att act aag atc tct gag gat 211
Asp Ser Val Ser Gly Arg Asp Leu Pro Ile Thr Lys Ile Ser Glu Asp

25 30 35
cgt ttc gag cgt tct gcg tat tca gcc cag ctg gca aat ata atc tgc 259
Arg Phe Glu Arg Ser Ala Tyr Ser Ala Gln Leu Ala Asn Ile Ile Cys

40 45 50
gat gtg gca cct tgg gga gcg agc act gtt ttc agt ctt act ggt cag 307
Asp Val Ala Pro Trp Gly Ala Ser Thr Val Phe Ser Leu Thr Gly Gln

55 60 65
tgg ggc agt ggt aag aca tct ctt gtt aat ttg att cgc tcg gaa gaa 355
Trp Gly Ser Gly Lys Thr Ser Leu Val Asn Leu Ile Arg Ser Glu Glu

70 75 80 85
tct cta tcg aac gaa aaa tgg aca atc gtt gat ttc aac ccg tgg gtg 403
Ser Leu Ser Asn Glu Lys Trp Thr Ile Val Asp Phe Asn Pro Trp Val

90 95 100
gcc tct gac ccg caa tct ttg att gag gag ttt tac cga gta atc gtt 451
Ala Ser Asp Pro Gln Ser Leu Ile Glu Glu Phe Tyr Arg Val Ile Val

105 110 115

ggg acg gta cct gat gat aag acc ggc caa aag atc aaa act gtt ctg 499
 Gly Thr Val Pro Asp Asp Lys Thr Gly Gln Lys Ile Lys Thr Val Leu

 120 125 130
 cag aaa acc ttt agc acg att ggg tca att gca ggt ggg gtc gga ggg 547
 Gln Lys Thr Phe Ser Thr Ile Gly Ser Ile Ala Gly Gly Val Gly Gly

 135 140 145
 ttt ggt gtc cta gaa gca ctt gcg ctc tca aaa gga gta gat gct gca 595
 Phe Gly Val Leu Glu Ala Leu Ala Leu Ser Lys Gly Val Asp Ala Ala

 150 155 160 165
 aac gct gta tat aag aca tgg aaa cag gag caa gat tcg tgg cca acg 643
 Asn Ala Val Tyr Lys Thr Trp Lys Gln Glu Gln Asp Ser Trp Pro Thr

 170 175 180
 ctg tat aca cgt gct gcg aac cat ttt aaa gat ctg aac aag cga att 691
 Leu Tyr Thr Arg Ala Ala Asn His Phe Lys Asp Leu Asn Lys Arg Ile

 185 190 195
 ctc att gtc gtc gat gat att gat cgc ctc cat act gat gaa ttg gcg 739
 Leu Ile Val Val Asp Asp Ile Asp Arg Leu His Thr Asp Glu Leu Ala

 200 205 210
 ctg tta atg aaa gta ata cgc ttg ctt gga cga ttc ccg cag gtg aat 787
 Leu Leu Met Lys Val Ile Arg Leu Leu Gly Arg Phe Pro Gln Val Asn

 215 220 225
 tat ctt ttg gtt tat gaa gaa gaa tca ctg tta acg acg cta gcc aga 835
 Tyr Leu Leu Val Tyr Glu Glu Glu Ser Leu Leu Thr Thr Leu Ala Arg

 230 235 240 245
 tcg aca gct gta ggt ggt agc gaa gat gat gct ttg cgt ttc atg gag 883
 Ser Thr Ala Val Gly Gly Ser Glu Asp Asp Ala Leu Arg Phe Met Glu

 250 255 260
 aaa atc gtg cag tat cct ttc gat gtt ccg cct ctg aca tca ttt caa 931
 Lys Ile Val Gln Tyr Pro Phe Asp Val Pro Pro Leu Thr Ser Phe Gln

 265 270 275
 ata gag aaa gag ctc agt gca tta ttt gac aag ctt ttc cag ggt gtt 979
 Ile Glu Lys Glu Leu Ser Ala Leu Phe Asp Lys Leu Phe Gln Gly Val

 280 285 290
 tcg cta tcg ggt gat cct gaa gac ttt gca cta gtg aag tcg aga atg 1027
 Ser Leu Ser Gly Asp Pro Glu Asp Phe Ala Leu Val Lys Ser Arg Met

 295 300 305
 ttc gat gtc tgg gaa aag act ctg gtc acg ccg agg ctg ttg cac cgt 1075
 Phe Asp Val Trp Glu Lys Thr Leu Val Thr Pro Arg Leu Leu His Arg

 310 315 320 325
 ttt gct gct cta cta acc aac tgg act cgg ata tat gga tca ggt gaa 1123
 Phe Ala Ala Leu Leu Thr Asn Trp Thr Arg Ile Tyr Gly Ser Gly Glu

 330 335 340

gtt aac ggc gtt gat ctc aca ata ctt gcg acc att cga att gtt ttt	1171
Val Asn Gly Val Asp Leu Thr Ile Leu Ala Thr Ile Arg Ile Val Phe	
345 350 355	
ccg tct gtg tat aaa cgt ctt tct cga gcg aag gaa gta ttg ctt caa	1219
Pro Ser Val Tyr Lys Arg Leu Ser Arg Ala Lys Glu Val Leu Leu Gln	
360 365 370	
gga ggt cga acg aca ggc tcg cag aaa ccc ggt tgg gaa aag caa tta	1267
Gly Gly Arg Thr Thr Gly Ser Gln Lys Pro Gly Trp Glu Lys Gln Leu	
375 380 385	
tgt gag ggg atg aac aac gag cag atg gat ctt tta aag acc atg ctt	1315
Cys Glu Gly Met Asn Asn Glu Gln Met Asp Leu Leu Lys Thr Met Leu	
390 395 400 405	
ttg ttc ctt ttc cca cgt ctt tcg gat cac cct agt acg aga atg cat	1363
Leu Phe Leu Phe Pro Arg Leu Ser Asp His Pro Ser Thr Arg Met His	
410 415 420	
cgt gag agg ggg atc tcg acg gaa gtt tat ttt gac acg tac ctc atg	1411
Arg Glu Arg Gly Ile Ser Thr Glu Val Tyr Phe Asp Thr Tyr Leu Met	
425 430 435	
ttt caa aga cct gga cat gtc ata agt gat gaa cag ttg gat aag tat	1459
Phe Gln Arg Pro Gly His Val Ile Ser Asp Glu Gln Leu Asp Lys Tyr	
440 445 450	
cta tct aat gcg gac gat gct atg ggt ttc gtc gat tta att aac tcc	1507
Leu Ser Asn Ala Asp Asp Ala Met Gly Phe Val Asp Leu Ile Asn Ser	
455 460 465	
gat gac aat gac atg gtg gca tca gtg atg aaa aag ctt cct cta gca	1555
Asp Asp Asn Asp Met Val Ala Ser Val Met Lys Lys Leu Pro Leu Ala	
470 475 480 485	
att gat cga ctt gat gga gag ggt gtt agg cac atg gca gtt gag gtg	1603
Ile Asp Arg Leu Asp Gly Glu Gly Val Arg His Met Ala Val Glu Val	
490 495 500	
tta ttc acc gct gct aat ggt atg cat gat aaa ggt cgt caa gtg cgt	1651
Leu Phe Thr Ala Ala Asn Gly Met His Asp Lys Gly Arg Gln Val Arg	
505 510 515	
atg agc ggc ata ttc agt gac ctg tat tcc cat gcg tgc tcg att ctt	1699
Met Ser Gly Ile Phe Ser Asp Leu Tyr Ser His Ala Cys Ser Ile Leu	
520 525 530	
ggt gca ttg cct caa tta cca gtg gaa caa ctc tat gag aaa ttc ttt	1747
Gly Ala Leu Pro Gln Leu Pro Val Glu Gln Leu Tyr Glu Lys Phe Phe	
535 540 545	
tct gag atg acg ctt aat gag gct gct ttc tgg tta aac cag gtg ggg	1795
Ser Glu Met Thr Leu Asn Glu Ala Ala Phe Trp Leu Asn Gln Val Gly	

550	555	560	565	
gaa agg gct aga gcc tgt ggt aat gat gta agt ggc ctt gag ctt ttt				1843
Glu Arg Ala Arg Ala Cys Gly Asn Asp Val Ser Gly Leu Glu Leu Phe				
	570	575	580	
cgt aaa gtt aat ata aag acc gaa gct aga att tta agt gta ttg aag				1891
Arg Lys Val Asn Ile Lys Thr Glu Ala Arg Ile Leu Ser Val Leu Lys				
	585	590	595	
aat cag gac ccc tca gat tgg gat tta ggt cca tat tcg ctt ggt att				1939
Asn Gln Asp Pro Ser Asp Trp Asp Leu Gly Pro Tyr Ser Leu Gly Ile				
	600	605	610	
ttg gcg aaa agc tcg aat ttt tct tca gtg ctg aag tct ctg caa agt				1987
Leu Ala Lys Ser Ser Asn Phe Ser Ser Val Leu Lys Ser Leu Gln Ser				
	615	620	625	
ggt ata gag gaa cat cag ttt gat gtg ata gat att gga gtg ctt ttc				2035
Gly Ile Glu Glu His Gln Phe Asp Val Ile Asp Ile Gly Val Leu Phe				
	630	635	640	645
tta acg act gtg tat tct tcg cga cag gga cca agc ggt ggt gca tgg				2083
Leu Thr Thr Val Tyr Ser Ser Arg Gln Gly Pro Ser Gly Gly Ala Trp				
	650	655	660	
ata gat tct ttt cag cat agt ctg ttt tca cgg tac gta cct gat tct				2131
Ile Asp Ser Phe Gln His Ser Leu Phe Ser Arg Tyr Val Pro Asp Ser				
	665	670	675	
cta cgg gct ata acc aag tct gaa gta gat gta gaa cta ggt aag ata				2179
Leu Arg Ala Ile Thr Lys Ser Glu Val Asp Val Glu Leu Gly Lys Ile				
	680	685	690	
cag ttc acg gat ttt agc tgg gaa ggg aag cga aaa gtt gtc gca tat				2227
Gln Phe Thr Asp Phe Ser Trp Glu Gly Lys Arg Lys Val Val Ala Tyr				
	695	700	705	
gca ctg gag act gga aga agt gat ttc act cga gaa cga tta ggg ggc				2275
Ala Leu Glu Thr Gly Arg Ser Asp Phe Thr Arg Glu Arg Leu Gly Gly				
	710	715	720	725
tac agt atc gca gat tct ata gtc gat tgatgaggct gaggtcatga				2322
Tyr Ser Ile Ala Asp Ser Ile Val Asp				
	730			
ctt				2325

<210> 296

<211> 734

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 296

Met Ser Gly Leu Phe Thr Pro Phe Ser Asp Ala Ala Lys Asn Asn Thr

1	5	10	15
Val Lys Thr Asp Gly Asp Ser Val Ser Gly Arg Asp Leu Pro Ile Thr	20	25	30
Lys Ile Ser Glu Asp Arg Phe Glu Arg Ser Ala Tyr Ser Ala Gln Leu	35	40	45
Ala Asn Ile Ile Cys Asp Val Ala Pro Trp Gly Ala Ser Thr Val Phe	50	55	60
Ser Leu Thr Gly Gln Trp Gly Ser Gly Lys Thr Ser Leu Val Asn Leu	65	70	75
Ile Arg Ser Glu Glu Ser Leu Ser Asn Glu Lys Trp Thr Ile Val Asp	85	90	95
Phe Asn Pro Trp Val Ala Ser Asp Pro Gln Ser Leu Ile Glu Glu Phe	100	105	110
Tyr Arg Val Ile Val Gly Thr Val Pro Asp Asp Lys Thr Gly Gln Lys	115	120	125
Ile Lys Thr Val Leu Gln Lys Thr Phe Ser Thr Ile Gly Ser Ile Ala	130	135	140
Gly Gly Val Gly Gly Phe Gly Val Leu Glu Ala Leu Ala Leu Ser Lys	145	150	155
Gly Val Asp Ala Ala Asn Ala Val Tyr Lys Thr Trp Lys Gln Glu Gln	165	170	175
Asp Ser Trp Pro Thr Leu Tyr Thr Arg Ala Ala Asn His Phe Lys Asp	180	185	190
Leu Asn Lys Arg Ile Leu Ile Val Val Asp Asp Ile Asp Arg Leu His	195	200	205
Thr Asp Glu Leu Ala Leu Leu Met Lys Val Ile Arg Leu Leu Gly Arg	210	215	220
Phe Pro Gln Val Asn Tyr Leu Leu Val Tyr Glu Glu Glu Ser Leu Leu	225	230	235
Thr Thr Leu Ala Arg Ser Thr Ala Val Gly Gly Ser Glu Asp Asp Ala	245	250	255
Leu Arg Phe Met Glu Lys Ile Val Gln Tyr Pro Phe Asp Val Pro Pro	260	265	270
Leu Thr Ser Phe Gln Ile Glu Lys Glu Leu Ser Ala Leu Phe Asp Lys	275	280	285
Leu Phe Gln Gly Val Ser Leu Ser Gly Asp Pro Glu Asp Phe Ala Leu	290	295	300
Val Lys Ser Arg Met Phe Asp Val Trp Glu Lys Thr Leu Val Thr Pro	305	310	315
			320

Arg Leu Leu His Arg Phe Ala Ala Leu Leu Thr Asn Trp Thr Arg Ile
325 330 335

Tyr Gly Ser Gly Glu Val Asn Gly Val Asp Leu Thr Ile Leu Ala Thr
340 345 350

Ile Arg Ile Val Phe Pro Ser Val Tyr Lys Arg Leu Ser Arg Ala Lys
355 360 365

Glu Val Leu Leu Gln Gly Gly Arg Thr Thr Gly Ser Gln Lys Pro Gly
370 375 380

Trp Glu Lys Gln Leu Cys Glu Gly Met Asn Asn Glu Gln Met Asp Leu
385 390 395 400

Leu Lys Thr Met Leu Leu Phe Leu Phe Pro Arg Leu Ser Asp His Pro
405 410 415

Ser Thr Arg Met His Arg Glu Arg Gly Ile Ser Thr Glu Val Tyr Phe
420 425 430

Asp Thr Tyr Leu Met Phe Gln Arg Pro Gly His Val Ile Ser Asp Glu
435 440 445

Gln Leu Asp Lys Tyr Leu Ser Asn Ala Asp Asp Ala Met Gly Phe Val
450 455 460

Asp Leu Ile Asn Ser Asp Asp Asn Asp Met Val Ala Ser Val Met Lys
465 470 475 480

Lys Leu Pro Leu Ala Ile Asp Arg Leu Asp Gly Glu Gly Val Arg His
485 490 495

Met Ala Val Glu Val Leu Phe Thr Ala Ala Asn Gly Met His Asp Lys
500 505 510

Gly Arg Gln Val Arg Met Ser Gly Ile Phe Ser Asp Leu Tyr Ser His
515 520 525

Ala Cys Ser Ile Leu Gly Ala Leu Pro Gln Leu Pro Val Glu Gln Leu
530 535 540

Tyr Glu Lys Phe Phe Ser Glu Met Thr Leu Asn Glu Ala Ala Phe Trp
545 550 555 560

Leu Asn Gln Val Gly Glu Arg Ala Arg Ala Cys Gly Asn Asp Val Ser
565 570 575

Gly Leu Glu Leu Phe Arg Lys Val Asn Ile Lys Thr Glu Ala Arg Ile
580 585 590

Leu Ser Val Leu Lys Asn Gln Asp Pro Ser Asp Trp Asp Leu Gly Pro
595 600 605

Tyr Ser Leu Gly Ile Leu Ala Lys Ser Ser Asn Phe Ser Ser Val Leu
610 615 620

Lys Ser Leu Gln Ser Gly Ile Glu Glu His Gln Phe Asp Val Ile Asp

Ile Gly Val Leu Phe Leu Thr Thr Val Tyr Ser Ser Arg Gln Gly Pro	625	630	635	640
		645	650	655
Ser Gly Gly Ala Trp Ile Asp Ser Phe Gln His Ser Leu Phe Ser Arg			665	670
		660		
Tyr Val Pro Asp Ser Leu Arg Ala Ile Thr Lys Ser Glu Val Asp Val			680	685
		675		
Glu Leu Gly Lys Ile Gln Phe Thr Asp Phe Ser Trp Glu Gly Lys Arg			695	700
		690		
Lys Val Val Ala Tyr Ala Leu Glu Thr Gly Arg Ser Asp Phe Thr Arg			715	720
705		710		
Glu Arg Leu Gly Gly Tyr Ser Ile Ala Asp Ser Ile Val Asp			730	
		725		

<210> 297
<211> 789
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(766)
<223> RXN00410

<400>	297	
gtgttgatgc gttagtcac ccacgcagct acgccccaaa ggaataatct tgaaccctgc	60	
cacagataac gctccgccgg tcctttcagc ccaagatctc atg atg atc tat gga	115	
		Met Met Ile Tyr Gly
		1 5
aaa gga tca aca gaa gtt cgg gct ctg gat ggc att tct gta cag att	163	
Lys Gly Ser Thr Glu Val Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Val Gln Ile		
		10 15 20
cag tcc gac aaa tgg acc tcc atc atg ggg caa tca ggc tct ggc aaa	211	
Gln Ser Asp Lys Trp Thr Ser Ile Met Gly Gln Ser Gly Ser Gly Lys		
		25 30 35
aca act ctg ttg cag tgc ctt tcc gga ttg gcg cag cca acc tca ggc	259	
Thr Thr Leu Leu Gln Cys Leu Ser Gly Leu Ala Gln Pro Thr Ser Gly		
		40 45 50
aga gtg aca ctg aac aaa aac aac atc acg ttg agc tcc ctg tca gaa	307	
Arg Val Thr Leu Asn Lys Asn Asn Ile Thr Leu Ser Ser Leu Ser Glu		
		55 60 65
aat aag cgt gcc aag ctg cgt cgc acg cac atc agc atg gtg ttt cag	355	
Asn Lys Arg Ala Lys Leu Arg Arg Thr His Ile Ser Met Val Phe Gln		

70	75	80	85	
gat ttc aac ttg gtg cct att ttg tgc gtg aag gac aat att ttg ctg				403
Asp Phe Asn Leu Val Pro Ile Leu Ser Val Lys Asp Asn Ile Leu Leu				
	90	95	100	
ccg ttg cgt ctt gcg cat cgc agg gtg gat aag cag tgg ttt gaa cac				451
Pro Leu Arg Leu Ala His Arg Arg Val Asp Lys Gln Trp Phe Glu His				
	105	110	115	
atc acc agt gtg ttg aag att gat aat cgt atg cgc cat ttg cct ggg				499
Ile Thr Ser Val Leu Lys Ile Asp Asn Arg Met Arg His Leu Pro Gly				
	120	125	130	
gag ctg tct ggc ggt cag caa caa cgc gcc gcg att gcc cgg gcg ttg				547
Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Ala Ala Ile Ala Arg Ala Leu				
	135	140	145	
atg tct agg ccc gat att gtc att gcg gat gag cca aca gga agt ttg				595
Met Ser Arg Pro Asp Ile Val Ile Ala Asp Glu Pro Thr Gly Ser Leu				
	150	155	160	165
gat tcc gtc acc agc gat gca gtg ttg aat ttg ttc cgc agc att gtt				643
Asp Ser Val Thr Ser Asp Ala Val Leu Asn Leu Phe Arg Ser Ile Val				
	170	175	180	
gat gat ttt ggg cag tca ctt gtg ttt gtc acc cac gat aaa gat gct				691
Asp Asp Phe Gly Gln Ser Leu Val Phe Val Thr His Asp Lys Asp Ala				
	185	190	195	
gct cac cgt ggt gac gtg ttg atc aca atg cgt gat ggc aag atc atc				739
Ala His Arg Gly Asp Val Leu Ile Thr Met Arg Asp Gly Lys Ile Ile				
	200	205	210	
gat acg gca gat ttg cgg gtg ggg cgt taatgttcag gcttgctttc				786
Asp Thr Ala Asp Leu Arg Val Gly Arg				
	215	220		
gct				789

<210> 298

<211> 222

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 298

Met	Met	Ile	Tyr	Gly	Lys	Gly	Ser	Thr	Glu	Val	Arg	Ala	Leu	Asp	Gly
1					5				10					15	

Ile	Ser	Val	Gln	Ile	Gln	Ser	Asp	Lys	Trp	Thr	Ser	Ile	Met	Gly	Gln
			20					25					30		

Ser	Gly	Ser	Gly	Lys	Thr	Thr	Leu	Leu	Gln	Cys	Leu	Ser	Gly	Leu	Ala
			35				40					45			

Gln Pro Thr Ser Gly Arg Val Thr Leu Asn Lys Asn Asn Ile Thr Leu
50 55 60

Ser Ser Leu Ser Glu Asn Lys Arg Ala Lys Leu Arg Arg Thr His Ile
65 70 75 80

Ser Met Val Phe Gln Asp Phe Asn Leu Val Pro Ile Leu Ser Val Lys
85 90 95

Asp Asn Ile Leu Leu Pro Leu Arg Leu Ala His Arg Arg Val Asp Lys
100 105 110

Gln Trp Phe Glu His Ile Thr Ser Val Leu Lys Ile Asp Asn Arg Met
115 120 125

Arg His Leu Pro Gly Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Ala Ala
130 135 140

Ile Ala Arg Ala Leu Met Ser Arg Pro Asp Ile Val Ile Ala Asp Glu
145 150 155 160

Pro Thr Gly Ser Leu Asp Ser Val Thr Ser Asp Ala Val Leu Asn Leu
165 170 175

Phe Arg Ser Ile Val Asp Asp Phe Gly Gln Ser Leu Val Phe Val Thr
180 185 190

His Asp Lys Asp Ala Ala His Arg Gly Asp Val Leu Ile Thr Met Arg
195 200 205

Asp Gly Lys Ile Ile Asp Thr Ala Asp Leu Arg Val Gly Arg
210 215 220

<210> 299

<211> 789

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(766)

<223> FRXA00410

<400> 299

gtgttgatgc gttagtccac ccacgcagct acgccccaaa ggaataatct tgaaccctgc 60
cacagataac gtcgcccggt tcctttcagc ccaagatctc atg atg atc tat gga 115
Met Met Ile Tyr Gly

1 5
aaa gga tca aca gaa gtt cgg gct ctc gat ggc att tct gta cag att 163
Lys Gly Ser Thr Glu Val Arg Ala Leu Asp Gly Ile Ser Val Gln Ile

10 15 20
cag tcc gac aaa tgg acc tcc atc atg ggg caa tca ggc tct ggc aaa 211
Gln Ser Asp Lys Trp Thr Ser Ile Met Gly Gln Ser Gly Ser Gly Lys

25	30	35	
aca act ctg ttg cag tgc ctt tcc gga ttg gcg cag cca acc tca ggc	259		
Thr Thr Leu Leu Gln Cys Leu Ser Gly Leu Ala Gln Pro Thr Ser Gly			
40	45	50	
aga gtg aca ctg aac aaa aac aac atc acg ttg agc tcc ctg tca gaa	307		
Arg Val Thr Leu Asn Lys Asn Asn Ile Thr Leu Ser Ser Leu Ser Glu			
55	60	65	
aat aag cgt gcc aag ctg cgt cgc acg cac atc agc atg gtg ttt cag	355		
Asn Lys Arg Ala Lys Leu Arg Arg Thr His Ile Ser Met Val Phe Gln			
70	75	80	85
gat ttc aac ttg gtg cct att ttg tgc gtg aag gac aat att ttg ctg	403		
Asp Phe Asn Leu Val Pro Ile Leu Ser Val Lys Asp Asn Ile Leu Leu			
90	95	100	
ccg ttg cgt ctt gcg cat cgc agg gtg gat aag cag tgg ttt gaa cac	451		
Pro Leu Arg Leu Ala His Arg Arg Val Asp Lys Gln Trp Phe Glu His			
105	110	115	
atc acc agt gtg ttg aag att gat aat cgt atg cgc cat ttg cct ggg	499		
Ile Thr Ser Val Leu Lys Ile Asp Asn Arg Met Arg His Leu Pro Gly			
120	125	130	
gag ctg tct ggc ggt cag caa caa cgc gcc gcg att gcc cgg gcg ttg	547		
Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Ala Ala Ile Ala Arg Ala Leu			
135	140	145	
atg tct agg ccc gat att gtc att gcg gat gag cca aca gga agt ttg	595		
Met Ser Arg Pro Asp Ile Val Ile Ala Asp Glu Pro Thr Gly Ser Leu			
150	155	160	165
gat tcc gtc acc agc gat gca gtg ttg aat ttg ttc cgc agc att gtt	643		
Asp Ser Val Thr Ser Asp Ala Val Leu Asn Leu Phe Arg Ser Ile Val			
170	175	180	
gat gat ttt ggg cag tca ctt gtg ttt gtc acc cac gat aaa gat gct	691		
Asp Asp Phe Gly Gln Ser Leu Val Phe Val Thr His Asp Lys Asp Ala			
185	190	195	
gct cac cgt ggt gac gtg ttg atc aca atg cgt gat ggc aag atc atc	739		
Ala His Arg Gly Asp Val Leu Ile Thr Met Arg Asp Gly Lys Ile Ile			
200	205	210	
gat acg gca gat ttg cgg gtg ggg cgt taatgttcag gcttgctttc	786		
Asp Thr Ala Asp Leu Arg Val Gly Arg			
215	220		
gct	789		

<210> 300

<211> 222

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 300

Met Met Ile Tyr Gly Lys Gly Ser Thr Glu Val Arg Ala Leu Asp Gly
1 5 10 15

Ile Ser Val Gln Ile Gln Ser Asp Lys Trp Thr Ser Ile Met Gly Gln
20 25 30

Ser Gly Ser Gly Lys Thr Thr Leu Leu Gln Cys Leu Ser Gly Leu Ala
35 40 45

Gln Pro Thr Ser Gly Arg Val Thr Leu Asn Lys Asn Asn Ile Thr Leu
50 55 60

Ser Ser Leu Ser Glu Asn Lys Arg Ala Lys Leu Arg Arg Thr His Ile
65 70 75 80

Ser Met Val Phe Gln Asp Phe Asn Leu Val Pro Ile Leu Ser Val Lys
85 90 95

Asp Asn Ile Leu Leu Pro Leu Arg Leu Ala His Arg Arg Val Asp Lys
100 105 110

Gln Trp Phe Glu His Ile Thr Ser Val Leu Lys Ile Asp Asn Arg Met
115 120 125

Arg His Leu Pro Gly Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Ala Ala
130 135 140

Ile Ala Arg Ala Leu Met Ser Arg Pro Asp Ile Val Ile Ala Asp Glu
145 150 155 160

Pro Thr Gly Ser Leu Asp Ser Val Thr Ser Asp Ala Val Leu Asn Leu
165 170 175

Phe Arg Ser Ile Val Asp Asp Phe Gly Gln Ser Leu Val Phe Val Thr
180 185 190

His Asp Lys Asp Ala Ala His Arg Gly Asp Val Leu Ile Thr Met Arg
195 200 205

Asp Gly Lys Ile Ile Asp Thr Ala Asp Leu Arg Val Gly Arg
210 215 220

<210> 301

<211> 1500

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1477)

<223> RXN00456

<400> 301

ctcaccaacc cggagatcgt cacagcgggtg ctaacggatc atgcctagct tatggcgtgc 60
tcgtcgcaga cttttgctca ttgccctagg tgtacttgggt gtg ctg cag gca ctg 115
Val Leu Gln Ala Leu

1 5
ctg gcg atc atg gtg tgc ttg agc gta gcc gcc ata ctt gag gga aac 163
Leu Ala Ile Met Val Ser Leu Ser Val Ala Ala Ile Leu Glu Gly Asn

10 15 20
cga gca ctt gtt gga ttg ctg ctt gct acc acg ttg ggt ttg ggg gtg 211
Arg Ala Leu Val Gly Leu Leu Leu Ala Thr Thr Leu Gly Leu Gly Val

25 30 35
gcg cag tgg att caa aaa gta gtg gca gaa gat cta ggc cag cat tat 259
Ala Gln Trp Ile Gln Lys Val Val Ala Glu Asp Leu Gly Gln His Tyr

40 45 50
gtg cat gag gtg cgt cgt gaa ttg gtg ggt gct gcg ctg gtg cct gga 307
Val His Glu Val Arg Arg Glu Leu Val Gly Ala Ala Leu Val Pro Gly

55 60 65
aat acg gcc tgc ttg ggc gtg act gtc acc cga gcc agc aat gat ctc 355
Asn Thr Ala Ser Leu Gly Val Thr Val Thr Arg Ala Ser Asn Asp Leu

70 75 80 85
acc gcg gtg cgc aat tgg gtg gct ttg ggc att gtt ccg atg gtc acc 403
Thr Ala Val Arg Asn Trp Val Ala Leu Gly Ile Val Pro Met Val Thr

90 95 100
ggg ctg ccg ttg att gcg att gtg ctg gtg gcg ttg ttt atc caa gat 451
Gly Leu Pro Leu Ile Ala Ile Val Leu Val Ala Leu Phe Ile Gln Asp

105 110 115
ctc cgc aca ggc gtg gct gtt act gtg cca ctg ctc atg tgt gta gcc 499
Leu Arg Thr Gly Val Ala Val Thr Val Pro Leu Leu Met Cys Val Ala

120 125 130
gtg ctg ccg gtg gtg gcg cgg tgg act ttg aaa aga gca cgt gaa cta 547
Val Leu Pro Val Val Ala Arg Trp Thr Leu Lys Arg Ala Arg Glu Leu

135 140 145
cgc aaa aaa cgt gga cgc atg gct gcg cgg atc gca gat tct gtc atg 595
Arg Lys Lys Arg Gly Arg Met Ala Ala Arg Ile Ala Asp Ser Val Met

150 155 160 165
gct gga gaa tta ctg cac gca aca gga gca ata gac cgt gag ctc aat 643
Ala Gly Glu Leu Leu His Ala Thr Gly Ala Ile Asp Arg Glu Leu Asn

170 175 180
gca gtc acc cga gat tcc gac cga gtg gtg ata gct gct gta aga cgt 691
Ala Val Thr Arg Asp Ser Asp Arg Val Val Ile Ala Ala Val Arg Arg

185 190 195
tcc tgg gcc acc ggt ttt agc cgc gca ttg atg gcc atg gca gcc tcg 739

Ser Trp Ala Thr Gly Phe Ser Arg Ala Leu Met Ala Met Ala Ala Ser

200 205 210
 ctt ggc act gtc agc att gtg att tct ggc cac ctg gaa gta agt gag 787
 Leu Gly Thr Val Ser Ile Val Ile Ser Gly His Leu Glu Val Ser Glu

215 220 225
 gtt gcg gga ata atg atg ctt ctt ggc gtt ctt gcc act cca gtt gca 835
 Val Ala Gly Ile Met Met Leu Leu Gly Val Leu Ala Thr Pro Val Ala

230 235 240 245
 gaa ctt ggc cgc gtg gtg gaa tat cgc caa aat tat aaa gcc gcg aca 883
 Glu Leu Gly Arg Val Val Glu Tyr Arg Gln Asn Tyr Lys Ala Ala Thr

250 255 260
 cgc atc ctg att cca ctt ctg caa cga ggc tca gaa ttt aaa cac tcc 931
 Arg Ile Leu Ile Pro Leu Leu Gln Arg Gly Ser Glu Phe Lys His Ser

265 270 275
 caa caa aaa cta ccc ggg ttg caa gca aca gaa gga atc ccc ggt gtc 979
 Gln Gln Lys Leu Pro Gly Leu Gln Ala Thr Glu Gly Ile Pro Gly Val

280 285 290
 tat gtc aaa ggt att tcc gcc ctt cct gga gaa cgg atc tac ctc cac 1027
 Tyr Val Lys Gly Ile Ser Ala Leu Pro Gly Glu Arg Ile Tyr Leu His

295 300 305
 ggc tct gca gat gcg acg aga aaa tgg gtc acc tcg ttg tct gca atg 1075
 Gly Ser Ala Asp Ala Thr Arg Lys Trp Val Thr Ser Leu Ser Ala Met

310 315 320 325
 gag gaa ggc aca gat gta ata gtc aac ggt caa agg ctt tcg cag ctt 1123
 Glu Glu Gly Thr Asp Val Ile Val Asn Gly Gln Arg Leu Ser Gln Leu

330 335 340
 cct ttg aaa caa cga cgc gcc ctc atc gga atc gcc tca gca cac cac 1171
 Pro Leu Lys Gln Arg Arg Ala Leu Ile Gly Ile Ala Ser Ala His His

345 350 355
 cac tta agc cgt ggt tca gta tcg cgc ctg gtt ggt ttg cga gtg ccg 1219
 His Leu Ser Arg Gly Ser Val Ser Arg Leu Val Gly Leu Arg Val Pro

360 365 370
 gat gcc acc gtg gaa gaa att gag caa gca ctg gaa caa gtt ggt ctg 1267
 Asp Ala Thr Val Glu Glu Ile Glu Gln Ala Leu Glu Gln Val Gly Leu

375 380 385
 aac aac acc ggg aaa caa cgc ttg aaa aac ggc gga cac ccc tgg agt 1315
 Asn Asn Thr Gly Lys Gln Arg Leu Lys Asn Gly Gly His Pro Trp Ser

390 395 400 405
 act tcg cag atc aac aaa ctg aaa att gcc agc gcc acc ctt cga acc 1363
 Thr Ser Gln Ile Asn Lys Leu Lys Ile Ala Ser Ala Thr Leu Arg Thr

410 415 420
 cca ccg ctt ttg gta ctt gaa ggc atc acc cct gaa aac ctc ctc aac 1411

Pro Pro Leu Leu Val Leu Glu Gly Ile Thr Pro Glu Asn Leu Leu Asn

425 430 435
tat ccc gga gtg atc atc tcc acc gtt cag gag aac cca tcc gaa aca 1459
Tyr Pro Gly Val Ile Ile Ser Thr Val Gln Glu Asn Pro Ser Glu Thr

440 445 450
tgg cgg caa gtg aac atc taatctagaa acatggcagg acg 1500
Trp Arg Gln Val Asn Ile

455

<210> 302

<211> 459

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 302

Val Leu Gln Ala Leu Leu Ala Ile Met Val Ser Leu Ser Val Ala Ala
1 5 10 15

Ile Leu Glu Gly Asn Arg Ala Leu Val Gly Leu Leu Leu Ala Thr Thr
20 25 30

Leu Gly Leu Gly Val Ala Gln Trp Ile Gln Lys Val Val Ala Glu Asp
35 40 45

Leu Gly Gln His Tyr Val His Glu Val Arg Arg Glu Leu Val Gly Ala
50 55 60

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

Ala Ser Asn Asp Leu Thr Ala Val Arg Asn Trp Val Ala Leu Gly Ile
85 90 95

Val Pro Met Val Thr Gly Leu Pro Leu Ile Ala Ile Val Leu Val Ala
100 105 110

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

Leu Met Cys Val Ala Val Leu Pro Val Val Ala Arg Trp Thr Leu Lys
130 135 140

Arg Ala Arg Glu Leu Arg Lys Lys Arg Gly Arg Met Ala Ala Arg Ile
145 150 155 160

Ala Asp Ser Val Met Ala Gly Glu Leu Leu His Ala Thr Gly Ala Ile
165 170 175

Asp Arg Glu Leu Asn Ala Val Thr Arg Asp Ser Asp Arg Val Val Ile
180 185 190

Ala Ala Val Arg Arg Ser Trp Ala Thr Gly Phe Ser Arg Ala Leu Met

195	200	205
Ala Met Ala Ala Ser Leu Gly Thr Val Ser Ile Val Ile Ser Gly His		
210	215	220
Leu Glu Val Ser Glu Val Ala Gly Ile Met Met Leu Leu Gly Val Leu		
225	230	235
240		
Ala Thr Pro Val Ala Glu Leu Gly Arg Val Val Glu Tyr Arg Gln Asn		
245	250	255
Tyr Lys Ala Ala Thr Arg Ile Leu Ile Pro Leu Leu Gln Arg Gly Ser		
260	265	270
Glu Phe Lys His Ser Gln Gln Lys Leu Pro Gly Leu Gln Ala Thr Glu		
275	280	285
Gly Ile Pro Gly Val Tyr Val Lys Gly Ile Ser Ala Leu Pro Gly Glu		
290	295	300
Arg Ile Tyr Leu His Gly Ser Ala Asp Ala Thr Arg Lys Trp Val Thr		
305	310	315
320		
Ser Leu Ser Ala Met Glu Glu Gly Thr Asp Val Ile Val Asn Gly Gln		
325	330	335
Arg Leu Ser Gln Leu Pro Leu Lys Gln Arg Arg Ala Leu Ile Gly Ile		
340	345	350
Ala Ser Ala His His His Leu Ser Arg Gly Ser Val Ser Arg Leu Val		
355	360	365
Gly Leu Arg Val Pro Asp Ala Thr Val Glu Glu Ile Glu Gln Ala Leu		
370	375	380
Glu Gln Val Gly Leu Asn Asn Thr Gly Lys Gln Arg Leu Lys Asn Gly		
385	390	395
400		
Gly His Pro Trp Ser Thr Ser Gln Ile Asn Lys Leu Lys Ile Ala Ser		
405	410	415
Ala Thr Leu Arg Thr Pro Pro Leu Leu Val Leu Glu Gly Ile Thr Pro		
420	425	430
Glu Asn Leu Leu Asn Tyr Pro Gly Val Ile Ile Ser Thr Val Gln Glu		
435	440	445
Asn Pro Ser Glu Thr Trp Arg Gln Val Asn Ile		
450	455	

<210> 303
 <211> 412
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(412)

<223> FRXA00456

<400> 303

ctcaccaacc cggagatcgt cacagcgggtg ctaacggatc atgcctagct tatggcgtgc 60
tcgtcgcaga cttttgctca ttgccctagg tgtacttgggt gtg ctg cag gca ctg 115
Val Leu Gln Ala Leu

1 5
ctg gcg atc atg gtg tgc ttg agc gta gcc gcc ata ctt gag gga aac 163
Leu Ala Ile Met Val Ser Leu Ser Val Ala Ala Ile Leu Glu Gly Asn

10 15 20
cga gca ctt gtt gga ttg ctg ctt gct acc acg ttg ggt ttg ggg gtg 211
Arg Ala Leu Val Gly Leu Leu Leu Ala Thr Thr Leu Gly Leu Gly Val

25 30 35
gcg cag tgg att caa aaa gta gtg gca gaa gat cta ggc cag cat tat 259
Ala Gln Trp Ile Gln Lys Val Val Ala Glu Asp Leu Gly Gln His Tyr

40 45 50
gtg cat gag gtg cgt cgt gaa ttg gtg ggt gct gcg ctg gtg cct gga 307
Val His Glu Val Arg Arg Glu Leu Val Gly Ala Ala Leu Val Pro Gly

55 60 65
aat acg gcc tgc ttg ggc gtg act gtc acc cga gcc agc aat gat ctc 355
Asn Thr Ala Ser Leu Gly Val Thr Val Thr Arg Ala Ser Asn Asp Leu

70 75 80 85
acc gcg gtg cgc aat tgg gtg gct ttg ggc att gtt ccg atg gtc acc 403
Thr Ala Val Arg Asn Trp Val Ala Leu Gly Ile Val Pro Met Val Thr

90 95 100
ggg ctg ccg 412
Gly Leu Pro

<210> 304

<211> 104

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 304

Val Leu Gln Ala Leu Leu Ala Ile Met Val Ser Leu Ser Val Ala Ala

1 5 10 15

Ile Leu Glu Gly Asn Arg Ala Leu Val Gly Leu Leu Leu Ala Thr Thr

20 25 30

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

35 40 45

Leu Gly Gln His Tyr Val His Glu Val Arg Arg Glu Leu Val Gly Ala

50	55	60	
Ala Leu Val Pro Gly Asn Thr Ala Ser Leu Gly Val Thr Val Thr Arg			
65	70	75	80
Ala Ser Asn Asp Leu Thr Ala Val Arg Asn Trp Val Ala Leu Gly Ile			
	85	90	95
Val Pro Met Val Thr Gly Leu Pro			
100			
<210> 305			
<211> 1040			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (31)..(1017)			
<223> FRXA00459			
<400> 305			
aggcgtggct gttactgtgc cactgctcat gtg tgt acc cgt gct gcc ggt ggt			54
Val Cys Thr Arg Ala Ala Gly Gly			
1 5			
ggc gcg gtg act ttg aaa aga gca cgt gaa cta cgc aaa aaa cgt gga			102
Gly Ala Val Thr Leu Lys Arg Ala Arg Glu Leu Arg Lys Lys Arg Gly			
10 15 20			
cgc atg gct gcg cgg atc gca gat tct gtc atg gct gga gaa tta ctg			150
Arg Met Ala Ala Arg Ile Ala Asp Ser Val Met Ala Gly Glu Leu Leu			
25 30 35 40			
cac gca aca gga gca ata gac cgt gag ctc aat gca gtc acc cga gat			198
His Ala Thr Gly Ala Ile Asp Arg Glu Leu Asn Ala Val Thr Arg Asp			
45 50 55			
tcc gac cga gtg gtg ata gct gct gta aga cgt tcc tgg gcc acc ggt			246
Ser Asp Arg Val Val Ile Ala Ala Val Arg Arg Ser Trp Ala Thr Gly			
60 65 70			
ttt agc cgc gca ttg atg gcc atg gca gcc tcg ctt ggc act gtc agc			294
Phe Ser Arg Ala Leu Met Ala Met Ala Ala Ser Leu Gly Thr Val Ser			
75 80 85			
att gtg att tct ggc cac ctg gaa gta agt gag gtt gcg gga ata atg			342
Ile Val Ile Ser Gly His Leu Glu Val Ser Glu Val Ala Gly Ile Met			
90 95 100			
atg ctt ctt ggc gtt ctt gcc act cca gtt gca gaa ctt ggc cgc gtg			390
Met Leu Leu Gly Val Leu Ala Thr Pro Val Ala Glu Leu Gly Arg Val			
105	110	115	120

gtg gaa tat cgc caa aat tat aaa gcc gcg aca cgc atc ctg att cca	438
Val Glu Tyr Arg Gln Asn Tyr Lys Ala Ala Thr Arg Ile Leu Ile Pro	
125 130 135	
ctt ctg caa cga gcc tca gaa ttt aaa cac tcc caa caa aaa cta ccc	486
Leu Leu Gln Arg Gly Ser Glu Phe Lys His Ser Gln Gln Lys Leu Pro	
140 145 150	
ggg ttg caa gca aca gaa gga atc ccc ggt gtc tat gtc aaa ggt att	534
Gly Leu Gln Ala Thr Glu Gly Ile Pro Gly Val Tyr Val Lys Gly Ile	
155 160 165	
tcc gcc ctt cct gga gaa cgg atc tac ctc cac gcc tct gca gat gcg	582
Ser Ala Leu Pro Gly Glu Arg Ile Tyr Leu His Gly Ser Ala Asp Ala	
170 175 180	
acg aga aaa tgg gtc acc tcg ttg tct gca atg gag gaa gcc aca gat	630
Thr Arg Lys Trp Val Thr Ser Leu Ser Ala Met Glu Glu Gly Thr Asp	
185 190 195 200	
gta ata gtc aac ggt caa agg ctt tcg cag ctt cct ttg aaa caa cga	678
Val Ile Val Asn Gly Gln Arg Leu Ser Gln Leu Pro Leu Lys Gln Arg	
205 210 215	
cgc gcc ctc atc gga atc gcc tca gca cac cac cac tta agc cgt ggt	726
Arg Ala Leu Ile Gly Ile Ala Ser Ala His His His Leu Ser Arg Gly	
220 225 230	
tca gta tcg cgc ctg gtt ggt ttg cga gtg ccg gat gcc acc gtg gaa	774
Ser Val Ser Arg Leu Val Gly Leu Arg Val Pro Asp Ala Thr Val Glu	
235 240 245	
gaa att gag caa gca ctg gaa caa gtt ggt ctg aac aac acc ggg aaa	822
Glu Ile Glu Gln Ala Leu Glu Gln Val Gly Leu Asn Asn Thr Gly Lys	
250 255 260	
caa cgc ttg aaa aac gcc gga cac ccc tgg agt act tcg cag atc aac	870
Gln Arg Leu Lys Asn Gly Gly His Pro Trp Ser Thr Ser Gln Ile Asn	
265 270 275 280	
aaa ctg aaa att gcc agc gcc acc ctt cga acc cca ccg ctt ttg gta	918
Lys Leu Lys Ile Ala Ser Ala Thr Leu Arg Thr Pro Pro Leu Leu Val	
285 290 295	
ctt gaa gcc atc acc cct gaa aac ctc ctc aac tat ccc gga gtg atc	966
Leu Glu Gly Ile Thr Pro Glu Asn Leu Leu Asn Tyr Pro Gly Val Ile	
300 305 310	
atc tcc acc gtt cag gag aac cca tcc gaa aca tgg cgg caa gtg aac	1014
Ile Ser Thr Val Gln Glu Asn Pro Ser Glu Thr Trp Arg Gln Val Asn	
315 320 325	
atc taatctagaa acatggcagg acg	1040
Ile	

<210> 306

<211> 329

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 306

Val Cys Thr Arg Ala Ala Gly Gly Gly Ala Val Thr Leu Lys Arg Ala
1 5 10 15

Arg Glu Leu Arg Lys Lys Arg Gly Arg Met Ala Ala Arg Ile Ala Asp
20 25 30

Ser Val Met Ala Gly Glu Leu Leu His Ala Thr Gly Ala Ile Asp Arg
35 40 45

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

Val Arg Arg Ser Trp Ala Thr Gly Phe Ser Arg Ala Leu Met Ala Met
65 70 75 80

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

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

Pro Val Ala Glu Leu Gly Arg Val Val Glu Tyr Arg Gln Asn Tyr Lys
115 120 125

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

Lys His Ser Gln Gln Lys Leu Pro Gly Leu Gln Ala Thr Glu Gly Ile
145 150 155 160

Pro Gly Val Tyr Val Lys Gly Ile Ser Ala Leu Pro Gly Glu Arg Ile
165 170 175

Tyr Leu His Gly Ser Ala Asp Ala Thr Arg Lys Trp Val Thr Ser Leu
180 185 190

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

Ser Gln Leu Pro Leu Lys Gln Arg Arg Ala Leu Ile Gly Ile Ala Ser
210 215 220

Ala His His His Leu Ser Arg Gly Ser Val Ser Arg Leu Val Gly Leu
225 230 235 240

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

Val Gly Leu Asn Asn Thr Gly Lys Gln Arg Leu Lys Asn Gly Gly His
260 265 270

Pro Trp Ser Thr Ser Gln Ile Asn Lys Leu Lys Ile Ala Ser Ala Thr
275 280 285

Leu Arg Thr Pro Pro Leu Leu Val Leu Glu Gly Ile Thr Pro Glu Asn
290 295 300

Leu Leu Asn Tyr Pro Gly Val Ile Ile Ser Thr Val Gln Glu Asn Pro
305 310 315 320

Ser Glu Thr Trp Arg Gln Val Asn Ile
325

<210> 307

<211> 771

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(748)

<223> RXN01604

<400> 307

ctctcatgtt gttgtcctct agttgacagc gggggtgggtg gtggtcctaa aatagcctac 60
gataactgat agtgtttcct ccacttacgg aagaagatac atg aat acc cct ctt 115
Met Asn Thr Pro Leu

1 5
ttg aga agc tct ggg ctc tcc atc cgc gac aca ccc ttc gcc gat gtt 163
Leu Arg Ser Ser Gly Leu Ser Ile Arg Asp Thr Pro Phe Ala Asp Val

10 15 20
gag ata gct cca gac agc gga ctc act ttg ctg agc acc ggg cgc gaa 211
Glu Ile Ala Pro Asp Ser Gly Leu Thr Leu Leu Ser Thr Gly Arg Glu

25 30 35
tcc caa tcc agt tcc ttt tct ttg gta ctt tcc ggc cgc atg cgc gcc 259
Ser Gln Ser Ser Ser Phe Ser Leu Val Leu Ser Gly Arg Met Arg Ala

40 45 50
tcc acc gga acc atc gaa tta aac ggc gaa ccc atc aag gca acc aag 307
Ser Thr Gly Thr Ile Glu Leu Asn Gly Glu Pro Ile Lys Ala Thr Lys

55 60 65
ctg gcc aag cat gtg gct ttg gcg ggc atc cct gaa atc gat tca ctc 355
Leu Ala Lys His Val Ala Leu Ala Gly Ile Pro Glu Ile Asp Ser Leu

70 75 80 85
gag cga ctt gtc act gtg cgc acc gtt gtc cgt gaa caa ctc gcc tgg 403
Glu Arg Leu Val Thr Val Arg Thr Val Val Arg Glu Gln Leu Ala Trp

90

95

100

tca agc cct tgg tac ctg atg gtg ccc agg gat att agt gat tgc gga 451
Ser Ser Pro Trp Tyr Leu Met Val Pro Arg Asp Ile Ser Asp Ser Gly

105 110 115
cgg tgg gtt gac gtc gaa aag cat ctt ggc ctg aac ctg aac cct aaa 499
Arg Trp Val Asp Val Glu Lys His Leu Gly Leu Asn Leu Asn Pro Lys

120 125 130
acc tta atc ggc gac ctc agc gtg ctc gag cgt ttt aag ctg cgc atc 547
Thr Leu Ile Gly Asp Leu Ser Val Leu Glu Arg Phe Lys Leu Arg Ile

135 140 145
gcg ctg gcg ctg ctg gcg cgg cca gag gcg caa ctg ttg gtc gtg gat 595
Ala Leu Ala Leu Leu Ala Arg Pro Glu Ala Gln Leu Leu Val Val Asp

150 155 160 165
gat ccc gat caa gtg cgc agc atg gaa ttg cgt gcg gag gtg ttg cac 643
Asp Pro Asp Gln Val Arg Ser Met Glu Leu Arg Ala Glu Val Leu His

170 175 180
gca ttg aaa ggc gtt gca gag gat ctc cct gtg gtc gtg gta tcc acc 691
Ala Leu Lys Gly Val Ala Glu Asp Leu Pro Val Val Val Val Ser Thr

185 190 195
aac cca gat ttt gat tcc ttg gcc gat acc gct ttg acc att acg ggg 739
Asn Pro Asp Phe Asp Ser Leu Ala Asp Thr Ala Leu Thr Ile Thr Gly

200 205 210
gct gga aac taatggcatt ttacacttt ggc 771
Ala Gly Asn

215

<210> 308

<211> 216

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 308

Met Asn Thr Pro Leu Leu Arg Ser Ser Gly Leu Ser Ile Arg Asp Thr
1 5 10 15

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

Ser Thr Gly Arg Glu Ser Gln Ser Ser Ser Phe Ser Leu Val Leu Ser
35 40 45

Gly Arg Met Arg Ala Ser Thr Gly Thr Ile Glu Leu Asn Gly Glu Pro
50 55 60

Ile Lys Ala Thr Lys Leu Ala Lys His Val Ala Leu Ala Gly Ile Pro
65 70 75 80

Glu Ile Asp Ser Leu Glu Arg Leu Val Thr Val Arg Thr Val Val Arg
85 90 95

Glu Gln Leu Ala Trp Ser Ser Pro Trp Tyr Leu Met Val Pro Arg Asp
100 105 110

Ile Ser Asp Ser Gly Arg Trp Val Asp Val Glu Lys His Leu Gly Leu
115 120 125

Asn Leu Asn Pro Lys Thr Leu Ile Gly Asp Leu Ser Val Leu Glu Arg
130 135 140

Phe Lys Leu Arg Ile Ala Leu Ala Leu Leu Ala Arg Pro Glu Ala Gln
145 150 155 160

Leu Leu Val Val Asp Asp Pro Asp Gln Val Arg Ser Met Glu Leu Arg
165 170 175

Ala Glu Val Leu His Ala Leu Lys Gly Val Ala Glu Asp Leu Pro Val
180 185 190

Val Val Val Ser Thr Asn Pro Asp Phe Asp Ser Leu Ala Asp Thr Ala
195 200 205

Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gly Asn
210 215

<210> 309

<211> 629

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(606)

<223> FRXA01604

<400> 309

gac aca ccc ttc gcc gat gtt gag ata gct cca gac agc gga ctc act 48
Asp Thr Pro Phe Ala Asp Val Glu Ile Ala Pro Asp Ser Gly Leu Thr

1 5 10 15
ttg ctg agc acc ggg cgc gaa tcc caa tcc agt tcc ttt tct ttg gta 96
Leu Leu Ser Thr Gly Arg Glu Ser Gln Ser Ser Ser Phe Ser Leu Val

20 25 30
ctt tcc ggc cgc atg cgc gcc tcc acc gga acc atc gaa tta aac ggc 144
Leu Ser Gly Arg Met Arg Ala Ser Thr Gly Thr Ile Glu Leu Asn Gly

35 40 45
gaa ccc atc aag gca acc aag ctg gcc aag cat gtg gct ttg gcg ggc 192
Glu Pro Ile Lys Ala Thr Lys Leu Ala Lys His Val Ala Leu Ala Gly

50 55 60
atc cct gaa atc gat tca ctc gag cga ctt gtc act gtg cgc acc gtt 240

Ile Pro Glu Ile Asp Ser Leu Glu Arg Leu Val Thr Val Arg Thr Val

65 70 75 80
gtc cgt gaa caa ctc gcc tgg tca agc cct tgg tac ctg atg gtg ccc 288
Val Arg Glu Gln Leu Ala Trp Ser Ser Pro Trp Tyr Leu Met Val Pro

85 90 95
agg gat att agt gat tcg gga cgg tgg gtt gac gtc gaa aag cat ctt 336
Arg Asp Ile Ser Asp Ser Gly Arg Trp Val Asp Val Glu Lys His Leu

100 105 110
ggc ctg aac ctg aac cct aaa acc tta atc ggc gac ctc agc gtg ctc 384
Gly Leu Asn Leu Asn Pro Lys Thr Leu Ile Gly Asp Leu Ser Val Leu

115 120 125
gag cgt ttt aag ctg cgc atc gcg ctg gcg ctg ctg gcg cgg cca gag 432
Glu Arg Phe Lys Leu Arg Ile Ala Leu Ala Leu Leu Ala Arg Pro Glu

130 135 140
gcg caa ctg ttg gtc gtg gat gat ccc gat caa gtg cgc agc atg gaa 480
Ala Gln Leu Leu Val Val Asp Asp Pro Asp Gln Val Arg Ser Met Glu

145 150 155 160
ttg cgt gcg gag gtg ttg cac gca ttg aaa ggc gtt gca gag gat ctc 528
Leu Arg Ala Glu Val Leu His Ala Leu Lys Gly Val Ala Glu Asp Leu

165 170 175
cct gtg gtc gtg gta tcc acc aac cca gat ttt gat tcc ttg gcc gat 576
Pro Val Val Val Val Ser Thr Asn Pro Asp Phe Asp Ser Leu Ala Asp

180 185 190
acc gct ttg acc att acg ggg gct gga aac taatggcatt ttacacttt 626
Thr Ala Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gly Asn

195 200
ggc 629

<210> 310
<211> 202
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 310
Asp Thr Pro Phe Ala Asp Val Glu Ile Ala Pro Asp Ser Gly Leu Thr
1 5 10 15
Leu Leu Ser Thr Gly Arg Glu Ser Gln Ser Ser Ser Phe Ser Leu Val
20 25 30
Leu Ser Gly Arg Met Arg Ala Ser Thr Gly Thr Ile Glu Leu Asn Gly
35 40 45
Glu Pro Ile Lys Ala Thr Lys Leu Ala Lys His Val Ala Leu Ala Gly

50 55 60
 Ile Pro Glu Ile Asp Ser Leu Glu Arg Leu Val Thr Val Arg Thr Val
 65 70 75 80
 Val Arg Glu Gln Leu Ala Trp Ser Ser Pro Trp Tyr Leu Met Val Pro
 85 90 95
 Arg Asp Ile Ser Asp Ser Gly Arg Trp Val Asp Val Glu Lys His Leu
 100 105 110
 Gly Leu Asn Leu Asn Pro Lys Thr Leu Ile Gly Asp Leu Ser Val Leu
 115 120 125
 Glu Arg Phe Lys Leu Arg Ile Ala Leu Ala Leu Leu Ala Arg Pro Glu
 130 135 140
 Ala Gln Leu Leu Val Val Asp Asp Pro Asp Gln Val Arg Ser Met Glu
 145 150 155 160
 Leu Arg Ala Glu Val Leu His Ala Leu Lys Gly Val Ala Glu Asp Leu
 165 170 175
 Pro Val Val Val Val Ser Thr Asn Pro Asp Phe Asp Ser Leu Ala Asp
 180 185 190
 Thr Ala Leu Thr Ile Thr Gly Ala Gly Asn
 195 200
 <210> 311
 <211> 2262
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(2239)
 <223> RXN02547

 <400> 311
 ggggccgtcg ataagcgaag aacaattagc actgcgcgcg ctggctctgac gcattgggta 60
 aggggctggc ggtccggcgc cggaatcggc ggaggagctt ttg gag ctc aac aac 115
 Leu Glu Leu Asn Asn

 1 5
 gct gcg cgg ctg acc gtg gat gag tat ccg gcg gcg agg gaa gcg ctt 163
 Ala Ala Arg Leu Thr Val Asp Glu Tyr Pro Ala Ala Arg Glu Ala Leu

 10 15 20
 gaa tct gca ggt cag agg aat gta gag gac cga acc cgt gcg gtt gat 211
 Glu Ser Ala Gly Gln Arg Asn Val Glu Asp Arg Thr Arg Ala Val Asp

 25 30 35
 gag ttc aaa gcg gcg gat caa gag ctg tct tct ttg agt aaa ggc agc 259

Glu Phe Lys Ala Ala Asp Gln Glu Leu Ser Ser Leu Ser Lys Gly Ser

40 45 50
 agt aat att gag tac cgt ttg ctg cag gtg cgg gaa aat ttg tgt cag 307
 Ser Asn Ile Glu Tyr Arg Leu Leu Gln Val Arg Glu Asn Leu Cys Gln

55 60 65
 gat ttg ggc gtg agc cgg gat atg ccc ttt gcc ggt gag ctg att 355
 Asp Leu Gly Val Ser Pro Arg Asp Met Pro Phe Ala Gly Glu Leu Ile

70 75 80 85
 gat ccg aat aat gcg gaa tgg gaa ccc gtt gtg cag cgc att ttg ggt 403
 Asp Pro Asn Asn Ala Glu Trp Glu Pro Val Val Gln Arg Ile Leu Gly

90 95 100
 ggt ttt gct gcg gaa atg ttg gtt cct cat ggg ttg ttg cca cgg gtt 451
 Gly Phe Ala Ala Glu Met Leu Val Pro His Gly Leu Leu Pro Arg Val

105 110 115
 cgg gat tgg gta aat gcc aaa cat ttg gca gcg ctg ctg aaa ttc aac 499
 Arg Asp Trp Val Asn Ala Lys His Leu Ala Ala Leu Leu Lys Phe Asn

120 125 130
 ggc gtg gtg aca acg ggg gag tac aaa acc tcg cgt ttt ccg gcg gat 547
 Gly Val Val Thr Thr Gly Glu Tyr Lys Thr Ser Arg Phe Pro Ala Asp

135 140 145
 tcc ctg atc cga aaa gtt gat gtt gtg gag tcg ccg ttt cgc gat tgg 595
 Ser Leu Ile Arg Lys Val Asp Val Val Glu Ser Pro Phe Arg Asp Trp

150 155 160 165
 gta aat caa gaa tta ggc aag cgt ttt aat att cgg tgc gtg cgc act 643
 Val Asn Gln Glu Leu Gly Lys Arg Phe Asn Ile Arg Cys Val Arg Thr

170 175 180
 cct gag gaa ttg tcg gcg ctg ggg cca cgc gat cag ggc gtg acc att 691
 Pro Glu Glu Leu Ser Ala Leu Gly Pro Arg Asp Gln Gly Val Thr Ile

185 190 195
 ttg ggt gtg cga aaa ttt gcg cag cag aca ggc gat ccg acg acg cgt 739
 Leu Gly Val Arg Lys Phe Ala Gln Gln Thr Gly Asp Pro Thr Thr Arg

200 205 210
 tgg gaa aaa gat gat cgc cga aag ctg ggg gat cgt tcc aca tac cgt 787
 Trp Glu Lys Asp Asp Arg Arg Lys Leu Gly Asp Arg Ser Thr Tyr Arg

215 220 225
 ttg ggt tcc acc aat gat gcc aag gtg gaa acg ctt cgg gaa acc gtg 835
 Leu Gly Ser Thr Asn Asp Ala Lys Val Glu Thr Leu Arg Glu Thr Val

230 235 240 245
 aaa gct ggc aaa gca gtt gtg cag gca gct gat aat cgc att gct gca 883
 Lys Ala Gly Lys Ala Val Val Gln Ala Ala Asp Asn Arg Ile Ala Ala

250 255 260
 aac cgc gct gag ctg cgg gaa ctt gaa cgg cag tat caa gct tcg caa 931

Asn Arg Ala Glu Leu Arg Glu Leu Glu Arg Gln Tyr Gln Ala Ser Gln

265 270 275
gaa att ttg aaa gtg tgc tgg gct cag att gat gtg gaa tca gcc gac 979
Glu Ile Leu Lys Val Ser Trp Ala Gln Ile Asp Val Glu Ser Ala Asp

280 285 290
gcg gcg att gct gag ctg gac cga ttg ctg gaa gag ctg aac aac act 1027
Ala Ala Ile Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Glu Glu Leu Asn Asn Thr

295 300 305
cca gag gcc acc gag ctt tcc gcg cgg cat gag gcg gcg aag cag acg 1075
Pro Glu Ala Thr Glu Leu Ser Ala Arg His Glu Ala Ala Lys Gln Thr

310 315 320 325
ctc gcg agg gtt tct gac ttg ctt gtc gca gct cag agt gag gaa acc 1123
Leu Ala Arg Val Ser Asp Leu Leu Val Ala Ala Gln Ser Glu Glu Thr

330 335 340
gtg gcg tgc atg aac ctg aaa cgc gcc gaa act gaa ttg aaa cgg ctc 1171
Val Ala Ser Met Asn Leu Lys Arg Ala Glu Thr Glu Leu Lys Arg Leu

345 350 355
gaa agc ctg ccg gtt gcg gag gtt tct gaa gaa atc gcg cgg gaa gtg 1219
Glu Ser Leu Pro Val Ala Glu Val Ser Glu Glu Ile Ala Arg Glu Val

360 365 370
gag aaa cta ttt ctt gcc aac acc cgc cgg gtt cac gcc gcc aac gtg 1267
Glu Lys Leu Phe Leu Ala Asn Thr Arg Arg Val His Ala Ala Asn Val

375 380 385
gat gag cag acc att gcg ctg cgc gag gat ctg gac aaa caa atc gat 1315
Asp Glu Gln Thr Ile Ala Leu Arg Glu Asp Leu Asp Lys Gln Ile Asp

390 395 400 405
gcc aat gag gca gaa ctt cga cgt tgt gaa aac caa att gtt ggc att 1363
Ala Asn Glu Ala Glu Leu Arg Arg Cys Glu Asn Gln Ile Val Gly Ile

410 415 420
ttg gcg agc tat att gaa acg tgg cct gcg aac cgc gct gac tta caa 1411
Leu Arg Ser Tyr Ile Glu Thr Trp Pro Ala Asn Arg Ala Asp Leu Gln

425 430 435
gcc gaa cct gag ttt gtt ggt gag gcc atc aac cgc ctc ggc gag ctt 1459
Ala Glu Pro Glu Phe Val Gly Glu Ala Ile Asn Arg Leu Gly Glu Leu

440 445 450
cgc agc gat cgt ttg gca gaa ttc acg gcc aaa ttc cta ggg ctc atg 1507
Arg Ser Asp Arg Leu Ala Glu Phe Thr Ala Lys Phe Leu Gly Leu Met

455 460 465
aac gag atg tcc acc cga aac ctc ggc caa atc tcg cgg cgt cta cgt 1555
Asn Glu Met Ser Thr Arg Asn Leu Gly Gln Ile Ser Arg Arg Leu Arg

470 475 480 485

gat gcg cgc cgg gaa atc gag gag cgc atc gag ccg atc aac gcc tcc	1603
Asp Ala Arg Arg Glu Ile Glu Glu Arg Ile Glu Pro Ile Asn Ala Ser	
490 495 500	
ttg gcg cag tgc gaa ttc aac gaa ggt cgc ttc ctg cac atc gac atc	1651
Leu Ala Gln Ser Glu Phe Asn Glu Gly Arg Phe Leu His Ile Asp Ile	
505 510 515	
cgt gat caa agt ggt ccg att gtg agg gaa ttc cag cag aaa ctt gat	1699
Arg Asp Gln Ser Gly Pro Ile Val Arg Glu Phe Gln Gln Lys Leu Asp	
520 525 530	
gcc gct acc agc ggt gac ctg gga acc agt acc gag aaa caa gcc ttc	1747
Ala Ala Thr Ser Gly Asp Leu Gly Thr Ser Thr Glu Lys Gln Ala Phe	
535 540 545	
gcc cgt tat gcg ctg atc gct gaa atc att tcc aaa ctg gcc tcc cac	1795
Ala Arg Tyr Ala Leu Ile Ala Glu Ile Ile Ser Lys Leu Ala Ser His	
550 555 560 565	
gac tcc gcc gac gcc cgc tgg cgc aac acc gtt cta gac acc cgc cgc	1843
Asp Ser Ala Asp Ala Arg Trp Arg Asn Thr Val Leu Asp Thr Arg Arg	
570 575 580	
cac gtt cgc ttc atc ggc ctc gag cgc gat tcc gac ggc gca acc gtc	1891
His Val Arg Phe Ile Gly Leu Glu Arg Asp Ser Asp Gly Ala Thr Val	
585 590 595	
aac acc tac gtc gac tcc gca tca ctt tca ggc gga caa gcc cag aag	1939
Asn Thr Tyr Val Asp Ser Ala Ser Leu Ser Gly Gly Gln Ala Gln Lys	
600 605 610	
ctg gtg ttt ttc tgc ctc gcc gct gcc ttg cgc tac cag cta gcc gaa	1987
Leu Val Phe Phe Cys Leu Ala Ala Ala Leu Arg Tyr Gln Leu Ala Glu	
615 620 625	
ccc ggc gcc cat tat ccc acc tac gcc acc gtc att ctg gac gaa gcc	2035
Pro Gly Ala His Tyr Pro Thr Tyr Ala Thr Val Ile Leu Asp Glu Ala	
630 635 640 645	
ttc gac cgc gcc gac ccc gcc ttc acc cgc caa acc atg aac gtc ttc	2083
Phe Asp Arg Ala Asp Pro Ala Phe Thr Arg Gln Thr Met Asn Val Phe	
650 655 660	
cac agc ttc ggc ttc cac atg gtg ctc gcg acc ccg ctg aaa ctt atc	2131
His Ser Phe Gly Phe His Met Val Leu Ala Thr Pro Leu Lys Leu Ile	
665 670 675	
caa acc ctc ggc gat tat gtc ggc tcc acc atc gtg gtc agc tac acc	2179
Gln Thr Leu Gly Asp Tyr Val Gly Ser Thr Ile Val Val Ser Tyr Thr	
680 685 690	
gaa aaa cca aac gcc cag ggc gca att cag ggc aat tcc agt ttc tct	2227
Glu Lys Pro Asn Ala Gln Gly Ala Ile Gln Gly Asn Ser Ser Phe Ser	
695 700 705	

agg atc gag aaa taacatgccca ttgtttatcg acg 2262
Arg Ile Glu Lys

710

<210> 312
<211> 713
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 312
Leu Glu Leu Asn Asn Ala Ala Arg Leu Thr Val Asp Glu Tyr Pro Ala
1 5 10 15
Ala Arg Glu Ala Leu Glu Ser Ala Gly Gln Arg Asn Val Glu Asp Arg
20 25 30
Thr Arg Ala Val Asp Glu Phe Lys Ala Ala Asp Gln Glu Leu Ser Ser
35 40 45
Leu Ser Lys Gly Ser Ser Asn Ile Glu Tyr Arg Leu Leu Gln Val Arg
50 55 60
Glu Asn Leu Cys Gln Asp Leu Gly Val Ser Pro Arg Asp Met Pro Phe
65 70 75 80
Ala Gly Glu Leu Ile Asp Pro Asn Asn Ala Glu Trp Glu Pro Val Val
85 90 95
Gln Arg Ile Leu Gly Gly Phe Ala Ala Glu Met Leu Val Pro His Gly
100 105 110
Leu Leu Pro Arg Val Arg Asp Trp Val Asn Ala Lys His Leu Ala Ala
115 120 125
Leu Leu Lys Phe Asn Gly Val Val Thr Thr Gly Glu Tyr Lys Thr Ser
130 135 140
Arg Phe Pro Ala Asp Ser Leu Ile Arg Lys Val Asp Val Val Glu Ser
145 150 155 160
Pro Phe Arg Asp Trp Val Asn Gln Glu Leu Gly Lys Arg Phe Asn Ile
165 170 175
Arg Cys Val Arg Thr Pro Glu Glu Leu Ser Ala Leu Gly Pro Arg Asp
180 185 190
Gln Gly Val Thr Ile Leu Gly Val Arg Lys Phe Ala Gln Gln Thr Gly
195 200 205
Asp Pro Thr Thr Arg Trp Glu Lys Asp Asp Arg Arg Lys Leu Gly Asp
210 215 220
Arg Ser Thr Tyr Arg Leu Gly Ser Thr Asn Asp Ala Lys Val Glu Thr
225 230 235 240

Leu Arg Glu Thr Val Lys Ala Gly Lys Ala Val Val Gln Ala Ala Asp
 245 250 255
 Asn Arg Ile Ala Ala Asn Arg Ala Glu Leu Arg Glu Leu Glu Arg Gln
 260 265 270
 Tyr Gln Ala Ser Gln Glu Ile Leu Lys Val Ser Trp Ala Gln Ile Asp
 275 280 285
 Val Glu Ser Ala Asp Ala Ala Ile Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Glu
 290 295 300
 Glu Leu Asn Asn Thr Pro Glu Ala Thr Glu Leu Ser Ala Arg His Glu
 305 310 315 320
 Ala Ala Lys Gln Thr Leu Ala Arg Val Ser Asp Leu Leu Val Ala Ala
 325 330 335
 Gln Ser Glu Glu Thr Val Ala Ser Met Asn Leu Lys Arg Ala Glu Thr
 340 345 350
 Glu Leu Lys Arg Leu Glu Ser Leu Pro Val Ala Glu Val Ser Glu Glu
 355 360 365
 Ile Ala Arg Glu Val Glu Lys Leu Phe Leu Ala Asn Thr Arg Arg Val
 370 375 380
 His Ala Ala Asn Val Asp Glu Gln Thr Ile Ala Leu Arg Glu Asp Leu
 385 390 395 400
 Asp Lys Gln Ile Asp Ala Asn Glu Ala Glu Leu Arg Arg Cys Glu Asn
 405 410 415
 Gln Ile Val Gly Ile Leu Arg Ser Tyr Ile Glu Thr Trp Pro Ala Asn
 420 425 430
 Arg Ala Asp Leu Gln Ala Glu Pro Glu Phe Val Gly Glu Ala Ile Asn
 435 440 445
 Arg Leu Gly Glu Leu Arg Ser Asp Arg Leu Ala Glu Phe Thr Ala Lys
 450 455 460
 Phe Leu Gly Leu Met Asn Glu Met Ser Thr Arg Asn Leu Gly Gln Ile
 465 470 475 480
 Ser Arg Arg Leu Arg Asp Ala Arg Arg Glu Ile Glu Glu Arg Ile Glu
 485 490 495
 Pro Ile Asn Ala Ser Leu Ala Gln Ser Glu Phe Asn Glu Gly Arg Phe
 500 505 510
 Leu His Ile Asp Ile Arg Asp Gln Ser Gly Pro Ile Val Arg Glu Phe
 515 520 525
 Gln Gln Lys Leu Asp Ala Ala Thr Ser Gly Asp Leu Gly Thr Ser Thr
 530 535 540
 Glu Lys Gln Ala Phe Ala Arg Tyr Ala Leu Ile Ala Glu Ile Ile Ser

Lys	Leu	Ala	Ser	His	Asp	Ser	Ala	Asp	Ala	Arg	Trp	Arg	Asn	Thr	Val		
				565				570				575					
Leu	Asp	Thr	Arg	Arg	His	Val	Arg	Phe	Ile	Gly	Leu	Glu	Arg	Asp	Ser		
				580				585				590					
Asp	Gly	Ala	Thr	Val	Asn	Thr	Tyr	Val	Asp	Ser	Ala	Ser	Leu	Ser	Gly		
				595				600				605					
Gly	Gln	Ala	Gln	Lys	Leu	Val	Phe	Phe	Cys	Leu	Ala	Ala	Ala	Leu	Arg		
				610				615				620					
Tyr	Gln	Leu	Ala	Glu	Pro	Gly	Ala	His	Tyr	Pro	Thr	Tyr	Ala	Thr	Val		
				625				630				635				640	
Ile	Leu	Asp	Glu	Ala	Phe	Asp	Arg	Ala	Asp	Pro	Ala	Phe	Thr	Arg	Gln		
				645				650				655					
Thr	Met	Asn	Val	Phe	His	Ser	Phe	Gly	Phe	His	Met	Val	Leu	Ala	Thr		
				660				665				670					
Pro	Leu	Lys	Leu	Ile	Gln	Thr	Leu	Gly	Asp	Tyr	Val	Gly	Ser	Thr	Ile		
				675				680				685					
Val	Val	Ser	Tyr	Thr	Glu	Lys	Pro	Asn	Ala	Gln	Gly	Ala	Ile	Gln	Gly		
				690				695				700					
Asn	Ser	Ser	Phe	Ser	Arg	Ile	Glu	Lys									
				705				710									

<210> 313
<211> 2147
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(2124)
<223> FRXA02547
```

<400> 313																		
gct	gcg	cgg	ctg	acc	gtg	gat	gag	tat	ccg	gcg	gcg	agg	gaa	gcg	ctt		48	
Ala	Ala	Arg	Leu	Thr	Val	Asp	Glu	Tyr	Pro	Ala	Ala	Arg	Glu	Ala	Leu			
1				5				10				15						
gaa	tct	gca	ggc	cag	agg	aat	gta	gag	gac	cga	acc	cgt	gcg	gtt	gat		96	
Glu	Ser	Ala	Gly	Gln	Arg	Asn	Val	Glu	Asp	Arg	Thr	Arg	Ala	Val	Asp			
20						25						30						
gag	ttc	aaa	gcg	gcg	gat	caa	gag	ctg	tct	tct	ttg	agt	aaa	ggc	agc		144	
Glu	Phe	Lys	Ala	Ala	Asp	Gln	Glu	Leu	Ser	Ser	Leu	Ser	Lys	Gly	Ser			
35				40				45										

agt aat att gag tac cgt ttg ctg cag gtg cgg gaa aat ttg tgt cag	192
Ser Asn Ile Glu Tyr Arg Leu Leu Gln Val Arg Glu Asn Leu Cys Gln	
50 55 60	
gat ttg ggc gtg agc cgg cgg gat atg ccc ttt gcc ggt gag ctg att	240
Asp Leu Gly Val Ser Pro Arg Asp Met Pro Phe Ala Gly Glu Leu Ile	
65 70 75 80	
gat cgg aat aat gcg gaa tgg gaa ccc gtt gtg cag cgc att ttg ggt	288
Asp Pro Asn Asn Ala Glu Trp Glu Pro Val Val Gln Arg Ile Leu Gly	
85 90 95	
ggt ttt gct gcg gaa atg ttg gtt cct cat ggg ttg ttg cca cgg gtt	336
Gly Phe Ala Ala Glu Met Leu Val Pro His Gly Leu Leu Pro Arg Val	
100 105 110	
cgg gat tgg gta aat gcc aaa cat ttg gca gcg ctg ctg aaa ttc aac	384
Arg Asp Trp Val Asn Ala Lys His Leu Ala Ala Leu Leu Lys Phe Asn	
115 120 125	
ggc gtg gtg aca acg ggg gag tac aaa acc tcg cgt ttt ccg gcg gat	432
Gly Val Val Thr Thr Gly Glu Tyr Lys Thr Ser Arg Phe Pro Ala Asp	
130 135 140	
tcc ctg atc cga aaa gtt gat gtt gtg gag tcg ccg ttt cgc gat tgg	480
Ser Leu Ile Arg Lys Val Asp Val Val Glu Ser Pro Phe Arg Asp Trp	
145 150 155 160	
gta aat caa gaa tta ggc aag cgt ttt aat att cgg tgc gtg cgc act	528
Val Asn Gln Glu Leu Gly Lys Arg Phe Asn Ile Arg Cys Val Arg Thr	
165 170 175	
cct gag gaa ttg tcg gcg ctg ggg cca cgc gat cag ggc gtg acc att	576
Pro Glu Glu Leu Ser Ala Leu Gly Pro Arg Asp Gln Gly Val Thr Ile	
180 185 190	
ttg ggt gtg cga aaa ttt gcg cag cag aca ggc gat ccg acg acg cgt	624
Leu Gly Val Arg Lys Phe Ala Gln Gln Thr Gly Asp Pro Thr Thr Arg	
195 200 205	
tgg gaa aaa gat gat cgc cga aag ctg ggg gat cgt tcc aca tac cgt	672
Trp Glu Lys Asp Asp Arg Arg Lys Leu Gly Asp Arg Ser Thr Tyr Arg	
210 215 220	
ttg ggt tcc acc aat gat gcc aag gtg gaa acg ctt cgg gaa acc gtg	720
Leu Gly Ser Thr Asn Asp Ala Lys Val Glu Thr Leu Arg Glu Thr Val	
225 230 235 240	
aaa gct ggc aaa gca gtt gtg cag gca gct gat aat cgc att gct gca	768
Lys Ala Gly Lys Ala Val Val Gln Ala Ala Asp Asn Arg Ile Ala Ala	
245 250 255	
aac cgc gct gag ctg cgg gaa ctt gaa cgg cag tat caa gct tcg caa	816
Asn Arg Ala Glu Leu Arg Glu Leu Glu Arg Gln Tyr Gln Ala Ser Gln	
260 265 270	

gaa att ttg aaa gtg tcg tgg gct cag att gat gtg gaa tca gcc gac 864
Glu Ile Leu Lys Val Ser Trp Ala Gln Ile Asp Val Glu Ser Ala Asp

275 280 285
gcg gcg att gct gag ctg gac cga ttg ctg gaa gag ctg aac aac act 912
Ala Ala Ile Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Glu Glu Leu Asn Asn Thr

290 295 300
cca gag gcc acc gag ctt tcc gcg cgg cat gag gcg gcg aag cag acg 960
Pro Glu Ala Thr Glu Leu Ser Ala Arg His Glu Ala Ala Lys Gln Thr

305 310 315 320
ctc gcg agg gtt tct gac ttg ctt gtc gca gct cag agt gag gaa acc 1008
Leu Ala Arg Val Ser Asp Leu Leu Val Ala Ala Gln Ser Glu Glu Thr

325 330 335
gtg gcg tcg atg aac ctg aaa cgc gcc gaa act gaa ttg aaa cgg ctc 1056
Val Ala Ser Met Asn Leu Lys Arg Ala Glu Thr Glu Leu Lys Arg Leu

340 345 350
gaa agc ctg ccg gtt gcg gag gtt tct gaa gaa atc gcg cgg gaa gtg 1104
Glu Ser Leu Pro Val Ala Glu Val Ser Glu Glu Ile Ala Arg Glu Val

355 360 365
gag aaa cta ttt ctt gcc aac acc cgc cgg gtt cac gcc gcc aac gtg 1152
Glu Lys Leu Phe Leu Ala Asn Thr Arg Arg Val His Ala Ala Asn Val

370 375 380
gat gag cag acc att gcg ctg cgc gag gat ctg gac aaa caa atc gat 1200
Asp Glu Gln Thr Ile Ala Leu Arg Glu Asp Leu Asp Lys Gln Ile Asp

385 390 395 400
gcc aat gag gca gaa ctt cga cgt tgt gaa aac caa att gtt ggc att 1248
Ala Asn Glu Ala Glu Leu Arg Arg Cys Glu Asn Gln Ile Val Gly Ile

405 410 415
ttg cgc agc tat att gaa acg tgg cct gcg aac cgc gct gac tta caa 1296
Leu Arg Ser Tyr Ile Glu Thr Trp Pro Ala Asn Arg Ala Asp Leu Gln

420 425 430
gcc gaa cct gag ttt gtt ggt gag gcc atc aac cgc ctc ggc gag ctt 1344
Ala Glu Pro Glu Phe Val Gly Glu Ala Ile Asn Arg Leu Gly Glu Leu

435 440 445
cgc agc gat cgt ttg gca gaa ttc acg gcc aaa ttc cta ggg ctc atg 1392
Arg Ser Asp Arg Leu Ala Glu Phe Thr Ala Lys Phe Leu Gly Leu Met

450 455 460
aac gag atg tcc acc cga aac ctc ggc caa atc tcg cgg cgt cta cgt 1440
Asn Glu Met Ser Thr Arg Asn Leu Gly Gln Ile Ser Arg Arg Leu Arg

465 470 475 480
gat gcg cgc cgg gaa atc gag gag cgc atc gag ccg atc aac gcc tcc 1488
Asp Ala Arg Arg Glu Ile Glu Glu Arg Ile Glu Pro Ile Asn Ala Ser

485 490 495

ttg gcg cag tcg gaa ttc aac gaa ggt cgc ttc ctg cac atc gac atc	1536
Leu Ala Gln Ser Glu Phe Asn Glu Gly Arg Phe Leu His Ile Asp Ile	
500 505 510	
cgt gat caa agt ggt ccg att gtg agg gaa ttc cag cag aaa ctt gat	1584
Arg Asp Gln Ser Gly Pro Ile Val Arg Glu Phe Gln Gln Lys Leu Asp	
515 520 525	
gcc gct acc agc ggt gac ctg gga acc agt acc gag aaa caa gcc ttc	1632
Ala Ala Thr Ser Gly Asp Leu Gly Thr Ser Thr Glu Lys Gln Ala Phe	
530 535 540	
gcc cgt tat gcg ctg atc gct gaa atc att tcc aaa ctg gcc tcc cac	1680
Ala Arg Tyr Ala Leu Ile Ala Glu Ile Ile Ser Lys Leu Ala Ser His	
545 550 555 560	
gac tcc gcc gac gcc cgc tgg cgc aac acc gtt cta gac acc cgc cgc	1728
Asp Ser Ala Asp Ala Arg Trp Arg Asn Thr Val Leu Asp Thr Arg Arg	
565 570 575	
cac gtt cgc ttc atc ggc ctg gag cgc gat tcc gac ggc gca acc gtc	1776
His Val Arg Phe Ile Gly Leu Glu Arg Asp Ser Asp Gly Ala Thr Val	
580 585 590	
aac acc tac gtc gac tcc gca tca ctt tca ggc gga caa gcc cag aag	1824
Asn Thr Tyr Val Asp Ser Ala Ser Leu Ser Gly Gly Gln Ala Gln Lys	
595 600 605	
ctg gtg ttt ttc tgc ctg gcc gct gcc ttg cgc tac cag cta gcc gaa	1872
Leu Val Phe Phe Cys Leu Ala Ala Ala Leu Arg Tyr Gln Leu Ala Glu	
610 615 620	
ccc ggc gcc cat tat ccc acc tac gcc acc gtc att ctg gac gaa gcc	1920
Pro Gly Ala His Tyr Pro Thr Tyr Ala Thr Val Ile Leu Asp Glu Ala	
625 630 635 640	
ttc gac cgc gcc gac ccc gcc ttc acc cgc caa acc atg aac gtc ttc	1968
Phe Asp Arg Ala Asp Pro Ala Phe Thr Arg Gln Thr Met Asn Val Phe	
645 650 655	
cac agc ttc ggc ttc cac atg gtg ctg gcg acc ccg ctg aaa ctt atc	2016
His Ser Phe Gly Phe His Met Val Leu Ala Thr Pro Leu Lys Leu Ile	
660 665 670	
caa acc ctg ggc gat tat gtc ggc tcc acc atc gtg gtc agc tac acc	2064
Gln Thr Leu Gly Asp Tyr Val Gly Ser Thr Ile Val Val Ser Tyr Thr	
675 680 685	
gaa aaa cca aac gcc cag ggc gca att cag ggc aat tcc agt ttc tct	2112
Glu Lys Pro Asn Ala Gln Gly Ala Ile Gln Gly Asn Ser Ser Phe Ser	
690 695 700	
agg atc gag aaa taacatgccca ttgtttatcg acg	2147
Arg Ile Glu Lys	

705

<210> 314

<211> 708

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 314

Ala Ala Arg Leu Thr Val Asp Glu Tyr Pro Ala Ala Arg Glu Ala Leu
1 5 10 15

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

Glu Phe Lys Ala Ala Asp Gln Glu Leu Ser Ser Leu Ser Lys Gly Ser
35 40 45

Ser Asn Ile Glu Tyr Arg Leu Leu Gln Val Arg Glu Asn Leu Cys Gln
50 55 60

Asp Leu Gly Val Ser Pro Arg Asp Met Pro Phe Ala Gly Glu Leu Ile
65 70 75 80

Asp Pro Asn Asn Ala Glu Trp Glu Pro Val Val Gln Arg Ile Leu Gly
85 90 95

Gly Phe Ala Ala Glu Met Leu Val Pro His Gly Leu Leu Pro Arg Val
100 105 110

Arg Asp Trp Val Asn Ala Lys His Leu Ala Ala Leu Leu Lys Phe Asn
115 120 125

Gly Val Val Thr Thr Gly Glu Tyr Lys Thr Ser Arg Phe Pro Ala Asp
130 135 140

Ser Leu Ile Arg Lys Val Asp Val Val Glu Ser Pro Phe Arg Asp Trp
145 150 155 160

Val Asn Gln Glu Leu Gly Lys Arg Phe Asn Ile Arg Cys Val Arg Thr
165 170 175

Pro Glu Glu Leu Ser Ala Leu Gly Pro Arg Asp Gln Gly Val Thr Ile
180 185 190

Leu Gly Val Arg Lys Phe Ala Gln Gln Thr Gly Asp Pro Thr Thr Arg
195 200 205

Trp Glu Lys Asp Asp Arg Arg Lys Leu Gly Asp Arg Ser Thr Tyr Arg
210 215 220

Leu Gly Ser Thr Asn Asp Ala Lys Val Glu Thr Leu Arg Glu Thr Val
225 230 235 240

Lys Ala Gly Lys Ala Val Val Gln Ala Ala Asp Asn Arg Ile Ala Ala
245 250 255

Asn Arg Ala Glu Leu Arg Glu Leu Glu Arg Gln Tyr Gln Ala Ser Gln
 260 265 270
 Glu Ile Leu Lys Val Ser Trp Ala Gln Ile Asp Val Glu Ser Ala Asp
 275 280 285
 Ala Ala Ile Ala Glu Leu Asp Arg Leu Leu Glu Glu Leu Asn Asn Thr
 290 295 300
 Pro Glu Ala Thr Glu Leu Ser Ala Arg His Glu Ala Ala Lys Gln Thr
 305 310 315 320
 Leu Ala Arg Val Ser Asp Leu Leu Val Ala Ala Gln Ser Glu Glu Thr
 325 330 335
 Val Ala Ser Met Asn Leu Lys Arg Ala Glu Thr Glu Leu Lys Arg Leu
 340 345 350
 Glu Ser Leu Pro Val Ala Glu Val Ser Glu Glu Ile Ala Arg Glu Val
 355 360 365
 Glu Lys Leu Phe Leu Ala Asn Thr Arg Arg Val His Ala Ala Asn Val
 370 375 380
 Asp Glu Gln Thr Ile Ala Leu Arg Glu Asp Leu Asp Lys Gln Ile Asp
 385 390 395 400
 Ala Asn Glu Ala Glu Leu Arg Arg Cys Glu Asn Gln Ile Val Gly Ile
 405 410 415
 Leu Arg Ser Tyr Ile Glu Thr Trp Pro Ala Asn Arg Ala Asp Leu Gln
 420 425 430
 Ala Glu Pro Glu Phe Val Gly Glu Ala Ile Asn Arg Leu Gly Glu Leu
 435 440 445
 Arg Ser Asp Arg Leu Ala Glu Phe Thr Ala Lys Phe Leu Gly Leu Met
 450 455 460
 Asn Glu Met Ser Thr Arg Asn Leu Gly Gln Ile Ser Arg Arg Leu Arg
 465 470 475 480
 Asp Ala Arg Arg Glu Ile Glu Glu Arg Ile Glu Pro Ile Asn Ala Ser
 485 490 495
 Leu Ala Gln Ser Glu Phe Asn Glu Gly Arg Phe Leu His Ile Asp Ile
 500 505 510
 Arg Asp Gln Ser Gly Pro Ile Val Arg Glu Phe Gln Gln Lys Leu Asp
 515 520 525
 Ala Ala Thr Ser Gly Asp Leu Gly Thr Ser Thr Glu Lys Gln Ala Phe
 530 535 540
 Ala Arg Tyr Ala Leu Ile Ala Glu Ile Ile Ser Lys Leu Ala Ser His
 545 550 555 560
 Asp Ser Ala Asp Ala Arg Trp Arg Asn Thr Val Leu Asp Thr Arg Arg

[illegible]

Ala His Ile Thr Tyr Leu Arg Ala Thr Val Ala Glu Glu Leu Ala Phe

40 45 50
 ggg ctg gaa caa cgc ggc atc gta ccc gcg cag atg tgg gag cgc gtc 307
 Gly Leu Glu Gln Arg Gly Ile Val Pro Ala Gln Met Trp Glu Arg Val

55 60 65
 cga aac atc ggg ctc ggc ctc gag aat ctg cta gac cgc gca ccc gcg 355
 Arg Asn Ile Gly Leu Gly Leu Glu Asn Leu Leu Asp Arg Ala Pro Ala

70 75 80 85
 caa ctt tcc ggc ggg caa aca cgg cgg ctg gcg atc ggc acc gtc gcc 403
 Gln Leu Ser Gly Gly Gln Thr Arg Arg Leu Ala Ile Gly Thr Val Ala

90 95 100
 atc tta gag gcg cca acg atg ctt ctc gac gac ccc ctc tcc ggt ctt 451
 Ile Leu Glu Ala Pro Thr Met Leu Leu Asp Asp Pro Leu Ser Gly Leu

105 110 115
 gat acc tcc tcg cga gcc caa ctc atc aca atg ttg gaa tca tat gag 499
 Asp Thr Ser Ser Arg Ala Gln Leu Ile Thr Met Leu Glu Ser Tyr Glu

120 125 130
 ggc gat gtc atc gtc gct gcg cac aag cgg tgg ctc gac gcg ccg act 547
 Gly Asp Val Ile Val Ala Ala His Lys Arg Trp Leu Asp Ala Pro Thr

135 140 145
 gtg tac tta ggg gat ttg gag gag ctg tcc ctg cct gcg cgg gtg gaa 595
 Val Tyr Leu Gly Asp Leu Glu Glu Leu Ser Leu Pro Ala Arg Val Glu

150 155 160 165
 ttt tcc ggt cca tcg cga acg ttt tca gcg att aca gga acc cgc gga 643
 Phe Ser Gly Pro Ser Arg Thr Phe Ser Ala Ile Thr Gly Thr Arg Gly

170 175 180
 caa caa cgc cga cgc tgg tgg caa ttc aac gaa tcc caa cca cag ttt 691
 Gln Gln Arg Arg Arg Trp Trp Gln Phe Asn Glu Ser Gln Pro Gln Phe

185 190 195
 cag atc ggc ccc ctg gat att act gtt tct gca ggt caa gtg ctg tgg 739
 Gln Ile Gly Pro Leu Asp Ile Thr Val Ser Ala Gly Gln Val Leu Trp

200 205 210
 ttg cag ggt ccc aat ggt tca ggg aag tcc aca ctc ctg cgt ggt ctt 787
 Leu Gln Gly Pro Asn Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Leu Arg Gly Leu

215 220 225
 gcc aat gaa ccc ggc act gaa ttg atg ctg caa aac cct agc gat caa 835
 Ala Asn Glu Pro Gly Thr Glu Leu Met Leu Gln Asn Pro Ser Asp Gln

230 235 240 245
 gtc att gac tcc act gtt gct aat tgg gtg cca ggc agt aac agt gaa 883
 Val Ile Asp Ser Thr Val Ala Asn Trp Val Pro Gly Ser Asn Ser Glu

250 255 260
 gaa cat ccg ctg gat tta tcg caa cgc gaa ctc cgc ctt gcc caa tgc 931

Glu His Pro Leu Asp Leu Ser Gln Arg Glu Leu Arg Leu Ala Gln Cys

265 270 275
gac gca gcc ctg ggt aat aac ccg gaa gtt ttg ctt gct gat gaa ccc 979
Asp Ala Ala Leu Gly Asn Asn Pro Glu Val Leu Leu Ala Asp Glu Pro

280 285 290
gac gtc ggc ctt gat gtc ggc ggt cga aac gcc atc cac cag cgc ttt 1027
Asp Val Gly Leu Asp Val Gly Gly Arg Asn Ala Ile His Gln Arg Phe

295 300 305
gcg gat ttc tta ggg aat ggg gga gcg ctg atc ctg acc tgc cat gat 1075
Ala Asp Phe Leu Gly Asn Gly Gly Ala Leu Ile Leu Thr Cys His Asp

310 315 320 325
gaa acc ttc gtg gca gag gta gct gaa tac gcg ata gtg aag gaa atg 1123
Glu Thr Phe Val Ala Glu Val Ala Glu Tyr Ala Ile Val Lys Glu Met

330 335 340
ggg ctc taggtttctt tggaccaaac cac 1152
Gly Leu

<210> 316
<211> 343
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 316
Val Val Ala Leu Thr Gln Ile Val Gly Pro Ser Gly Ser Gly Leu Thr
1 5 10 15

Arg Glu Leu Glu Lys Arg Tyr Arg Glu Thr Pro Gly Ala Val Met Leu
20 25 30

Thr Ala Asp Pro Arg Ala His Ile Thr Tyr Leu Arg Ala Thr Val Ala
35 40 45

Glu Glu Leu Ala Phe Gly Leu Glu Gln Arg Gly Ile Val Pro Ala Gln
50 55 60

Met Trp Glu Arg Val Arg Asn Ile Gly Leu Gly Leu Glu Asn Leu Leu
65 70 75 80

Asp Arg Ala Pro Ala Gln Leu Ser Gly Gly Gln Thr Arg Arg Leu Ala
85 90 95

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

Pro Leu Ser Gly Leu Asp Thr Ser Ser Arg Ala Gln Leu Ile Thr Met
115 120 125

Leu Glu Ser Tyr Glu Gly Asp Val Ile Val Ala Ala His Lys Arg Trp

130 135 140
 Leu Asp Ala Pro Thr Val Tyr Leu Gly Asp Leu Glu Glu Leu Ser Leu
 145 150 155 160
 Pro Ala Arg Val Glu Phe Ser Gly Pro Ser Arg Thr Phe Ser Ala Ile
 165 170 175
 Thr Gly Thr Arg Gly Gln Gln Arg Arg Arg Trp Trp Gln Phe Asn Glu
 180 185 190
 Ser Gln Pro Gln Phe Gln Ile Gly Pro Leu Asp Ile Thr Val Ser Ala
 195 200 205
 Gly Gln Val Leu Trp Leu Gln Gly Pro Asn Gly Ser Gly Lys Ser Thr
 210 215 220
 Leu Leu Arg Gly Leu Ala Asn Glu Pro Gly Thr Glu Leu Met Leu Gln
 225 230 235 240
 Asn Pro Ser Asp Gln Val Ile Asp Ser Thr Val Ala Asn Trp Val Pro
 245 250 255
 Gly Ser Asn Ser Glu Glu His Pro Leu Asp Leu Ser Gln Arg Glu Leu
 260 265 270
 Arg Leu Ala Gln Cys Asp Ala Ala Leu Gly Asn Asn Pro Glu Val Leu
 275 280 285
 Leu Ala Asp Glu Pro Asp Val Gly Leu Asp Val Gly Gly Arg Asn Ala
 290 295 300
 Ile His Gln Arg Phe Ala Asp Phe Leu Gly Asn Gly Gly Ala Leu Ile
 305 310 315 320
 Leu Thr Cys His Asp Glu Thr Phe Val Ala Glu Val Ala Glu Tyr Ala
 325 330 335
 Ile Val Lys Glu Met Gly Leu
 340

<210> 317

<211> 1152

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1129)

<223> FRXA02571

<400> 317

tggacaggcc ggggccgcgt acggtgttgg ttgaggtggt ggaggggcgc gtcgaaaagc 60
 attgtcgctg gttgttgcg cttttggcag tcgggatggc gtg gtg gct cta act 115
 Val Val Ala Leu Thr

	1	5	
caa atc gtc gga ccg tcc ggc tcc ggg ctc acg cgg gaa ttg gaa aaa			163
Gln Ile Val Gly Pro Ser Gly Ser Gly Leu Thr Arg Glu Leu Glu Lys			
	10	15	20
cgc tac cgg gaa acg ccc gga gcg gtg atg ctg acc gcc gac ccg cgc			211
Arg Tyr Arg Glu Thr Pro Gly Ala Val Met Leu Thr Ala Asp Pro Arg			
	25	30	35
gcg cat atc acc tac ctg cgc gcg aca gtc gcc gag gag ctg gcc ttt			259
Ala His Ile Thr Tyr Leu Arg Ala Thr Val Ala Glu Glu Leu Ala Phe			
	40	45	50
ggg ctg gaa caa cgc ggc atc gta ccc gcg cag atg tgg gag cgc gtc			307
Gly Leu Glu Gln Arg Gly Ile Val Pro Ala Gln Met Trp Glu Arg Val			
	55	60	65
cga aac atc ggg ctc ggc ctc gag aat ctg cta gac cgc gca ccc gcg			355
Arg Asn Ile Gly Leu Gly Leu Glu Asn Leu Leu Asp Arg Ala Pro Ala			
	70	75	80
caa ctt tcc ggc ggg caa aca cgg cgg ctg gcg atc ggc acc gtc gcc			403
Gln Leu Ser Gly Gly Gln Thr Arg Arg Leu Ala Ile Gly Thr Val Ala			
	90	95	100
atc tta gag gcg cca acg atg ctt ctc gac gac ccc ctc tcc ggt ctt			451
Ile Leu Glu Ala Pro Thr Met Leu Leu Asp Asp Pro Leu Ser Gly Leu			
	105	110	115
gat acc tcc tcg cga gcc caa ctc atc aca atg ttg gaa tca tat gag			499
Asp Thr Ser Ser Arg Ala Gln Leu Ile Thr Met Leu Glu Ser Tyr Glu			
	120	125	130
ggc gat gtc atc gtc gct gcg cac aag cgg tgg ctc gac gcg ccg act			547
Gly Asp Val Ile Val Ala Ala His Lys Arg Trp Leu Asp Ala Pro Thr			
	135	140	145
gtg tac tta ggg gat ttg gag gag ctg tcc ctg cct gcg cgg gtg gaa			595
Val Tyr Leu Gly Asp Leu Glu Glu Leu Ser Leu Pro Ala Arg Val Glu			
	150	155	160
ttt tcc ggt cca tcg cga acg ttt tca gcg att aca gga acc cgc gga			643
Phe Ser Gly Pro Ser Arg Thr Phe Ser Ala Ile Thr Gly Thr Arg Gly			
	170	175	180
caa caa cgc cga cgc tgg tgg caa ttc aac gaa tcc caa cca cag ttt			691
Gln Gln Arg Arg Arg Trp Trp Gln Phe Asn Glu Ser Gln Pro Gln Phe			
	185	190	195
cag atc ggc ccc ctg gat att act gtt tct gca ggt caa gtg ctg tgg			739
Gln Ile Gly Pro Leu Asp Ile Thr Val Ser Ala Gly Gln Val Leu Trp			
	200	205	210
ttg cag ggt ccc aat ggt tca ggg aag tcc aca ctc ctg cgt ggt ctt			787
Leu Gln Gly Pro Asn Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Leu Arg Gly Leu			

215 220 225
 gcc aat gaa ccc ggc act gaa ttg atg ctg caa aac cct agc gat caa 835
 Ala Asn Glu Pro Gly Thr Glu Leu Met Leu Gln Asn Pro Ser Asp Gln

 230 235 240 245
 gtc att gac tcc act gtt gct aat tgg gtg cca ggc agt aac agt gaa 883
 Val Ile Asp Ser Thr Val Ala Asn Trp Val Pro Gly Ser Asn Ser Glu

 250 255 260
 gaa cat ccg ctg gat tta tcg caa cgc gaa ctc cgc ctt gcc caa tgc 931
 Glu His Pro Leu Asp Leu Ser Gln Arg Glu Leu Arg Leu Ala Gln Cys

 265 270 275
 gac gca gcc ctg ggt aat aac ccg gaa gtt ttg ctt gct gat gaa ccc 979
 Asp Ala Ala Leu Gly Asn Asn Pro Glu Val Leu Leu Ala Asp Glu Pro

 280 285 290
 gac gtc ggc ctt gat gtc ggc ggt cga aac gcc atc cac cag cgc ttt 1027
 Asp Val Gly Leu Asp Val Gly Gly Arg Asn Ala Ile His Gln Arg Phe

 295 300 305
 gcg gat ttc tta ggg aat ggg gga gcg ctg atc ctg acc tgc cat gat 1075
 Ala Asp Phe Leu Gly Asn Gly Gly Ala Leu Ile Leu Thr Cys His Asp

 310 315 320 325
 gaa acc ttc gtg gca gag gta gct gaa tac gcg ata gtg aag gaa atg 1123
 Glu Thr Phe Val Ala Glu Val Ala Glu Tyr Ala Ile Val Lys Glu Met

 330 335 340
 ggg ctc taggtttctt tggaccaaac cac 1152
 Gly Leu

<210> 318
 <211> 343
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 318
 Val Val Ala Leu Thr Gln Ile Val Gly Pro Ser Gly Ser Gly Leu Thr
 1 5 10 15

 Arg Glu Leu Glu Lys Arg Tyr Arg Glu Thr Pro Gly Ala Val Met Leu
 20 25 30

 Thr Ala Asp Pro Arg Ala His Ile Thr Tyr Leu Arg Ala Thr Val Ala
 35 40 45

 Glu Glu Leu Ala Phe Gly Leu Glu Gln Arg Gly Ile Val Pro Ala Gln
 50 55 60

 Met Trp Glu Arg Val Arg Asn Ile Gly Leu Gly Leu Glu Asn Leu Leu
 65 70 75 80

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

<210> 319

<211> 1746

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1723)

<223> RXN02074

<400> 319

cgggggaagg ccgtgtcgca tgctcgggct agccttggat ctcaagaaga attcgactgg 60
 tttaaagtct gggctttaag tgcagaaagg ttgtggattg atg cgc tcc ctg ctt 115
 Met Arg Ser Leu Leu

1 5
 cgt gat atc cct gcg gtg ggt tgg cta atc acc gcg acg att gtt gtg 163
 Arg Asp Ile Pro Ala Val Gly Trp Leu Ile Thr Ala Thr Ile Val Val

10 15 20
 cgc acg ctc gtt gtt gcg ctg gtc atc gtt ggg atc ggc ttg ctt atc 211
 Arg Thr Leu Val Val Ala Leu Val Ile Val Gly Ile Gly Leu Leu Ile

25 30 35
 gac gtc ccc tcg ccc gct cat tca gcc atg ttg tgg tgg gtt ctg gca 259
 Asp Val Pro Ser Pro Ala His Ser Ala Met Leu Trp Trp Val Leu Ala

40 45 50
 ggt gcc acg gca gca gct gcg ctg ctg tgc gcg gaa gcg gtg ctc ccc 307
 Gly Ala Thr Ala Ala Ala Ala Leu Leu Cys Ala Glu Ala Val Leu Pro

55 60 65
 caa cgt att cgt gca cga gtt gaa cga tcc tgg cgg cgg cag ttg gct 355
 Gln Arg Ile Arg Ala Arg Val Glu Arg Ser Trp Arg Arg Gln Leu Ala

70 75 80 85
 gct aaa aat ctg gag ctg aat tcc agt tcg tca gat gat gcc cag ttg 403
 Ala Lys Asn Leu Glu Leu Asn Ser Ser Ser Ser Asp Asp Ala Gln Leu

90 95 100
 atc aca ctg gca act gaa gcc acc tca aaa gca tcc act tac aca gtg 451
 Ile Thr Leu Ala Thr Glu Ala Thr Ser Lys Ala Ser Thr Tyr Thr Val

105 110 115
 atg ttt ctg ggg cct tac ttt gca gta ttt ttg gcc cca ctg aca gtt 499
 Met Phe Leu Gly Pro Tyr Phe Ala Val Phe Leu Ala Pro Leu Thr Val

120 125 130
 att gcc gtt gtc ggc gcg gct att tcc tgg ccg att gcg ggg ata ctg 547
 Ile Ala Val Val Gly Ala Ala Ile Ser Trp Pro Ile Ala Gly Ile Leu

135 140 145
 tgc ctc ggg ttg tgc gtg ata cct ttc gtt att tct tgg gca cag cgc 595
 Cys Leu Gly Leu Cys Val Ile Pro Phe Val Ile Ser Trp Ala Gln Arg

150 155 160 165
 atg ttg aaa ggc gct ggc gcg gga tac ggg cga gca tct ggg cag ttg 643
 Met Leu Lys Gly Ala Gly Ala Gly Tyr Gly Arg Ala Ser Gly Gln Leu

170 175 180
 gca ggc gtg ttt ttg gaa tcg gtg cgc aca cta ggc acc acg atg atg 691

Ala Gly Val Phe Leu Glu Ser Val Arg Thr Leu Gly Thr Thr Met Met

185 190 195
ctg aat gcc gct ggg cag cgc agg cag atc atc aca cag cgc gca gag 739
Leu Asn Ala Ala Gly Gln Arg Arg Gln Ile Ile Thr Gln Arg Ala Glu

200 205 210
aat atg cgc tcc caa gtg atg tca ttg ctg tac cga aat cag ttg atg 787
Asn Met Arg Ser Gln Val Met Ser Leu Leu Tyr Arg Asn Gln Leu Met

215 220 225
att ctg gtg acc gac ggc gtg ttt gga gtt gcc acc aca atg gtt gct 835
Ile Leu Val Thr Asp Gly Val Phe Gly Val Ala Thr Thr Met Val Ala

230 235 240 245
gcg gtg ttt gcc att gga gga ttc ttt tca ggc tct ctt act ctc ggc 883
Ala Val Phe Ala Ile Gly Gly Phe Phe Ser Gly Ser Leu Thr Leu Gly

250 255 260
caa gct gta gca ctc gta ttg ctg gcc agg ctg ctt att gat ccc atc 931
Gln Ala Val Ala Leu Val Leu Leu Ala Arg Leu Leu Ile Asp Pro Ile

265 270 275
aac cgc atg ggt cgc acg ttt tac acc ggc atg gca ggc aaa ccc tcg 979
Asn Arg Met Gly Arg Thr Phe Tyr Thr Gly Met Ala Gly Lys Pro Ser

280 285 290
ctg atc gcc att gaa aaa gcc ctc gcg aca acc ttt act gat cag cca 1027
Leu Ile Ala Ile Glu Lys Ala Leu Ala Thr Thr Phe Thr Asp Gln Pro

295 300 305
act caa cag gga cag cgc cac gat ggg gat ctg gtg gtc aac aac ttg 1075
Thr Gln Gln Gly Gln Arg His Asp Gly Asp Leu Val Val Asn Asn Leu

310 315 320 325
aag atc gcc cgc gat cac agg gac att gtg cac ggt atc tct ttc agc 1123
Lys Ile Ala Arg Asp His Arg Asp Ile Val His Gly Ile Ser Phe Ser

330 335 340
att ccc cgc ggt tcc cac atc gcg gtg gta ggt ccc agt ggc gct ggt 1171
Ile Pro Arg Gly Ser His Ile Ala Val Val Gly Pro Ser Gly Ala Gly

345 350 355
aaa tcc tct gtg gct cta gcg ttg tcc gga ctt tta gag ttt gat ggt 1219
Lys Ser Ser Val Ala Leu Ala Leu Ser Gly Leu Leu Glu Phe Asp Gly

360 365 370
gcg att tcc ctc ggc ggc cac aac tgt gag atg tta gat ctt cgc gcc 1267
Ala Ile Ser Leu Gly Gly His Asn Cys Glu Met Leu Asp Leu Arg Ala

375 380 385
tca gtc agt ttc gtg ccc caa tcc ccc acg ctg ttt agc gga agc atc 1315
Ser Val Ser Phe Val Pro Gln Ser Pro Thr Leu Phe Ser Gly Ser Ile

390 395 400 405

aaa agc aat atc gat ctg gcg cgc acg ggt gtt gat tct gat cac atc 1363
Lys Ser Asn Ile Asp Leu Ala Arg Thr Gly Val Asp Ser Asp His Ile

410 415 420
cac gca gca ctt tta ggc gaa gaa ctc ccc gcg gac ctc aaa gtc ggt 1411
His Ala Ala Leu Leu Gly Glu Glu Leu Pro Ala Asp Leu Lys Val Gly

425 430 435
gaa acc ggc aaa ggt gtc tcc ggc ggc caa gca gca cgc att tcc att 1459
Glu Thr Gly Lys Gly Val Ser Gly Gly Gln Ala Ala Arg Ile Ser Ile

440 445 450
gcc cga ggt tta gta aag aat gct gcc gtg att gtt ctc gac gag gcg 1507
Ala Arg Gly Leu Val Lys Asn Ala Ala Val Ile Val Leu Asp Glu Ala

455 460 465
acc gca caa ctc gac tac acc aac gcc cgc cag gtt cga cat ctt gcc 1555
Thr Ala Gln Leu Asp Tyr Thr Asn Ala Arg Gln Val Arg His Leu Ala

470 475 480 485
aaa tcc ctt gag tgc acg ttg gtt gag atc acc cac cgc cca tca gaa 1603
Lys Ser Leu Glu Cys Thr Leu Val Glu Ile Thr His Arg Pro Ser Glu

490 495 500
gcc ctc gat gca gac ttc atc att gtt tta gag gat ggc caa ttg acc 1651
Ala Leu Asp Ala Asp Phe Ile Ile Val Leu Glu Asp Gly Gln Leu Thr

505 510 515
atg atg gat aca ccc agc aac gtt tcc cag cac aat gcg ttt ttc cgc 1699
Met Met Asp Thr Pro Ser Asn Val Ser Gln His Asn Ala Phe Phe Arg

520 525 530
acc gct gtg atg gag gaa gaa caa tgatttcccg acttctccaa ttg 1746
Thr Ala Val Met Glu Glu Glu Gln

535 540

<210> 320

<211> 541

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 320

Met Arg Ser Leu Leu Arg Asp Ile Pro Ala Val Gly Trp Leu Ile Thr
1 5 10 15

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

Ile Gly Leu Leu Ile Asp Val Pro Ser Pro Ala His Ser Ala Met Leu
35 40 45

Trp Trp Val Leu Ala Gly Ala Thr Ala Ala Ala Ala Leu Leu Cys Ala

50	55	60	
Glu Ala Val Leu Pro Gln Arg Ile Arg Ala Arg Val Glu Arg Ser Trp			
65	70	75	80
Arg Arg Gln Leu Ala Ala Lys Asn Leu Glu Leu Asn Ser Ser Ser Ser			
	85	90	95
Asp Asp Ala Gln Leu Ile Thr Leu Ala Thr Glu Ala Thr Ser Lys Ala			
	100	105	110
Ser Thr Tyr Thr Val Met Phe Leu Gly Pro Tyr Phe Ala Val Phe Leu			
	115	120	125
Ala Pro Leu Thr Val Ile Ala Val Val Gly Ala Ala Ile Ser Trp Pro			
	130	135	140
Ile Ala Gly Ile Leu Cys Leu Gly Leu Cys Val Ile Pro Phe Val Ile			
145	150	155	160
Ser Trp Ala Gln Arg Met Leu Lys Gly Ala Gly Ala Gly Tyr Gly Arg			
	165	170	175
Ala Ser Gly Gln Leu Ala Gly Val Phe Leu Glu Ser Val Arg Thr Leu			
	180	185	190
Gly Thr Thr Met Met Leu Asn Ala Ala Gly Gln Arg Arg Gln Ile Ile			
	195	200	205
Thr Gln Arg Ala Glu Asn Met Arg Ser Gln Val Met Ser Leu Leu Tyr			
	210	215	220
Arg Asn Gln Leu Met Ile Leu Val Thr Asp Gly Val Phe Gly Val Ala			
225	230	235	240
Thr Thr Met Val Ala Ala Val Phe Ala Ile Gly Gly Phe Phe Ser Gly			
	245	250	255
Ser Leu Thr Leu Gly Gln Ala Val Ala Leu Val Leu Leu Ala Arg Leu			
	260	265	270
Leu Ile Asp Pro Ile Asn Arg Met Gly Arg Thr Phe Tyr Thr Gly Met			
	275	280	285
Ala Gly Lys Pro Ser Leu Ile Ala Ile Glu Lys Ala Leu Ala Thr Thr			
	290	295	300
Phe Thr Asp Gln Pro Thr Gln Gln Gly Gln Arg His Asp Gly Asp Leu			
305	310	315	320
Val Val Asn Asn Leu Lys Ile Ala Arg Asp His Arg Asp Ile Val His			
	325	330	335
Gly Ile Ser Phe Ser Ile Pro Arg Gly Ser His Ile Ala Val Val Gly			
	340	345	350
Pro Ser Gly Ala Gly Lys Ser Ser Val Ala Leu Ala Leu Ser Gly Leu			
	355	360	365

Leu Glu Phe Asp Gly Ala Ile Ser Leu Gly Gly His Asn Cys Glu Met
370 375 380

Leu Asp Leu Arg Ala Ser Val Ser Phe Val Pro Gln Ser Pro Thr Leu
385 390 395 400

Phe Ser Gly Ser Ile Lys Ser Asn Ile Asp Leu Ala Arg Thr Gly Val
405 410 415

Asp Ser Asp His Ile His Ala Ala Leu Leu Gly Glu Glu Leu Pro Ala
420 425 430

Asp Leu Lys Val Gly Glu Thr Gly Lys Gly Val Ser Gly Gly Gln Ala
435 440 445

Ala Arg Ile Ser Ile Ala Arg Gly Leu Val Lys Asn Ala Ala Val Ile
450 455 460

Val Leu Asp Glu Ala Thr Ala Gln Leu Asp Tyr Thr Asn Ala Arg Gln
465 470 475 480

Val Arg His Leu Ala Lys Ser Leu Glu Cys Thr Leu Val Glu Ile Thr
485 490 495

His Arg Pro Ser Glu Ala Leu Asp Ala Asp Phe Ile Ile Val Leu Glu
500 505 510

Asp Gly Gln Leu Thr Met Met Asp Thr Pro Ser Asn Val Ser Gln His
515 520 525

Asn Ala Phe Phe Arg Thr Ala Val Met Glu Glu Glu Gln
530 535 540

<210> 321

<211> 1746

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1723)

<223> FRXA02074

<400> 321

cgggggaagg ccgtgtcgca tgctcgggct agccttggat ctcaagaaga attcgactgg 60
tttaaagtct gggctttaag tgcagaaagg ttgtggattg atg cgc tcc ctg ctt 115
Met Arg Ser Leu Leu

1 5
cgt gat atc cct gcg gtg ggt tgg cta atc acc gcg acg att gtt gtg 163
Arg Asp Ile Pro Ala Val Gly Trp Leu Ile Thr Ala Thr Ile Val Val

10 15 20
cgc acg ctc gtt gtt gcg ctg gtc atc gtt ggg atc ggc ttg ctt atc 211
Arg Thr Leu Val Val Ala Leu Val Ile Val Gly Ile Gly Leu Leu Ile

25	30	35	
gac gtc ccc tcg ccc gct cat tca gcc atg ttg tgg tgg gtt ctg gca	259		
Asp Val Pro Ser Pro Ala His Ser Ala Met Leu Trp Trp Val Leu Ala			
40	45	50	
ggt gcc acg gca gca gct gcg ctg ctg tgc gcg gaa gcg gtg ctc ccc	307		
Gly Ala Thr Ala Ala Ala Ala Leu Leu Cys Ala Glu Ala Val Leu Pro			
55	60	65	
caa cgt att cgt gca cga gtt gaa cga tcc tgg cgg cgg cag ttg gct	355		
Gln Arg Ile Arg Ala Arg Val Glu Arg Ser Trp Arg Arg Gln Leu Ala			
70	75	80	85
gct aaa aat ctg gag ctg aat tcc agt tcg tca gat gat gcc cag ttg	403		
Ala Lys Asn Leu Glu Leu Asn Ser Ser Ser Asp Asp Ala Gln Leu			
90	95	100	
atc aca ctg gca act gaa gcc acc tca aaa gca tcc act tac aca gtg	451		
Ile Thr Leu Ala Thr Glu Ala Thr Ser Lys Ala Ser Thr Tyr Thr Val			
105	110	115	
atg ttt ctg ggg cct tac ttt gca gta ttt ttg gcc cca ctg aca gtt	499		
Met Phe Leu Gly Pro Tyr Phe Ala Val Phe Leu Ala Pro Leu Thr Val			
120	125	130	
att gcc gtt gtc ggc gcg gct att tcc tgg ccg att gcg ggg ata ctg	547		
Ile Ala Val Val Gly Ala Ala Ile Ser Trp Pro Ile Ala Gly Ile Leu			
135	140	145	
tgc ctc ggg ttg tgc gtg ata cct ttc gtt att tct tgg gca cag cgc	595		
Cys Leu Gly Leu Cys Val Ile Pro Phe Val Ile Ser Trp Ala Gln Arg			
150	155	160	165
atg ttg aaa ggc gct ggc gcg gga tac ggg cga gca tct ggg cag ttg	643		
Met Leu Lys Gly Ala Gly Ala Gly Tyr Gly Arg Ala Ser Gly Gln Leu			
170	175	180	
gca ggc gtg ttt ttg gaa tcg gtg cgc aca cta ggc acc acg atg atg	691		
Ala Gly Val Phe Leu Glu Ser Val Arg Thr Leu Gly Thr Thr Met Met			
185	190	195	
ctg aat gcc gct ggg cag cgc agg cag atc atc aca cag cgc gca gag	739		
Leu Asn Ala Ala Gly Gln Arg Arg Gln Ile Ile Thr Gln Arg Ala Glu			
200	205	210	
aat atg cgc tcc caa gtg atg tca ttg ctg tac cga aat cag ttg atg	787		
Asn Met Arg Ser Gln Val Met Ser Leu Leu Tyr Arg Asn Gln Leu Met			
215	220	225	
att ctg gtg acc gac ggc gtg ttt gga gtt gcc acc aca atg gtt gct	835		
Ile Leu Val Thr Asp Gly Val Phe Gly Val Ala Thr Thr Met Val Ala			
230	235	240	245
gcg gtg ttt gcc att gga gga ttc ttt tca ggc tct ctt act ctc ggc	883		
Ala Val Phe Ala Ile Gly Gly Phe Phe Ser Gly Ser Leu Thr Leu Gly			

250	255	260	
caa gct gta gca ctc gta ttg ctg gcc agg ctg ctt att gat ccc atc			931
Gln Ala Val Ala Leu Val Leu Leu Ala Arg Leu Leu Ile Asp Pro Ile			
265	270	275	
aac cgc atg ggt cgc acg ttt tac acc ggc atg gca ggc aaa ccc tcg			979
Asn Arg Met Gly Arg Thr Phe Tyr Thr Gly Met Ala Gly Lys Pro Ser			
280	285	290	
ctg atc gcc att gaa aaa gcc ctc gcg aca acc ttt act gat cag cca			1027
Leu Ile Ala Ile Glu Lys Ala Leu Ala Thr Thr Phe Thr Asp Gln Pro			
295	300	305	
act caa cag gga cag cgc cac gat ggg gat ctg gtg gtc aac aac ttg			1075
Thr Gln Gln Gly Gln Arg His Asp Gly Asp Leu Val Val Asn Asn Leu			
310	315	320	325
aag atc gcc cgc gat cac agg gac att gtg cac ggt atc tct ttc agc			1123
Lys Ile Ala Arg Asp His Arg Asp Ile Val His Gly Ile Ser Phe Ser			
330	335	340	
att ccc cgc ggt tcc cac atc gcg gtg gta ggt ccc agt ggc gct ggt			1171
Ile Pro Arg Gly Ser His Ile Ala Val Val Gly Pro Ser Gly Ala Gly			
345	350	355	
aaa tcc tct gtg gct cta gcg ttg tcc gga ctt tta gag ttt gat ggt			1219
Lys Ser Ser Val Ala Leu Ala Leu Ser Gly Leu Leu Glu Phe Asp Gly			
360	365	370	
gcg att tcc ctc ggc ggc cac aac tgt gag atg tta gat ctt cgc gcc			1267
Ala Ile Ser Leu Gly Gly His Asn Cys Glu Met Leu Asp Leu Arg Ala			
375	380	385	
tca gtc agt ttc gtg ccc caa tcc ccc acg ctg ttt agc gga agc atc			1315
Ser Val Ser Phe Val Pro Gln Ser Pro Thr Leu Phe Ser Gly Ser Ile			
390	395	400	405
aaa agc aat atc gat ctg gcg cgc acg ggt gtt gat tct gat cac atc			1363
Lys Ser Asn Ile Asp Leu Ala Arg Thr Gly Val Asp Ser Asp His Ile			
410	415	420	
cac gca gca ctt tta ggc gaa gaa ctc ccc gcg gac ctc aaa gtc ggt			1411
His Ala Ala Leu Leu Gly Glu Glu Leu Pro Ala Asp Leu Lys Val Gly			
425	430	435	
gaa acc ggc aaa ggt gtc tcc ggc ggc caa gca gca cgc att tcc att			1459
Glu Thr Gly Lys Gly Val Ser Gly Gly Gln Ala Ala Arg Ile Ser Ile			
440	445	450	
gcc cga ggt tta gta aag aat gct gcc gtg att gtt ctc gac gag gcg			1507
Ala Arg Gly Leu Val Lys Asn Ala Ala Val Ile Val Leu Asp Glu Ala			
455	460	465	
acc gca caa ctc gac tac acc aac gcc cgc cag gtt cga cat ctt gcc			1555

Thr Ala Gln Leu Asp Tyr Thr Asn Ala Arg Gln Val Arg His Leu Ala

470 475 480 485
 aaa tcc ctt gag tgc acg ttg gtt gag atc acc cac cgc cca tca gaa 1603
 Lys Ser Leu Glu Cys Thr Leu Val Glu Ile Thr His Arg Pro Ser Glu

 490 495 500
 gcc ctc gat gca gac ttc atc att gtt tta gag gat ggc caa ttg acc 1651
 Ala Leu Asp Ala Asp Phe Ile Ile Val Leu Glu Asp Gly Gln Leu Thr

 505 510 515
 atg atg gat aca ccc agc aac gtt tcc cag cac aat gcg ttt ttc cgc 1699
 Met Met Asp Thr Pro Ser Asn Val Ser Gln His Asn Ala Phe Phe Arg

 520 525 530
 acc gct gtg atg gag gaa gaa caa tgatttcccg acttctccaa ttg 1746
 Thr Ala Val Met Glu Glu Glu Gln

535 540

<210> 322

<211> 541

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 322

Met Arg Ser Leu Leu Arg Asp Ile Pro Ala Val Gly Trp Leu Ile Thr
 1 5 10 15

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

Ile Gly Leu Leu Ile Asp Val Pro Ser Pro Ala His Ser Ala Met Leu
 35 40 45

Trp Trp Val Leu Ala Gly Ala Thr Ala Ala Ala Ala Leu Leu Cys Ala
 50 55 60

Glu Ala Val Leu Pro Gln Arg Ile Arg Ala Arg Val Glu Arg Ser Trp
 65 70 75 80

Arg Arg Gln Leu Ala Ala Lys Asn Leu Glu Leu Asn Ser Ser Ser Ser
 85 90 95

Asp Asp Ala Gln Leu Ile Thr Leu Ala Thr Glu Ala Thr Ser Lys Ala
 100 105 110

Ser Thr Tyr Thr Val Met Phe Leu Gly Pro Tyr Phe Ala Val Phe Leu
 115 120 125

Ala Pro Leu Thr Val Ile Ala Val Val Gly Ala Ala Ile Ser Trp Pro
 130 135 140

Ile Ala Gly Ile Leu Cys Leu Gly Leu Cys Val Ile Pro Phe Val Ile

145	150	155	160
Ser Trp Ala Gln Arg Met Leu Lys Gly Ala Gly Ala Gly Tyr Gly Arg	165	170	175
Ala Ser Gly Gln Leu Ala Gly Val Phe Leu Glu Ser Val Arg Thr Leu	180	185	190
Gly Thr Thr Met Met Leu Asn Ala Ala Gly Gln Arg Arg Gln Ile Ile	195	200	205
Thr Gln Arg Ala Glu Asn Met Arg Ser Gln Val Met Ser Leu Leu Tyr	210	215	220
Arg Asn Gln Leu Met Ile Leu Val Thr Asp Gly Val Phe Gly Val Ala	225	230	235
Thr Thr Met Val Ala Ala Val Phe Ala Ile Gly Gly Phe Phe Ser Gly	245	250	255
Ser Leu Thr Leu Gly Gln Ala Val Ala Leu Val Leu Leu Ala Arg Leu	260	265	270
Leu Ile Asp Pro Ile Asn Arg Met Gly Arg Thr Phe Tyr Thr Gly Met	275	280	285
Ala Gly Lys Pro Ser Leu Ile Ala Ile Glu Lys Ala Leu Ala Thr Thr	290	295	300
Phe Thr Asp Gln Pro Thr Gln Gln Gly Gln Arg His Asp Gly Asp Leu	305	310	315
Val Val Asn Asn Leu Lys Ile Ala Arg Asp His Arg Asp Ile Val His	325	330	335
Gly Ile Ser Phe Ser Ile Pro Arg Gly Ser His Ile Ala Val Val Gly	340	345	350
Pro Ser Gly Ala Gly Lys Ser Ser Val Ala Leu Ala Leu Ser Gly Leu	355	360	365
Leu Glu Phe Asp Gly Ala Ile Ser Leu Gly Gly His Asn Cys Glu Met	370	375	380
Leu Asp Leu Arg Ala Ser Val Ser Phe Val Pro Gln Ser Pro Thr Leu	385	390	395
Phe Ser Gly Ser Ile Lys Ser Asn Ile Asp Leu Ala Arg Thr Gly Val	405	410	415
Asp Ser Asp His Ile His Ala Ala Leu Leu Gly Glu Glu Leu Pro Ala	420	425	430
Asp Leu Lys Val Gly Glu Thr Gly Lys Gly Val Ser Gly Gly Gln Ala	435	440	445
Ala Arg Ile Ser Ile Ala Arg Gly Leu Val Lys Asn Ala Ala Val Ile	450	455	460

Val Leu Asp Glu Ala Thr Ala Gln Leu Asp Tyr Thr Asn Ala Arg Gln
465 470 475 480

Val Arg His Leu Ala Lys Ser Leu Glu Cys Thr Leu Val Glu Ile Thr
485 490 495

His Arg Pro Ser Glu Ala Leu Asp Ala Asp Phe Ile Ile Val Leu Glu
500 505 510

Asp Gly Gln Leu Thr Met Met Asp Thr Pro Ser Asn Val Ser Gln His
515 520 525

Asn Ala Phe Phe Arg Thr Ala Val Met Glu Glu Glu Gln
530 535 540

<210> 323

<211> 1527

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1504)

<223> RXA02095

<400> 323

ctctcttggg cctctcccca cccattttta agtactcaag acccttccaa cagaaaggat 60
tactcccca acaggtcaa aaatactgaa aggctcacgc atg aaa act gag caa 115
Met Lys Thr Glu Gln

1 5
tcc caa aaa gca caa tta gcc cct aag aaa gca cct gaa aag cca caa 163
Ser Gln Lys Ala Gln Leu Ala Pro Lys Lys Ala Pro Glu Lys Pro Gln

10 15 20
cgc atc cgc caa ctt att tcc gtg gcg tgg cag cga cct tgg ctc acc 211
Arg Ile Arg Gln Leu Ile Ser Val Ala Trp Gln Arg Pro Trp Leu Thr

25 30 35
tca ttc acc gta atc agc gct tta gct gca acg ttg ttt gaa ctt aca 259
Ser Phe Thr Val Ile Ser Ala Leu Ala Ala Thr Leu Phe Glu Leu Thr

40 45 50
ctt cct ctt ttg acc ggt ggc gcc atc gat atc gcg ctc gga aat acc 307
Leu Pro Leu Leu Thr Gly Gly Ala Ile Asp Ile Ala Leu Gly Asn Thr

55 60 65
gga gat act tta acc act gac ctg ctg gac cgg ttc act ccg agt gga 355
Gly Asp Thr Leu Thr Thr Asp Leu Leu Asp Arg Phe Thr Pro Ser Gly

70 75 80 85
tta agc gtg ttg acc agc gtc att gcc ctt atc gtg ctt ctc gcg ttg 403
Leu Ser Val Leu Thr Ser Val Ile Ala Leu Ile Val Leu Leu Ala Leu

90

95

100

ctt cgc tat gcc agt caa ttt gga cgg cga tac acc gca ggc aag ctc 451
 Leu Arg Tyr Ala Ser Gln Phe Gly Arg Arg Tyr Thr Ala Gly Lys Leu

 105 110 115
 agc atg ggg gta cag cat gat gtc cgg ctt aaa acg atg cgc tca ttg 499
 Ser Met Gly Val Gln His Asp Val Arg Leu Lys Thr Met Arg Ser Leu

 120 125 130
 cag aac ctc gat ggg cca ggt cag gac tct att cgc aca ggc caa gta 547
 Gln Asn Leu Asp Gly Pro Gly Gln Asp Ser Ile Arg Thr Gly Gln Val

 135 140 145
 gtc agt cgg tcc att tcg gat atc aac atg gtg caa agc ctt gtg gcg 595
 Val Ser Arg Ser Ile Ser Asp Ile Asn Met Val Gln Ser Leu Val Ala

 150 155 160 165
 atg ttg ccg atg ttg atc gga aat gtg gtc aag ctt gtg ctc act ttg 643
 Met Leu Pro Met Leu Ile Gly Asn Val Val Lys Leu Val Leu Thr Leu

 170 175 180
 gtg atc atg ctg gct att tcc ccg ccg ctg acc atc atc gct gca gtg 691
 Val Ile Met Leu Ala Ile Ser Pro Pro Leu Thr Ile Ile Ala Ala Val

 185 190 195
 ttg gtg cct ttg ctg ttg tgg gcc gtg gcc tat tcg cga aaa gcg ctt 739
 Leu Val Pro Leu Leu Leu Trp Ala Val Ala Tyr Ser Arg Lys Ala Leu

 200 205 210
 ttt gcg tcc acg tgg tcg gcc cag caa aag gct gcg gat ctg acc act 787
 Phe Ala Ser Thr Trp Ser Ala Gln Gln Lys Ala Ala Asp Leu Thr Thr

 215 220 225
 cat gtg gaa gaa act gtc acg ggt atc cgc gtg gtc aag gca ttt gcg 835
 His Val Glu Glu Thr Val Thr Gly Ile Arg Val Val Lys Ala Phe Ala

 230 235 240 245
 cag gaa gac cgc gag acc gac aaa ttg gat ctc acc gca cgt gag tta 883
 Gln Glu Asp Arg Glu Thr Asp Lys Leu Asp Leu Thr Ala Arg Glu Leu

 250 255 260
 ttt gcc cag cgc atg cgc act gca cgt ctg acg gca aag ttc atc ccc 931
 Phe Ala Gln Arg Met Arg Thr Ala Arg Leu Thr Ala Lys Phe Ile Pro

 265 270 275
 atg gtt gag cag ctt ccg cag ctt gct ttg gtg gtc aac att gtt ggc 979
 Met Val Glu Gln Leu Pro Gln Leu Ala Leu Val Val Asn Ile Val Gly

 280 285 290
 ggt ggc tat ttg gcc atg act ggt cac atc acg gtg ggc acg ttt gtg 1027
 Gly Gly Tyr Leu Ala Met Thr Gly His Ile Thr Val Gly Thr Phe Val

 295 300 305
 gcg ttt tct tcc tat ctc act agc ttg tcg gcg gtg gct agg tcc ctg 1075
 Ala Phe Ser Ser Tyr Leu Thr Ser Leu Ser Ala Val Ala Arg Ser Leu

310 315 320 325
 tcg ggc atg ctc atg cgc gtg cag ttg gcg ctg tct tct gtg gag cgc 1123
 Ser Gly Met Leu Met Arg Val Gln Leu Ala Leu Ser Ser Val Glu Arg

330 335 340
 atc ttt gaa gtc att gat ctt cag cct gaa cgc acc gat cct gca cac 1171
 Ile Phe Glu Val Ile Asp Leu Gln Pro Glu Arg Thr Asp Pro Ala His

345 350 355
 ccc ctg tca ctt ccc gac act ccc ctg ggt ctg tcg ttc aac aac gta 1219
 Pro Leu Ser Leu Pro Asp Thr Pro Leu Gly Leu Ser Phe Asn Asn Val

360 365 370
 gat ttc cgt ggg att ctc aac ggt ttt gag ctg ggt gtt cag gcc ggt 1267
 Asp Phe Arg Gly Ile Leu Asn Gly Phe Glu Leu Gly Val Gln Ala Gly

375 380 385
 gaa acc gtt gtg ttg gtg ggc cct cca ggt tca ggc aag acc atg gct 1315
 Glu Thr Val Val Leu Val Gly Pro Pro Gly Ser Gly Lys Thr Met Ala

390 395 400 405
 gtg cag ctt gct gga aac ttt tat caa cca gac agc ggc cac atc gcc 1363
 Val Gln Leu Ala Gly Asn Phe Tyr Gln Pro Asp Ser Gly His Ile Ala

410 415 420
 ttt gat agc aac ggc cat cgc act cgc ttc gac gac ctc acc cac agc 1411
 Phe Asp Ser Asn Gly His Arg Thr Arg Phe Asp Asp Leu Thr His Ser

425 430 435
 gat atc cgc agg aat ctc atc gcg gtt ttt gat gag ccg ttc ttg tac 1459
 Asp Ile Arg Arg Asn Leu Ile Ala Val Phe Asp Glu Pro Phe Leu Tyr

440 445 450
 tcc tcc tcc ata ccg cga gaa cat ctc gat ggg ttt gga tgt cag 1504
 Ser Ser Ser Ile Pro Arg Glu His Leu Asp Gly Phe Gly Cys Gln

455 460 465
 tgatgagcag atcgaacacg cag 1527

<210> 324
 <211> 468
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 324
 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> 325
<211> 905
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(882)
<223> RXA02225

<400> 325

caa act gag gag cgc ttt ggc gca gcg gct gat gaa gcc ttg gca atc 48
Gln Thr Glu Glu Arg Phe Gly Ala Ala Ala Asp Glu Ala Leu Ala Ile

1 5 10 15
atg ttg aag gaa gct cgt ctg cag tcg ttg ctg act ttt gtg cgc caa 96
Met Leu Lys Glu Ala Arg Leu Gln Ser Leu Leu Thr Phe Val Arg Gln

20 25 30
ctt gtc cca gcg gtg ttt tct gtg ggt ctt ttg gct tat gcg tca ctg 144
Leu Val Pro Ala Val Phe Ser Val Gly Leu Leu Ala Tyr Ala Ser Leu

35 40 45
ttg gct ttt gac ggt gac ata act ggt ggt gag atg atc tcg gtg acg 192
Leu Ala Phe Asp Gly Asp Ile Thr Gly Gly Glu Met Ile Ser Val Thr

50 55 60
ttg ctg gtg cca cct tcg ttg act gtg ttg ggt gtg tcg ctt ggc atg 240
Leu Leu Val Pro Pro Ser Leu Thr Val Leu Gly Val Ser Leu Gly Met

65 70 75 80
atg aca gag att tgg gct agg gga cag gct tcg aca aaa agg gtc caa 288

Met Thr Glu Ile Trp Ala Arg Gly Gln Ala Ser Thr Lys Arg Val Gln

85 90 95
aac tta gtc act gaa ctg gat aag gcg gcc gct gag cca cga cct cag 336
Asn Leu Val Thr Glu Leu Asp Lys Ala Ala Ala Glu Pro Arg Pro Gln

100 105 110
cct gcc acc ttt gaa ttt gaa gag ggg atc acg gtg tgg gat cct tcg 384
Pro Ala Thr Phe Glu Phe Glu Glu Gly Ile Thr Val Trp Asp Pro Ser

115 120 125
aca cct gag gca cgc gat gtg att gat cgg gag ttg gag gcg ctt cag 432
Thr Pro Glu Ala Arg Asp Val Ile Asp Arg Glu Leu Glu Ala Leu Gln

130 135 140
gtt cgc gaa gat gtc att gtg gct cct cac cgc gtc agc gtg ttt gaa 480
Val Arg Glu Asp Val Ile Val Ala Pro His Arg Val Ser Val Phe Glu

145 150 155 160
ggt gtg ctg aag gat aat ttg aat ccg atg ggc act atc gca ccg gag 528
Gly Val Leu Lys Asp Asn Leu Asn Pro Met Gly Thr Ile Ala Pro Glu

165 170 175
atg ctg cgc gct gct ctt cat gct gca agt tgt gag gac atc ttg agc 576
Met Leu Arg Ala Ala Leu His Ala Ala Ser Cys Glu Asp Ile Leu Ser

180 185 190
cga ttg ggt gct gat ctg aac atg ccg ggg gag ttt gag ctt cca gat 624
Arg Leu Gly Ala Asp Leu Asn Met Pro Gly Glu Phe Glu Leu Pro Asp

195 200 205
acc ttg atc ggc gag gcc gga ttg aat ctc tcc ggt ggc caa cgc cag 672
Thr Leu Ile Gly Glu Ala Gly Leu Asn Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln

210 215 220
agg att gct ttg gca cga ttc ttg gct gtt gat cct gag gtg ctc att 720
Arg Ile Ala Leu Ala Arg Phe Leu Ala Val Asp Pro Glu Val Leu Ile

225 230 235 240
ttg gat gaa ccg acc acg ggg ttg gat gcg gtg acc ctg gat gaa gtg 768
Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Leu Asp Ala Val Thr Leu Asp Glu Val

245 250 255
gca cat cgc gtc gaa aag ctt cgt cga ggc cgg aaa acc gtc gtc att 816
Ala His Arg Val Glu Lys Leu Arg Arg Gly Arg Lys Thr Val Val Ile

260 265 270
acg tcg aac ccg acg tgg cac ggc gtc gca aag cag atg caa tct gat 864
Thr Ser Asn Pro Thr Trp His Gly Val Ala Lys Gln Met Gln Ser Asp

275 280 285
ttt tcg gaa ggg gtg aag tagatggcgc agcatgagcgc cgt 905
Phe Ser Glu Gly Val Lys

290

<210> 326

<211> 294

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 326

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

Met Leu Lys Glu Ala Arg Leu Gln Ser Leu Leu Thr Phe Val Arg Gln
20 25 30

Leu Val Pro Ala Val Phe Ser Val Gly Leu Leu Ala Tyr Ala Ser Leu
35 40 45

Leu Ala Phe Asp Gly Asp Ile Thr Gly Gly Glu Met Ile Ser Val Thr
50 55 60

Leu Leu Val Pro Pro Ser Leu Thr Val Leu Gly Val Ser Leu Gly Met
65 70 75 80

Met Thr Glu Ile Trp Ala Arg Gly Gln Ala Ser Thr Lys Arg Val Gln
85 90 95

Asn Leu Val Thr Glu Leu Asp Lys Ala Ala Ala Glu Pro Arg Pro Gln
100 105 110

Pro Ala Thr Phe Glu Phe Glu Glu Gly Ile Thr Val Trp Asp Pro Ser
115 120 125

Thr Pro Glu Ala Arg Asp Val Ile Asp Arg Glu Leu Glu Ala Leu Gln
130 135 140

Val Arg Glu Asp Val Ile Val Ala Pro His Arg Val Ser Val Phe Glu
145 150 155 160

Gly Val Leu Lys Asp Asn Leu Asn Pro Met Gly Thr Ile Ala Pro Glu
165 170 175

Met Leu Arg Ala Ala Leu His Ala Ala Ser Cys Glu Asp Ile Leu Ser
180 185 190

Arg Leu Gly Ala Asp Leu Asn Met Pro Gly Glu Phe Glu Leu Pro Asp
195 200 205

Thr Leu Ile Gly Glu Ala Gly Leu Asn Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln
210 215 220

Arg Ile Ala Leu Ala Arg Phe Leu Ala Val Asp Pro Glu Val Leu Ile
225 230 235 240

Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Leu Asp Ala Val Thr Leu Asp Glu Val
245 250 255

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

260	265	270	
Thr Ser Asn Pro Thr Trp His Gly Val Ala Lys Gln Met Gln Ser Asp			
275	280	285	
Phe Ser Glu Gly Val Lys			
290			
<210> 327			
<211> 1050			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1027)			
<223> RXA02253			
<400> 327			
tgaggacatt tccaagtga aaggcttcgg cccgaaactt gcggaggctg tctatgaagg	60		
tcttcacgcg tcaaaataag tagatcgcta ggatgtaacc atg att caa tcc act	115		
	Met Ile Gln Ser Thr		
	1	5	
ggg gtc acg cac act gat aag tct gca caa gaa aat cct gtg aag tac	163		
Gly Val Thr His Thr Asp Lys Ser Ala Gln Glu Asn Pro Val Lys Tyr			
	10	15	20
agg gac aat ttc aca cct gtc atc atc acc ggt atg tca ggc gca ggt	211		
Arg Asp Asn Phe Thr Pro Val Ile Ile Thr Gly Met Ser Gly Ala Gly			
	25	30	35
ctg agc aca gca gcc cga gtc ctc gaa gac ttg ggt tgg tat gtg gcg	259		
Leu Ser Thr Ala Ala Arg Val Leu Glu Asp Leu Gly Trp Tyr Val Ala			
	40	45	50
cac aat att cca cca cag atc atc ctg gaa tta att gat atg tgc gct	307		
His Asn Ile Pro Pro Gln Ile Ile Leu Glu Leu Ile Asp Met Cys Ala			
	55	60	65
cgg gaa gat tct ccc gtc gac aaa gtt gca gtc gtg tgc gat gtg cgc	355		
Arg Glu Asp Ser Pro Val Asp Lys Val Ala Val Val Cys Asp Val Arg			
	70	75	80
tcc cgt gaa ttc cgc gga agc ctc acc cag gtt gtt tca gag ctg cgt	403		
Ser Arg Glu Phe Arg Gly Ser Leu Thr Gln Val Val Ser Glu Leu Arg			
	90	95	100
gat aag cag ctc gat ccc acg gtg tta ttt ctg gaa gca cgc gat gag	451		
Asp Lys Gln Leu Asp Pro Thr Val Leu Phe Leu Glu Ala Arg Asp Glu			
	105	110	115
gtg ctg atc aag cga ttc gat aat gtg cgc cgc acc cat cct ttg cag	499		

Val Leu Ile Lys Arg Phe Asp Asn Val Arg Arg Thr His Pro Leu Gln

120 125 130
ggc agc caa acc ctt cag gtg ggt att gaa cgt gaa cga acc gtg ctg 547
Gly Ser Gln Thr Leu Gln Val Gly Ile Glu Arg Glu Arg Thr Val Leu

135 140 145
tct cct gtg aag gaa gac gct tca gtg gtc atc gat acc tcg gat ctg 595
Ser Pro Val Lys Glu Asp Ala Ser Val Val Ile Asp Thr Ser Asp Leu

150 155 160 165
tcc gtg cat gat ttg cgc cgc gcc atc gaa tcc tcg ttt agg aca atc 643
Ser Val His Asp Leu Arg Arg Ala Ile Glu Ser Ser Phe Arg Thr Ile

170 175 180
gcc acg cgc acc cag cac gtc acc att gaa tca ttc ggt ttc aaa cac 691
Ala Thr Arg Thr Gln His Val Thr Ile Glu Ser Phe Gly Phe Lys His

185 190 195
ggc tca cca cgc gac gcc gac ttt gtt gtg gac gtg cgt ttc ttg ccg 739
Gly Ser Pro Arg Asp Ala Asp Phe Val Val Asp Val Arg Phe Leu Pro

200 205 210
aac cca ttc tgg gtt cca gag ctg cgc cca ttt agg gga gtg gac aag 787
Asn Pro Phe Trp Val Pro Glu Leu Arg Pro Phe Arg Gly Val Asp Lys

215 220 225
cca gta tct gac tat gtg ctc tcc caa aaa ggc gca gaa gaa ttt ttg 835
Pro Val Ser Asp Tyr Val Leu Ser Gln Lys Gly Ala Glu Glu Phe Leu

230 235 240 245
aac aac ttt gtg gac atg ctc aaa gac atg ctt ccg gga tac cgc cac 883
Asn Asn Phe Val Asp Met Leu Lys Asp Met Leu Pro Gly Tyr Arg His

250 255 260
gaa gga aaa aac ttc atc aca atc ggt gtc ggc tgc acc ggt gga cac 931
Glu Gly Lys Asn Phe Ile Thr Ile Gly Val Gly Cys Thr Gly Gly His

265 270 275
cac aga tca gtt gcg gtg tct gaa gaa cta gcc aaa aga atc gca gat 979
His Arg Ser Val Ala Val Ser Glu Glu Leu Ala Lys Arg Ile Ala Asp

280 285 290
cag acc acg ctc gac gtg tct gta gta cac cgc gat att aac cgc cac 1027
Gln Thr Thr Leu Asp Val Ser Val Val His Arg Asp Ile Asn Arg His

295 300 305
taggaaaggg gccaaactaat tga 1050

<210> 328

<211> 309

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 328

Met Ile Gln Ser Thr Gly Val Thr His Thr Asp Lys Ser Ala Gln Glu
1 5 10 15

Asn Pro Val Lys Tyr Arg Asp Asn Phe Thr Pro Val Ile Ile Thr Gly
20 25 30

Met Ser Gly Ala Gly Leu Ser Thr Ala Ala Arg Val Leu Glu Asp Leu
35 40 45

Gly Trp Tyr Val Ala His Asn Ile Pro Pro Gln Ile Ile Leu Glu Leu
50 55 60

Ile Asp Met Cys Ala Arg Glu Asp Ser Pro Val Asp Lys Val Ala Val
65 70 75 80

Val Cys Asp Val Arg Ser Arg Glu Phe Arg Gly Ser Leu Thr Gln Val
85 90 95

Val Ser Glu Leu Arg Asp Lys Gln Leu Asp Pro Thr Val Leu Phe Leu
100 105 110

Glu Ala Arg Asp Glu Val Leu Ile Lys Arg Phe Asp Asn Val Arg Arg
115 120 125

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

Glu Arg Thr Val Leu Ser Pro Val Lys Glu Asp Ala Ser Val Val Ile
145 150 155 160

Asp Thr Ser Asp Leu Ser Val His Asp Leu Arg Arg Ala Ile Glu Ser
165 170 175

Ser Phe Arg Thr Ile Ala Thr Arg Thr Gln His Val Thr Ile Glu Ser
180 185 190

Phe Gly Phe Lys His Gly Ser Pro Arg Asp Ala Asp Phe Val Val Asp
195 200 205

Val Arg Phe Leu Pro Asn Pro Phe Trp Val Pro Glu Leu Arg Pro Phe
210 215 220

Arg Gly Val Asp Lys Pro Val Ser Asp Tyr Val Leu Ser Gln Lys Gly
225 230 235 240

Ala Glu Glu Phe Leu Asn Asn Phe Val Asp Met Leu Lys Asp Met Leu
245 250 255

Pro Gly Tyr Arg His Glu Gly Lys Asn Phe Ile Thr Ile Gly Val Gly
260 265 270

Cys Thr Gly Gly His His Arg Ser Val Ala Val Ser Glu Glu Leu Ala
275 280 285

Lys Arg Ile Ala Asp Gln Thr Thr Leu Asp Val Ser Val Val His Arg

290 295 300

Asp Ile Asn Arg His
305

<210> 329
<211> 558
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(535)
<223> RXN01881

<400> 329
accggccctg cggcctcaac cgccgaccag cgcggcgcac acattttgac tgtttcataa 60
taaagacaaa cttaagtatc ggagtcgaag aaaaaccaca atg gcc aat ctg att 115
Met Ala Asn Leu Ile

1 5
aat ctc gag aac gtc tcc aaa acc tgg gga tta aaa acg ctt ctc gac 163
Asn Leu Glu Asn Val Ser Lys Thr Trp Gly Leu Lys Thr Leu Leu Asp

10 15 20
ggc gtc tcc tta ggt gtt caa acc ggc gac cgc att ggc gtc gtc ggc 211
Gly Val Ser Leu Gly Val Gln Thr Gly Asp Arg Ile Gly Val Val Gly

25 30 35
ctc aat ggt ggc gga aaa acc acc ctg ctg gaa gta ctt act ggc atc 259
Leu Asn Gly Gly Gly Lys Thr Thr Leu Leu Glu Val Leu Thr Gly Ile

40 45 50
gaa aag ccg gat cag ggc cgt gtg tct cac aac tct gac ctg cgc atg 307
Glu Lys Pro Asp Gln Gly Arg Val Ser His Asn Ser Asp Leu Arg Met

55 60 65
gct gtg gtg acg cag cgt gct gaa ctc aat gat gac gac acc gtc gct 355
Ala Val Val Thr Gln Arg Ala Glu Leu Asn Asp Asp Asp Thr Val Ala

70 75 80 85
gac gtg gtg ctt gga cct ttg ggt ttg gaa gtt ttc gaa tgg gca tca 403
Asp Val Val Leu Gly Pro Leu Gly Leu Glu Val Phe Glu Trp Ala Ser

90 95 100
aac gcc acg gtg cgc gac gtc ctc ggt ggc ttg ggc att gtc gat ctt 451
Asn Ala Thr Val Arg Asp Val Leu Gly Gly Leu Gly Ile Val Asp Leu

105 110 115
ggc ctt gac acc aag gtg ggc aaa cct ttt ccg gtg ggc gaa gcg ccg 499
Gly Leu Asp Thr Lys Val Gly Lys Pro Phe Pro Val Gly Glu Ala Pro

120 125 130
acg cac caa cct ggc cgc cgc gct ggt tcg cga cct tgacctgac 545

Thr His Gln Pro Gly Arg Arg Ala Gly Ser Arg Pro

135 140 145
gtgctcgacg agc 558

<210> 330
<211> 145
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 330
Met Ala Asn Leu Ile Asn Leu Glu Asn Val Ser Lys Thr Trp Gly Leu
1 5 10 15

Lys Thr Leu Leu Asp Gly Val Ser Leu Gly Val Gln Thr Gly Asp Arg
20 25 30

Ile Gly Val Val Gly Leu Asn Gly Gly Gly Lys Thr Thr Leu Leu Glu
35 40 45

Val Leu Thr Gly Ile Glu Lys Pro Asp Gln Gly Arg Val Ser His Asn
50 55 60

Ser Asp Leu Arg Met Ala Val Val Thr Gln Arg Ala Glu Leu Asn Asp
65 70 75 80

Asp Asp Thr Val Ala Asp Val Val Leu Gly Pro Leu Gly Leu Glu Val
85 90 95

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

Gly Ile Val Asp Leu Gly Leu Asp Thr Lys Val Gly Lys Pro Phe Pro
115 120 125

Val Gly Glu Ala Pro Thr His Gln Pro Gly Arg Arg Ala Gly Ser Arg
130 135 140

Pro
145

<210> 331
<211> 564
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(541)
<223> FRXA01881

<400> 331
accggccctg cgccctcaac cgccgaccag cgcggcgcac acattttgac tgtttcataa 60

```

taaagacaaa cttaagtatc ggagtcgaag aaaaaccaca atg gcc aat ctg att 115
                                Met Ala Asn Leu Ile

                                1                5
aat ctc gag aac gtc tcc aaa acc tgg gga tta aaa acg ctt ctc gac 163
Asn Leu Glu Asn Val Ser Lys Thr Trp Gly Leu Lys Thr Leu Leu Asp

                                10                15                20
ggt gtc tcc tta ggt gtt caa acc ggc gac cgc att ggc gtc gtc ggc 211
Gly Val Ser Leu Gly Val Gln Thr Gly Asp Arg Ile Gly Val Val Gly

                                25                30                35
ctc aat ggt ggc gga aaa acc acc ctg ctg gaa gta ctt act ggc atc 259
Leu Asn Gly Gly Gly Lys Thr Thr Leu Leu Glu Val Leu Thr Gly Ile

                                40                45                50
gaa aag ccg gat cag ggc cgt gtg tct cac aac tct gac ctg cgc atg 307
Glu Lys Pro Asp Gln Gly Arg Val Ser His Asn Ser Asp Leu Arg Met

                                55                60                65
gct gtg gtg acg cag cgt gct gaa ctc aat gat gac gac acc gtc gct 355
Ala Val Val Thr Gln Arg Ala Glu Leu Asn Asp Asp Asp Thr Val Ala

                                70                75                80                85
gac gtg gtg ctt gga cct ttg ggt ttg gaa gtt ttc gaa tgg gca tca 403
Asp Val Val Leu Gly Pro Leu Gly Leu Glu Val Phe Glu Trp Ala Ser

                                90                95                100
aac gcc acg gtg cgc gac gtc ctc ggt ggc ttg ggc att gtc gat ctt 451
Asn Ala Thr Val Arg Asp Val Leu Gly Gly Leu Gly Ile Val Asp Leu

                                105                110                115
ggc ctt gac acc aag gtg ggg caa acc ttt tcc ggt ggg cga agc gcc 499
Gly Leu Asp Thr Lys Val Gly Gln Thr Phe Ser Gly Gly Arg Ser Ala

                                120                125                130
gac gca cca acc tgg ccg ccg cgc tgg ttc gcg acc ttg acc 541
Asp Ala Pro Thr Trp Pro Pro Arg Trp Phe Ala Thr Leu Thr

                                135                140                145
tgatcgtgct cgacgagccc acc 564

```

<210> 332

<211> 147

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 332

Met Ala Asn Leu Ile Asn Leu Glu Asn Val Ser Lys Thr Trp Gly Leu

1

5

10

15

Lys Thr Leu Leu Asp Gly Val Ser Leu Gly Val Gln Thr Gly Asp Arg

20

25

30

Ile Gly Val Val Gly Leu Asn Gly Gly Gly Lys Thr Thr Leu Leu Glu
35 40 45

Val Leu Thr Gly Ile Glu Lys Pro Asp Gln Gly Arg Val Ser His Asn
50 55 60

Ser Asp Leu Arg Met Ala Val Val Thr Gln Arg Ala Glu Leu Asn Asp
65 70 75 80

Asp Asp Thr Val Ala Asp Val Val Leu Gly Pro Leu Gly Leu Glu Val
85 90 95

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

Gly Ile Val Asp Leu Gly Leu Asp Thr Lys Val Gly Gln Thr Phe Ser
115 120 125

Gly Gly Arg Ser Ala Asp Ala Pro Thr Trp Pro Pro Arg Trp Phe Ala
130 135 140

Thr Leu Thr
145

<210> 333

<211> 813

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(790)

<223> RXA00526

<400> 333

ggtggagcag gcggcggctc cttttagtcc tgcggcccct tttgaccctg cagcccctgc 60
cgtttctgcc aagcaaaccg tgggccaggt gatttagcct atg agc ctc atc gaa 115
Met Ser Leu Ile Glu

1 5
atg cga aat att gtc aag acc tac aac att gga tct gaa ggt gaa ctc 163
Met Arg Asn Ile Val Lys Thr Tyr Asn Ile Gly Ser Glu Gly Glu Leu

10 15 20
acc gtg ttg cac ggt gtg gat ttc cat gtg gac cgt ggc gaa ttc gtg 211
Thr Val Leu His Gly Val Asp Phe His Val Asp Arg Gly Glu Phe Val

25 30 35
tcg gtt gtg ggt acg tcc ggc tca ggt aaa tca acg atg atg aac atc 259
Ser Val Val Gly Thr Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Met Met Asn Ile

40 45 50
att ggg ttg ttg gat aag cca act gat ggc acg tac acc ttg gat ggc 307
Ile Gly Leu Leu Asp Lys Pro Thr Asp Gly Thr Tyr Thr Leu Asp Gly

55 60 65
 gtg gat gtg ttg gat atc agc gat gat gct ttg gcg agc cac cgc gct 355
 Val Asp Val Leu Asp Ile Ser Asp Asp Ala Leu Ala Ser His Arg Ala

 70 75 80 85
 aaa tcg att ggt ttt gtg ttt cag aac ttc aat ctg att ggc cgg atc 403
 Lys Ser Ile Gly Phe Val Phe Gln Asn Phe Asn Leu Ile Gly Arg Ile

 90 95 100
 gat gcg ttg aag aat gtg gaa atg ccc atg atg tat gcg ggc att ccg 451
 Asp Ala Leu Lys Asn Val Glu Met Pro Met Met Tyr Ala Gly Ile Pro

 105 110 115
 gct aag cag cgg aga agt cgt gcg gtt gaa tta ttg gaa atg gtc ggg 499
 Ala Lys Gln Arg Arg Ser Arg Ala Val Glu Leu Leu Glu Met Val Gly

 120 125 130
 atg ggt gag cgt ctc aac cat gag ccc aat gag ctt tcg ggt ggt cag 547
 Met Gly Glu Arg Leu Asn His Glu Pro Asn Glu Leu Ser Gly Gly Gln

 135 140 145
 aag cag cgc gtg gcc att gct cgc gcg ttg gcg aac gat cct gag atc 595
 Lys Gln Arg Val Ala Ile Ala Arg Ala Leu Ala Asn Asp Pro Glu Ile

 150 155 160 165
 att ctt gct gat gaa cca act ggt gcg ttg gat tct gca acg ggc cgg 643
 Ile Leu Ala Asp Glu Pro Thr Gly Ala Leu Asp Ser Ala Thr Gly Arg

 170 175 180
 atg gtg atg gat att ttc cac cag ctc aac aag gag cag ggc aaa acc 691
 Met Val Met Asp Ile Phe His Gln Leu Asn Lys Glu Gln Gly Lys Thr

 185 190 195
 atc gtg ttt att act cac aac cct gag ctt gct gat gaa tct gat cgg 739
 Ile Val Phe Ile Thr His Asn Pro Glu Leu Ala Asp Glu Ser Asp Arg

 200 205 210
 gtg gtc acc atg gtt gac ggg cgc atc att ggg tct gag gtg aaa cac 787
 Val Val Thr Met Val Asp Gly Arg Ile Ile Gly Ser Glu Val Lys His

 215 220 225
 tca tgagccttgc agaatcaatt ctt 813
 Ser

 230

 <210> 334
 <211> 230
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <400> 334
 Met Ser Leu Ile Glu Met Arg Asn Ile Val Lys Thr Tyr Asn Ile Gly
 1 5 10 15

Ser Glu Gly Glu Leu Thr Val Leu His Gly Val Asp Phe His Val Asp
20 25 30

Arg Gly Glu Phe Val Ser Val Val Gly Thr Ser Gly Ser Gly Lys Ser
35 40 45

Thr Met Met Asn Ile Ile Gly Leu Leu Asp Lys Pro Thr Asp Gly Thr
50 55 60

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

Ala Ser His Arg Ala Lys Ser Ile Gly Phe Val Phe Gln Asn Phe Asn
85 90 95

Leu Ile Gly Arg Ile Asp Ala Leu Lys Asn Val Glu Met Pro Met Met
100 105 110

Tyr Ala Gly Ile Pro Ala Lys Gln Arg Arg Ser Arg Ala Val Glu Leu
115 120 125

Leu Glu Met Val Gly Met Gly Glu Arg Leu Asn His Glu Pro Asn Glu
130 135 140

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

Asn Asp Pro Glu Ile Ile Leu Ala Asp Glu Pro Thr Gly Ala Leu Asp
165 170 175

Ser Ala Thr Gly Arg Met Val Met Asp Ile Phe His Gln Leu Asn Lys
180 185 190

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

Asp Glu Ser Asp Arg Val Val Thr Met Val Asp Gly Arg Ile Ile Gly
210 215 220

Ser Glu Val Lys His Ser
225 230

<210> 335

<211> 1008

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(985)

<223> RXN00733

<400> 335

acggcgaggt tgcggtatt ggaacgcaca cgaatttgct gaacacgtgc ggtacctacc 60
gtgaaattgt tgaatcccaa gagactgcgc aggcgcaatc atg agt aat act gca 115

Met Ser Asn Thr Ala															
1 5 gga ccc cgc ggg cgt tcc cat cag gca gac gcc gcg ccg aat caa aag 163 Gly Pro Arg Gly Arg Ser His Gln Ala Asp Ala Ala Pro Asn Gln Lys															
10 15 20 gca cag aat ttc gga cca tct gcc aaa agg ctt ttc gga att cta ggc 211 Ala Gln Asn Phe Gly Pro Ser Ala Lys Arg Leu Phe Gly Ile Leu Gly															
25 30 35 cat gac cgt aac acc tta att ttt gtt atc ttc cta gcc gtc ctg agc 259 His Asp Arg Asn Thr Leu Ile Phe Val Ile Phe Leu Ala Val Leu Ser															
40 45 50 gtt gga ctt acc gtc ttg ggc cca tgg ttg ctg ggt aaa gcc acc aac 307 Val Gly Leu Thr Val Leu Gly Pro Trp Leu Leu Gly Lys Ala Thr Asn															
55 60 65 gtg gtg ttt gaa gga ttc cta tct aag cgc atg ccg gct ggt gcg tca 355 Val Val Phe Glu Gly Phe Leu Ser Lys Arg Met Pro Ala Gly Ala Ser															
70 75 80 85 aag gaa gat atc atc gcg cag ttg cag gct gca ggt aaa cat aat cag 403 Lys Glu Asp Ile Ile Ala Gln Leu Gln Ala Ala Gly Lys His Asn Gln															
90 95 100 gct tcc atg atg gaa gac atg aac ctt gtt cca ggc tca ggc att gat 451 Ala Ser Met Met Glu Asp Met Asn Leu Val Pro Gly Ser Gly Ile Asp															
105 110 115 ttt gaa aaa tta gcc atg atc ctc gga ctg gtg atc ggt gct tat ctc 499 Phe Glu Lys Leu Ala Met Ile Leu Gly Leu Val Ile Gly Ala Tyr Leu															
120 125 130 atc ggt agc ctg ttg tgc ttg ttc cag gcg cgg atg ctc aac cgc atc 547 Ile Gly Ser Leu Leu Ser Leu Phe Gln Ala Arg Met Leu Asn Arg Ile															
135 140 145 gtg caa agt gcc atg cac cgg ctg cgc atg gag gtg gag gaa aaa atc 595 Val Gln Ser Ala Met His Arg Leu Arg Met Glu Val Glu Glu Lys Ile															
150 155 160 165 cac cgc cta ccg ctg agc tat ttc gat tcc atc aaa cgt ggt gat ctg 643 His Arg Leu Pro Leu Ser Tyr Phe Asp Ser Ile Lys Arg Gly Asp Leu															
170 175 180 ctt agc cgt gtg acc aac gat gtg gat aat atc ggt caa tcc ctg caa 691 Leu Ser Arg Val Thr Asn Asp Val Asp Asn Ile Gly Gln Ser Leu Gln															
185 190 195 caa acc ttg tca cag gcg atc act tcc cta ctg acc gtc atc ggt gtg 739 Gln Thr Leu Ser Gln Ala Ile Thr Ser Leu Leu Thr Val Ile Gly Val															
200 205 210 ttg gtg atg atg ttt atc atc tcc cca ctg ctc gca ctc gtg gcg ctg 787															

Leu Val Met Met Phe Ile Ile Ser Pro Leu Leu Ala Leu Val Ala Leu

215 220 225
gta tcc att ccg gtc acc atc gtg gtc act gtg gtg gtt gcg agc cgt 835
Val Ser Ile Pro Val Thr Ile Val Val Thr Val Val Val Ala Ser Arg

230 235 240 245
tcc cag aaa ctc ttt gcg gaa cag tgg aag cag acc ggt att ttg aat 883
Ser Gln Lys Leu Phe Ala Glu Gln Trp Lys Gln Thr Gly Ile Leu Asn

250 255 260
gcg cgc ctg gag gaa acc tac tct ggc cac gcc gtg gtt aag gtt ttc 931
Ala Arg Leu Glu Glu Thr Tyr Ser Gly His Ala Val Val Lys Val Phe

265 270 275
gga cac caa aag gat gtt caa gaa gca ttc gag gaa gaa aat caa gct 979
Gly His Gln Lys Asp Val Gln Glu Ala Phe Glu Glu Glu Asn Gln Ala

280 285 290
tgt gta taaggccagc ttgtgtgcc agt 1008
Cys Val

295

<210> 336

<211> 295

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 336

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> 337
<211> 508
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(508)
<223> FRXA00733

<400> 337
acggcgaggt tgtcgttatt 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
att cgt agc 508
Ile Arg Ser

135

<210> 338

<211> 136

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 338

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 Arg Ser			
130	135		
<210> 339			
<211> 692			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(669)			
<223> RXA00735			
<400> 339			
ggt ccc acc ggt gcg ggc aag acc aca ttg gtg aat ctg atc atg cgt	48		
Gly Pro Thr Gly Ala Gly Lys Thr Thr Leu Val Asn Leu Ile Met Arg			
1 5 10 15			
ttc tac gac atc aac agc ggt tcc atc act ctt ggt gaa aca gca caa	96		
Phe Tyr Asp Ile Asn Ser Gly Ser Ile Thr Leu Gly Glu Thr Ala Gln			
20 25 30			
gac gcc gtg gat atc cgc acc atg gct aga gaa gat ctg cga tca cga	144		
Asp Ala Val Asp Ile Arg Thr Met Ala Arg Glu Asp Leu Arg Ser Arg			
35 40 45			
acc ggc atg gtg ttg cag gat acg tgg ctg ttt gcc gga acc atc agg	192		
Thr Gly Met Val Leu Gln Asp Thr Trp Leu Phe Ala Gly Thr Ile Arg			
50 55 60			
gat aac att ctt tac ggt aga cct gaa gca act gag gaa gaa atg ctt	240		
Asp Asn Ile Leu Tyr Gly Arg Pro Glu Ala Thr Glu Glu Glu Met Leu			
65 70 75 80			
gct gcg tcc aag gcc gcc tac gtg gat cgt ttt gtc cgt tcc ctg cca	288		
Ala Ala Ser Lys Ala Ala Tyr Val Asp Arg Phe Val Arg Ser Leu Pro			
85 90 95			
gaa ggc tac gac acc gta ctt gat gat gaa gcc atg aac cta tcg gtg	336		
Glu Gly Tyr Asp Thr Val Leu Asp Asp Glu Ala Met Asn Leu Ser Val			
100 105 110			
ggt gaa cgc cag ctg atc acc atc gcg cgt gca ttc ttg gct aat ccc	384		
Gly Glu Arg Gln Leu Ile Thr Ile Ala Arg Ala Phe Leu Ala Asn Pro			
115 120 125			
cga ctg ctg att ctg gat gaa gcc acc tca tcg gtg gat acg cgt acc	432		
Arg Leu Leu Ile Leu Asp Glu Ala Thr Ser Ser Val Asp Thr Arg Thr			

130 135 140
gaa ttg ttg att cag cgc gcc atg tcc aag ctg cgc caa gac cgc acc 480
Glu Leu Leu Ile Gln Arg Ala Met Ser Lys Leu Arg Gln Asp Arg Thr

145 150 155 160
gcc ttc gtc atc gcg cac cgg ttg tcc acg att cgt gat gcc aac ctg 528
Ala Phe Val Ile Ala His Arg Leu Ser Thr Ile Arg Asp Ala Asn Leu

165 170 175
att ttg atg atg aaa gac ggc gag atc gtg gag cag ggc aat cac cgt 576
Ile Leu Met Met Lys Asp Gly Glu Ile Val Glu Gln Gly Asn His Arg

180 185 190
gag ttg atg gcc ctg gag ggc gca tat tgg gag ttg tat aac tcc caa 624
Glu Leu Met Ala Leu Glu Gly Ala Tyr Trp Glu Leu Tyr Asn Ser Gln

195 200 205
ttc aac gcc ccc gcg aaa gaa gaa tta cag gct gac gga gat cac 669
Phe Asn Ala Pro Ala Lys Glu Glu Leu Gln Ala Asp Gly Asp His

210 215 220
tgatgatttc ttcttaggct ttc 692

<210> 340
<211> 223
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 340
Gly Pro Thr Gly Ala Gly Lys Thr Thr Leu Val Asn Leu Ile Met Arg
1 5 10 15
Phe Tyr Asp Ile Asn Ser Gly Ser Ile Thr Leu Gly Glu Thr Ala Gln
20 25 30
Asp Ala Val Asp Ile Arg Thr Met Ala Arg Glu Asp Leu Arg Ser Arg
35 40 45
Thr Gly Met Val Leu Gln Asp Thr Trp Leu Phe Ala Gly Thr Ile Arg
50 55 60
Asp Asn Ile Leu Tyr Gly Arg Pro Glu Ala Thr Glu Glu Glu Met Leu
65 70 75 80
Ala Ala Ser Lys Ala Ala Tyr Val Asp Arg Phe Val Arg Ser Leu Pro
85 90 95
Glu Gly Tyr Asp Thr Val Leu Asp Asp Glu Ala Met Asn Leu Ser Val
100 105 110
Gly Glu Arg Gln Leu Ile Thr Ile Ala Arg Ala Phe Leu Ala Asn Pro
115 120 125
Arg Leu Leu Ile Leu Asp Glu Ala Thr Ser Ser Val Asp Thr Arg Thr

130 135 140

Glu Leu Leu Ile Gln Arg Ala Met Ser Lys Leu Arg Gln Asp Arg Thr
145 150 155 160

Ala Phe Val Ile Ala His Arg Leu Ser Thr Ile Arg Asp Ala Asn Leu
165 170 175

Ile Leu Met Met Lys Asp Gly Glu Ile Val Glu Gln Gly Asn His Arg
180 185 190

Glu Leu Met Ala Leu Glu Gly Ala Tyr Trp Glu Leu Tyr Asn Ser Gln
195 200 205

Phe Asn Ala Pro Ala Lys Glu Glu Leu Gln Ala Asp Gly Asp His
210 215 220

<210> 341
<211> 1986
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1963)
<223> RXA00878

<400> 341
cgagattagg tccgcttcag ttgtggtggc tccgaatctg atgaacaatg atcattccta 60
attcatttac atctttatca aagagagcca ccacctacta atg cga ctt ctt ggt 115
Met Arg Leu Leu Gly

1 5
cga att tta aaa acc acg tct gcg ctt tgg ccc tac tat ctc gga att 163
Arg Ile Leu Lys Thr Thr Ser Ala Leu Trp Pro Tyr Tyr Leu Gly Ile

10 15 20
atc gtc gta tcc att gtg atc gcg gcg ttg tcg ctg ctg tcg ccg ttt 211
Ile Val Val Ser Ile Val Ile Ala Ala Leu Ser Leu Leu Ser Pro Phe

25 30 35
att ctc cgc gaa gca aca gat tcc att gtt tct gca gta acc gga tct 259
Ile Leu Arg Glu Ala Thr Asp Ser Ile Val Ser Ala Val Thr Gly Ser

40 45 50
aac acc gtc gat gca gtt act cgc act att att ttc tta gct tta gcc 307
Asn Thr Val Asp Ala Val Thr Arg Thr Ile Ile Phe Leu Ala Leu Ala

55 60 65
ctg ttt gtc gca agc ttc ctc aat acg gtg atg acc aac atc ggt ggc 355
Leu Phe Val Ala Ser Phe Leu Asn Thr Val Met Thr Asn Ile Gly Gly

70 75 80 85
tac atc ggt gat gtc atg gca tct cgt atg cgc cag att ctg gcc acg 403

Tyr Ile Gly Asp Val Met Ala Ser Arg Met Arg Gln Ile Leu Ala Thr

90 95 100
cgc tat tac gca aag ctg ttg gcg ctg cct cag aag tat ttt gat aat 451
Arg Tyr Tyr Ala Lys Leu Leu Ala Leu Pro Gln Lys Tyr Phe Asp Asn

105 110 115
cag gtc acc ggc acc atc atc gcc cgc ctt gat cga tca atc aac ggc 499
Gln Val Thr Gly Thr Ile Ile Ala Arg Leu Asp Arg Ser Ile Asn Gly

120 125 130
atc acg cag ttc atg cag agc ttc tcc aac aac ttc ttc ccc atg ctc 547
Ile Thr Gln Phe Met Gln Ser Phe Ser Asn Asn Phe Phe Pro Met Leu

135 140 145
atc acc atg gtg gca gtg ctg att att tcc gcg att ttc tac tgg cct 595
Ile Thr Met Val Ala Val Leu Ile Ile Ser Ala Ile Phe Tyr Trp Pro

150 155 160 165
ctg gca att ctg ctg gcc atg ttg ttc ccg att tac atg tgg ctg acg 643
Leu Ala Ile Leu Leu Ala Met Leu Phe Pro Ile Tyr Met Trp Leu Thr

170 175 180
gcg ttg aca tcg aaa cgc tgg cag aaa tat gag ggc gag aaa aac cat 691
Ala Leu Thr Ser Lys Arg Trp Gln Lys Tyr Glu Gly Glu Lys Asn His

185 190 195
gaa atc gac gtg gct aac ggc cgc ttc gct gag gtt gtc ggc cag gtc 739
Glu Ile Asp Val Ala Asn Gly Arg Phe Ala Glu Val Val Gly Gln Val

200 205 210
aag gtt gtt aaa tca ttc gtc gca gag acc cgc gag ctg gct gat ttc 787
Lys Val Val Lys Ser Phe Val Ala Glu Thr Arg Glu Leu Ala Asp Phe

215 220 225
ggg ggt cgt tac ggc aaa aca gta gcg att acc cgg ccg caa tcc ggt 835
Gly Gly Arg Tyr Gly Lys Thr Val Ala Ile Thr Arg Pro Gln Ser Gly

230 235 240 245
tgg tgg cac cgc atg gat act ctc cgt ggc gcg gca cta aat atc atc 883
Trp Trp His Arg Met Asp Thr Leu Arg Gly Ala Ala Leu Asn Ile Ile

250 255 260
ttc ctg gcc att cac ctg ctg att ttc tac cgc acc ttg cac ggc cat 931
Phe Leu Ala Ile His Leu Leu Ile Phe Tyr Arg Thr Leu His Gly His

265 270 275
ttc acc atc ggc gac atg gtc atg ctc atc cag ctt gtc acc atg gcg 979
Phe Thr Ile Gly Asp Met Val Met Leu Ile Gln Leu Val Thr Met Ala

280 285 290
cag caa ccg gtg tac atg atg agc tac atc gtc gac tcc gcg cag cgc 1027
Gln Gln Pro Val Tyr Met Met Ser Tyr Ile Val Asp Ser Ala Gln Arg

295 300 305
gcc atc gcc ggc tcc cgc gac tac ttc gag gtc atg gcg cag cag gtc 1075

Ala Ile Ala Gly Ser Arg Asp Tyr Phe Glu Val Met Ala Gln Gln Val

310 315 320 325
gag ccc acc gcc aat aag gag ctt gtc gac gcc acc ctc gcc tca gac 1123
Glu Pro Thr Ala Asn Lys Glu Leu Val Asp Ala Thr Leu Ala Ser Asp

330 335 340
act cca cgc atc agt gtg ggc acg ccc gcc gcg ctg ccc gct gga gaa 1171
Thr Pro Arg Ile Ser Val Gly Thr Pro Ala Ala Leu Pro Ala Gly Glu

345 350 355
cca gcg atg gaa ttc aaa aac gtc acc ttc gcc tac gaa gaa ggc aag 1219
Pro Ala Met Glu Phe Lys Asn Val Thr Phe Ala Tyr Glu Glu Gly Lys

360 365 370
ccg gtt att tcc gac gtg tcc att acc gcc cgc cac ggc gag cgc atc 1267
Pro Val Ile Ser Asp Val Ser Ile Thr Ala Arg His Gly Glu Arg Ile

375 380 385
gcg ttg gtc ggt gaa tcc ggc ggc ggt aaa tcc acc ctg gtc aac ctt 1315
Ala Leu Val Gly Glu Ser Gly Gly Gly Lys Ser Thr Leu Val Asn Leu

390 395 400 405
ctg tta ggt ctg tac aaa cca aac agc ggc agc ctt gca gta tgt ggc 1363
Leu Leu Gly Leu Tyr Lys Pro Asn Ser Gly Ser Leu Ala Val Cys Gly

410 415 420
gtg gat gtt aaa gat ctg act tcc gag gaa ctt cgc gca tcc gtg ggt 1411
Val Asp Val Lys Asp Leu Thr Ser Glu Glu Leu Arg Ala Ser Val Gly

425 430 435
gtg gtc ttc cag gac gcc agc ttg ttc tct gga tct att gca gaa aac 1459
Val Val Phe Gln Asp Ala Ser Leu Phe Ser Gly Ser Ile Ala Glu Asn

440 445 450
atc gcc tac ggt cgc cca ggt gcc acc cgc gaa gag atc atc gaa gtg 1507
Ile Ala Tyr Gly Arg Pro Gly Ala Thr Arg Glu Glu Ile Ile Glu Val

455 460 465
gct aag aaa gcc aac gca cat gag ttc att tcc gcc ttc cct gaa gga 1555
Ala Lys Lys Ala Asn Ala His Glu Phe Ile Ser Ala Phe Pro Glu Gly

470 475 480 485
tat gaa acc gtc gtc ggt gaa cgc gga ctc aaa ctt tct ggt ggc cag 1603
Tyr Glu Thr Val Val Gly Glu Arg Gly Leu Lys Leu Ser Gly Gly Gln

490 495 500
aag cag cgc gtc tct gtg gca cgg gcc atg ctt aaa gat gcc cca ctt 1651
Lys Gln Arg Val Ser Val Ala Arg Ala Met Leu Lys Asp Ala Pro Leu

505 510 515
ctt gtt ctc gat gaa gcc acc tct gca ctg gat acc aag tct gag cag 1699
Leu Val Leu Asp Glu Ala Thr Ser Ala Leu Asp Thr Lys Ser Glu Gln

520 525 530
gca gtc caa gcc ggt ttg gaa cag ctg atg gaa aac cgc acc acc tta 1747

Ala Val Gln Ala Gly Leu Glu Gln Leu Met Glu Asn Arg Thr Thr Leu

535 540 545
atg atc gcc cac cgc ctg tcc acc atc gca ggc gtc gat acc atc gtg 1795
Met Ile Ala His Arg Leu Ser Thr Ile Ala Gly Val Asp Thr Ile Val

550 555 560 565
acc atc caa aac gga cgg gtt gaa gag gtc gga tct cct acc gag ctc 1843
Thr Ile Gln Asn Gly Arg Val Glu Glu Val Gly Ser Pro Thr Glu Leu

570 575 580
gca gtc tca ggc ggt atc tat tcc gaa ctg ctg cgc ctg acc aac tcc 1891
Ala Val Ser Gly Gly Ile Tyr Ser Glu Leu Leu Arg Leu Thr Asn Ser

585 590 595
aca gca gaa gcc gac cgg gag cgt ctg cgc gcc ttt ggt ttc act ggc 1939
Thr Ala Glu Ala Asp Arg Glu Arg Leu Arg Ala Phe Gly Phe Thr Gly

600 605 610
gat gca cca gct gaa gaa gag gac tagcccgcg aaagaacaat ccc 1986
Asp Ala Pro Ala Glu Glu Glu Asp

615 620

<210> 342
<211> 621
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 342
Met Arg Leu Leu Gly Arg Ile Leu Lys Thr Thr Ser Ala Leu Trp Pro
1 5 10 15

Tyr Tyr Leu Gly Ile Ile Val Val Ser Ile Val Ile Ala Ala Leu Ser
20 25 30

Leu Leu Ser Pro Phe Ile Leu Arg Glu Ala Thr Asp Ser Ile Val Ser
35 40 45

Ala Val Thr Gly Ser Asn Thr Val Asp Ala Val Thr Arg Thr Ile Ile
50 55 60

Phe Leu Ala Leu Ala Leu Phe Val Ala Ser Phe Leu Asn Thr Val Met
65 70 75 80

Thr Asn Ile Gly Gly Tyr Ile Gly Asp Val Met Ala Ser Arg Met Arg
85 90 95

Gln Ile Leu Ala Thr Arg Tyr Tyr Ala Lys Leu Leu Ala Leu Pro Gln
100 105 110

Lys Tyr Phe Asp Asn Gln Val Thr Gly Thr Ile Ile Ala Arg Leu Asp
115 120 125

Arg Ser Ile Asn Gly Ile Thr Gln Phe Met Gln Ser Phe Ser Asn Asn

130	135	140	
Phe Phe Pro Met Leu Ile Thr Met Val Ala Val Leu Ile Ile Ser Ala			
145	150	155	160
Ile Phe Tyr Trp Pro Leu Ala Ile Leu Leu Ala Met Leu Phe Pro Ile			
	165	170	175
Tyr Met Trp Leu Thr Ala Leu Thr Ser Lys Arg Trp Gln Lys Tyr Glu			
	180	185	190
Gly Glu Lys Asn His Glu Ile Asp Val Ala Asn Gly Arg Phe Ala Glu			
	195	200	205
Val Val Gly Gln Val Lys Val Val Lys Ser Phe Val Ala Glu Thr Arg			
	210	215	220
Glu Leu Ala Asp Phe Gly Gly Arg Tyr Gly Lys Thr Val Ala Ile Thr			
225	230	235	240
Arg Pro Gln Ser Gly Trp Trp His Arg Met Asp Thr Leu Arg Gly Ala			
	245	250	255
Ala Leu Asn Ile Ile Phe Leu Ala Ile His Leu Leu Ile Phe Tyr Arg			
	260	265	270
Thr Leu His Gly His Phe Thr Ile Gly Asp Met Val Met Leu Ile Gln			
	275	280	285
Leu Val Thr Met Ala Gln Gln Pro Val Tyr Met Met Ser Tyr Ile Val			
	290	295	300
Asp Ser Ala Gln Arg Ala Ile Ala Gly Ser Arg Asp Tyr Phe Glu Val			
305	310	315	320
Met Ala Gln Gln Val Glu Pro Thr Ala Asn Lys Glu Leu Val Asp Ala			
	325	330	335
Thr Leu Ala Ser Asp Thr Pro Arg Ile Ser Val Gly Thr Pro Ala Ala			
	340	345	350
Leu Pro Ala Gly Glu Pro Ala Met Glu Phe Lys Asn Val Thr Phe Ala			
	355	360	365
Tyr Glu Glu Gly Lys Pro Val Ile Ser Asp Val Ser Ile Thr Ala Arg			
	370	375	380
His Gly Glu Arg Ile Ala Leu Val Gly Glu Ser Gly Gly Gly Lys Ser			
385	390	395	400
Thr Leu Val Asn Leu Leu Leu Gly Leu Tyr Lys Pro Asn Ser Gly Ser			
	405	410	415
Leu Ala Val Cys Gly Val Asp Val Lys Asp Leu Thr Ser Glu Glu Leu			
	420	425	430
Arg Ala Ser Val Gly Val Val Phe Gln Asp Ala Ser Leu Phe Ser Gly			
	435	440	445

Ser Ile Ala Glu Asn Ile Ala Tyr Gly Arg Pro Gly Ala Thr Arg Glu
450 455 460

Glu Ile Ile Glu Val Ala Lys Lys Ala Asn Ala His Glu Phe Ile Ser
465 470 475 480

Ala Phe Pro Glu Gly Tyr Glu Thr Val Val Gly Glu Arg Gly Leu Lys
485 490 495

Leu Ser Gly Gly Gln Lys Gln Arg Val Ser Val Ala Arg Ala Met Leu
500 505 510

Lys Asp Ala Pro Leu Leu Val Leu Asp Glu Ala Thr Ser Ala Leu Asp
515 520 525

Thr Lys Ser Glu Gln Ala Val Gln Ala Gly Leu Glu Gln Leu Met Glu
530 535 540

Asn Arg Thr Thr Leu Met Ile Ala His Arg Leu Ser Thr Ile Ala Gly
545 550 555 560

Val Asp Thr Ile Val Thr Ile Gln Asn Gly Arg Val Glu Glu Val Gly
565 570 575

Ser Pro Thr Glu Leu Ala Val Ser Gly Gly Ile Tyr Ser Glu Leu Leu
580 585 590

Arg Leu Thr Asn Ser Thr Ala Glu Ala Asp Arg Glu Arg Leu Arg Ala
595 600 605

Phe Gly Phe Thr Gly Asp Ala Pro Ala Glu Glu Glu Asp
610 615 620

<210> 343
<211> 1713
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1690)
<223> RXN01191

<400> 343
cgctgctttc acgcaactga aaccgcaccg gatcaagtta tttgggggttg ttcctttgttg 60
cgtgttggtg gccgtcgcg ggttggtagg gccctgggcg gtg ggt gga ctc gtc 115
Val Gly Gly Leu Val

1 5
gat aag ctc ctt gca acc ccg agc atg cgc gac gtt gta gtg ttc gcg 163
Asp Lys Leu Leu Ala Thr Pro Ser Met Arg Asp Val Val Val Phe Ala

10 15 20
ctg ctt atc gtg gct ggc ggc gtt gtt tcg agc ctg ggc acg tgg tgg 211
Leu Leu Ile Val Ala Gly Gly Val Val Ser Ser Leu Gly Thr Trp Trp

25	30	35	
ggc agc gcg ctg atg gcg cgc gcg ttg gag ccg gcg atc gcg ggg ctg	259		
Gly Ser Ala Leu Met Ala Arg Ala Leu Glu Pro Ala Ile Ala Gly Leu			
40	45	50	
cgc gag gat gtg ttg cgc gcg gcg gtg agt ttg gat gcg aac acg att	307		
Arg Glu Asp Val Leu Arg Ala Ala Val Ser Leu Asp Ala Asn Thr Ile			
55	60	65	
gaa acg gcg ggg cgc ggc gac gtg att tcg cgt atc gcg gat gat tcg	355		
Glu Thr Ala Gly Arg Gly Asp Val Ile Ser Arg Ile Ala Asp Asp Ser			
70	75	80	85
cgg gag gtg tcc act gcg gcg agc acc gtg gtg ccg ctg atg gtg cag	403		
Arg Glu Val Ser Thr Ala Ala Ser Thr Val Val Pro Leu Met Val Gln			
90	95	100	
gcg ggc ttt acc gtg gtg att tcc gcg ttt ggc atg gcg gcg gtt gat	451		
Ala Gly Phe Thr Val Val Ile Ser Ala Phe Gly Met Ala Ala Val Asp			
105	110	115	
tgg cgc ctc ggc ctt gtc ggt ttg gtc gcg atc ccg ctg tat tgg acc	499		
Trp Arg Leu Gly Leu Val Gly Leu Val Ala Ile Pro Leu Tyr Trp Thr			
120	125	130	
acg ttg cgc gtc tat tta ccc cgc tca ggt ccg ctt tat acg cgt gag	547		
Thr Leu Arg Val Tyr Leu Pro Arg Ser Gly Pro Leu Tyr Thr Arg Glu			
135	140	145	
cgc gag gcc ttt ggg gtg cgc acg cag ccg ctt gtc ggc gca gtc gaa	595		
Arg Glu Ala Phe Gly Val Arg Thr Gln Arg Leu Val Gly Ala Val Glu			
150	155	160	165
ggc gcg gaa acc ttg cgc gct ttc cgc gca gaa gat aca gaa tta aag	643		
Gly Ala Glu Thr Leu Arg Ala Phe Arg Ala Glu Asp Thr Glu Leu Lys			
170	175	180	
cgt atc gac gca gcc tcc ggc gaa gcc gcg gac att tcc att tct gtt	691		
Arg Ile Asp Ala Ala Ser Gly Glu Ala Arg Asp Ile Ser Ile Ser Val			
185	190	195	
ttc agg ttc ctc aca tgg gca ttt tcc cgc aac aac gcg gcg gaa tgc	739		
Phe Arg Phe Leu Thr Trp Ala Phe Ser Arg Asn Asn Arg Ala Glu Cys			
200	205	210	
atc acc ctc gtg ctc atc ttg ggc acc ggc ttt tac ctg gtc aac atc	787		
Ile Thr Leu Val Leu Ile Leu Gly Thr Gly Phe Tyr Leu Val Asn Ile			
215	220	225	
gat ctg gtc acc gtc ggc gca gtc tca acc gcc gca ctg atc ttc cac	835		
Asp Leu Val Thr Val Gly Ala Val Ser Thr Ala Ala Leu Ile Phe His			
230	235	240	245
cga ctc ttc ggt cca atc ggc acg ctc gtg ggc atg ttc tcc gac atc	883		
Arg Leu Phe Gly Pro Ile Gly Thr Leu Val Gly Met Phe Ser Asp Ile			

250	255	260	
caa tcc gcc agc gca tcg ctg atc cgc atg gtg ggc gtt att aac gcg			931
Gln Ser Ala Ser Ala Ser Leu Ile Arg Met Val Gly Val Ile Asn Ala			
265	270	275	
gca tcg aac cag gtc agc ggc acc tcg ccg gcg tct gcc agc acc gct			979
Ala Ser Asn Gln Val Ser Gly Thr Ser Pro Ala Ser Ala Ser Thr Ala			
280	285	290	
tta acg ctt ttc gac gtc tcc cac cac tat cac act gca ccc gtc atc			1027
Leu Thr Leu Phe Asp Val Ser His His Tyr His Thr Ala Pro Val Ile			
295	300	305	
aag aat gca tcc gtg cag ctg gaa cca ggg gaa cac atc gcc att gtg			1075
Lys Asn Ala Ser Val Gln Leu Glu Pro Gly Glu His Ile Ala Ile Val			
310	315	320	325
ggt gcg acc ggc gct ggt aaa agc acg ctc gcc ctc att gcg gca ggc			1123
Gly Ala Thr Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Gly			
330	335	340	
ctg ctc agc cca act tcc ggg cag gtg gct ctc ggc gga tcg agt ttt			1171
Leu Leu Ser Pro Thr Ser Gly Gln Val Ala Leu Gly Gly Ser Ser Phe			
345	350	355	
tct aac gtc gaa ccg gaa gca ttg cgc cag aag atc gcg atg gtc agc			1219
Ser Asn Val Glu Pro Glu Ala Leu Arg Gln Lys Ile Ala Met Val Ser			
360	365	370	
caa gaa atc cac tgc ttc cga gga tct gtt tta gat aat ctt cgt atc			1267
Gln Glu Ile His Cys Phe Arg Gly Ser Val Leu Asp Asn Leu Arg Ile			
375	380	385	
gca 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> 344

<211> 530

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 344

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
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
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
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> 345

<211> 1430

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1407)

<223> FRXA01191

<400> 345

gtg agt ttg gat gcg aac acg att gaa acg gcg ggg cgc ggc gac gtg 48
Val Ser Leu Asp Ala Asn Thr Ile Glu Thr Ala Gly Arg Gly Asp Val

1 5 10 15
att tcg cgt atc gcg gat gat tcg cgg gag gtg tcc act gcg gcg agc 96
Ile Ser Arg Ile Ala Asp Asp Ser Arg Glu Val Ser Thr Ala Ala Ser

20 25 30
acc gtg gtg cgg ctg atg gtg cag gcg ggc ttt acc gtg gtg att tcc 144
Thr Val Val Pro Leu Met Val Gln Ala Gly Phe Thr Val Val Ile Ser

35 40 45
gcg ttt ggc atg gcg gcg gtt gat tgg cgc ctc ggc ctt gtc ggt ttg 192
Ala Phe Gly Met Ala Ala Val Asp Trp Arg Leu Gly Leu Val Gly Leu

50 55 60
gtc gcg atc cgg ctg tat tgg acc acg ttg cgc gtc tat tta ccc cgc 240
Val Ala Ile Pro Leu Tyr Trp Thr Thr Leu Arg Val Tyr Leu Pro Arg

65 70 75 80
tca ggt ccg ctt tat acg cgt gag cgc gag gcc ttt ggg gtg cgc acg 288
Ser Gly Pro Leu Tyr Thr Arg Glu Arg Glu Ala Phe Gly Val Arg Thr

85 90 95
cag cgg ctt gtc ggc gca gtc gaa ggc gcg gaa acc ttg cgc gct ttc 336
Gln Arg Leu Val Gly Ala Val Glu Gly Ala Glu Thr Leu Arg Ala Phe

100 105 110
cgc gca gaa gat aca gaa tta aag cgt atc gac gca gcc tcc ggc gaa 384
Arg Ala Glu Asp Thr Glu Leu Lys Arg Ile Asp Ala Ala Ser Gly Glu

115	120	125	
gcc cgc gac att tcc att tct gtt ttc agg ttc ctc aca tgg gca ttt			432
Ala Arg Asp Ile Ser Ile Ser Val Phe Arg Phe Leu Thr Trp Ala Phe			
130	135	140	
tcc cgc aac aac cgc gcg gaa tgc atc acc ctc gtg ctc atc ttg ggc			480
Ser Arg Asn Asn Arg Ala Glu Cys Ile Thr Leu Val Leu Ile Leu Gly			
145	150	155	160
acc ggc ttt tac ctg gtc aac atc gat ctg gtc acc gtc ggc gca gtc			528
Thr Gly Phe Tyr Leu Val Asn Ile Asp Leu Val Thr Val Gly Ala Val			
165	170	175	
tca acc gcc gca ctg atc ttc cac cga ctc ttc ggt cca atc ggc acg			576
Ser Thr Ala Ala Leu Ile Phe His Arg Leu Phe Gly Pro Ile Gly Thr			
180	185	190	
ctc gtg ggc atg ttc tcc gac atc caa tcc gcc agc gca tcg ctg atc			624
Leu Val Gly Met Phe Ser Asp Ile Gln Ser Ala Ser Ala Ser Leu Ile			
195	200	205	
cgc atg gtg ggc gtt att aac gcg gca tcg aac cag gtc agc ggc acc			672
Arg Met Val Gly Val Ile Asn Ala Ala Ser Asn Gln Val Ser Gly Thr			
210	215	220	
tcg ccg gcg tct gcc agc acc gct tta acg ctt ttc gac gtc tcc cac			720
Ser Pro Ala Ser Ala Ser Thr Ala Leu Thr Leu Phe Asp Val Ser His			
225	230	235	240
cac tat cac act gca ccc gtc atc aag aat gca tcc gtg cag ctg gaa			768
His Tyr His Thr Ala Pro Val Ile Lys Asn Ala Ser Val Gln Leu Glu			
245	250	255	
cca ggg gaa cac atc gcc att gtg ggt gcg acc ggc gct ggt aaa agc			816
Pro Gly Glu His Ile Ala Ile Val Gly Ala Thr Gly Ala Gly Lys Ser			
260	265	270	
acg ctc gcc ctc att gcg gca ggc ctg ctc agc cca act tcc ggg cag			864
Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Gly Leu Leu Ser Pro Thr Ser Gly Gln			
275	280	285	
gtg gct ctc ggc gga tcg agt ttt tct aac gtc gaa ccg gaa gca ttg			912
Val Ala Leu Gly Gly Ser Ser Phe Ser Asn Val Glu Pro Glu Ala Leu			
290	295	300	
cgc cag aag atc gcg atg gtc agc caa gaa atc cac tgc ttc cga gga			960
Arg Gln Lys Ile Ala Met Val Ser Gln Glu Ile His Cys Phe Arg Gly			
305	310	315	320
tct gtt tta gat aat ctt cgt atc gca cgc ccc gaa gcc acc gat gcg			1008
Ser Val Leu Asp Asn Leu Arg Ile Ala Arg Pro Glu Ala Thr Asp Ala			
325	330	335	
gac atc cac gcc gtt ctc gcc gat att ggt gat tcc tgg ttg gag cgc			1056
Asp Ile His Ala Val Leu Ala Asp Ile Gly Asp Ser Trp Leu Glu Arg			

340 345 350
 tta ccg caa ggc ata gac acc atc gtg ggt gat ggc gct ttc cgt tta 1104
 Leu Pro Gln Gly Ile Asp Thr Ile Val Gly Asp Gly Ala Phe Arg Leu

 355 360 365
 acc tct gtg gaa aac cag atc atg gcg ctt gct cgc gta cat ttg gcc 1152
 Thr Ser Val Glu Asn Gln Ile Met Ala Leu Ala Arg Val His Leu Ala

 370 375 380
 gac cta gca atc gtc atc ctt gat gaa gca acg gct gaa tca ggc tct 1200
 Asp Leu Ala Ile Val Ile Leu Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ser Gly Ser

 385 390 395 400
 gat cat gca aaa cag ctt gaa gat gca gcc ctt aaa gtc act gaa aac 1248
 Asp His Ala Lys Gln Leu Glu Asp Ala Ala Leu Lys Val Thr Glu Asn

 405 410 415
 aga tca gcc atc atc gtg gct cac cgc ctc aac caa gcg aaa acc gcc 1296
 Arg Ser Ala Ile Ile Val Ala His Arg Leu Asn Gln Ala Lys Thr Ala

 420 425 430
 gat cgc atc atc gtc atg gac tcc gga gaa atc ata gaa tct gga acc 1344
 Asp Arg Ile Ile Val Met Asp Ser Gly Glu Ile Ile Glu Ser Gly Thr

 435 440 445
 cat gaa gag ctt cga gcg atc ggc ggt cga tat gaa caa ctg tgg act 1392
 His Glu Glu Leu Arg Ala Ile Gly Gly Arg Tyr Glu Gln Leu Trp Thr

 450 455 460
 gcg tgg tct gcg cgc taattagcca cccaagacca cgc 1430
 Ala Trp Ser Ala Arg

465

<210> 346

<211> 469

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 346

Val Ser Leu Asp Ala Asn Thr Ile Glu Thr Ala Gly Arg Gly Asp Val
 1 5 10 15

Ile Ser Arg Ile Ala Asp Asp Ser Arg Glu Val Ser Thr Ala Ala Ser
 20 25 30

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

Ala Phe Gly Met Ala Ala Val Asp Trp Arg Leu Gly Leu Val Gly Leu
 50 55 60

Val Ala Ile Pro Leu Tyr Trp Thr Thr Leu Arg Val Tyr Leu Pro Arg

65	70	75	80
Ser Gly Pro Leu Tyr Thr Arg Glu Arg Glu Ala Phe Gly Val Arg Thr	85	90	95
Gln Arg Leu Val Gly Ala Val Glu Gly Ala Glu Thr Leu Arg Ala Phe	100	105	110
Arg Ala Glu Asp Thr Glu Leu Lys Arg Ile Asp Ala Ala Ser Gly Glu	115	120	125
Ala Arg Asp Ile Ser Ile Ser Val Phe Arg Phe Leu Thr Trp Ala Phe	130	135	140
Ser Arg Asn Asn Arg Ala Glu Cys Ile Thr Leu Val Leu Ile Leu Gly	145	150	155
Thr Gly Phe Tyr Leu Val Asn Ile Asp Leu Val Thr Val Gly Ala Val	165	170	175
Ser Thr Ala Ala Leu Ile Phe His Arg Leu Phe Gly Pro Ile Gly Thr	180	185	190
Leu Val Gly Met Phe Ser Asp Ile Gln Ser Ala Ser Ala Ser Leu Ile	195	200	205
Arg Met Val Gly Val Ile Asn Ala Ala Ser Asn Gln Val Ser Gly Thr	210	215	220
Ser Pro Ala Ser Ala Ser Thr Ala Leu Thr Leu Phe Asp Val Ser His	225	230	235
His Tyr His Thr Ala Pro Val Ile Lys Asn Ala Ser Val Gln Leu Glu	245	250	255
Pro Gly Glu His Ile Ala Ile Val Gly Ala Thr Gly Ala Gly Lys Ser	260	265	270
Thr Leu Ala Leu Ile Ala Ala Gly Leu Leu Ser Pro Thr Ser Gly Gln	275	280	285
Val Ala Leu Gly Gly Ser Ser Phe Ser Asn Val Glu Pro Glu Ala Leu	290	295	300
Arg Gln Lys Ile Ala Met Val Ser Gln Glu Ile His Cys Phe Arg Gly	305	310	315
Ser Val Leu Asp Asn Leu Arg Ile Ala Arg Pro Glu Ala Thr Asp Ala	325	330	335
Asp Ile His Ala Val Leu Ala Asp Ile Gly Asp Ser Trp Leu Glu Arg	340	345	350
Leu Pro Gln Gly Ile Asp Thr Ile Val Gly Asp Gly Ala Phe Arg Leu	355	360	365
Thr Ser Val Glu Asn Gln Ile Met Ala Leu Ala Arg Val His Leu Ala	370	375	380

Asp Leu Ala Ile Val Ile Leu Asp Glu Ala Thr Ala Glu Ser Gly Ser
385 390 395 400

Asp His Ala Lys Gln Leu Glu Asp Ala Ala Leu Lys Val Thr Glu Asn
405 410 415

Arg Ser Ala Ile Ile Val Ala His Arg Leu Asn Gln Ala Lys Thr Ala
420 425 430

Asp Arg Ile Ile Val Met Asp Ser Gly Glu Ile Ile Glu Ser Gly Thr
435 440 445

His Glu Glu Leu Arg Ala Ile Gly Gly Arg Tyr Glu Gln Leu Trp Thr
450 455 460

Ala Trp Ser Ala Arg
465

<210> 347

<211> 1047

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1024)

<223> RXN01212

<400> 347

tttagaagcc acatgacata tgatcatgaaa attatgtgca aagtcagta atactcctga 60
catatggctc taccagcgcc aatgcgaagt aggaagaatt atg cct atg aca acg 115
Met Pro Met Thr Thr

1 5
aca cca gca atc gac gta aca gac ctc gtg aga acc tac ggc gac tac 163
Thr Pro Ala Ile Asp Val Thr Asp Leu Val Arg Thr Tyr Gly Asp Tyr

10 15 20
acc gca gtc aag ggc ctg aat ttc cat gta cag cgc ggt gaa gta ttt 211
Thr Ala Val Lys Gly Leu Asn Phe His Val Gln Arg Gly Glu Val Phe

25 30 35
ggc ctg ctc ggc acc aac ggg gcc ggc aaa acc tcc acc ttg gaa gtc 259
Gly Leu Leu Gly Thr Asn Gly Ala Gly Lys Thr Ser Thr Leu Glu Val

40 45 50
atc gaa gga ctt tcc gca ccc agc tcc ggc acc gtg cgc atc tcc ggg 307
Ile Glu Gly Leu Ser Ala Pro Ser Ser Gly Thr Val Arg Ile Ser Gly

55 60 65
ctt gac ccc gtt gcc gac cgc gcg atc ctg cgc ccc gag ctc ggc atc 355
Leu Asp Pro Val Ala Asp Arg Ala Ile Leu Arg Pro Glu Leu Gly Ile

70 75 80 85
atg ctg caa tca ggc ggc ctg cca tca cag ctc acc gtc gcc gaa acc 403

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

90 95 100
atg gac atg tgg cac ggc acc tgc acg tat ccg cgc gcc att aaa gat 451
Met Asp Met Trp His Gly Thr Cys Thr Tyr Pro Arg Ala Ile Lys Asp

105 110 115
gtg ctt gcc gac gtc gac ctc cta cac cgc gaa aac gtc aag gtc ggc 499
Val Leu Ala Asp Val Asp Leu Leu His Arg Glu Asn Val Lys Val Gly

120 125 130
gcg ctt tcc gga ggc gaa caa cga cgc ctt gat ttg gcc tgc gca ctg 547
Ala Leu Ser Gly Gly Glu Gln Arg Arg Leu Asp Leu Ala Cys Ala Leu

135 140 145
ctt ggc gac ccc tca att ttg ttc ctc gac gaa ccc acc acc ggc ctc 595
Leu Gly Asp Pro Ser Ile Leu Phe Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Leu

150 155 160 165
gac cca gaa tct agg cgc cac acc tgg caa ctc ctg ctg gac ctg aaa 643
Asp Pro Glu Ser Arg Arg His Thr Trp Gln Leu Leu Leu Asp Leu Lys

170 175 180
cag cgc ggc gtc acc atg atg ctg acc acc cac tac ctg gag gaa gcc 691
Gln Arg Gly Val Thr Met Met Leu Thr Thr His Tyr Leu Glu Glu Ala

185 190 195
gaa ttc ctc tgc gac cgg att gcc atc atg aac gcc ggt gag atc gca 739
Glu Phe Leu Cys Asp Arg Ile Ala Ile Met Asn Ala Gly Glu Ile Ala

200 205 210
gtg gaa ggc acc ttg gat gaa ctg gtg gcc cgc gag aag tcg atc atc 787
Val Glu Gly Thr Leu Asp Glu Leu Val Ala Arg Glu Lys Ser Ile Ile

215 220 225
agt ttc gtg ctg cgt ggc ggg cag gtg gag ttg ccg gtc ttg agt ggg 835
Ser Phe Val Leu Arg Gly Gly Gln Val Glu Leu Pro Val Leu Ser Gly

230 235 240 245
gct gaa atc atc cgc gac aac aac cac gtc cgc atc gcc acc acc acc 883
Ala Glu Ile Ile Arg Asp Asn Asn His Val Arg Ile Ala Thr Thr Thr

250 255 260
ctg cag cag cac acc tta gaa ata ctt acc tgg gct gca gag acc ggg 931
Leu Gln Gln His Thr Leu Glu Ile Leu Thr Trp Ala Ala Glu Thr Gly

265 270 275
atc cgc ctg gaa ggc ttc gct gca aaa ccc gcc acc ttg gaa tcc gta 979
Ile Ala Leu Glu Gly Phe Ala Ala Lys Pro Ala Thr Leu Glu Ser Val

280 285 290
ttc atg gac atc gcc tca ctc gag aac acc tcg ctg caa acc gcc 1024
Phe Met Asp Ile Ala Ser Leu Glu Asn Thr Ser Leu Gln Thr Ala

295 300 305

tagaatcttt aaggagacca caa

1047

<210> 348

<211> 308

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 348

Met Pro Met Thr Thr Thr Pro Ala Ile Asp Val Thr Asp Leu Val Arg
1 5 10 15

Thr Tyr Gly Asp Tyr Thr Ala Val Lys Gly Leu Asn Phe His Val Gln
20 25 30

Arg Gly Glu Val Phe Gly Leu Leu Gly Thr Asn Gly Ala Gly Lys Thr
35 40 45

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

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

Pro Glu Leu Gly Ile Met Leu Gln Ser Gly Gly Leu Pro Ser Gln Leu
85 90 95

Thr Val Ala Glu Thr Met Asp Met Trp His Gly Thr Cys Thr Tyr Pro
100 105 110

Arg Ala Ile Lys Asp Val Leu Ala Asp Val Asp Leu Leu His Arg Glu
115 120 125

Asn Val Lys Val Gly Ala Leu Ser Gly Gly Glu Gln Arg Arg Leu Asp
130 135 140

Leu Ala Cys Ala Leu Leu Gly Asp Pro Ser Ile Leu Phe Leu Asp Glu
145 150 155 160

Pro Thr Thr Gly Leu Asp Pro Glu Ser Arg Arg His Thr Trp Gln Leu
165 170 175

Leu Leu Asp Leu Lys Gln Arg Gly Val Thr Met Met Leu Thr Thr His
180 185 190

Tyr Leu Glu Glu Ala Glu Phe Leu Cys Asp Arg Ile Ala Ile Met Asn
195 200 205

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

Glu Lys Ser Ile Ile Ser Phe Val Leu Arg Gly Gly Gln Val Glu Leu
225 230 235 240

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

Ile Ala Thr Thr Thr Leu Gln Gln His Thr Leu Glu Ile Leu Thr Trp
260 265 270

Ala Ala Glu Thr Gly Ile Ala Leu Glu Gly Phe Ala Ala Lys Pro Ala
275 280 285

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

Leu Gln Thr Ala
305

<210> 349

<211> 813

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(813)

<223> FRXA01212

<400> 349

ggc ctg aat ttc cat gta cag cgc ggt gaa gta ttt ggt ctg ctc ggc 48
Gly Leu Asn Phe His Val Gln Arg Gly Glu Val Phe Gly Leu Leu Gly

1 5 10 15
acc aac ggg gcc ggc aaa acc tcc acc ttg gaa gtc atc gaa gga ctt 96
Thr Asn Gly Ala Gly Lys Thr Ser Thr Leu Glu Val Ile Glu Gly Leu

20 25 30
tcc gca ccc agc tcc ggc acc gtg cgc atc tcc ggg ctt gac ccc gtt 144
Ser Ala Pro Ser Ser Gly Thr Val Arg Ile Ser Gly Leu Asp Pro Val

35 40 45
gcc gac cgc gcg atc ctg cgc ccc gag ctc ggc atc atg ctg caa tca 192
Ala Asp Arg Ala Ile Leu Arg Pro Glu Leu Gly Ile Met Leu Gln Ser

50 55 60
ggc ggc ctg cca tca cag ctc acc gtc gcc gaa acc atg gac atg tgg 240
Gly Gly Leu Pro Ser Gln Leu Thr Val Ala Glu Thr Met Asp Met Trp

65 70 75 80
cac ggc acc tgc acg tat ccg cgc gcc att aaa gat gtg ctt gcc gac 288
His Gly Thr Cys Thr Tyr Pro Arg Ala Ile Lys Asp Val Leu Ala Asp

85 90 95
gtc gac ctc cta cac cgc gaa aac gtc aag gtc ggc gcg ctt tcc gga 336
Val Asp Leu Leu His Arg Glu Asn Val Lys Val Gly Ala Leu Ser Gly

100 105 110
ggc gaa caa cga cgc ctt gat ttg gcc tgc gca ctg ctt ggc gac ccc 384
Gly Glu Gln Arg Arg Leu Asp Leu Ala Cys Ala Leu Leu Gly Asp Pro

115	120	125	
tca att ttg ttc ctc gac gaa ccc acc acc ggc ctc gac cca gaa tct			432
Ser Ile Leu Phe Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Leu Asp Pro Glu Ser			
130	135	140	
agg cgc cac acc tgg caa ctc ctg ctg gac ctg aaa cag cgc ggc gtc			480
Arg Arg His Thr Trp Gln Leu Leu Leu Asp Leu Lys Gln Arg Gly Val			
145	150	155	160
acc atg atg ctg acc acc cac tac ctg gag gaa gcc gaa ttc ctc tgc			528
Thr Met Met Leu Thr Thr His Tyr Leu Glu Glu Ala Glu Phe Leu Cys			
165	170	175	
gac cgg att gcc atc atg aac gcc ggt gag atc gca gtg gaa ggc acc			576
Asp Arg Ile Ala Ile Met Asn Ala Gly Glu Ile Ala Val Glu Gly Thr			
180	185	190	
ttg gat gaa ctg gtg gcc cgc gag aag tgc atc atc agt ttc gtg ctg			624
Leu Asp Glu Leu Val Ala Arg Glu Lys Ser Ile Ile Ser Phe Val Leu			
195	200	205	
cgt ggc ggg cag gtg gag ttg ccg gtc ttg agt ggg gct gaa atc atc			672
Arg Gly Gly Gln Val Glu Leu Pro Val Leu Ser Gly Ala Glu Ile Ile			
210	215	220	
cgc gac aac aac cac gtc cgc atc gcc acc acc acc ctg cag cag cac			720
Arg Asp Asn Asn His Val Arg Ile Ala Thr Thr Thr Leu Gln Gln His			
225	230	235	240
acc tta gaa ata ctt acc tgg gct gca gag acc ggg atc gcg ctg gaa			768
Thr Leu Glu Ile Leu Thr Trp Ala Ala Glu Thr Gly Ile Ala Leu Glu			
245	250	255	
ggc ttc gct gca aaa ccc gcc acc ttg gaa tcc gta ttc atg gac			813
Gly Phe Ala Ala Lys Pro Ala Thr Leu Glu Ser Val Phe Met Asp			
260	265	270	

<210> 350
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 350
 Gly Leu Asn Phe His Val Gln Arg Gly Glu Val Phe Gly Leu Leu Gly
 1 5 10 15
 Thr Asn Gly Ala Gly Lys Thr Ser Thr Leu Glu Val Ile Glu Gly Leu
 20 25 30
 Ser Ala Pro Ser Ser Gly Thr Val Arg Ile Ser Gly Leu Asp Pro Val
 35 40 45
 Ala Asp Arg Ala Ile Leu Arg Pro Glu Leu Gly Ile Met Leu Gln Ser

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

<210> 351

<211> 999

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(976)

<223> RXA02749

<400> 351

caacctagac ttcgtaaga agtaactttg ctttagttgg tcggcgcatc actttcccta 60
 agcgtatgcgc cgattacttg tttttgctac aaatttaact atg tca ccc atc cta 115
 Met Ser Pro Ile Leu

aaa gtg cgg gac ctc gtc aaa cgc tat ggc gac acc gtt gcg gtt gac	1	5	163
Lys Val Arg Asp Leu Val Lys Arg Tyr Gly Asp Thr Val Ala Val Asp			
ggt tta aat ttt gat gtt tca caa ggg gaa att ttt gcc ttt cta ggg	10	15	20
Gly Leu Asn Phe Asp Val Ser Gln Gly Glu Ile Phe Ala Phe Leu Gly			211
gag aac ggc gca gga aaa aca acc acg att tca tgc ctg att ggc att	25	30	35
Glu Asn Gly Ala Gly Lys Thr Thr Thr Ile Ser Cys Leu Ile Gly Ile			259
gat caa gcc acc tct ggg gag atc gaa ctg cag ggt ggc caa gta gat	40	45	50
Asp Gln Ala Thr Ser Gly Glu Ile Glu Leu Gln Gly Gly Gln Val Asp			307
tct gaa aaa ctt gga gtg gtg ttt caa caa tcc gtc tta gac cct ttg	55	60	65
Ser Glu Lys Leu Gly Val Val Phe Gln Gln Ser Val Leu Asp Pro Leu			355
ctg agt gcc aaa gaa aac ttg gaa aca cgc gga cag ctg tac cca ggg	70	75	80
Leu Ser Ala Lys Glu Asn Leu Glu Thr Arg Gly Gln Leu Tyr Pro Gly			403
gtg ggg aag cag cgg gtt gca cag ctc att gag caa atc ggg atg gaa	90	95	100
Val Gly Lys Gln Arg Val Ala Gln Leu Ile Glu Gln Ile Gly Met Glu			451
ggg ttt gcg gac cgc cga tac gga gtg ttg tgc ggc ggt gaa aaa cgt	105	110	115
Gly Phe Ala Asp Arg Arg Tyr Gly Val Leu Ser Gly Gly Glu Lys Arg			499
cgc acc gac atc gca cga gct tta ctg cac agc cca gac att ctt ttt	120	125	130
Arg Thr Asp Ile Ala Arg Ala Leu Leu His Ser Pro Asp Ile Leu Phe			547
ctt gat gaa ccc aca gca ggc ctc gac ccc aga tca cga cgc caa gtt	135	140	145
Leu Asp Glu Pro Thr Ala Gly Leu Asp Pro Arg Ser Arg Arg Gln Val			595
tgg gac acc atc aat tcc ctg cgt aac gat gtg ggc ctc act gtc ttt	150	155	160
Trp Asp Thr Ile Asn Ser Leu Arg Asn Asp Val Gly Leu Thr Val Phe			643
ttg acc act cac tac atg gaa gaa aca gaa ctg gct gat tca gtt cta	170	175	180
Leu Thr Thr His Tyr Met Glu Glu Thr Glu Leu Ala Asp Ser Val Leu			691
atc att gac cgt ggc aaa gag gtc gca tca gga acc ccg atg gaa ctg	185	190	195
Ile Ile Asp Arg Gly Lys Glu Val Ala Ser Gly Thr Pro Met Glu Leu			739
cgc gcc cgt tac acc aca aca gaa ttg act ctt aga aca aac gac cct	200	205	210
Arg Ala Arg Tyr Thr Thr Thr Glu Leu Thr Leu Arg Thr Asn Asp Pro			787

215 220 225
act cat tcg ggt aaa gag ttg gcc cac ttg agc cca gaa atc gac ggt 835
Thr His Ser Gly Lys Glu Leu Ala His Leu Ser Pro Glu Ile Asp Gly

230 235 240 245
gac cga ctg cgg atc aag ttg gaa aat ggg ctc gaa gct gcg cgc ctg 883
Asp Arg Leu Arg Ile Lys Leu Glu Asn Gly Leu Glu Ala Ala Arg Leu

250 255 260
gca aca gaa cta gat ggg gtt ctc gac gta gag atc cgc cac ggt tcc 931
Ala Thr Glu Leu Asp Gly Val Leu Asp Val Glu Ile Arg His Gly Ser

265 270 275
atg gac gat gta ttt cta gca gtt aca gct gaa cgg aaa cga tca 976
Met Asp Asp Val Phe Leu Ala Val Thr Ala Glu Arg Lys Arg Ser

280 285 290
tgattacagt tctgacacgc aga 999

<210> 352
<211> 292
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 352
Met Ser Pro Ile Leu Lys Val Arg Asp Leu Val Lys Arg Tyr Gly Asp
1 5 10 15

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

Phe Ala Phe Leu Gly Glu Asn Gly Ala Gly Lys Thr Thr Thr Ile Ser
35 40 45

Cys Leu Ile Gly Ile Asp Gln Ala Thr Ser Gly Glu Ile Glu Leu Gln
50 55 60

Gly Gly Gln Val Asp Ser Glu Lys Leu Gly Val Val Phe Gln Gln Ser
65 70 75 80

Val Leu Asp Pro Leu Leu Ser Ala Lys Glu Asn Leu Glu Thr Arg Gly
85 90 95

Gln Leu Tyr Pro Gly Val Gly Lys Gln Arg Val Ala Gln Leu Ile Glu
100 105 110

Gln Ile Gly Met Glu Gly Phe Ala Asp Arg Arg Tyr Gly Val Leu Ser
115 120 125

Gly Gly Glu Lys Arg Arg Thr Asp Ile Ala Arg Ala Leu Leu His Ser
130 135 140

Pro Asp Ile Leu Phe Leu Asp Glu Pro Thr Ala Gly Leu Asp Pro Arg
145 150 155 160

Ser Arg Arg Gln Val Trp Asp Thr Ile Asn Ser Leu Arg Asn Asp Val
165 170 175

Gly Leu Thr Val Phe Leu Thr Thr His Tyr Met Glu Glu Thr Glu Leu
180 185 190

Ala Asp Ser Val Leu Ile Ile Asp Arg Gly Lys Glu Val Ala Ser Gly
195 200 205

Thr Pro Met Glu Leu Arg Ala Arg Tyr Thr Thr Thr Glu Leu Thr Leu
210 215 220

Arg Thr Asn Asp Pro Thr His Ser Gly Lys Glu Leu Ala His Leu Ser
225 230 235 240

Pro Glu Ile Asp Gly Asp Arg Leu Arg Ile Lys Leu Glu Asn Gly Leu
245 250 255

Glu Ala Ala Arg Leu Ala Thr Glu Leu Asp Gly Val Leu Asp Val Glu
260 265 270

Ile Arg His Gly Ser Met Asp Asp Val Phe Leu Ala Val Thr Ala Glu
275 280 285

Arg Lys Arg Ser
290

<210> 353

<211> 1920

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1897)

<223> RXA02224

<400> 353

gcttcgtcga ggccgga aaa ccgtcgtcat tacgtcgaac ccgacgtggc acggcgtcgc 60
aaagcagatg caatctgatt ttctggaagg ggtgaagtag atg gcg cag cat gag 115
Met Ala Gln His Glu

1 5
cgc gtt gcg gat gcg ctg cag ccg gcg tgc ttg gcg gag tgc tgg cgt 163
Arg Val Ala Asp Ala Leu Gln Pro Ala Ser Leu Ala Glu Ser Trp Arg

10 15 20
gag ctg aaa acg atg cct tgc ggg ccc aag gcc tgg tgg tat gtg agt 211
Glu Leu Lys Thr Met Pro Ser Gly Pro Lys Ala Trp Trp Tyr Val Ser

25 30 35
ttc gtg gtt att agc gtg gtc acg gtc gtg gcg atg gtc ggc acg tcc 259
Phe Val Val Ile Ser Val Val Thr Val Val Ala Met Val Gly Thr Ser

40

45

50

aac ttg ttg ggc tat tcc gtt gat ctg atc aat ggg cag tcg ttg ccg 307
 Asn Leu Leu Gly Tyr Ser Val Asp Leu Ile Asn Gly Gln Ser Leu Pro

55 60 65
 ctg atc ggt tca gga tcg acc gca atg atc tgg ttg ctt ggt ttg gtg 355
 Leu Ile Gly Ser Gly Ser Thr Ala Met Ile Trp Leu Leu Gly Leu Val

70 75 80 85
 ggc gct gga att tta gca gaa act gcc ggt cgc gcg ctg ctg caa ttg 403
 Gly Ala Gly Ile Leu Ala Glu Thr Ala Gly Arg Ala Leu Leu Gln Leu

90 95 100
 gtg atc aac acc ttg gca cgt cgc ctg tcg gtg gat ctg cgg aaa gct 451
 Val Ile Asn Thr Leu Ala Arg Arg Leu Ser Val Asp Leu Arg Lys Ala

105 110 115
 gcg ctg tct tcg gcg ttg cgt gca ccg gtt cct gat gtc atg gaa ttg 499
 Ala Leu Ser Ser Ala Leu Arg Ala Pro Val Pro Asp Val Met Glu Leu

120 125 130
 ggc acg gga aac gtg att agc cgc ctg acg caa gac atc gat aac act 547
 Gly Thr Gly Asn Val Ile Ser Arg Leu Thr Gln Asp Ile Asp Asn Thr

135 140 145
 gtg cgc atc gtc ggc atg gta ggt gtg cgt ttg gtg atc acc att ttg 595
 Val Arg Ile Val Gly Met Val Gly Val Arg Leu Val Ile Thr Ile Leu

150 155 160 165
 att ctg ccc agc tcc ttg ttc gcg ttg atg acc att cac tgg acc ttt 643
 Ile Leu Pro Ser Ser Leu Phe Ala Leu Met Thr Ile His Trp Thr Phe

170 175 180
 gtg atc ctg ttc atc gca gtg att gtg gtg ctg att ccc agc ggt cgg 691
 Val Ile Leu Phe Ile Ala Val Ile Val Val Leu Ile Pro Ser Gly Arg

185 190 195
 aaa gcc gtg cga gct att cct tcg gca aca aat att gtg tcc agt acg 739
 Lys Ala Val Arg Ala Ile Pro Ser Ala Thr Asn Ile Val Ser Ser Thr

200 205 210
 gag gcg cgt cga aac aat ctg ctc ctc gat acg atc cgt ggc att gaa 787
 Glu Ala Arg Arg Asn Asn Leu Leu Leu Asp Thr Ile Arg Gly Ile Glu

215 220 225
 aca ctg cgt gtg ctc aag ctc ggt gcg tgg ggt gtg cag cgg atg cgc 835
 Thr Leu Arg Val Leu Lys Leu Gly Ala Trp Gly Val Gln Arg Met Arg

230 235 240 245
 caa gcg tcg tgg act gcg gtg caa gca aca gct gat cgc gcg ccg att 883
 Gln Ala Ser Trp Thr Ala Val Gln Ala Thr Ala Asp Arg Ala Pro Ile

250 255 260
 ttc act cgt ctg ctc gcc ctt ggt tcg att gct tat ggc ctg ctg cta 931
 Phe Thr Arg Leu Leu Ala Leu Gly Ser Ile Ala Tyr Gly Leu Leu Leu

265 270 275

att ggc gtg ttt ggg ctc agt gcg ttt tgg gtt gcc cag gat gcg atg 979
Ile Gly Val Phe Gly Leu Ser Ala Phe Trp Val Ala Gln Asp Ala Met

280 285 290
agc att gga gcg gca acg gca gca gtt ttc gtg gtt gtg cgc atg gaa 1027
Ser Ile Gly Ala Ala Thr Ala Ala Val Phe Val Val Val Arg Met Glu

295 300 305
att cac gtg ttc aac gtg ctg ttc ttc gca tcg gaa att cag agt gcg 1075
Ile His Val Phe Asn Val Leu Phe Phe Ala Ser Glu Ile Gln Ser Ala

310 315 320 325
tct act tct ctt ggt cgc gcg gtg tcc ctt gcc cag atg gct cgt cgc 1123
Ser Thr Ser Leu Gly Arg Ala Val Ser Leu Ala Gln Met Ala Arg Arg

330 335 340
acc gaa cag ctg tct gag tct gcc gat tgc aca gaa cca ccc tcc gtg 1171
Thr Glu Gln Leu Ser Glu Ser Ala Asp Cys Thr Glu Pro Pro Ser Val

345 350 355
act gtg cag gac gtg acg ttt aaa tat ccc ggc ggc gtg gcc att ttg 1219
Thr Val Gln Asp Val Thr Phe Lys Tyr Pro Gly Gly Val Ala Ile Leu

360 365 370
gag gat ttc aat ctg gtc ttg gaa gca gga aca acc aca gcg ctg gtc 1267
Glu Asp Phe Asn Leu Val Leu Glu Ala Gly Thr Thr Thr Ala Leu Val

375 380 385
ggt act tct ggt gcg gga aaa tcc acg ctc gcg ggc gtc att gcg ggg 1315
Gly Thr Ser Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ala Gly Val Ile Ala Gly

390 395 400 405
ctg cag cgc cct gat tcc ggc gcc gtt ttg gtc ggg ggc atc aac acc 1363
Leu Gln Arg Pro Asp Ser Gly Ala Val Leu Val Gly Gly Ile Asn Thr

410 415 420
gcc acc gtc acc gac acg tgg act acc cgc cag gtt gcg ctg atc agc 1411
Ala Thr Val Thr Asp Thr Trp Thr Thr Arg Gln Val Ala Leu Ile Ser

425 430 435
cag gaa gtc cac ctt ttc gca ggc act ctg gca gag gat ctt cgc atg 1459
Gln Glu Val His Leu Phe Ala Gly Thr Leu Ala Glu Asp Leu Arg Met

440 445 450
gcc aat gcg cac gcc acc gac gcg cag ctc cac gca gcg ctc gag tcg 1507
Ala Asn Ala His Ala Thr Asp Ala Gln Leu His Ala Ala Leu Glu Ser

455 460 465
gtc ggg ctc ggg caa atg aca act gct ttt cga cgt ttc ttt cca tcc 1555
Val Gly Leu Gly Gln Met Thr Thr Ala Phe Arg Arg Phe Phe Pro Ser

470 475 480 485
gga tta gac acc aaa att ggc gcc ggc gca gaa gaa ctc acc cct gaa 1603
Gly Leu Asp Thr Lys Ile Gly Ala Gly Ala Glu Glu Leu Thr Pro Glu

490 495 500

atc caa cag caa atc tct ctt gcc cgc atc gtg ctc cgc aat cca cct 1651
Ile Gln Gln Gln Ile Ser Leu Ala Arg Ile Val Leu Arg Asn Pro Pro

505 510 515
gtg ttg atc atg gat gaa gcc acc agt gaa gcc ggc agc gat gat gcc 1699
Val Leu Ile Met Asp Glu Ala Thr Ser Glu Ala Gly Ser Asp Asp Ala

520 525 530
cgc atg ttg gaa aaa gcc gcc aca gaa atc gca cga aac cgc acc acc 1747
Arg Met Leu Glu Lys Ala Ala Thr Glu Ile Ala Arg Asn Arg Thr Thr

535 540 545
ttg gtt gtt gcg cac cgc ctt gac caa gca gtt gtc gca gat cgc atc 1795
Leu Val Val Ala His Arg Leu Asp Gln Ala Val Val Ala Asp Arg Ile

550 555 560 565
atc gtg atg gaa caa ggc aca atc acc gaa gac ggc act cac cag gaa 1843
Ile Val Met Glu Gln Gly Thr Ile Thr Glu Asp Gly Thr His Gln Glu

570 575 580
tta ctt gct ttt gag ggc cgc tac gcg cag ctg tat caa cga tgg agt 1891
Leu Leu Ala Phe Glu Gly Arg Tyr Ala Gln Leu Tyr Gln Arg Trp Ser

585 590 595
gct caa tagttcaaat ccaccacaaa ctc 1920
Ala Gln

<210> 354
<211> 599
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 354
Met Ala Gln His Glu Arg Val Ala Asp Ala Leu Gln Pro Ala Ser Leu
1 5 10 15
Ala Glu Ser Trp Arg Glu Leu Lys Thr Met Pro Ser Gly Pro Lys Ala
20 25 30
Trp Trp Tyr Val Ser Phe Val Val Ile Ser Val Val Thr Val Val Ala
35 40 45
Met Val Gly Thr Ser Asn Leu Leu Gly Tyr Ser Val Asp Leu Ile Asn
50 55 60
Gly Gln Ser Leu Pro Leu Ile Gly Ser Gly Ser Thr Ala Met Ile Trp
65 70 75 80
Leu Leu Gly Leu Val Gly Ala Gly Ile Leu Ala Glu Thr Ala Gly Arg
85 90 95
Ala Leu Leu Gln Leu Val Ile Asn Thr Leu Ala Arg Arg Leu Ser Val

100	105	110
Asp Leu Arg Lys Ala Ala Leu Ser Ser Ala Leu Arg Ala Pro Val Pro		
115	120	125
Asp Val Met Glu Leu Gly Thr Gly Asn Val Ile Ser Arg Leu Thr Gln		
130	135	140
Asp Ile Asp Asn Thr Val Arg Ile Val Gly Met Val Gly Val Arg Leu		
145	150	155
160		
Val Ile Thr Ile Leu Ile Leu Pro Ser Ser Leu Phe Ala Leu Met Thr		
165	170	175
Ile His Trp Thr Phe Val Ile Leu Phe Ile Ala Val Ile Val Val Leu		
180	185	190
Ile Pro Ser Gly Arg Lys Ala Val Arg Ala Ile Pro Ser Ala Thr Asn		
195	200	205
Ile Val Ser Ser Thr Glu Ala Arg Arg Asn Asn Leu Leu Leu Asp Thr		
210	215	220
Ile Arg Gly Ile Glu Thr Leu Arg Val Leu Lys Leu Gly Ala Trp Gly		
225	230	235
240		
Val Gln Arg Met Arg Gln Ala Ser Trp Thr Ala Val Gln Ala Thr Ala		
245	250	255
Asp Arg Ala Pro Ile Phe Thr Arg Leu Leu Ala Leu Gly Ser Ile Ala		
260	265	270
Tyr Gly Leu Leu Leu Ile Gly Val Phe Gly Leu Ser Ala Phe Trp Val		
275	280	285
Ala Gln Asp Ala Met Ser Ile Gly Ala Ala Thr Ala Ala Val Phe Val		
290	295	300
Val Val Arg Met Glu Ile His Val Phe Asn Val Leu Phe Phe Ala Ser		
305	310	315
320		
Glu Ile Gln Ser Ala Ser Thr Ser Leu Gly Arg Ala Val Ser Leu Ala		
325	330	335
Gln Met Ala Arg Arg Thr Glu Gln Leu Ser Glu Ser Ala Asp Cys Thr		
340	345	350
Glu Pro Pro Ser Val Thr Val Gln Asp Val Thr Phe Lys Tyr Pro Gly		
355	360	365
Gly Val Ala Ile Leu Glu Asp Phe Asn Leu Val Leu Glu Ala Gly Thr		
370	375	380
Thr Thr Ala Leu Val Gly Thr Ser Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ala		
385	390	395
400		
Gly Val Ile Ala Gly Leu Gln Arg Pro Asp Ser Gly Ala Val Leu Val		
405	410	415

Gly Gly Ile Asn Thr Ala Thr Val Thr Asp Thr Trp Thr Thr Arg Gln
420 425 430

Val Ala Leu Ile Ser Gln Glu Val His Leu Phe Ala Gly Thr Leu Ala
435 440 445

Glu Asp Leu Arg Met Ala Asn Ala His Ala Thr Asp Ala Gln Leu His
450 455 460

Ala Ala Leu Glu Ser Val Gly Leu Gly Gln Met Thr Thr Ala Phe Arg
465 470 475 480

Arg Phe Phe Pro Ser Gly Leu Asp Thr Lys Ile Gly Ala Gly Ala Glu
485 490 495

Glu Leu Thr Pro Glu Ile Gln Gln Gln Ile Ser Leu Ala Arg Ile Val
500 505 510

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

Gly Ser Asp Asp Ala Arg Met Leu Glu Lys Ala Ala Thr Glu Ile Ala
530 535 540

Arg Asn Arg Thr Thr Leu Val Val Ala His Arg Leu Asp Gln Ala Val
545 550 555 560

Val Ala Asp Arg Ile Ile Val Met Glu Gln Gly Thr Ile Thr Glu Asp
565 570 575

Gly Thr His Gln Glu Leu Leu Ala Phe Glu Gly Arg Tyr Ala Gln Leu
580 585 590

Tyr Gln Arg Trp Ser Ala Gln
595

<210> 355
<211> 1653
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1630)
<223> RXN01602

<400> 355
tgcaggccac atgcctccca gtgccgtctc tgcacgttga ttttccctg ccacgactgg 60
tcgcaggcgc actttctagc acttttaaag gaattttta atg gct aaa acc cat 115
Met Ala Lys Thr His

1 5
att cgg tta cag gac ctt tcc ctg tca tac acc tca acc ccg tta att 163
Ile Arg Leu Gln Asp Leu Ser Leu Ser Tyr Thr Ser Thr Pro Leu Ile

10 15 20

acg aag ctc aat atc act gtt tct tct gga cag tgc gca gtg att gtt	211
Thr Lys Leu Asn Ile Thr Val Ser Ser Gly Gln Cys Ala Val Ile Val	
25 30 35	
ggt gag aat ggt cga ggt aaa acc aca ctt ctg cga gca ctg gct cga	259
Gly Glu Asn Gly Arg Gly Lys Thr Thr Leu Leu Arg Ala Leu Ala Arg	
40 45 50	
gaa ttc ccg cca tct gca ggt gag att ctc act cat ggc acg gta gca	307
Glu Phe Pro Pro Ser Ala Gly Glu Ile Leu Thr His Gly Thr Val Ala	
55 60 65	
att gct cat caa cac atg cct gca ggt gat ctg tcc gtc gga gag atc	355
Ile Ala His Gln His Met Pro Ala Gly Asp Leu Ser Val Gly Glu Ile	
70 75 80 85	
tgt gat gag gca att cgt gat tca aag aat gct ctc gaa gag ctt gag	403
Cys Asp Glu Ala Ile Arg Asp Ser Lys Asn Ala Leu Glu Glu Leu Glu	
90 95 100	
aga gct gga gct cta ctt gag aca aac act gcg cac gca ctt gat gga	451
Arg Ala Gly Ala Leu Leu Glu Thr Asn Thr Ala His Ala Leu Asp Gly	
105 110 115	
tat caa caa gcc ctt gat gcc gct gaa gtg ctt gac gca tgg aac gct	499
Tyr Gln Gln Ala Leu Asp Ala Ala Glu Val Leu Asp Ala Trp Asn Ala	
120 125 130	
gaa cat cga tta gaa aaa gct ctg cgc agc ttt ggc gcg atc acc gat	547
Glu His Arg Leu Glu Lys Ala Leu Arg Ser Phe Gly Ala Ile Thr Asp	
135 140 145	
aga tcc cgt gca ctc agt gag cta tcg atc ggg caa agg tat cgg gta	595
Arg Ser Arg Ala Leu Ser Glu Leu Ser Ile Gly Gln Arg Tyr Arg Val	
150 155 160 165	
cgg ctg gcc tgc ctc atc ggt ggc gat gct gat att ttg ctt ctc gat	643
Arg Leu Ala Cys Leu Ile Gly Gly Asp Ala Asp Ile Leu Leu Leu Asp	
170 175 180	
gaa ccc acc aat cat ctt gac cgg ggc gcg ctt aac tat ctc acc gaa	691
Glu Pro Thr Asn His Leu Asp Arg Gly Ala Leu Asn Tyr Leu Thr Glu	
185 190 195	
gcc ata acc tcc cac aaa ggt gtg gta ctt gtt gtt tct cat gat caa	739
Ala Ile Thr Ser His Lys Gly Val Val Leu Val Val Ser His Asp Gln	
200 205 210	
gca ctg atc aaa gat gtc gcg gat ttc atc atc gat att gat tca acc	787
Ala Leu Ile Lys Asp Val Ala Asp Phe Ile Ile Asp Ile Asp Ser Thr	
215 220 225	
cca gac ggc cta cca cgg atc tat cat gag ggt ttt gat tct tat cga	835
Pro Asp Gly Leu Pro Arg Ile Tyr His Glu Gly Phe Asp Ser Tyr Arg	

230	235	240	245	
cgc caa agg agt gcg ctt ctt gaa act tgg agg cag gat tat gcc gct				883
Arg Gln Arg Ser Ala Leu Leu Glu Thr Trp Arg Gln Asp Tyr Ala Ala				
	250	255	260	
	gca caa act gtg caa cag caa ttg cag gag gat cta gag cac gca cgc			931
	Ala Gln Thr Val Gln Gln Gln Leu Gln Glu Asp Leu Glu His Ala Arg			
	265	270	275	
	cag cgg gtg aat tct tcg tgg aaa cct cca aaa gga acg gga aaa cac			979
	Gln Arg Val Asn Ser Ser Trp Lys Pro Pro Lys Gly Thr Gly Lys His			
	280	285	290	
	act cgc gca tct cgg gct ccc gga gtg gtg cag gcc tta aag cga gca			1027
	Thr Arg Ala Ser Arg Ala Pro Gly Val Val Gln Ala Leu Lys Arg Ala			
	295	300	305	
	cag gat gcg ttg gat agc aaa gcg ttg gac gtt ccc ccg gct ccg gcc			1075
	Gln Asp Ala Leu Asp Ser Lys Ala Leu Asp Val Pro Pro Ala Pro Ala			
	310	315	320	325
	cca ttg ctt ctg cct acc ttg aaa gtg cga cca gat aaa ccc atg gtg			1123
	Pro Leu Leu Leu Pro Thr Leu Lys Val Arg Pro Asp Lys Pro Met Val			
	330	335	340	
	gac ttt tcg gac ctt ttt gta ccc cac gcg ttg cgt ctg cca ggc tca			1171
	Asp Phe Ser Asp Leu Phe Val Pro His Arg Leu Arg Leu Pro Gly Ser			
	345	350	355	
	cat tca gtg gta tca ggt gac aaa ata gtg atc act ggt gac aac ggc			1219
	His Ser Val Val Ser Gly Asp Lys Ile Val Ile Thr Gly Asp Asn Gly			
	360	365	370	
	gct ggc aaa tca acg ctc atc gaa gtc ttg tct ggg gtt ttg act ccg			1267
	Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ile Glu Val Leu Ser Gly Val Leu Thr Pro			
	375	380	385	
	gca agt ggt tcg gtt gca aac cat gcc cga act ggg gtt ctc ggc caa			1315
	Ala Ser Gly Ser Val Ala Asn His Ala Arg Thr Gly Val Leu Gly Gln			
	390	395	400	405
	gaa tca ctt gtc ggc gag gtg cca tca ata gca cga gat cac gca gtt			1363
	Glu Ser Leu Val Gly Glu Val Pro Ser Ile Ala Arg Asp His Ala Val			
	410	415	420	
	aag tgg gga ctt tta agt gtt gag gag agc cga ttt gcc cta cag gaa			1411
	Lys Trp Gly Leu Leu Ser Val Glu Glu Ser Arg Phe Ala Leu Gln Glu			
	425	430	435	
	ttc tca att ggt caa cgc aga aga cta gat ttg gcc atg tcg tta gct			1459
	Phe Ser Ile Gly Gln Arg Arg Arg Leu Asp Leu Ala Met Ser Leu Ala			
	440	445	450	
	ggc aat cct gaa ctg ttg ctt ctc gat gaa cct tcg aac cat ctg tct			1507
	Gly Asn Pro Glu Leu Leu Leu Leu Asp Glu Pro Ser Asn His Leu Ser			

455 460 465
atg cac ttg gtt tcc gca ctt aca gag tgg ctg gac acg acc gcg gct 1555
Met His Leu Val Ser Ala Leu Thr Glu Trp Leu Asp Thr Thr Ala Ala

470 475 480 485
gca gtg atc atg gta acg cat gat cga cag cta ctc cgc gat acg gct 1603
Ala Val Ile Met Val Thr His Asp Arg Gln Leu Leu Arg Asp Thr Ala

490 495 500
cat tgg agg cac atc gag ttg aaa tct taagaattcg caaggccttt 1650
His Trp Arg His Ile Glu Leu Lys Ser

505 510
cac 1653

<210> 356
<211> 510
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 356
Met Ala Lys Thr His Ile Arg Leu Gln Asp Leu Ser Leu Ser Tyr Thr
1 5 10 15
Ser Thr Pro Leu Ile Thr Lys Leu Asn Ile Thr Val Ser Ser Gly Gln
20 25 30
Cys Ala Val Ile Val Gly Glu Asn Gly Arg Gly Lys Thr Thr Leu Leu
35 40 45
Arg Ala Leu Ala Arg Glu Phe Pro Pro Ser Ala Gly Glu Ile Leu Thr
50 55 60
His Gly Thr Val Ala Ile Ala His Gln His Met Pro Ala Gly Asp Leu
65 70 75 80
Ser Val Gly Glu Ile Cys Asp Glu Ala Ile Arg Asp Ser Lys Asn Ala
85 90 95
Leu Glu Glu Leu Glu Arg Ala Gly Ala Leu Leu Glu Thr Asn Thr Ala
100 105 110
His Ala Leu Asp Gly Tyr Gln Gln Ala Leu Asp Ala Ala Glu Val Leu
115 120 125
Asp Ala Trp Asn Ala Glu His Arg Leu Glu Lys Ala Leu Arg Ser Phe
130 135 140
Gly Ala Ile Thr Asp Arg Ser Arg Ala Leu Ser Glu Leu Ser Ile Gly
145 150 155 160
Gln Arg Tyr Arg Val Arg Leu Ala Cys Leu Ile Gly Gly Asp Ala Asp
165 170 175
Ile Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Asn His Leu Asp Arg Gly Ala Leu

180	185	190
Asn Tyr Leu Thr Glu Ala Ile Thr Ser His Lys Gly Val Val Leu Val		
195	200	205
Val Ser His Asp Gln Ala Leu Ile Lys Asp Val Ala Asp Phe Ile Ile		
210	215	220
Asp Ile Asp Ser Thr Pro Asp Gly Leu Pro Arg Ile Tyr His Glu Gly		
225	230	235
Phe Asp Ser Tyr Arg Arg Gln Arg Ser Ala Leu Leu Glu Thr Trp Arg		
245	250	255
Gln Asp Tyr Ala Ala Ala Gln Thr Val Gln Gln Gln Leu Gln Glu Asp		
260	265	270
Leu Glu His Ala Arg Gln Arg Val Asn Ser Ser Trp Lys Pro Pro Lys		
275	280	285
Gly Thr Gly Lys His Thr Arg Ala Ser Arg Ala Pro Gly Val Val Gln		
290	295	300
Ala Leu Lys Arg Ala Gln Asp Ala Leu Asp Ser Lys Ala Leu Asp Val		
305	310	315
Pro Pro Ala Pro Ala Pro Leu Leu Leu Pro Thr Leu Lys Val Arg Pro		
325	330	335
Asp Lys Pro Met Val Asp Phe Ser Asp Leu Phe Val Pro His Arg Leu		
340	345	350
Arg Leu Pro Gly Ser His Ser Val Val Ser Gly Asp Lys Ile Val Ile		
355	360	365
Thr Gly Asp Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Ile Glu Val Leu Ser		
370	375	380
Gly Val Leu Thr Pro Ala Ser Gly Ser Val Ala Asn His Ala Arg Thr		
385	390	395
Gly Val Leu Gly Gln Glu Ser Leu Val Gly Glu Val Pro Ser Ile Ala		
405	410	415
Arg Asp His Ala Val Lys Trp Gly Leu Leu Ser Val Glu Glu Ser Arg		
420	425	430
Phe Ala Leu Gln Glu Phe Ser Ile Gly Gln Arg Arg Arg Leu Asp Leu		
435	440	445
Ala Met Ser Leu Ala Gly Asn Pro Glu Leu Leu Leu Leu Asp Glu Pro		
450	455	460
Ser Asn His Leu Ser Met His Leu Val Ser Ala Leu Thr Glu Trp Leu		
465	470	475
Asp Thr Thr Ala Ala Ala Val Ile Met Val Thr His Asp Arg Gln Leu		
485	490	495

Leu Arg Asp Thr Ala His Trp Arg His Ile Glu Leu Lys Ser
500 505 510

<210> 357
<211> 879
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(856)
<223> RXN02515

<400> 357
gtggctaagc acagttactt ggccaagctg ggcggcagaa aaaccggccc agctaatact 60
tcagtttaaa attcgcttca accctgaaag attgtgacag atg agc act ctt gaa 115
Met Ser Thr Leu Glu

1 5
atc cgt aac ctg cac gca cag gtc ctg ccg tcc gat gag tcc gct gag 163
Ile Arg Asn Leu His Ala Gln Val Leu Pro Ser Asp Glu Ser Ala Glu

10 15 20
cct aag gaa atc ctc aag ggc gtc aac ctc acc atc aac tct ggt gag 211
Pro Lys Glu Ile Leu Lys Gly Val Asn Leu Thr Ile Asn Ser Gly Glu

25 30 35
atc cac gcc atc atg ggc cct aac ggt tcc ggc aag tcc act ctt gct 259
Ile His Ala Ile Met Gly Pro Asn Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Ala

40 45 50
tac acc ctt ggt gga cac cca cgc tac gag gta acc gca ggc gag gtc 307
Tyr Thr Leu Gly Gly His Pro Arg Tyr Glu Val Thr Ala Gly Glu Val

55 60 65
ctc ctc gac ggc gag aac atc ctg gag atg gaa gtt gat gag cgt gca 355
Leu Leu Asp Gly Glu Asn Ile Leu Glu Met Glu Val Asp Glu Arg Ala

70 75 80 85
cgc gct ggt ctc ttc ctg gcc atg cag tat cca act gaa atc cct ggc 403
Arg Ala Gly Leu Phe Leu Ala Met Gln Tyr Pro Thr Glu Ile Pro Gly

90 95 100
gtt tcc gtt gct aac ttc ctg cgt tcc gca gcg acc gca atc cgc ggc 451
Val Ser Val Ala Asn Phe Leu Arg Ser Ala Ala Thr Ala Ile Arg Gly

105 110 115
gag gct cct aag ctt cgc gag tgg gtt aag gaa gtc cgc acc gct cag 499
Glu Ala Pro Lys Leu Arg Glu Trp Val Lys Glu Val Arg Thr Ala Gln

120 125 130
gaa gct ctg gca att gac cct gag ttc tcc aac cgc tca gtc aac gaa 547
Glu Ala Leu Ala Ile Asp Pro Glu Phe Ser Asn Arg Ser Val Asn Glu

135 140 145
 ggt ttc tcc ggt ggc gag aag aag cgc cac gag gtt ctg cag ctt gat 595
 Gly Phe Ser Gly Gly Glu Lys Lys Arg His Glu Val Leu Gln Leu Asp

 150 155 160 165
 ctg ctg aag cca aag ttc gcg atc atg gat gag acc gac tcc ggc ctt 643
 Leu Leu Lys Pro Lys Phe Ala Ile Met Asp Glu Thr Asp Ser Gly Leu

 170 175 180
 gac gtg gat gca ctg cgc att gtt tcc gag ggc atc aac tcc tac aag 691
 Asp Val Asp Ala Leu Arg Ile Val Ser Glu Gly Ile Asn Ser Tyr Lys

 185 190 195
 cag gag acc gaa ggt ggc atc ttg atg atc acc cac tac aag cgc atc 739
 Gln Glu Thr Glu Gly Gly Ile Leu Met Ile Thr His Tyr Lys Arg Ile

 200 205 210
 ctc aac tac gtt aag cct gac ttc att cac gtt ttc gcg aat ggc cag 787
 Leu Asn Tyr Val Lys Pro Asp Phe Ile His Val Phe Ala Asn Gly Gln

 215 220 225
 att gtg acc acc ggt ggc gct gag ctt gct gac aag ctc gag gct gac 835
 Ile Val Thr Thr Gly Gly Ala Glu Leu Ala Asp Lys Leu Glu Ala Asp

 230 235 240 245
 ggc tac gac cag ttc atc aag taacatgtcc gatttcctca atg 879
 Gly Tyr Asp Gln Phe Ile Lys

250

<210> 358
 <211> 252
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 358
 Met Ser Thr Leu Glu Ile Arg Asn Leu His Ala Gln Val Leu Pro Ser
 1 5 10 15

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

 Ile Asn Ser Gly Glu Ile His Ala Ile Met Gly Pro Asn Gly Ser Gly
 35 40 45

 Lys Ser Thr Leu Ala Tyr Thr Leu Gly Gly His Pro Arg Tyr Glu Val
 50 55 60

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

 Val Asp Glu Arg Ala Arg Ala Gly Leu Phe Leu Ala Met Gln Tyr Pro
 85 90 95

 Thr Glu Ile Pro Gly Val Ser Val Ala Asn Phe Leu Arg Ser Ala Ala

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

<210> 359

<211> 1386

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1363)

<223> RXN00525

<400> 359

ccatcgtgtt tattactcac aacctgagc ttgctgatga atctgatcgg gtggtcacca 60
 tgggtgacgg gcgcatcatt gggctctgagg tgaacactc atg agc ctt gca gaa 115
 Met Ser Leu Ala Glu

	1	5	
tca att ctt ttg gcg ctc acc agc ctg aga agc aac aag atg cgt gca			163
Ser Ile Leu Leu Ala Leu Thr Ser Leu Arg Ser Asn Lys Met Arg Ala			

	10	15	20	
ttg ttg acg ctg tta gga gtc atc att ggt atc gca tca gtc atc gga				211
Leu Leu Thr Leu Leu Gly Val Ile Ile Gly Ile Ala Ser Val Ile Gly				

	25	30	35	
att ttg acc att ggt aaa gcc ctg cag gat caa act ttg aat agt ttg				259

Ile Leu Thr Ile Gly Lys Ala Leu Gln Asp Gln Thr Leu Asn Ser Leu

40 45 50
gaa agc ttg ggc gcg aat gat ctg tcg gcg cag gtg gag gaa cgc ccc 307
Glu Ser Leu Gly Ala Asn Asp Leu Ser Ala Gln Val Glu Glu Arg Pro

55 60 65
gac gaa gat tcc ccc gaa ccc gat atg ttc gct ttt tct ggg gct gca 355
Asp Glu Asp Ser Pro Glu Pro Asp Met Phe Ala Phe Ser Gly Ala Ala

70 75 80 85
aac tct agt ggc aat ctg att ccg gaa gaa aca gtt gat acg ctg cgc 403
Asn Ser Ser Gly Asn Leu Ile Pro Glu Glu Thr Val Asp Thr Leu Arg

90 95 100
gat cgt ttc gca ggc agc atc acg gga atc agc gtt ggc gga atg ggt 451
Asp Arg Phe Ala Gly Ser Ile Thr Gly Ile Ser Val Gly Gly Met Gly

105 110 115
acg caa ggc act ctc atc ggc gac acc gca gat ctt aaa tcc gat ctc 499
Thr Gln Gly Thr Leu Ile Gly Asp Thr Ala Asp Leu Lys Ser Asp Leu

120 125 130
ctc ggc gtc aac gag gat tat atg tgg atg aat ggc gtc gaa atg aac 547
Leu Gly Val Asn Glu Asp Tyr Met Trp Met Asn Gly Val Glu Met Asn

135 140 145
tac ggc cgc gcc atc acg caa gac gat gtt gcc gct cag cgc ccc gtt 595
Tyr Gly Arg Ala Ile Thr Gln Asp Asp Val Ala Ala Gln Arg Pro Val

150 155 160 165
gcg gtc atc gcc cca gac acc ttt aat acg ctt ttc gac gca aac ccc 643
Ala Val Ile Ala Pro Asp Thr Phe Asn Thr Leu Phe Asp Ala Asn Pro

170 175 180
aac ctc gct ctg ggg tcc gaa gta gct ttt gaa ctc aac ggt caa gag 691
Asn Leu Ala Leu Gly Ser Glu Val Ala Phe Glu Leu Asn Gly Gln Glu

185 190 195
aca ttt ttg cgg gtt atc ggt gtg tat aaa gaa gcc gca gca ggt gga 739
Thr Phe Leu Arg Val Ile Gly Val Tyr Lys Glu Ala Ala Ala Gly Gly

200 205 210
ctt gtg gga agc aat cca acc gtc cac acc tac acc cca tat acg gtg 787
Leu Val Gly Ser Asn Pro Thr Val His Thr Tyr Thr Pro Tyr Thr Val

215 220 225
gcc aat gac atc acc cac acg gaa gat gga ttg aac acg tta agt atc 835
Ala Asn Asp Ile Thr His Thr Glu Asp Gly Leu Asn Thr Leu Ser Ile

230 235 240 245
cgt gca gct cag ggc gta gac cag gat tca ctt aag ggt tca ctg caa 883
Arg Ala Ala Gln Gly Val Asp Gln Asp Ser Leu Lys Gly Ser Leu Gln

250 255 260
acc tac ttc gac gcg ctg tac gcc aac aat gac tcg cac cac gtt gcc 931

Thr Tyr Phe Asp Ala Leu Tyr Ala Asn Asn Asp Ser His His Val Ala

265 270 275
atg ttg gac ttc cgt aaa cag atc gaa gag ttc aac acc att ctc ggc 979
Met Leu Asp Phe Arg Lys Gln Ile Glu Glu Phe Asn Thr Ile Leu Gly

280 285 290
gca atg agt ttg ggt atc tca gcc atc ggc gga att tcc ttg ctt gtc 1027
Ala Met Ser Leu Gly Ile Ser Ala Ile Gly Gly Ile Ser Leu Leu Val

295 300 305
ggg ggc atc gga gtg atg aac att atg ttg gtg tct gtc acc gag cga 1075
Gly Gly Ile Gly Val Met Asn Ile Met Leu Val Ser Val Thr Glu Arg

310 315 320 325
acc cgc gaa atc ggt gtc cga aaa gcc ctc ggc gct cgt cga cgt gac 1123
Thr Arg Glu Ile Gly Val Arg Lys Ala Leu Gly Ala Arg Arg Arg Asp

330 335 340
att cgc ctg caa ttc gtc gtt gaa gcc atg atc att tgt ttc atc ggt 1171
Ile Arg Leu Gln Phe Val Val Glu Ala Met Ile Ile Cys Phe Ile Gly

345 350 355
ggc atc ctc ggc gtg ctt ttg ggc ggc att ttg gga ttg atc atg tcc 1219
Gly Ile Leu Gly Val Leu Leu Gly Gly Ile Leu Gly Leu Ile Met Ser

360 365 370
agc gct att ggc tac att tcc ttg cca cca ctg agt gga atc gtg atc 1267
Ser Ala Ile Gly Tyr Ile Ser Leu Pro Pro Leu Ser Gly Ile Val Ile

375 380 385
gcc ttg gta ttt tcc atg gct atc ggc ctg ttt ttc ggc tac tac ccc 1315
Ala Leu Val Phe Ser Met Ala Ile Gly Leu Phe Phe Gly Tyr Tyr Pro

390 395 400 405
gcc aac aag gca gca aag ctc gat cca att gac gcc ttg cgt tat gag 1363
Ala Asn Lys Ala Ala Lys Leu Asp Pro Ile Asp Ala Leu Arg Tyr Glu

410 415 420
taaaagcctc gttttaagg tag 1386

<210> 360
<211> 421
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 360
Met Ser Leu Ala Glu Ser Ile Leu Leu Ala Leu Thr Ser Leu Arg Ser
1 5 10 15
Asn Lys Met Arg Ala Leu Leu Thr Leu Leu Gly Val Ile Ile Gly Ile
20 25 30
Ala Ser Val Ile Gly Ile Leu Thr Ile Gly Lys Ala Leu Gln Asp Gln

35	40	45
Thr Leu Asn Ser Leu Glu Ser Leu Gly Ala Asn Asp Leu Ser Ala Gln		
50	55	60
Val Glu Glu Arg Pro Asp Glu Asp Ser Pro Glu Pro Asp Met Phe Ala		
65	70	75
Phe Ser Gly Ala Ala Asn Ser Ser Gly Asn Leu Ile Pro Glu Glu Thr		
85	90	95
Val Asp Thr Leu Arg Asp Arg Phe Ala Gly Ser Ile Thr Gly Ile Ser		
100	105	110
Val Gly Gly Met Gly Thr Gln Gly Thr Leu Ile Gly Asp Thr Ala Asp		
115	120	125
Leu Lys Ser Asp Leu Leu Gly Val Asn Glu Asp Tyr Met Trp Met Asn		
130	135	140
Gly Val Glu Met Asn Tyr Gly Arg Ala Ile Thr Gln Asp Asp Val Ala		
145	150	155
Ala Gln Arg Pro Val Ala Val Ile Ala Pro Asp Thr Phe Asn Thr Leu		
165	170	175
Phe Asp Ala Asn Pro Asn Leu Ala Leu Gly Ser Glu Val Ala Phe Glu		
180	185	190
Leu Asn Gly Gln Glu Thr Phe Leu Arg Val Ile Gly Val Tyr Lys Glu		
195	200	205
Ala Ala Ala Gly Gly Leu Val Gly Ser Asn Pro Thr Val His Thr Tyr		
210	215	220
Thr Pro Tyr Thr Val Ala Asn Asp Ile Thr His Thr Glu Asp Gly Leu		
225	230	235
Asn Thr Leu Ser Ile Arg Ala Ala Gln Gly Val Asp Gln Asp Ser Leu		
245	250	255
Lys Gly Ser Leu Gln Thr Tyr Phe Asp Ala Leu Tyr Ala Asn Asn Asp		
260	265	270
Ser His His Val Ala Met Leu Asp Phe Arg Lys Gln Ile Glu Glu Phe		
275	280	285
Asn Thr Ile Leu Gly Ala Met Ser Leu Gly Ile Ser Ala Ile Gly Gly		
290	295	300
Ile Ser Leu Leu Val Gly Gly Ile Gly Val Met Asn Ile Met Leu Val		
305	310	315
Ser Val Thr Glu Arg Thr Arg Glu Ile Gly Val Arg Lys Ala Leu Gly		
325	330	335
Ala Arg Arg Arg Asp Ile Arg Leu Gln Phe Val Val Glu Ala Met Ile		
340	345	350

Ile Cys Phe Ile Gly Gly Ile Leu Gly Val Leu Leu Gly Gly Ile Leu
355 360 365

Gly Leu Ile Met Ser Ser Ala Ile Gly Tyr Ile Ser Leu Pro Pro Leu
370 375 380

Ser Gly Ile Val Ile Ala Leu Val Phe Ser Met Ala Ile Gly Leu Phe
385 390 395 400

Phe Gly Tyr Tyr Pro Ala Asn Lys Ala Ala Lys Leu Asp Pro Ile Asp
405 410 415

Ala Leu Arg Tyr Glu
420

<210> 361

<211> 1815

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1792)

<223> RXN02096

<400> 361

cgcttcgacg acctcaccca cagcgataac cgcaggaatc tcacgcgggt ttttgatgag 60
ccgttcttgt actcctcttc cataccgcga gaacatctcg atg ggt ttg gat gtc 115
Met Gly Leu Asp Val

1 5
agt gat gag cag atc gaa cac gca gcc agg ctt gcc cag gct cat gat 163
Ser Asp Glu Gln Ile Glu His Ala Ala Arg Leu Ala Gln Ala His Asp

10 15 20
ttt atc gat cgc ctt cca aac aaa tac gag gaa gtc att ggc gaa cgc 211
Phe Ile Asp Arg Leu Pro Asn Lys Tyr Glu Glu Val Ile Gly Glu Arg

25 30 35
ggc ctg acg ctt tct ggt ggt caa cgc caa cgc atc gcc ctc gca cgg 259
Gly Leu Thr Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Ile Ala Leu Ala Arg

40 45 50
gct ttc ctg gcg cat ccc aaa gtg ttg gtg ctt gat gat gcc acc tct 307
Ala Phe Leu Ala His Pro Lys Val Leu Val Leu Asp Asp Ala Thr Ser

55 60 65
gcc att gat gcc tcc act gag gac cgc att ttc cag gcc ttg cgc gaa 355
Ala Ile Asp Ala Ser Thr Glu Asp Arg Ile Phe Gln Ala Leu Arg Glu

70 75 80 85
gaa ctg cac gat gtc acc att ttg atc atc gcg cac cgc cac tcc act 403
Glu Leu His Asp Val Thr Ile Leu Ile Ile Ala His Arg His Ser Thr

90

95

100

ttg gag ctc ggc gat cgg gtt ggt ctg gtc gaa gat gga cgg gta aca	451
Leu Glu Leu Gly Asp Arg Val Gly Leu Val Glu Asp Gly Arg Val Thr	
105 110 115	
gca ctg gga ccg ttg agt gag atg cgt gat cac gct cgt ttc tcg cat	499
Ala Leu Gly Pro Leu Ser Glu Met Arg Asp His Ala Arg Phe Ser His	
120 125 130	
ctg atg gct ctt gat ttc cag gat tct cac gat ccg gaa ttc acc ctc	547
Leu Met Ala Leu Asp Phe Gln Asp Ser His Asp Pro Glu Phe Thr Leu	
135 140 145	
gac aac ggt tca cta ccc agc caa gag caa ttg tgg ccg gag gtc tcc	595
Asp Asn Gly Ser Leu Pro Ser Gln Glu Gln Leu Trp Pro Glu Val Ser	
150 155 160 165	
aca gaa aag cag tac aag att ctt gcg cct gcc cct ggt cga ggc cgt	643
Thr Glu Lys Gln Tyr Lys Ile Leu Ala Pro Ala Pro Gly Arg Gly Arg	
170 175 180	
ggc atg tcc atg cca gca acc cct gag ctg ctc gcc cag att gag gcg	691
Gly Met Ser Met Pro Ala Thr Pro Glu Leu Leu Ala Gln Ile Glu Ala	
185 190 195	
ctg cca gca gca acg gaa gaa aca cga gtt gat gcc ggg agg cta cgc	739
Leu Pro Ala Ala Thr Glu Glu Thr Arg Val Asp Ala Gly Arg Leu Arg	
200 205 210	
acc agt acc tcc ggt ttc aaa ttg ctc agt tta ttc aag cag gtc cgt	787
Thr Ser Thr Ser Gly Phe Lys Leu Leu Ser Leu Phe Lys Gln Val Arg	
215 220 225	
tgg ctc gtc gtc gcg gtc atc gcg ttg ttg ctg gtg ggc gta gcc gcc	835
Trp Leu Val Val Ala Val Ile Ala Leu Leu Leu Val Gly Val Ala Ala	
230 235 240 245	
gat cta gca ttt cca aca ctg atg cgc gca gcc atc gac aac ggt gtg	883
Asp Leu Ala Phe Pro Thr Leu Met Arg Ala Ala Ile Asp Asn Gly Val	
250 255 260	
caa gca caa agc acc tcc acg ttg tgg tgg atc gcc atc gca ggc agc	931
Gln Ala Gln Ser Thr Ser Thr Leu Trp Trp Ile Ala Ile Ala Gly Ser	
265 270 275	
gta gta gtc ctt ctg tcc tgg gcc gcc gcc gcg atc aac acg att atc	979
Val Val Val Leu Leu Ser Trp Ala Ala Ala Ala Ile Asn Thr Ile Ile	
280 285 290	
acg gca cgc acc ggt gaa cgg ctg ctt tac ggc ttg cgt ctg cgc tca	1027
Thr Ala Arg Thr Gly Glu Arg Leu Leu Tyr Gly Leu Arg Leu Arg Ser	
295 300 305	
ttt gtg cat cta ttg cgc ctg tcc atg agc tat ttc gaa cgc acc atg	1075
Phe Val His Leu Leu Arg Leu Ser Met Ser Tyr Phe Glu Arg Thr Met	

310	315	320	325	
tcc ggc cgc atc atg acg cgc atg acc acc gac atc gac aac ctc tcg				1123
Ser Gly Arg Ile Met Thr Arg Met Thr Thr Asp Ile Asp Asn Leu Ser				
	330	335	340	
tcc ttc ctc caa tca ggt ctg gcg caa aca gtt gtc tct gtg ggc acg				1171
Ser Phe Leu Gln Ser Gly Leu Ala Gln Thr Val Val Ser Val Gly Thr				
	345	350	355	
ctc atc ggt gtg gtc acc atg ctc gcc atc acc gac gca caa cta gca				1219
Leu Ile Gly Val Val Thr Met Leu Ala Ile Thr Asp Ala Gln Leu Ala				
	360	365	370	
ctc gtt gcg ctg tcc gtg gtg ccg atc atc atc gtg ctc act ctc att				1267
Leu Val Ala Leu Ser Val Val Pro Ile Ile Ile Val Leu Thr Leu Ile				
	375	380	385	
ttc cga cgc atc agc tcc agg ctg tac acc gct tca cgc gag caa gcc				1315
Phe Arg Arg Ile Ser Ser Arg Leu Tyr Thr Ala Ser Arg Glu Gln Ala				
	390	395	400	405
agc cag gtc aac gcg gta ttc cac gag tcc atc gcc ggt tta cgc acc				1363
Ser Gln Val Asn Ala Val Phe His Glu Ser Ile Ala Gly Leu Arg Thr				
	410	415	420	
gcg cag atg cac cgc atg gaa gac caa gtc ttt gac aat tat gcg ggc				1411
Ala Gln Met His Arg Met Glu Asp Gln Val Phe Asp Asn Tyr Ala Gly				
	425	430	435	
gaa gca gag gaa ttc cga cgc ctg cgt gtg aaa tcc cag acg gcc atc				1459
Glu Ala Glu Glu Phe Arg Arg Leu Arg Val Lys Ser Gln Thr Ala Ile				
	440	445	450	
gcc atc tac ttc ccc ggc ctt ggc gcg ctc tct gaa atc gcc cag gca				1507
Ala Ile Tyr Phe Pro Gly Leu Gly Ala Leu Ser Glu Ile Ala Gln Ala				
	455	460	465	
ctc gtc ctc ggt ttc ggc gca ctg caa gta acg cgc ggc gac atc tcc				1555
Leu Val Leu Gly Phe Gly Ala Leu Gln Val Thr Arg Gly Asp Ile Ser				
	470	475	480	485
acc ggc gta ctc gtg gca ttc gtg ctg tac atg ggc ctg atg ttc ggc				1603
Thr Gly Val Leu Val Ala Phe Val Leu Tyr Met Gly Leu Met Phe Gly				
	490	495	500	
ccc atc caa caa cta agc caa atc ttc gac tcc tac caa caa gcc gcc				1651
Pro Ile Gln Gln Leu Ser Gln Ile Phe Asp Ser Tyr Gln Gln Ala Ala				
	505	510	515	
gtc ggc ttc cgt cgc atc acc gaa ctg ctc gca acg cag ccc agc gtc				1699
Val Gly Phe Arg Arg Ile Thr Glu Leu Leu Ala Thr Gln Pro Ser Val				
	520	525	530	
cag atc tgg gca cca aca ggc acg cta ggc agg ctg cca cgc agc ctt				1747
Gln Ile Trp Ala Pro Thr Gly Thr Leu Gly Arg Leu Pro Arg Ser Leu				

535 540 545
tat tgc ttg acg acg tca cct tgc gct att cag acg atc cga tcc 1792
Tyr Cys Leu Thr Thr Ser Pro Ser Ala Ile Gln Thr Ile Arg Ser

550 555 560
tagacaacgt caccgtccag atc 1815

<210> 362
<211> 564
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 362
Met Gly Leu Asp Val Ser Asp Glu Gln Ile Glu His Ala Ala Arg Leu
1 5 10 15

Ala Gln Ala His Asp Phe Ile Asp Arg Leu Pro Asn Lys Tyr Glu Glu
20 25 30

Val Ile Gly Glu Arg Gly Leu Thr Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg
35 40 45

Ile Ala Leu Ala Arg Ala Phe Leu Ala His Pro Lys Val Leu Val Leu
50 55 60

Asp Asp Ala Thr Ser Ala Ile Asp Ala Ser Thr Glu Asp Arg Ile Phe
65 70 75 80

Gln Ala Leu Arg Glu Glu Leu His Asp Val Thr Ile Leu Ile Ile Ala
85 90 95

His Arg His Ser Thr Leu Glu Leu Gly Asp Arg Val Gly Leu Val Glu
100 105 110

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

Ala Arg Phe Ser His Leu Met Ala Leu Asp Phe Gln Asp Ser His Asp
130 135 140

Pro Glu Phe Thr Leu Asp Asn Gly Ser Leu Pro Ser Gln Glu Gln Leu
145 150 155 160

Trp Pro Glu Val Ser Thr Glu Lys Gln Tyr Lys Ile Leu Ala Pro Ala
165 170 175

Pro Gly Arg Gly Arg Gly Met Ser Met Pro Ala Thr Pro Glu Leu Leu
180 185 190

Ala Gln Ile Glu Ala Leu Pro Ala Ala Thr Glu Glu Thr Arg Val Asp
195 200 205

Ala Gly Arg Leu Arg Thr Ser Thr Ser Gly Phe Lys Leu Leu Ser Leu
210 215 220

Phe Lys Gln Val Arg Trp Leu Val Val Ala Val Ile Ala Leu Leu Leu

225 230 235 240
 Val Gly Val Ala Ala Asp Leu Ala Phe Pro Thr Leu Met Arg Ala Ala
 245 250 255
 Ile Asp Asn Gly Val Gln Ala Gln Ser Thr Ser Thr Leu Trp Trp Ile
 260 265 270
 Ala Ile Ala Gly Ser Val Val Val Leu Leu Ser Trp Ala Ala Ala Ala
 275 280 285
 Ile Asn Thr Ile Ile Thr Ala Arg Thr Gly Glu Arg Leu Leu Tyr Gly
 290 295 300
 Leu Arg Leu Arg Ser Phe Val His Leu Leu Arg Leu Ser Met Ser Tyr
 305 310 315 320
 Phe Glu Arg Thr Met Ser Gly Arg Ile Met Thr Arg Met Thr Thr Asp
 325 330 335
 Ile Asp Asn Leu Ser Ser Phe Leu Gln Ser Gly Leu Ala Gln Thr Val
 340 345 350
 Val Ser Val Gly Thr Leu Ile Gly Val Val Thr Met Leu Ala Ile Thr
 355 360 365
 Asp Ala Gln Leu Ala Leu Val Ala Leu Ser Val Val Pro Ile Ile Ile
 370 375 380
 Val Leu Thr Leu Ile Phe Arg Arg Ile Ser Ser Arg Leu Tyr Thr Ala
 385 390 395 400
 Ser Arg Glu Gln Ala Ser Gln Val Asn Ala Val Phe His Glu Ser Ile
 405 410 415
 Ala Gly Leu Arg Thr Ala Gln Met His Arg Met Glu Asp Gln Val Phe
 420 425 430
 Asp Asn Tyr Ala Gly Glu Ala Glu Glu Phe Arg Arg Leu Arg Val Lys
 435 440 445
 Ser Gln Thr Ala Ile Ala Ile Tyr Phe Pro Gly Leu Gly Ala Leu Ser
 450 455 460
 Glu Ile Ala Gln Ala Leu Val Leu Gly Phe Gly Ala Leu Gln Val Thr
 465 470 475 480
 Arg Gly Asp Ile Ser Thr Gly Val Leu Val Ala Phe Val Leu Tyr Met
 485 490 495
 Gly Leu Met Phe Gly Pro Ile Gln Gln Leu Ser Gln Ile Phe Asp Ser
 500 505 510
 Tyr Gln Gln Ala Ala Val Gly Phe Arg Arg Ile Thr Glu Leu Leu Ala
 515 520 525
 Thr Gln Pro Ser Val Gln Ile Trp Ala Pro Thr Gly Thr Leu Gly Arg
 530 535 540

Leu Pro Arg Ser Leu Tyr Cys Leu Thr Thr Ser Pro Ser Ala Ile Gln
545 550 555 560

Thr Ile Arg Ser

<210> 363

<211> 1203

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1180)

<223> RXN00412

<400> 363

cttttgacga acaccacgtc gcgtacgctt cctcggggcg ttaaactatt tgtcttcag 60
cttttgatccc ccgacttttg tacgaatcga ggacaccgtc gtg tca cac acc gcg 115
Val Ser His Thr Ala

1 5
tcc aca ccg acg cca gag gaa tac tcc gcg cag caa ccc agc acc cag 163
Ser Thr Pro Thr Pro Glu Glu Tyr Ser Ala Gln Gln Pro Ser Thr Gln

10 15 20
ggc act cgc gtt gag ttc cgc ggc ata acc aaa gtc ttt agc aac aat 211
Gly Thr Arg Val Glu Phe Arg Gly Ile Thr Lys Val Phe Ser Asn Asn

25 30 35
aaa tct gct aaa acc acc gcg ctt gat aat gtc act ctc acc gta gaa 259
Lys Ser Ala Lys Thr Thr Ala Leu Asp Asn Val Thr Leu Thr Val Glu

40 45 50
ccc ggt gag gta atc ggc atc atc ggt tac tct ggc gcc ggc aag tcc 307
Pro Gly Glu Val Ile Gly Ile Ile Gly Tyr Ser Gly Ala Gly Lys Ser

55 60 65
act ctt gtc cgc ctc atc aat ggc ctt gac tcc ccc acg agc ggt tcg 355
Thr Leu Val Arg Leu Ile Asn Gly Leu Asp Ser Pro Thr Ser Gly Ser

70 75 80 85
ttg ctg ctc aac ggc acc gac atc gtc gga atg ccc gag tct aag ctg 403
Leu Leu Leu Asn Gly Thr Asp Ile Val Gly Met Pro Glu Ser Lys Leu

90 95 100
cgt aaa ctg cgc agt aat atc ggc atg att ttc cag cag ttc aac ctg 451
Arg Lys Leu Arg Ser Asn Ile Gly Met Ile Phe Gln Gln Phe Asn Leu

105 110 115
ttc cag tcg cgt act gcg gct gga aat gtg gag tac ccg ctg gaa gtt 499
Phe Gln Ser Arg Thr Ala Ala Gly Asn Val Glu Tyr Pro Leu Glu Val

120 125 130
gcc aag atg gac aag gca gct cgt aaa gct cgc gtg caa gaa atg ctc 547

Ala Lys Met Asp Lys Ala Ala Arg Lys Ala Arg Val Gln Glu Met Leu

135 140 145
gag ttc gtc ggc ctg ggc gac aaa ggc aaa aac tac ccc gag cag ctg 595
Glu Phe Val Gly Leu Gly Asp Lys Gly Lys Asn Tyr Pro Glu Gln Leu

150 155 160 165
tcg ggc ggc cag aag cag cgc gtc ggc att gcc cgt gca ctg gcc acc 643
Ser Gly Gly Gln Lys Gln Arg Val Gly Ile Ala Arg Ala Leu Ala Thr

170 175 180
aat cca acg ctt ttg ctt gcc gac gaa gcc acc tcc gct ttg gac cca 691
Asn Pro Thr Leu Leu Leu Ala Asp Glu Ala Thr Ser Ala Leu Asp Pro

185 190 195
gaa acc acc cat gaa gtt ctg gag ctg ctg cgc aag gta aac cgc gaa 739
Glu Thr Thr His Glu Val Leu Glu Leu Leu Arg Lys Val Asn Arg Glu

200 205 210
ctg ggc atc acc atc gtt gtg atc acc cac gaa atg gaa gtt gtg cgt 787
Leu Gly Ile Thr Ile Val Val Ile Thr His Glu Met Glu Val Val Arg

215 220 225
tcc atc gca gac aag gtt gct gtg atg gaa tcc ggc aaa gtt gtg gaa 835
Ser Ile Ala Asp Lys Val Ala Val Met Glu Ser Gly Lys Val Val Glu

230 235 240 245
tac ggc agc gtc tac gag gtg ttc tcc aat cca caa aca cag gtt gct 883
Tyr Gly Ser Val Tyr Glu Val Phe Ser Asn Pro Gln Thr Gln Val Ala

250 255 260
caa aag ttc gtg gcc acc gcg ctg cgt aac acc cca gac caa gtg gaa 931
Gln Lys Phe Val Ala Thr Ala Leu Arg Asn Thr Pro Asp Gln Val Glu

265 270 275
tcg gaa gat ctg ctt agc cat gag gga cgt ctg ttc acc att gat ctg 979
Ser Glu Asp Leu Leu Ser His Glu Gly Arg Leu Phe Thr Ile Asp Leu

280 285 290
act gaa acg tcc ggc ttc ttt gca gca acc gct cgt gct gcc gaa caa 1027
Thr Glu Thr Ser Gly Phe Phe Ala Ala Thr Ala Arg Ala Ala Glu Gln

295 300 305
ggt gct ttt gtc aac atc gtt cac ggt ggc gtg acc acc ttg caa cgc 1075
Gly Ala Phe Val Asn Ile Val His Gly Gly Val Thr Thr Leu Gln Arg

310 315 320 325
caa tca ttt ggc aaa atg act gtt cga ctc acc ggc aac acc gct gcg 1123
Gln Ser Phe Gly Lys Met Thr Val Arg Leu Thr Gly Asn Thr Ala Ala

330 335 340
att gaa gag ttc tat caa acc ttg acc aag acc acg acc atc aag gag 1171
Ile Glu Glu Phe Tyr Gln Thr Leu Thr Lys Thr Thr Thr Ile Lys Glu

345 350 355
atc acc cga tgaacgagat gatcctcgca gct 1203

Ile Thr Arg

360

<210> 364

<211> 360

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 364

Val Ser His Thr Ala Ser Thr Pro Thr Pro Glu Glu Tyr Ser Ala Gln
1 5 10 15

Gln Pro Ser Thr Gln Gly Thr Arg Val Glu Phe Arg Gly Ile Thr Lys
20 25 30

Val Phe Ser Asn Asn Lys Ser Ala Lys Thr Thr Ala Leu Asp Asn Val
35 40 45

Thr Leu Thr Val Glu Pro Gly Glu Val Ile Gly Ile Ile Gly Tyr Ser
50 55 60

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

Pro Thr Ser Gly Ser Leu Leu Leu Asn Gly Thr Asp Ile Val Gly Met
85 90 95

Pro Glu Ser Lys Leu Arg Lys Leu Arg Ser Asn Ile Gly Met Ile Phe
100 105 110

Gln Gln Phe Asn Leu Phe Gln Ser Arg Thr Ala Ala Gly Asn Val Glu
115 120 125

Tyr Pro Leu Glu Val Ala Lys Met Asp Lys Ala Ala Arg Lys Ala Arg
130 135 140

Val Gln Glu Met Leu Glu Phe Val Gly Leu Gly Asp Lys Gly Lys Asn
145 150 155 160

Tyr Pro Glu Gln Leu Ser Gly Gly Gln Lys Gln Arg Val Gly Ile Ala
165 170 175

Arg Ala Leu Ala Thr Asn Pro Thr Leu Leu Leu Ala Asp Glu Ala Thr
180 185 190

Ser Ala Leu Asp Pro Glu Thr Thr His Glu Val Leu Glu Leu Leu Arg
195 200 205

Lys Val Asn Arg Glu Leu Gly Ile Thr Ile Val Val Ile Thr His Glu
210 215 220

Met Glu Val Val Arg Ser Ile Ala Asp Lys Val Ala Val Met Glu Ser
225 230 235 240

Gly Lys Val Val Glu Tyr Gly Ser Val Tyr Glu Val Phe Ser Asn Pro

245 250 255

Gln Thr Gln Val Ala Gln Lys Phe Val Ala Thr Ala Leu Arg Asn Thr
260 265 270

Pro Asp Gln Val Glu Ser Glu Asp Leu Leu Ser His Glu Gly Arg Leu
275 280 285

Phe Thr Ile Asp Leu Thr Glu Thr Ser Gly Phe Phe Ala Ala Thr Ala
290 295 300

Arg Ala Ala Glu Gln Gly Ala Phe Val Asn Ile Val His Gly Gly Val
305 310 315 320

Thr Thr Leu Gln Arg Gln Ser Phe Gly Lys Met Thr Val Arg Leu Thr
325 330 335

Gly Asn Thr Ala Ala Ile Glu Glu Phe Tyr Gln Thr Leu Thr Lys Thr
340 345 350

Thr Thr Ile Lys Glu Ile Thr Arg
355 360

<210> 365
<211> 798
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(775)
<223> RXN00411

<400> 365
catttggcaa aatgactgtt cgactcaccg gcaacaccgc tgcgattgaa gagttctatc 60
aaaccttgac caagaccacg accatcaagg agatcaccgc atg aac gag atg atc 115
Met Asn Glu Met Ile

1 5
ctc gca gct gac tgg aac cgg cta gga ccc acc ttc caa aca gcc atc 163
Leu Ala Ala Asp Trp Asn Arg Leu Gly Pro Thr Phe Gln Thr Ala Ile

10 15 20
att gac acc ctg ttg atg gtc atc atc acc atg gtg gtg gct ggc tta 211
Ile Asp Thr Leu Leu Met Val Ile Ile Thr Met Val Val Ala Gly Leu

25 30 35
ctg ggt ctt gtc gtc ggc ctg ctg ctt tac acc acc cgc gct ggt gga 259
Leu Gly Leu Val Val Gly Leu Leu Leu Tyr Thr Thr Arg Ala Gly Gly

40 45 50
atc ttg aag aac aag gtc atc tac acc att ttg aat gtg ctg gtg aac 307
Ile Leu Lys Asn Lys Val Ile Tyr Thr Ile Leu Asn Val Leu Val Asn

55 60 65

ttt gtt cga ccc atc cca ttc att att ttg atc gcc gcc atc aag cca 355
Phe Val Arg Pro Ile Pro Phe Ile Ile Leu Ile Ala Ala Ile Lys Pro

70 75 80 85
cta acg gtc gcc gtc atg ggc acc tcc atc ggc cga gat gcc ggc atc 403
Leu Thr Val Ala Val Met Gly Thr Ser Ile Gly Arg Asp Ala Gly Ile

90 95 100
ttc gtc atg gtt gtc gca gcg att ttc tct gtg gct cga atc gtg gag 451
Phe Val Met Val Val Ala Ala Ile Phe Ser Val Ala Arg Ile Val Glu

105 110 115
caa aac ttg gtc tcc att gat cct ggt gtc atc gag gca gct cgc tcc 499
Gln Asn Leu Val Ser Ile Asp Pro Gly Val Ile Glu Ala Ala Arg Ser

120 125 130
atg ggt gcg tcc ccg atg cgc atc atc gcc acc gtg atc att cca gaa 547
Met Gly Ala Ser Pro Met Arg Ile Ile Ala Thr Val Ile Ile Pro Glu

135 140 145
gca ctt gga cca ttg gtt ctg ggt tac acc ttc ctg ttc atc gcg atc 595
Ala Leu Gly Pro Leu Val Leu Gly Tyr Thr Phe Leu Phe Ile Ala Ile

150 155 160 165
gtc gat atg tcc gca atg gtc ggc tac atc ggt ggc ggt ggt ctt ggt 643
Val Asp Met Ser Ala Met Val Gly Tyr Ile Gly Gly Gly Gly Leu Gly

170 175 180
gac ttc gcc att gtt tac ggc tac cgc gcc ttc gac aac gaa gtt atg 691
Asp Phe Ala Ile Val Tyr Gly Tyr Arg Ala Phe Asp Asn Glu Val Met

185 190 195
tac gtt gcc gtc ctg gtt atc gtc atc atc gtg cag gca gcc cag ctt 739
Tyr Val Ala Val Leu Val Ile Val Ile Ile Val Gln Ala Ala Gln Leu

200 205 210
ctg ggc aat tgg ctg tcc aag aag atc atg cgc cgc taaacctctt 785
Leu Gly Asn Trp Leu Ser Lys Lys Ile Met Arg Arg

215 220 225
gcatagaaaa acc 798

<210> 366
<211> 225
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 366
Met Asn Glu Met Ile Leu Ala Ala Asp Trp Asn Arg Leu Gly Pro Thr
1 5 10 15
Phe Gln Thr Ala Ile Ile Asp Thr Leu Leu Met Val Ile Ile Thr Met
20 25 30

Val Val Ala Gly Leu Leu Gly Leu Val Val Gly Leu Leu Leu Tyr Thr
35 40 45

Thr Arg Ala Gly Gly Ile Leu Lys Asn Lys Val Ile Tyr Thr Ile Leu
50 55 60

Asn Val Leu Val Asn Phe Val Arg Pro Ile Pro Phe Ile Ile Leu Ile
65 70 75 80

Ala Ala Ile Lys Pro Leu Thr Val Ala Val Met Gly Thr Ser Ile Gly
85 90 95

Arg Asp Ala Gly Ile Phe Val Met Val Val Ala Ala Ile Phe Ser Val
100 105 110

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

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

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

Leu Phe Ile Ala Ile Val Asp Met Ser Ala Met Val Gly Tyr Ile Gly
165 170 175

Gly Gly Gly Leu Gly Asp Phe Ala Ile Val Tyr Gly Tyr Arg Ala Phe
180 185 190

Asp Asn Glu Val Met Tyr Val Ala Val Leu Val Ile Val Ile Ile Val
195 200 205

Gln Ala Ala Gln Leu Leu Gly Asn Trp Leu Ser Lys Lys Ile Met Arg
210 215 220

Arg
225

<210> 367
<211> 852
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(829)
<223> RXN02614

<400> 367
tcattgtata cgccaccctc ggtctgctgt ctgaagcgct gatcagagct tgggaacgtc 60
acaccttcgg ctaccgaaac gcataagaaa gttgctcgcc atg act gcc aca ttg 115
Met Thr Ala Thr Leu
1 5
tca ctc aaa ccc gca gcc act gtc cgt gga ttg cgc aaa tca tac gga 163

Ser Leu Lys Pro Ala Ala Thr Val Arg Gly Leu Arg Lys Ser Tyr Gly

10 15 20
act aaa gaa gtc ctc caa gga atc gac ctc acc atc aac tgc ggc gaa 211
Thr Lys Glu Val Leu Gln Gly Ile Asp Leu Thr Ile Asn Cys Gly Glu

25 30 35
gta acc gcg ctg atc gga cgc tca ggt tca gga aaa tcc acc atc ctg 259
Val Thr Ala Leu Ile Gly Arg Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Ile Leu

40 45 50
cgc gtg ttg gcg ggc cta tct aaa gag cat tcc ggc tct gta gaa att 307
Arg Val Leu Ala Gly Leu Ser Lys Glu His Ser Gly Ser Val Glu Ile

55 60 65
tcc gga aac ccg gcc gtt gcc ttc caa gag cct cgc ctg ttg ccg tgg 355
Ser Gly Asn Pro Ala Val Ala Phe Gln Glu Pro Arg Leu Leu Pro Trp

70 75 80 85
aaa acg gtg ctc gat aat gtg acc ttt ggc ctc aac cgc act gat att 403
Lys Thr Val Leu Asp Asn Val Thr Phe Gly Leu Asn Arg Thr Asp Ile

90 95 100
tcc tgg tca gaa gca caa gaa cgc gcc tgc gca ctg ctt gca gaa gtc 451
Ser Trp Ser Glu Ala Gln Glu Arg Ala Ser Ala Leu Leu Ala Glu Val

105 110 115
aaa ctt ccc gac tcc gac gcc gcc tgg ccc ctc acg ctc tcc ggc ggc 499
Lys Leu Pro Asp Ser Asp Ala Ala Trp Pro Leu Thr Leu Ser Gly Gly

120 125 130
caa gcc cag cgc gtc tcc ctt gcg cga gcg ctc atc tcc gag cca gag 547
Gln Ala Gln Arg Val Ser Leu Ala Arg Ala Leu Ile Ser Glu Pro Glu

135 140 145
ctt ttg ctt ctc gac gaa ccc ttc ggc gcc ctc gat gct ctg aca aga 595
Leu Leu Leu Leu Asp Glu Pro Phe Gly Ala Leu Asp Ala Leu Thr Arg

150 155 160 165
ctg aca gcc caa gac ctg ctg ctc aaa acc gtg aac acc cga aac ttg 643
Leu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Leu Lys Thr Val Asn Thr Arg Asn Leu

170 175 180
gga gtt ctg ctg gtc acc cat gat gtt tcc gag gcc atc gcc ctg gcc 691
Gly Val Leu Leu Val Thr His Asp Val Ser Glu Ala Ile Ala Leu Ala

185 190 195
gac cac gtc ctt ctt ctt gac gac ggc gcc atc aca cac agt ttg act 739
Asp His Val Leu Leu Leu Asp Asp Gly Ala Ile Thr His Ser Leu Thr

200 205 210
gta gat atc ccc ggc gat cgc cgc acc cac ccc tcc ttt gcc tcc tac 787
Val Asp Ile Pro Gly Asp Arg Arg Thr His Pro Ser Phe Ala Ser Tyr

215 220 225
acc gct caa ctc ctt gag tgg ctc gaa atc acc aca cct gcc 829

Thr Ala Gln Leu Leu Glu Trp Leu Glu Ile Thr Thr Pro Ala

230 235 240 852
tagaaagaaa tcatgaaatt taa

<210> 368
<211> 243
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 368
Met Thr Ala Thr Leu Ser Leu Lys Pro Ala Ala Thr Val Arg Gly Leu
1 5 10 15
Arg Lys Ser Tyr Gly Thr Lys Glu Val Leu Gln Gly Ile Asp Leu Thr
20 25 30
Ile Asn Cys Gly Glu Val Thr Ala Leu Ile Gly Arg Ser Gly Ser Gly
35 40 45
Lys Ser Thr Ile Leu Arg Val Leu Ala Gly Leu Ser Lys Glu His Ser
50 55 60
Gly Ser Val Glu Ile Ser Gly Asn Pro Ala Val Ala Phe Gln Glu Pro
65 70 75 80
Arg Leu Leu Pro Trp Lys Thr Val Leu Asp Asn Val Thr Phe Gly Leu
85 90 95
Asn Arg Thr Asp Ile Ser Trp Ser Glu Ala Gln Glu Arg Ala Ser Ala
100 105 110
Leu Leu Ala Glu Val Lys Leu Pro Asp Ser Asp Ala Ala Trp Pro Leu
115 120 125
Thr Leu Ser Gly Gly Gln Ala Gln Arg Val Ser Leu Ala Arg Ala Leu
130 135 140
Ile Ser Glu Pro Glu Leu Leu Leu Leu Asp Glu Pro Phe Gly Ala Leu
145 150 155 160
Asp Ala Leu Thr Arg Leu Thr Ala Gln Asp Leu Leu Leu Lys Thr Val
165 170 175
Asn Thr Arg Asn Leu Gly Val Leu Leu Val Thr His Asp Val Ser Glu
180 185 190
Ala Ile Ala Leu Ala Asp His Val Leu Leu Leu Asp Asp Gly Ala Ile
195 200 205
Thr His Ser Leu Thr Val Asp Ile Pro Gly Asp Arg Arg Thr His Pro
210 215 220
Ser Phe Ala Ser Tyr Thr Ala Gln Leu Leu Glu Trp Leu Glu Ile Thr
225 230 235 240

Thr Pro Ala

<210> 369

<211> 1080

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1057)

<223> RXN02613

<400> 369

agatatcccc ggcgatcgcc gcacccaccc ctcttttgcc tctacaccg ctcaactcct 60
tgagtggctc gaaatcacca cacctgccta gaaagaaatc atg aaa ttt aag aaa 115
Met Lys Phe Lys Lys

1 5
atc gcc ctc gtt ctc gcc ttc ggt cta ggc ctt gca tcc tgc tca tca 163
Ile Ala Leu Val Leu Ala Phe Gly Leu Gly Leu Ala Ser Cys Ser Ser

10 15 20
gct tct ggc gat ccc gcc acc aac gcc gat gga tcc atc gat ctg agc 211
Ala Ser Gly Asp Pro Ala Thr Asn Ala Asp Gly Ser Ile Asp Leu Ser

25 30 35
aaa gta acc ctt aac atc ggt gat caa atc gcc gga aca gaa caa gtg 259
Lys Val Thr Leu Asn Ile Gly Asp Gln Ile Ala Gly Thr Glu Gln Val

40 45 50
ctc caa gct tca ggg gag cta gat gat gtc cct tat aaa atc gaa tgg 307
Leu Gln Ala Ser Gly Glu Leu Asp Asp Val Pro Tyr Lys Ile Glu Trp

55 60 65
tca tca ttt acc tct gga cca ccc caa atc gaa gca tta aac gca ggt 355
Ser Ser Phe Thr Ser Gly Pro Pro Gln Ile Glu Ala Leu Asn Ala Gly

70 75 80 85
caa att gat ttc gcg atc acc gga aac acc cca ccg atc atc ggc ggc 403
Gln Ile Asp Phe Ala Ile Thr Gly Asn Thr Pro Pro Ile Ile Gly Gly

90 95 100
ccc acc aac acc aaa gtg gtc tcc gcc tac aac aac gat gct tta ggt 451
Pro Thr Asn Thr Lys Val Val Ser Ala Tyr Asn Asn Asp Ala Leu Gly

105 110 115
gat gtc atc ttg gtc gcc ccg gat tct tca ata acc tcg gtg gct gac 499
Asp Val Ile Leu Val Ala Pro Asp Ser Ser Ile Thr Ser Val Ala Asp

120 125 130
ctt gct gga aag aaa gtg gct gtc gcc cgc gga tcc agc gcc cac gga 547
Leu Ala Gly Lys Lys Val Ala Val Ala Arg Gly Ser Ser Ala His Gly

135

140

145

cac ctc atc caa caa cta gaa aaa gca ggc gtg agc gtt gac gac gta 595
 His Leu Ile Gln Gln Leu Glu Lys Ala Gly Val Ser Val Asp Asp Val

 150 155 160 165
 gaa atc aac ctc ctc caa ccc tcc gac gcc aaa gcc gct ttc caa aac 643
 Glu Ile Asn Leu Leu Gln Pro Ser Asp Ala Lys Ala Ala Phe Gln Asn

 170 175 180
 ggc cag gta gat gcg tgg gca gtg tgg gat ccc tac agc tca cag gcg 691
 Gly Gln Val Asp Ala Trp Ala Val Trp Asp Pro Tyr Ser Ser Gln Ala

 185 190 195
 gaa ctg gaa gga gct caa gtt ttg gtc agg gga gcg gga ctg gtc agt 739
 Glu Leu Glu Gly Ala Gln Val Leu Val Arg Gly Ala Gly Leu Val Ser

 200 205 210
 ggg cat gga ttt ggt gtc gca agt gat gaa gcg ctc gat gac ccc gca 787
 Gly His Gly Phe Gly Val Ala Ser Asp Glu Ala Leu Asp Asp Pro Ala

 215 220 225
 aag gaa gcc gcc ttg gca gat ttc ctc gat cgc gtg gcc gac tct tat 835
 Lys Glu Ala Ala Leu Ala Asp Phe Leu Asp Arg Val Ala Asp Ser Tyr

 230 235 240 245
 gaa tgg gct gaa gac aac acc gat gaa tgg gcg acg att ttc agc caa 883
 Glu Trp Ala Glu Asp Asn Thr Asp Glu Trp Ala Thr Ile Phe Ser Gln

 250 255 260
 gaa tcc ggc ttt gat ccg gag gcc tct caa ctg aac acc cgc agc ctg 931
 Glu Ser Gly Phe Asp Pro Glu Ala Ser Gln Leu Asn Thr Arg Ser Leu

 265 270 275
 cgc cat cag gtg ccg ctc gac gag tcc gtc aac acc tat cag aac gcg 979
 Arg His Gln Val Pro Leu Asp Glu Ser Val Asn Thr Tyr Gln Asn Ala

 280 285 290
 ctt atc gac gct ttc gtc tcc gcg ggt ctc gtt gag gac ttt aat ttc 1027
 Leu Ile Asp Ala Phe Val Ser Ala Gly Leu Val Glu Asp Phe Asn Phe

 295 300 305
 gag gac acc gta gac acc cga ttt gag ggc taagtatgtc tgagtatggc 1077
 Glu Asp Thr Val Asp Thr Arg Phe Glu Gly

 310 315
 aaa 1080

 <210> 370
 <211> 319
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <400> 370
 Met Lys Phe Lys Lys Ile Ala Leu Val Leu Ala Phe Gly Leu Gly Leu

1	5	10	15
Ala Ser Cys Ser Ser Ala Ser Gly Asp Pro Ala Thr Asn Ala Asp Gly	20	25	30
Ser Ile Asp Leu Ser Lys Val Thr Leu Asn Ile Gly Asp Gln Ile Ala	35	40	45
Gly Thr Glu Gln Val Leu Gln Ala Ser Gly Glu Leu Asp Asp Val Pro	50	55	60
Tyr Lys Ile Glu Trp Ser Ser Phe Thr Ser Gly Pro Pro Gln Ile Glu	65	70	75
Ala Leu Asn Ala Gly Gln Ile Asp Phe Ala Ile Thr Gly Asn Thr Pro	85	90	95
Pro Ile Ile Gly Gly Pro Thr Asn Thr Lys Val Val Ser Ala Tyr Asn	100	105	110
Asn Asp Ala Leu Gly Asp Val Ile Leu Val Ala Pro Asp Ser Ser Ile	115	120	125
Thr Ser Val Ala Asp Leu Ala Gly Lys Lys Val Ala Val Ala Arg Gly	130	135	140
Ser Ser Ala His Gly His Leu Ile Gln Gln Leu Glu Lys Ala Gly Val	145	150	155
Ser Val Asp Asp Val Glu Ile Asn Leu Leu Gln Pro Ser Asp Ala Lys	165	170	175
Ala Ala Phe Gln Asn Gly Gln Val Asp Ala Trp Ala Val Trp Asp Pro	180	185	190
Tyr Ser Ser Gln Ala Glu Leu Glu Gly Ala Gln Val Leu Val Arg Gly	195	200	205
Ala Gly Leu Val Ser Gly His Gly Phe Gly Val Ala Ser Asp Glu Ala	210	215	220
Leu Asp Asp Pro Ala Lys Glu Ala Ala Leu Ala Asp Phe Leu Asp Arg	225	230	235
Val Ala Asp Ser Tyr Glu Trp Ala Glu Asp Asn Thr Asp Glu Trp Ala	245	250	255
Thr Ile Phe Ser Gln Glu Ser Gly Phe Asp Pro Glu Ala Ser Gln Leu	260	265	270
Asn Thr Arg Ser Leu Arg His Gln Val Pro Leu Asp Glu Ser Val Asn	275	280	285
Thr Tyr Gln Asn Ala Leu Ile Asp Ala Phe Val Ser Ala Gly Leu Val	290	295	300
Glu Asp Phe Asn Phe Glu Asp Thr Val Asp Thr Arg Phe Glu Gly	305	310	315

<210> 371
 <211> 1698
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1675)
 <223> RXN00368

<400> 371
 ttcttccaaa acgcaatgaa ctagtgttcc tatgcagtta tctccttcaa atacgtcgac 60
 gcagcgcttt cacatctctg cgttgacgtc tttgtctttc atg cgt ctg ggt gtg 115
 Met Arg Leu Gly Val
 1 5
 tgg ctg att gtc gcg ggg ttg ttt atc act ccg ttg gcg ctg gtg gtg 163
 Trp Leu Ile Val Ala Gly Leu Phe Ile Thr Pro Leu Ala Leu Val Val
 10 15 20
 ggc ttg gcg ttg gga ggc aat cag ttt cct gct ctg tgg gat tcc gga 211
 Gly Leu Ala Leu Gly Gly Asn Gln Phe Pro Ala Leu Trp Asp Ser Gly
 25 30 35
 ttg ggc aaa gcc cta tgg aat tcc gcc tat aca aca gtg ctt tct gcg 259
 Leu Gly Lys Ala Leu Trp Asn Ser Ala Tyr Thr Thr Val Leu Ser Ala
 40 45 50
 gtg ggc gcg acc att atc ggc acg atc atg gct ctc acg ctg gac cga 307
 Val Gly Ala Thr Ile Ile Gly Thr Ile Met Ala Leu Thr Leu Asp Arg
 55 60 65
 act gat gtt ttc ggg cgc acc gcg ttg cgg tta ttt ttg tta tcc ccg 355
 Thr Asp Val Phe Gly Arg Thr Ala Leu Arg Leu Phe Leu Leu Ser Pro
 70 75 80 85
 ctg ttg atc cct ccg ttt att ggg gct att gcg tgg ttg cag ctg ttc 403
 Leu Leu Ile Pro Pro Phe Ile Gly Ala Ile Ala Trp Leu Gln Leu Phe
 90 95 100
 ggg aag aac cag ggc atc aac cgg ttt ttc ggc acg gaa gtg tgg gat 451
 Gly Lys Asn Gln Gly Ile Asn Arg Phe Phe Gly Thr Glu Val Trp Asp
 105 110 115
 att tac ggc gct gat ggt gtg aca ttt ttg ttg att gtg cac tcc tat 499
 Ile Tyr Gly Ala Asp Gly Val Thr Phe Leu Leu Ile Val His Ser Tyr
 120 125 130
 ccc act gtg tac atc att gtt tgc gca gct ctg agg caa ctt cct agt 547
 Pro Thr Val Tyr Ile Ile Val Ser Ala Ala Leu Arg Gln Leu Pro Ser
 135 140 145
 gat ttg gag caa gct gca cgg atc gcg ggg gcg gat act ttt acg gtg 595

Asp Leu Glu Gln Ala Ala Arg Ile Ala Gly Ala Asp Thr Phe Thr Val

150 155 160 165
 ttg cgc acc atc aca ctc cca ctg ctc aaa cct gca ttg ttg tcg gcg 643
 Leu Arg Thr Ile Thr Leu Pro Leu Leu Lys Pro Ala Leu Leu Ser Ala

170 175 180
 ttt act ctt acc aca gtg gcg aac ctc gcc gac ttt ggc att cca gct 691
 Phe Thr Leu Thr Thr Val Ala Asn Leu Ala Asp Phe Gly Ile Pro Ala

185 190 195
 ctg ttg gga tcg cca gcg cgt ttt gaa acc tta gcc acc atg att tat 739
 Leu Leu Gly Ser Pro Ala Arg Phe Glu Thr Leu Ala Thr Met Ile Tyr

200 205 210
 cgc ttc atg gaa tcc ggc acc gtg agc aat cca ttg cag gtg gta tcc 787
 Arg Phe Met Glu Ser Gly Thr Val Ser Asn Pro Leu Gln Val Val Ser

215 220 225
 acc att ggc atc gtg ttg ttg ttc ctg gga atc gca gca gta acc gcg 835
 Thr Ile Gly Ile Val Leu Leu Phe Leu Gly Ile Ala Ala Val Thr Ala

230 235 240 245
 gat tat ctg gtg tct ttg tac gcg gca tca aag ttg caa gac gca gga 883
 Asp Tyr Leu Val Ser Leu Tyr Ala Ala Ser Lys Leu Gln Asp Ala Gly

250 255 260
 aca ccg cat cgc ttt act ctc aac aaa tca cga atc cca gtc agc gtg 931
 Thr Pro His Arg Phe Thr Leu Asn Lys Ser Arg Ile Pro Val Ser Val

265 270 275
 atc acg tgg atc atc gcg ttg atc acc gcc gcc ccg ctg ctg ggt 979
 Ile Thr Trp Ile Ile Ala Leu Ile Ile Thr Ala Ala Pro Leu Leu Gly

280 285 290
 ctg gca tac aga gca tta ctg cct gcc cca ggt gtg ccg ttc aac cta 1027
 Leu Ala Tyr Arg Ala Leu Leu Pro Ala Pro Gly Val Pro Phe Asn Leu

295 300 305
 gac aac atc acg ctc aac aac ttt gaa gca gca ctg agc aat cca cga 1075
 Asp Asn Ile Thr Leu Asn Asn Phe Glu Ala Ala Leu Ser Asn Pro Arg

310 315 320 325
 gta atc gaa gga ttc agc aac tcc ctc atg tta tcc ctg ggt gca gcc 1123
 Val Ile Glu Gly Phe Ser Asn Ser Leu Met Leu Ser Leu Gly Ala Ala

330 335 340
 cta atc tgt ggg gtg ctg gga tgg ctg atc gga gtg ctc atc acc cga 1171
 Leu Ile Cys Gly Val Leu Gly Trp Leu Ile Gly Val Leu Ile Thr Arg

345 350 355
 acc cag cat ttc gcc aac gta ccg ttg aca ctc act gtg ctg ctt ccc 1219
 Thr Gln His Phe Ala Asn Val Pro Leu Thr Leu Thr Val Leu Leu Pro

360 365 370
 acc gca ctg ccg ggc atg atc atc ggc gtc ggc tgg ctc att ttg ggc 1267

Thr Ala Leu Pro Gly Met Ile Ile Gly Val Gly Trp Leu Ile Leu Gly

375 380 385
aga tac acc gga att tac aac aca cct tgg gtg att ttg ggt gca tat 1315
Arg Tyr Thr Gly Ile Tyr Asn Thr Pro Trp Val Ile Leu Gly Ala Tyr

390 395 400 405
gtg tgt gct ttt acc gcg ctg gtt gtc caa gct gta cgc gga cca ctc 1363
Val Cys Ala Phe Thr Ala Leu Val Val Gln Ala Val Arg Gly Pro Leu

410 415 420
agt caa gca ccc gaa gca atc gaa gaa gcc gca cga atc agc ggc gca 1411
Ser Gln Ala Pro Glu Ala Ile Glu Glu Ala Ala Arg Ile Ser Gly Ala

425 430 435
ggc aga tta cga tcc atc atg gac acc acc gga gcg atg gca att ccc 1459
Gly Arg Leu Arg Ser Ile Met Asp Thr Thr Gly Ala Met Ala Ile Pro

440 445 450
gca gct ttc gcc ggc gca gtg ctg gtt gcg gta act gcg gtt cga gag 1507
Ala Ala Phe Ala Gly Ala Val Leu Val Ala Val Thr Ala Val Arg Glu

455 460 465
tta acc gtg tcc att ttg ctc atc gcg ccg ggc acc acc acc ctg ggt 1555
Leu Thr Val Ser Ile Leu Leu Ile Ala Pro Gly Thr Thr Thr Leu Gly

470 475 480 485
gtg cag gtg ttc aat ttg cag cag gcg gga aat tac aat cag gca tcg 1603
Val Gln Val Phe Asn Leu Gln Gln Ala Gly Asn Tyr Asn Gln Ala Ser

490 495 500
gcg ttg tcg ttg atg ttt gcg att atc ggt atc gtg gcg ctc gcg ttg 1651
Ala Leu Ser Leu Met Phe Ala Ile Ile Gly Ile Val Ala Leu Ala Leu

505 510 515
acg gtg cgc agc cag aag gag ttt tagtgtcat cgatcaaatt gcg 1698
Thr Val Arg Ser Gln Lys Glu Phe

520 525

<210> 372
<211> 525
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 372
Met Arg Leu Gly Val Trp Leu Ile Val Ala Gly Leu Phe Ile Thr Pro
1 5 10 15
Leu Ala Leu Val Val Gly Leu Ala Leu Gly Gly Asn Gln Phe Pro Ala
20 25 30
Leu Trp Asp Ser Gly Leu Gly Lys Ala Leu Trp Asn Ser Ala Tyr Thr
35 40 45

Thr Val Leu Ser Ala Val Gly Ala Thr Ile Ile Gly Thr Ile Met Ala
 50 55 60
 Leu Thr Leu Asp Arg Thr Asp Val Phe Gly Arg Thr Ala Leu Arg Leu
 65 70 75 80
 Phe Leu Leu Ser Pro Leu Leu Ile Pro Pro Phe Ile Gly Ala Ile Ala
 85 90 95
 Trp Leu Gln Leu Phe Gly Lys Asn Gln Gly Ile Asn Arg Phe Phe Gly
 100 105 110
 Thr Glu Val Trp Asp Ile Tyr Gly Ala Asp Gly Val Thr Phe Leu Leu
 115 120 125
 Ile Val His Ser Tyr Pro Thr Val Tyr Ile Ile Val Ser Ala Ala Leu
 130 135 140
 Arg Gln Leu Pro Ser Asp Leu Glu Gln Ala Ala Arg Ile Ala Gly Ala
 145 150 155 160
 Asp Thr Phe Thr Val Leu Arg Thr Ile Thr Leu Pro Leu Leu Lys Pro
 165 170 175
 Ala Leu Leu Ser Ala Phe Thr Leu Thr Thr Val Ala Asn Leu Ala Asp
 180 185 190
 Phe Gly Ile Pro Ala Leu Leu Gly Ser Pro Ala Arg Phe Glu Thr Leu
 195 200 205
 Ala Thr Met Ile Tyr Arg Phe Met Glu Ser Gly Thr Val Ser Asn Pro
 210 215 220
 Leu Gln Val Val Ser Thr Ile Gly Ile Val Leu Leu Phe Leu Gly Ile
 225 230 235 240
 Ala Ala Val Thr Ala Asp Tyr Leu Val Ser Leu Tyr Ala Ala Ser Lys
 245 250 255
 Leu Gln Asp Ala Gly Thr Pro His Arg Phe Thr Leu Asn Lys Ser Arg
 260 265 270
 Ile Pro Val Ser Val Ile Thr Trp Ile Ile Ala Leu Ile Ile Thr Ala
 275 280 285
 Ala Pro Leu Leu Gly Leu Ala Tyr Arg Ala Leu Leu Pro Ala Pro Gly
 290 295 300
 Val Pro Phe Asn Leu Asp Asn Ile Thr Leu Asn Asn Phe Glu Ala Ala
 305 310 315 320
 Leu Ser Asn Pro Arg Val Ile Glu Gly Phe Ser Asn Ser Leu Met Leu
 325 330 335
 Ser Leu Gly Ala Ala Leu Ile Cys Gly Val Leu Gly Trp Leu Ile Gly
 340 345 350
 Val Leu Ile Thr Arg Thr Gln His Phe Ala Asn Val Pro Leu Thr Leu

355 360 365
 Thr Val Leu Leu Pro Thr Ala Leu Pro Gly Met Ile Ile Gly Val Gly
 370 375 380
 Trp Leu Ile Leu Gly Arg Tyr Thr Gly Ile Tyr Asn Thr Pro Trp Val
 385 390 395 400
 Ile Leu Gly Ala Tyr Val Cys Ala Phe Thr Ala Leu Val Val Gln Ala
 405 410 415
 Val Arg Gly Pro Leu Ser Gln Ala Pro Glu Ala Ile Glu Glu Ala Ala
 420 425 430
 Arg Ile Ser Gly Ala Gly Arg Leu Arg Ser Ile Met Asp Thr Thr Gly
 435 440 445
 Ala Met Ala Ile Pro Ala Ala Phe Ala Gly Ala Val Leu Val Ala Val
 450 455 460
 Thr Ala Val Arg Glu Leu Thr Val Ser Ile Leu Leu Ile Ala Pro Gly
 465 470 475 480
 Thr Thr Thr Leu Gly Val Gln Val Phe Asn Leu Gln Gln Ala Gly Asn
 485 490 495
 Tyr Asn Gln Ala Ser Ala Leu Ser Leu Met Phe Ala Ile Ile Gly Ile
 500 505 510
 Val Ala Leu Ala Leu Thr Val Arg Ser Gln Lys Glu Phe
 515 520 525
 <210> 373
 <211> 602
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(579)
 <223> FRXA00368
 <400> 373
 tcc ctc atg tta tcc ctg ggt gca gcc cta atc tgt ggg gtg ctg gga 48
 Ser Leu Met Leu Ser Leu Gly Ala Ala Leu Ile Cys Gly Val Leu Gly
 1 5 10 15
 tgg ctg atc gga gtg ctc atc acc cga acc cag cat ttc gcc aac gta 96
 Trp Leu Ile Gly Val Leu Ile Thr Arg Thr Gln His Phe Ala Asn Val
 20 25 30
 ccg ttg aca ctc act gtg ctg ctt ccc acc gca ctg ccg ggc atg atc 144
 Pro Leu Thr Leu Thr Val Leu Leu Pro Thr Ala Leu Pro Gly Met Ile
 35 40 45

atc ggc gtc ggc tgg ctc att ttg ggc aga tac acc gga att tac aac 192
Ile Gly Val Gly Trp Leu Ile Leu Gly Arg Tyr Thr Gly Ile Tyr Asn

50 55 60
aca cct tgg gtg att ttg ggt gca tat gtg tgt gct ttt acc gcg ctg 240
Thr Pro Trp Val Ile Leu Gly Ala Tyr Val Cys Ala Phe Thr Ala Leu

65 70 75 80
gtt gtc caa gct gta cgc gga cca ctc agt caa gca ccc gaa gca atc 288
Val Val Gln Ala Val Arg Gly Pro Leu Ser Gln Ala Pro Glu Ala Ile

85 90 95
gaa gaa gcc gca cga atc agc ggc gca ggc aga tta cga tcc atc atg 336
Glu Glu Ala Ala Arg Ile Ser Gly Ala Gly Arg Leu Arg Ser Ile Met

100 105 110
gac acc acc gga gcg atg gca att ccc gca gct ttc gcc ggc gca gtg 384
Asp Thr Thr Gly Ala Met Ala Ile Pro Ala Ala Phe Ala Gly Ala Val

115 120 125
ctg gtt gcg gta act gcg gtt cga gag tta acc gtg tcc att ttg ctc 432
Leu Val Ala Val Thr Ala Val Arg Glu Leu Thr Val Ser Ile Leu Leu

130 135 140
atc gcg ccg ggc acc acc acc ctg ggt gtg cag gtg ttc aat ttg cag 480
Ile Ala Pro Gly Thr Thr Thr Leu Gly Val Gln Val Phe Asn Leu Gln

145 150 155 160
cag gcg gga aat tac aat cag gca tcg gcg ttg tcg ttg atg ttt gcg 528
Gln Ala Gly Asn Tyr Asn Gln Ala Ser Ala Leu Ser Leu Met Phe Ala

165 170 175
att atc ggt atc gtg gcg ctc gcg ttg acg gtg cgc agc cag aag gag 576
Ile Ile Gly Ile Val Ala Leu Ala Leu Thr Val Arg Ser Gln Lys Glu

180 185 190
ttt taggtgtcat cgatcaaatt gcg 602
Phe

<210> 374

<211> 193

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 374

Ser Leu Met Leu Ser Leu Gly Ala Ala Leu Ile Cys Gly Val Leu Gly
1 5 10 15

Trp Leu Ile Gly Val Leu Ile Thr Arg Thr Gln His Phe Ala Asn Val
20 25 30

Pro Leu Thr Leu Thr Val Leu Leu Pro Thr Ala Leu Pro Gly Met Ile

35 40 45

Ile Gly Val Gly Trp Leu Ile Leu Gly Arg Tyr Thr Gly Ile Tyr Asn
50 55 60

Thr Pro Trp Val Ile Leu Gly Ala Tyr Val Cys Ala Phe Thr Ala Leu
65 70 75 80

Val Val Gln Ala Val Arg Gly Pro Leu Ser Gln Ala Pro Glu Ala Ile
85 90 95

Glu Glu Ala Ala Arg Ile Ser Gly Ala Gly Arg Leu Arg Ser Ile Met
100 105 110

Asp Thr Thr Gly Ala Met Ala Ile Pro Ala Ala Phe Ala Gly Ala Val
115 120 125

Leu Val Ala Val Thr Ala Val Arg Glu Leu Thr Val Ser Ile Leu Leu
130 135 140

Ile Ala Pro Gly Thr Thr Thr Leu Gly Val Gln Val Phe Asn Leu Gln
145 150 155 160

Gln Ala Gly Asn Tyr Asn Gln Ala Ser Ala Leu Ser Leu Met Phe Ala
165 170 175

Ile Ile Gly Ile Val Ala Leu Ala Leu Thr Val Arg Ser Gln Lys Glu
180 185 190

Phe

<210> 375
<211> 798
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(798)
<223> FRXA00370

<400> 375
ggc aaa gcc cta tgg aat tcc gcc tat aca aca gtg ctt tct gcg gtg 48
Gly Lys Ala Leu Trp Asn Ser Ala Tyr Thr Thr Val Leu Ser Ala Val

1 5 10 15
ggc gcg acc att atc ggc acg atc atg gct ctc acg ctg gac cga act 96
Gly Ala Thr Ile Ile Gly Thr Ile Met Ala Leu Thr Leu Asp Arg Thr

20 25 30
gat gtt ttc ggg cgc acc gcg ttg cgg tta ttt ttg tta tcc ccg ctg 144
Asp Val Phe Gly Arg Thr Ala Leu Arg Leu Phe Leu Leu Ser Pro Leu

35 40 45
ttg atc cct ccg ttt att ggg gct att gcg tgg ttg cag ctg ttc ggg 192

Leu Ile Pro Pro Phe Ile Gly Ala Ile Ala Trp Leu Gln Leu Phe Gly

50 55 60
aag aac cag ggc atc aac cgg ttt ttc ggc acg gaa gtg tgg gat att 240
Lys Asn Gln Gly Ile Asn Arg Phe Phe Gly Thr Glu Val Trp Asp Ile

65 70 75 80
tac ggc gct gat ggt gtg aca ttt ttg ttg att gtg cac tcc tat ccc 288
Tyr Gly Ala Asp Gly Val Thr Phe Leu Leu Ile Val His Ser Tyr Pro

85 90 95
act gtg tac atc att gtt tcg gca gct ctg agg caa ctt cct agt gat 336
Thr Val Tyr Ile Ile Val Ser Ala Ala Leu Arg Gln Leu Pro Ser Asp

100 105 110
ttg gag caa gct gca cgg atc gcg ggg gcg gat act ttt acg gtg ttg 384
Leu Glu Gln Ala Ala Arg Ile Ala Gly Ala Asp Thr Phe Thr Val Leu

115 120 125
cgc acc atc aca ctc cca ctg ctc aaa cct gca ttg ttg tcg gcg ttt 432
Arg Thr Ile Thr Leu Pro Leu Leu Lys Pro Ala Leu Leu Ser Ala Phe

130 135 140
act ctt acc aca gtg gcg aac ctc gcc gac ttt ggc att cca gct ctg 480
Thr Leu Thr Thr Val Ala Asn Leu Ala Asp Phe Gly Ile Pro Ala Leu

145 150 155 160
ttg gga tcg cca gcg cgt ttt gaa acc tta gcc acc atg att tat cgc 528
Leu Gly Ser Pro Ala Arg Phe Glu Thr Leu Ala Thr Met Ile Tyr Arg

165 170 175
ttc atg gaa tcc ggc acc gtg agc aat cca ttg cag gtg gta tcc acc 576
Phe Met Glu Ser Gly Thr Val Ser Asn Pro Leu Gln Val Val Ser Thr

180 185 190
att ggc atc gtg ttg ttg ttc ctg gga atc gca gca gta acc gcg gat 624
Ile Gly Ile Val Leu Leu Phe Leu Gly Ile Ala Ala Val Thr Ala Asp

195 200 205
tat ctg gtg tct ttg tac gcg gca tca aag ttg caa gac gca gga aca 672
Tyr Leu Val Ser Leu Tyr Ala Ala Ser Lys Leu Gln Asp Ala Gly Thr

210 215 220
ccg cat cgc ttt act ctc aac aaa tca cga atc cca gtc agc gtg atc 720
Pro His Arg Phe Thr Leu Asn Lys Ser Arg Ile Pro Val Ser Val Ile

225 230 235 240
acg tgg atc atc gcg ttg atc atc acc gcc gcc ccg ctg ctg ggt ctg 768
Thr Trp Ile Ile Ala Leu Ile Ile Thr Ala Ala Pro Leu Leu Gly Leu

245 250 255
gca tac aga gca tta ctg cct gcc cca ggt 798
Ala Tyr Arg Ala Leu Leu Pro Ala Pro Gly

260 265

<210> 376
 <211> 266
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 376

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

260

265

<210> 377

<211> 749

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(726)

<223> RXN01285

<400> 377

ctc aac gtc acc atc ccc gac aac acc ttc acc gcc atc atc ggc ccc 48
Leu Asn Val Thr Ile Pro Asp Asn Thr Phe Thr Ala Ile Ile Gly Pro

1 5 10 15
aac ggc tgc ggc aaa tcc acc ctg ctc cgc ggt ttc tcc cgc gtg ctc 96
Asn Gly Cys Gly Lys Ser Thr Leu Leu Arg Gly Phe Ser Arg Val Leu

20 25 30
aat ccg cag cac ggc aaa gtg ctt ctc gac ggt cgg caa ctc gat tca 144
Asn Pro Gln His Gly Lys Val Leu Leu Asp Gly Arg Gln Leu Asp Ser

35 40 45
ttc aag cct aaa gag atc gcc cga gaa cta ggc ctg ctg cca cag acc 192
Phe Lys Pro Lys Glu Ile Ala Arg Glu Leu Gly Leu Leu Pro Gln Thr

50 55 60
tcc atc gcc cca gaa ggc atc cgg gtt tac gat ctc atc gcg cgc ggg 240
Ser Ile Ala Pro Glu Gly Ile Arg Val Tyr Asp Leu Ile Ala Arg Gly

65 70 75 80
cgc gct ccc tac caa agc ctc ata caa caa tgg cgc acc tcc gac gaa 288
Arg Ala Pro Tyr Gln Ser Leu Ile Gln Gln Trp Arg Thr Ser Asp Glu

85 90 95
gac gcc gtc gcg caa gcg ctc gcc tcc acg aat ctc acc gaa ctt gca 336
Asp Ala Val Ala Gln Ala Leu Ala Ser Thr Asn Leu Thr Glu Leu Ala

100 105 110
gct cgc ctc gtc gat gaa ctc tcc ggt ggc cag cgc caa cga gtg tgg 384
Ala Arg Leu Val Asp Glu Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Val Trp

115 120 125
gtg gcc atg ttg ctc gcc cag caa aca ccg atc atg ctt ctc gac gag 432
Val Ala Met Leu Leu Ala Gln Gln Thr Pro Ile Met Leu Leu Asp Glu

130 135 140
ccc acc acc ttc ctc gac atc gcc cac caa tac gaa ctc ttg gaa ttg 480
Pro Thr Thr Phe Leu Asp Ile Ala His Gln Tyr Glu Leu Leu Glu Leu

145 150 155 160
ctg cgc gca ttc aac gag gcc ggg aaa act gtg gtc act gtg ctt cac 528

Leu Arg Ala Phe Asn Glu Ala Gly Lys Thr Val Val Thr Val Leu His

165 170 175
gat ctc aac caa gcc gcc cgc tac gcc gac cac ctc atc gtg atg aaa 576
Asp Leu Asn Gln Ala Ala Arg Tyr Ala Asp His Leu Ile Val Met Lys

180 185 190
gat ggg cac gta cat gcc acg ggc aca ccg gag gaa gtc tta act gcc 624
Asp Gly His Val His Ala Thr Gly Thr Pro Glu Glu Val Leu Thr Ala

195 200 205
gag atg gtt caa gga gtt ttt ggc ctg ccc tgc atc atc tcc cca gac 672
Glu Met Val Gln Gly Val Phe Gly Leu Pro Cys Ile Ile Ser Pro Asp

210 215 220
ccc gtc aca gga acc ccc acc gtc gtt ccc ctc agt cgg tct cgc gca 720
Pro Val Thr Gly Thr Pro Thr Val Val Pro Leu Ser Arg Ser Arg Ala

225 230 235 240
gga gct taagtagcta cccctccaac gga 749
Gly Ala

<210> 378
<211> 242
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 378
Leu Asn Val Thr Ile Pro Asp Asn Thr Phe Thr Ala Ile Ile Gly Pro
1 5 10 15
Asn Gly Cys Gly Lys Ser Thr Leu Leu Arg Gly Phe Ser Arg Val Leu
20 25 30
Asn Pro Gln His Gly Lys Val Leu Leu Asp Gly Arg Gln Leu Asp Ser
35 40 45
Phe Lys Pro Lys Glu Ile Ala Arg Glu Leu Gly Leu Leu Pro Gln Thr
50 55 60
Ser Ile Ala Pro Glu Gly Ile Arg Val Tyr Asp Leu Ile Ala Arg Gly
65 70 75 80
Arg Ala Pro Tyr Gln Ser Leu Ile Gln Gln Trp Arg Thr Ser Asp Glu
85 90 95
Asp Ala Val Ala Gln Ala Leu Ala Ser Thr Asn Leu Thr Glu Leu Ala
100 105 110
Ala Arg Leu Val Asp Glu Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Val Trp
115 120 125
Val Ala Met Leu Leu Ala Gln Gln Thr Pro Ile Met Leu Leu Asp Glu

130 135 140

Pro Thr Thr Phe Leu Asp Ile Ala His Gln Tyr Glu Leu Leu Glu Leu
145 150 155 160

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

Asp Leu Asn Gln Ala Ala Arg Tyr Ala Asp His Leu Ile Val Met Lys
180 185 190

Asp Gly His Val His Ala Thr Gly Thr Pro Glu Glu Val Leu Thr Ala
195 200 205

Glu Met Val Gln Gly Val Phe Gly Leu Pro Cys Ile Ile Ser Pro Asp
210 215 220

Pro Val Thr Gly Thr Pro Thr Val Val Pro Leu Ser Arg Ser Arg Ala
225 230 235 240

Gly Ala

<210> 379
<211> 1149
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1126)
<223> RXN00523

<400> 379
tgggtgactcg tccgagtga attgccgtgg gcatcatcat gccgatcatt ggtgcgccac 60
tgtttatttg gattattcgt cgtcagaaag tcaaagagct atg agc ctt agc cat 115
Met Ser Leu Ser His

1 5
caa ctc aag cgc cag cgc gca tcg cgc aac tcc cgc agg tgg ctg att 163
Gln Leu Lys Arg Gln Arg Ala Ser Arg Asn Ser Arg Arg Trp Leu Ile

10 15 20
gtt gcg gca ttg ggc gtc gtc acg ctt ggt att ttt gct ttt tct ttg 211
Val Ala Ala Leu Gly Val Val Thr Leu Gly Ile Phe Ala Phe Ser Leu

25 30 35
atg tgg ggc gag gtg ttt tat ggc cct gct cag gtg ctg aaa gtg ttg 259
Met Trp Gly Glu Val Phe Tyr Gly Pro Ala Gln Val Leu Lys Val Leu

40 45 50
tct gga cag cag gtt ccc ggc gcg agt tat tcc gtt ggc gtg ttg cgt 307
Ser Gly Gln Gln Val Pro Gly Ala Ser Tyr Ser Val Gly Val Leu Arg

55 60 65
ttg ccg cgc gcg gtg atg ggt ttg act gcg ggt ttg gcg ttt ggc gcg 355

Leu Pro Arg Ala Val Met Gly Leu Thr Ala Gly Leu Ala Phe Gly Ala

70 75 80 85
gcg ggc gtg att ttt cag acg gtg ttg cgt aat cag ttg gcg tcg ccg 403
Ala Gly Val Ile Phe Gln Thr Val Leu Arg Asn Gln Leu Ala Ser Pro

90 95 100
gat att atc ggc att tct tct ggc gcg tcg gcg gcg ggc gta att tgc 451
Asp Ile Ile Gly Ile Ser Ser Gly Ala Ser Ala Ala Gly Val Ile Cys

105 110 115
att gtg ttt ttc ggg atg tcg cag tct gca gtg tcg gcg att tct ttg 499
Ile Val Phe Phe Gly Met Ser Gln Ser Ala Val Ser Ala Ile Ser Leu

120 125 130
tgt gcg tcc ttg gct gtg gcg ttg ttg att tat ctg gtg gcg tat cgc 547
Cys Ala Ser Leu Ala Val Ala Leu Leu Ile Tyr Leu Val Ala Tyr Arg

135 140 145
ggt ggt ttt tcg gcc acg cgt ctg att ctt acc ggc att ggt att gct 595
Gly Gly Phe Ser Ala Thr Arg Leu Ile Leu Thr Gly Ile Gly Ile Ala

150 155 160 165
gcg atg ctg aat tca tta gtg tcg tat tcg ctg tcc aag gct gat tct 643
Ala Met Leu Asn Ser Leu Val Ser Tyr Ser Leu Ser Lys Ala Asp Ser

170 175 180
tgg gat ctg ccg acc gcg acg cgc tgg ctt acc ggc tcg ctc aat ggt 691
Trp Asp Leu Pro Thr Ala Thr Arg Trp Leu Thr Gly Ser Leu Asn Gly

185 190 195
gcg acg tgg gat cgt gcg atg ccg ctg att gtc acc act gtg gta ctc 739
Ala Thr Trp Asp Arg Ala Met Pro Leu Ile Val Thr Thr Val Val Leu

200 205 210
att ccg ctg ctg gtg gct aat gcg cgc aat gtg gat ctt atg cgt ttg 787
Ile Pro Leu Leu Val Ala Asn Ala Arg Asn Val Asp Leu Met Arg Leu

215 220 225
ggc aat gat tcc gcg gtg ggt ttg ggc gtt gct act aat cgc acg cgc 835
Gly Asn Asp Ser Ala Val Gly Leu Gly Val Ala Thr Asn Arg Thr Arg

230 235 240 245
gtc att gcg att att gcc gct gtt gcg ctc atc gcc gtt gct acc gct 883
Val Ile Ala Ile Ile Ala Ala Val Ala Leu Ile Ala Val Ala Thr Ala

250 255 260
gca tgc ggc ccg atc gca ttc gtg gcg ttt gtg tct ggc ccc att gcc 931
Ala Cys Gly Pro Ile Ala Phe Val Ala Phe Val Ser Gly Pro Ile Ala

265 270 275
gcg cgc att tta ggc tcc ggc gga tcg ctc atc atc ccc tcc gca ctc 979
Ala Arg Ile Leu Gly Ser Gly Gly Ser Leu Ile Ile Pro Ser Ala Leu

280 285 290
atc ggc ggg ttg atc gtg ctc atc gcc gac cta att ggc caa tac ttc 1027

Ile Gly Gly Leu Ile Val Leu Ile Ala Asp Leu Ile Gly Gln Tyr Phe

295 300 305
ctc ggc acc cgc tac ccc gtc gga gtt gtc acc ggc gca ttc ggc gcc 1075
Leu Gly Thr Arg Tyr Pro Val Gly Val Val Thr Gly Ala Phe Gly Ala

310 315 320 325
cca ttc ctt atc tat tta ctc att cgt tcc aac cgc gcg gga gta acc 1123
Pro Phe Leu Ile Tyr Leu Leu Ile Arg Ser Asn Arg Ala Gly Val Thr

330 335 340
ctg tgaccaccaa ccatcaacta tcc 1149
Leu

<210> 380
<211> 342
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 380
Met Ser Leu Ser His Gln Leu Lys Arg Gln Arg Ala Ser Arg Asn Ser
1 5 10 15

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

Phe Ala Phe Ser Leu Met Trp Gly Glu Val Phe Tyr Gly Pro Ala Gln
35 40 45

Val Leu Lys Val Leu Ser Gly Gln Gln Val Pro Gly Ala Ser Tyr Ser
50 55 60

Val Gly Val Leu Arg Leu Pro Arg Ala Val Met Gly Leu Thr Ala Gly
65 70 75 80

Leu Ala Phe Gly Ala Ala Gly Val Ile Phe Gln Thr Val Leu Arg Asn
85 90 95

Gln Leu Ala Ser Pro Asp Ile Ile Gly Ile Ser Ser Gly Ala Ser Ala
100 105 110

Ala Gly Val Ile Cys Ile Val Phe Phe Gly Met Ser Gln Ser Ala Val
115 120 125

Ser Ala Ile Ser Leu Cys Ala Ser Leu Ala Val Ala Leu Leu Ile Tyr
130 135 140

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

Gly Ile Gly Ile Ala Ala Met Leu Asn Ser Leu Val Ser Tyr Ser Leu
165 170 175

Ser Lys Ala Asp Ser Trp Asp Leu Pro Thr Ala Thr Arg Trp Leu Thr
180 185 190

Gly Ser Leu Asn Gly Ala Thr Trp Asp Arg Ala Met Pro Leu Ile Val
195 200 205

Thr Thr Val Val Leu Ile Pro Leu Leu Val Ala Asn Ala Arg Asn Val
210 215 220

Asp Leu Met Arg Leu Gly Asn Asp Ser Ala Val Gly Leu Gly Val Ala
225 230 235 240

Thr Asn Arg Thr Arg Val Ile Ala Ile Ile Ala Ala Val Ala Leu Ile
245 250 255

Ala Val Ala Thr Ala Ala Cys Gly Pro Ile Ala Phe Val Ala Phe Val
260 265 270

Ser Gly Pro Ile Ala Ala Arg Ile Leu Gly Ser Gly Gly Ser Leu Ile
275 280 285

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

Ile Gly Gln Tyr Phe Leu Gly Thr Arg Tyr Pro Val Gly Val Val Thr
305 310 315 320

Gly Ala Phe Gly Ala Pro Phe Leu Ile Tyr Leu Leu Ile Arg Ser Asn
325 330 335

Arg Ala Gly Val Thr Leu
340

<210> 381
<211> 621
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(598)
<223> RXN01142

<400> 381
ctcccatcc accggcacag tcagcgcagg caacgaagaa attaaaggac caggacctga 60
ccgagggcatg gttttccaag accacgcct cctgccctga ttg acc gca cgc ggc 115
Leu Thr Ala Arg Gly

1 5

aac atc gac ttc ggg ctc cgc tcc gcg cgc ccc tcc ttg agc aaa acc 163
Asn Ile Asp Phe Gly Leu Arg Ser Ala Arg Pro Ser Leu Ser Lys Thr

10 15 20

gaa cgc gcc gac atc acc cgc acc cac ctc gaa caa gta ggc ctc acc 211
Glu Arg Ala Asp Ile Thr Arg Thr His Leu Glu Gln Val Gly Leu Thr

25 30 35
 gac gcc gcc gaa cgg cgc ccc gcc cgc ctc tcc ggc ggc atg caa cag 259
 Asp Ala Ala Glu Arg Arg Pro Ala Arg Leu Ser Gly Gly Met Gln Gln

 40 45 50
 cga gtc ggc atc gca cgc gcc ttc gcc atc gac cca cca atc atg ctt 307
 Arg Val Gly Ile Ala Arg Ala Phe Ala Ile Asp Pro Pro Ile Met Leu

 55 60 65
 ctc gac gaa ccc ttc ggc gcc ctc gac gcc ctc acc cgc cgc gaa ctc 355
 Leu Asp Glu Pro Phe Gly Ala Leu Asp Ala Leu Thr Arg Arg Glu Leu

 70 75 80 85
 cag ctc caa cta ctc aac att tgg gaa gcc tcc cgc cgc acc gtc gtc 403
 Gln Leu Gln Leu Leu Asn Ile Trp Glu Ala Ser Arg Arg Thr Val Val

 90 95 100
 atg gtc acc cac gac gtc gac gag gcc atc ctg ctc tcc gac cga gtt 451
 Met Val Thr His Asp Val Asp Glu Ala Ile Leu Leu Ser Asp Arg Val

 105 110 115
 ctc gtg atg tcc aag agc ccc gaa gcc acc atc atc acc gat att cca 499
 Leu Val Met Ser Lys Ser Pro Glu Ala Thr Ile Ile Thr Asp Ile Pro

 120 125 130
 gtg aat ctt ccc cgc ccc aga cac gag ctg agt gaa gac gct tct gtt 547
 Val Asn Leu Pro Arg Pro Arg His Glu Leu Ser Glu Asp Ala Ser Val

 135 140 145
 gaa gcc gag acc aca gcc ctg cgt aag cgg atg ctg cat ctg ctg gag 595
 Glu Ala Glu Thr Thr Ala Leu Arg Lys Arg Met Leu His Leu Leu Glu

 150 155 160 165
 cac tagtttctaa cacgtctttt aaa 621
 His

<210> 382
 <211> 166
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 382
 Leu Thr Ala Arg Gly Asn Ile Asp Phe Gly Leu Arg Ser Ala Arg Pro
 1 5 10 15

 Ser Leu Ser Lys Thr Glu Arg Ala Asp Ile Thr Arg Thr His Leu Glu
 20 25 30

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

 Gly Gly Met Gln Gln Arg Val Gly Ile Ala Arg Ala Phe Ala Ile Asp

50 55 60

Pro Pro Ile Met Leu Leu Asp Glu Pro Phe Gly Ala Leu Asp Ala Leu
65 70 75 80

Thr Arg Arg Glu Leu Gln Leu Gln Leu Leu Asn Ile Trp Glu Ala Ser
85 90 95

Arg Arg Thr Val Val Met Val Thr His Asp Val Asp Glu Ala Ile Leu
100 105 110

Leu Ser Asp Arg Val Leu Val Met Ser Lys Ser Pro Glu Ala Thr Ile
115 120 125

Ile Thr Asp Ile Pro Val Asn Leu Pro Arg Pro Arg His Glu Leu Ser
130 135 140

Glu Asp Ala Ser Val Glu Ala Glu Thr Thr Ala Leu Arg Lys Arg Met
145 150 155 160

Leu His Leu Leu Glu His
165

<210> 383
<211> 948
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(925)
<223> RXN01141

<400> 383
aaagaacact cggtatggca cctgatttaa ggatgctgca atcgtgacac atatcctctt 60
cgacagcagg cgttttctgc aactgggcgc ttttgctgcc ttg agc acc gca ttg 115
Leu Ser Thr Ala Leu

1 5
gcc gga gcg gcc cgc tac gtg acg tcg aca agc aat aat gaa cct gcg 163
Ala Gly Ala Ala Arg Tyr Val Thr Ser Thr Ser Asn Asn Glu Pro Ala

10 15 20
gat aac act ccc ctg acc att ggc tac gtg cct att gcg ggc tcg gcg 211
Asp Asn Thr Pro Leu Thr Ile Gly Tyr Val Pro Ile Ala Gly Ser Ala

25 30 35
ccg att get atc gca gat gcg cta ggg ctg ttt aag aaa cac ggc gtg 259
Pro Ile Ala Ile Ala Asp Ala Leu Gly Leu Phe Lys Lys His Gly Val

40 45 50
aat gtc acg ttg aag aag tac tca ggc tgg tcc gac ctg tgg acc gcc 307
Asn Val Thr Leu Lys Lys Tyr Ser Gly Trp Ser Asp Leu Trp Thr Ala

55 60 65

tat gca aca gag cag ctt gat gtt gcg cac atg ctg tcg ccg atg act	355
Tyr Ala Thr Glu Gln Leu Asp Val Ala His Met Leu Ser Pro Met Thr	
70 75 80 85	
gtg gcg att aat gct gga gtg acc aac gcg tcg cgc ccg acg gag ctg	403
Val Ala Ile Asn Ala Gly Val Thr Asn Ala Ser Arg Pro Thr Glu Leu	
90 95 100	
tcg ttt acc cag aac acc aat ggg caa gca att acc ttg gcg tca aag	451
Ser Phe Thr Gln Asn Thr Asn Gly Gln Ala Ile Thr Leu Ala Ser Lys	
105 110 115	
cac tat ggt tcc gtc aat tca gcg gcg gat ctt aaa ggc atg gtg ctg	499
His Tyr Gly Ser Val Asn Ser Ala Ala Asp Leu Lys Gly Met Val Leu	
120 125 130	
gga att cct ttt gaa tat tca gtc cat gcg ctg ctc ctg cgc gat tat	547
Gly Ile Pro Phe Glu Tyr Ser Val His Ala Leu Leu Leu Arg Asp Tyr	
135 140 145	
ctc gtc tca aac gca gtt gat ccc atc gcc gat ctt gag ctt cgc ctg	595
Leu Val Ser Asn Ala Val Asp Pro Ile Ala Asp Leu Glu Leu Arg Leu	
150 155 160 165	
ctc cga cct gcc gat atg gtc gca caa ttg aca gtt gag ggc atc gat	643
Leu Arg Pro Ala Asp Met Val Ala Gln Leu Thr Val Glu Gly Ile Asp	
170 175 180	
gga ttc att ggg cct ggg ccg ttt aat gaa cgc gcc atc agc aat ggc	691
Gly Phe Ile Gly Pro Gly Pro Phe Asn Glu Arg Ala Ile Ser Asn Gly	
185 190 195	
tcc ggc cgg att tgg ctg ctg acc aaa caa ctg tgg gac aaa cat cca	739
Ser Gly Arg Ile Trp Leu Leu Thr Lys Gln Leu Trp Asp Lys His Pro	
200 205 210	
tgc tgc gcc gtg gcg atg gcc aaa gag tgg aaa gct gaa cac ccc acg	787
Cys Cys Ala Val Ala Met Ala Lys Glu Trp Lys Ala Glu His Pro Thr	
215 220 225	
gcg gct cag ggt gtg ctt aat gcg ctg gag gaa gcc tcc gca att ttg	835
Ala Ala Gln Gly Val Leu Asn Ala Leu Glu Glu Ala Ser Ala Ile Leu	
230 235 240 245	
agc aat ccg gca caa ttt gat tcc tcg gca cgc acg ctg tcg cag gaa	883
Ser Asn Pro Ala Gln Phe Asp Ser Ser Ala Arg Thr Leu Ser Gln Glu	
250 255 260	
aaa tac ctc aac cag cct gcc acg ttg ctg gat gga ccg tcg	925
Lys Tyr Leu Asn Gln Pro Ala Thr Leu Leu Asp Gly Pro Ser	
265 270 275	
taatcatcgg catcaccggc tta	948

<210> 384

<211> 275
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 384

Leu Ser Thr Ala Leu Ala Gly Ala Ala Arg Tyr Val Thr Ser Thr Ser
 1 5 10 15

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

Ile Ala Gly Ser Ala Pro Ile Ala Ile Ala Asp Ala Leu Gly Leu Phe
 35 40 45

Lys Lys His Gly Val Asn Val Thr Leu Lys Lys Tyr Ser Gly Trp Ser
 50 55 60

Asp Leu Trp Thr Ala Tyr Ala Thr Glu Gln Leu Asp Val Ala His Met
 65 70 75 80

Leu Ser Pro Met Thr Val Ala Ile Asn Ala Gly Val Thr Asn Ala Ser
 85 90 95

Arg Pro Thr Glu Leu Ser Phe Thr Gln Asn Thr Asn Gly Gln Ala Ile
 100 105 110

Thr Leu Ala Ser Lys His Tyr Gly Ser Val Asn Ser Ala Ala Asp Leu
 115 120 125

Lys Gly Met Val Leu Gly Ile Pro Phe Glu Tyr Ser Val His Ala Leu
 130 135 140

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

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

Val Glu Gly Ile Asp Gly Phe Ile Gly Pro Gly Pro Phe Asn Glu Arg
 180 185 190

Ala Ile Ser Asn Gly Ser Gly Arg Ile Trp Leu Leu Thr Lys Gln Leu
 195 200 205

Trp Asp Lys His Pro Cys Cys Ala Val Ala Met Ala Lys Glu Trp Lys
 210 215 220

Ala Glu His Pro Thr Ala Ala Gln Gly Val Leu Asn Ala Leu Glu Glu
 225 230 235 240

Ala Ser Ala Ile Leu Ser Asn Pro Ala Gln Phe Asp Ser Ser Ala Arg
 245 250 255

Thr Leu Ser Gln Glu Lys Tyr Leu Asn Gln Pro Ala Thr Leu Leu Asp
 260 265 270

Gly Pro Ser

275

<210> 385

<211> 927

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(904)

<223> RXN01002

<400> 385

gactgctgat accgcacagg atgaaatcac tcgttacggc gagatcctga agaagttctc 60
caactaattt cctgtttcc aatactcaag gtgtgcgcat atg aat tct gat gct 115
Met Asn Ser Asp Ala

1 5
tcg gct acc acc aac tcc tgg gct atc aac ttc gac cat gtg tcg gtg 163
Ser Ala Thr Thr Asn Ser Trp Ala Ile Asn Phe Asp His Val Ser Val

10 15 20
acg tat ccc aat ggg acg aaa gcc ctc gat gat gtt tcc ctc acc atc 211
Thr Tyr Pro Asn Gly Thr Lys Ala Leu Asp Asp Val Ser Leu Thr Ile

25 30 35
aat ccc ggt gag atg gtt gcc atc gtg ggt ctg tca gga tcg ggt aaa 259
Asn Pro Gly Glu Met Val Ala Ile Val Gly Leu Ser Gly Ser Gly Lys

40 45 50
tcc acg ctg att cgc acg atc aac ggt ctt gtc cgc gct acg gaa ggc 307
Ser Thr Leu Ile Arg Thr Ile Asn Gly Leu Val Arg Ala Thr Glu Gly

55 60 65
acc gtg acg gtg ggg ccg cat cag atc aac acc ttg aag ggg aaa gca 355
Thr Val Thr Val Gly Pro His Gln Ile Asn Thr Leu Lys Gly Lys Ala

70 75 80 85
ctg cgt gat gcc cgt ggg cag atc ggc atg att ttc cag ggg ttc aac 403
Leu Arg Asp Ala Arg Gly Gln Ile Gly Met Ile Phe Gln Gly Phe Asn

90 95 100
ctg tcg gaa cgc agc agt gtg ttc cag aat gtt ttg gtg ggc cgc ttc 451
Leu Ser Glu Arg Ser Ser Val Phe Gln Asn Val Leu Val Gly Arg Phe

105 110 115
gcg cac aca gcg tgg tgg cgt aac ctc ctc ggg ttt ccc acg gag cac 499
Ala His Thr Ala Trp Trp Arg Asn Leu Leu Gly Phe Pro Thr Glu His

120 125 130
gac aag cag att gct ttt cac gcg ttg gag tcc gtg ggc att ttg cac 547
Asp Lys Gln Ile Ala Phe His Ala Leu Glu Ser Val Gly Ile Leu His

135

140

145

aaa gtg tgg acc cga gct ggt gct ttg tcg ggt gga cag aaa cag cgc 595
Lys Val Trp Thr Arg Ala Gly Ala Leu Ser Gly Gly Gln Lys Gln Arg

150 155 160 165
gtt gct att gcg cgc gcc tta tgc caa gat ccg tct gtc atg ctg gca 643
Val Ala Ile Ala Arg Ala Leu Ser Gln Asp Pro Ser Val Met Leu Ala

170 175 180
gat gag cct gtg gca agc ctt gat ccg cca acc gcg cat tcc gtg atg 691
Asp Glu Pro Val Ala Ser Leu Asp Pro Pro Thr Ala His Ser Val Met

185 190 195
cgc gat cta gaa aac atc aac aac gtg gaa ggc ctc acc gtg ttg gtg 739
Arg Asp Leu Glu Asn Ile Asn Asn Val Glu Gly Leu Thr Val Leu Val

200 205 210
aac ttg cac ttg att gat ttg gct cgt caa tac acc aca agg ctt gtg 787
Asn Leu His Leu Ile Asp Leu Ala Arg Gln Tyr Thr Thr Arg Leu Val

215 220 225
ggt ttg cgt gcc ggc aag ctg gtc tat gac ggt cct atc tct gag gcc 835
Gly Leu Arg Ala Gly Lys Leu Val Tyr Asp Gly Pro Ile Ser Glu Ala

230 235 240 245
acc gat aaa gac ttt gaa gct atc tat ggt cgc ccc atc cag gct aaa 883
Thr Asp Lys Asp Phe Glu Ala Ile Tyr Gly Arg Pro Ile Gln Ala Lys

250 255 260
gac ctg cta ggt gat cgc gca tgaccacgcc ttcttctaca ctt 927
Asp Leu Leu Gly Asp Arg Ala

265

<210> 386

<211> 268

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 386

Met Asn Ser Asp Ala Ser Ala Thr Thr Asn Ser Trp Ala Ile Asn Phe
1 5 10 15

Asp His Val Ser Val Thr Tyr Pro Asn Gly Thr Lys Ala Leu Asp Asp
20 25 30

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

Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Ile Arg Thr Ile Asn Gly Leu Val
50 55 60

Arg Ala Thr Glu Gly Thr Val Thr Val Gly Pro His Gln Ile Asn Thr
65 70 75 80

Leu Lys Gly Lys Ala Leu Arg Asp Ala Arg Gly Gln Ile Gly Met Ile

85 90 95

Phe Gln Gly Phe Asn Leu Ser Glu Arg Ser Ser Val Phe Gln Asn Val
100 105 110

Leu Val Gly Arg Phe Ala His Thr Ala Trp Trp Arg Asn Leu Leu Gly
115 120 125

Phe Pro Thr Glu His Asp Lys Gln Ile Ala Phe His Ala Leu Glu Ser
130 135 140

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

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

Ser Val Met Leu Ala Asp Glu Pro Val Ala Ser Leu Asp Pro Pro Thr
180 185 190

Ala His Ser Val Met Arg Asp Leu Glu Asn Ile Asn Asn Val Glu Gly
195 200 205

Leu Thr Val Leu Val Asn Leu His Leu Ile Asp Leu Ala Arg Gln Tyr
210 215 220

Thr Thr Arg Leu Val Gly Leu Arg Ala Gly Lys Leu Val Tyr Asp Gly
225 230 235 240

Pro Ile Ser Glu Ala Thr Asp Lys Asp Phe Glu Ala Ile Tyr Gly Arg
245 250 255

Pro Ile Gln Ala Lys Asp Leu Leu Gly Asp Arg Ala
260 265

<210> 387
<211> 969
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(946)
<223> RXN01000

<400> 387
ctttctatgc ctacgcggat gtttccgtga tcattctgga aatcctcadc gtggtgattg 60
tcattgaagt aatctccaac gcaattcgaa agaggctggt atg agc acc tta acc 115
Met Ser Thr Leu Thr

1 5
tct cac cgc aca gta ccg gcc ccc agc tct ccc ccg gcg cgc ccc aac 163
Ser His Arg Thr Val Pro Ala Pro Ser Ser Pro Pro Ala Arg Pro Asn

10 15 20
aaa ctg gcg cgc aat atc gtt gca att gtc gct gcg ctg att gtc ctt 211

Lys Leu Ala Arg Asn Ile Val Ala Ile Val Ala Ala Leu Ile Val Leu

25 30 35
ata gct acc ggc acg ctc aag atc gag tgg aat gag ctt ccg cag atg 259
Ile Ala Thr Gly Thr Leu Lys Ile Glu Trp Asn Glu Leu Pro Gln Met

40 45 50
ccc gcg cag gtg tgg cat tac tta gag ctg atg ttt agc gat ccc gat 307
Pro Ala Gln Val Trp His Tyr Leu Glu Leu Met Phe Ser Asp Pro Asp

55 60 65
tgg tcg aag ttt ggc cgc gcc gtc cag gaa atg tgg cgt tcc atc gcc 355
Trp Ser Lys Phe Gly Arg Ala Val Gln Glu Met Trp Arg Ser Ile Ala

70 75 80 85
atg gcg tgg ttg ggt gcc att tta tgc gtg gtg gtc tct gtc cct ctg 403
Met Ala Trp Leu Gly Ala Ile Leu Cys Val Val Val Ser Val Pro Leu

90 95 100
gga atg ttg gct gcc cgc ggg gtg gga cct tat tgg ctg cgt acc gtt 451
Gly Met Leu Ala Ala Arg Gly Val Gly Pro Tyr Trp Leu Arg Thr Val

105 110 115
tta cgg ttc gtg ttc gcg gtg att cgt gcg ttc ccc gaa gtg gtt atc 499
Leu Arg Phe Val Phe Ala Val Ile Arg Ala Phe Pro Glu Val Val Ile

120 125 130
gca att att ttg cta act gtc acc ggc cta act cct ttt act ggt gcg 547
Ala Ile Ile Leu Leu Thr Val Thr Gly Leu Thr Pro Phe Thr Gly Ala

135 140 145
ctc gca ttg ggt atc tcc ggt att gga caa cag gca aag tgg acc tat 595
Leu Ala Leu Gly Ile Ser Gly Ile Gly Gln Gln Ala Lys Trp Thr Tyr

150 155 160 165
gaa gcc att gag tcc act ccc acc ggc ccg tca gag gca gtg cgt gca 643
Glu Ala Ile Glu Ser Thr Pro Thr Gly Pro Ser Glu Ala Val Arg Ala

170 175 180
gcg ggt gga act acg ccg gag gtt ctg cgg tgg gcg ttg tgg cca cag 691
Ala Gly Gly Thr Thr Pro Glu Val Leu Arg Trp Ala Leu Trp Pro Gln

185 190 195
gtt gcg cca tcc att gca tct ttt gcc ctg tac cgc ttt gag atc aac 739
Val Ala Pro Ser Ile Ala Ser Phe Ala Leu Tyr Arg Phe Glu Ile Asn

200 205 210
atc cgt acc tct gcg gta ttg ggc atc gtt ggt gca ggt ggt atc ggt 787
Ile Arg Thr Ser Ala Val Leu Gly Ile Val Gly Ala Gly Gly Ile Gly

215 220 225
agt atg ctt gcc aat tac acc aac tac agg cag tgg gac acc gtg ggc 835
Ser Met Leu Ala Asn Tyr Thr Asn Tyr Arg Gln Trp Asp Thr Val Gly

230 235 240 245

atg ctg ctc atc gtc gtg gtt gtc gca acg atg atc gtc gat ctc atc 883
Met Leu Leu Ile Val Val Val Val Ala Thr Met Ile Val Asp Leu Ile

250 255 260
tcc ggc acc atc cgc cgc cgc atc atg aag ggg gct agt gac cgt gtc 931
Ser Gly Thr Ile Arg Arg Arg Ile Met Lys Gly Ala Ser Asp Arg Val

265 270 275
gtg gca cca agc aac tgacgtcca ccaagcatcc gca 969
Val Ala Pro Ser Asn

280

<210> 388

<211> 282

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 388

Met Ser Thr Leu Thr Ser His Arg Thr Val Pro Ala Pro Ser Ser Pro
1 5 10 15

Pro Ala Arg Pro Asn Lys Leu Ala Arg Asn Ile Val Ala Ile Val Ala
20 25 30

Ala Leu Ile Val Leu Ile Ala Thr Gly Thr Leu Lys Ile Glu Trp Asn
35 40 45

Glu Leu Pro Gln Met Pro Ala Gln Val Trp His Tyr Leu Glu Leu Met
50 55 60

Phe Ser Asp Pro Asp Trp Ser Lys Phe Gly Arg Ala Val Gln Glu Met
65 70 75 80

Trp Arg Ser Ile Ala Met Ala Trp Leu Gly Ala Ile Leu Cys Val Val
85 90 95

Val Ser Val Pro Leu Gly Met Leu Ala Ala Arg Gly Val Gly Pro Tyr
100 105 110

Trp Leu Arg Thr Val Leu Arg Phe Val Phe Ala Val Ile Arg Ala Phe
115 120 125

Pro Glu Val Val Ile Ala Ile Ile Leu Leu Thr Val Thr Gly Leu Thr
130 135 140

Pro Phe Thr Gly Ala Leu Ala Leu Gly Ile Ser Gly Ile Gly Gln Gln
145 150 155 160

Ala Lys Trp Thr Tyr Glu Ala Ile Glu Ser Thr Pro Thr Gly Pro Ser
165 170 175

Glu Ala Val Arg Ala Ala Gly Gly Thr Thr Pro Glu Val Leu Arg Trp
180 185 190

Ala Leu Trp Pro Gln Val Ala Pro Ser Ile Ala Ser Phe Ala Leu Tyr

195	200	205	
Arg Phe Glu Ile Asn Ile Arg Thr Ser Ala Val Leu Gly Ile Val Gly			
210	215	220	
Ala Gly Gly Ile Gly Ser Met Leu Ala Asn Tyr Thr Asn Tyr Arg Gln			
225	230	235	240
Trp Asp Thr Val Gly Met Leu Leu Ile Val Val Val Val Ala Thr Met			
245	250	255	
Ile Val Asp Leu Ile Ser Gly Thr Ile Arg Arg Arg Ile Met Lys Gly			
260	265	270	
Ala Ser Asp Arg Val Val Ala Pro Ser Asn			
275	280		
<210> 389			
<211> 1173			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1150)			
<223> RXN01732			
<400> 389			
gattctatcg ctgatctccc tctccttgcc tgggtttgtt cccgggtctc ctcttcttaa 60			
ctttcttgtc tcatgtcgct gaaaggtttt taaagatctc atg ttc aag ctc tct 115			
Met Phe Lys Leu Ser			
1 5			
aag cca tcc aag tcc atg cgt gtt gct gtt tct acg ctt gcg atc tct 163			
Lys Pro Ser Lys Ser Met Arg Val Ala Val Ser Thr Leu Ala Ile Ser			
10 15 20			
acc ctt gct cta gtt ggt tgt tcc tct tcc gat gag tct tct tcc tca 211			
Thr Leu Ala Leu Val Gly Cys Ser Ser Ser Asp Glu Ser Ser Ser Ser			
25 30 35			
tca tct gcg tct tct tct tct gat gct gca agc cag tgg cct gag tcc 259			
Ser Ser Ala Ser Ser Ser Ser Asp Ala Ala Ser Gln Trp Pro Glu Ser			
40 45 50			
att act ttg tct ctt gtt cct tct act gag ggt gag gat ttg gct gaa 307			
Ile Thr Leu Ser Leu Val Pro Ser Thr Glu Gly Glu Asp Leu Ala Glu			
55 60 65			
gcg ttg gct cct ttg act gat tac ctg tct gag aac ctt ggt att gag 355			
Ala Leu Ala Pro Leu Thr Asp Tyr Leu Ser Glu Asn Leu Gly Ile Glu			
70 75 80 85			
gtc aat ggt gtg gtg gcg tct gat tac gct gca acc gtt gag gct ttg 403			

Val Asn Gly Val Val Ala Ser Asp Tyr Ala Ala Thr Val Glu Ala Leu

90 95 100
 ggt gct gat cag gct cag gtg atc atc act gat gcg ggt tcc ctg tat 451
 Gly Ala Asp Gln Ala Gln Val Ile Ile Thr Asp Ala Gly Ser Leu Tyr

105 110 115
 aac gcg att gag cag tac gat gcg cag ctg att ctg cgt gat gtg cgt 499
 Asn Ala Ile Glu Gln Tyr Asp Ala Gln Leu Ile Leu Arg Asp Val Arg

120 125 130
 ttc ggt gcc acc tcg tac tct gct gtg gcg tac acc aac aat cct gat 547
 Phe Gly Ala Thr Ser Tyr Ser Ala Val Ala Tyr Thr Asn Asn Pro Asp

135 140 145
 aag tac tgc gac gat gcc cca gtg gct gcg tct tat gct gcg tcc gat 595
 Lys Tyr Cys Asp Asp Ala Pro Val Ala Ala Ser Tyr Ala Ala Ser Asp

150 155 160 165
 gta gac atg ctt tac tgc aac ggt att gaa act gag ggc cag gct gct 643
 Val Asp Met Leu Tyr Cys Asn Gly Ile Glu Thr Glu Gly Gln Ala Ala

170 175 180
 acc ggt gag ggc cca gca gct ctt gat gcg ctg gaa aag atc gag tcc 691
 Thr Gly Glu Gly Pro Ala Ala Leu Asp Ala Leu Glu Lys Ile Glu Ser

185 190 195
 ggt gac aag gta gcg ctg cag gct gca acc tct cct gcg ggt tac cag 739
 Gly Asp Lys Val Ala Leu Gln Ala Ala Thr Ser Pro Ala Gly Tyr Gln

200 205 210
 tac cct atc gtc gct atg cag gat ctg ggc atg gat acc gat tcc gct 787
 Tyr Pro Ile Val Ala Met Gln Asp Leu Gly Met Asp Thr Asp Ser Ala

215 220 225
 ttt gtt cag gtt cca gta gag ggc aac aac aac gct gtg ctg tct gtc 835
 Phe Val Gln Val Pro Val Glu Gly Asn Asn Asn Ala Val Leu Ser Val

230 235 240 245
 ctg aac ggt gac gcg gaa gtg tcc ttc ggt ttc tgg gat gcg cgt tcc 883
 Leu Asn Gly Asp Ala Glu Val Ser Phe Gly Phe Trp Asp Ala Arg Ser

250 255 260
 acc gtg ctg tct gag gct cct aac gca gct gag gat gtc gta gcg ttt 931
 Thr Val Leu Ser Glu Ala Pro Asn Ala Ala Glu Asp Val Val Ala Phe

265 270 275
 gcc tac acc gag atg atc cct aac ggt ggc gtc gca gcg tcc aag tcc 979
 Ala Tyr Thr Glu Met Ile Pro Asn Gly Gly Val Ala Ala Ser Lys Ser

280 285 290
 ctt cca tcc gac ctg gtg gaa aag ctc acc gag ttg atg gat gat tac 1027
 Leu Pro Ser Asp Leu Val Glu Lys Leu Thr Glu Leu Met Asp Asp Tyr

295 300 305
 gca gat tcc tcc gag gaa gcc aag gat gtc atg ttc gac atg gtt ggt 1075

Ala Asp Ser Ser Glu Glu Ala Lys Asp Val Met Phe Asp Met Val Gly

310 315 320 325
cta tct gac tgg act gct gat acc gca cag gat gaa atc act cgt tac 1123
Leu Ser Asp Trp Thr Ala Asp Thr Ala Gln Asp Glu Ile Thr Arg Tyr

 330 335 340
ggc gag atc ctg aag aag ttc tcc aac taatttcct gtttccaata 1170
Gly Glu Ile Leu Lys Lys Phe Ser Asn

 345 350
ctc 1173

<210> 390

<211> 350

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 390

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

Thr Leu Ala Ile Ser Thr Leu Ala Leu Val Gly Cys Ser Ser Ser Asp
20 25 30

Glu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ser Ser Ser Ser Asp Ala Ala Ser
35 40 45

Gln Trp Pro Glu Ser Ile Thr Leu Ser Leu Val Pro Ser Thr Glu Gly
50 55 60

Glu Asp Leu Ala Glu Ala Leu Ala Pro Leu Thr Asp Tyr Leu Ser Glu
65 70 75 80

Asn Leu Gly Ile Glu Val Asn Gly Val Val Ala Ser Asp Tyr Ala Ala
85 90 95

Thr Val Glu Ala Leu Gly Ala Asp Gln Ala Gln Val Ile Ile Thr Asp
100 105 110

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

Leu Arg Asp Val Arg Phe Gly Ala Thr Ser Tyr Ser Ala Val Ala Tyr
130 135 140

Thr Asn Asn Pro Asp Lys Tyr Cys Asp Asp Ala Pro Val Ala Ala Ser
145 150 155 160

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

Glu Gly Gln Ala Ala Thr Gly Glu Gly Pro Ala Ala Leu Asp Ala Leu
180 185 190

Glu Lys Ile Glu Ser Gly Asp Lys Val Ala Leu Gln Ala Ala Thr Ser

195 200 205
 Pro Ala Gly Tyr Gln Tyr Pro Ile Val Ala Met Gln Asp Leu Gly Met
 210 215 220
 Asp Thr Asp Ser Ala Phe Val Gln Val Pro Val Glu Gly Asn Asn Asn
 225 230 235 240
 Ala Val Leu Ser Val Leu Asn Gly Asp Ala Glu Val Ser Phe Gly Phe
 245 250 255
 Trp Asp Ala Arg Ser Thr Val Leu Ser Glu Ala Pro Asn Ala Ala Glu
 260 265 270
 Asp Val Val Ala Phe Ala Tyr Thr Glu Met Ile Pro Asn Gly Gly Val
 275 280 285
 Ala Ala Ser Lys Ser Leu Pro Ser Asp Leu Val Glu Lys Leu Thr Glu
 290 295 300
 Leu Met Asp Asp Tyr Ala Asp Ser Ser Glu Glu Ala Lys Asp Val Met
 305 310 315 320
 Phe Asp Met Val Gly Leu Ser Asp Trp Thr Ala Asp Thr Ala Gln Asp
 325 330 335
 Glu Ile Thr Arg Tyr Gly Glu Ile Leu Lys Lys Phe Ser Asn
 340 345 350
 <210> 391
 <211> 903
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(880)
 <223> RXN03080
 <400> 391
 cttgcaaaca ggctgtgtgg tggcgttcat tggtcacca atttctttt atttactgct 60
 cagcatgcgc aagcgacgcg gattggggct gtaaaaactc atg cct caa tta gtt 115
 Met Pro Gln Leu Val
 1 5
 gaa att cgt gat ctc aac gtt gaa ttc ccc tct cgc cat gca gtg aaa 163
 Glu Ile Arg Asp Leu Asn Val Glu Phe Pro Ser Arg His Ala Val Lys
 10 15 20
 aac gtg tct ttt tct gca cct gct gga aaa gtc acc gca ctg att ggc 211
 Asn Val Ser Phe Ser Ala Pro Ala Gly Lys Val Thr Ala Leu Ile Gly
 25 30 35
 cca aat ggt gct ggt aaa agt act gcc ctt tcg gcg att gca gga ttg 259

Pro Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Ala Leu Ser Ala Ile Ala Gly Leu

40 45 50
gtt gaa tcc acc ggc gag gta atg gtt ggt ggg agt ggg gtt gcg tcg 307
Val Glu Ser Thr Gly Glu Val Met Val Gly Gly Ser Gly Val Ala Ser

55 60 65
aaa agc gct aaa gcc cga gcc cgc ctg ctc tca ctc gtg ccg caa aac 355
Lys Ser Ala Lys Ala Arg Ala Arg Leu Leu Ser Leu Val Pro Gln Asn

70 75 80 85
acc gag ttg cgc att ggt ttt agt gca cgc gac gtt gtc gcg atg ggc 403
Thr Glu Leu Arg Ile Gly Phe Ser Ala Arg Asp Val Val Ala Met Gly

90 95 100
cgc tac ccg cat cgt ggc cgc ttc gcc gtg gag acc gac gca gat cga 451
Arg Tyr Pro His Arg Gly Arg Phe Ala Val Glu Thr Asp Ala Asp Arg

105 110 115
cgc gcc acc gat gac gcc ctg cgc gcc atc aac gcg ctc gac atc gcc 499
Arg Ala Thr Asp Asp Ala Leu Arg Ala Ile Asn Ala Leu Asp Ile Ala

120 125 130
gag cag ccc gtc aac gaa tta tcg ggc ggc cag cag cag ctc atc cac 547
Glu Gln Pro Val Asn Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Leu Ile His

135 140 145
atc ggc cga gcg ctc gcc caa gac acc gcc gtc gtg ctt ctc gac gag 595
Ile Gly Arg Ala Leu Ala Gln Asp Thr Ala Val Val Leu Leu Asp Glu

150 155 160 165
ccc gtc tcc gcc ctt gat cta cgg cac caa gtt gaa gtc ctt caa ctc 643
Pro Val Ser Ala Leu Asp Leu Arg His Gln Val Glu Val Leu Gln Leu

170 175 180
ctg cgc gcc cga gct aat tcc ggc acc acc gtg atc gtc gtc ctt cac 691
Leu Arg Ala Arg Ala Asn Ser Gly Thr Thr Val Ile Val Val Leu His

185 190 195
gat ctc aac cac gtt gcc cgt tgg tgc gac cat gca gtg ttg atg gcc 739
Asp Leu Asn His Val Ala Arg Trp Cys Asp His Ala Val Leu Met Ala

200 205 210
gac ggc gaa gtt gtc tcc caa ggt gac atc cgc gag gtg ctc gaa cct 787
Asp Gly Glu Val Val Ser Gln Gly Asp Ile Arg Glu Val Leu Glu Pro

215 220 225
gcc aca ctg tcc acc gtg tac gga ctg ccc att gcg gtg cgc gat gat 835
Ala Thr Leu Ser Thr Val Tyr Gly Leu Pro Ile Ala Val Arg Asp Asp

230 235 240 245
ccc gaa acc agc tca ctt cgc gtg atc ccg cat cca aat ccc ttt 880
Pro Glu Thr Ser Ser Leu Arg Val Ile Pro His Pro Asn Pro Phe

250 255 260

tgattgaaag ttgacttaa aaa

903

<210> 392

<211> 260

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 392

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

Arg His Ala Val Lys Asn Val Ser Phe Ser Ala Pro Ala Gly Lys Val
20 25 30

Thr Ala Leu Ile Gly Pro Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Ala Leu Ser
35 40 45

Ala Ile Ala Gly Leu Val Glu Ser Thr Gly Glu Val Met Val Gly Gly
50 55 60

Ser Gly Val Ala Ser Lys Ser Ala Lys Ala Arg Ala Arg Leu Leu Ser
65 70 75 80

Leu Val Pro Gln Asn Thr Glu Leu Arg Ile Gly Phe Ser Ala Arg Asp
85 90 95

Val Val Ala Met Gly Arg Tyr Pro His Arg Gly Arg Phe Ala Val Glu
100 105 110

Thr Asp Ala Asp Arg Arg Ala Thr Asp Asp Ala Leu Arg Ala Ile Asn
115 120 125

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

Gln Gln Leu Ile His Ile Gly Arg Ala Leu Ala Gln Asp Thr Ala Val
145 150 155 160

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

Glu Val Leu Gln Leu Leu Arg Ala Arg Ala Asn Ser Gly Thr Thr Val
180 185 190

Ile Val Val Leu His Asp Leu Asn His Val Ala Arg Trp Cys Asp His
195 200 205

Ala Val Leu Met Ala Asp Gly Glu Val Val Ser Gln Gly Asp Ile Arg
210 215 220

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

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

Pro Asn Pro Phe
260

<210> 393
<211> 582
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(559)
<223> RXN03081

<400> 393
acggactgcc cattgcggtg cgcgatgac ccgaaaccag ctcaacttcgc gtgatccgc 60
atccaaatcc cttttgatg aaagtttgac ttaaaaaccc atg aaa aaa tca ctc 115
Met Lys Lys Ser Leu

1 5
atc gcc att gtt gcc agt gcg ctc gtg tta agc ggc tgc acc tct gat 163
Ile Ala Ile Val Ala Ser Ala Leu Val Leu Ser Gly Cys Thr Ser Asp

10 15 20
tct tct gac tct tcc ggc act tcc gga act gtg gaa acc act tcg att 211
Ser Ser Asp Ser Ser Gly Thr Ser Gly Thr Val Glu Thr Thr Ser Ile

25 30 35
aca acc agc gtt gcc gca gct gac ggc gca ttc cca cgc acc gtc aca 259
Thr Thr Ser Val Ala Ala Ala Asp Gly Ala Phe Pro Arg Thr Val Thr

40 45 50
ctc gac gat tcc tcc atc acc tta gaa tcc aaa cca gag cgc atc gcc 307
Leu Asp Asp Ser Ser Ile Thr Leu Glu Ser Lys Pro Glu Arg Ile Ala

55 60 65
gta ctc acc cca gag gca gca tcc ttg gtt ctc ccc atc aca ggc gcc 355
Val Leu Thr Pro Glu Ala Ala Ser Leu Val Leu Pro Ile Thr Gly Ala

70 75 80 85
gac cgc gtc gtg atg acc gcc gaa atg gac acc gct gac gaa gaa acc 403
Asp Arg Val Val Met Thr Ala Glu Met Asp Thr Ala Asp Glu Glu Thr

90 95 100
gca gct ctg gcc tcc caa gtg gaa tac caa gtc aaa aac ggt ggc agg 451
Ala Ala Leu Ala Ser Gln Val Glu Tyr Gln Val Lys Asn Gly Gly Arg

105 110 115
ctc gac ccc gaa caa gtt gtc gcc ggc gac cca gat ttg gtg atc gtc 499
Leu Asp Pro Glu Gln Val Val Ala Gly Asp Pro Asp Leu Val Ile Val

120 125 130
agt gcg cgt ttc gat acc gaa caa ggc acc atc gac att ttg gaa ggc 547
Ser Ala Arg Phe Asp Thr Glu Gln Gly Thr Ile Asp Ile Leu Glu Gly

135 140 145 582
 ctc aac gtc ccg tagttaactt cgattcagac gct
 Leu Asn Val Pro

150

<210> 394
 <211> 153
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 394
 Met Lys Lys Ser Leu Ile Ala Ile Val Ala Ser Ala Leu Val Leu Ser
 1 5 10 15

Gly Cys Thr Ser Asp Ser Ser Asp Ser Ser Gly Thr Ser Gly Thr Val
 20 25 30

Glu Thr Thr Ser Ile Thr Thr Ser Val Ala Ala Ala Asp Gly Ala Phe
 35 40 45

Pro Arg Thr Val Thr Leu Asp Asp Ser Ser Ile Thr Leu Glu Ser Lys
 50 55 60

Pro Glu Arg Ile Ala Val Leu Thr Pro Glu Ala Ala Ser Leu Val Leu
 65 70 75 80

Pro Ile Thr Gly Ala Asp Arg Val Val Met Thr Ala Glu Met Asp Thr
 85 90 95

Ala Asp Glu Glu Thr Ala Ala Leu Ala Ser Gln Val Glu Tyr Gln Val
 100 105 110

Lys Asn Gly Gly Arg Leu Asp Pro Glu Gln Val Val Ala Gly Asp Pro
 115 120 125

Asp Leu Val Ile Val Ser Ala Arg Phe Asp Thr Glu Gln Gly Thr Ile
 130 135 140

Asp Ile Leu Glu Gly Leu Asn Val Pro
 145 150

<210> 395
 <211> 444
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(421)
 <223> RXN03082

<400> 395

cagaagcaat cgcagaaatc gatgcaaacc gcattcgaca ttcgacaagc ctgccacctc 60
 cccactgtg ctcaatttga tgcaacgcgg accacgcca atg gtc atg cca gaa 115
 Met Val Met Pro Glu

1 5
 tct gcc atg ctc acc ggc ctg atc cgc gaa gcc ggc ggc act cca gtg 163
 Ser Ala Met Leu Thr Gly Leu Ile Arg Glu Ala Gly Gly Thr Pro Val

10 15 20
 gta gat tct ctc ggc gcg gta ggc acc atc act gca gac cca gaa caa 211
 Val Asp Ser Leu Gly Ala Val Gly Thr Ile Thr Ala Asp Pro Glu Gln

25 30 35
 gtt gtt gcg atg gca cct gag atc atc atc att cag gac ttc caa ggt 259
 Val Val Ala Met Ala Pro Glu Ile Ile Ile Ile Gln Asp Phe Gln Gly

40 45 50
 aaa ggc cga gag aac ttc gct aat ttc ctc tcc aac cca gcg cta gcc 307
 Lys Gly Arg Glu Asn Phe Ala Asn Phe Leu Ser Asn Pro Ala Leu Ala

55 60 65
 aac gtt ccc gcc att gaa aac gac aag att ttc tac gcc gac act gtc 355
 Asn Val Pro Ala Ile Glu Asn Asp Lys Ile Phe Tyr Ala Asp Thr Val

70 75 80 85
 acc act gga gtt act gca ggt acc gat atc acc act ggt ctg cag caa 403
 Thr Thr Gly Val Thr Ala Gly Thr Asp Ile Thr Thr Gly Leu Gln Gln

90 95 100
 gtg gca gaa atg ctg agc tagttttgag atgttgaaac tag 444
 Val Ala Glu Met Leu Ser

105

<210> 396

<211> 107

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 396

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

Gly Gly Thr Pro Val Val Asp Ser Leu Gly Ala Val Gly Thr Ile Thr
 20 25 30

Ala Asp Pro Glu Gln Val Val Ala Met Ala Pro Glu Ile Ile Ile Ile
 35 40 45

Gln Asp Phe Gln Gly Lys Gly Arg Glu Asn Phe Ala Asn Phe Leu Ser
 50 55 60

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

Tyr Ala Asp Thr Val Thr Thr Gly Val Thr Ala Gly Thr Asp Ile Thr
85 90 95

Thr Gly Leu Gln Gln Val Ala Glu Met Leu Ser
100 105

<210> 397

<211> 1479

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1456)

<223> RXA02261

<400> 397

gaaatctata gaacgatagg taaaaactgg actaggttta tctatagcgg aatagaaaat 60
actccgctcg acagcatcac ttagctgaaa ggcctttaac atg gac ccc tca gat 115
Met Asp Pro Ser Asp

1 5
cta gcc tgg att ctc gca gct ttt gcg ttg gta agc ctg atg ttc ccc 163
Leu Ala Trp Ile Leu Ala Ala Phe Ala Leu Val Ser Leu Met Phe Pro

10 15 20
gga ttg tcc ctg ctc tac ggc ggc atg ctg ggt ggg caa cac gtt ctt 211
Gly Leu Ser Leu Leu Tyr Gly Gly Met Leu Gly Gly Gln His Val Leu

25 30 35
aac acg ttc atg atg gtt atg agc tca ctt gga atc atc agc ctt gtg 259
Asn Thr Phe Met Met Val Met Ser Ser Leu Gly Ile Ile Ser Leu Val

40 45 50
tac atc att tat gga cac gga ctt gtc tta gga aac tcc atc ggt ggg 307
Tyr Ile Ile Tyr Gly His Gly Leu Val Leu Gly Asn Ser Ile Gly Gly

55 60 65
tgg gga att atc gga aat ccc ctt gaa tac ttc ggc ttc cgc aac att 355
Trp Gly Ile Ile Gly Asn Pro Leu Glu Tyr Phe Gly Phe Arg Asn Ile

70 75 80 85
atg gaa gat gac ggc acc gga gac ctc atg tgg gcc ggc ttc tac att 403
Met Glu Asp Asp Gly Thr Gly Asp Leu Met Trp Ala Gly Phe Tyr Ile

90 95 100
ctg ttc gct gca atc tca ctc gca ctt gtt tca tct ggt gca gcg ggg 451
Leu Phe Ala Ala Ile Ser Leu Ala Leu Val Ser Ser Gly Ala Ala Gly

105 110 115
cgc atg cgc ttt gga gcg tgg ctg gtc ttc ggt gtc ctg tgg ttc acc 499
Arg Met Arg Phe Gly Ala Trp Leu Val Phe Gly Val Leu Trp Phe Thr

120

125

130

ttt gtg tac gcg cca ctg gca cac tgg gtt ttc gct atc gat gat cct	547
Phe Val Tyr Ala Pro Leu Ala His Trp Val Phe Ala Ile Asp Asp Pro	
135 140 145	
gag tcc ggc tac gtg ggt ggc tgg atg aaa aat gtg ctt gag ttc cac	595
Glu Ser Gly Tyr Val Gly Gly Trp Met Lys Asn Val Leu Glu Phe His	
150 155 160 165	
gac ttt gct ggt gga acg gca gtg cac atg aat gcg ggt gcg tct gga	643
Asp Phe Ala Gly Gly Thr Ala Val His Met Asn Ala Gly Ala Ser Gly	
170 175 180	
ctc gcg ctg gca ata gtg ctg gga cgc cgc cac tcc atg gct gtg cgt	691
Leu Ala Leu Ala Ile Val Leu Gly Arg Arg His Ser Met Ala Val Arg	
185 190 195	
cca cac aac ctt cca ctg att ttg att ggt gca gga ctg atc gtt gcg	739
Pro His Asn Leu Pro Leu Ile Leu Ile Gly Ala Gly Leu Ile Val Ala	
200 205 210	
ggc tgg ttc gga ttc aat ggt ggt acc gca ggt ggt gcc aac ttc ctc	787
Gly Trp Phe Gly Phe Asn Gly Gly Thr Ala Gly Gly Ala Asn Phe Leu	
215 220 225	
gca agc tac gtg gtc gtt acc tct ctc att gct gca gct ggc gga atg	835
Ala Ser Tyr Val Val Val Thr Ser Leu Ile Ala Ala Ala Gly Gly Met	
230 235 240 245	
atg ggc ttc atg ctc gtt gaa cgt gtg ttc agc gga aaa ccc act ttc	883
Met Gly Phe Met Leu Val Glu Arg Val Phe Ser Gly Lys Pro Thr Phe	
250 255 260	
ttt ggc tcg gca acc ggc aca atc gca ggc ctt gtg gct atc acc ccg	931
Phe Gly Ser Ala Thr Gly Thr Ile Ala Gly Leu Val Ala Ile Thr Pro	
265 270 275	
gcc gcg gat gca gtg agc ccg ctc gga gca ttc gcc gtc gga gcg ctc	979
Ala Ala Asp Ala Val Ser Pro Leu Gly Ala Phe Ala Val Gly Ala Leu	
280 285 290	
ggc gca gtt gtc tcc ttc tgg gca att agc tgg aag aag gga cac cga	1027
Gly Ala Val Val Ser Phe Trp Ala Ile Ser Trp Lys Lys Gly His Arg	
295 300 305	
gtc gat gat tcc ttc gat gtg ttc gca gtc cac gga atg gcc ggc att	1075
Val Asp Asp Ser Phe Asp Val Phe Ala Val His Gly Met Ala Gly Ile	
310 315 320 325	
gca ggt gca ctg ttt gtc atg ctc ttt ggc gat cca cta gca cca gcg	1123
Ala Gly Ala Leu Phe Val Met Leu Phe Gly Asp Pro Leu Ala Pro Ala	
330 335 340	
gga gtt tcc gga gtc ttc ttc ggt ggc gaa ctc tcc ctg ctg tgg agg	1171
Gly Val Ser Gly Val Phe Phe Gly Gly Glu Leu Ser Leu Leu Trp Arg	
345 350 355	

gaa cca ctg gcc atc atc gtg acc ctt aca tac gca ttc ggc gtg acc 1219
Glu Pro Leu Ala Ile Ile Val Thr Leu Thr Tyr Ala Phe Gly Val Thr

360 365 370
tgg ttg att gcc acg atc ttg aac aag ttc atg act ctg cgc atc acc 1267
Trp Leu Ile Ala Thr Ile Leu Asn Lys Phe Met Thr Leu Arg Ile Thr

375 380 385
tcc gaa gcc gaa tat gaa ggc att gac cgc gca gaa cac gca gaa tct 1315
Ser Glu Ala Glu Tyr Glu Gly Ile Asp Arg Ala Glu His Ala Glu Ser

390 395 400 405
gcc tac cac ctc aat tcc aac gga att ggg atg gca acc cgc acc aat 1363
Ala Tyr His Leu Asn Ser Asn Gly Ile Gly Met Ala Thr Arg Thr Asn

410 415 420
ttc gga cct gaa atc ccc gag gaa acc gtg ccc gac gcc gtg cag gtg 1411
Phe Gly Pro Glu Ile Pro Glu Glu Thr Val Pro Asp Ala Val Gln Val

425 430 435
ggc gtc gat aag caa aaa atc gct gat act cga aag gcc tca aaa 1456
Gly Val Asp Lys Gln Lys Ile Ala Asp Thr Arg Lys Ala Ser Lys

440 445 450
tgaccgcaac ctacaccact gaa 1479

<210> 398

<211> 452

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 398

Met Asp Pro Ser Asp Leu Ala Trp Ile Leu Ala Ala Phe Ala Leu Val
1 5 10 15

Ser Leu Met Phe Pro Gly Leu Ser Leu Leu Tyr Gly Gly Met Leu Gly
20 25 30

Gly Gln His Val Leu Asn Thr Phe Met Met Val Met Ser Ser Leu Gly
35 40 45

Ile Ile Ser Leu Val Tyr Ile Ile Tyr Gly His Gly Leu Val Leu Gly
50 55 60

Asn Ser Ile Gly Gly Trp Gly Ile Ile Gly Asn Pro Leu Glu Tyr Phe
65 70 75 80

Gly Phe Arg Asn Ile Met Glu Asp Asp Gly Thr Gly Asp Leu Met Trp
85 90 95

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

Ser Gly Ala Ala Gly Arg Met Arg Phe Gly Ala Trp Leu Val Phe Gly

115	120	125
Val Leu Trp Phe Thr Phe Val Tyr Ala Pro Leu Ala His Trp Val Phe		
130	135	140
Ala Ile Asp Asp Pro Glu Ser Gly Tyr Val Gly Gly Trp Met Lys Asn		
145	150	155
Val Leu Glu Phe His Asp Phe Ala Gly Gly Thr Ala Val His Met Asn		
165	170	175
Ala Gly Ala Ser Gly Leu Ala Leu Ala Ile Val Leu Gly Arg Arg His		
180	185	190
Ser Met Ala Val Arg Pro His Asn Leu Pro Leu Ile Leu Ile Gly Ala		
195	200	205
Gly Leu Ile Val Ala Gly Trp Phe Gly Phe Asn Gly Gly Thr Ala Gly		
210	215	220
Gly Ala Asn Phe Leu Ala Ser Tyr Val Val Val Thr Ser Leu Ile Ala		
225	230	235
Ala Ala Gly Gly Met Met Gly Phe Met Leu Val Glu Arg Val Phe Ser		
245	250	255
Gly Lys Pro Thr Phe Phe Gly Ser Ala Thr Gly Thr Ile Ala Gly Leu		
260	265	270
Val Ala Ile Thr Pro Ala Ala Asp Ala Val Ser Pro Leu Gly Ala Phe		
275	280	285
Ala Val Gly Ala Leu Gly Ala Val Val Ser Phe Trp Ala Ile Ser Trp		
290	295	300
Lys Lys Gly His Arg Val Asp Asp Ser Phe Asp Val Phe Ala Val His		
305	310	315
Gly Met Ala Gly Ile Ala Gly Ala Leu Phe Val Met Leu Phe Gly Asp		
325	330	335
Pro Leu Ala Pro Ala Gly Val Ser Gly Val Phe Phe Gly Gly Glu Leu		
340	345	350
Ser Leu Leu Trp Arg Glu Pro Leu Ala Ile Ile Val Thr Leu Thr Tyr		
355	360	365
Ala Phe Gly Val Thr Trp Leu Ile Ala Thr Ile Leu Asn Lys Phe Met		
370	375	380
Thr Leu Arg Ile Thr Ser Glu Ala Glu Tyr Glu Gly Ile Asp Arg Ala		
385	390	395
Glu His Ala Glu Ser Ala Tyr His Leu Asn Ser Asn Gly Ile Gly Met		
405	410	415
Ala Thr Arg Thr Asn Phe Gly Pro Glu Ile Pro Glu Glu Thr Val Pro		
420	425	430

Asp Ala Val Gln Val Gly Val Asp Lys Gln Lys Ile Ala Asp Thr Arg
435 440 445

Lys Ala Ser Lys
450

<210> 399

<211> 1111

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1111)

<223> RXA02020

<400> 399

ttggtcaatc aagcgtgaat ccggtttcca tgagccagtt gcccgctca aagcttgacc 60
cattttcata accagtgccca tgtgggttta cggttgatac atg gct aaa tct aat 115
Met Ala Lys Ser Asn

1 5
gaa ggg ctg gga acc gga ctt cgg acc cgc cac ctc aca atg atg gga 163
Glu Gly Leu Gly Thr Gly Leu Arg Thr Arg His Leu Thr Met Met Gly

10 15 20
ctc ggc tcc gca att ggt gcc gga ctg ttc ctc ggc acc ggc gtt ggt 211
Leu Gly Ser Ala Ile Gly Ala Gly Leu Phe Leu Gly Thr Gly Val Gly

25 30 35
atc cgc gca gcc ggc ccc gca gtg ctc ctg gcg tac atc atc gcc gga 259
Ile Arg Ala Ala Gly Pro Ala Val Leu Leu Ala Tyr Ile Ile Ala Gly

40 45 50
gcc atc gtt gtg ctt gtt atg caa atg ctc ggc gag atg gct gct gcc 307
Ala Ile Val Val Leu Val Met Gln Met Leu Gly Glu Met Ala Ala Ala

55 60 65
cgt ccc gcc tcc gga tcg ttt tca cgt tac ggc gag gat gct ttc ggc 355
Arg Pro Ala Ser Gly Ser Phe Ser Arg Tyr Gly Glu Asp Ala Phe Gly

70 75 80 85
cac tgg gct ggt ttc tcc ctc ggt tgg ttg tac tgg ttc atg ctg att 403
His Trp Ala Gly Phe Ser Leu Gly Trp Leu Tyr Trp Phe Met Leu Ile

90 95 100
atg gtg atg ggc gcc gaa atg act ggc gct gct gcc atc atg ggt gca 451
Met Val Met Gly Ala Glu Met Thr Gly Ala Ala Ala Ile Met Gly Ala

105 110 115
tgg ttc ggc gtc gaa ccg tgg att cct tcg ctt gtc tgc gtg gtc ttc 499
Trp Phe Gly Val Glu Pro Trp Ile Pro Ser Leu Val Cys Val Val Phe

120

125

130

ttc gct gtg gtg aac ctc gtc gcg gtt cgc ggt ttc ggt gaa ttc gag 547
 Phe Ala Val Val Asn Leu Val Ala Val Arg Gly Phe Gly Glu Phe Glu

 135 140 145
 tac tgg ttc gca ttc att aag gtc gcg gtg atc atc gct ttc ctc atc 595
 Tyr Trp Phe Ala Phe Ile Lys Val Ala Val Ile Ile Ala Phe Leu Ile

 150 155 160 165
 att ggt att gct ctt att ttc gga tgg ctt ccc gga tcc acc ttt gtt 643
 Ile Gly Ile Ala Leu Ile Phe Gly Trp Leu Pro Gly Ser Thr Phe Val

 170 175 180
 gga acc tca aac ttc atc ggt gat cac gga ttc atg ccc aat ggt att 691
 Gly Thr Ser Asn Phe Ile Gly Asp His Gly Phe Met Pro Asn Gly Ile

 185 190 195
 tct ggt gtt gct gct ggt ttg ctc gcg gtg gct ttt gcc ttt ggt ggc 739
 Ser Gly Val Ala Ala Gly Leu Leu Ala Val Ala Phe Ala Phe Gly Gly

 200 205 210
 att gaa att gtc acc att gca gct gca gag tcc gat aag cca cgt gaa 787
 Ile Glu Ile Val Thr Ile Ala Ala Ala Glu Ser Asp Lys Pro Arg Glu

 215 220 225
 gct att tcc ctg gcg gtg cgt gcc gtg att tgg cgt att tca gtc ttt 835
 Ala Ile Ser Leu Ala Val Arg Ala Val Ile Trp Arg Ile Ser Val Phe

 230 235 240 245
 tac ttg ggc tct gtt ttg gtc atc act ttc ctc atg cct tat gag tcg 883
 Tyr Leu Gly Ser Val Leu Val Ile Thr Phe Leu Met Pro Tyr Glu Ser

 250 255 260
 atc aat ggt gcc gac acc gct gcg gaa tcc ccc ttc acc caa atc ctg 931
 Ile Asn Gly Ala Asp Thr Ala Ala Glu Ser Pro Phe Thr Gln Ile Leu

 265 270 275
 gcg atg gca aac atc cct ggc acg gtt ggt ttc atg gaa gcg atc atc 979
 Ala Met Ala Asn Ile Pro Gly Thr Val Gly Phe Met Glu Ala Ile Ile

 280 285 290
 gtt cta gca ctg ctt tcc gct ttc aac gcc caa atc tat gcc act tct 1027
 Val Leu Ala Leu Leu Ser Ala Phe Asn Ala Gln Ile Tyr Ala Thr Ser

 295 300 305
 cgt ttg gta ttt tcc atg gcg aat cga caa gac gct ccg cga gtt ttc 1075
 Arg Leu Val Phe Ser Met Ala Asn Arg Gln Asp Ala Pro Arg Val Phe

 310 315 320 325
 agt aag ctc agc acc agc cac gtc ccc acc aat gcg 1111
 Ser Lys Leu Ser Thr Ser His Val Pro Thr Asn Ala

 330 335

<210> 400
 <211> 337

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 400

Met Ala Lys Ser Asn Glu Gly Leu Gly Thr Gly Leu Arg Thr Arg His
1 5 10 15

Leu Thr Met Met Gly Leu Gly Ser Ala Ile Gly Ala Gly Leu Phe Leu
20 25 30

Gly Thr Gly Val Gly Ile Arg Ala Ala Gly Pro Ala Val Leu Leu Ala
35 40 45

Tyr Ile Ile Ala Gly Ala Ile Val Val Leu Val Met Gln Met Leu Gly
50 55 60

Glu Met Ala Ala Ala Arg Pro Ala Ser Gly Ser Phe Ser Arg Tyr Gly
65 70 75 80

Glu Asp Ala Phe Gly His Trp Ala Gly Phe Ser Leu Gly Trp Leu Tyr
85 90 95

Trp Phe Met Leu Ile Met Val Met Gly Ala Glu Met Thr Gly Ala Ala
100 105 110

Ala Ile Met Gly Ala Trp Phe Gly Val Glu Pro Trp Ile Pro Ser Leu
115 120 125

Val Cys Val Val Phe Phe Ala Val Val Asn Leu Val Ala Val Arg Gly
130 135 140

Phe Gly Glu Phe Glu Tyr Trp Phe Ala Phe Ile Lys Val Ala Val Ile
145 150 155 160

Ile Ala Phe Leu Ile Ile Gly Ile Ala Leu Ile Phe Gly Trp Leu Pro
165 170 175

Gly Ser Thr Phe Val Gly Thr Ser Asn Phe Ile Gly Asp His Gly Phe
180 185 190

Met Pro Asn Gly Ile Ser Gly Val Ala Ala Gly Leu Leu Ala Val Ala
195 200 205

Phe Ala Phe Gly Gly Ile Glu Ile Val Thr Ile Ala Ala Ala Glu Ser
210 215 220

Asp Lys Pro Arg Glu Ala Ile Ser Leu Ala Val Arg Ala Val Ile Trp
225 230 235 240

Arg Ile Ser Val Phe Tyr Leu Gly Ser Val Leu Val Ile Thr Phe Leu
245 250 255

Met Pro Tyr Glu Ser Ile Asn Gly Ala Asp Thr Ala Ala Glu Ser Pro
260 265 270

Phe Thr Gln Ile Leu Ala Met Ala Asn Ile Pro Gly Thr Val Gly Phe

275 280 285

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

Ile Tyr Ala Thr Ser Arg Leu Val Phe Ser Met Ala Asn Arg Gln Asp
305 310 315 320

Ala Pro Arg Val Phe Ser Lys Leu Ser Thr Ser His Val Pro Thr Asn
325 330 335

Ala

<210> 401
<211> 784
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(784)
<223> RXA00281

<400> 401
ggttgactct ttggctttga tgccagcatt cgccaaagcg tggccctctt taagaaagct 60
actgaacaca acagagtagg tttatgcgac actggtgcgc atg atc aac gtt gaa 115
Met Ile Asn Val Glu

1 5
ggc ctc acc aaa caa tat ggt cag gtc cgc gca gtc gat gat ctg agc 163
Gly Leu Thr Lys Gln Tyr Gly Gln Val Arg Ala Val Asp Asp Leu Ser

10 15 20
ttc gaa gta aaa ccc gga ata gtc acc gga ttt ctc ggc ccc aac ggc 211
Phe Glu Val Lys Pro Gly Ile Val Thr Gly Phe Leu Gly Pro Asn Gly

25 30 35
gcc gga aaa tcc acc acg atg cgg ctg atc ctt ggc tta gat aat cca 259
Ala Gly Lys Ser Thr Thr Met Arg Leu Ile Leu Gly Leu Asp Asn Pro

40 45 50
act gca ggg cat gcc acg atc gaa gga caa ccc tac cga tcg ctc aaa 307
Thr Ala Gly His Ala Thr Ile Glu Gly Gln Pro Tyr Arg Ser Leu Lys

55 60 65
aat ccc ctg acc aaa gtg gga gca ctg ctt gat gcc aaa gca aca cac 355
Asn Pro Leu Thr Lys Val Gly Ala Leu Leu Asp Ala Lys Ala Thr His

70 75 80 85
cca aat aga aca gca gaa aac cac ctc aag tgg atc gcc cgt gca aat 403
Pro Asn Arg Thr Ala Glu Asn His Leu Lys Trp Ile Ala Arg Ala Asn

90 95 100
ggg ctg tcc acc aaa aga gtc gat gaa gtt ctc acc ctc gtg gga ctg 451

Gly Leu Ser Thr Lys Arg Val Asp Glu Val Leu Thr Leu Val Gly Leu

105 110 115
act ggt gtt ggg tca aag aag acc ggt ggg ttt tca cta ggc atg ggc 499
Thr Gly Val Gly Ser Lys Lys Thr Gly Gly Phe Ser Leu Gly Met Gly

120 125 130
caa cgt cta gga ctt gct gca gca ttg ctc ggc gat ccg gaa tac tta 547
Gln Arg Leu Gly Leu Ala Ala Ala Leu Leu Gly Asp Pro Glu Tyr Leu

135 140 145
att ctc gac gaa ccc gtc aac ggc ctt gac cca gaa ggc att cac tgg 595
Ile Leu Asp Glu Pro Val Asn Gly Leu Asp Pro Glu Gly Ile His Trp

150 155 160 165
gtg cgc acc ttg ttg caa aac atc gcc aag cag ggc aga acc gtg ctc 643
Val Arg Thr Leu Leu Gln Asn Ile Ala Lys Gln Gly Arg Thr Val Leu

170 175 180
gtg agt tcc cac ctg ctg tcc gag atg gcg caa act gcg gaa cat ttg 691
Val Ser Ser His Leu Leu Ser Glu Met Ala Gln Thr Ala Glu His Leu

185 190 195
atc gtg att ggg cgt ggc aag ctg gtc gcc gat atg ccc atg cat gag 739
Ile Val Ile Gly Arg Gly Lys Leu Val Ala Asp Met Pro Met His Glu

200 205 210
ttt gtg cgc tcc cat tcc gct tcc aca gtt gtg gtg cgg gca gca 784
Phe Val Arg Ser His Ser Ala Ser Thr Val Val Val Arg Ala Ala

215 220 225

<210> 402

<211> 228

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 402

Met Ile Asn Val Glu Gly Leu Thr Lys Gln Tyr Gly Gln Val Arg Ala
1 5 10 15

Val Asp Asp Leu Ser Phe Glu Val Lys Pro Gly Ile Val Thr Gly Phe
20 25 30

Leu Gly Pro Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Thr Met Arg Leu Ile Leu
35 40 45

Gly Leu Asp Asn Pro Thr Ala Gly His Ala Thr Ile Glu Gly Gln Pro
50 55 60

Tyr Arg Ser Leu Lys Asn Pro Leu Thr Lys Val Gly Ala Leu Leu Asp
65 70 75 80

Ala Lys Ala Thr His Pro Asn Arg Thr Ala Glu Asn His Leu Lys Trp

	85	90	95	
Ile Ala Arg Ala Asn Gly Leu Ser Thr Lys Arg Val Asp Glu Val Leu				
	100	105	110	
Thr Leu Val Gly Leu Thr Gly Val Gly Ser Lys Lys Thr Gly Gly Phe				
	115	120	125	
Ser Leu Gly Met Gly Gln Arg Leu Gly Leu Ala Ala Ala Leu Leu Gly				
	130	135	140	
Asp Pro Glu Tyr Leu Ile Leu Asp Glu Pro Val Asn Gly Leu Asp Pro				
	145	150	155	160
Glu Gly Ile His Trp Val Arg Thr Leu Leu Gln Asn Ile Ala Lys Gln				
	165	170	175	
Gly Arg Thr Val Leu Val Ser Ser His Leu Leu Ser Glu Met Ala Gln				
	180	185	190	
Thr Ala Glu His Leu Ile Val Ile Gly Arg Gly Lys Leu Val Ala Asp				
	195	200	205	
Met Pro Met His Glu Phe Val Arg Ser His Ser Ala Ser Thr Val Val				
	210	215	220	
Val Arg Ala Ala				
225				
<210> 403				
<211> 852				
<212> DNA				
<213> Corynebacterium glutamicum				
<220>				
<221> CDS				
<222> (1)..(852)				
<223> RXN00570				
<400> 403				
acg aga cct cgg ccc caa gaa att ggc aac ggg ctt gtc gca ctg att				48
Thr Arg Pro Arg Pro Gln Glu Ile Gly Asn Gly Leu Val Ala Leu Ile				
1 5 10 15				
ttc tcc gca tcc gga ccc atc gca gtg atc ctg gct gct gct gca gcg				96
Phe Ser Ala Ser Gly Pro Ile Ala Val Ile Leu Ala Ala Ala Ala				
20 25 30				
gga aac ctt tgc cct gat caa aca tct tca tgg atc ttc gga gca ttt				144
Gly Asn Leu Ser Pro Asp Gln Thr Ser Ser Trp Ile Phe Gly Ala Phe				
35 40 45				
tta ggc aac gga ctg ctc acg ctg tgg ctt acc tat atg tac cgc agc				192
Leu Gly Asn Gly Leu Leu Thr Leu Trp Leu Thr Tyr Met Tyr Arg Ser				

50	55	60	
ccg cag gca tac ttc tgg acg att ccc gga acc gtc atc gtg ggc gac	240		
Pro Gln Ala Tyr Phe Trp Thr Ile Pro Gly Thr Val Ile Val Gly Asp			
65	70	75	80
tca ctt acc cac tta agt ttc gct gaa gtt atc ggc gca tac ctt gtt	288		
Ser Leu Thr His Leu Ser Phe Ala Glu Val Ile Gly Ala Tyr Leu Val			
85	90	95	
acc ggc gtt gtg gtg ttt gcg ctc gga tgg acc ggt ctc atc gga cgg	336		
Thr Gly Val Val Val Phe Ala Leu Gly Trp Thr Gly Leu Ile Gly Arg			
100	105	110	
atc atg gcg gta ctg cca cca acc atc gtg atg gcc atg gtc gca ggc	384		
Ile Met Ala Val Leu Pro Pro Thr Ile Val Met Ala Met Val Ala Gly			
115	120	125	
att ttc ctc cgc ttc gga ctc gac ctc atc gac gcc agc gtg acc gac	432		
Ile Phe Leu Arg Phe Gly Leu Asp Leu Ile Asp Ala Ser Val Thr Asp			
130	135	140	
ccg ctc att gca ctt ccc atg gtc ata gtt ttt gtg gca ttg agc atg	480		
Pro Leu Ile Ala Leu Pro Met Val Ile Val Phe Val Ala Leu Ser Met			
145	150	155	160
agt ccc cgc ttg gca agc atc gcc cca ccc gtt gca gta gcc gca gta	528		
Ser Pro Arg Leu Ala Ser Ile Ala Pro Pro Val Ala Val Ala Ala Val			
165	170	175	
gtg gga acc atc gtt gcc atc gca tcc ggc aaa cta gcg tcc gga att	576		
Val Gly Thr Ile Val Ala Ile Ala Ser Gly Lys Leu Ala Ser Gly Ile			
180	185	190	
cta gac aac gga att atc tcc cgc ccc gtc ttt acc gcc cca gaa ttt	624		
Leu Asp Asn Gly Ile Ile Ser Arg Pro Val Phe Thr Ala Pro Glu Phe			
195	200	205	
tcc ttc gcc gcc atc atg gaa ctc gtt gtt ccc ttg gcg atc acc gta	672		
Ser Phe Ala Ala Ile Met Glu Leu Val Val Pro Leu Ala Ile Thr Val			
210	215	220	
gtc att gtc caa aac ggc caa ggc gtc gca gtg ctt aaa gca gca ggt	720		
Val Ile Val Gln Asn Gly Gln Gly Val Ala Val Leu Lys Ala Ala Gly			
225	230	235	240
cac cgc ccc gga gta aac ctt gcc gcc gcg gcc tcc gga ctg tgg tcc	768		
His Arg Pro Gly Val Asn Leu Ala Ala Ala Ala Ser Gly Leu Trp Ser			
245	250	255	
cta ccc atg gcg ttg atc ggc aac atc acc acc tgc ctc acc ggc ccc	816		
Leu Pro Met Ala Leu Ile Gly Asn Ile Thr Thr Cys Leu Thr Gly Pro			
260	265	270	
acc aac gcg ctg atc gtc gcc gga gca aaa tca cac	852		
Thr Asn Ala Leu Ile Val Ala Gly Ala Lys Ser His			

275

280

<210> 404

<211> 284

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 404

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

Phe Ser Ala Ser Gly Pro Ile Ala Val Ile Leu Ala Ala Ala Ala Ala
20 25 30

Gly Asn Leu Ser Pro Asp Gln Thr Ser Ser Trp Ile Phe Gly Ala Phe
35 40 45

Leu Gly Asn Gly Leu Leu Thr Leu Trp Leu Thr Tyr Met Tyr Arg Ser
50 55 60

Pro Gln Ala Tyr Phe Trp Thr Ile Pro Gly Thr Val Ile Val Gly Asp
65 70 75 80

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

Thr Gly Val Val Val Phe Ala Leu Gly Trp Thr Gly Leu Ile Gly Arg
100 105 110

Ile Met Ala Val Leu Pro Pro Thr Ile Val Met Ala Met Val Ala Gly
115 120 125

Ile Phe Leu Arg Phe Gly Leu Asp Leu Ile Asp Ala Ser Val Thr Asp
130 135 140

Pro Leu Ile Ala Leu Pro Met Val Ile Val Phe Val Ala Leu Ser Met
145 150 155 160

Ser Pro Arg Leu Ala Ser Ile Ala Pro Pro Val Ala Val Ala Ala Val
165 170 175

Val Gly Thr Ile Val Ala Ile Ala Ser Gly Lys Leu Ala Ser Gly Ile
180 185 190

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

Ser Phe Ala Ala Ile Met Glu Leu Val Val Pro Leu Ala Ile Thr Val
210 215 220

Val Ile Val Gln Asn Gly Gln Gly Val Ala Val Leu Lys Ala Ala Gly
225 230 235 240

His Arg Pro Gly Val Asn Leu Ala Ala Ala Ala Ser Gly Leu Trp Ser
245 250 255

Leu Pro Met Ala Leu Ile Gly Asn Ile Thr Thr Cys Leu Thr Gly Pro
260 265 270

Thr Asn Ala Leu Ile Val Ala Gly Ala Lys Ser His
275 280

<210> 405

<211> 498

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(498)

<223> FRXA00570

<400> 405

cca acc atc gtg atg gcc atg gtc gca ggc att ttc ctc cgc ttc gga 48
Pro Thr Ile Val Met Ala Met Val Ala Gly Ile Phe Leu Arg Phe Gly

1 5 10 15
ctc gac ctc atc gac gcc agc gtg acc gac ccg ctc att gca ctt ccc 96
Leu Asp Leu Ile Asp Ala Ser Val Thr Asp Pro Leu Ile Ala Leu Pro

20 25 30
atg gtc ata gtt ttt gtg gca ttg agc atg agt ccc cgc ttg gca agc 144
Met Val Ile Val Phe Val Ala Leu Ser Met Ser Pro Arg Leu Ala Ser

35 40 45
atc gcc cca ccc gtt gca gta gcc gca gta gtg gga acc atc gtt gcc 192
Ile Ala Pro Pro Val Ala Val Ala Ala Val Val Gly Thr Ile Val Ala

50 55 60
atc gca tcc ggc aaa cta gcg tcc gga att cta gac aac gga att atc 240
Ile Ala Ser Gly Lys Leu Ala Ser Gly Ile Leu Asp Asn Gly Ile Ile

65 70 75 80
tcc cgc ccc gtc ttt acc gcc cca gaa ttt tcc ttc gcc gcc atc atg 288
Ser Arg Pro Val Phe Thr Ala Pro Glu Phe Ser Phe Ala Ala Ile Met

85 90 95
gaa ctc gtt gtt ccc ttg gcg atc acc gta gtc att gtc caa aac ggc 336
Glu Leu Val Val Pro Leu Ala Ile Thr Val Val Ile Val Gln Asn Gly

100 105 110
caa ggc gtc gca gtg ctt aaa gca gca ggt cac cgc ccc gga gta aac 384
Gln Gly Val Ala Val Leu Lys Ala Ala Gly His Arg Pro Gly Val Asn

115 120 125
ctt gcc gcc gcg gcc tcc gga ctg tgg tcc cta ccc atg gcg ttg atc 432
Leu Ala Ala Ala Ala Ser Gly Leu Trp Ser Leu Pro Met Ala Leu Ile

130 135 140
ggc aac atc acc acc tgc ctc acc ggc ccc acc aac gcg ctg atc gtc 480

Gly Asn Ile Thr Thr Cys Leu Thr Gly Pro Thr Asn Ala Leu Ile Val

145 150 155 160
gcc gga gca aaa tca cac 498
Ala Gly Ala Lys Ser His

165

<210> 406

<211> 166

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 406

Pro Thr Ile Val Met Ala Met Val Ala Gly Ile Phe Leu Arg Phe Gly
1 5 10 15

Leu Asp Leu Ile Asp Ala Ser Val Thr Asp Pro Leu Ile Ala Leu Pro
20 25 30

Met Val Ile Val Phe Val Ala Leu Ser Met Ser Pro Arg Leu Ala Ser
35 40 45

Ile Ala Pro Pro Val Ala Val Ala Val Val Gly Thr Ile Val Ala
50 55 60

Ile Ala Ser Gly Lys Leu Ala Ser Gly Ile Leu Asp Asn Gly Ile Ile
65 70 75 80

Ser Arg Pro Val Phe Thr Ala Pro Glu Phe Ser Phe Ala Ala Ile Met
85 90 95

Glu Leu Val Val Pro Leu Ala Ile Thr Val Val Ile Val Gln Asn Gly
100 105 110

Gln Gly Val Ala Val Leu Lys Ala Ala Gly His Arg Pro Gly Val Asn
115 120 125

Leu Ala Ala Ala Ala Ser Gly Leu Trp Ser Leu Pro Met Ala Leu Ile
130 135 140

Gly Asn Ile Thr Thr Cys Leu Thr Gly Pro Thr Asn Ala Leu Ile Val
145 150 155 160

Ala Gly Ala Lys Ser His
165

<210> 407

<211> 1280

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1257)

<223> RXN00571

<400> 407

```

aca ctt gtt cca cag gtt tac gaa ata gtg atc tac ggc gct gtg ctg   48
Thr Leu Val Pro Gln Val Tyr Glu Ile Val Ile Tyr Gly Ala Val Leu

      1              5              10              15
tca gct gta cat gaa gat cca acc cag atc ggt gcg ctc agc cca gca   96
Ser Ala Val His Glu Asp Pro Thr Gln Ile Gly Ala Leu Ser Pro Ala

      20              25              30
gtc gcc ggc acc ctt ggt tcc tac gcc atg atc ggc gtg atg atc ggt   144
Val Ala Gly Thr Leu Gly Ser Tyr Ala Met Ile Gly Val Met Ile Gly

      35              40              45
gct cta tct gca ggt gcc gtt ggt gac cgc ctt ggt cgt cgc aaa gtt   192
Ala Leu Ser Ala Gly Ala Val Gly Asp Arg Leu Gly Arg Arg Lys Val

      50              55              60
atg ctc acc gca atc gtc tgg ttc tct gtg ggc atg gcg ctg acc gcg   240
Met Leu Thr Ala Ile Val Trp Phe Ser Val Gly Met Ala Leu Thr Ala

      65              70              75              80
ttc gcg tcc tcg att gcg ctg ttc ggt ttc ttg cgc ttc ctc acc gga   288
Phe Ala Ser Ser Ile Ala Leu Phe Gly Phe Leu Arg Phe Leu Thr Gly

      85              90              95
ctt ggc gtg ggc atg atc gtt gca acc ggc ggc gca atc atc gcg gag   336
Leu Gly Val Gly Met Ile Val Ala Thr Gly Gly Ala Ile Ile Ala Glu

      100             105             110
ttc gct cca gcg aat agg cgc aac ttg ttc aac gca atc gtg tac tcc   384
Phe Ala Pro Ala Asn Arg Arg Asn Leu Phe Asn Ala Ile Val Tyr Ser

      115             120             125
ggt gtc cca gcc ggt ggc gtg ctg gct tct atc ctt gca ctg ctc ttt   432
Gly Val Pro Ala Gly Gly Val Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Leu Phe

      130             135             140
gaa gat gtc atc ggc tgg cgc gga ctc ttc ctc atc ggt gga tcc cca   480
Glu Asp Val Ile Gly Trp Arg Gly Leu Phe Leu Ile Gly Gly Ser Pro

      145             150             155             160
cta ctg ttc ctc ctg cca ctt gca tac ttc ttc ctc cca gag tcc ccg   528
Leu Leu Phe Leu Leu Pro Leu Ala Tyr Phe Phe Leu Pro Glu Ser Pro

      165             170             175
cgc tgg ctc acc tcc cgc ggc cgt gct gcg gac gcc aaa gcc ctc tgc   576
Arg Trp Leu Thr Ser Arg Gly Arg Ala Ala Asp Ala Lys Ala Leu Cys

      180             185             190
gca cgc tat ggg ctg ccg acg gag gaa ttt gtc gtc gaa aag cag cag   624
Ala Arg Tyr Gly Leu Pro Thr Glu Glu Phe Val Val Glu Lys Gln Gln

```

195	200	205	
gaa aca aag ggc acc gga ttc gct gga att ttc tcc tcc aag tac ctc			672
Glu Thr Lys Gly Thr Gly Phe Ala Gly Ile Phe Ser Ser Lys Tyr Leu			
210	215	220	
atg ggc acc att ctc atc ggc gca atg agc ttc atc ggg ctg ctt tcg			720
Met Gly Thr Ile Leu Ile Gly Ala Met Ser Phe Ile Gly Leu Leu Ser			
225	230	235	240
acc tac ggc ctg aac acc tgg ttg cca aag atc atg gaa tcc aac ggc			768
Thr Tyr Gly Leu Asn Thr Trp Leu Pro Lys Ile Met Glu Ser Asn Gly			
245	250	255	
gca acc tca cat gat tcc ctg tac tcc ctg ctg ttc ctc aac ggc ggc			816
Ala Thr Ser His Asp Ser Leu Tyr Ser Leu Leu Phe Leu Asn Gly Gly			
260	265	270	
gca gtg ttc ggt ggc ctc atc gca tcc tgg ttc gct gac cgc atc ggc			864
Ala Val Phe Gly Gly Leu Ile Ala Ser Trp Phe Ala Asp Arg Ile Gly			
275	280	285	
gcg aag acc gtg atc acc tcc acc ttc gct ctc gcc gcg atc tgc ctc			912
Ala Lys Thr Val Ile Thr Ser Thr Phe Ala Leu Ala Ala Ile Cys Leu			
290	295	300	
gga gtc ctg cca aac atc tcc tcc tgg cca atg atg tac acc gca atc			960
Gly Val Leu Pro Asn Ile Ser Ser Trp Pro Met Met Tyr Thr Ala Ile			
305	310	315	320
gca ttc gca ggc gtc ggc gtc ctg ggc acc cag gtt ctc acc tac ggc			1008
Ala Phe Ala Gly Val Gly Val Leu Gly Thr Gln Val Leu Thr Tyr Gly			
325	330	335	
ctg acc tcg aac ttc ttc gga acc gaa tgc cgc gca gcg gga gtt gca			1056
Leu Thr Ser Asn Phe Phe Gly Thr Glu Cys Arg Ala Ala Gly Val Ala			
340	345	350	
tgg tgt gca gga ttc ggc cga ctc ggc gga atc gtc gga cca gca atc			1104
Trp Cys Ala Gly Phe Gly Arg Leu Gly Gly Ile Val Gly Pro Ala Ile			
355	360	365	
ggt ggc ctg atc atc ggc gca gga ttc gga cca agc tcc gca ttc ctc			1152
Gly Gly Leu Ile Ile Gly Ala Gly Phe Gly Pro Ser Ser Ala Phe Leu			
370	375	380	
atc ttc gca gca gct gcc gca atc ggc gcg gtc tgc acc ttg ctg atc			1200
Ile Phe Ala Ala Ala Ala Ala Ile Gly Ala Val Cys Thr Leu Leu Ile			
385	390	395	400
ccg cgc tcc cca gca gaa gta gag gtc aag gtc gcg cag gaa cca ctt			1248
Pro Arg Ser Pro Ala Glu Val Glu Val Lys Val Ala Gln Glu Pro Leu			
405	410	415	
gca cgt gtc taacccaat taattcgaaa caa			1280
Ala Arg Val			

<210> 408

<211> 419

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 408

Thr Leu Val Pro Gln Val Tyr Glu Ile Val Ile Tyr Gly Ala Val Leu
1 5 10 15

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

Val Ala Gly Thr Leu Gly Ser Tyr Ala Met Ile Gly Val Met Ile Gly
35 40 45

Ala Leu Ser Ala Gly Ala Val Gly Asp Arg Leu Gly Arg Arg Lys Val
50 55 60

Met Leu Thr Ala Ile Val Trp Phe Ser Val Gly Met Ala Leu Thr Ala
65 70 75 80

Phe Ala Ser Ser Ile Ala Leu Phe Gly Phe Leu Arg Phe Leu Thr Gly
85 90 95

Leu Gly Val Gly Met Ile Val Ala Thr Gly Gly Ala Ile Ile Ala Glu
100 105 110

Phe Ala Pro Ala Asn Arg Arg Asn Leu Phe Asn Ala Ile Val Tyr Ser
115 120 125

Gly Val Pro Ala Gly Gly Val Leu Ala Ser Ile Leu Ala Leu Leu Phe
130 135 140

Glu Asp Val Ile Gly Trp Arg Gly Leu Phe Leu Ile Gly Gly Ser Pro
145 150 155 160

Leu Leu Phe Leu Leu Pro Leu Ala Tyr Phe Phe Leu Pro Glu Ser Pro
165 170 175

Arg Trp Leu Thr Ser Arg Gly Arg Ala Ala Asp Ala Lys Ala Leu Cys
180 185 190

Ala Arg Tyr Gly Leu Pro Thr Glu Glu Phe Val Val Glu Lys Gln Gln
195 200 205

Glu Thr Lys Gly Thr Gly Phe Ala Gly Ile Phe Ser Ser Lys Tyr Leu
210 215 220

Met Gly Thr Ile Leu Ile Gly Ala Met Ser Phe Ile Gly Leu Leu Ser
225 230 235 240

Thr Tyr Gly Leu Asn Thr Trp Leu Pro Lys Ile Met Glu Ser Asn Gly
245 250 255

Ala Thr Ser His Asp Ser Leu Tyr Ser Leu Leu Phe Leu Asn Gly Gly
260 265 270

Ala Val Phe Gly Gly Leu Ile Ala Ser Trp Phe Ala Asp Arg Ile Gly
275 280 285

Ala Lys Thr Val Ile Thr Ser Thr Phe Ala Leu Ala Ala Ile Cys Leu
290 295 300

Gly Val Leu Pro Asn Ile Ser Ser Trp Pro Met Met Tyr Thr Ala Ile
305 310 315 320

Ala Phe Ala Gly Val Gly Val Leu Gly Thr Gln Val Leu Thr Tyr Gly
325 330 335

Leu Thr Ser Asn Phe Phe Gly Thr Glu Cys Arg Ala Ala Gly Val Ala
340 345 350

Trp Cys Ala Gly Phe Gly Arg Leu Gly Gly Ile Val Gly Pro Ala Ile
355 360 365

Gly Gly Leu Ile Ile Gly Ala Gly Phe Gly Pro Ser Ser Ala Phe Leu
370 375 380

Ile Phe Ala Ala Ala Ala Ile Gly Ala Val Cys Thr Leu Leu Ile
385 390 395 400

Pro Arg Ser Pro Ala Glu Val Glu Val Lys Val Ala Gln Glu Pro Leu
405 410 415

Ala Arg Val

<210> 409

<211> 1208

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1185)

<223> FRXA00571

<400> 409

cag atc ggt gcg ctc agc cca gca gtc gcc ggc acc ctt ggt tcc tac 48
Gln Ile Gly Ala Leu Ser Pro Ala Val Ala Gly Thr Leu Gly Ser Tyr

1 5 10 15
gcc atg atc ggc gtg atg atc ggt gct cta tct gca ggt gcc gtt ggt 96
Ala Met Ile Gly Val Met Ile Gly Ala Leu Ser Ala Gly Ala Val Gly

20 25 30
gac cgc ctt ggt cgt cgc aaa gtt atg ctc acc gca atc gtc tgg ttc 144
Asp Arg Leu Gly Arg Arg Lys Val Met Leu Thr Ala Ile Val Trp Phe

35

40

45

tct gtg ggc atg gcg ctg acc gcg ttc gcg tcc tcg att gcg ctg ttc	192
Ser Val Gly Met Ala Leu Thr Ala Phe Ala Ser Ser Ile Ala Leu Phe	
50 55 60	
ggt ttc ttg cgc ttc ctc acc gga ctt ggc gtg ggc atg atc gtt gca	240
Gly Phe Leu Arg Phe Leu Thr Gly Leu Gly Val Gly Met Ile Val Ala	
65 70 75 80	
acc ggc ggc gca atc atc gcg gag ttc gct cca gcg aat agg cgc aac	288
Thr Gly Gly Ala Ile Ile Ala Glu Phe Ala Pro Ala Asn Arg Arg Asn	
85 90 95	
ttg ttc aac gca atc gtg tac tcc ggt gtc cca gcc ggt ggc gtg ctg	336
Leu Phe Asn Ala Ile Val Tyr Ser Gly Val Pro Ala Gly Gly Val Leu	
100 105 110	
gct tct atc ctt gca ctg ctc ttt gaa gat gtc atc ggc tgg cgc gga	384
Ala Ser Ile Leu Ala Leu Leu Phe Glu Asp Val Ile Gly Trp Arg Gly	
115 120 125	
ctc ttc ctc atc ggt gga tcc cca cta ctg ttc ctc ctg cca ctt gca	432
Leu Phe Leu Ile Gly Gly Ser Pro Leu Leu Phe Leu Leu Pro Leu Ala	
130 135 140	
tac ttc ttc ctc cca gag tcc ccg cgc tgg ctc acc tcc cgc ggc cgt	480
Tyr Phe Phe Leu Pro Glu Ser Pro Arg Trp Leu Thr Ser Arg Gly Arg	
145 150 155 160	
gct gcg gac gcc aaa gcc ctc tgc gca cgc tat ggg ctg ccg acg gag	528
Ala Ala Asp Ala Lys Ala Leu Cys Ala Arg Tyr Gly Leu Pro Thr Glu	
165 170 175	
gaa ttt gtc gtc gaa aag cag cag gaa aca aag ggc acc gga ttc gct	576
Glu Phe Val Val Glu Lys Gln Gln Glu Thr Lys Gly Thr Gly Phe Ala	
180 185 190	
gga att ttc tcc tcc aag tac ctc atg ggc acc att ctc atc ggc gca	624
Gly Ile Phe Ser Ser Lys Tyr Leu Met Gly Thr Ile Leu Ile Gly Ala	
195 200 205	
atg agc ttc atc ggg ctg ctt tcg acc tac ggc ctg aac acc tgg ttg	672
Met Ser Phe Ile Gly Leu Leu Ser Thr Tyr Gly Leu Asn Thr Trp Leu	
210 215 220	
cca aag atc atg gaa tcc aac ggc gca acc tca cat gat tcc ctg tac	720
Pro Lys Ile Met Glu Ser Asn Gly Ala Thr Ser His Asp Ser Leu Tyr	
225 230 235 240	
tcc ctg ctg ttc ctc aac ggc ggc gca gtg ttc ggt ggc ctc atc gca	768
Ser Leu Leu Phe Leu Asn Gly Gly Ala Val Phe Gly Gly Leu Ile Ala	
245 250 255	
tcc tgg ttc gct gac cgc atc ggc gcg aag acc gtg atc acc tcc acc	816
Ser Trp Phe Ala Asp Arg Ile Gly Ala Lys Thr Val Ile Thr Ser Thr	
260 265 270	

ttc gct ctc gcc gcg atc tgc ctc gga gtc ctg cca aac atc tcc tcc 864
Phe Ala Leu Ala Ala Ile Cys Leu Gly Val Leu Pro Asn Ile Ser Ser

275 280 285
tgg cca atg atg tac acc gca atc gca ttc gca ggc gtc ggc gtc ctg 912
Trp Pro Met Met Tyr Thr Ala Ile Ala Phe Ala Gly Val Gly Val Leu

290 295 300
ggc acc cag gtt ctc acc tac ggc ctg acc tcg aac ttc ttc gga acc 960
Gly Thr Gln Val Leu Thr Tyr Gly Leu Thr Ser Asn Phe Phe Gly Thr

305 310 315 320
gaa tgc cgc gca gcg gga gtt gca tgg tgt gca gga ttc ggc cga ctc 1008
Glu Cys Arg Ala Ala Gly Val Ala Trp Cys Ala Gly Phe Gly Arg Leu

325 330 335
ggc gga atc gtc gga cca gca atc ggt ggc ctg atc atc ggc gca gga 1056
Gly Gly Ile Val Gly Pro Ala Ile Gly Gly Leu Ile Ile Gly Ala Gly

340 345 350
ttc gga cca agc tcc gca ttc ctc atc ttc gca gca gct gcc gca atc 1104
Phe Gly Pro Ser Ser Ala Phe Leu Ile Phe Ala Ala Ala Ala Ile

355 360 365
ggc gcg gtc tgc acc ttg ctg atc ccg cgc tcc cca gca gaa gta gag 1152
Gly Ala Val Cys Thr Leu Leu Ile Pro Arg Ser Pro Ala Glu Val Glu

370 375 380
gtc aag gtc gcg cag gaa cca ctt gca cgt gtc taaccccaat taattcgaaa 1205
Val Lys Val Ala Gln Glu Pro Leu Ala Arg Val

385 390 395 1208
caa

<210> 410
<211> 395
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 410
Gln Ile Gly Ala Leu Ser Pro Ala Val Ala Gly Thr Leu Gly Ser Tyr
1 5 10 15

Ala Met Ile Gly Val Met Ile Gly Ala Leu Ser Ala Gly Ala Val Gly
20 25 30

Asp Arg Leu Gly Arg Arg Lys Val Met Leu Thr Ala Ile Val Trp Phe
35 40 45

Ser Val Gly Met Ala Leu Thr Ala Phe Ala Ser Ser Ile Ala Leu Phe
50 55 60

Gly Phe Leu Arg Phe Leu Thr Gly Leu Gly Val Gly Met Ile Val Ala

65	70	75	80
Thr Gly Gly Ala Ile Ile Ala Glu Phe Ala Pro Ala Asn Arg Arg Asn	85	90	95
Leu Phe Asn Ala Ile Val Tyr Ser Gly Val Pro Ala Gly Gly Val Leu	100	105	110
Ala Ser Ile Leu Ala Leu Leu Phe Glu Asp Val Ile Gly Trp Arg Gly	115	120	125
Leu Phe Leu Ile Gly Gly Ser Pro Leu Leu Phe Leu Leu Pro Leu Ala	130	135	140
Tyr Phe Phe Leu Pro Glu Ser Pro Arg Trp Leu Thr Ser Arg Gly Arg	145	150	155
Ala Ala Asp Ala Lys Ala Leu Cys Ala Arg Tyr Gly Leu Pro Thr Glu	165	170	175
Glu Phe Val Val Glu Lys Gln Gln Glu Thr Lys Gly Thr Gly Phe Ala	180	185	190
Gly Ile Phe Ser Ser Lys Tyr Leu Met Gly Thr Ile Leu Ile Gly Ala	195	200	205
Met Ser Phe Ile Gly Leu Leu Ser Thr Tyr Gly Leu Asn Thr Trp Leu	210	215	220
Pro Lys Ile Met Glu Ser Asn Gly Ala Thr Ser His Asp Ser Leu Tyr	225	230	235
Ser Leu Leu Phe Leu Asn Gly Gly Ala Val Phe Gly Gly Leu Ile Ala	245	250	255
Ser Trp Phe Ala Asp Arg Ile Gly Ala Lys Thr Val Ile Thr Ser Thr	260	265	270
Phe Ala Leu Ala Ala Ile Cys Leu Gly Val Leu Pro Asn Ile Ser Ser	275	280	285
Trp Pro Met Met Tyr Thr Ala Ile Ala Phe Ala Gly Val Gly Val Leu	290	295	300
Gly Thr Gln Val Leu Thr Tyr Gly Leu Thr Ser Asn Phe Phe Gly Thr	305	310	315
Glu Cys Arg Ala Ala Gly Val Ala Trp Cys Ala Gly Phe Gly Arg Leu	325	330	335
Gly Gly Ile Val Gly Pro Ala Ile Gly Gly Leu Ile Ile Gly Ala Gly	340	345	350
Phe Gly Pro Ser Ser Ala Phe Leu Ile Phe Ala Ala Ala Ala Ala Ile	355	360	365
Gly Ala Val Cys Thr Leu Leu Ile Pro Arg Ser Pro Ala Glu Val Glu	370	375	380

Val Lys Val Ala Gln Glu Pro Leu Ala Arg Val
385 390 395

<210> 411
<211> 689
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(666)
<223> RXA00962

<400> 411
gat aag gcc atc aag gcg gat cac gac att aga gaa ggc cac gat gag 48
Asp Lys Ala Ile Lys Ala Asp His Asp Ile Arg Glu Gly His Asp Glu

1 5 10 15
cca gca ggt ttc aag gat ctg ctt gtc gat cgc tac cgc tgg atc tcc 96
Pro Ala Gly Phe Lys Asp Leu Leu Val Asp Arg Tyr Arg Trp Ile Ser

20 25 30
att tgg ttc gcg ctc gcc aca ttt gtc acc ctg ctc gcg tgg tac gga 144
Ile Trp Phe Ala Leu Ala Thr Phe Val Thr Leu Leu Ala Trp Tyr Gly

35 40 45
ctg ggc aca tgg ttg cct cgc ctc atg gaa act gca ggt tat gag ttc 192
Leu Gly Thr Trp Leu Pro Arg Leu Met Glu Thr Ala Gly Tyr Glu Phe

50 55 60
ggc cat gca ttg atg ttc acc ctg gct ctg aac ctc ggt gca gtg atc 240
Gly His Ala Leu Met Phe Thr Leu Ala Leu Asn Leu Gly Ala Val Ile

65 70 75 80
gga tcc gtg gtt act gcg tgg gcc ggc gat cgc ttc ggg cca atc cgt 288
Gly Ser Val Val Thr Ala Trp Ala Gly Asp Arg Phe Gly Pro Ile Arg

85 90 95
tcc ggt gtc atc gct gca ggt atc gcc ggt att gca ctg ctc ctg ctg 336
Ser Gly Val Ile Ala Ala Gly Ile Ala Gly Ile Ala Leu Leu Leu Leu

100 105 110
ctc act tac ccg cct gtc acc gcg gtt tat gtc att ctc att ttg gct 384
Leu Thr Tyr Pro Pro Val Thr Ala Val Tyr Val Ile Leu Ile Leu Ala

115 120 125
ggc gtg ggc acc cac ggc act cag atc ctc atc att gca gct gtc gcc 432
Gly Val Gly Thr His Gly Thr Gln Ile Leu Ile Ile Ala Ala Val Ala

130 135 140
aac ttc tac cca agc aac ctg cgt ggc aca gca ctg ggc tgg gcg cta 480
Asn Phe Tyr Pro Ser Asn Leu Arg Gly Thr Ala Leu Gly Trp Ala Leu

145 150 155 160

ggt gta ggt cgt att ggt gct gtt gtg gcc ccg cag ctc gct ggc ctg 528
Gly Val Gly Arg Ile Gly Ala Val Val Ala Pro Gln Leu Ala Gly Leu

165 170 175
ctg ctg gca tgg aac ttg ggc gtg aac tcc aac ttc atc atg ttc ggc 576
Leu Leu Ala Trp Asn Leu Gly Val Asn Ser Asn Phe Ile Met Phe Gly

180 185 190
acc gct gcg ctg ctc tct gcg ctg gct ctc agc gtg ttg ctg cgc ctg 624
Thr Ala Ala Leu Leu Ser Ala Leu Ala Leu Ser Val Leu Leu Arg Leu

195 200 205
cag aaa acc tac agc gtc acc cac aaa gtc gaa atc caa ggc 666
Gln Lys Thr Tyr Ser Val Thr His Lys Val Glu Ile Gln Gly

210 215 220
taacccccctt ttcaactca cag 689

<210> 412
<211> 222
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 412
Asp Lys Ala Ile Lys Ala Asp His Asp Ile Arg Glu Gly His Asp Glu
1 5 10 15

Pro Ala Gly Phe Lys Asp Leu Leu Val Asp Arg Tyr Arg Trp Ile Ser
20 25 30

Ile Trp Phe Ala Leu Ala Thr Phe Val Thr Leu Leu Ala Trp Tyr Gly
35 40 45

Leu Gly Thr Trp Leu Pro Arg Leu Met Glu Thr Ala Gly Tyr Glu Phe
50 55 60

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

Gly Ser Val Val Thr Ala Trp Ala Gly Asp Arg Phe Gly Pro Ile Arg
85 90 95

Ser Gly Val Ile Ala Ala Gly Ile Ala Gly Ile Ala Leu Leu Leu Leu
100 105 110

Leu Thr Tyr Pro Pro Val Thr Ala Val Tyr Val Ile Leu Ile Leu Ala
115 120 125

Gly Val Gly Thr His Gly Thr Gln Ile Leu Ile Ile Ala Ala Val Ala
130 135 140

Asn Phe Tyr Pro Ser Asn Leu Arg Gly Thr Ala Leu Gly Trp Ala Leu
145 150 155 160

Gly Val Gly Arg Ile Gly Ala Val Val Ala Pro Gln Leu Ala Gly Leu

165	170	175	
Leu Leu Ala Trp Asn Leu Gly Val Asn Ser Asn Phe Ile Met Phe Gly			
180	185	190	
Thr Ala Ala Leu Leu Ser Ala Leu Ala Leu Ser Val Leu Leu Arg Leu			
195	200	205	
Gln Lys Thr Tyr Ser Val Thr His Lys Val Glu Ile Gln Gly			
210	215	220	
<210> 413			
<211> 484			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(484)			
<223> RXA02811			
<400> 413			
cataatcact ctttccagat agcggaatcc ctttgattgt aacttggctc acctcgatta	60		
tgtgtttatg acatcacacg caccagaatc gggaggactt gtg aca gag tca act	115		
	Val Thr Glu Ser Thr		
	1	5	
ctc gga gca tgc aat agc tcc caa aca att gaa aat aaa ggc ctc acc	163		
Leu Gly Ala Ser Asn Ser Ser Gln Thr Ile Glu Asn Lys Gly Leu Thr			
	10	15	20
atc ttg ggc atc agc ggc cga cgc ttg gct gcg gtg ctc att ggc tgg	211		
Ile Leu Gly Ile Ser Gly Arg Arg Leu Ala Ala Val Leu Ile Gly Trp			
	25	30	35
ttt ttt gtc att ttc gac ggc tac gac ctc att gtg tac ggc acc gtc	259		
Phe Phe Val Ile Phe Asp Gly Tyr Asp Leu Ile Val Tyr Gly Thr Val			
	40	45	50
caa tgc gcc ctg gct aag gag tgg aac tta agc tct gca acg ctg ggc	307		
Gln Ser Ala Leu Ala Lys Glu Trp Asn Leu Ser Ser Ala Thr Leu Gly			
	55	60	65
acc atc ggc tcc acc gcg ttc ttt ggc atg gcg atc ggc gct gtg ttc	355		
Thr Ile Gly Ser Thr Ala Phe Phe Gly Met Ala Ile Gly Ala Val Phe			
	70	75	80
att ggt cga ctg tca gac cgc gtg ggc cga aaa gca gcg gtg att gga	403		
Ile Gly Arg Leu Ser Asp Arg Val Gly Arg Lys Ala Ala Val Ile Gly			
	90	95	100
tcc gtg ctg att ctc tct gtc ttc acc atg ctg tgt gca ttt gct cca	451		
Ser Val Leu Ile Leu Ser Val Phe Thr Met Leu Cys Ala Phe Ala Pro			
105	110	115	

aac cca tgg gtg ttc ggc gct ttc cgt ttc atc 484
Asn Pro Trp Val Phe Gly Ala Phe Arg Phe Ile

120 125

<210> 414
<211> 128
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 414
Val Thr Glu Ser Thr Leu Gly Ala Ser Asn Ser Ser Gln Thr Ile Glu
1 5 10 15

Asn Lys Gly Leu Thr Ile Leu Gly Ile Ser Gly Arg Arg Leu Ala Ala
20 25 30

Val Leu Ile Gly Trp Phe Phe Val Ile Phe Asp Gly Tyr Asp Leu Ile
35 40 45

Val Tyr Gly Thr Val Gln Ser Ala Leu Ala Lys Glu Trp Asn Leu Ser
50 55 60

Ser Ala Thr Leu Gly Thr Ile Gly Ser Thr Ala Phe Phe Gly Met Ala
65 70 75 80

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

Ala Ala Val Ile Gly Ser Val Leu Ile Leu Ser Val Phe Thr Met Leu
100 105 110

Cys Ala Phe Ala Pro Asn Pro Trp Val Phe Gly Ala Phe Arg Phe Ile
115 120 125

<210> 415
<211> 1197
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1197)
<223> RXA02115

<400> 415
acc cgc gca acc aaa agt gtc gga aca gtt ctc gca ctc ctg tgg ttc 48
Thr Arg Ala Thr Lys Ser Val Gly Thr Val Leu Ala Leu Leu Trp Phe

1 5 10 15
gca att gtc ctc gac ggc ttt gac cta gtc gtc ctg ggt gca aca atc 96

Ala	Ile	Val	Leu	Asp	Gly	Phe	Asp	Leu	Val	Val	Leu	Gly	Ala	Thr	Ile			
			20						25						30			
cgc	tcc	atg	ctg	gag	gat	ccc	gcg	tgg	gat	ctc	act	gct	gga	cag	gcc	144		
Pro	Ser	Met	Leu	Glu	Asp	Pro	Ala	Trp	Asp	Leu	Thr	Ala	Gly	Gln	Ala			
			35						40						45			
aca	cag	att	tcc	acc	atc	ggc	ctc	gtc	ggc	atg	acc	att	ggc	gca	ctg	192		
Thr	Gln	Ile	Ser	Thr	Ile	Gly	Leu	Val	Gly	Met	Thr	Ile	Gly	Ala	Leu			
			50						55						60			
acc	atc	ggg	ttc	tta	acg	gac	cgt	ctg	ggg	cga	cgc	cgt	gtc	atg	ctg	240		
Thr	Ile	Gly	Phe	Leu	Thr	Asp	Arg	Leu	Gly	Arg	Arg	Arg	Val	Met	Leu			
			65						70						75			80
ttc	tct	gtg	gca	gta	ttt	tct	gta	ttc	act	ctc	ctg	ctg	gca	ttc	acc	288		
Phe	Ser	Val	Ala	Val	Phe	Ser	Val	Phe	Thr	Leu	Leu	Leu	Ala	Phe	Thr			
			85						90						95			
acc	aac	gtc	cag	ctc	ttc	agc	ctg	tgg	cgt	ttc	ctc	gca	ggg	gtt	ggc	336		
Thr	Asn	Val	Gln	Leu	Phe	Ser	Leu	Trp	Arg	Phe	Leu	Ala	Gly	Val	Gly			
			100						105						110			
ctt	ggg	gga	gca	ctc	ccc	acc	gca	att	gcc	atg	gtg	acc	gag	ttc	cgc	384		
Leu	Gly	Gly	Ala	Leu	Pro	Thr	Ala	Ile	Ala	Met	Val	Thr	Glu	Phe	Arg			
			115						120						125			
ccc	ggc	acc	aaa	gcg	ggc	tct	gca	tcc	acc	acc	ttg	atg	acc	ggc	tac	432		
Pro	Gly	Thr	Lys	Ala	Gly	Ser	Ala	Ser	Thr	Thr	Leu	Met	Thr	Gly	Tyr			
			130						135						140			
cac	gtc	ggc	gca	gta	gca	acc	gcc	ttc	ctt	ggc	ctc	ttc	ctt	atc	gac	480		
His	Val	Gly	Ala	Val	Ala	Thr	Ala	Phe	Leu	Gly	Leu	Phe	Leu	Ile	Asp			
			145						150						155			160
ggc	ttt	ggg	tgg	cac	tcc	atg	ttc	atc	gca	ggg	gcc	gta	cca	gga	ctg	528		
Gly	Phe	Gly	Trp	His	Ser	Met	Phe	Ile	Ala	Gly	Ala	Val	Pro	Gly	Leu			
			165						170						175			
atc	ctg	cta	cca	ctg	ctg	tac	ttc	ttc	ctt	cca	gaa	tcc	cgc	cag	tac	576		
Ile	Leu	Leu	Pro	Leu	Leu	Tyr	Phe	Phe	Leu	Pro	Glu	Ser	Pro	Gln	Tyr			
			180						185						190			
ctc	aaa	atc	tcc	ggc	aag	ttg	gat	gag	gcg	cag	gca	gtt	gca	gca	tct	624		
Leu	Lys	Ile	Ser	Gly	Lys	Leu	Asp	Glu	Ala	Gln	Ala	Val	Ala	Ala	Ser			
			195						200						205			
tat	gga	ctt	tcc	ctg	gat	gat	gat	ctt	gat	cgc	gaa	cac	gaa	gaa	gaa	672		
Tyr	Gly	Leu	Ser	Leu	Asp	Asp	Asp	Leu	Asp	Arg	Glu	His	Glu	Glu	Glu			
			210						215						220			
ctc	ggc	gag	tcc	tcc	tca	ctt	tcc	tcc	ctg	ttc	aag	ccc	tcg	ttc	cgc	720		
Leu	Gly	Glu	Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Ser	Leu	Phe	Lys	Pro	Ser	Phe	Arg			
			225						230						235			240

cgc aac acc ctg gcg att tgg ggc acc tca ttc atg gga ctc ctc ctg 768
Arg Asn Thr Leu Ala Ile Trp Gly Thr Ser Phe Met Gly Leu Leu Leu

245 250 255
gtc tac ggc ctg aac aca tgg ctg cca caa atc atg cgc caa gca gac 816
Val Tyr Gly Leu Asn Thr Trp Leu Pro Gln Ile Met Arg Gln Ala Asp

260 265 270
tac gac atg ggt aac tcg ctt gga ttc ctc atg gtg ctc aac atc ggc 864
Tyr Asp Met Gly Asn Ser Leu Gly Phe Leu Met Val Leu Asn Ile Gly

275 280 285
gca gtg atc ggc ctt tat att gca ggg cga att gcc gat aag aac tcc 912
Ala Val Ile Gly Leu Tyr Ile Ala Gly Arg Ile Ala Asp Lys Asn Ser

290 295 300
cct cgc aaa aca gca ctc gta tgg ttc gtg ttc tct gca ttt tcc ctc 960
Pro Arg Lys Thr Ala Leu Val Trp Phe Val Phe Ser Ala Phe Ser Leu

305 310 315 320
gcg ttg ctt gct gtc cgg atg cca ctg atc ggt ctg tat ggc atc gtg 1008
Ala Leu Leu Ala Val Arg Met Pro Leu Ile Gly Leu Tyr Gly Ile Val

325 330 335
ctg ctc acc ggc atc ttt gtg ttc agc tcc cag gta ctc atc tac gcc 1056
Leu Leu Thr Gly Ile Phe Val Phe Ser Ser Gln Val Leu Ile Tyr Ala

340 345 350
ttc gtt ggt gag aat cac cct gcc aag atg cgc gca acc gcc atg gga 1104
Phe Val Gly Glu Asn His Pro Ala Lys Met Arg Ala Thr Ala Met Gly

355 360 365
ttc tcc gca gga att ggt cgc ctc ggc gcc atc tct ggc ccg ttg ctt 1152
Phe Ser Ala Gly Ile Gly Arg Leu Gly Ala Ile Ser Gly Pro Leu Leu

370 375 380
ggt ggt ctg ctt gtc agt gcc aac ctt gct tac cca tgg ggc ttc 1197
Gly Gly Leu Leu Val Ser Ala Asn Leu Ala Tyr Pro Trp Gly Phe

385 390 395

<210> 416

<211> 399

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 416

Thr Arg Ala Thr Lys Ser Val Gly Thr Val Leu Ala Leu Leu Trp Phe
1 5 10 15

Ala Ile Val Leu Asp Gly Phe Asp Leu Val Val Leu Gly Ala Thr Ile
20 25 30

Pro Ser Met Leu Glu Asp Pro Ala Trp Asp Leu Thr Ala Gly Gln Ala

35	40	45
Thr Gln Ile Ser Thr Ile Gly Leu Val Gly Met Thr Ile Gly Ala Leu		
50	55	60
Thr Ile Gly Phe Leu Thr Asp Arg Leu Gly Arg Arg Arg Val Met Leu		
65	70	75
Phe Ser Val Ala Val Phe Ser Val Phe Thr Leu Leu Leu Ala Phe Thr		
85	90	95
Thr Asn Val Gln Leu Phe Ser Leu Trp Arg Phe Leu Ala Gly Val Gly		
100	105	110
Leu Gly Gly Ala Leu Pro Thr Ala Ile Ala Met Val Thr Glu Phe Arg		
115	120	125
Pro Gly Thr Lys Ala Gly Ser Ala Ser Thr Thr Leu Met Thr Gly Tyr		
130	135	140
His Val Gly Ala Val Ala Thr Ala Phe Leu Gly Leu Phe Leu Ile Asp		
145	150	155
Gly Phe Gly Trp His Ser Met Phe Ile Ala Gly Ala Val Pro Gly Leu		
165	170	175
Ile Leu Leu Pro Leu Leu Tyr Phe Phe Leu Pro Glu Ser Pro Gln Tyr		
180	185	190
Leu Lys Ile Ser Gly Lys Leu Asp Glu Ala Gln Ala Val Ala Ala Ser		
195	200	205
Tyr Gly Leu Ser Leu Asp Asp Asp Leu Asp Arg Glu His Glu Glu Glu		
210	215	220
Leu Gly Glu Ser Ser Ser Leu Ser Ser Leu Phe Lys Pro Ser Phe Arg		
225	230	235
Arg Asn Thr Leu Ala Ile Trp Gly Thr Ser Phe Met Gly Leu Leu Leu		
245	250	255
Val Tyr Gly Leu Asn Thr Trp Leu Pro Gln Ile Met Arg Gln Ala Asp		
260	265	270
Tyr Asp Met Gly Asn Ser Leu Gly Phe Leu Met Val Leu Asn Ile Gly		
275	280	285
Ala Val Ile Gly Leu Tyr Ile Ala Gly Arg Ile Ala Asp Lys Asn Ser		
290	295	300
Pro Arg Lys Thr Ala Leu Val Trp Phe Val Phe Ser Ala Phe Ser Leu		
305	310	315
Ala Leu Leu Ala Val Arg Met Pro Leu Ile Gly Leu Tyr Gly Ile Val		
325	330	335
Leu Leu Thr Gly Ile Phe Val Phe Ser Ser Gln Val Leu Ile Tyr Ala		
340	345	350

Phe Val Gly Glu Asn His Pro Ala Lys Met Arg Ala Thr Ala Met Gly
355 360 365

Phe Ser Ala Gly Ile Gly Arg Leu Gly Ala Ile Ser Gly Pro Leu Leu
370 375 380

Gly Gly Leu Leu Val Ser Ala Asn Leu Ala Tyr Pro Trp Gly Phe
385 390 395

<210> 417

<211> 1288

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1288)

<223> RXN00590

<400> 417

tctaaactca ctctcaactc accaagattg ttcaacaatc tgcgattggt gtgcaatcta 60
ccccaatcat ttgaaagcc cccacgaaag gagcgcgaca atg gcc gac aac aaa 115
Met Ala Asp Asn Lys

1 5
aat gcc gat gac agc cag cta gtc tca gcc agc act gga acc cct ggg 163
Asn Ala Asp Asp Ser Gln Leu Val Ser Ala Ser Thr Gly Thr Pro Gly

10 15 20
cct ggc gac att gca aaa gcc aat gcg cca tcc ctc aag caa gct gca 211
Pro Gly Asp Ile Ala Lys Ala Asn Ala Pro Ser Leu Lys Gln Ala Ala

25 30 35
gta acc gcc tct ggc cga agc gct ctg atg ggt gcc atc ttc ctc atg 259
Val Thr Ala Ser Gly Arg Ser Ala Leu Met Gly Ala Ile Phe Leu Met

40 45 50
gca act tct gcc atc ggc cca ggg ttc ctc acc caa acc gct gtc ttc 307
Ala Thr Ser Ala Ile Gly Pro Gly Phe Leu Thr Gln Thr Ala Val Phe

55 60 65
acc aac cag ctc ggc gca gct ttc gca ttt gcg atc ctg gtg tgc atc 355
Thr Asn Gln Leu Gly Ala Ala Phe Ala Phe Ala Ile Leu Val Ser Ile

70 75 80 85
ctc att gac atc gcg gtg cag ctg aat gtg tgg cgc atc atc ggc gtc 403
Leu Ile Asp Ile Ala Val Gln Leu Asn Val Trp Arg Ile Ile Gly Val

90 95 100
tct gaa atg cgc gcc caa gaa ctc ggc aac acg gtt atc cca ggt ttt 451
Ser Glu Met Arg Ala Gln Glu Leu Gly Asn Thr Val Ile Pro Gly Phe

105 110 115
ggc tgg gtg ctg gcc gta ctg gtc tgt att ggc ggc gta gta ttc aac 499

Gly Trp Val Leu Ala Val Leu Val Cys Ile Gly Gly Val Val Phe Asn

120 125 130
atc ggc aac atc gcc ggt ggt ggc ctt ggg ctt aac gcg ctg ctt ggc 547
Ile Gly Asn Ile Ala Gly Gly Gly Leu Gly Leu Asn Ala Leu Leu Gly

135 140 145
tgg gac gtc aaa gtt ggt ggc gtg atc acc gcg gcc atc gcg att gcg 595
Trp Asp Val Lys Val Gly Gly Val Ile Thr Ala Ala Ile Ala Ile Ala

150 155 160 165
atc ttc ttg ttc aag cga ctt ggt gct gct ctg gac aaa ttc ctc gtg 643
Ile Phe Leu Phe Lys Arg Leu Gly Ala Ala Leu Asp Lys Phe Leu Val

170 175 180
gtc ctc ggc gtc gtg atg atc ctg ctc acc gtc tac gtg gct ttc gtc 691
Val Leu Gly Val Val Met Ile Leu Leu Thr Val Tyr Val Ala Phe Val

185 190 195
tcc caa cct cca gtt ggc tcg gcg ctg aag aat gca gta ctt cct gac 739
Ser Gln Pro Pro Val Gly Ser Ala Leu Lys Asn Ala Val Leu Pro Asp

200 205 210
acc atc gac tgg ctt gtc atc acc aca ctt gtg ggt gga acc gtc ggt 787
Thr Ile Asp Trp Leu Val Ile Thr Thr Leu Val Gly Gly Thr Val Gly

215 220 225
gga tac atc act tac gct ggc gca cac cgc atg ctg gac tcc gga cga 835
Gly Tyr Ile Thr Tyr Ala Gly Ala His Arg Met Leu Asp Ser Gly Arg

230 235 240 245
acc ggc ccc aac aac gtc aaa gct gtt tcc aat tcc tct atc acc ggc 883
Thr Gly Pro Asn Asn Val Lys Ala Val Ser Asn Ser Ser Ile Thr Gly

250 255 260
atc ctg atc act ggc ctc atg cgc gtg gtg ctc ttc ctc gcg gtt ctc 931
Ile Leu Ile Thr Gly Leu Met Arg Val Val Leu Phe Leu Ala Val Leu

265 270 275
ggg gtt gtc gca ggt ggc gtc acc cta tcc acc acg ggc aac cca gcc 979
Gly Val Val Ala Gly Gly Val Thr Leu Ser Thr Thr Gly Asn Pro Ala

280 285 290
gcg gaa gca ttc cag cac gct gca ggc gat atc gga cta cgc atc ttc 1027
Ala Glu Ala Phe Gln His Ala Ala Gly Asp Ile Gly Leu Arg Ile Phe

295 300 305
ggc gcc gtg ctg tgg gca gcg tcc att tcc tca gtc atc ggc gcc agc 1075
Gly Ala Val Leu Trp Ala Ala Ser Ile Ser Ser Val Ile Gly Ala Ser

310 315 320 325
tac acc tct gca acc ttc ctg gtg gaa aac aag cca gag aag aag cgt 1123
Tyr Thr Ser Ala Thr Phe Leu Val Glu Asn Lys Pro Glu Lys Lys Arg

330 335 340
ctg caa aac tgg gtg acc atc atc ttc atc ctg att tct tgc tcc gtg 1171

Leu Gln Asn Trp Val Thr Ile Ile Phe Ile Leu Ile Ser Cys Ser Val

345 350 355
 ttc atc atg ctc ggc acg gca cca gca atc ctc ttg gtc ttc gcc gga 1219
 Phe Ile Met Leu Gly Thr Ala Pro Ala Ile Leu Leu Val Phe Ala Gly

360 365 370
 gca ttc aac ggt ttg gtc ctc ccc gta ggc ttt acc ctg atg atc tac 1267
 Ala Phe Asn Gly Leu Val Leu Pro Val Gly Phe Thr Leu Met Ile Tyr

375 380 385
 gta gcg atc ttc cgc caa aaa 1288
 Val Ala Ile Phe Arg Gln Lys

390 395

<210> 418

<211> 396

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 418

Met Ala Asp Asn Lys Asn Ala Asp Asp Ser Gln Leu Val Ser Ala Ser
 1 5 10 15

Thr Gly Thr Pro Gly Pro Gly Asp Ile Ala Lys Ala Asn Ala Pro Ser
 20 25 30

Leu Lys Gln Ala Ala Val Thr Ala Ser Gly Arg Ser Ala Leu Met Gly
 35 40 45

Ala Ile Phe Leu Met Ala Thr Ser Ala Ile Gly Pro Gly Phe Leu Thr
 50 55 60

Gln Thr Ala Val Phe Thr Asn Gln Leu Gly Ala Ala Phe Ala Phe Ala
 65 70 75 80

Ile Leu Val Ser Ile Leu Ile Asp Ile Ala Val Gln Leu Asn Val Trp
 85 90 95

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

Val Ile Pro Gly Phe Gly Trp Val Leu Ala Val Leu Val Cys Ile Gly
 115 120 125

Gly Val Val Phe Asn Ile Gly Asn Ile Ala Gly Gly Gly Leu Gly Leu
 130 135 140

Asn Ala Leu Leu Gly Trp Asp Val Lys Val Gly Gly Val Ile Thr Ala
 145 150 155 160

Ala Ile Ala Ile Ala Ile Phe Leu Phe Lys Arg Leu Gly Ala Ala Leu
 165 170 175

Asp Lys Phe Leu Val Val Leu Gly Val Val Met Ile Leu Leu Thr Val
180 185 190

Tyr Val Ala Phe Val Ser Gln Pro Pro Val Gly Ser Ala Leu Lys Asn
195 200 205

Ala Val Leu Pro Asp Thr Ile Asp Trp Leu Val Ile Thr Thr Leu Val
210 215 220

Gly Gly Thr Val Gly Gly Tyr Ile Thr Tyr Ala Gly Ala His Arg Met
225 230 235 240

Leu Asp Ser Gly Arg Thr Gly Pro Asn Asn Val Lys Ala Val Ser Asn
245 250 255

Ser Ser Ile Thr Gly Ile Leu Ile Thr Gly Leu Met Arg Val Val Leu
260 265 270

Phe Leu Ala Val Leu Gly Val Val Ala Gly Gly Val Thr Leu Ser Thr
275 280 285

Thr Gly Asn Pro Ala Ala Glu Ala Phe Gln His Ala Ala Gly Asp Ile
290 295 300

Gly Leu Arg Ile Phe Gly Ala Val Leu Trp Ala Ala Ser Ile Ser Ser
305 310 315 320

Val Ile Gly Ala Ser Tyr Thr Ser Ala Thr Phe Leu Val Glu Asn Lys
325 330 335

Pro Glu Lys Lys Arg Leu Gln Asn Trp Val Thr Ile Ile Phe Ile Leu
340 345 350

Ile Ser Cys Ser Val Phe Ile Met Leu Gly Thr Ala Pro Ala Ile Leu
355 360 365

Leu Val Phe Ala Gly Ala Phe Asn Gly Leu Val Leu Pro Val Gly Phe
370 375 380

Thr Leu Met Ile Tyr Val Ala Ile Phe Arg Gln Lys
385 390 395

<210> 419

<211> 487

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(487)

<223> FRXA00590

<400> 419

tacgtggcgc cacaccgcat gctggactcc ggacgaaccg gccccaacac gtcaaagctg 60
tttccaattc tctatcaccg gcatactgat cactggcctc atg cgc gtg gtg etc 115

Met Arg Val Val Leu

1 5
 ttc ctc gcg gtt ctc ggt gtt gtc gca ggt ggc gtc acc cta tcc acc 163
 Phe Leu Ala Val Leu Gly Val Val Ala Gly Gly Val Thr Leu Ser Thr

10 15 20
 acg ggc aac cca gcc gcg gaa gca ttc cag cac gct gca ggc gat atc 211
 Thr Gly Asn Pro Ala Ala Glu Ala Phe Gln His Ala Ala Gly Asp Ile

25 30 35
 gga cta cgc atc ttc ggc gcc gtg ctg tgg gca gcg tcc att tcc tca 259
 Gly Leu Arg Ile Phe Gly Ala Val Leu Trp Ala Ala Ser Ile Ser Ser

40 45 50
 gtc atc ggc gcc agc tac acc tct gca acc ttc ctg gtg gaa aac aag 307
 Val Ile Gly Ala Ser Tyr Thr Ser Ala Thr Phe Leu Val Glu Asn Lys

55 60 65
 cca gag aag aag cgt ctg caa aac tgg gtg acc atc atc ttc atc ctg 355
 Pro Glu Lys Lys Arg Leu Gln Asn Trp Val Thr Ile Ile Phe Ile Leu

70 75 80 85
 att tct tgc tcc gtg ttc atc atg ctc ggc acg gca cca gca atc ctc 403
 Ile Ser Cys Ser Val Phe Ile Met Leu Gly Thr Ala Pro Ala Ile Leu

90 95 100
 ttg gtc ttc gcc gga gca ttc aac ggt ttg gtc ctc ccc gta ggc ttt 451
 Leu Val Phe Ala Gly Ala Phe Asn Gly Leu Val Leu Pro Val Gly Phe

105 110 115
 acc ctg atg atc tac gta gcg atc ttc cgc caa aaa 487
 Thr Leu Met Ile Tyr Val Ala Ile Phe Arg Gln Lys

120 125

<210> 420
 <211> 129
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 420
 Met Arg Val Val Leu Phe Leu Ala Val Leu Gly Val Val Ala Gly Gly
 1 5 10 15
 Val Thr Leu Ser Thr Thr Gly Asn Pro Ala Ala Glu Ala Phe Gln His
 20 25 30
 Ala Ala Gly Asp Ile Gly Leu Arg Ile Phe Gly Ala Val Leu Trp Ala
 35 40 45
 Ala Ser Ile Ser Ser Val Ile Gly Ala Ser Tyr Thr Ser Ala Thr Phe
 50 55 60

Leu Val Glu Asn Lys Pro Glu Lys Lys Arg Leu Gln Asn Trp Val Thr
65 70 75 80

Ile Ile Phe Ile Leu Ile Ser Cys Ser Val Phe Ile Met Leu Gly Thr
85 90 95

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

Leu Pro Val Gly Phe Thr Leu Met Ile Tyr Val Ala Ile Phe Arg Gln
115 120 125

Lys

<210> 421

<211> 490

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(490)

<223> FRXA01538

<400> 421

tctaaactca ctctcaactc accaagattg ttcaacaatc tgcgattggg gtgcaatcta 60
ccccaatcat ttgaaagcc cccacgaaag gagcgcgaca atg gcc gac aac aaa 115
Met Ala Asp Asn Lys

1 5
aat gcc gat gac agc cag cta gtc tca gcc agc act gga acc cct ggg 163
Asn Ala Asp Asp Ser Gln Leu Val Ser Ala Ser Thr Gly Thr Pro Gly

10 15 20
cct ggc gac att gca aaa gcc aat gcg cca tcc ctc aag caa gct gca 211
Pro Gly Asp Ile Ala Lys Ala Asn Ala Pro Ser Leu Lys Gln Ala Ala

25 30 35
gta acc gcc tct ggc cga agc gct ctg atg ggt gcc atc ttc ctc atg 259
Val Thr Ala Ser Gly Arg Ser Ala Leu Met Gly Ala Ile Phe Leu Met

40 45 50
gca act tct gcc atc ggc cca ggg ttc ctc acc caa acc gct gtc ttc 307
Ala Thr Ser Ala Ile Gly Pro Gly Phe Leu Thr Gln Thr Ala Val Phe

55 60 65
acc aac cag ctc ggc gca gct ttc gca ttt gcg atc ctg gtg tcg atc 355
Thr Asn Gln Leu Gly Ala Ala Phe Ala Phe Ala Ile Leu Val Ser Ile

70 75 80 85
ctc att gac atc gcg gtg cag ctg aat gtg tgg cgc atc atc ggc gtc 403
Leu Ile Asp Ile Ala Val Gln Leu Asn Val Trp Arg Ile Ile Gly Val

90 95 100
tct gaa atg cgc gcc caa gaa ctc ggc aac acg gtt atc cca ggt ttt 451

Ser Glu Met Arg Ala Gln Glu Leu Gly Asn Thr Val Ile Pro Gly Phe

105 110 115
 ggt tgg gtg ctg gcc gta ctg gtc tgt att ggc ggc gta 490
 Gly Trp Val Leu Ala Val Leu Val Cys Ile Gly Gly Val

120 125 130

<210> 422
 <211> 130
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 422
 Met Ala Asp Asn Lys Asn Ala Asp Asp Ser Gln Leu Val Ser Ala Ser
 1 5 10 15

Thr Gly Thr Pro Gly Pro Gly Asp Ile Ala Lys Ala Asn Ala Pro Ser
 20 25 30

Leu Lys Gln Ala Ala Val Thr Ala Ser Gly Arg Ser Ala Leu Met Gly
 35 40 45

Ala Ile Phe Leu Met Ala Thr Ser Ala Ile Gly Pro Gly Phe Leu Thr
 50 55 60

Gln Thr Ala Val Phe Thr Asn Gln Leu Gly Ala Ala Phe Ala Phe Ala
 65 70 75 80

Ile Leu Val Ser Ile Leu Ile Asp Ile Ala Val Gln Leu Asn Val Trp
 85 90 95

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

Val Ile Pro Gly Phe Gly Trp Val Leu Ala Val Leu Val Cys Ile Gly
 115 120 125

Gly Val
 130

<210> 423
 <211> 1401
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1378)
 <223> RXA01727

<400> 423
 agcttttgggt gggttcacca cctgcgctcg tcttaatttt gcgtgttcca gagagaccct 60
 tgaggagggg ctgcgccgta tcgccagcgt gttgtaaata atg agt aaa aag tct 115

Met Ser Lys Lys Ser

	1	5	
gtc ctg att act tct ttg atg ctg ttt tcc atg ttc ttc gga gct gga	163		
Val Leu Ile Thr Ser Leu Met Leu Phe Ser Met Phe Phe Gly Ala Gly			
	10	15	20
aac ctc atc ttc ccg ccg atg ctt gga ttg tgc gca gga acc aac tat	211		
Asn Leu Ile Phe Pro Pro Met Leu Gly Leu Ser Ala Gly Thr Asn Tyr			
	25	30	35
cta cca gct atc tta gga ttt cta gca acg agt gtt ctg ctc ccg gtg	259		
Leu Pro Ala Ile Leu Gly Phe Leu Ala Thr Ser Val Leu Leu Pro Val			
	40	45	50
ctg gcg att atc gcg gtg gtg ttg tgc gga gaa aat gtc aag gac atg	307		
Leu Ala Ile Ile Ala Val Val Leu Ser Gly Glu Asn Val Lys Asp Met			
	55	60	65
gct tct cgt ggc ggt aag atc ttt ggc ctg gtg ttt cct att gct gcc	355		
Ala Ser Arg Gly Gly Lys Ile Phe Gly Leu Val Phe Pro Ile Ala Ala			
	70	75	80
tat ttg tct atc ggc gcg ttt tac gcg ctg ccg agg act ggg gcg gtg	403		
Tyr Leu Ser Ile Gly Ala Phe Tyr Ala Leu Pro Arg Thr Gly Ala Val			
	90	95	100
agc tat tgc acg gcg gtt ggc gtc gat aat gcg ctt tat tgc ggc ttg	451		
Ser Tyr Ser Thr Ala Val Gly Val Asp Asn Ala Leu Tyr Ser Gly Leu			
	105	110	115
ttt aac ttt gtg ttt ttt gcg gtg gca ctg gcg ttg tgc tgg aat ccg	499		
Phe Asn Phe Val Phe Phe Ala Val Ala Leu Ala Leu Ser Trp Asn Pro			
	120	125	130
aat ggc att gca gac aag ttg ggt aag tgg ctc acg cca gcg ttg ctc	547		
Asn Gly Ile Ala Asp Lys Leu Gly Lys Trp Leu Thr Pro Ala Leu Leu			
	135	140	145
acg ttg att gtg gtg ctg gtg gtg ttg tgc gta gcc aag ttg gat ggc	595		
Thr Leu Ile Val Val Leu Val Val Leu Ser Val Ala Lys Leu Asp Gly			
	150	155	160
acg cca ggt gag cca agt agt gcg tat gcg cag cag cct gcg ggg gcg	643		
Thr Pro Gly Glu Pro Ser Ser Ala Tyr Ala Gln Gln Pro Ala Gly Ala			
	170	175	180
ggt ttg ctt gag ggc tac atg acg atg gat gcg att gct gcg ttg gcg	691		
Gly Leu Leu Glu Gly Tyr Met Thr Met Asp Ala Ile Ala Ala Leu Ala			
	185	190	195
ttt ggc atc gtg gtg att tct gcg ttc aag tac caa aag gtt aac aag	739		
Phe Gly Ile Val Val Ile Ser Ala Phe Lys Tyr Gln Lys Val Asn Lys			
	200	205	210
gtc cgc acg gca act gtc gtg tgc gcg ttc att gcc gga att ttg ttg	787		

Val Arg Thr Ala Thr Val Val Ser Ala Phe Ile Ala Gly Ile Leu Leu

215 220 225
gcg ctg gtt tat ctt ggt ttg ggc tca atc ggt caa gta gta aac ggt 835
Ala Leu Val Tyr Leu Gly Leu Gly Ser Ile Gly Gln Val Val Asn Gly

230 235 240 245
gag ttc gct gat ggc acc gca att ttg aac tac gct gca ctg tcc acg 883
Glu Phe Ala Asp Gly Thr Ala Ile Leu Asn Tyr Ala Ala Leu Ser Thr

250 255 260
atg ggt cag gct ggt cgc atc atg ttc gtg gct att ttg atc ctt gca 931
Met Gly Gln Ala Gly Arg Ile Met Phe Val Ala Ile Leu Ile Leu Ala

265 270 275
tgt atg acc acc gca gtt ggt ctg atc agt gcg acg tct gag ttt ttc 979
Cys Met Thr Thr Ala Val Gly Leu Ile Ser Ala Thr Ser Glu Phe Phe

280 285 290
aat tcg ctg ctg cca ggt gtc aag tac cac gtc tgg gcc act gtt ttc 1027
Asn Ser Leu Leu Pro Gly Val Lys Tyr His Val Trp Ala Thr Val Phe

295 300 305
gcg ctg att tcc ttt ggc gtt gcc acc atg ggt ttg gat acg gtg ttg 1075
Ala Leu Ile Ser Phe Gly Val Ala Thr Met Gly Leu Asp Thr Val Leu

310 315 320 325
gcc gtt gcg gct cca gtg att agt ttc att tac cca tcg gcc atc acc 1123
Ala Val Ala Ala Pro Val Ile Ser Phe Ile Tyr Pro Ser Ala Ile Thr

330 335 340
ttg gtg ttc ttg tcg ctc atc gag ccc ctg ctg ttc cgt ctc aag tgg 1171
Leu Val Phe Leu Ser Leu Ile Glu Pro Leu Leu Phe Arg Leu Lys Trp

345 350 355
acc tac cta ttc ggc att tgg act gca gtt gtg tgg gcg ctg ttc atg 1219
Thr Tyr Leu Phe Gly Ile Trp Thr Ala Val Val Trp Ala Leu Phe Met

360 365 370
tct atc cct gcg ctg aat cca ttc atc gaa tgg gcg ccg ctg cac agc 1267
Ser Ile Pro Ala Leu Asn Pro Phe Ile Glu Trp Ala Pro Leu His Ser

375 380 385
atg tct ttg ggt tgg gtt gtc cca gtt ctc gtg gcc tct gcc atc ggt 1315
Met Ser Leu Gly Trp Val Val Pro Val Leu Val Ala Ser Ala Ile Gly

390 395 400 405
ttg gct att gat tgg aac aag aaa ggt gcc cag tct gtt gca aag aag 1363
Leu Ala Ile Asp Trp Asn Lys Lys Gly Ala Gln Ser Val Ala Lys Lys

410 415 420
gaa tcc att tcc gtc taatcgctaa ttgcgaggag tct 1401
Glu Ser Ile Ser Val

425

<210> 424

<211> 426

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 424

Met Ser Lys Lys Ser Val Leu Ile Thr Ser Leu Met Leu Phe Ser Met
1 5 10 15

Phe Phe Gly Ala Gly Asn Leu Ile Phe Pro Pro Met Leu Gly Leu Ser
20 25 30

Ala Gly Thr Asn Tyr Leu Pro Ala Ile Leu Gly Phe Leu Ala Thr Ser
35 40 45

Val Leu Leu Pro Val Leu Ala Ile Ile Ala Val Val Leu Ser Gly Glu
50 55 60

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

Phe Pro Ile Ala Ala Tyr Leu Ser Ile Gly Ala Phe Tyr Ala Leu Pro
85 90 95

Arg Thr Gly Ala Val Ser Tyr Ser Thr Ala Val Gly Val Asp Asn Ala
100 105 110

Leu Tyr Ser Gly Leu Phe Asn Phe Val Phe Phe Ala Val Ala Leu Ala
115 120 125

Leu Ser Trp Asn Pro Asn Gly Ile Ala Asp Lys Leu Gly Lys Trp Leu
130 135 140

Thr Pro Ala Leu Leu Thr Leu Ile Val Val Leu Val Val Leu Ser Val
145 150 155 160

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

Gln Pro Ala Gly Ala Gly Leu Leu Glu Gly Tyr Met Thr Met Asp Ala
180 185 190

Ile Ala Ala Leu Ala Phe Gly Ile Val Val Ile Ser Ala Phe Lys Tyr
195 200 205

Gln Lys Val Asn Lys Val Arg Thr Ala Thr Val Val Ser Ala Phe Ile
210 215 220

Ala Gly Ile Leu Leu Ala Leu Val Tyr Leu Gly Leu Gly Ser Ile Gly
225 230 235 240

Gln Val Val Asn Gly Glu Phe Ala Asp Gly Thr Ala Ile Leu Asn Tyr
245 250 255

Ala Ala Leu Ser Thr Met Gly Gln Ala Gly Arg Ile Met Phe Val Ala

260 265 270

Ile Leu Ile Leu Ala Cys Met Thr Thr Ala Val Gly Leu Ile Ser Ala
275 280 285

Thr Ser Glu Phe Phe Asn Ser Leu Leu Pro Gly Val Lys Tyr His Val
290 295 300

Trp Ala Thr Val Phe Ala Leu Ile Ser Phe Gly Val Ala Thr Met Gly
305 310 315 320

Leu Asp Thr Val Leu Ala Val Ala Ala Pro Val Ile Ser Phe Ile Tyr
325 330 335

Pro Ser Ala Ile Thr Leu Val Phe Leu Ser Leu Ile Glu Pro Leu Leu
340 345 350

Phe Arg Leu Lys Trp Thr Tyr Leu Phe Gly Ile Trp Thr Ala Val Val
355 360 365

Trp Ala Leu Phe Met Ser Ile Pro Ala Leu Asn Pro Phe Ile Glu Trp
370 375 380

Ala Pro Leu His Ser Met Ser Leu Gly Trp Val Val Pro Val Leu Val
385 390 395 400

Ala Ser Ala Ile Gly Leu Ala Ile Asp Trp Asn Lys Lys Gly Ala Gln
405 410 415

Ser Val Ala Lys Lys Glu Ser Ile Ser Val
420 425

<210> 425
<211> 1461
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1438)
<223> RXA00623

<400> 425
tttaagcttc gtcggcaacg atcacaccac gttaaatttc gaccatcaat gacggtggcc 60
gttttttggc gaatccccaa aaaggtcgaa gaggaagtgc atg gat tca aac aca 115
Met Asp Ser Asn Thr

1 5
gaa tct tca agt gtt gag gtc aaa aac gaa cac att aaa gtt caa aag 163
Glu Ser Ser Ser Val Glu Val Lys Asn Glu His Ile Lys Val Gln Lys

10 15 20
ccg ccg aag aag gac cgc act cac tgg ctc tac att gcg gtc att atc 211
Pro Pro Lys Lys Asp Arg Thr His Trp Leu Tyr Ile Ala Val Ile Ile

25 30 35

gca ttg att ggc ggt att acc cta ggc ctg att tca ccg gag ttg ggc 259
Ala Leu Ile Gly Gly Ile Thr Leu Gly Leu Ile Ser Pro Glu Leu Gly

40 45 50
aaa gaa ttc aag att ttg ggc acc atg ttt gtg tcc ttg atc aag atg 307
Lys Glu Phe Lys Ile Leu Gly Thr Met Phe Val Ser Leu Ile Lys Met

55 60 65
att atc gct cca gtt att ttc tgc acc atc gtc atc gga atc ggt tca 355
Ile Ile Ala Pro Val Ile Phe Cys Thr Ile Val Ile Gly Ile Gly Ser

70 75 80 85
gtc aag gca gcg gca aca gtc gga cgc gct ggt ggc atc gcc ctt gcg 403
Val Lys Ala Ala Ala Thr Val Gly Arg Ala Gly Gly Ile Ala Leu Ala

90 95 100
tac ttc atc acg atg tcc aca ttc gca ctc gca gtt ggc ctg cta gtc 451
Tyr Phe Ile Thr Met Ser Thr Phe Ala Leu Ala Val Gly Leu Leu Val

105 110 115
ggt aac ttc atc cag cca ggt agc gga ctg aac atc tca gtt gat gaa 499
Gly Asn Phe Ile Gln Pro Gly Ser Gly Leu Asn Ile Ser Val Asp Glu

120 125 130
gaa tct tca ttc gca tcc aca gag agc agc cct gaa gga ctc ttg gga 547
Glu Ser Ser Phe Ala Ser Thr Glu Ser Ser Pro Glu Gly Leu Leu Gly

135 140 145
ttc atc cac tcg atc atc cct gaa acg ttc ttc tct gca ttt act gat 595
Phe Ile His Ser Ile Ile Pro Glu Thr Phe Phe Ser Ala Phe Thr Asp

150 155 160 165
ggt tcg gtg ctg cag gta ctg ttc atc gcc atc ctc gtg ggc ttt gca 643
Gly Ser Val Leu Gln Val Leu Phe Ile Ala Ile Leu Val Gly Phe Ala

170 175 180
gct cag tcg atg ggt gaa aag gga cag ccc atc ctt gat ttc gta tcc 691
Ala Gln Ser Met Gly Glu Lys Gly Gln Pro Ile Leu Asp Phe Val Ser

185 190 195
cat ctg cag aag ctc atc ttc aag att ttg aac tgg att ctg tgg ctc 739
His Leu Gln Lys Leu Ile Phe Lys Ile Leu Asn Trp Ile Leu Trp Leu

200 205 210
gcc cca gtc ggt gca ttc ggt gca atg gcc ggc gtc gtt ggc gaa aca 787
Ala Pro Val Gly Ala Phe Gly Ala Met Ala Gly Val Val Gly Glu Thr

215 220 225
ggc ttt gat gcc gtt gtt cag ctc ggt att ttg atc ctc gcc ttt tac 835
Gly Phe Asp Ala Val Val Gln Leu Gly Ile Leu Ile Leu Ala Phe Tyr

230 235 240 245
gtc acc tgc gtg atc ttc atc ttt ggc gtg ctg ggc gcc gta ctg aag 883
Val Thr Cys Val Ile Phe Ile Phe Gly Val Leu Gly Ala Val Leu Lys

250 255 260

gtg ttc acc ggc gtg aat atc ttc aag ctg gtc aag tac ctt gcc aag 931
Val Phe Thr Gly Val Asn Ile Phe Lys Leu Val Lys Tyr Leu Ala Lys

265 270 275
gaa ttc ctg ctg atc ttt gct acc tca tcc tct gaa tct gcc ttg cca 979
Glu Phe Leu Leu Ile Phe Ala Thr Ser Ser Ser Glu Ser Ala Leu Pro

280 285 290
aac ctc atg cgc aag atg gaa cac atc ggt gtg gct aaa cca acc gtc 1027
Asn Leu Met Arg Lys Met Glu His Ile Gly Val Ala Lys Pro Thr Val

295 300 305
gga atc gtg gtc cca acc ggc tat tcc ttc aac ttg gac ggc acc gca 1075
Gly Ile Val Val Pro Thr Gly Tyr Ser Phe Asn Leu Asp Gly Thr Ala

310 315 320 325
att tac ctc acc atg gca tct atc ttc att gcc gac gcg atg aat atg 1123
Ile Tyr Leu Thr Met Ala Ser Ile Phe Ile Ala Asp Ala Met Asn Met

330 335 340
ccg atg agc ctc ggc gag cag gtc ggt ctg ctt gtc ttc atg atc atc 1171
Pro Met Ser Leu Gly Glu Gln Val Gly Leu Leu Val Phe Met Ile Ile

345 350 355
gca tcc aag ggc gct gct ggt gtc tgc ggt gcc ggt att gca acg ttg 1219
Ala Ser Lys Gly Ala Ala Gly Val Ser Gly Ala Gly Ile Ala Thr Leu

360 365 370
gct gcc gga ttg tct tca cac cgc cca gaa ctt ctg cac ggc gtt gac 1267
Ala Ala Gly Leu Ser Ser His Arg Pro Glu Leu Leu His Gly Val Asp

375 380 385
gtg att gtg ggc atc gat aaa ttc atg tct gaa gcc cgc gca cta acc 1315
Val Ile Val Gly Ile Asp Lys Phe Met Ser Glu Ala Arg Ala Leu Thr

390 395 400 405
aac ttc gcc gga aac tcc gtg gca aca ctg ctg gtc ggc aag tgg act 1363
Asn Phe Ala Gly Asn Ser Val Ala Thr Leu Leu Val Gly Lys Trp Thr

410 415 420
ggc acc gtg gac atg aac caa gtc cat gac gtt ttg aat gga aaa tct 1411
Gly Thr Val Asp Met Asn Gln Val His Asp Val Leu Asn Gly Lys Ser

425 430 435
cca ttt gtg gag tta gaa gaa gac cac tagttttcaa caggacgaca 1458
Pro Phe Val Glu Leu Glu Glu Asp His

440 445
acg 1461

<210> 426
<211> 446
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 426

Met Asp Ser Asn Thr Glu Ser Ser Ser Val Glu Val Lys Asn Glu His
1 5 10 15

Ile Lys Val Gln Lys Pro Pro Lys Lys Asp Arg Thr His Trp Leu Tyr
20 25 30

Ile Ala Val Ile Ile Ala Leu Ile Gly Gly Ile Thr Leu Gly Leu Ile
35 40 45

Ser Pro Glu Leu Gly Lys Glu Phe Lys Ile Leu Gly Thr Met Phe Val
50 55 60

Ser Leu Ile Lys Met Ile Ile Ala Pro Val Ile Phe Cys Thr Ile Val
65 70 75 80

Ile Gly Ile Gly Ser Val Lys Ala Ala Ala Thr Val Gly Arg Ala Gly
85 90 95

Gly Ile Ala Leu Ala Tyr Phe Ile Thr Met Ser Thr Phe Ala Leu Ala
100 105 110

Val Gly Leu Leu Val Gly Asn Phe Ile Gln Pro Gly Ser Gly Leu Asn
115 120 125

Ile Ser Val Asp Glu Glu Ser Ser Phe Ala Ser Thr Glu Ser Ser Pro
130 135 140

Glu Gly Leu Leu Gly Phe Ile His Ser Ile Ile Pro Glu Thr Phe Phe
145 150 155 160

Ser Ala Phe Thr Asp Gly Ser Val Leu Gln Val Leu Phe Ile Ala Ile
165 170 175

Leu Val Gly Phe Ala Ala Gln Ser Met Gly Glu Lys Gly Gln Pro Ile
180 185 190

Leu Asp Phe Val Ser His Leu Gln Lys Leu Ile Phe Lys Ile Leu Asn
195 200 205

Trp Ile Leu Trp Leu Ala Pro Val Gly Ala Phe Gly Ala Met Ala Gly
210 215 220

Val Val Gly Glu Thr Gly Phe Asp Ala Val Val Gln Leu Gly Ile Leu
225 230 235 240

Ile Leu Ala Phe Tyr Val Thr Cys Val Ile Phe Ile Phe Gly Val Leu
245 250 255

Gly Ala Val Leu Lys Val Phe Thr Gly Val Asn Ile Phe Lys Leu Val
260 265 270

Lys Tyr Leu Ala Lys Glu Phe Leu Leu Ile Phe Ala Thr Ser Ser Ser
275 280 285

Glu Ser Ala Leu Pro Asn Leu Met Arg Lys Met Glu His Ile Gly Val

290	295	300	
Ala Lys Pro Thr Val Gly Ile Val Val Pro Thr Gly Tyr Ser Phe Asn			
305	310	315	320
Leu Asp Gly Thr Ala Ile Tyr Leu Thr Met Ala Ser Ile Phe Ile Ala			
	325	330	335
Asp Ala Met Asn Met Pro Met Ser Leu Gly Glu Gln Val Gly Leu Leu			
	340	345	350
Val Phe Met Ile Ile Ala Ser Lys Gly Ala Ala Gly Val Ser Gly Ala			
	355	360	365
Gly Ile Ala Thr Leu Ala Ala Gly Leu Ser Ser His Arg Pro Glu Leu			
	370	375	380
Leu His Gly Val Asp Val Ile Val Gly Ile Asp Lys Phe Met Ser Glu			
385	390	395	400
Ala Arg Ala Leu Thr Asn Phe Ala Gly Asn Ser Val Ala Thr Leu Leu			
	405	410	415
Val Gly Lys Trp Thr Gly Thr Val Asp Met Asn Gln Val His Asp Val			
	420	425	430
Leu Asn Gly Lys Ser Pro Phe Val Glu Leu Glu Glu Asp His			
	435	440	445
<210> 427			
<211> 620			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (55)..(597)			
<223> RXA01584			
<400> 427			
ccacccctt ccccgctacg cgccataccg gcttgggcgg gcatcggatc acta gtg	57		
	Val		
		1	
gtg ttt ttg ggc gca ctt ctc ggc gcc gta atc atg ggc ggg ttt tat	105		
Val Phe Leu Gly Ala Leu Leu Gly Ala Val Ile Met Gly Gly Phe Tyr			
	5	10	15
cca gca ttc att caa gcc gga tcc aca gtg ttc ggc ggc ggc cac gtg	153		
Pro Ala Phe Ile Gln Ala Gly Ser Thr Val Phe Gly Gly Gly His Val			
	20	25	30
gtt ttg cca ctg ctg gaa aag ctc gtt gtt gcg ccc ggt ttt att aaa	201		
Val Leu Pro Leu Leu Glu Lys Leu Val Val Ala Pro Gly Phe Ile Lys			

35 40 45
 gaa acc gac ttc cta tcc ggc tac tcc gca gcg cag gca gtg cct ggc 249
 Glu Thr Asp Phe Leu Ser Gly Tyr Ser Ala Ala Gln Ala Val Pro Gly

 50 55 60 65
 ccc atg ttc agc ttc gcc agc tac ctc ggc gca atc tac ggt ggc atc 297
 Pro Met Phe Ser Phe Ala Ser Tyr Leu Gly Ala Ile Tyr Gly Gly Ile

 70 75 80
 ggt ggt gca gtg ctg gcc agc ctg gcg atc ttc ttc ccc gcc gca ctc 345
 Gly Gly Ala Val Leu Ala Ser Leu Ala Ile Phe Phe Pro Ala Ala Leu

 85 90 95
 ttg agc atc agc gga atg tac ttt tgg gga cgc tgg cga aaa gca ccg 393
 Leu Ser Ile Ser Gly Met Tyr Phe Trp Gly Arg Trp Arg Lys Ala Pro

 100 105 110
 cgc atc caa gca gca gtc acc ggc atc aac gcc ggt gtg gtg ggg ctt 441
 Arg Ile Gln Ala Ala Val Thr Gly Ile Asn Ala Gly Val Val Gly Leu

 115 120 125
 ttg ggc gca gcg ctc tac gat ccc gta ttc acc cac ggc atc acc agc 489
 Leu Gly Ala Ala Leu Tyr Asp Pro Val Phe Thr His Gly Ile Thr Ser

 130 135 140 145
 gtt tcc gca tta gct atc gca acg gtg tgt tgg ctg ggg cta gcc cac 537
 Val Ser Ala Leu Ala Ile Ala Thr Val Cys Trp Leu Gly Leu Ala His

 150 155 160
 tgg aaa att ccg ccg tgg gcc atc gcc gcg ggt gcg gcc ctt gca ggc 585
 Trp Lys Ile Pro Pro Trp Ala Ile Ala Ala Gly Ala Ala Leu Ala Gly

 165 170 175
 tgg gtc ttg ctt tagaaaaagc tcagacccaa acc 620
 Trp Val Leu Leu

180

<210> 428
 <211> 181
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 428
 Val Val Phe Leu Gly Ala Leu Leu Gly Ala Val Ile Met Gly Gly Phe
 1 5 10 15
 Tyr Pro Ala Phe Ile Gln Ala Gly Ser Thr Val Phe Gly Gly Gly His
 20 25 30
 Val Val Leu Pro Leu Leu Glu Lys Leu Val Val Ala Pro Gly Phe Ile
 35 40 45
 Lys Glu Thr Asp Phe Leu Ser Gly Tyr Ser Ala Ala Gln Ala Val Pro

50	55	60	
Gly 65	Pro Met Phe Ser Phe 70	Ala Ser Tyr Leu Gly 75	Ala Ile Tyr Gly Gly 80
Ile	Gly Gly Ala Val 85	Leu Ala Ser Leu 90	Ile Phe Phe Pro Ala Ala 95
Leu	Leu Ser Ile 100	Ser Gly Met Tyr Phe 105	Trp Gly Arg Trp Arg Lys Ala 110
Pro	Arg Ile Gln Ala Ala Val 115	Thr Gly Ile Asn Ala 120	Gly Val Val Gly 125
Leu	Leu Gly Ala Ala Leu 130	Tyr Asp Pro Val Phe 135	Thr His Gly Ile Thr 140
Ser	Val Ser Ala Leu 145	Ala Ile Ala Thr Val 150	Cys Trp Leu Gly Leu Ala 155 160
His	Trp Lys Ile Pro Pro 165	Trp Ala Ile Ala Ala 170	Gly Ala Ala Leu Ala 175
Gly	Trp Val Leu Leu 180		
<210>	429		
<211>	813		
<212>	DNA		
<213>	Corynebacterium glutamicum		
<220>			
<221>	CDS		
<222>	(101)..(790)		
<223>	RXA00852		
<400>	429		
agatcac	cgatcat	atcgccg	ctggagttcatgc agcattccct gacatccgta 60
agaaatag	ttccaacccact ttctctcaga attgcagttc atg ccc gag atc att 115		
			Met Pro Glu Ile Ile
		1	5
ttt gac aac act gaa gta cgc tac gat gac tcg ctc att tta gag ccc 163			
Phe Asp Asn Thr Glu Val Arg Tyr Asp Asp Ser Leu Ile Leu Glu Pro			
	10	15	20
cta tcg tta aaa ctg aca gaa caa cgc att ggc atc atc ggg gct aac 211			
Leu Ser Leu Lys Leu Thr Glu Gln Arg Ile Gly Ile Ile Gly Ala Asn			
	25	30	35
ggc ggt gga aaa tcc acg ctc atc aga atg atc aat ggt ctc ggc gaa 259			
Gly Gly Gly Lys Ser Thr Leu Ile Arg Met Ile Asn Gly Leu Gly Glu			
	40	45	50
cca acc aca ggg cgt gtt cta gtt gat ggc ctt gac gtc tcg cat tcc 307			

Pro Thr Thr Gly Arg Val Leu Val Asp Gly Leu Asp Val Ser His Ser

55 60 65 355
gga cgg gaa gtt cgc aag aag gtt gga ttt gtc ttc tct gac gct gaa
Gly Arg Glu Val Arg Lys Lys Val Gly Phe Val Phe Ser Asp Ala Glu

70 75 80 85 403
aac cag atc gtg atg cca act gtg cgt gag gat att gcc ttc tcg ctt
Asn Gln Ile Val Met Pro Thr Val Arg Glu Asp Ile Ala Phe Ser Leu

90 95 100 451
cgc cgg cac aaa atg cca cgc gct gaa aag gcg caa cgt gtc gac gag
Arg Arg His Lys Met Pro Arg Ala Glu Lys Ala Gln Arg Val Asp Glu

105 110 115 499
atg atg gcg cga ttc aac ttg agc gag cat gca gat caa tca ccg cac
Met Met Ala Arg Phe Asn Leu Ser Glu His Ala Asp Gln Ser Pro His

120 125 130 547
acc cta tcc ggt ggt caa aag cag ttg tta gcg ctg gct gca gta ctg
Thr Leu Ser Gly Gly Gln Lys Gln Leu Leu Ala Leu Ala Val Leu

135 140 145 595
att ttg gag cca gaa gtg atc atc gct gat gag ccc act acc ctg ctg
Ile Leu Glu Pro Glu Val Ile Ile Ala Asp Glu Pro Thr Thr Leu Leu

150 155 160 165 643
gat ctg cgc aat agg ctg atg atc aaa gac gtg ttc aat aaa ctc gag
Asp Leu Arg Asn Arg Leu Met Ile Lys Asp Val Phe Asn Lys Leu Glu

170 175 180 691
cag caa tta atc gtt gtc agc cat gat tta gat ttc ctc agc gat ttt
Gln Gln Leu Ile Val Val Ser His Asp Leu Asp Phe Leu Ser Asp Phe

185 190 195 739
gag cgg gtc att tgc atc aat gat cat aaa atc gct gct gat ggc cct
Glu Arg Val Ile Cys Ile Asn Asp His Lys Ile Ala Ala Asp Gly Pro

200 205 210 787
ccg caa aag tcc att gac ctg tac gta tcg ctt atg gcg gaa cct gcg
Pro Gln Lys Ser Ile Asp Leu Tyr Val Ser Leu Met Ala Glu Pro Ala

215 220 225 813
aaa tgaacagtat tccttttaggt ttt
Lys

230

<210> 430
<211> 230
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 430
Met Pro Glu Ile Ile Phe Asp Asn Thr Glu Val Arg Tyr Asp Asp Ser

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

<210> 431
 <211> 1269
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1246)
 <223> RXA00690

<400> 431
 atggatcatt ggactcacac tggctgtcat ttccttggtt tcagcgtctg ctgtggcggc 60

gtgggcgatt cgtcgttcag aggtccaggg ttaaagcttc gtg aaa tgg att gag 115
Val Lys Trp Ile Glu

1 5
cga tat gtg ctg tcc cgg cgg atg gtt cat ccc tgg gcg tgg tgg gtg 163
Arg Tyr Val Leu Ser Arg Arg Met Val His Pro Trp Ala Trp Trp Val

10 15 20
tgg gcg ttg ggt att gct ggt tgt gcc agc atg acc aac aat cct tat 211
Trp Ala Leu Gly Ile Ala Gly Cys Ala Ser Met Thr Asn Asn Pro Tyr

25 30 35
att ttg gcg ctc act ttt gcc acg ttg tgt ttt gtg gtg ttt aac cgt 259
Ile Leu Ala Leu Thr Phe Ala Thr Leu Cys Phe Val Val Phe Asn Arg

40 45 50
cgt ggg tca tcg ccg tgg tcg cgt gct ttc ccg atc tat ttg atg atc 307
Arg Gly Ser Ser Pro Trp Ser Arg Ala Phe Pro Ile Tyr Leu Met Ile

55 60 65
gcg ggt tgg ctc gtg gtg tac cgg ttg gtc atg cac att gtg gtg gga 355
Ala Gly Trp Leu Val Val Tyr Arg Leu Val Met His Ile Val Val Gly

70 75 80 85
gca aaa att ggc acc att gaa ctg ttt cgg atc ccg ccg gtg cag ttg 403
Ala Lys Ile Gly Thr Ile Glu Leu Phe Arg Ile Pro Pro Val Gln Leu

90 95 100
ccg gaa tgg gct gcg ggt atc cac gtg ttt ggc acg gtg tat ctc gag 451
Pro Glu Trp Ala Ala Gly Ile His Val Phe Gly Thr Val Tyr Leu Glu

105 110 115
ggt ctg atc atc gcg acg acg caa ggc tta acg ctt gga acg atg atc 499
Gly Leu Ile Ile Ala Thr Thr Gln Gly Leu Thr Leu Gly Thr Met Ile

120 125 130
gtg gcg gtg ggt gct gcg aac tct ttg gcg gat ccc aag aag ctg ctc 547
Val Ala Val Gly Ala Ala Asn Ser Leu Ala Asp Pro Lys Lys Leu Leu

135 140 145
aaa tcg ttg cct ggc gca ttg ggc gaa ctg gga act gcg gtg gtc atc 595
Lys Ser Leu Pro Gly Ala Leu Gly Glu Leu Gly Thr Ala Val Val Ile

150 155 160 165
ggt att tcc att gca cct cag atg gct gag tcg gcg ttc cgc att aat 643
Gly Ile Ser Ile Ala Pro Gln Met Ala Glu Ser Ala Phe Arg Ile Asn

170 175 180
cgt gca cga acc ttg cgt ggt gat gat gcc aaa ggt gtt cgt ggt ttc 691
Arg Ala Arg Thr Leu Arg Gly Asp Asp Ala Lys Gly Val Arg Gly Phe

185 190 195
gcg cgg att ttg atg ccg gtt ttc cag gac act ttg gat agg tct ttg 739
Ala Arg Ile Leu Met Pro Val Phe Gln Asp Thr Leu Asp Arg Ser Leu

200 205 210

gcc ctg gct aat tcc atg gat gcc cgt ggt tat ggc agg cag gct cat 787
Ala Leu Ala Asn Ser Met Asp Ala Arg Gly Tyr Gly Arg Gln Ala His

215 220 225
gta tcc aaa ttc caa cag cgt gtg acc tct att ttt ggt gca ttc gga 835
Val Ser Lys Phe Gln Gln Arg Val Thr Ser Ile Phe Gly Ala Phe Gly

230 235 240 245
ata ctc ggc gtg acc gtt ggt ctg ttt gtg gtc tta gat gca tca tca 883
Ile Leu Gly Val Thr Val Gly Leu Phe Val Val Leu Asp Ala Ser Ser

250 255 260
ccg atg ttc gtt gcc gtt ccg gtg ttt att acc ggc gtg ggc ttc ttg 931
Pro Met Phe Val Ala Val Pro Val Phe Ile Thr Gly Val Gly Phe Leu

265 270 275
atc att tcg ttg gtc gtt gct tca cat aga aaa aca tcc acc act ttt 979
Ile Ile Ser Leu Val Val Ala Ser His Arg Lys Thr Ser Thr Thr Phe

280 285 290
gat cag ttg cct tgg ggt gct gcg gaa tgg ctt gtg tgc atc aca ggt 1027
Asp Gln Leu Pro Trp Gly Ala Ala Glu Trp Leu Val Cys Ile Thr Gly

295 300 305
gtg att ccg ctg ctc atg gct gcg ctg aca cga tac ctt gat cca ggt 1075
Val Ile Pro Leu Leu Met Ala Ala Leu Thr Arg Tyr Leu Asp Pro Gly

310 315 320 325
tcc atg atc acc acc tgg gtt cct ttg cat atg cca gac acc gtt ccg 1123
Ser Met Ile Thr Thr Trp Val Pro Leu His Met Pro Asp Thr Val Pro

330 335 340
ttg ctc gtt gtg gca gga ctt gtt gtg gcg acg atg cca gga ttc ttg 1171
Leu Leu Val Val Ala Gly Leu Val Val Ala Thr Met Pro Gly Phe Leu

345 350 355
acg ccc cgc ttg ccg aag aac aaa gtg agg gtc aag cgt cga aaa gca 1219
Thr Pro Arg Leu Pro Lys Asn Lys Val Arg Val Lys Arg Arg Lys Ala

360 365 370
ata aat agc cca gaa agg gcc gaa gtt taatgagtgc tccttttagc 1266
Ile Asn Ser Pro Glu Arg Ala Glu Val

375 380
gcg 1269

<210> 432

<211> 382

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 432

Val Lys Trp Ile Glu Arg Tyr Val Leu Ser Arg Arg Met Val His Pro

1	5	10	15
Trp Ala Trp Trp Val Trp Ala Leu Gly Ile Ala Gly Cys Ala Ser Met	20	25	30
Thr Asn Asn Pro Tyr Ile Leu Ala Leu Thr Phe Ala Thr Leu Cys Phe	35	40	45
Val Val Phe Asn Arg Arg Gly Ser Ser Pro Trp Ser Arg Ala Phe Pro	50	55	60
Ile Tyr Leu Met Ile Ala Gly Trp Leu Val Val Tyr Arg Leu Val Met	65	70	75
His Ile Val Val Gly Ala Lys Ile Gly Thr Ile Glu Leu Phe Arg Ile	85	90	95
Pro Pro Val Gln Leu Pro Glu Trp Ala Ala Gly Ile His Val Phe Gly	100	105	110
Thr Val Tyr Leu Glu Gly Leu Ile Ile Ala Thr Thr Gln Gly Leu Thr	115	120	125
Leu Gly Thr Met Ile Val Ala Val Gly Ala Ala Asn Ser Leu Ala Asp	130	135	140
Pro Lys Lys Leu Leu Lys Ser Leu Pro Gly Ala Leu Gly Glu Leu Gly	145	150	155
Thr Ala Val Val Ile Gly Ile Ser Ile Ala Pro Gln Met Ala Glu Ser	165	170	175
Ala Phe Arg Ile Asn Arg Ala Arg Thr Leu Arg Gly Asp Asp Ala Lys	180	185	190
Gly Val Arg Gly Phe Ala Arg Ile Leu Met Pro Val Phe Gln Asp Thr	195	200	205
Leu Asp Arg Ser Leu Ala Leu Ala Asn Ser Met Asp Ala Arg Gly Tyr	210	215	220
Gly Arg Gln Ala His Val Ser Lys Phe Gln Gln Arg Val Thr Ser Ile	225	230	235
Phe Gly Ala Phe Gly Ile Leu Gly Val Thr Val Gly Leu Phe Val Val	245	250	255
Leu Asp Ala Ser Ser Pro Met Phe Val Ala Val Pro Val Phe Ile Thr	260	265	270
Gly Val Gly Phe Leu Ile Ile Ser Leu Val Val Ala Ser His Arg Lys	275	280	285
Thr Ser Thr Thr Phe Asp Gln Leu Pro Trp Gly Ala Ala Glu Trp Leu	290	295	300
Val Cys Ile Thr Gly Val Ile Pro Leu Leu Met Ala Ala Leu Thr Arg	305	310	315
			320

Tyr Leu Asp Pro Gly Ser Met Ile Thr Thr Trp Val Pro Leu His Met
 325 330 335
 Pro Asp Thr Val Pro Leu Leu Val Val Ala Gly Leu Val Val Ala Thr
 340 345 350
 Met Pro Gly Phe Leu Thr Pro Arg Leu Pro Lys Asn Lys Val Arg Val
 355 360 365
 Lys Arg Arg Lys Ala Ile Asn Ser Pro Glu Arg Ala Glu Val
 370 375 380
 <210> 433
 <211> 876
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(853)
 <223> RXA00827
 <400> 433
 tgcgtgaatt aacagacaac ggaatcagca ttgtgtcagt aacccatgat cctgatttca 60
 tcgcagcgct gggcgatcac cacattgagg tgagcgcgaa gtg aac ctg ctg atc 115
 Val Asn Leu Leu Ile
 1 5
 aaa att aat ccc gtc acc cgc atc atc gcg ttg atg gta ctg acc acg 163
 Lys Ile Asn Pro Val Thr Arg Ile Ile Ala Leu Met Val Leu Thr Thr
 10 15 20
 ccg ttg ctg ctg agt ttg gat gtg atg tcg gca gcg atc gcg ctg gtg 211
 Pro Leu Leu Leu Ser Leu Asp Val Met Ser Ala Ala Ile Ala Leu Val
 25 30 35
 gca acc att att ctg gca cca ttt gcc gcc gtg acc tgg aag atg ctg 259
 Ala Thr Ile Ile Leu Ala Pro Phe Ala Gly Val Thr Trp Lys Met Leu
 40 45 50
 ctg aaa cgt gcc tgg atg ctg ttc ctc atg gca ccg gtg gct gca tta 307
 Leu Lys Arg Gly Trp Met Leu Phe Leu Met Ala Pro Val Ala Ala Leu
 55 60 65
 tcc atg gcg ctt tat ggc agg ccg gat gga aaa gag tac ttt agc ttc 355
 Ser Met Ala Leu Tyr Gly Arg Pro Asp Gly Lys Glu Tyr Phe Ser Phe
 70 75 80 85
 ctg ctc att cac gtc act gat aat tca ctg gct ttg gct gct gcc att 403
 Leu Leu Ile His Val Thr Asp Asn Ser Leu Ala Leu Ala Ala Ala Ile
 90 95 100
 ggg ctg cgt gtt ctg gcg att ggt ctg ccc gtt gtg gtg ctg att gct 451
 Gly Leu Arg Val Leu Ala Ile Gly Leu Pro Val Val Val Leu Ile Ala

105 110 115
 cgc att gat ccc acc gac ctg ggc gat ggt ttg gcg cag ctg ctc aaa 499
 Arg Ile Asp Pro Thr Asp Leu Gly Asp Gly Leu Ala Gln Leu Leu Lys

 120 125 130
 ctg cct gaa agg ttt gtc atc ggt gct gtg gca gga agc cga ctg atg 547
 Leu Pro Glu Arg Phe Val Ile Gly Ala Val Ala Gly Ser Arg Leu Met

 135 140 145
 acg ctt ttt cgg gaa gat tgg tac tcc atg tcc agg gca agg cgt gcc 595
 Thr Leu Phe Arg Glu Asp Trp Tyr Ser Met Ser Arg Ala Arg Arg Ala

 150 155 160 165
 cgc gga att gct gat cag ggc aag atc aag cac ttt ttc acc atg act 643
 Arg Gly Ile Ala Asp Gln Gly Lys Ile Lys His Phe Phe Thr Met Thr

 170 175 180
 ttt ggt ttg ttg gtg ctc tcg ctt cgc cgt gga tcc aag ctt gca acg 691
 Phe Gly Leu Leu Val Leu Ser Leu Arg Arg Gly Ser Lys Leu Ala Thr

 185 190 195
 gcg atg gaa gca cgc ggt ttt ggt cgc acg act ggc cgc acc tgg gca 739
 Ala Met Glu Ala Arg Gly Phe Gly Arg Thr Thr Gly Arg Thr Trp Ala

 200 205 210
 agg gaa tcc acc gtc ggc gcg cgc gat ctg gtg ctc atc ttg gtg tgt 787
 Arg Glu Ser Thr Val Gly Ala Arg Asp Leu Val Leu Ile Leu Val Cys

 215 220 225
 gct gcc att tcc gcg atc gct cta acc gtg tcc att cag act ggt ttc 835
 Ala Ala Ile Ser Ala Ile Ala Leu Thr Val Ser Ile Gln Thr Gly Phe

 230 235 240 245
 ttt aag ttc ttg ggc aca tgatcacagt ttttaattgat gga 876
 Phe Lys Phe Leu Gly Thr

250

<210> 434
 <211> 251
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 434
 Val Asn Leu Leu Ile Lys Ile Asn Pro Val Thr Arg Ile Ile Ala Leu
 1 5 10 15
 Met Val Leu Thr Thr Pro Leu Leu Leu Ser Leu Asp Val Met Ser Ala
 20 25 30
 Ala Ile Ala Leu Val Ala Thr Ile Ile Leu Ala Pro Phe Ala Gly Val
 35 40 45
 Thr Trp Lys Met Leu Leu Lys Arg Gly Trp Met Leu Phe Leu Met Ala

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

<210> 435
<211> 732
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>
<221> CDS
<222> (101)..(709)
<223> RXA00851
```

```

<400> 435
ttgagcgggt catttgcattc aatgatcata aaatcgctgc tgatggccct ccgcaaaagt 60
ccattgacct gtacgtatcg cttatggcgg aacctgcgaa atg aac agt att cct 115
                                     Met Asn Ser Ile Pro

                                     1                               5
tta ggt ttt tac gtc gat aag caa tct gtt gtt cat tct ttt cct gct 163

```

Leu Gly Phe Tyr Val Asp Lys Gln Ser Val Val His Ser Phe Pro Ala

10 15 20
 ttg tgg aaa ttc cca ctt ctg ctg ttt ttc atc atc ggc ggc tcc atc 211
 Leu Trp Lys Phe Pro Leu Leu Leu Phe Phe Ile Ile Gly Gly Ser Ile

25 30 35
 gcg gct tct acc ccg gtt cat ggg ttg att ttg gtg ggg att gca gtg 259
 Ala Ala Ser Thr Pro Val His Gly Leu Ile Leu Val Gly Ile Ala Val

40 45 50
 gtg ttt tac gtg ctg gcg aag att ccg ctg aag gtc gcg tgg gag cag 307
 Val Phe Tyr Val Leu Ala Lys Ile Pro Leu Lys Val Ala Trp Glu Gln

55 60 65
 ttg tgg cca gtg ctg ccg att ttg atc atg ctc ggt gcg ttt cag tgg 355
 Leu Trp Pro Val Leu Pro Ile Leu Ile Met Leu Gly Ala Phe Gln Trp

70 75 80 85
 tgg cag cgc ggc ttt gat ttc gcg gca acc aca gtg ctc acg ctg ttt 403
 Trp Gln Arg Gly Phe Asp Phe Ala Ala Thr Thr Val Leu Thr Leu Phe

90 95 100
 tcc gcg gtg atg gcc gcc atg ttg ttg acg ttg acc acg cgg ttg gaa 451
 Ser Ala Val Met Ala Ala Met Leu Leu Thr Leu Thr Thr Arg Leu Glu

105 110 115
 gcg ctc atg aat gca gtt gag cgg atg ttg cag cct ttt gca cgt ttt 499
 Ala Leu Met Asn Ala Val Glu Arg Met Leu Gln Pro Phe Ala Arg Phe

120 125 130
 ggc ctg cca gta gag acg atc acc ttg gct att tct ctc acg att cgg 547
 Gly Leu Pro Val Glu Thr Ile Thr Leu Ala Ile Ser Leu Thr Ile Arg

135 140 145
 ctc att ccg ctg caa tta gcc acg gtg aag gaa gtc ctc gat gcc cgt 595
 Leu Ile Pro Leu Gln Leu Ala Thr Val Lys Glu Val Leu Asp Ala Arg

150 155 160 165
 aaa gct cgt ggt gcc ggt ttt tct atc gcc gcg ttt ggc acg cct gtg 643
 Lys Ala Arg Gly Ala Gly Phe Ser Ile Ala Ala Phe Gly Thr Pro Val

170 175 180
 atc atc aga tca ata aag agg gcc cgc aat atc ggc gat gct ctt ctc 691
 Ile Ile Arg Ser Ile Lys Arg Ala Arg Asn Ile Gly Asp Ala Leu Leu

185 190 195
 gca cgt ggt gcc ggc gat taatttcttt caacacatag caa 732
 Ala Arg Gly Ala Gly Asp

200

<210> 436
 <211> 203
 <212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 436

```

Met Asn Ser Ile Pro Leu Gly Phe Tyr Val Asp Lys Gln Ser Val Val
  1             5             10             15

His Ser Phe Pro Ala Leu Trp Lys Phe Pro Leu Leu Leu Phe Phe Ile
      20             25             30

Ile Gly Gly Ser Ile Ala Ala Ser Thr Pro Val His Gly Leu Ile Leu
      35             40             45

Val Gly Ile Ala Val Val Phe Tyr Val Leu Ala Lys Ile Pro Leu Lys
      50             55             60

Val Ala Trp Glu Gln Leu Trp Pro Val Leu Pro Ile Leu Ile Met Leu
      65             70             75             80

Gly Ala Phe Gln Trp Trp Gln Arg Gly Phe Asp Phe Ala Ala Thr Thr
      85             90             95

Val Leu Thr Leu Phe Ser Ala Val Met Ala Ala Met Leu Leu Thr Leu
      100            105            110

Thr Thr Arg Leu Glu Ala Leu Met Asn Ala Val Glu Arg Met Leu Gln
      115            120            125

Pro Phe Ala Arg Phe Gly Leu Pro Val Glu Thr Ile Thr Leu Ala Ile
      130            135            140

Ser Leu Thr Ile Arg Leu Ile Pro Leu Gln Leu Ala Thr Val Lys Glu
      145            150            155            160

Val Leu Asp Ala Arg Lys Ala Arg Gly Ala Gly Phe Ser Ile Ala Ala
      165            170            175

Phe Gly Thr Pro Val Ile Ile Arg Ser Ile Lys Arg Ala Arg Asn Ile
      180            185            190

Gly Asp Ala Leu Leu Ala Arg Gly Ala Gly Asp
      195            200

```

<210> 437

<211> 725

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(695)

<223> RXS03220

<400> 437

cc atg ggc tta agg gaa att ttg tcc agc aag tgg ctt gtg cgc atc 47

Met Gly Leu Arg Glu Ile Leu Ser Ser Lys Trp Leu Val Arg Ile

1 5 10 15
ctc ctg gta ggt atc gga ttg ggt gtc gca cag cag ctg acc ggc atc 95
Leu Leu Val Gly Ile Gly Leu Gly Val Ala Gln Gln Leu Thr Gly Ile

20 25 30
aac tcc atc atg tac tac ggc cag gtt gtt ctc att gag gct ggt ttc 143
Asn Ser Ile Met Tyr Tyr Gly Gln Val Val Leu Ile Glu Ala Gly Phe

35 40 45
tcc gag aat gca gct ctg atc gcc aac gtg gcg cca gga gtg atc gca 191
Ser Glu Asn Ala Ala Leu Ile Ala Asn Val Ala Pro Gly Val Ile Ala

50 55 60
gtt gtc ggt gca ttc atc gca ctg tgg atg atg gat ggt atc aac cgc 239
Val Val Gly Ala Phe Ile Ala Leu Trp Met Met Asp Gly Ile Asn Arg

65 70 75
cgt acc acc ctc att acc ggt tat tct ctc acc acc att agc cac gta 287
Arg Thr Thr Leu Ile Thr Gly Tyr Ser Leu Thr Thr Ile Ser His Val

80 85 90 95
ttg atc ggt atc gca tcc gta gca ttc cca gtc ggc gat cct ctt cgc 335
Leu Ile Gly Ile Ala Ser Val Ala Phe Pro Val Gly Asp Pro Leu Arg

100 105 110
ccc tac gtt atc ttg act ctg gtt gtg gtc ttc gtg gga tcc atg cag 383
Pro Tyr Val Ile Leu Thr Leu Val Val Val Phe Val Gly Ser Met Gln

115 120 125
acc ttc ctc aac gta gct acc tgg gtt atg ctc tct gag ctc ttc ccg 431
Thr Phe Leu Asn Val Ala Thr Trp Val Met Leu Ser Glu Leu Phe Pro

130 135 140
ctg gca atg cgc ggt ttc gca atc ggt atc tca gtg ttc ttc ctc tgg 479
Leu Ala Met Arg Gly Phe Ala Ile Gly Ile Ser Val Phe Phe Leu Trp

145 150 155
atc gca aac gcg ttc ctc gga ttg ttc ttc cca acc atc atg gaa gca 527
Ile Ala Asn Ala Phe Leu Gly Leu Phe Phe Pro Thr Ile Met Glu Ala

160 165 170 175
gta gga cta acc gga acc ttc ttc atg ttc gcc gga atc ggt gtg gtt 575
Val Gly Leu Thr Gly Thr Phe Phe Met Phe Ala Gly Ile Gly Val Val

180 185 190
gcc ttg atc ttc atc tac acc cag gtt cct gaa act cgt gga cgt acc 623
Ala Leu Ile Phe Ile Tyr Thr Gln Val Pro Glu Thr Arg Gly Arg Thr

195 200 205
ttg gag gag att gat gag gat gtt act tcc ggt gtc att ttc aac aag 671
Leu Glu Glu Ile Asp Glu Asp Val Thr Ser Gly Val Ile Phe Asn Lys

210 215 220
gac atc cga aaa gga aag gtg cac taaaaacca gacactgcat agataacacg 725

Asp Ile Arg Lys Gly Lys Val His

225

230

<210> 438

<211> 231

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 438

Met Gly Leu Arg Glu Ile Leu Ser Ser Lys Trp Leu Val Arg Ile Leu
1 5 10 15

Leu Val Gly Ile Gly Leu Gly Val Ala Gln Gln Leu Thr Gly Ile Asn
20 25 30

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

Glu Asn Ala Ala Leu Ile Ala Asn Val Ala Pro Gly Val Ile Ala Val
50 55 60

Val Gly Ala Phe Ile Ala Leu Trp Met Met Asp Gly Ile Asn Arg Arg
65 70 75 80

Thr Thr Leu Ile Thr Gly Tyr Ser Leu Thr Thr Ile Ser His Val Leu
85 90 95

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

Tyr Val Ile Leu Thr Leu Val Val Val Phe Val Gly Ser Met Gln Thr
115 120 125

Phe Leu Asn Val Ala Thr Trp Val Met Leu Ser Glu Leu Phe Pro Leu
130 135 140

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

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

Gly Leu Thr Gly Thr Phe Phe Met Phe Ala Gly Ile Gly Val Val Ala
180 185 190

Leu Ile Phe Ile Tyr Thr Gln Val Pro Glu Thr Arg Gly Arg Thr Leu
195 200 205

Glu Glu Ile Asp Glu Asp Val Thr Ser Gly Val Ile Phe Asn Lys Asp
210 215 220

Ile Arg Lys Gly Lys Val His
225 230

<210> 439

<211> 408
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(385)
 <223> FRXA02762

<400> 439
 ttcccagtcg gcgatcctct tcgcccctac gttatcttga ctctggttgt ggtcttcgtg 60
 ggatccatgc agaccttctt caacggtagc tacctgggtt atg ctc tct gag ctc 115
 Met Leu Ser Glu Leu
 1 5
 ttc ccg ctg gca atg cgc ggt ttc gca atc ggt atc tca gtg ttc ttc 163
 Phe Pro Leu Ala Met Arg Gly Phe Ala Ile Gly Ile Ser Val Phe Phe
 10 15 20
 ctc tgg atc gca aac gcg ttc ctc gga ttg ttc ttc cca acc atc atg 211
 Leu Trp Ile Ala Asn Ala Phe Leu Gly Leu Phe Phe Pro Thr Ile Met
 25 30 35
 gaa gca gta gga cta acc gga acc ttc ttc atg ttc gcc gga atc ggt 259
 Glu Ala Val Gly Leu Thr Gly Thr Phe Phe Met Phe Ala Gly Ile Gly
 40 45 50
 gtg gtt gcc ttg atc ttc atc tac acc cag gtt cct gaa act cgt gga 307
 Val Val Ala Leu Ile Phe Ile Tyr Thr Gln Val Pro Glu Thr Arg Gly
 55 60 65
 cgt acc ttg gag gag att gat gag gat gtt act tcc ggt gtc att ttc 355
 Arg Thr Leu Glu Glu Ile Asp Glu Asp Val Thr Ser Gly Val Ile Phe
 70 75 80 85
 aac aag gac atc cga aaa gga aag gtg cac taaaaccga gacactgcat 405
 Asn Lys Asp Ile Arg Lys Gly Lys Val His
 90 95
 aga 408

<210> 440
 <211> 95
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 440
 Met Leu Ser Glu Leu Phe Pro Leu Ala Met Arg Gly Phe Ala Ile Gly
 1 5 10 15
 Ile Ser Val Phe Phe Leu Trp Ile Ala Asn Ala Phe Leu Gly Leu Phe

20	25	30	
Phe Pro Thr Ile Met Glu Ala Val Gly Leu Thr Gly Thr Phe Phe Met			
35	40	45	
Phe Ala Gly Ile Gly Val Val Ala Leu Ile Phe Ile Tyr Thr Gln Val			
50	55	60	
Pro Glu Thr Arg Gly Arg Thr Leu Glu Glu Ile Asp Glu Asp Val Thr			
65	70	75	80
Ser Gly Val Ile Phe Asn Lys Asp Ile Arg Lys Gly Lys Val His			
85	90	95	
<210> 441			
<211> 789			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(766)			
<223> RXN00092			
<400> 441			
cgaaaccaga aacaccacgc ggctcctcgt cgaaaagcga atctttgaac tagaagccca 60			
ggcacgttgg ctgcaccgaa ttgaagcatt ggagcagtaa atg aca aac acg cct 115			
Met Thr Asn Thr Pro			
1 5			
ttc ccc ctt gaa ctt caa aac atc tcc tgc gcc ttc gga gaa ggc cca 163			
Phe Pro Leu Glu Leu Gln Asn Ile Ser Cys Ala Phe Gly Glu Gly Pro			
10 15 20			
cgc cac gtc tcc gcg ctc aac aac gtc tgc ctg gca gtc aat ccc ggc 211			
Arg His Val Ser Ala Leu Asn Asn Val Ser Leu Ala Val Asn Pro Gly			
25 30 35			
gaa ctc gtt gcc atc atg ggc cgc tcc ggc tca gga aaa tcc acc ttg 259			
Glu Leu Val Ala Ile Met Gly Pro Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu			
40 45 50			
ctc aac gtc gcc ggc ctc ctg cag cgc gca acc tct ggc cat gtg ctt 307			
Leu Asn Val Ala Gly Leu Leu Gln Arg Ala Thr Ser Gly His Val Leu			
55 60 65			
atc gac ggt gcc agc gcc tca gac ctc aac gcc aaa cgc gca gct gaa 355			
Ile Asp Gly Ala Ser Ala Ser Asp Leu Asn Ala Lys Arg Ala Ala Glu			
70 75 80 85			
acc agg cgt cgc cac atc gga gtt att ttc caa aac tac aac ctg gtc 403			
Thr Arg Arg Arg His Ile Gly Val Ile Phe Gln Asn Tyr Asn Leu Val			
90 95 100			
ccc acc ctc acc gtc gga gaa aac gtc ggt ctg ccc cta gaa ctc gac 451			

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

105 110 115
ggc aaa acc gac cgc cag gca gta gca atc gca ctc gcg gaa gtc ggc 499
Gly Lys Thr Asp Arg Gln Ala Val Ala Ile Ala Leu Ala Glu Val Gly

120 125 130
ctc gaa ggc ttc gac gac cgc ttc ccc gaa gag atc tcc ggc ggc caa 547
Leu Glu Gly Phe Asp Asp Arg Phe Pro Glu Glu Ile Ser Gly Gly Gln

135 140 145
gcc cag cgc gtc gcc atc gcg aga gcc ctc atc ggc ccc cga aaa atc 595
Ala Gln Arg Val Ala Ile Ala Arg Ala Leu Ile Gly Pro Arg Lys Ile

150 155 160 165
ttg ctt gcc gac gaa ccc acc ggc gcc ctc gac acc tcc acc ggc gac 643
Leu Leu Ala Asp Glu Pro Thr Gly Ala Leu Asp Thr Ser Thr Gly Asp

170 175 180
gca gtc ctc cgc gtc ctc cgc caa aga atc gat tcc ggt gcc gca ggc 691
Ala Val Leu Arg Val Leu Arg Gln Arg Ile Asp Ser Gly Ala Ala Gly

185 190 195
ctc ctt gtc acc cac gaa ccc cgc ttc gcc gcg tgg gca gac cga aca 739
Leu Leu Val Thr His Glu Pro Arg Phe Ala Ala Trp Ala Asp Arg Thr

200 205 210
atc atg ctt agg gat ggt gaa atc cag tgaccacact tctagcagca 786
Ile Met Leu Arg Asp Gly Glu Ile Gln

215 220
acc 789

<210> 442
<211> 222
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 442
Met Thr Asn Thr Pro Phe Pro Leu Glu Leu Gln Asn Ile Ser Cys Ala
1 5 10 15
Phe Gly Glu Gly Pro Arg His Val Ser Ala Leu Asn Asn Val Ser Leu
20 25 30
Ala Val Asn Pro Gly Glu Leu Val Ala Ile Met Gly Pro Ser Gly Ser
35 40 45
Gly Lys Ser Thr Leu Leu Asn Val Ala Gly Leu Leu Gln Arg Ala Thr
50 55 60
Ser Gly His Val Leu Ile Asp Gly Ala Ser Ala Ser Asp Leu Asn Ala
65 70 75 80

Lys Arg Ala Ala Glu Thr Arg Arg Arg His Ile Gly Val Ile Phe Gln
85 90 95

Asn Tyr Asn Leu Val Pro Thr Leu Thr Val Gly Glu Asn Val Gly Leu
100 105 110

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

Leu Ala Glu Val Gly Leu Glu Gly Phe Asp Asp Arg Phe Pro Glu Glu
130 135 140

Ile Ser Gly Gly Gln Ala Gln Arg Val Ala Ile Ala Arg Ala Leu Ile
145 150 155 160

Gly Pro Arg Lys Ile Leu Leu Ala Asp Glu Pro Thr Gly Ala Leu Asp
165 170 175

Thr Ser Thr Gly Asp Ala Val Leu Arg Val Leu Arg Gln Arg Ile Asp
180 185 190

Ser Gly Ala Ala Gly Leu Leu Val Thr His Glu Pro Arg Phe Ala Ala
195 200 205

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

<210> 443

<211> 227

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(204)

<223> FRXA00092

<400> 443

atc gcg aga gcc ctc atc ggc ccc cga aaa atc ttg ctt gcc gac gaa 48
Ile Ala Arg Ala Leu Ile Gly Pro Arg Lys Ile Leu Leu Ala Asp Glu

1 5 10 15
ccc acc ggc gcc ctc gac acc tcc acc ggc gac gca gtc ctc cgc gtc 96
Pro Thr Gly Ala Leu Asp Thr Ser Thr Gly Asp Ala Val Leu Arg Val

20 25 30
ctc cgc caa aga atc gat tcc ggt gcc gca ggc ctc ctt gtc acc cac 144
Leu Arg Gln Arg Ile Asp Ser Gly Ala Ala Gly Leu Leu Val Thr His

35 40 45
gaa ccc cgc ttc gcc gcg tgg gca gac cga aca atc atg ctt agg gat 192
Glu Pro Arg Phe Ala Ala Trp Ala Asp Arg Thr Ile Met Leu Arg Asp

50 55 60
ggt gaa atc cag tgaccacact tctagcagca acc 227

Gly Glu Ile Gln

65

<210> 444

<211> 68

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 444

Ile Ala Arg Ala Leu Ile Gly Pro Arg Lys Ile Leu Leu Ala Asp Glu
1 5 10 15

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

Leu Arg Gln Arg Ile Asp Ser Gly Ala Ala Gly Leu Leu Val Thr His
35 40 45

Glu Pro Arg Phe Ala Ala Trp Ala Asp Arg Thr Ile Met Leu Arg Asp
50 55 60

Gly Glu Ile Gln

65

<210> 445

<211> 975

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(952)

<223> RXN03060

<400> 445

tatgtccttt ggctccggtta ccctggcagg agtacctggg ctgtttttct aaaatggcct 60
gacgttttca agattgaatt taaggaaagc atcgtagttc atg agt aac cct gcc 115
Met Ser Asn Pro Ala

1 5
gcg agc aca cct gcc aac aat tcg gac gat gtt gcg aag gag aat tgg 163
Ala Ser Thr Pro Ala Asn Asn Ser Asp Asp Val Ala Lys Glu Asn Trp

10 15 20
gac tct tct ttt acg ccg aag act gac att gac tct tcc cag cct gtc 211
Asp Ser Ser Phe Thr Pro Lys Thr Asp Ile Asp Ser Ser Gln Pro Val

25 30 35
aat aac tcg act ggt gaa gcc gct gcg cgc gca gtg aac ctg tac aag 259
Asn Asn Ser Thr Gly Glu Ala Ala Ala Arg Ala Val Asn Leu Tyr Lys

40

45

50

gcg tat ggc cag ggt gat acc act gtc acc gcg ttg gat cac gtc aac 307
Ala Tyr Gly Gln Gly Asp Thr Thr Val Thr Ala Leu Asp His Val Asn

55 60 65
gtg gag ttt gag aag aac aag ttc act gcc atc atg ggt cct tct ggc 355
Val Glu Phe Glu Lys Asn Lys Phe Thr Ala Ile Met Gly Pro Ser Gly

70 75 80 85
tcg ggt aag tcc acg ttg atg cac tgc atg gct ggt ctg gat gct gcg 403
Ser Gly Lys Ser Thr Leu Met His Cys Met Ala Gly Leu Asp Ala Ala

90 95 100
act ggt ggt tcg gca ttc att ggt gat acg gat ctg tcg cgg ttg aag 451
Thr Gly Gly Ser Ala Phe Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ser Arg Leu Lys

105 110 115
gac aaa gag atg acc tct ttg cgt cgt gat cgt ttg gga ttc att ttc 499
Asp Lys Glu Met Thr Ser Leu Arg Arg Asp Arg Leu Gly Phe Ile Phe

120 125 130
cag tcg ttc aac ttg gtt cct act ctg acg gcg tcg gag aac att acg 547
Gln Ser Phe Asn Leu Val Pro Thr Leu Thr Ala Ser Glu Asn Ile Thr

135 140 145
ctg cct acc gat atc gcg ggc cgc aag att gat cag tcg tgg ttc gat 595
Leu Pro Thr Asp Ile Ala Gly Arg Lys Ile Asp Gln Ser Trp Phe Asp

150 155 160 165
gag att acc tct cgt ctg ggt ctg act gag cgc ctt aag cac cgt cct 643
Glu Ile Thr Ser Arg Leu Gly Leu Thr Glu Arg Leu Lys His Arg Pro

170 175 180
gca gag ctc tct ggt ggt cag cag cag cgt gtg gcg tgt gct cgt gcg 691
Ala Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Val Ala Cys Ala Arg Ala

185 190 195
ttg gtg tct cgt ccg gag atc att ttc ggc gac gag cca acc ggt aac 739
Leu Val Ser Arg Pro Glu Ile Ile Phe Gly Asp Glu Pro Thr Gly Asn

200 205 210
ttg gat tcg aac tct tct agg gaa gtg ctg gat atc ctg cgc acc gca 787
Leu Asp Ser Asn Ser Ser Arg Glu Val Leu Asp Ile Leu Arg Thr Ala

215 220 225
gtt gat cag gat gat cag acc gtt gtg atc gtt acc cac gat gcc aag 835
Val Asp Gln Asp Asp Gln Thr Val Val Ile Val Thr His Asp Ala Lys

230 235 240 245
gcg gcg tcc tat gca gat cgt gtc att ttc ttg gcg gac ggt cgt atc 883
Ala Ala Ser Tyr Ala Asp Arg Val Ile Phe Leu Ala Asp Gly Arg Ile

250 255 260
gtg aac cag ttg ttt gat ccc acc atc gag gaa atc ttg gcc acg atg 931
Val Asn Gln Leu Phe Asp Pro Thr Ile Glu Glu Ile Leu Ala Thr Met

265 270 275

aac gga att gag gat att gcc taatgaattc cggttccaca atg 975
Asn Gly Ile Glu Asp Ile Ala

280

<210> 446

<211> 284

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 446

Met Ser Asn Pro Ala Ala Ser Thr Pro Ala Asn Asn Ser Asp Asp Val
1 5 10 15

Ala Lys Glu Asn Trp Asp Ser Ser Phe Thr Pro Lys Thr Asp Ile Asp
20 25 30

Ser Ser Gln Pro Val Asn Asn Ser Thr Gly Glu Ala Ala Ala Arg Ala
35 40 45

Val Asn Leu Tyr Lys Ala Tyr Gly Gln Gly Asp Thr Thr Val Thr Ala
50 55 60

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

Met Gly Pro Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Met His Cys Met Ala
85 90 95

Gly Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gly Ser Ala Phe Ile Gly Asp Thr Asp
100 105 110

Leu Ser Arg Leu Lys Asp Lys Glu Met Thr Ser Leu Arg Arg Asp Arg
115 120 125

Leu Gly Phe Ile Phe Gln Ser Phe Asn Leu Val Pro Thr Leu Thr Ala
130 135 140

Ser Glu Asn Ile Thr Leu Pro Thr Asp Ile Ala Gly Arg Lys Ile Asp
145 150 155 160

Gln Ser Trp Phe Asp Glu Ile Thr Ser Arg Leu Gly Leu Thr Glu Arg
165 170 175

Leu Lys His Arg Pro Ala Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Val
180 185 190

Ala Cys Ala Arg Ala Leu Val Ser Arg Pro Glu Ile Ile Phe Gly Asp
195 200 205

Glu Pro Thr Gly Asn Leu Asp Ser Asn Ser Ser Arg Glu Val Leu Asp
210 215 220

Ile Leu Arg Thr Ala Val Asp Gln Asp Asp Gln Thr Val Val Ile Val
225 230 235 240

Thr His Asp Ala Lys Ala Ala Ser Tyr Ala Asp Arg Val Ile Phe Leu
245 250 255

Ala Asp Gly Arg Ile Val Asn Gln Leu Phe Asp Pro Thr Ile Glu Glu
260 265 270

Ile Leu Ala Thr Met Asn Gly Ile Glu Asp Ile Ala
275 280

<210> 447
<211> 538
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(538)
<223> FRXA02618

<400> 447
cgaaaccaga aacaccagc ggctcctcgt cgaaaagcga atctttgaac tagaagccca 60
ggcacgttgg ctgcaccgaa ttgaagcatt ggagcagtaa atg aca aac acg cct 115
Met Thr Asn Thr Pro

1 5
ttc ccc ctt gaa ctt caa aac atc tcc tgc gcc ttc gga gaa ggc cca 163
Phe Pro Leu Glu Leu Gln Asn Ile Ser Cys Ala Phe Gly Glu Gly Pro

10 15 20
cgc cac gtc tcc gcg ctc aac aac gtc tgc ctg gca gtc aat ccc ggc 211
Arg His Val Ser Ala Leu Asn Asn Val Ser Leu Ala Val Asn Pro Gly

25 30 35
gaa ctc gtt gcc atc atg ggc ccg tcc ggc tca gga aaa tcc acc ttg 259
Glu Leu Val Ala Ile Met Gly Pro Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu

40 45 50
ctc aac gtc gcc ggc ctc ctg cag cgc gca acc tct ggc cat gtg ctt 307
Leu Asn Val Ala Gly Leu Leu Gln Arg Ala Thr Ser Gly His Val Leu

55 60 65
atc gac ggt gcc agc gcc tca gac ctc aac gcc aaa cgc gca gct gaa 355
Ile Asp Gly Ala Ser Ala Ser Asp Leu Asn Ala Lys Arg Ala Ala Glu

70 75 80 85
acc agg cgt cgc cac atc gga gtt att ttc caa aac tac aac ctg gtc 403
Thr Arg Arg Arg His Ile Gly Val Ile Phe Gln Asn Tyr Asn Leu Val

90 95 100
ccc acc ctc acc gtc gga gaa aac atc ggt ctg ccc cta gaa ctc gac 451
Pro Thr Leu Thr Val Gly Glu Asn Ile Gly Leu Pro Leu Glu Leu Asp

105 110 115
ggc aaa acc gac cgc cag gca gta gca atc gca ctc gcg gaa gtc ggc 499

Gly Lys Thr Asp Arg Gln Ala Val Ala Ile Ala Leu Ala Glu Val Gly

120 125 130
ctc aag ggc tct acg acc gct ttt ccc gag aga tct ctg 538
Leu Lys Gly Ser Thr Thr Ala Phe Pro Glu Arg Ser Leu

135 140 145

<210> 448
<211> 146
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 448
Met Thr Asn Thr Pro Phe Pro Leu Glu Leu Gln Asn Ile Ser Cys Ala
1 5 10 15

Phe Gly Glu Gly Pro Arg His Val Ser Ala Leu Asn Asn Val Ser Leu
20 25 30

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

Gly Lys Ser Thr Leu Leu Asn Val Ala Gly Leu Leu Gln Arg Ala Thr
50 55 60

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

Lys Arg Ala Ala Glu Thr Arg Arg Arg His Ile Gly Val Ile Phe Gln
85 90 95

Asn Tyr Asn Leu Val Pro Thr Leu Thr Val Gly Glu Asn Ile Gly Leu
100 105 110

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

Leu Ala Glu Val Gly Leu Lys Gly Ser Thr Thr Ala Phe Pro Glu Arg
130 135 140

Ser Leu
145

<210> 449
<211> 975
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(952)
<223> FRXA02900

<400> 449

tatgtccttt ggctccgta ccctggcagg agtacctggg ctgttttctt aaaatggcct 60
gacgttttca agattgaatt taaggaaagc atcgtagtac atg agt aac cct gcc 115
Met Ser Asn Pro Ala

1 5
gcg agc aca cct gcc aac aat tcg gac gat gtt gcg aag gag aat tgg 163
Ala Ser Thr Pro Ala Asn Asn Ser Asp Asp Val Ala Lys Glu Asn Trp

10 15 20
gac tct tct ttt acg ccg aag act gac att gac tct tcc cag cct gtc 211
Asp Ser Ser Phe Thr Pro Lys Thr Asp Ile Asp Ser Ser Gln Pro Val

25 30 35
aat aac tcg act ggt gaa gcc gct gcg cgc gca gtg aac ctg tac aag 259
Asn Asn Ser Thr Gly Glu Ala Ala Ala Arg Ala Val Asn Leu Tyr Lys

40 45 50
gcg tat ggc cag ggt gat acc act gtc acc gcg ttg gat cac gtc aac 307
Ala Tyr Gly Gln Gly Asp Thr Thr Val Thr Ala Leu Asp His Val Asn

55 60 65
gtg gag ttt gag aag aac aag ttc act gcc atc atg ggt cct tct ggc 355
Val Glu Phe Glu Lys Asn Lys Phe Thr Ala Ile Met Gly Pro Ser Gly

70 75 80 85
tcg ggt aag tcc acg ttg atg cac tgc atg gct ggt ctg gat gct gcg 403
Ser Gly Lys Ser Thr Leu Met His Cys Met Ala Gly Leu Asp Ala Ala

90 95 100
act ggt ggt tcg gca ttc att ggt gat acg gat ctg tcg cgg ttg aag 451
Thr Gly Gly Ser Ala Phe Ile Gly Asp Thr Asp Leu Ser Arg Leu Lys

105 110 115
gac aaa gag atg acc tct ttg cgt cgt gat cgt ttg gga ttc att ttc 499
Asp Lys Glu Met Thr Ser Leu Arg Arg Asp Arg Leu Gly Phe Ile Phe

120 125 130
cag tcg ttc aac ttg gtt cct act ctg acg gcg tcg gag aac att acg 547
Gln Ser Phe Asn Leu Val Pro Thr Leu Thr Ala Ser Glu Asn Ile Thr

135 140 145
ctg cct acc gat atc gcg ggc cgc aag att gat cag tcg tgg ttc gat 595
Leu Pro Thr Asp Ile Ala Gly Arg Lys Ile Asp Gln Ser Trp Phe Asp

150 155 160 165
gag att acc tct cgt ctg ggt ctg act gag cgc ctt aag cac cgt cct 643
Glu Ile Thr Ser Arg Leu Gly Leu Thr Glu Arg Leu Lys His Arg Pro

170 175 180
gca gag ctc tct ggt ggt cag cag cag cgt gtg gcg tgt gct cgt gcg 691
Ala Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Val Ala Cys Ala Arg Ala

185 190 195

ttg gtg tct cgt ccg gag atc att ttc ggc gac gag cca acc ggt aac 739
Leu Val Ser Arg Pro Glu Ile Ile Phe Gly Asp Glu Pro Thr Gly Asn

200 205 210
ttg gat tcg aac tct tct agg gaa gtg ctg gat atc ctg cgc acc gca 787
Leu Asp Ser Asn Ser Ser Arg Glu Val Leu Asp Ile Leu Arg Thr Ala

215 220 225
gtt gat cag gat gat cag acc gtt gtg atc gtt acc cac gat gcc aag 835
Val Asp Gln Asp Asp Gln Thr Val Val Ile Val Thr His Asp Ala Lys

230 235 240 245
gcg gcg tcc tat gca gat cgt gtc att ttc ttg gcg gac ggt cgt atc 883
Ala Ala Ser Tyr Ala Asp Arg Val Ile Phe Leu Ala Asp Gly Arg Ile

250 255 260
gtg aac cag ttg ttt gat ccc acc atc gag gaa atc ttg gcc acg atg 931
Val Asn Gln Leu Phe Asp Pro Thr Ile Glu Glu Ile Leu Ala Thr Met

265 270 275
aac gga att gag gat att gcc taatgaattc cgggtccaca atg 975
Asn Gly Ile Glu Asp Ile Ala

280

<210> 450

<211> 284

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 450

Met Ser Asn Pro Ala Ala Ser Thr Pro Ala Asn Asn Ser Asp Asp Val
1 5 10 15

Ala Lys Glu Asn Trp Asp Ser Ser Phe Thr Pro Lys Thr Asp Ile Asp
20 25 30

Ser Ser Gln Pro Val Asn Asn Ser Thr Gly Glu Ala Ala Ala Arg Ala
35 40 45

Val Asn Leu Tyr Lys Ala Tyr Gly Gln Gly Asp Thr Thr Val Thr Ala
50 55 60

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

Met Gly Pro Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Met His Cys Met Ala
85 90 95

Gly Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gly Ser Ala Phe Ile Gly Asp Thr Asp
100 105 110

Leu Ser Arg Leu Lys Asp Lys Glu Met Thr Ser Leu Arg Arg Asp Arg
115 120 125

Leu Gly Phe Ile Phe Gln Ser Phe Asn Leu Val Pro Thr Leu Thr Ala
130 135 140

Ser Glu Asn Ile Thr Leu Pro Thr Asp Ile Ala Gly Arg Lys Ile Asp
145 150 155 160

Gln Ser Trp Phe Asp Glu Ile Thr Ser Arg Leu Gly Leu Thr Glu Arg
165 170 175

Leu Lys His Arg Pro Ala Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Val
180 185 190

Ala Cys Ala Arg Ala Leu Val Ser Arg Pro Glu Ile Ile Phe Gly Asp
195 200 205

Glu Pro Thr Gly Asn Leu Asp Ser Asn Ser Ser Arg Glu Val Leu Asp
210 215 220

Ile Leu Arg Thr Ala Val Asp Gln Asp Asp Gln Thr Val Val Ile Val
225 230 235 240

Thr His Asp Ala Lys Ala Ala Ser Tyr Ala Asp Arg Val Ile Phe Leu
245 250 255

Ala Asp Gly Arg Ile Val Asn Gln Leu Phe Asp Pro Thr Ile Glu Glu
260 265 270

Ile Leu Ala Thr Met Asn Gly Ile Glu Asp Ile Ala
275 280

<210> 451
<211> 1452
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1452)
<223> RXS03212

<400> 451
gcc tca ctt aac tgg tca gtc atc gtt cca gcc cta gtc att gtc cta 48
Ala Ser Leu Asn Trp Ser Val Ile Val Pro Ala Leu Val Ile Val Leu

1 5 10 15
gcg aca gtg gtg tgg ggt atc gga ttc aaa gat agc ttt acc aac ttt 96
Ala Thr Val Val Trp Gly Ile Gly Phe Lys Asp Ser Phe Thr Asn Phe

20 25 30
gct agt tct gcg ttg tca gca gta gtt gac aat ctc ggc tgg gcc ttc 144
Ala Ser Ser Ala Leu Ser Ala Val Val Asp Asn Leu Gly Trp Ala Phe

35 40 45
att ttg ttt ggc aca gtc ttt gta ttt ttt atc gtt gtt atc gcc gct 192

Ile Leu Phe Gly Thr Val Phe Val Phe Phe Ile Val Val Ile Ala Ala

50 55 60
 agt aaa ttc ggc acg att cgc tta ggc cgc att gat gaa gca cca gag 240
 Ser Lys Phe Gly Thr Ile Arg Leu Gly Arg Ile Asp Glu Ala Pro Glu

65 70 75 80
 ttt cgc acg gtg tca tgg att tcc atg atg ttt gct gca ggt atg ggt 288
 Phe Arg Thr Val Ser Trp Ile Ser Met Met Phe Ala Ala Gly Met Gly

85 90 95
 att ggt ttg atg ttc tac gga acc aca gaa cct tta acc ttc tac cgc 336
 Ile Gly Leu Met Phe Tyr Gly Thr Thr Glu Pro Leu Thr Phe Tyr Arg

100 105 110
 aat ggt gta cct gga cat gat gaa cac aat gtt ggc gtt gct atg tcc 384
 Asn Gly Val Pro Gly His Asp Glu His Asn Val Gly Val Ala Met Ser

115 120 125
 acg aca atg ttc cac tgg acc ttg cat cca tgg gct atc tac gca att 432
 Thr Thr Met Phe His Trp Thr Leu His Pro Trp Ala Ile Tyr Ala Ile

130 135 140
 gtg ggc cta gcc att gcc tat tcg acc ttc cga gtg ggc cgt aaa cag 480
 Val Gly Leu Ala Ile Ala Tyr Ser Thr Phe Arg Val Gly Arg Lys Gln

145 150 155 160
 ctt cta agc tct gca ttc gtg cca ctc att ggt gaa aaa ggt gca gaa 528
 Leu Leu Ser Ser Ala Phe Val Pro Leu Ile Gly Glu Lys Gly Ala Glu

165 170 175
 gga tgg ttg ggc aag ctc atc gac atc ctg gcg att atc gcc acc gta 576
 Gly Trp Leu Gly Lys Leu Ile Asp Ile Leu Ala Ile Ile Ala Thr Val

180 185 190
 ttc ggc acg gca tgt tcc ctt ggc ctt ggt gcc ctg cag att ggt gca 624
 Phe Gly Thr Ala Cys Ser Leu Gly Leu Gly Ala Leu Gln Ile Gly Ala

195 200 205
 ggc ctg tcc gca gca aac atc att gaa gat cca agc gat tgg acc atc 672
 Gly Leu Ser Ala Ala Asn Ile Ile Glu Asp Pro Ser Asp Trp Thr Ile

210 215 220
 gtt ggc att gtt tct gtt ttg acc ctg gca ttt atc ttc tcc gct att 720
 Val Gly Ile Val Ser Val Leu Thr Leu Ala Phe Ile Phe Ser Ala Ile

225 230 235 240
 tct ggt gtg ggc aag gga atc cag tac ctc tcc aac gcc aac atg gtt 768
 Ser Gly Val Gly Lys Gly Ile Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Asn Met Val

245 250 255
 ctg gca gct ctg ctc gcg att ttc gtg ttc gtt gtc gga cca acc gtg 816
 Leu Ala Ala Leu Leu Ala Ile Phe Val Phe Val Val Gly Pro Thr Val

260 265 270
 tcg att ttg aac ctg ctg cca ggt tct att ggc aac tac ctg tcc aac 864

Ser Ile Leu Asn Leu Leu Pro Gly Ser Ile Gly Asn Tyr Leu Ser Asn

275 280 285
 ttc ttt caa atg gca ggc cgc act gcc atg agt gcc gac ggc aca gca 912
 Phe Phe Gln Met Ala Gly Arg Thr Ala Met Ser Ala Asp Gly Thr Ala

290 295 300
 ggt gag tgg cta ggt agc tgg acc atc ttc tac tgg gca tgg tgg atc 960
 Gly Glu Trp Leu Gly Ser Trp Thr Ile Phe Tyr Trp Ala Trp Trp Ile

305 310 315 320
 tct tgg tca cca ttc gta gga atg ttc ttg gca cgt att tcc cgt ggc 1008
 Ser Trp Ser Pro Phe Val Gly Met Phe Leu Ala Arg Ile Ser Arg Gly

325 330 335
 cgc tcc atc cgt gag ttc atc ctg ggc gtg ttg ctc gtc cca gca ggt 1056
 Arg Ser Ile Arg Glu Phe Ile Leu Gly Val Leu Leu Val Pro Ala Gly

340 345 350
 gtg tcc acc gta tgg ttc tcc att ttt ggt ggc act gcg att gtc ttc 1104
 Val Ser Thr Val Trp Phe Ser Ile Phe Gly Gly Thr Ala Ile Val Phe

355 360 365
 gaa caa aat ggg gaa tcc att tgg ggt gat ggt gca gca gaa gag cag 1152
 Glu Gln Asn Gly Glu Ser Ile Trp Gly Asp Gly Ala Ala Glu Glu Gln

370 375 380
 ctt ttt gga ttg ctt cat gca ctt cca ggt ggg caa atc atg ggc atc 1200
 Leu Phe Gly Leu Leu His Ala Leu Pro Gly Gly Gln Ile Met Gly Ile

385 390 395 400
 atc gcc atg att ttg ctg ggt act ttc ttc att acc tct gct gac tct 1248
 Ile Ala Met Ile Leu Leu Gly Thr Phe Phe Ile Thr Ser Ala Asp Ser

405 410 415
 gct tcc acc gtc atg ggc acc atg agt cag cac ggc cag ctg gaa gcc 1296
 Ala Ser Thr Val Met Gly Thr Met Ser Gln His Gly Gln Leu Glu Ala

420 425 430
 aac aag tgg gtg aca gct gcc tgg ggt gtt gct acc gca gct att gga 1344
 Asn Lys Trp Val Thr Ala Ala Trp Gly Val Ala Thr Ala Ala Ile Gly

435 440 445
 cta acg cta ttg ctt tct ggt ggt gac aat gcc ttg agc aac ttg caa 1392
 Leu Thr Leu Leu Leu Ser Gly Gly Asp Asn Ala Leu Ser Asn Leu Gln

450 455 460
 aac gtc acc atc gtg gct gca aca cca ttc ttg ttt gtg gtt att gga 1440
 Asn Val Thr Ile Val Ala Ala Thr Pro Phe Leu Phe Val Val Ile Gly

465 470 475 480
 ttg atg ttt gcg 1452
 Leu Met Phe Ala

<210> 452

<211> 484

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 452

Ala Ser Leu Asn Trp Ser Val Ile Val Pro Ala Leu Val Ile Val Leu
1 5 10 15

Ala Thr Val Val Trp Gly Ile Gly Phe Lys Asp Ser Phe Thr Asn Phe
20 25 30

Ala Ser Ser Ala Leu Ser Ala Val Val Asp Asn Leu Gly Trp Ala Phe
35 40 45

Ile Leu Phe Gly Thr Val Phe Val Phe Phe Ile Val Val Ile Ala Ala
50 55 60

Ser Lys Phe Gly Thr Ile Arg Leu Gly Arg Ile Asp Glu Ala Pro Glu
65 70 75 80

Phe Arg Thr Val Ser Trp Ile Ser Met Met Phe Ala Ala Gly Met Gly
85 90 95

Ile Gly Leu Met Phe Tyr Gly Thr Thr Glu Pro Leu Thr Phe Tyr Arg
100 105 110

Asn Gly Val Pro Gly His Asp Glu His Asn Val Gly Val Ala Met Ser
115 120 125

Thr Thr Met Phe His Trp Thr Leu His Pro Trp Ala Ile Tyr Ala Ile
130 135 140

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

Leu Leu Ser Ser Ala Phe Val Pro Leu Ile Gly Glu Lys Gly Ala Glu
165 170 175

Gly Trp Leu Gly Lys Leu Ile Asp Ile Leu Ala Ile Ile Ala Thr Val
180 185 190

Phe Gly Thr Ala Cys Ser Leu Gly Leu Gly Ala Leu Gln Ile Gly Ala
195 200 205

Gly Leu Ser Ala Ala Asn Ile Ile Glu Asp Pro Ser Asp Trp Thr Ile
210 215 220

Val Gly Ile Val Ser Val Leu Thr Leu Ala Phe Ile Phe Ser Ala Ile
225 230 235 240

Ser Gly Val Gly Lys Gly Ile Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Asn Met Val
245 250 255

Leu Ala Ala Leu Leu Ala Ile Phe Val Phe Val Val Gly Pro Thr Val

260 265 270
 Ser Ile Leu Asn Leu Leu Pro Gly Ser Ile Gly Asn Tyr Leu Ser Asn
 275 280 285
 Phe Phe Gln Met Ala Gly Arg Thr Ala Met Ser Ala Asp Gly Thr Ala
 290 295 300
 Gly Glu Trp Leu Gly Ser Trp Thr Ile Phe Tyr Trp Ala Trp Trp Ile
 305 310 315 320
 Ser Trp Ser Pro Phe Val Gly Met Phe Leu Ala Arg Ile Ser Arg Gly
 325 330 335
 Arg Ser Ile Arg Glu Phe Ile Leu Gly Val Leu Leu Val Pro Ala Gly
 340 345 350
 Val Ser Thr Val Trp Phe Ser Ile Phe Gly Gly Thr Ala Ile Val Phe
 355 360 365
 Glu Gln Asn Gly Glu Ser Ile Trp Gly Asp Gly Ala Ala Glu Glu Gln
 370 375 380
 Leu Phe Gly Leu Leu His Ala Leu Pro Gly Gly Gln Ile Met Gly Ile
 385 390 395 400
 Ile Ala Met Ile Leu Leu Gly Thr Phe Phe Ile Thr Ser Ala Asp Ser
 405 410 415
 Ala Ser Thr Val Met Gly Thr Met Ser Gln His Gly Gln Leu Glu Ala
 420 425 430
 Asn Lys Trp Val Thr Ala Ala Trp Gly Val Ala Thr Ala Ala Ile Gly
 435 440 445
 Leu Thr Leu Leu Leu Ser Gly Gly Asp Asn Ala Leu Ser Asn Leu Gln
 450 455 460
 Asn Val Thr Ile Val Ala Ala Thr Pro Phe Leu Phe Val Val Ile Gly
 465 470 475 480
 Leu Met Phe Ala

<210> 453

<211> 945

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(945)

<223> FRXA01591

<400> 453

gcc tca ctt aac tgg tca gtc atc gtt cca gcc cta gtc att gtc cta 48

Ala Ser Leu Asn Trp Ser Val Ile Val Pro Ala Leu Val Ile Val Leu

1 5 10 15
gcg aca gtg gtg tgg ggt atc gga ttc aaa gat agc ttt acc acc ttt 96
Ala Thr Val Val Trp Gly Ile Gly Phe Lys Asp Ser Phe Thr Thr Phe

20 25 30
gct agt tct gcg ttg tca gca gta gtt gac aat ctc ggc tgg gcc ttc 144
Ala Ser Ser Ala Leu Ser Ala Val Val Asp Asn Leu Gly Trp Ala Phe

35 40 45
att ttg ttt ggc aca gtc ttt gta ttt ttt atc gtt gtt atc gcc gct 192
Ile Leu Phe Gly Thr Val Phe Val Phe Phe Ile Val Val Ile Ala Ala

50 55 60
agt aaa ttc ggc acg att cgc tta ggc cgc att gat gaa gca cca gag 240
Ser Lys Phe Gly Thr Ile Arg Leu Gly Arg Ile Asp Glu Ala Pro Glu

65 70 75 80
ttt cgc acg gtg tca tgg att tcc atg atg ttt gct gca ggt atg ggt 288
Phe Arg Thr Val Ser Trp Ile Ser Met Met Phe Ala Ala Gly Met Gly

85 90 95
att ggt ttg atg ttc tac gga acc aca gaa cct tta acc ttc tac cgc 336
Ile Gly Leu Met Phe Tyr Gly Thr Thr Glu Pro Leu Thr Phe Tyr Arg

100 105 110
aat ggt gta cct gga cat gat gaa cac aat gtt ggc gtt gct atg tcc 384
Asn Gly Val Pro Gly His Asp Glu His Asn Val Gly Val Ala Met Ser

115 120 125
acg aca atg ttc cac tgg acc ttg cat cca tgg gct atc tac gca att 432
Thr Thr Met Phe His Trp Thr Leu His Pro Trp Ala Ile Tyr Ala Ile

130 135 140
gtg ggc cta gcc att gcc tat tcg acc ttc cga gtg ggc cgt aaa cag 480
Val Gly Leu Ala Ile Ala Tyr Ser Thr Phe Arg Val Gly Arg Lys Gln

145 150 155 160
ctt cta agc tct gca ttc gtg cca ctc att ggt gaa aaa ggt gca gaa 528
Leu Leu Ser Ser Ala Phe Val Pro Leu Ile Gly Glu Lys Gly Ala Glu

165 170 175
gga tgg ttg ggc aag ctc atc gac atc ctg gcg att atc gcc acc gta 576
Gly Trp Leu Gly Lys Leu Ile Asp Ile Leu Ala Ile Ile Ala Thr Val

180 185 190
ttc ggc acg gca tgt tcc ctt ggc ctt ggt gcc ctg cag att ggt gca 624
Phe Gly Thr Ala Cys Ser Leu Gly Leu Gly Ala Leu Gln Ile Gly Ala

195 200 205
ggc ctg tcc gca gca aac atc att gaa gat cca agc gat tgg acc atc 672
Gly Leu Ser Ala Ala Asn Ile Ile Glu Asp Pro Ser Asp Trp Thr Ile

210 215 220

gtt ggc att gtt tct gtt ttg acc ctg gca ttt atc ttc tcc gct att 720
Val Gly Ile Val Ser Val Leu Thr Leu Ala Phe Ile Phe Ser Ala Ile

225 230 235 240
tct ggt gtg ggc aag gga atc cag tac ctc tcc aac gcc aac atg gtt 768
Ser Gly Val Gly Lys Gly Ile Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Asn Met Val

245 250 255
ctg gca gct ctg ctc gcg att ttc gtg ttc gtt gtc gga cca acc gtg 816
Leu Ala Ala Leu Leu Ala Ile Phe Val Phe Val Val Gly Pro Thr Val

260 265 270
tcg att ttg aac ctg ctg cca ggt tct att gtg aac tac ctg tcc aac 864
Ser Ile Leu Asn Leu Leu Pro Gly Ser Ile Val Asn Tyr Leu Ser Asn

275 280 285
ttc ttt caa atg gta ggc cgc act gcc atg agt gcc gac ggc aca cca 912
Phe Phe Gln Met Val Gly Arg Thr Ala Met Ser Ala Asp Gly Thr Pro

290 295 300
ggt gag tgg ctt ggt ggc tgc acc atc ttc tac 945
Gly Glu Trp Leu Gly Gly Cys Thr Ile Phe Tyr

305 310 315

<210> 454
<211> 315
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 454
Ala Ser Leu Asn Trp Ser Val Ile Val Pro Ala Leu Val Ile Val Leu
1 5 10 15
Ala Thr Val Val Trp Gly Ile Gly Phe Lys Asp Ser Phe Thr Thr Phe
20 25 30
Ala Ser Ser Ala Leu Ser Ala Val Val Asp Asn Leu Gly Trp Ala Phe
35 40 45
Ile Leu Phe Gly Thr Val Phe Val Phe Phe Ile Val Val Ile Ala Ala
50 55 60
Ser Lys Phe Gly Thr Ile Arg Leu Gly Arg Ile Asp Glu Ala Pro Glu
65 70 75 80
Phe Arg Thr Val Ser Trp Ile Ser Met Met Phe Ala Ala Gly Met Gly
85 90 95
Ile Gly Leu Met Phe Tyr Gly Thr Thr Glu Pro Leu Thr Phe Tyr Arg
100 105 110
Asn Gly Val Pro Gly His Asp Glu His Asn Val Gly Val Ala Met Ser
115 120 125
Thr Thr Met Phe His Trp Thr Leu His Pro Trp Ala Ile Tyr Ala Ile

130 135 140

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

Leu Leu Ser Ser Ala Phe Val Pro Leu Ile Gly Glu Lys Gly Ala Glu
165 170 175

Gly Trp Leu Gly Lys Leu Ile Asp Ile Leu Ala Ile Ile Ala Thr Val
180 185 190

Phe Gly Thr Ala Cys Ser Leu Gly Leu Gly Ala Leu Gln Ile Gly Ala
195 200 205

Gly Leu Ser Ala Ala Asn Ile Ile Glu Asp Pro Ser Asp Trp Thr Ile
210 215 220

Val Gly Ile Val Ser Val Leu Thr Leu Ala Phe Ile Phe Ser Ala Ile
225 230 235 240

Ser Gly Val Gly Lys Gly Ile Gln Tyr Leu Ser Asn Ala Asn Met Val
245 250 255

Leu Ala Ala Leu Leu Ala Ile Phe Val Phe Val Val Gly Pro Thr Val
260 265 270

Ser Ile Leu Asn Leu Leu Pro Gly Ser Ile Val Asn Tyr Leu Ser Asn
275 280 285

Phe Phe Gln Met Val Gly Arg Thr Ala Met Ser Ala Asp Gly Thr Pro
290 295 300

Gly Glu Trp Leu Gly Gly Cys Thr Ile Phe Tyr
305 310 315

<210> 455
<211> 292
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(292)
<223> RXN00201

<400> 455
acgtcgcgga cttcaagtag tcggcgatga aaaagtcggt ttactaaacc ccgatctgtg 60
ttacgccatc gcgcggctcg ggcacaccga tacctgggca gtg gca gat tgc gga 115
Val Ala Asp Cys Gly

1 5
tta ccc atc cca gaa cac gta gag atc atc gat ttg gca ctc gtg ttt 163
Leu Pro Ile Pro Glu His Val Glu Ile Ile Asp Leu Ala Leu Val Phe

10 15 20
ggg atc ccc acc ttt gaa caa gta ctg aat gct ctc aag ccg gaa gta 211

Gly Ile Pro Thr Phe Glu Gln Val Leu Asn Ala Leu Lys Pro Glu Val

25 30 35
gtt gtg gaa ggc gcg gtg att gcc gaa ggg gca ccc caa cgt atc cgc 259
Val Val Glu Gly Ala Val Ile Ala Glu Gly Ala Pro Gln Arg Ile Arg

40 45 50
gaa atg gtg gat acg gat gtg gaa gta tgt gcg 292
Glu Met Val Asp Thr Asp Val Glu Val Cys Ala

55 60

<210> 456

<211> 64

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 456

Val Ala Asp Cys Gly Leu Pro Ile Pro Glu His Val Glu Ile Ile Asp
1 5 10 15

Leu Ala Leu Val Phe Gly Ile Pro Thr Phe Glu Gln Val Leu Asn Ala
20 25 30

Leu Lys Pro Glu Val Val Val Glu Gly Ala Val Ile Ala Glu Gly Ala
35 40 45

Pro Gln Arg Ile Arg Glu Met Val Asp Thr Asp Val Glu Val Cys Ala
50 55 60

<210> 457

<211> 286

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(286)

<223> FRXA00201

<400> 457

acgtcgcgga cttcaagtag tcggcgatga aaaagtcggt ttactaaacc ccgatctgtg 60
ttacgccatc gcgcggctcg ggcacaccga tacctgggca gtg gca gat tgc gga 115
Val Ala Asp Cys Gly

1 5
tta ccc atc cca gaa cac gta gag atc atc gat ttg gca ctc gtg ttt 163
Leu Pro Ile Pro Glu His Val Glu Ile Ile Asp Leu Ala Leu Val Phe

10 15 20
ggg atc ccc acc ttt gaa caa gta ctg aat gct ctc aag ccg gaa gta 211

Gly Ile Pro Thr Phe Glu Gln Val Leu Asn Ala Leu Lys Pro Glu Val

25 30 35
gtt gtg gaa ggc gcg gtg att gcc gaa ggg gca ccc caa cgt atc cgc 259
Val Val Glu Gly Ala Val Ile Ala Glu Gly Ala Pro Gln Arg Ile Arg

40 45 50
gaa atg gtg gat acg gat gtg gaa gtt 286
Glu Met Val Asp Thr Asp Val Glu Val

55 60

<210> 458
<211> 62
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 458
Val Ala Asp Cys Gly Leu Pro Ile Pro Glu His Val Glu Ile Ile Asp
1 5 10 15

Leu Ala Leu Val Phe Gly Ile Pro Thr Phe Glu Gln Val Leu Asn Ala
20 25 30

Leu Lys Pro Glu Val Val Val Glu Gly Ala Val Ile Ala Glu Gly Ala
35 40 45

Pro Gln Arg Ile Arg Glu Met Val Asp Thr Asp Val Glu Val
50 55 60

<210> 459
<211> 849
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(826)
<223> RXA01221

<400> 459
tccagggtgc gatcctggtt ctctgatcg tgttgctgcc gggcggaatt gcttcaatta 60
aactttccgc gtcacaaaat aaggccagga aggccacctc atg agc ctt aaa atc 115
Met Ser Leu Lys Ile

1 5
acc aac ctc aaa gtc gct ttc ggg tcg ttc atc gcc gtg aat gag att 163
Thr Asn Leu Lys Val Ala Phe Gly Ser Phe Ile Ala Val Asn Glu Ile

10 15 20
agt ttt cag gtg ctg ccc ggt cac gtc cac ttc ctc atc ggt gcc aac 211

Ser Phe Gln Val Leu Pro Gly His Val His Phe Leu Ile Gly Ala Asn

25 30 35
 ggt gca ggt aaa acc acc tgc att gac gcg atc agc gga ttg gcg ccg 259
 Gly Ala Gly Lys Thr Thr Cys Ile Asp Ala Ile Ser Gly Leu Ala Pro

40 45 50
 ggg cag gga tca gtg cag ttg gat ggc act gag att ctg gga acc cct 307
 Gly Gln Gly Ser Val Gln Leu Asp Gly Thr Glu Ile Leu Gly Thr Pro

55 60 65
 gtg cac cgc att gct cgg atg ggt gtg ggg cga acg ttt cag acc gcc 355
 Val His Arg Ile Ala Arg Met Gly Val Gly Arg Thr Phe Gln Thr Ala

70 75 80 85
 agc gtg ttt gaa gaa ttg tct gtg ttg cag aat ctg gat att gcg tgc 403
 Ser Val Phe Glu Glu Leu Ser Val Leu Gln Asn Leu Asp Ile Ala Cys

90 95 100
 ggg att cat cgt ccg ttg cgg gcg ctt ctc ggg gtg cgt cat cgg att 451
 Gly Ile His Arg Pro Leu Arg Ala Leu Leu Gly Val Arg His Arg Ile

105 110 115
 gat ccc cga att gaa cac gcc ctg gag gtc acg ggt ctt gct gat ctg 499
 Asp Pro Arg Ile Glu His Ala Leu Glu Val Thr Gly Leu Ala Asp Leu

120 125 130
 gtg aat gct cag gcg gga acc ttg tcg cat ggg cag aaa cag tgg ctg 547
 Val Asn Ala Gln Ala Gly Thr Leu Ser His Gly Gln Lys Gln Trp Leu

135 140 145
 gaa att gca atg ttg ctg gtg cag gat gcg cag gtg ctc atg ctg gat 595
 Glu Ile Ala Met Leu Leu Val Gln Asp Ala Gln Val Leu Met Leu Asp

150 155 160 165
 gag ccg gtg gcg ggc atg agt gag gag gag cgt gtc gca acg ggt gag 643
 Glu Pro Val Ala Gly Met Ser Glu Glu Glu Arg Val Ala Thr Gly Glu

170 175 180
 ctt ttg cag agg gtt gcg cgg gga cgg gtg gtg ttg gtg gtg gag cac 691
 Leu Leu Gln Arg Val Ala Arg Gly Arg Val Val Leu Val Val Glu His

185 190 195
 gat atg gag ttc atg cgt cgt ttt gcc act cgc gtc act gtg atg aat 739
 Asp Met Glu Phe Met Arg Arg Phe Ala Thr Arg Val Thr Val Met Asn

200 205 210
 cgc ggc acg atc ttg tgt gag ggg tcg gtc gat gag att cag gcg aat 787
 Arg Gly Thr Ile Leu Cys Glu Gly Ser Val Asp Glu Ile Gln Ala Asn

215 220 225
 ccg gat gtg cag tcc att tat tta ggt acg gca ggg aag tgagttagtc 836
 Pro Asp Val Gln Ser Ile Tyr Leu Gly Thr Ala Gly Lys

230 235 240

atgttggaat tca

849

<210> 460

<211> 242

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 460

Met Ser Leu Lys Ile Thr Asn Leu Lys Val Ala Phe Gly Ser Phe Ile
1 5 10 15

Ala Val Asn Glu Ile Ser Phe Gln Val Leu Pro Gly His Val His Phe
20 25 30

Leu Ile Gly Ala Asn Gly Ala Gly Lys Thr Thr Cys Ile Asp Ala Ile
35 40 45

Ser Gly Leu Ala Pro Gly Gln Gly Ser Val Gln Leu Asp Gly Thr Glu
50 55 60

Ile Leu Gly Thr Pro Val His Arg Ile Ala Arg Met Gly Val Gly Arg
65 70 75 80

Thr Phe Gln Thr Ala Ser Val Phe Glu Glu Leu Ser Val Leu Gln Asn
85 90 95

Leu Asp Ile Ala Cys Gly Ile His Arg Pro Leu Arg Ala Leu Leu Gly
100 105 110

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

Gly Leu Ala Asp Leu Val Asn Ala Gln Ala Gly Thr Leu Ser His Gly
130 135 140

Gln Lys Gln Trp Leu Glu Ile Ala Met Leu Leu Val Gln Asp Ala Gln
145 150 155 160

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

Val Ala Thr Gly Glu Leu Leu Gln Arg Val Ala Arg Gly Arg Val Val
180 185 190

Leu Val Val Glu His Asp Met Glu Phe Met Arg Arg Phe Ala Thr Arg
195 200 205

Val Thr Val Met Asn Arg Gly Thr Ile Leu Cys Glu Gly Ser Val Asp
210 215 220

Glu Ile Gln Ala Asn Pro Asp Val Gln Ser Ile Tyr Leu Gly Thr Ala
225 230 235 240

Gly Lys

<210> 461

<211> 822
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(799)
 <223> RXA01222

<400> 461
 aatcgcgca cgatcttggtg tgaggggtcg gtcgatgaga ttcaggcgaa tccggatgtg 60
 cagtccattt atttaggtac ggcaggggaag tgagttagtc atg ttg gaa atc act 115
 Met Leu Glu Ile Thr

1 5
 aat ttg tgt gca ggt tat ggc cgc acg cag gta ctt cat tct ctt tca 163
 Asn Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Arg Thr Gln Val Leu His Ser Leu Ser

10 15 20
 atc tcc acg agc agc aac ggc atc ctg tgc atc ctc ggc cac aat ggc 211
 Ile Ser Thr Ser Ser Asn Gly Ile Leu Ser Ile Leu Gly His Asn Gly

25 30 35
 gct ggt aaa tcc acc ttg ctg cga acc gcg gtg ggg ttg att aag ccg 259
 Ala Gly Lys Ser Thr Leu Leu Arg Thr Ala Val Gly Leu Ile Lys Pro

40 45 50
 act tcc gga gag gtc aaa ctt ttc ggc cag gat gtc acc tgc ttg tcc 307
 Thr Ser Gly Glu Val Lys Leu Phe Gly Gln Asp Val Thr Ser Leu Ser

55 60 65
 acg cat gag cga gta aag cgc gga atg gct tat gtg ccg cag ggc cag 355
 Thr His Glu Arg Val Lys Arg Gly Met Ala Tyr Val Pro Gln Gly Gln

70 75 80 85
 cag tct ttt acg cag ctt agt tgc atg gaa aat ttg cag gtg gta gcg 403
 Gln Ser Phe Thr Gln Leu Ser Cys Met Glu Asn Leu Gln Val Val Ala

90 95 100
 gat ctg cag gga cgt gtg ggc aag gca cgc atc gcg gag gcg ctt gat 451
 Asp Leu Gln Gly Arg Val Gly Lys Ala Arg Ile Ala Glu Ala Leu Asp

105 110 115
 cgc ttt ccg gcg ctg acc cag gtg ctg gac cgc caa gcc ggc ctg ttg 499
 Arg Phe Pro Ala Leu Thr Gln Val Leu Asp Arg Gln Ala Gly Leu Leu

120 125 130
 tgc ggt ggt cag cgt cag cag ctt gcc atc gcc cgc gcg ctg atc acg 547
 Ser Gly Gly Gln Arg Gln Gln Leu Ala Ile Ala Arg Ala Leu Ile Thr

135 140 145
 gcg cca aag ctt ttg ctt ctc gac gaa ccc acc gag ggt att cag cct 595
 Ala Pro Lys Leu Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr Glu Gly Ile Gln Pro

150 155 160 165
tcg gtg gtt gct gaa att cag cag acc atc atc gat ttg gct aag gac 643
Ser Val Val Ala Glu Ile Gln Gln Thr Ile Ile Asp Leu Ala Lys Asp

 170 175 180
ggc atg agc att gtc ctg gtg gag caa aac att ggt ttt gca ttg gat 691
Gly Met Ser Ile Val Leu Val Glu Gln Asn Ile Gly Phe Ala Leu Asp

 185 190 195
gct gca aca agc tac gcc att gtg gcg cgt ggt cag gtc gtg gaa tcg 739
Ala Ala Thr Ser Tyr Ala Ile Val Ala Arg Gly Gln Val Val Glu Ser

 200 205 210
gga caa ggc gct gaa acc acc gca gag aag cag act aaa gtg cgg gaa 787
Gly Gln Gly Ala Glu Thr Thr Ala Glu Lys Gln Thr Lys Val Arg Glu

 215 220 225
tct cta gca atc tagcggctgt ggatagcgtt ttg 822
Ser Leu Ala Ile

230

<210> 462

<211> 233

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 462

Met Leu Glu Ile Thr Asn Leu Cys Ala Gly Tyr Gly Arg Thr Gln Val
1 5 10 15

Leu His Ser Leu Ser Ile Ser Thr Ser Ser Asn Gly Ile Leu Ser Ile
20 25 30

Leu Gly His Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Leu Arg Thr Ala Val
35 40 45

Gly Leu Ile Lys Pro Thr Ser Gly Glu Val Lys Leu Phe Gly Gln Asp
50 55 60

Val Thr Ser Leu Ser Thr His Glu Arg Val Lys Arg Gly Met Ala Tyr
65 70 75 80

Val Pro Gln Gly Gln Gln Ser Phe Thr Gln Leu Ser Cys Met Glu Asn
85 90 95

Leu Gln Val Val Ala Asp Leu Gln Gly Arg Val Gly Lys Ala Arg Ile
100 105 110

Ala Glu Ala Leu Asp Arg Phe Pro Ala Leu Thr Gln Val Leu Asp Arg
115 120 125

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

Arg Ala Leu Ile Thr Ala Pro Lys Leu Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr
145 150 155 160

Glu Gly Ile Gln Pro Ser Val Val Ala Glu Ile Gln Gln Thr Ile Ile
165 170 175

Asp Leu Ala Lys Asp Gly Met Ser Ile Val Leu Val Glu Gln Asn Ile
180 185 190

Gly Phe Ala Leu Asp Ala Ala Thr Ser Tyr Ala Ile Val Ala Arg Gly
195 200 205

Gln Val Val Glu Ser Gly Gln Gly Ala Glu Thr Thr Ala Glu Lys Gln
210 215 220

Thr Lys Val Arg Glu Ser Leu Ala Ile
225 230

<210> 463
<211> 1005
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(982)
<223> RXA01219

<400> 463
caccatttgg gaaaccgatt ccccagttga tccggaccca tacttgtctt cctatgactg 60
ggccaagacc accgctgcga cttcctaaga gataaaaatc atg gac att tta ctc 115
Met Asp Ile Leu Leu

1 5
aat cag ctc gta gcc ggg ctt tca gtt gga tgc gtc ctt cta ttg gtc 163
Asn Gln Leu Val Ala Gly Leu Ser Val Gly Ser Val Leu Leu Leu Val

10 15 20
gca gtg gga ttg tca ctg acc ttt gga cag atg ggc gtt att aat atg 211
Ala Val Gly Leu Ser Leu Thr Phe Gly Gln Met Gly Val Ile Asn Met

25 30 35
gcg cac gga gag ttc atc atg gtc ggc gca tac acc gca tat gtg gtg 259
Ala His Gly Glu Phe Ile Met Val Gly Ala Tyr Thr Ala Tyr Val Val

40 45 50
cag ctg gtc gtc ggt tct gcc ggt tta tcc cta ctg atc agc att ccg 307
Gln Leu Val Val Gly Ser Ala Gly Leu Ser Leu Leu Ile Ser Ile Pro

55 60 65
ctg gcc ttt att atc ggt ggg ctt ttc gga gtt ctc ctc gaa caa ttc 355
Leu Ala Phe Ile Ile Gly Gly Leu Phe Gly Val Leu Leu Glu Gln Phe

70 75 80 85
ctg ctg aag tat ctt tat cac agg cca cta gac acg ctg ctg gcc aca 403

Leu Leu Lys Tyr Leu Tyr His Arg Pro Leu Asp Thr Leu Leu Ala Thr

90 95 100
 ttc ggt gtc ggt ttg atc ctt cag cag ctg gcc cga aac att ttc gga 451
 Phe Gly Val Gly Leu Ile Leu Gln Gln Leu Ala Arg Asn Ile Phe Gly

105 110 115
 gct ccc gca gtg gat gtc agg gca ccg gaa ttt ctc cgc gga aac gtc 499
 Ala Pro Ala Val Asp Val Arg Ala Pro Glu Phe Leu Arg Gly Asn Val

120 125 130
 gaa gtt cta ggc gtc ttg gtg ccg acc gcg cga cta ttc atc ctg gcg 547
 Glu Val Leu Gly Val Leu Val Pro Thr Ala Arg Leu Phe Ile Leu Ala

135 140 145
 ctg gcc atc gca tca gtg act gca cta gct gtg ttc cta aat cgc act 595
 Leu Ala Ile Ala Ser Val Thr Ala Leu Ala Val Phe Leu Asn Arg Thr

150 155 160 165
 gcc tgg ggc cga cgc atc cgc gcc gtg gtt ctg aac cgc gac ctc gcg 643
 Ala Trp Gly Arg Arg Ile Arg Ala Val Val Leu Asn Arg Asp Leu Ala

170 175 180
 gaa acc gca ggt att gat acc cga gct act gac cga atg acg ttc ttt 691
 Glu Thr Ala Gly Ile Asp Thr Arg Ala Thr Asp Arg Met Thr Phe Phe

185 190 195
 gtg ggc tcc ggt ctt gcc gga atc gcc ggg gta gct atc aca ttg att 739
 Val Gly Ser Gly Leu Ala Gly Ile Ala Gly Val Ala Ile Thr Leu Ile

200 205 210
 ggc gcg acc ggc ccc acc atc ggt cag aac tac atc gtg gat gcc ttc 787
 Gly Ala Thr Gly Pro Thr Ile Gly Gln Asn Tyr Ile Val Asp Ala Phe

215 220 225
 ctt gtt gtt gcc gcc ggt ggc atc ggc cgg gtg aag ggc gct gtg atc 835
 Leu Val Val Ala Ala Gly Gly Ile Gly Arg Val Lys Gly Ala Val Ile

230 235 240 245
 atg gct ttc gtg ctg gga att act caa gca ttc gtg gaa tat acg aca 883
 Met Ala Phe Val Leu Gly Ile Thr Gln Ala Phe Val Glu Tyr Thr Thr

250 255 260
 ggt gcg agc atc gcg aag ttc atc gta ctc atc gct gtt gtt gcc ttc 931
 Gly Ala Ser Ile Ala Lys Phe Ile Val Leu Ile Ala Val Val Ala Phe

265 270 275
 ctg cag ttt agg cct caa gga ctc ttc caa acc caa act agg agc ctc 979
 Leu Gln Phe Arg Pro Gln Gly Leu Phe Gln Thr Gln Thr Arg Ser Leu

280 285 290
 gta tgagcactca actcaagctg aag 1005
 Val

<210> 464

<211> 294

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 464

Met Asp Ile Leu Leu Asn Gln Leu Val Ala Gly Leu Ser Val Gly Ser
1 5 10 15

Val Leu Leu Leu Val Ala Val Gly Leu Ser Leu Thr Phe Gly Gln Met
20 25 30

Gly Val Ile Asn Met Ala His Gly Glu Phe Ile Met Val Gly Ala Tyr
35 40 45

Thr Ala Tyr Val Val Gln Leu Val Val Gly Ser Ala Gly Leu Ser Leu
50 55 60

Leu Ile Ser Ile Pro Leu Ala Phe Ile Ile Gly Gly Leu Phe Gly Val
65 70 75 80

Leu Leu Glu Gln Phe Leu Leu Lys Tyr Leu Tyr His Arg Pro Leu Asp
85 90 95

Thr Leu Leu Ala Thr Phe Gly Val Gly Leu Ile Leu Gln Gln Leu Ala
100 105 110

Arg Asn Ile Phe Gly Ala Pro Ala Val Asp Val Arg Ala Pro Glu Phe
115 120 125

Leu Arg Gly Asn Val Glu Val Leu Gly Val Leu Val Pro Thr Ala Arg
130 135 140

Leu Phe Ile Leu Ala Leu Ala Ile Ala Ser Val Thr Ala Leu Ala Val
145 150 155 160

Phe Leu Asn Arg Thr Ala Trp Gly Arg Arg Ile Arg Ala Val Val Leu
165 170 175

Asn Arg Asp Leu Ala Glu Thr Ala Gly Ile Asp Thr Arg Ala Thr Asp
180 185 190

Arg Met Thr Phe Phe Val Gly Ser Gly Leu Ala Gly Ile Ala Gly Val
195 200 205

Ala Ile Thr Leu Ile Gly Ala Thr Gly Pro Thr Ile Gly Gln Asn Tyr
210 215 220

Ile Val Asp Ala Phe Leu Val Val Ala Ala Gly Gly Ile Gly Arg Val
225 230 235 240

Lys Gly Ala Val Ile Met Ala Phe Val Leu Gly Ile Thr Gln Ala Phe
245 250 255

Val Glu Tyr Thr Thr Gly Ala Ser Ile Ala Lys Phe Ile Val Leu Ile

260	265	270	
Ala Val Val Ala Phe Leu Gln Phe Arg Pro Gln Gly Leu Phe Gln Thr			
275	280	285	
Gln Thr Arg Ser Leu Val			
290			
<210> 465			
<211> 1200			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1177)			
<223> RXA01220			
<400> 465			
caggtg	cgag catcg	gaag ttc	atcggtac tcatcgctgt tgttg
60	ctgcagttta	60	
ggcctcaagg	actcttccaa	acccaaacta	ggagcctcgt atg agc act caa ctc 115
			Met Ser Thr Gln Leu
		1	5
aag ctg aag aag	ccc gca aag aag	aaa act acg	ccg aaa ctt agc gtc 163
Lys Leu Lys Lys	Pro Ala Lys Lys	Lys Thr Thr	Pro Lys Leu Ser Val
	10	15	20
gta aat gct	ccc acg ctg	cgc act gcg gcg	ttg ggc ctg gcc gcg ctc 211
Val Asn Ala	Pro Thr Leu Arg	Thr Ala Ala	Leu Gly Leu Ala Ala Leu
	25	30	35
gct gcg gta	ttg ctg tgc gcc	ccg ctc ttt tta	tcc aca ttc cag ctg 259
Ala Ala Val	Leu Leu Cys Ala	Pro Leu Phe	Leu Ser Thr Phe Gln Leu
	40	45	50
acg ttg atg	tgc cgc ttg	gtg tgt tat gcg	atc gtc gca gtc ggc atc 307
Thr Leu Met	Ser Arg Leu	Val Cys Tyr	Ala Ile Val Ala Val Gly Ile
	55	60	65
ggg ctg gcg	tgg ggc aga ggc	ggc atg ctc acg	ctg ggg caa ggc gtg 355
Gly Leu Ala	Trp Gly Arg Gly	Gly Met Leu	Thr Leu Gly Gln Gly Val
	70	75	80
ttc ttt gga	atc ggc gcg	tac atc atg	gcc atg cac atg ctg tac agc 403
Phe Phe Gly	Ile Gly Ala	Tyr Ile Met	Ala Met His Met Leu Tyr Ser
	90	95	100
gat tcg cag	att ttt ggg	acc aca gtt	ccg caa tgg tgg tcc att ttt 451
Asp Ser Gln	Ile Phe Gly	Thr Thr Val	Pro Gln Trp Trp Ser Ile Phe
	105	110	115
gcc aac ccg	gca gtc gca	ctc atc gca	gtt gtg gcg ctt ccc ggc atc 499

Ala Asn Pro Ala Val Ala Leu Ile Ala Val Val Ala Leu Pro Gly Ile

120 125 130
gtg gct ttt gtg ctc ggc ttc tcc att ttc aaa cga cgc atc aaa ggc 547
Val Ala Phe Val Leu Gly Phe Ser Ile Phe Lys Arg Arg Ile Lys Gly

135 140 145
gcc tac ttt gcc atc gtg aac caa gcg ctc gcc gca gct gtt gtg gtg 595
Ala Tyr Phe Ala Ile Val Asn Gln Ala Leu Ala Ala Ala Val Val Val

150 155 160 165
ttg ctg gtc gga caa caa gat tcc ctt gga ggt tcc aat ggt ctt tcc 643
Leu Leu Val Gly Gln Gln Asp Ser Leu Gly Gly Ser Asn Gly Leu Ser

170 175 180
gga ttt cga tcg ttc atg ggt ttt gcc gtc tac gac ccc atc aac cgc 691
Gly Phe Arg Ser Phe Met Gly Phe Ala Val Tyr Asp Pro Ile Asn Arg

185 190 195
atc atg ttt tac ttc acc gca gtg gga gtt ctc ttg gct ttg gtg gct 739
Ile Met Phe Tyr Phe Thr Ala Val Gly Val Leu Leu Ala Leu Val Ala

200 205 210
atc tca tat tgg ctc atg cgc agc cgc tat gga gaa ctg ctc gtg gcc 787
Ile Ser Tyr Trp Leu Met Arg Ser Arg Tyr Gly Glu Leu Leu Val Ala

215 220 225
acc aga gat gca gaa gaa cgc gtc cga ttc ctc gga tat gat ccc gca 835
Thr Arg Asp Ala Glu Glu Arg Val Arg Phe Leu Gly Tyr Asp Pro Ala

230 235 240 245
ttg atc aaa acc gcc gca tat gtc att gct gcg atg att gcc gga atc 883
Leu Ile Lys Thr Ala Ala Tyr Val Ile Ala Ala Met Ile Ala Gly Ile

250 255 260
gcc gga gcg ctg ttc gtg ccg atc gtg ggc atc att tca ccc gca gaa 931
Ala Gly Ala Leu Phe Val Pro Ile Val Gly Ile Ile Ser Pro Ala Glu

265 270 275
atc ggc gtg gtg cca tca atc gtg ttc gtg atc gcc gtc gcc gct ggt 979
Ile Gly Val Val Pro Ser Ile Val Phe Val Ile Ala Val Ala Ala Gly

280 285 290
ggc agg gca tcc cta ttc ggt ccc gta gtt ggc gcg ctg gtg ctg ggc 1027
Gly Arg Ala Ser Leu Phe Gly Pro Val Val Gly Ala Leu Val Leu Gly

295 300 305
tgg gtg gaa tcc aca ctt gct caa act ttc ccc agc atg tgg tcc tat 1075
Trp Val Glu Ser Thr Leu Ala Gln Thr Phe Pro Ser Met Trp Ser Tyr

310 315 320 325
ttc cag ggt gcg atc ctg gtt ctc gtg atc gtg ttg ctg ccg ggc gga 1123
Phe Gln Gly Ala Ile Leu Val Leu Val Ile Val Leu Leu Pro Gly Gly

330 335 340
att gct tca att aaa ctt tcc gcg ctc aaa aat aag gcc agg aag gcc 1171

Ile Ala Ser Ile Lys Leu Ser Ala Leu Lys Asn Lys Ala Arg Lys Ala

345 350 355 1200
acc tca tgagccttaa aatcaccaac ctc
Thr Ser

<210> 466

<211> 359

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 466

Met Ser Thr Gln Leu Lys Leu Lys Lys Pro Ala Lys Lys Lys Thr Thr
1 5 10 15

Pro Lys Leu Ser Val Val Asn Ala Pro Thr Leu Arg Thr Ala Ala Leu
20 25 30

Gly Leu Ala Ala Leu Ala Ala Val Leu Leu Cys Ala Pro Leu Phe Leu
35 40 45

Ser Thr Phe Gln Leu Thr Leu Met Ser Arg Leu Val Cys Tyr Ala Ile
50 55 60

Val Ala Val Gly Ile Gly Leu Ala Trp Gly Arg Gly Gly Met Leu Thr
65 70 75 80

Leu Gly Gln Gly Val Phe Phe Gly Ile Gly Ala Tyr Ile Met Ala Met
85 90 95

His Met Leu Tyr Ser Asp Ser Gln Ile Phe Gly Thr Thr Val Pro Gln
100 105 110

Trp Trp Ser Ile Phe Ala Asn Pro Ala Val Ala Leu Ile Ala Val Val
115 120 125

Ala Leu Pro Gly Ile Val Ala Phe Val Leu Gly Phe Ser Ile Phe Lys
130 135 140

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

Ala Ala Val Val Val Leu Leu Val Gly Gln Gln Asp Ser Leu Gly Gly
165 170 175

Ser Asn Gly Leu Ser Gly Phe Arg Ser Phe Met Gly Phe Ala Val Tyr
180 185 190

Asp Pro Ile Asn Arg Ile Met Phe Tyr Phe Thr Ala Val Gly Val Leu
195 200 205

Leu Ala Leu Val Ala Ile Ser Tyr Trp Leu Met Arg Ser Arg Tyr Gly
210 215 220

Glu Leu Leu Val Ala Thr Arg Asp Ala Glu Glu Arg Val Arg Phe Leu
225 230 235 240

Gly Tyr Asp Pro Ala Leu Ile Lys Thr Ala Ala Tyr Val Ile Ala Ala
245 250 255

Met Ile Ala Gly Ile Ala Gly Ala Leu Phe Val Pro Ile Val Gly Ile
260 265 270

Ile Ser Pro Ala Glu Ile Gly Val Val Pro Ser Ile Val Phe Val Ile
275 280 285

Ala Val Ala Ala Gly Gly Arg Ala Ser Leu Phe Gly Pro Val Val Gly
290 295 300

Ala Leu Val Leu Gly Trp Val Glu Ser Thr Leu Ala Gln Thr Phe Pro
305 310 315 320

Ser Met Trp Ser Tyr Phe Gln Gly Ala Ile Leu Val Leu Val Ile Val
325 330 335

Leu Leu Pro Gly Gly Ile Ala Ser Ile Lys Leu Ser Ala Leu Lys Asn
340 345 350

Lys Ala Arg Lys Ala Thr Ser
355

<210> 467

<211> 876

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(853)

<223> RXA00091

<400> 467

tcatgaacca cgtgttccgc gcacaaggcg tcgtgtccat cattattgag atggtcggcg 60
gtaccgtctt cctcatcgtc atcctcagaa agggcagact gtg att acg tta act 115
Val Ile Thr Leu Thr

1 5
aat gtc cgc aag gaa tac tcc agc gac gtt gcc atc ggc ccc gtc aac 163
Asn Val Arg Lys Glu Tyr Ser Ser Asp Val Ala Ile Gly Pro Val Asn

10 15 20
ctt gag atc cca gcc ggc ggc atc acc gcg ttg gtc ggc cca aac ggt 211
Leu Glu Ile Pro Ala Gly Gly Ile Thr Ala Leu Val Gly Pro Asn Gly

25 30 35
gca ggc aag tca aca ctg ctc acc atg atc ggt cga ctc ctc ggc atc 259
Ala Gly Lys Ser Thr Leu Leu Thr Met Ile Gly Arg Leu Leu Gly Ile

40

45

50

gat gaa ggc aac atc acc gta gcc tcc tac gat gtc acc tca acc gca 307
Asp Glu Gly Asn Ile Thr Val Ala Ser Tyr Asp Val Thr Ser Thr Ala

55 60 65
tcc aaa gat ctg gcc aag atc atc tcc atc ctg cgc cag gaa aac cac 355
Ser Lys Asp Leu Ala Lys Ile Ile Ser Ile Leu Arg Gln Glu Asn His

70 75 80 85
ttt gtt acc aag ctg acc gtg cgc cag ctc gta ggt ttc gga cgc ttc 403
Phe Val Thr Lys Leu Thr Val Arg Gln Leu Val Gly Phe Gly Arg Phe

90 95 100
cca tat agc aag ggc cgg ctg acg gaa gaa gac gag gga atc atc tcc 451
Pro Tyr Ser Lys Gly Arg Leu Thr Glu Glu Asp Glu Gly Ile Ile Ser

105 110 115
cgc tac atc gac ttc ttc aat ctc acc gaa ctc gaa gac cgc tac ctc 499
Arg Tyr Ile Asp Phe Phe Asn Leu Thr Glu Leu Glu Asp Arg Tyr Leu

120 125 130
gac cag ctt tcc ggc ggc cag cgc cag cgc gcc tat gtc gcc atg gtg 547
Asp Gln Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Ala Tyr Val Ala Met Val

135 140 145
ctg tgc caa gag acg gac tac gtg ctt ctc gac gaa ccc ctc aac aat 595
Leu Cys Gln Glu Thr Asp Tyr Val Leu Leu Asp Glu Pro Leu Asn Asn

150 155 160 165
ctt gat atc gca cac tcg gtg gaa atg atg aaa cac ctc gag aat gct 643
Leu Asp Ile Ala His Ser Val Glu Met Met Lys His Leu Glu Asn Ala

170 175 180
gca gcc caa ttt ggc cgc acc atc atc gtg gtt ctt cac gac atc aac 691
Ala Ala Gln Phe Gly Arg Thr Ile Ile Val Val Leu His Asp Ile Asn

185 190 195
ttc gcc gcg cgc tac gcc gat tac atc gtg gcc gta aag cac gga atg 739
Phe Ala Ala Arg Tyr Ala Asp Tyr Ile Val Ala Val Lys His Gly Met

200 205 210
atc gaa aaa gag gga aca cct gaa cag atc atg aaa aac gag atc ctt 787
Ile Glu Lys Glu Gly Thr Pro Glu Gln Ile Met Lys Asn Glu Ile Leu

215 220 225
tca gaa atc ttc aat aca gag atc gaa gtt att gaa gga cca cac ggc 835
Ser Glu Ile Phe Asn Thr Glu Ile Glu Val Ile Glu Gly Pro His Gly

230 235 240 245
aag att gct tgc tac cac taaatgaaga gaaataagcc gac 876
Lys Ile Ala Cys Tyr His

250

<210> 468

<211> 251

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 468

Val Ile Thr Leu Thr Asn Val Arg Lys Glu Tyr Ser Ser Asp Val Ala
1 5 10 15

Ile Gly Pro Val Asn Leu Glu Ile Pro Ala Gly Gly Ile Thr Ala Leu
20 25 30

Val Gly Pro Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Leu Thr Met Ile Gly
35 40 45

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

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

Arg Gln Glu Asn His Phe Val Thr Lys Leu Thr Val Arg Gln Leu Val
85 90 95

Gly Phe Gly Arg Phe Pro Tyr Ser Lys Gly Arg Leu Thr Glu Glu Asp
100 105 110

Glu Gly Ile Ile Ser Arg Tyr Ile Asp Phe Phe Asn Leu Thr Glu Leu
115 120 125

Glu Asp Arg Tyr Leu Asp Gln Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Ala
130 135 140

Tyr Val Ala Met Val Leu Cys Gln Glu Thr Asp Tyr Val Leu Leu Asp
145 150 155 160

Glu Pro Leu Asn Asn Leu Asp Ile Ala His Ser Val Glu Met Met Lys
165 170 175

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

Leu His Asp Ile Asn Phe Ala Ala Arg Tyr Ala Asp Tyr Ile Val Ala
195 200 205

Val Lys His Gly Met Ile Glu Lys Glu Gly Thr Pro Glu Gln Ile Met
210 215 220

Lys Asn Glu Ile Leu Ser Glu Ile Phe Asn Thr Glu Ile Glu Val Ile
225 230 235 240

Glu Gly Pro His Gly Lys Ile Ala Cys Tyr His
245 250

<210> 469

<211> 692

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (79)..(669)

<223> RXA00228

<400> 469

ccgcatggca tccgccgaaa gaattccct cggaggaat ggcacgcctc atgggagaac 60
gcatcgcaaa aaactgac atg cgc gac ctc cgc tcc atg atc ggc gtc agc 111
Met Arg Asp Leu Arg Ser Met Ile Gly Val Ser

1 5 10
tcc tcc gca tta ggc aac cga atc ccc tcc gaa gaa aaa gtc tct gac 159
Ser Ser Ala Leu Gly Asn Arg Ile Pro Ser Glu Glu Lys Val Ser Asp

15 20 25
cta gtc atc tcc gca ggc tac gca atc ctc ggc cgc tgg cgc gaa gac 207
Leu Val Ile Ser Ala Gly Tyr Ala Ile Leu Gly Arg Trp Arg Glu Asp

30 35 40
tac gac gaa atg gac ttc gga caa gcc acc gaa atc ctc gaa caa gtc 255
Tyr Asp Glu Met Asp Phe Gly Gln Ala Thr Glu Ile Leu Glu Gln Val

45 50 55
gga gcc atg cac cta gcc gac cgc acc tgg gga acc ctc tcc gaa ggc 303
Gly Ala Met His Leu Ala Asp Arg Thr Trp Gly Thr Leu Ser Glu Gly

60 65 70 75
gaa cgc aaa cga gtc ctg gtc gca cgc gca ctc atg acc aac ccg gaa 351
Glu Arg Lys Arg Val Leu Val Ala Arg Ala Leu Met Thr Asn Pro Glu

80 85 90
ctc ctc atc ctt gac gaa cca acc gca gga atg gac ctc ggc gga cgc 399
Leu Leu Ile Leu Asp Glu Pro Thr Ala Gly Met Asp Leu Gly Gly Arg

95 100 105
gaa gac ctc gtc ggc tac ctc gga gaa ctc gcc atg gac cca gac gca 447
Glu Asp Leu Val Gly Tyr Leu Gly Glu Leu Ala Met Asp Pro Asp Ala

110 115 120
cct gcc atc gtc atg atc acc cac cac gtc gaa gaa atc ccc gcc gga 495
Pro Ala Ile Val Met Ile Thr His His Val Glu Glu Ile Pro Ala Gly

125 130 135
ttc acc cac gca atg ctc ctc gac gaa ggt gaa atc gta gcc caa ggc 543
Phe Thr His Ala Met Leu Leu Asp Glu Gly Glu Ile Val Ala Gln Gly

140 145 150 155
ctg atc aac acc gtc atg aca aac gag aac cta tcc aaa gca ttc cac 591
Leu Ile Asn Thr Val Met Thr Asn Glu Asn Leu Ser Lys Ala Phe His

160 165 170
cag cca atc caa gta gac cgc atc ggg gaa cgc tac ttt gcc cgc cgt 639

Gln Pro Ile Gln Val Asp Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Phe Ala Arg Arg

175 180 185
gtg aga acc gcc agg agt cat agg gct cag taggttttt ggagttgtgg 689
Val Arg Thr Ala Arg Ser His Arg Ala Gln

190 195
gcc 692

<210> 470
<211> 197
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 470
Met Arg Asp Leu Arg Ser Met Ile Gly Val Ser Ser Ser Ala Leu Gly
1 5 10 15

Asn Arg Ile Pro Ser Glu Glu Lys Val Ser Asp Leu Val Ile Ser Ala
20 25 30

Gly Tyr Ala Ile Leu Gly Arg Trp Arg Glu Asp Tyr Asp Glu Met Asp
35 40 45

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

Ala Asp Arg Thr Trp Gly Thr Leu Ser Glu Gly Glu Arg Lys Arg Val
65 70 75 80

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

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

Tyr Leu Gly Glu Leu Ala Met Asp Pro Asp Ala Pro Ala Ile Val Met
115 120 125

Ile Thr His His Val Glu Glu Ile Pro Ala Gly Phe Thr His Ala Met
130 135 140

Leu Leu Asp Glu Gly Glu Ile Val Ala Gln Gly Leu Ile Asn Thr Val
145 150 155 160

Met Thr Asn Glu Asn Leu Ser Lys Ala Phe His Gln Pro Ile Gln Val
165 170 175

Asp Arg Ile Gly Glu Arg Tyr Phe Ala Arg Arg Val Arg Thr Ala Arg
180 185 190

Ser His Arg Ala Gln
195

<210> 471

<211> 813
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(790)
 <223> RXA00346

<400> 471
 atctatgaga cccctcaaaa caccgagaat ttcctcgatg cattaccaa ggcagttgat 60
 gatctcaccg ctgccactaa ccaggttttag aattatttaa atg ctg ttg act ttc 115
 Met Leu Leu Thr Phe
 1 5
 aat gat gct gcg gtg gat ccc ctc tgg agg ggc ctg aat tta gag ctc 163
 Asn Asp Ala Ala Val Asp Pro Leu Trp Arg Gly Leu Asn Leu Glu Leu
 10 15 20
 cga cag ggg gaa ttt ctt gcg gtt tta ggc ccc aac ggc gtg gga aaa 211
 Arg Gln Gly Glu Phe Leu Ala Val Leu Gly Pro Asn Gly Val Gly Lys
 25 30 35
 tcc acg ctc atc ggt acg att ttg ggc acc cga aaa ctc acc cac ggt 259
 Ser Thr Leu Ile Gly Thr Ile Leu Gly Thr Arg Lys Leu Thr His Gly
 40 45 50
 tcg gtt aaa act gat gcc cgg gtg ggt tat att ccg caa caa cga att 307
 Ser Val Lys Thr Asp Ala Arg Val Gly Tyr Ile Pro Gln Gln Arg Ile
 55 60 65
 ttc gat gtc ccg ttg cgt gcc cgc gat atg gtt tcg ctg tcc gcg gcg 355
 Phe Asp Val Pro Leu Arg Ala Arg Asp Met Val Ser Leu Ser Ala Ala
 70 75 80 85
 cat ggc gtg gtt tcc aaa agg gga ccc gcg aag ggt gac gtc gat aag 403
 His Gly Val Val Ser Lys Arg Gly Pro Ala Lys Gly Asp Val Asp Lys
 90 95 100
 ctt ctt gcc cgc gtg ggc gct tcc gga atc gcc gat cga cgc gtc ggc 451
 Leu Leu Ala Arg Val Gly Ala Ser Gly Ile Ala Asp Arg Arg Val Gly
 105 110 115
 gag ctc tcc ggc ggg cag cag cag ctc gtc cgc caa gcc cag gcc ctt 499
 Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Leu Val Arg Gln Ala Gln Ala Leu
 120 125 130
 gcc acg cgc ccg caa tta ttg ctt gcc gac gaa ccc ctc ctc agc ctt 547
 Ala Thr Arg Pro Gln Leu Leu Leu Ala Asp Glu Pro Leu Leu Ser Leu
 135 140 145
 gac ccc ggc gtc gcg cag cgc acg gtg tcc cta ttt ggt gaa ttg aag 595
 Asp Pro Gly Val Ala Gln Arg Thr Val Ser Leu Phe Gly Glu Leu Lys

150 155 160 165
gcc gaa ggc gtc ggc gtt gtt gtg gtc acc cac gat gtc aat cca cta 643
Ala Glu Gly Val Gly Val Val Val Val Thr His Asp Val Asn Pro Leu

170 175 180
atg ggc ctg gta gat cgc att ttg tac ctc gcc ccc aac ggc cac acc 691
Met Gly Leu Val Asp Arg Ile Leu Tyr Leu Ala Pro Asn Gly His Thr

185 190 195
atc ggc acg gtt ggc gat gtc atg cag tcc gaa aaa ctc agc gaa ctc 739
Ile Gly Thr Val Gly Asp Val Met Gln Ser Glu Lys Leu Ser Glu Leu

200 205 210
tac aac gca ccc gtc acg gtg gct cgc atc aac gac aga atc gtg gtg 787
Tyr Asn Ala Pro Val Thr Val Ala Arg Ile Asn Asp Arg Ile Val Val

215 220 225
gtt taagtggatc tatccacctg gct 813
Val

230

<210> 472

<211> 230

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 472

Met Leu Leu Thr Phe Asn Asp Ala Ala Val Asp Pro Leu Trp Arg Gly
1 5 10 15

Leu Asn Leu Glu Leu Arg Gln Gly Glu Phe Leu Ala Val Leu Gly Pro
20 25 30

Asn Gly Val Gly Lys Ser Thr Leu Ile Gly Thr Ile Leu Gly Thr Arg
35 40 45

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

Pro Gln Gln Arg Ile Phe Asp Val Pro Leu Arg Ala Arg Asp Met Val
65 70 75 80

Ser Leu Ser Ala Ala His Gly Val Val Ser Lys Arg Gly Pro Ala Lys
85 90 95

Gly Asp Val Asp Lys Leu Leu Ala Arg Val Gly Ala Ser Gly Ile Ala
100 105 110

Asp Arg Arg Val Gly Glu Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Leu Val Arg
115 120 125

Gln Ala Gln Ala Leu Ala Thr Arg Pro Gln Leu Leu Leu Ala Asp Glu
130 135 140

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

[illegible]

Pro Gln Ser Pro Thr Gly Pro Glu Gly Ile Val Val Ala Asp Leu Val
 90 95 100
 ggc cgc ggc cgc cac ccc cac caa gga ctc 433
 Gly Arg Gly Arg His Pro His Gln Gly Leu

105 110

<210> 474
 <211> 111
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 474
 Val Thr Thr Asn His Gln Leu Ser Ala Glu Glu Ile Ser Leu Ala Tyr
 1 5 10 15

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

Lys Ile Thr Ser Ile Val Gly Pro Asn Gly Cys Gly Lys Ser Thr Leu
 35 40 45

Leu Arg Ala Phe Ala Arg Leu Leu Lys Pro Ser Ala Gly Gln Ala Leu
 50 55 60

Ile Asp Ala His Pro Leu Pro Ser Leu Pro Gly Lys Glu Leu Ala Arg
 65 70 75 80

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

Val Ala Asp Leu Val Gly Arg Gly Arg His Pro His Gln Gly Leu
 100 105 110

<210> 475
 <211> 900
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(877)
 <223> RXA01823

<400> 475
 gcaacacgtt gatactgagc tgcacacgcc cgttgccctg gtgaccagtt tgctgggcgg 60
 ggtgtatttg atgtggcttt tgagccgaaa ggaggcataa atg ctg caa gcg cat 115
 Met Leu Gln Ala His

1 5
 gat ctc acg ctg agt tac ggc ggg cga aat att gta gaa ggg ctc agt 163

Asp Leu Thr Leu Ser Tyr Gly Gly Arg Asn Ile Val Glu Gly Leu Ser

10 15 20
ctg gac ctt ccg gaa aga ggc ctc agc atc atc att ggc ccc aac gga 211
Leu Asp Leu Pro Glu Arg Gly Leu Ser Ile Ile Ile Gly Pro Asn Gly

25 30 35
tgc ggg aaa tca acc gtt ttg aaa gcg ttg ggc aga ctg ctg aaa cca 259
Cys Gly Lys Ser Thr Val Leu Lys Ala Leu Gly Arg Leu Leu Lys Pro

40 45 50
caa ttg ggg aag atc acg cta ggt ggg cga gat att tcc agc atg ggc 307
Gln Leu Gly Lys Ile Thr Leu Gly Gly Arg Asp Ile Ser Ser Met Gly

55 60 65
acc aag cat gtg gcg aaa cac atc ggg gtg ctt ccg caa ccc cca tat 355
Thr Lys His Val Ala Lys His Ile Gly Val Leu Pro Gln Pro Pro Tyr

70 75 80 85
gcg ccc gat ggg gtg agc gtc acg gag ctg gtc agc cgc ggg cgg tat 403
Ala Pro Asp Gly Val Ser Val Thr Glu Leu Val Ser Arg Gly Arg Tyr

90 95 100
ccg cac caa cat ctg ctg tcg caa tgg tcg aaa gac gat gaa gcc att 451
Pro His Gln His Leu Leu Ser Gln Trp Ser Lys Asp Asp Glu Ala Ile

105 110 115
gtg gcg cgc tcg ctg gcg gaa gtc ggc atg cac acc cat gct gag cat 499
Val Ala Arg Ser Leu Ala Glu Val Gly Met His Thr His Ala Glu His

120 125 130
tta gtg tcg gaa ctt tca ggc ggc cag cgc caa cgg gcg tgg atc gcc 547
Leu Val Ser Glu Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Ala Trp Ile Ala

135 140 145
atg gcg ctc gct cag gaa aca gac att ttg ctt ctc gac gag ccc acc 595
Met Ala Leu Ala Gln Glu Thr Asp Ile Leu Leu Leu Asp Glu Pro Thr

150 155 160 165
acg ttc ctc gac gta gcc cac caa ata tcc gtc ctc gat tta tgc tcc 643
Thr Phe Leu Asp Val Ala His Gln Ile Ser Val Leu Asp Leu Cys Ser

170 175 180
gac ctg cac caa cgt ggt gcg acc ctg gcc att gtt cta cac gat ctg 691
Asp Leu His Gln Arg Gly Arg Thr Leu Ala Ile Val Leu His Asp Leu

185 190 195
aac atg gct gca cgg tat gcc acc cac atc atc gcc atg cgg gac ggc 739
Asn Met Ala Ala Arg Tyr Ala Thr His Ile Ile Ala Met Arg Asp Gly

200 205 210
acc atc atc gac caa gga aaa ccc gaa gaa ata ctc act aaa gcg ctg 787
Thr Ile Ile Asp Gln Gly Lys Pro Glu Glu Ile Leu Thr Lys Ala Leu

215 220 225
ctc aaa gaa gtt ttt gac ctc gac gca ctc atc ctc aaa gac ccc aac 835

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

230 235 240 245
aac ggc cga cca ctc atc gtg ccc aca gac agg aga aac tca 877
Asn Gly Arg Pro Leu Ile Val Pro Thr Asp Arg Arg Asn Ser

250 255 900
tgaaagaaac cgacaaccta ctg

<210> 476
<211> 259
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 476
Met Leu Gln Ala His Asp Leu Thr Leu Ser Tyr Gly Gly Arg Asn Ile
1 5 10 15

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

Ile Gly Pro Asn Gly Cys Gly Lys Ser Thr Val Leu Lys Ala Leu Gly
35 40 45

Arg Leu Leu Lys Pro Gln Leu Gly Lys Ile Thr Leu Gly Gly Arg Asp
50 55 60

Ile Ser Ser Met Gly Thr Lys His Val Ala Lys His Ile Gly Val Leu
65 70 75 80

Pro Gln Pro Pro Tyr Ala Pro Asp Gly Val Ser Val Thr Glu Leu Val
85 90 95

Ser Arg Gly Arg Tyr Pro His Gln His Leu Leu Ser Gln Trp Ser Lys
100 105 110

Asp Asp Glu Ala Ile Val Ala Arg Ser Leu Ala Glu Val Gly Met His
115 120 125

Thr His Ala Glu His Leu Val Ser Glu Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln
130 135 140

Arg Ala Trp Ile Ala Met Ala Leu Ala Gln Glu Thr Asp Ile Leu Leu
145 150 155 160

Leu Asp Glu Pro Thr Thr Phe Leu Asp Val Ala His Gln Ile Ser Val
165 170 175

Leu Asp Leu Cys Ser Asp Leu His Gln Arg Gly Arg Thr Leu Ala Ile
180 185 190

Val Leu His Asp Leu Asn Met Ala Ala Arg Tyr Ala Thr His Ile Ile
195 200 205

Ala Met Arg Asp Gly Thr Ile Ile Asp Gln Gly Lys Pro Glu Glu Ile

210 215 220

Leu Thr Lys Ala Leu Leu Lys Glu Val Phe Asp Leu Asp Ala Leu Ile
225 230 235 240

Leu Lys Asp Pro Asn Asn Gly Arg Pro Leu Ile Val Pro Thr Asp Arg
245 250 255

Arg Asn Ser

<210> 477
<211> 906
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(883)
<223> RXA02767

<400> 477
gggaaaacgt ttccctcgccg cccacagaat cataaaaaatt ttctgaggtt gtcattgggta 60
ccagtctaag ccttggcctt acgccagtaa ggtgttacct atg cgc gaa cta gca 115
Met Arg Glu Leu Ala

1 5
ctc aac atg gcc ggc gtc acc gtg cgg cgc ggc gag aaa ttg ctt ctc 163
Leu Asn Met Ala Gly Val Thr Val Arg Arg Gly Glu Lys Leu Leu Leu

10 15 20
gac gat atc tcc ctc tca att ccg caa ggg tcg cac tgg gcc gta ctt 211
Asp Asp Ile Ser Leu Ser Ile Pro Gln Gly Ser His Trp Ala Val Leu

25 30 35
ggt cca aat ggc gcc ggt aaa acc acc atg ctg aag atc gca gcc acc 259
Gly Pro Asn Gly Ala Gly Lys Thr Thr Met Leu Lys Ile Ala Ala Thr

40 45 50
ttg ctg tac cca tcg gaa ggc acc gtg gac atc ctg ggg cat cgc ttt 307
Leu Leu Tyr Pro Ser Glu Gly Thr Val Asp Ile Leu Gly His Arg Phe

55 60 65
ggt cgg gtg gat act cgt gag ctg cgg aaa aca atc ggc ctg gtg gac 355
Gly Arg Val Asp Thr Arg Glu Leu Arg Lys Thr Ile Gly Leu Val Asp

70 75 80 85
ccg aag caa aga ttt acc aac ctg ccg gcc cac gaa att gtg ctg tcg 403
Pro Lys Gln Arg Phe Thr Asn Leu Pro Ala His Glu Ile Val Leu Ser

90 95 100
ggg tta acc gcc tcc aac ggg ttg ttg cca cgg tgg tcg gct tcg gct 451
Gly Leu Thr Ala Ser Asn Gly Leu Leu Pro Arg Trp Ser Ala Ser Ala

105 110 115
tcg gag ttg gag cgg tgc gct ttg atg ttg gag ttg gtg ggc atg aca 499

Ser Glu Leu Glu Arg Cys Ala Leu Met Leu Glu Leu Val Gly Met Thr

120 125 130
gcg cgt gcc gat cgt tac tgg gcc gat atg agc cag ggc gaa aaa gcc 547
Ala Arg Ala Asp Arg Tyr Trp Ala Asp Met Ser Gln Gly Glu Lys Ala

135 140 145
cgc acc ctg att gct cgt gcg ctg att atc tca ccg acc cta ctg ctg 595
Arg Thr Leu Ile Ala Arg Ala Leu Ile Ile Ser Pro Thr Leu Leu Leu

150 155 160 165
ctt gat gaa ccc acc acc ggc ctt gac ctg ccc gga cgt gaa act ttg 643
Leu Asp Glu Pro Thr Thr Gly Leu Asp Leu Pro Gly Arg Glu Thr Leu

170 175 180
ctc agt gtg att gat ggt ttg cga gcc gct ctt cct ggt ctg acg aca 691
Leu Ser Val Ile Asp Gly Leu Arg Ala Ala Leu Pro Gly Leu Thr Thr

185 190 195
gtg atg atc acc cac cac gtc gaa gag atc gcc gcc tcc acg aca gat 739
Val Met Ile Thr His His Val Glu Glu Ile Ala Ala Ser Thr Thr Asp

200 205 210
atc ctc atg atc aag gac gcc cgc ata ctg gct tcg ggg act gtt tca 787
Ile Leu Met Ile Lys Asp Ala Arg Ile Leu Ala Ser Gly Thr Val Ser

215 220 225
gaa gtg atg act cct gaa aat ttg ggc gcg ctg tat gac atg tcg gtg 835
Glu Val Met Thr Pro Glu Asn Leu Gly Ala Leu Tyr Asp Met Ser Val

230 235 240 245
tcg ttg gaa act gtg cgc agc cgg tgg ttc gcg ttc gat gct ctg cat 883
Ser Leu Glu Thr Val Arg Ser Arg Trp Phe Ala Phe Asp Ala Leu His

250 255 260
taaaaggggc tagttttaca caa 906

<210> 478
<211> 261
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 478
Met Arg Glu Leu Ala Leu Asn Met Ala Gly Val Thr Val Arg Arg Gly
1 5 10 15
Glu Lys Leu Leu Leu Asp Asp Ile Ser Leu Ser Ile Pro Gln Gly Ser
20 25 30
His Trp Ala Val Leu Gly Pro Asn Gly Ala Gly Lys Thr Thr Met Leu
35 40 45
Lys Ile Ala Ala Thr Leu Leu Tyr Pro Ser Glu Gly Thr Val Asp Ile

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

<210> 479

<211> 876

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(853)

<223> RXA02792

<400> 479

agaacaaagt gctgcccata ctcatgaact ttgccgaacc cccaaccccg ctggccgtcg 60
 atggcctaga aaaaatcatc gactttgtgg aaaccacccc atg atc gag gcc aca 115
 Met Ile Glu Ala Thr

	1	5	
cac cta cgc cac agt ttt ggc gac aac atc gtc atc gat gac gtc acc			163
His Leu Arg His Ser Phe Gly Asp Asn Ile Val Ile Asp Asp Val Thr			
	10	15	20
etc cat cta cct gca cac ggc acc gtc agc ttg gtc ggc ccc aac ggc			211
Leu His Leu Pro Ala His Gly Thr Val Ser Leu Val Gly Pro Asn Gly			
	25	30	35
agt ggc aaa acc acc ctg ctg cgt gca cta tac gga gca ctg caa cca			259
Ser Gly Lys Thr Thr Leu Leu Arg Ala Leu Tyr Gly Ala Leu Gln Pro			
	40	45	50
aat gaa ggg cac atc cac gta gat ggc gtt cca cta ata agc ttg cac			307
Asn Glu Gly His Ile His Val Asp Gly Val Pro Leu Ile Ser Leu His			
	55	60	65
cgc aaa gac atc gca aaa acc atg gcc gta gtc atc caa gaa cat gac			355
Arg Lys Asp Ile Ala Lys Thr Met Ala Val Val Ile Gln Glu His Asp			
	70	75	80
tcc gac ctc ccc atg acc gtc gct gac ctg gtc tta cta ggc aga ctc			403
Ser Asp Leu Pro Met Thr Val Ala Asp Leu Val Leu Leu Gly Arg Leu			
	90	95	100
ccc cac caa aag atg ttt gcc ggc aac tct caa gct gat cag tta ctc			451
Pro His Gln Lys Met Phe Ala Gly Asn Ser Gln Ala Asp Gln Leu Leu			
	105	110	115
gtt aag gaa gca ctc acc cga gtc ggc gcc att cac ctg gcc gac cga			499
Val Lys Glu Ala Leu Thr Arg Val Gly Ala Ile His Leu Ala Asp Arg			
	120	125	130
caa ttc ggc gca ctt tca ggc ggt gaa cgc caa cgc gtc ctc atc gca			547
Gln Phe Gly Ala Leu Ser Gly Gly Glu Arg Gln Arg Val Leu Ile Ala			
	135	140	145
cga gca ctc gta caa aac gcc aca cac att ctg ctc gac gaa ccc acc			595
Arg Ala Leu Val Gln Asn Ala Thr His Ile Leu Leu Asp Glu Pro Thr			
	150	155	160
aac cac ctc gac atc cgc tac cag cac gaa gtc ctt cac ctc gtc cgc			643
Asn His Leu Asp Ile Arg Tyr Gln His Glu Val Leu His Leu Val Arg			
	170	175	180
gaa ctc agc tca agt tcc atc atc gtc ctc cac gac ctc aac ctc gca			691
Glu Leu Ser Ser Ser Ile Ile Val Leu His Asp Leu Asn Leu Ala			
	185	190	195
ggt gcc tac agc gac cac atc atc ctc ctt gac caa gga cgt gtg gtt			739
Gly Ala Tyr Ser Asp His Ile Ile Leu Leu Asp Gln Gly Arg Val Val			
	200	205	210
act caa gga acg ccc tca gag gta ttg acc cca gag cat ttg gaa cct			787
Thr Gln Gly Thr Pro Ser Glu Val Leu Thr Pro Glu His Leu Glu Pro			

215 220 225
gtg tat ggc gtt cgt gtt gag cgc ttt gac cta ggc gat gaa gtc cac 835
Val Tyr Gly Val Arg Val Glu Arg Phe Asp Leu Gly Asp Glu Val His

230 235 240 245
ctt cgg ttc aag cgt cac taggagtttt gttgaggagg tgg 876
Leu Arg Phe Lys Arg His

250

<210> 480
<211> 251
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 480
Met Ile Glu Ala Thr His Leu Arg His Ser Phe Gly Asp Asn Ile Val
1 5 10 15

Ile Asp Asp Val Thr Leu His Leu Pro Ala His Gly Thr Val Ser Leu
20 25 30

Val Gly Pro Asn Gly Ser Gly Lys Thr Thr Leu Leu Arg Ala Leu Tyr
35 40 45

Gly Ala Leu Gln Pro Asn Glu Gly His Ile His Val Asp Gly Val Pro
50 55 60

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

Ile Gln Glu His Asp Ser Asp Leu Pro Met Thr Val Ala Asp Leu Val
85 90 95

Leu Leu Gly Arg Leu Pro His Gln Lys Met Phe Ala Gly Asn Ser Gln
100 105 110

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

His Leu Ala Asp Arg Gln Phe Gly Ala Leu Ser Gly Gly Glu Arg Gln
130 135 140

Arg Val Leu Ile Ala Arg Ala Leu Val Gln Asn Ala Thr His Ile Leu
145 150 155 160

Leu Asp Glu Pro Thr Asn His Leu Asp Ile Arg Tyr Gln His Glu Val
165 170 175

Leu His Leu Val Arg Glu Leu Ser Ser Ser Ser Ile Ile Val Leu His
180 185 190

Asp Leu Asn Leu Ala Gly Ala Tyr Ser Asp His Ile Ile Leu Leu Asp
195 200 205

Gln Gly Arg Val Val Thr Gln Gly Thr Pro Ser Glu Val Leu Thr Pro

210	215	220	
Glu His Leu Glu Pro Val Tyr Gly Val Arg Val Glu Arg Phe Asp Leu			
225	230	235	240
Gly Asp Glu Val His Leu Arg Phe Lys Arg His			
	245	250	
<210> 481			
<211> 1161			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1138)			
<223> RXN02929			
<400> 481			
caggtgggga cctcgctat cccagctggt ggaagaaatc gcagcgcagt tgaatcagct	60		
tgcttcttct gaagctgtgc cggccgctgc ttaagttttc gtg ctg aag aga att	115		
	Val Leu Lys Arg Ile		
	1	5	
ttc ctc aac ccc tgg gtg gct acc gcg ttg tcg gta gtc att ttg ggg	163		
Phe Leu Asn Pro Trp Val Ala Thr Ala Leu Ser Val Val Ile Leu Gly			
	10	15	20
ttt gtg gtg ctg ttt tca ggt ttt agc ggt gtt att gat tta agc ccc	211		
Phe Val Val Leu Phe Ser Gly Phe Ser Gly Val Ile Asp Leu Ser Pro			
	25	30	35
aca gca gtg att aga cat ttg agt ggg cag gac acg ctc acc cct cga	259		
Thr Ala Val Ile Arg His Leu Ser Gly Gln Asp Thr Leu Thr Pro Arg			
	40	45	50
gat cag gcc atc ttc ttt gat atc cgg ctg cct cga att atc gct ggt	307		
Asp Gln Ala Ile Phe Phe Asp Ile Arg Leu Pro Arg Ile Ile Ala Gly			
	55	60	65
gtc att gtc gga gca acg ctg gct att tct ggt gct tct tac caa gcg	355		
Val Ile Val Gly Ala Thr Leu Ala Ile Ser Gly Ala Ser Tyr Gln Ala			
	70	75	80
gta ttt aga aac ccg ctg gct gat cct tat ttg ttg ggt gtg tcc gca	403		
Val Phe Arg Asn Pro Leu Ala Asp Pro Tyr Leu Leu Gly Val Ser Ala			
	90	95	100
ggt tct ggc ctt ggt gtc acg gca gtg att gtt ggc ggt acc gtg ctg	451		
Gly Ser Gly Leu Gly Val Thr Ala Val Ile Val Gly Gly Thr Val Leu			
	105	110	115
gga ttt tct gca ccg agc atc ggc gtg att ggt gca gca ttt gta ggt	499		

Gly Phe Ser Ala Pro Ser Ile Gly Val Ile Gly Ala Ala Phe Val Gly

120 125 130
 ggt gtt gcc gca gta ctt gcc acg ctg atg gtg agt cgg gga gta gga 547
 Gly Val Ala Ala Val Leu Ala Thr Leu Met Val Ser Arg Gly Val Gly

135 140 145
 cag gga tca tca acc acc gtg gtt att ttg gcg ggc gtg gcg gtt gct 595
 Gln Gly Ser Ser Thr Thr Val Val Ile Leu Ala Gly Val Ala Val Ala

150 155 160 165
 gct ttt gcc agt tcc atc cag acc tat att cag caa cga cac atc gat 643
 Ala Phe Ala Ser Ser Ile Gln Thr Tyr Ile Gln Gln Arg His Ile Asp

170 175 180
 acg gtg gcg cgc gta tat gtg tgg atg ttg ggc aac ctc aat gtc acc 691
 Thr Val Ala Arg Val Tyr Val Trp Met Leu Gly Asn Leu Asn Val Thr

185 190 195
 aac tgg atg tgc atc ttc atc gtg gct gtg gtg gcg gga cta tgc gcg 739
 Asn Trp Met Ser Ile Phe Ile Val Ala Val Val Ala Gly Leu Cys Ala

200 205 210
 gcc gtg atc atg tcc tgc gcc agg ttg tta gac gtg atg gct gtt ggt 787
 Ala Val Ile Met Ser Cys Ala Arg Leu Leu Asp Val Met Ala Val Gly

215 220 225
 gat gtg gaa gcc cgc aca ttg ggc gtc gat cca ggc ctc gta cgc att 835
 Asp Val Glu Ala Arg Thr Leu Gly Val Asp Pro Gly Leu Val Arg Ile

230 235 240 245
 ggc att gtc atc gtg gca acc ctt ggt aca gct gca gtg gta tcc att 883
 Gly Ile Val Ile Val Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala Val Val Ser Ile

250 255 260
 tcc ggt ctc atc ggg ttt gtg ggc atc att gtt ccg cac gcc ctg cgc 931
 Ser Gly Leu Ile Gly Phe Val Gly Ile Ile Val Pro His Ala Leu Arg

265 270 275
 cta att gtt ggc ccg ggg cat cgg att tta ctg cca ctg tct ttc gta 979
 Leu Ile Val Gly Pro Gly His Arg Ile Leu Leu Pro Leu Ser Phe Val

280 285 290
 tgg ggt gcc att ttc ctc gtg ttg gca gat acc gca ggg cga aca ttg 1027
 Trp Gly Ala Ile Phe Leu Val Leu Ala Asp Thr Ala Gly Arg Thr Leu

295 300 305
 atg gct cct cag gaa ctt ccc gtg ggt gtg gtg aca gct gca ctc ggc 1075
 Met Ala Pro Gln Glu Leu Pro Val Gly Val Val Thr Ala Ala Leu Gly

310 315 320 325
 gca ccg ttc ttc tta ttt att ttg cgc aga acc agc aga caa cga gtt 1123
 Ala Pro Phe Phe Leu Phe Ile Leu Arg Arg Thr Ser Arg Gln Arg Val

330 335 340
 cca aaa agg agt gct taagtggcga tcattgaatg cga 1161

Pro Lys Arg Ser Ala

345

<210> 482

<211> 346

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 482

Val Leu Lys Arg Ile Phe Leu Asn Pro Trp Val Ala Thr Ala Leu Ser
1 5 10 15

Val Val Ile Leu Gly Phe Val Val Leu Phe Ser Gly Phe Ser Gly Val
20 25 30

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

Thr Leu Thr Pro Arg Asp Gln Ala Ile Phe Phe Asp Ile Arg Leu Pro
50 55 60

Arg Ile Ile Ala Gly Val Ile Val Gly Ala Thr Leu Ala Ile Ser Gly
65 70 75 80

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

Leu Gly Val Ser Ala Gly Ser Gly Leu Gly Val Thr Ala Val Ile Val
100 105 110

Gly Gly Thr Val Leu Gly Phe Ser Ala Pro Ser Ile Gly Val Ile Gly
115 120 125

Ala Ala Phe Val Gly Gly Val Ala Ala Val Leu Ala Thr Leu Met Val
130 135 140

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

Gly Val Ala Val Ala Ala Phe Ala Ser Ser Ile Gln Thr Tyr Ile Gln
165 170 175

Gln Arg His Ile Asp Thr Val Ala Arg Val Tyr Val Trp Met Leu Gly
180 185 190

Asn Leu Asn Val Thr Asn Trp Met Ser Ile Phe Ile Val Ala Val Val
195 200 205

Ala Gly Leu Cys Ala Ala Val Ile Met Ser Cys Ala Arg Leu Leu Asp
210 215 220

Val Met Ala Val Gly Asp Val Glu Ala Arg Thr Leu Gly Val Asp Pro
225 230 235 240

Gly Leu Val Arg Ile Gly Ile Val Ile Val Ala Thr Leu Gly Thr Ala

245 250 255

Ala Val Val Ser Ile Ser Gly Leu Ile Gly Phe Val Gly Ile Ile Val
260 265 270

Pro His Ala Leu Arg Leu Ile Val Gly Pro Gly His Arg Ile Leu Leu
275 280 285

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

Ala Gly Arg Thr Leu Met Ala Pro Gln Glu Leu Pro Val Gly Val Val
305 310 315 320

Thr Ala Ala Leu Gly Ala Pro Phe Phe Leu Phe Ile Leu Arg Arg Thr
325 330 335

Ser Arg Gln Arg Val Pro Lys Arg Ser Ala
340 345

<210> 483
<211> 1095
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1072)
<223> FRXA01235

<400> 483

ttctgaagct gtgccggccg ctgcttaagt ttctgtgctg aagagaattt tcctcaaccc 60
ctgggtggct accgcgttgt cggtagtcat ttgggggttt gtg gtg ctg ttt tca 115
Val Val Leu Phe Ser

1 5

ggt ttt agc ggt gtt att gat tta agc ccc aca gca gtg att aga cat 163
Gly Phe Ser Gly Val Ile Asp Leu Ser Pro Thr Ala Val Ile Arg His

10 15 20

ttg agt ggg cag gac acg ctc acc cct cga gat cag gcc atc ttc ttt 211
Leu Ser Gly Gln Asp Thr Leu Thr Pro Arg Asp Gln Ala Ile Phe Phe

25 30 35

gat atc cgg ctg cct cga att atc gct ggt gtc att gtc gga gca acg 259
Asp Ile Arg Leu Pro Arg Ile Ile Ala Gly Val Ile Val Gly Ala Thr

40 45 50

ctg gct att tct ggt gct gct tac caa gcg gta ttt aga aac ccg ctg 307
Leu Ala Ile Ser Gly Ala Ala Tyr Gln Ala Val Phe Arg Asn Pro Leu

55 60 65

gct gat cct tat ttg ttg ggt gtg tcc gca ggt tct ggc ctt ggt gtc 355
Ala Asp Pro Tyr Leu Leu Gly Val Ser Ala Gly Ser Gly Leu Gly Val

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

295 300 305
att ttg cgc aga acc agc aga caa cga gtt cca aaa agg agt gct 1072
Ile Leu Arg Arg Thr Ser Arg Gln Arg Val Pro Lys Arg Ser Ala

310 315 320
taagtggcga tcattgaatg cga 1095

<210> 484
<211> 324
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 484
Val Val Leu Phe Ser Gly Phe Ser Gly Val Ile Asp Leu Ser Pro Thr
1 5 10 15

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

Gln Ala Ile Phe Phe Asp Ile Arg Leu Pro Arg Ile Ile Ala Gly Val
35 40 45

Ile Val Gly Ala Thr Leu Ala Ile Ser Gly Ala Ala Tyr Gln Ala Val
50 55 60

Phe Arg Asn Pro Leu Ala Asp Pro Tyr Leu Leu Gly Val Ser Ala Gly
65 70 75 80

Ser Gly Leu Gly Val Thr Ala Val Ile Val Gly Gly Thr Val Leu Gly
85 90 95

Phe Ser Ala Pro Ser Ile Gly Val Ile Gly Ala Ala Phe Val Gly Gly
100 105 110

Val Ala Ala Val Leu Ala Thr Leu Met Val Ser Arg Gly Val Gly Gln
115 120 125

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

Phe Ala Ser Ser Ile Gln Thr Tyr Ile Gln Gln Arg His Ile Asp Thr
145 150 155 160

Val Ala Arg Val Tyr Val Trp Met Leu Gly Asn Leu Asn Val Thr Asn
165 170 175

Trp Met Ser Ile Phe Ile Val Ala Val Val Ala Gly Leu Cys Ala Ala
180 185 190

Val Ile Met Ser Cys Ala Arg Leu Leu Asp Val Met Ala Val Gly Asp
195 200 205

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

Ile Val Ile Val Ala Thr Leu Gly Thr Ala Ala Val Val Ser Ile Ser

225	230										235										240																																										
Gly	Leu	Ile	Gly	Phe	Val	Gly	Ile	Ile	Val	Pro	His	Ala	Leu	Arg	Leu																																																
245					250					255																																																					
Ile	Val	Gly	Pro	Gly	His	Arg	Ile	Leu	Leu	Pro	Leu	Ser	Phe	Val	Trp																																																
260					265					270																																																					
Gly	Ala	Ile	Phe	Leu	Val	Leu	Ala	Asp	Thr	Ala	Gly	Arg	Thr	Leu	Met																																																
275					280					285																																																					
Ala	Pro	Gln	Glu	Leu	Pro	Val	Gly	Val	Val	Thr	Ala	Ala	Leu	Gly	Ala																																																
290					295					300																																																					
Pro	Phe	Phe	Leu	Phe	Ile	Leu	Arg	Arg	Thr	Ser	Arg	Gln	Arg	Val	Pro																																																
305					310					315					320																																																
Lys																Arg																Ser																Ala															
<210> 485																																																															
<211> 1197																																																															
<212> DNA																																																															
<213> Corynebacterium glutamicum																																																															
<220>																																																															
<221> CDS																																																															
<222> (101)..(1174)																																																															
<223> RXN02794																																																															
<400> 485																																																															
gcgcccactc atcggcgagc ttcaggagat gaggttgatg ctccattgat aatttctttc 60																																																															
gctaatagtc aaatgatcat ttgagtgtta gtgtttctc atg ctt ctt tcc gcc 115																																																															
Met Leu Leu Ser Ala																																																															
1 5																																																															
cgc aca cac acg agt ttc caa gaa ctt gga ctc aat gct agt cgg cgc 163																																																															
Arg Thr His Thr Ser Phe Gln Glu Leu Gly Leu Asn Ala Ser Arg Arg																																																															
10 15 20																																																															
aaa gca atc aac tgg aca ctg gca ctc act gtg gtg cta att gcc tcc 211																																																															
Lys Ala Ile Asn Trp Thr Leu Ala Leu Thr Val Val Leu Ile Ala Ser																																																															
25 30 35																																																															
atg ttt gtt ggc gtg ctc atc ggt gca tcc ggg acc tca gtg ttt tcc 259																																																															
Met Phe Val Gly Val Leu Ile Gly Ala Ser Gly Thr Ser Val Phe Ser																																																															
40 45 50																																																															
acg tgg acc gta att agc cac cat ctt ttt ggc act gag cta ggt ggc 307																																																															
Thr Trp Thr Val Ile Ser His His Leu Phe Gly Thr Glu Leu Gly Gly																																																															
55 60 65																																																															
tcc gac act gcc gac gcc atc att tgg tac atc cgc acc cca cgc gtc 355																																																															
Ser Asp Thr Ala Asp Ala Ile Ile Trp Tyr Ile Arg Thr Pro Arg Val																																																															
70																75																80																85															

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

tcc gcg ttg atg ggc gca att ttg ctc atc tgg gct gat atc gcc gcc 1075
 Ser Ala Leu Met Gly Ala Ile Leu Leu Ile Trp Ala Asp Ile Ala Ala

310 315 320 325
 cgc acc ctg ctt gcg ccc caa gag att ccc atc ggc atc atc acc gca 1123
 Arg Thr Leu Leu Ala Pro Gln Glu Ile Pro Ile Gly Ile Ile Thr Ala

330 335 340
 ctc atc gga gca ccc ttc ctc ctg att ctg gtt cgc cgg atg cac acc 1171
 Leu Ile Gly Ala Pro Phe Leu Leu Ile Leu Val Arg Arg Met His Thr

345 350 355
 tac tgatttttaa ggaattatgc gta 1197
 Tyr

<210> 486
 <211> 358
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 486
 Met Leu Leu Ser Ala Arg Thr His Thr Ser Phe Gln Glu Leu Gly Leu
 1 5 10 15

Asn Ala Ser Arg Arg Lys Ala Ile Asn Trp Thr Leu Ala Leu Thr Val
 20 25 30

Val Leu Ile Ala Ser Met Phe Val Gly Val Leu Ile Gly Ala Ser Gly
 35 40 45

Thr Ser Val Phe Ser Thr Trp Thr Val Ile Ser His His Leu Phe Gly
 50 55 60

Thr Glu Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Asp Ala Ile Ile Trp Tyr Ile
 65 70 75 80

Arg Thr Pro Arg Val Leu Leu Ala Ala Ile Val Gly Ala Gly Leu Ala
 85 90 95

Leu Ala Gly Ala Ile Met Gln Val Leu Val Arg Asn Met Leu Ala Asp
 100 105 110

Pro Tyr Ile Leu Gly Val Asn Ser Gly Ala Ser Cys Gly Ala Ala Ala
 115 120 125

Ala Leu Leu Phe Gly Val Gly Ala Gly Phe Gly Asp Tyr Ala Leu Gln
 130 135 140

Gly Ser Ala Phe Leu Gly Ala Met Ala Ala Ser Gly Leu Ile Phe Phe
 145 150 155 160

Val Ala Arg Ala Ala Gly Arg Ile Ser Ser Thr Arg Leu Leu Met Ser

[illegible]

<210> 487
<211> 364
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(364)
<223> FRXA01419

```

<400> 487
gcgccactc atcggcgagc ttcaggagat gaggttgatg ctccattgat aatttcttc 60
gctaatagtc aaatgatcat ttgagtgtta gtgtttctc atg ctt ctt tcc gcc 115
                                     Met Leu Leu Ser Ala
                                     1               5
cgc aca cac acg agt ttc caa gaa ctt gga ctc aat gct agt cgg cgc 163

```


Arg Thr His Thr Ser Phe Gln Glu Leu Gly Leu Asn Ala Ser Arg Arg

10 15 20

aaa gca atc aac tgg aca ctg gca ctc act gtg gtg cta att gcc tcc 211

Lys Ala Ile Asn Trp Thr Leu Ala Leu Thr Val Val Leu Ile Ala Ser

25 30 35

atg ttt gtt ggc gtg ctc atc ggt gca tcc ggg acc tca gtg ttt tcc 259

Met Phe Val Gly Val Leu Ile Gly Ala Ser Gly Thr Ser Val Phe Ser

40 45 50

acg tgg acc gta att agc cac cat ctt ttt ggc act gag cta ggt ggc 307

Thr Trp Thr Val Ile Ser His His Leu Phe Gly Thr Glu Leu Gly Gly

55 60 65

tcc gac act gcc gac gcc atc att tgg tac atc cgc acc cca cgc gtc 355

Ser Asp Thr Ala Asp Ala Ile Ile Trp Tyr Ile Arg Thr Pro Arg Val

70 75 80 85

ttg ctc gct 364

Leu Leu Ala

<210> 488

<211> 88

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 488

Met Leu Leu Ser Ala Arg Thr His Thr Ser Phe Gln Glu Leu Gly Leu

1 5 10 15

Asn Ala Ser Arg Arg Lys Ala Ile Asn Trp Thr Leu Ala Leu Thr Val

20 25 30

Val Leu Ile Ala Ser Met Phe Val Gly Val Leu Ile Gly Ala Ser Gly

35 40 45

Thr Ser Val Phe Ser Thr Trp Thr Val Ile Ser His His Leu Phe Gly

50 55 60

Thr Glu Leu Gly Gly Ser Asp Thr Ala Asp Ala Ile Ile Trp Tyr Ile

65 70 75 80

Arg Thr Pro Arg Val Leu Leu Ala

85

<210> 489

<211> 744

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(721)

<223> FRXA02794

<400> 489

tgaactcagg tgccagttgc ggtgcggccg ctgccttact gttcggagtg ggcgctggat 60
ttggcgatta cgcctccaa gcagcgcgtt tctcggcgca atg gca gct tcc gga 115
Met Ala Ala Ser Gly

1 5
ttg atc ttc ttc gtg gcg cgc gca gcg ggg cgc atc tcc tcg acc cgc 163
Leu Ile Phe Phe Val Ala Arg Ala Ala Gly Arg Ile Ser Ser Thr Arg

10 15 20
ttg ttg atg tcc ggc gta gcg atc gga tac atg ctc tct gcg gca aca 211
Leu Leu Met Ser Gly Val Ala Ile Gly Tyr Met Leu Ser Ala Ala Thr

25 30 35
agc ttt ctc atc ttc tcc tcc gac tcc gcc gaa ggc agc cgc tcc gtg 259
Ser Phe Leu Ile Phe Ser Ser Asp Ser Ala Glu Gly Ser Arg Ser Val

40 45 50
ttg ttc tgg ctg ctt gga tcc tta gga ctt gcc gca tgg aat ggg ccg 307
Leu Phe Trp Leu Leu Gly Ser Leu Gly Leu Ala Ala Trp Asn Gly Pro

55 60 65
atg gcg atc atc ttc ctc atc gtg ggc att gcc ctg gcg ttg ctc atg 355
Met Ala Ile Ile Phe Leu Ile Val Gly Ile Ala Leu Ala Leu Leu Met

70 75 80 85
gtg ttg ggt ccg caa ttg gat gcc tta aac tcc ggc gat gaa acc gca 403
Val Leu Gly Pro Gln Leu Asp Ala Leu Asn Ser Gly Asp Glu Thr Ala

90 95 100
ctt acc ttg gga gta tcc cct gat cgc ctc cgc att ctc ctc ctg gtg 451
Leu Thr Leu Gly Val Ser Pro Asp Arg Leu Arg Ile Leu Leu Leu Val

105 110 115
atc acc tgc ctg ctg gtg gga tcc atg gtt gcc atg gcc ggc agc atc 499
Ile Thr Cys Leu Leu Val Gly Ser Met Val Ala Met Ala Gly Ser Ile

120 125 130
gga ttc atc ggc ctt gtc atc ccc cac ctg gcc agg cgt ttt gtt agt 547
Gly Phe Ile Gly Leu Val Ile Pro His Leu Ala Arg Arg Phe Val Ser

135 140 145
gga aaa cac cga ctc atg ctg cct gta tcc gcg ttg atg ggc gca att 595
Gly Lys His Arg Leu Met Leu Pro Val Ser Ala Leu Met Gly Ala Ile

150 155 160 165
ttg ctc atc tgg gct gat atc gcc gcc cgc acc ctg ctt gcg ccc caa 643
Leu Leu Ile Trp Ala Asp Ile Ala Ala Arg Thr Leu Leu Ala Pro Gln

170 175 180
gag att ccc atc ggc atc atc acc gca ctc atc gga gca ccc ttc ctc 691

Glu Ile Pro Ile Gly Ile Ile Thr Ala Leu Ile Gly Ala Pro Phe Leu

185 190 195
ctg att ctg gtt cgc cgg atg cac acc tac tgatttttaa ggaattatgc 741
Leu Ile Leu Val Arg Arg Met His Thr Tyr

200 205
gta 744

<210> 490
<211> 207
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 490
Met Ala Ala Ser Gly Leu Ile Phe Phe Val Ala Arg Ala Ala Gly Arg
1 5 10 15

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

Leu Ser Ala Ala Thr Ser Phe Leu Ile Phe Ser Ser Asp Ser Ala Glu
35 40 45

Gly Ser Arg Ser Val Leu Phe Trp Leu Leu Gly Ser Leu Gly Leu Ala
50 55 60

Ala Trp Asn Gly Pro Met Ala Ile Ile Phe Leu Ile Val Gly Ile Ala
65 70 75 80

Leu Ala Leu Leu Met Val Leu Gly Pro Gln Leu Asp Ala Leu Asn Ser
85 90 95

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

Ile Leu Leu Leu Val Ile Thr Cys Leu Leu Val Gly Ser Met Val Ala
115 120 125

Met Ala Gly Ser Ile Gly Phe Ile Gly Leu Val Ile Pro His Leu Ala
130 135 140

Arg Arg Phe Val Ser Gly Lys His Arg Leu Met Leu Pro Val Ser Ala
145 150 155 160

Leu Met Gly Ala Ile Leu Leu Ile Trp Ala Asp Ile Ala Ala Arg Thr
165 170 175

Leu Leu Ala Pro Gln Glu Ile Pro Ile Gly Ile Ile Thr Ala Leu Ile
180 185 190

Gly Ala Pro Phe Leu Leu Ile Leu Val Arg Arg Met His Thr Tyr
195 200 205

<210> 491

<211> 1140
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1117)
 <223> RXN03079

<400> 491
 gagcgggggtt gctatcgccc gaaagtttag ggttttggtc aatctgttgg ttagtattgc 60
 ttgggtaaac aagtcataac aattttcatt aagggtcgtt ttg tgc cgc aca ggt 115
 Leu Ser Arg Thr Gly
 1 5
 gtt tgc aaa aaa cca aag ctc acc gct cct gtt gtc atc atc ggc acc 163
 Val Ser Lys Lys Pro Lys Leu Thr Ala Pro Val Val Ile Ile Gly Thr
 10 15 20
 ctc gtc ttg ttg atc atc gcc ttc acc gct tcc ctc atg ctg ggt ccc 211
 Leu Val Leu Leu Ile Ile Ala Phe Thr Ala Ser Leu Met Leu Gly Pro
 25 30 35
 gtg acg gtt cca ttg aat gag ctt gca acc aac ccc gtt gtc acc gat 259
 Val Thr Val Pro Leu Asn Glu Leu Ala Thr Asn Pro Val Val Thr Asp
 40 45 50
 atc cgt gca cca cgc att atc atc gca gca ttg gtg ggt gcg gcg ctg 307
 Ile Arg Ala Pro Arg Ile Ile Ile Ala Ala Leu Val Gly Ala Ala Leu
 55 60 65
 gct gtc tcc ggt gcg atc atg cag acg gtg ttt cac aac ccg ttg gcg 355
 Ala Val Ser Gly Ala Ile Met Gln Thr Val Phe His Asn Pro Leu Ala
 70 75 80 85
 gat ccc ggc att gtg ggt gtg tcc tcc ggt gca gct gtt gca gct gtc 403
 Asp Pro Gly Ile Val Gly Val Ser Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Val
 90 95 100
 ttg gcg att gtc acc ggt gcg agt ttc ttt ggc caa tgg acc gtt cct 451
 Leu Ala Ile Val Thr Gly Ala Ser Phe Phe Gly Gln Trp Thr Val Pro
 105 110 115
 ttt gcg gcc ttc gtg ggc gca ttg gtc acg gtg gct gtg gta tat ttg 499
 Phe Ala Ala Phe Val Gly Ala Leu Val Thr Val Ala Val Val Tyr Leu
 120 125 130
 atc gct agt tcc cgc gcg atg gat ggc cgt ggc gca gat ccg gcc acg 547
 Ile Ala Ser Ser Arg Ala Met Asp Gly Arg Gly Ala Asp Pro Ala Thr
 135 140 145
 ttg gta ctg gtc ggc atg gct atc act gcc ttt ttg ggt gct gtt att 595
 Leu Val Leu Val Gly Met Ala Ile Thr Ala Phe Leu Gly Ala Val Ile

150	155	160	165	
tcc agc gcc act gcg aac gca cca caa gat tct gag ctt cga tcc gtg				643
Ser Ser Ala Thr Ala Asn Ala Pro Gln Asp Ser Glu Leu Arg Ser Val				
	170	175	180	
acg ttt tgg ctc aac ggc gat ctg gta tct cgg acg tgg gaa cat gtg				691
Thr Phe Trp Leu Asn Gly Asp Leu Val Ser Arg Thr Trp Glu His Val				
	185	190	195	
ggc gtt gca ata atc ccc att atc gtt ggg ttg att cta gct atc ggc				739
Gly Val Ala Ile Ile Pro Ile Ile Val Gly Leu Ile Leu Ala Ile Gly				
	200	205	210	
ggt tcc cgc gat ctg aac ttg ttg ctg ctg ggt gat tcc aca gcg caa				787
Gly Ser Arg Asp Leu Asn Leu Leu Leu Leu Gly Asp Ser Thr Ala Gln				
	215	220	225	
aca tct gga ctc aac gtc aac cgc gca cgc atc att ttg cta gca ctt				835
Thr Ser Gly Leu Asn Val Asn Arg Ala Arg Ile Ile Leu Leu Ala Leu				
	230	235	240	245
gcg gca ctg ctc acc gcc aca gct gtt gcg gtc tcc ggc acc att acg				883
Ala Ala Leu Leu Thr Ala Thr Ala Val Ala Val Ser Gly Thr Ile Thr				
	250	255	260	
ttt gtt gga ttg gta gta ccc cac ctg gtg cgc att gtt tta ggt gcc				931
Phe Val Gly Leu Val Val Pro His Leu Val Arg Ile Val Leu Gly Ala				
	265	270	275	
gat cac cga gcg tta ctc ccg gcc gcc gcg att ttg ggc gcc acg ttt				979
Asp His Arg Ala Leu Leu Pro Ala Ala Ala Ile Leu Gly Ala Thr Phe				
	280	285	290	
ggt atc gtt tcc gac act gtt gcc cgc atg atc ttc tcc ccc atc gtc				1027
Val Ile Val Ser Asp Thr Val Ala Arg Met Ile Phe Ser Pro Ile Val				
	295	300	305	
ttg caa aca ggc gtg gtg gtg gcg ttc att ggc tca cca att ttc ctt				1075
Leu Gln Thr Gly Val Val Val Ala Phe Ile Gly Ser Pro Ile Phe Leu				
	310	315	320	325
tat tta ctg ctc agc atg cgc aag cga cgc gga ttg ggg ctg				1117
Tyr Leu Leu Leu Ser Met Arg Lys Arg Arg Gly Leu Gly Leu				
	330	335		
taaaaactca tgcctcaatt agt				1140

<210> 492

<211> 339

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 492

Leu Ser Arg Thr Gly Val Ser Lys Lys Pro Lys Leu Thr Ala Pro Val

1	5	10	15
Val Ile Ile Gly Thr Leu Val Leu Leu Ile Ile Ala Phe Thr Ala Ser	20	25	30
Leu Met Leu Gly Pro Val Thr Val Pro Leu Asn Glu Leu Ala Thr Asn	35	40	45
Pro Val Val Thr Asp Ile Arg Ala Pro Arg Ile Ile Ile Ala Ala Leu	50	55	60
Val Gly Ala Ala Leu Ala Val Ser Gly Ala Ile Met Gln Thr Val Phe	65	70	75
His Asn Pro Leu Ala Asp Pro Gly Ile Val Gly Val Ser Ser Gly Ala	85	90	95
Ala Val Ala Ala Val Leu Ala Ile Val Thr Gly Ala Ser Phe Phe Gly	100	105	110
Gln Trp Thr Val Pro Phe Ala Ala Phe Val Gly Ala Leu Val Thr Val	115	120	125
Ala Val Val Tyr Leu Ile Ala Ser Ser Arg Ala Met Asp Gly Arg Gly	130	135	140
Ala Asp Pro Ala Thr Leu Val Leu Val Gly Met Ala Ile Thr Ala Phe	145	150	155
Leu Gly Ala Val Ile Ser Ser Ala Thr Ala Asn Ala Pro Gln Asp Ser	165	170	175
Glu Leu Arg Ser Val Thr Phe Trp Leu Asn Gly Asp Leu Val Ser Arg	180	185	190
Thr Trp Glu His Val Gly Val Ala Ile Ile Pro Ile Ile Val Gly Leu	195	200	205
Ile Leu Ala Ile Gly Gly Ser Arg Asp Leu Asn Leu Leu Leu Gly	210	215	220
Asp Ser Thr Ala Gln Thr Ser Gly Leu Asn Val Asn Arg Ala Arg Ile	225	230	235
Ile Leu Leu Ala Leu Ala Ala Leu Leu Thr Ala Thr Ala Val Ala Val	245	250	255
Ser Gly Thr Ile Thr Phe Val Gly Leu Val Val Pro His Leu Val Arg	260	265	270
Ile Val Leu Gly Ala Asp His Arg Ala Leu Leu Pro Ala Ala Ala Ile	275	280	285
Leu Gly Ala Thr Phe Val Ile Val Ser Asp Thr Val Ala Arg Met Ile	290	295	300
Phe Ser Pro Ile Val Leu Gln Thr Gly Val Val Val Ala Phe Ile Gly	305	310	315
			320

Ser Pro Ile Phe Leu Tyr Leu Leu Leu Ser Met Arg Lys Arg Arg Gly
325 330 335

Leu Gly Leu

<210> 493

<211> 1140

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1117)

<223> FRXA02865

<400> 493

gagcggggtt gctatcgccc gaaagtttag ggttttggtc aatctgttgg ttagtattgc 60
ttgggtaaac aagtcataac aattttcatt aagggtcgtt ttg tgc cgc aca ggt 115
Leu Ser Arg Thr Gly

1 5
gtt tgc aaa aaa cca aag ctc acc gct cct gtt gtc atc atc ggc acc 163
Val Ser Lys Lys Pro Lys Leu Thr Ala Pro Val Val Ile Ile Gly Thr

10 15 20
ctc gtc ttg ttg atc atc gcc ttc acc gct tcc ctc atg ctg ggt ccc 211
Leu Val Leu Leu Ile Ile Ala Phe Thr Ala Ser Leu Met Leu Gly Pro

25 30 35
gtg acg gtt cca ttg aat gag ctt gca acc aac ccc gtt gtc acc gat 259
Val Thr Val Pro Leu Asn Glu Leu Ala Thr Asn Pro Val Val Thr Asp

40 45 50
atc cgt gca cca cgc att atc atc gca gca ttg gtg ggt gcg gcg ctg 307
Ile Arg Ala Pro Arg Ile Ile Ile Ala Ala Leu Val Gly Ala Ala Leu

55 60 65
gct gtc tcc ggt gcg atc atg cag acg gtg ttt cac aac ccg ttg gcg 355
Ala Val Ser Gly Ala Ile Met Gln Thr Val Phe His Asn Pro Leu Ala

70 75 80 85
gat ccc ggc att gtg ggt gtg tcc tcc ggt gca gct gtt gca gct gtc 403
Asp Pro Gly Ile Val Gly Val Ser Ser Gly Ala Ala Val Ala Ala Val

90 95 100
ttg gcg att gtc acc ggt gcg agt ttc ttt ggc caa tgg acc gtt cct 451
Leu Ala Ile Val Thr Gly Ala Ser Phe Phe Gly Gln Trp Thr Val Pro

105 110 115
ttt gcg gcc ttc gtg ggc gca ttg gtc acg gtg gct gtg gta tat ttg 499
Phe Ala Ala Phe Val Gly Ala Leu Val Thr Val Ala Val Val Tyr Leu

120 125 130
atc gct agt tcc cgc gcg atg gat ggc cgt ggc gca gat ccg gcc acg 547

Ile Ala Ser Ser Arg Ala Met Asp Gly Arg Gly Ala Asp Pro Ala Thr

135 140 145
 ttg gta ctg gtc ggc atg gct atc act gcc ttt ttg ggt gct gtt att 595
 Leu Val Leu Val Gly Met Ala Ile Thr Ala Phe Leu Gly Ala Val Ile

150 155 160 165
 tcc agc gcc act gcg aac gca cca caa gat tct gag ctt cga tcc gtg 643
 Ser Ser Ala Thr Ala Asn Ala Pro Gln Asp Ser Glu Leu Arg Ser Val

170 175 180
 acg ttt tgg ctc aac ggc gat ctg gta tct cgg acg tgg gaa cat gtg 691
 Thr Phe Trp Leu Asn Gly Asp Leu Val Ser Arg Thr Trp Glu His Val

185 190 195
 ggc gtt gca ata atc ccc att atc gtt ggg ttg att cta gct atc ggc 739
 Gly Val Ala Ile Ile Pro Ile Ile Val Gly Leu Ile Leu Ala Ile Gly

200 205 210
 ggt tcc cgc gat ctg aac ttg ttg ctg ctg ggt gat tcc aca gcg caa 787
 Gly Ser Arg Asp Leu Asn Leu Leu Leu Leu Gly Asp Ser Thr Ala Gln

215 220 225
 aca tct gga ctc aac gtc aac cgc gca cgc atc att ttg cta gca ctt 835
 Thr Ser Gly Leu Asn Val Asn Arg Ala Arg Ile Ile Leu Leu Ala Leu

230 235 240 245
 gcg gca ctg ctc acc gcc aca gct gtt gcg gtc tcc ggc acc att acg 883
 Ala Ala Leu Leu Thr Ala Thr Ala Val Ala Val Ser Gly Thr Ile Thr

250 255 260
 ttt gtt gga ttg gta gta ccc cac ctg gtg cgc att gtt tta ggt gcc 931
 Phe Val Gly Leu Val Val Pro His Leu Val Arg Ile Val Leu Gly Ala

265 270 275
 gat cac cga gcg tta ctc ccg gcc gcc gcg att ttg ggc gcc acg ttt 979
 Asp His Arg Ala Leu Leu Pro Ala Ala Ala Ile Leu Gly Ala Thr Phe

280 285 290
 gtt atc gtt tcc gac act gtt gcc cgc atg atc ttc tcc ccc atc gtc 1027
 Val Ile Val Ser Asp Thr Val Ala Arg Met Ile Phe Ser Pro Ile Val

295 300 305
 ttg caa aca ggc gtg gtg gcg ttc att ggc tca cca att ttc ctt 1075
 Leu Gln Thr Gly Val Val Val Ala Phe Ile Gly Ser Pro Ile Phe Leu

310 315 320 325
 tat tta ctg ctc agc atg cgc aag cga cgc gga ttg ggg ctg 1117
 Tyr Leu Leu Leu Ser Met Arg Lys Arg Arg Gly Leu Gly Leu

330 335
 taaaaactca tgcctcaatt agt 1140

<210> 494

<211> 339

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 494

Leu Ser Arg Thr Gly Val Ser Lys Lys Pro Lys Leu Thr Ala Pro Val
1 5 10 15

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

Leu Met Leu Gly Pro Val Thr Val Pro Leu Asn Glu Leu Ala Thr Asn
35 40 45

Pro Val Val Thr Asp Ile Arg Ala Pro Arg Ile Ile Ile Ala Ala Leu
50 55 60

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

His Asn Pro Leu Ala Asp Pro Gly Ile Val Gly Val Ser Ser Gly Ala
85 90 95

Ala Val Ala Ala Val Leu Ala Ile Val Thr Gly Ala Ser Phe Phe Gly
100 105 110

Gln Trp Thr Val Pro Phe Ala Ala Phe Val Gly Ala Leu Val Thr Val
115 120 125

Ala Val Val Tyr Leu Ile Ala Ser Ser Arg Ala Met Asp Gly Arg Gly
130 135 140

Ala Asp Pro Ala Thr Leu Val Leu Val Gly Met Ala Ile Thr Ala Phe
145 150 155 160

Leu Gly Ala Val Ile Ser Ser Ala Thr Ala Asn Ala Pro Gln Asp Ser
165 170 175

Glu Leu Arg Ser Val Thr Phe Trp Leu Asn Gly Asp Leu Val Ser Arg
180 185 190

Thr Trp Glu His Val Gly Val Ala Ile Ile Pro Ile Ile Val Gly Leu
195 200 205

Ile Leu Ala Ile Gly Gly Ser Arg Asp Leu Asn Leu Leu Leu Gly
210 215 220

Asp Ser Thr Ala Gln Thr Ser Gly Leu Asn Val Asn Arg Ala Arg Ile
225 230 235 240

Ile Leu Leu Ala Leu Ala Ala Leu Leu Thr Ala Thr Ala Val Ala Val
245 250 255

Ser Gly Thr Ile Thr Phe Val Gly Leu Val Val Pro His Leu Val Arg
260 265 270

Ile Val Leu Gly Ala Asp His Arg Ala Leu Leu Pro Ala Ala Ala Ile

275 280 285
 Leu Gly Ala Thr Phe Val Ile Val Ser Asp Thr Val Ala Arg Met Ile
 290 295 300
 Phe Ser Pro Ile Val Leu Gln Thr Gly Val Val Val Ala Phe Ile Gly
 305 310 315 320
 Ser Pro Ile Phe Leu Tyr Leu Leu Leu Ser Met Arg Lys Arg Arg Gly
 325 330 335
 Leu Gly Leu
 <210> 495
 <211> 1695
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1672)
 <223> RXA00181
 <400> 495
 gtatatcag acaccacgt cgattagtgt ttagttcac agtgccttatt ttttatttgt 60
 atctttgcac gtttgtcccc tacccaaaag gagaaacctc atg agc gat aac acc 115
 Met Ser Asp Asn Thr
 1 5
 tgg ttc atc ata gcc atc gtt atc tat atg ttg gtg atg gtg ctc atc 163
 Trp Phe Ile Ile Ala Ile Val Ile Tyr Met Leu Val Met Val Leu Ile
 10 15 20
 ggc tat tgg agt tac cgc aag aca gaa aaa tac gac gac tac atg ctc 211
 Gly Tyr Trp Ser Tyr Arg Lys Thr Glu Lys Tyr Asp Asp Tyr Met Leu
 25 30 35
 gcc ggc cgc ggg ctc aac cct ttt gtt gcc gca atg tcc gca ggt gcc 259
 Ala Gly Arg Gly Leu Asn Pro Phe Val Ala Ala Met Ser Ala Gly Ala
 40 45 50
 tca gat atg tca ggt tgg ctg ctc atg ggt ctg ccc ggc gcg ctg ttt 307
 Ser Asp Met Ser Gly Trp Leu Leu Met Gly Leu Pro Gly Ala Leu Phe
 55 60 65
 gtc acc ggc atg tcc gag ttg tgg atc gca gtc gga ctc acc att ggt 355
 Val Thr Gly Met Ser Glu Leu Trp Ile Ala Val Gly Leu Thr Ile Gly
 70 75 80 85
 gca tgg gcg aac tgg atg tgg gtg gca cct cgt ctt cgt tct tat tcc 403
 Ala Trp Ala Asn Trp Met Trp Val Ala Pro Arg Leu Arg Ser Tyr Ser
 90 95 100
 gaa atc tcg gcc aac tca atc acc ctg cct tca ttc ttt gag aac cga 451

Glu Ile Ser Ala Asn Ser Ile Thr Leu Pro Ser Phe Phe Glu Asn Arg

105 110 115
 ctt cgc gat aaa tct cgc gcg ctt cgc atc att gca gca cta att atc 499
 Leu Arg Asp Lys Ser Arg Ala Leu Arg Ile Ile Ala Ala Leu Ile Ile

120 125 130
 att gtg ttc ttc acc ttc tac att tct tca ggc atg gtt gct ggt gga 547
 Ile Val Phe Phe Thr Phe Tyr Ile Ser Ser Gly Met Val Ala Gly Gly

135 140 145
 gtg tat tgg gag tcc acg ttt ggt gga gat tat cta ctc ggt atg gcc 595
 Val Tyr Trp Glu Ser Thr Phe Gly Gly Asp Tyr Leu Leu Gly Met Ala

150 155 160 165
 att gtc gca ggt gtg aca gtg ctg tat acc ttc att gga gga ttc ctt 643
 Ile Val Ala Gly Val Thr Val Leu Tyr Thr Phe Ile Gly Gly Phe Leu

170 175 180
 gct gtg tct tat aca gac gca gtt cag ggg act atc atg ttc ttc tcg 691
 Ala Val Ser Tyr Thr Asp Ala Val Gln Gly Thr Ile Met Phe Phe Ser

185 190 195
 ttg atc atc gtg cca gtc atg gca tat ttc gca ctg gcg aac ccc atg 739
 Leu Ile Ile Val Pro Val Met Ala Tyr Phe Ala Leu Ala Asn Pro Met

200 205 210
 gat att tgg agc ttt gca aac tct aat gat tac ggc ccg cac acc gat 787
 Asp Ile Trp Ser Phe Ala Asn Ser Asn Asp Tyr Gly Pro His Thr Asp

215 220 225
 gga att ggc aat ccc acc tac ttc tcc atg atc agt ggc att tct gca 835
 Gly Ile Gly Asn Pro Thr Tyr Phe Ser Met Ile Ser Gly Ile Ser Ala

230 235 240 245
 gca gca atc att ggt aac tta ggt tgg ggt ctt gga tac ttc ggc cag 883
 Ala Ala Ile Ile Gly Asn Leu Gly Trp Gly Leu Gly Tyr Phe Gly Gln

250 255 260
 cca cac att gtg gtt cgt ttc atg gca ctt cgc aca cca gct gaa gca 931
 Pro His Ile Val Val Arg Phe Met Ala Leu Arg Thr Pro Ala Glu Ala

265 270 275
 aag caa ggt cgt cgc atc ggt att tcc tgg atg ata atc tgc ctg att 979
 Lys Gln Gly Arg Arg Ile Gly Ile Ser Trp Met Ile Ile Cys Leu Ile

280 285 290
 ggt gca acc ttt acc gca att atc tcc aca gtt ttc ttt gca caa aac 1027
 Gly Ala Thr Phe Thr Ala Ile Ile Ser Thr Val Phe Phe Ala Gln Asn

295 300 305
 ccc gac gcc aac atc act gac aca agg gct tat gag tcc atc ttc cta 1075
 Pro Asp Ala Asn Ile Thr Asp Thr Arg Ala Tyr Glu Ser Ile Phe Leu

310 315 320 325

gat ctt gcc cgg atg ctg ttc cac cca ttg atc gct gga ctt att ctg 1123
Asp Leu Ala Arg Met Leu Phe His Pro Leu Ile Ala Gly Leu Ile Leu

330 335 340
act gct gtt ctc gcg gcc atc atg tct acc atg tcg tca cag ctg ctg 1171
Thr Ala Val Leu Ala Ala Ile Met Ser Thr Met Ser Ser Gln Leu Leu

345 350 355
gtc acc gca tct tcc ctg att gag gac ctg ctg aag gta gtt aaa aag 1219
Val Thr Ala Ser Ser Leu Ile Glu Asp Leu Leu Lys Val Val Lys Lys

360 365 370
gac tcg ctg agc gaa cgc acc ctg atc atg ctg tct cgt gcc aca gtc 1267
Asp Ser Leu Ser Glu Arg Thr Leu Ile Met Leu Ser Arg Ala Thr Val

375 380 385
atc att ctg gcg atc att gca gca gcc atg gct att aac ccg tct gat 1315
Ile Ile Leu Ala Ile Ile Ala Ala Ala Met Ala Ile Asn Pro Ser Asp

390 395 400 405
tcc atc ctc gga ttg gtg gga ttt gcg tgg gca gga ttc ggc tct gca 1363
Ser Ile Leu Gly Leu Val Gly Phe Ala Trp Ala Gly Phe Gly Ser Ala

410 415 420
ttt ggt ccg atc ata ctt gct agc ctt tat tgg aag cgt ctc aac gcc 1411
Phe Gly Pro Ile Ile Leu Ala Ser Leu Tyr Trp Lys Arg Leu Asn Ala

425 430 435
gcc ggc gct atc tcc ggc atg att act ggt gct att gtc tcc atc gcg 1459
Ala Gly Ala Ile Ser Gly Met Ile Thr Gly Ala Ile Val Ser Ile Ala

440 445 450
tgg ggt atg tcc cca cta agc gat acg ttg tat gaa atc atc cca ggt 1507
Trp Gly Met Ser Pro Leu Ser Asp Thr Leu Tyr Glu Ile Ile Pro Gly

455 460 465
ttc gcc ttg gca acc atc gtg atg gtc gtt gtt tcc ctc ctg aca aag 1555
Phe Ala Leu Ala Thr Ile Val Met Val Val Val Ser Leu Leu Thr Lys

470 475 480 485
gaa ccc tcc gaa gaa atc ctc aac gag ttt gaa acc gcc aag gat ctt 1603
Glu Pro Ser Glu Glu Ile Leu Asn Glu Phe Glu Thr Ala Lys Asp Leu

490 495 500
gct gcc gct gtg gaa tca aac gag gat gtt gat ttc gct gac gca gct 1651
Ala Ala Ala Val Glu Ser Asn Glu Asp Val Asp Phe Ala Asp Ala Ala

505 510 515
cag aag ctt tcg aaa gaa agt taagccttag agggaaccaa acg 1695
Gln Lys Leu Ser Lys Glu Ser

520

<210> 496

<211> 524

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 496

Met Ser Asp Asn Thr Trp Phe Ile Ile Ala Ile Val Ile Tyr Met Leu
1 5 10 15

Val Met Val Leu Ile Gly Tyr Trp Ser Tyr Arg Lys Thr Glu Lys Tyr
20 25 30

Asp Asp Tyr Met Leu Ala Gly Arg Gly Leu Asn Pro Phe Val Ala Ala
35 40 45

Met Ser Ala Gly Ala Ser Asp Met Ser Gly Trp Leu Leu Met Gly Leu
50 55 60

Pro Gly Ala Leu Phe Val Thr Gly Met Ser Glu Leu Trp Ile Ala Val
65 70 75 80

Gly Leu Thr Ile Gly Ala Trp Ala Asn Trp Met Trp Val Ala Pro Arg
85 90 95

Leu Arg Ser Tyr Ser Glu Ile Ser Ala Asn Ser Ile Thr Leu Pro Ser
100 105 110

Phe Phe Glu Asn Arg Leu Arg Asp Lys Ser Arg Ala Leu Arg Ile Ile
115 120 125

Ala Ala Leu Ile Ile Ile Val Phe Phe Thr Phe Tyr Ile Ser Ser Gly
130 135 140

Met Val Ala Gly Gly Val Tyr Trp Glu Ser Thr Phe Gly Gly Asp Tyr
145 150 155 160

Leu Leu Gly Met Ala Ile Val Ala Gly Val Thr Val Leu Tyr Thr Phe
165 170 175

Ile Gly Gly Phe Leu Ala Val Ser Tyr Thr Asp Ala Val Gln Gly Thr
180 185 190

Ile Met Phe Phe Ser Leu Ile Ile Val Pro Val Met Ala Tyr Phe Ala
195 200 205

Leu Ala Asn Pro Met Asp Ile Trp Ser Phe Ala Asn Ser Asn Asp Tyr
210 215 220

Gly Pro His Thr Asp Gly Ile Gly Asn Pro Thr Tyr Phe Ser Met Ile
225 230 235 240

Ser Gly Ile Ser Ala Ala Ala Ile Ile Gly Asn Leu Gly Trp Gly Leu
245 250 255

Gly Tyr Phe Gly Gln Pro His Ile Val Val Arg Phe Met Ala Leu Arg
260 265 270

Thr Pro Ala Glu Ala Lys Gln Gly Arg Arg Ile Gly Ile Ser Trp Met

275 280 285
 Ile Ile Cys Leu Ile Gly Ala Thr Phe Thr Ala Ile Ile Ser Thr Val
 290 295 300
 Phe Phe Ala Gln Asn Pro Asp Ala Asn Ile Thr Asp Thr Arg Ala Tyr
 305 310 315 320
 Glu Ser Ile Phe Leu Asp Leu Ala Arg Met Leu Phe His Pro Leu Ile
 325 330 335
 Ala Gly Leu Ile Leu Thr Ala Val Leu Ala Ala Ile Met Ser Thr Met
 340 345 350
 Ser Ser Gln Leu Leu Val Thr Ala Ser Ser Leu Ile Glu Asp Leu Leu
 355 360 365
 Lys Val Val Lys Lys Asp Ser Leu Ser Glu Arg Thr Leu Ile Met Leu
 370 375 380
 Ser Arg Ala Thr Val Ile Ile Leu Ala Ile Ile Ala Ala Ala Met Ala
 385 390 395 400
 Ile Asn Pro Ser Asp Ser Ile Leu Gly Leu Val Gly Phe Ala Trp Ala
 405 410 415
 Gly Phe Gly Ser Ala Phe Gly Pro Ile Ile Leu Ala Ser Leu Tyr Trp
 420 425 430
 Lys Arg Leu Asn Ala Ala Gly Ala Ile Ser Gly Met Ile Thr Gly Ala
 435 440 445
 Ile Val Ser Ile Ala Trp Gly Met Ser Pro Leu Ser Asp Thr Leu Tyr
 450 455 460
 Glu Ile Ile Pro Gly Phe Ala Leu Ala Thr Ile Val Met Val Val Val
 465 470 475 480
 Ser Leu Leu Thr Lys Glu Pro Ser Glu Glu Ile Leu Asn Glu Phe Glu
 485 490 495
 Thr Ala Lys Asp Leu Ala Ala Ala Val Glu Ser Asn Glu Asp Val Asp
 500 505 510
 Phe Ala Asp Ala Ala Gln Lys Leu Ser Lys Glu Ser
 515 520

<210> 497

<211> 1476

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1453)

<223> RXA00591

<400> 497

gcaacgccac aggcaaaatc caaaagaaca tcctgcgaga cttcaccatc cccgtttcat 60
aaacccccca acgtcacttt gaaaacactt ggagaacgca atg act aca tct tcc 115
Met Thr Thr Ser Ser

1 5
aca gct tcg ccg atc gct gaa tta caa aac ctc agc ccg aag caa aga 163
Thr Ala Ser Pro Ile Ala Glu Leu Gln Asn Leu Ser Pro Lys Gln Arg

10 15 20
aaa tca gaa tcc cgg cgc gcg att ata tcc agc tac ttg ggc tcc acg 211
Lys Ser Glu Ser Arg Arg Ala Ile Ile Ser Ser Tyr Leu Gly Ser Thr

25 30 35
atc gag ttc tat gac ttc ctg tta tat gcc gca gcc tcc gcg acg gta 259
Ile Glu Phe Tyr Asp Phe Leu Leu Tyr Ala Ala Ala Ser Ala Thr Val

40 45 50
ttc ccc gca gtg ttc ttt acc aat ctc gat ccg ctg gct gga acc att 307
Phe Pro Ala Val Phe Phe Thr Asn Leu Asp Pro Leu Ala Gly Thr Ile

55 60 65
gcc gcc tac gga acc ttc gcc gca ggt tat tta gct agg cca ctt ggt 355
Ala Ala Tyr Gly Thr Phe Ala Ala Gly Tyr Leu Ala Arg Pro Leu Gly

70 75 80 85
gga gca atc ttc gga cac ttc ggt gac cgt ctt gga cgc aag aag atg 403
Gly Ala Ile Phe Gly His Phe Gly Asp Arg Leu Gly Arg Lys Lys Met

90 95 100
ctt gtg ttg tcc atg ctc atc atg ggt gtg gca tcc aca tgc atc ggc 451
Leu Val Leu Ser Met Leu Ile Met Gly Val Ala Ser Thr Cys Ile Gly

105 110 115
ctt gtc cca agc gct gaa atg atc gga agc atg ggc gcg gta atc ctg 499
Leu Val Pro Ser Ala Glu Met Ile Gly Ser Met Gly Ala Val Ile Leu

120 125 130
atc atg ctg cgc atc tgc caa ggc atc gct gtc ggt ggc gaa tgg ggc 547
Ile Met Leu Arg Ile Cys Gln Gly Ile Ala Val Gly Gly Glu Trp Gly

135 140 145
gga gct gcc ctc atg gcg ctc gag cac tca gat tcc aag aag cgc gga 595
Gly Ala Ala Leu Met Ala Leu Glu His Ser Asp Ser Lys Lys Arg Gly

150 155 160 165
ttc gcc gcc tcc ttc acc aac gct ggt gca cca acc ggc gct gca ctg 643
Phe Ala Ala Ser Phe Thr Asn Ala Gly Ala Pro Thr Gly Ala Ala Leu

170 175 180
gga acc ttc gcg ctc ggt acc gca tct gct gtt ctc acc cag gag caa 691
Gly Thr Phe Ala Leu Gly Thr Ala Ser Ala Val Leu Thr Gln Glu Gln

185 190 195

ttc ctt tca tgg ggt tgg cgc atc cca ttc ctg ctc tct ttc gtt ctg 739
 Phe Leu Ser Trp Gly Trp Arg Ile Pro Phe Leu Leu Ser Phe Val Leu

 200 205 210
 ctg att gtc ggc ttg gtt atc cgc gcg aaa gtt agc gaa tca cca ctg 787
 Leu Ile Val Gly Leu Val Ile Arg Ala Lys Val Ser Glu Ser Pro Leu

 215 220 225
 ttc gca gct gca gcg gcc gcc gaa aaa gcc aag cca acc gaa cgt aaa 835
 Phe Ala Ala Ala Ala Ala Ala Glu Lys Ala Lys Pro Thr Glu Arg Lys

 230 235 240 245
 gtc ccc ctc ttg cag gtt ctt cgc cga cca aag gca ctg atc ttg acc 883
 Val Pro Leu Leu Gln Val Leu Arg Arg Pro Lys Ala Leu Ile Leu Thr

 250 255 260
 atg ctt ggc ggc gca tca gga ttc gga ctt caa gtt ctc ttg tcc acc 931
 Met Leu Gly Gly Ala Ser Gly Phe Gly Leu Gln Val Leu Leu Ser Thr

 265 270 275
 ttc tcc atc agc tac gca aca caa tcc ggc atc gaa aga tcc agc gtc 979
 Phe Ser Ile Ser Tyr Ala Thr Gln Ser Gly Ile Glu Arg Ser Ser Val

 280 285 290
 ctc tac gcc ttc gca gtc gcc tca gtg ttc tct gtc ttc ttt gtg atc 1027
 Leu Tyr Ala Phe Ala Val Ala Ser Val Phe Ser Val Phe Phe Val Ile

 295 300 305
 ctc ttc ggt cgc gta tcc gac ctc ttc gga cgc cga ccc gtc atg atc 1075
 Leu Phe Gly Arg Val Ser Asp Leu Phe Gly Arg Arg Pro Val Met Ile

 310 315 320 325
 atc gcg ctc gta ctg ttc gtg gcc tac ctg ccg gca ttc ttc cgg atg 1123
 Ile Ala Leu Val Leu Phe Val Ala Tyr Leu Pro Ala Phe Phe Arg Met

 330 335 340
 ctc acc tca gac aac tgg ttc atc ctg ctc tcg gca ttc acc atc gcg 1171
 Leu Thr Ser Asp Asn Trp Phe Ile Leu Leu Ser Ala Phe Thr Ile Ala

 345 350 355
 ctc gca ctc cac gcc atg ctt tac ggc cca cta gca gcg ttt atc tcc 1219
 Leu Ala Leu His Ala Met Leu Tyr Gly Pro Leu Ala Ala Phe Ile Ser

 360 365 370
 gaa caa ttc gga acc tcc gcg cgc tac aca ggc gca tcc ctg ggt tac 1267
 Glu Gln Phe Gly Thr Ser Ala Arg Tyr Thr Gly Ala Ser Leu Gly Tyr

 375 380 385
 cag ttg gcc acg ctc atc ggt gca gga ttc acc cca acc atc ctg gct 1315
 Gln Leu Ala Thr Leu Ile Gly Ala Gly Phe Thr Pro Thr Ile Leu Ala

 390 395 400 405
 agc ctc tac gcg gga cca ggc ggc gga acc tct gtc acc cca gtc atc 1363
 Ser Leu Tyr Ala Gly Pro Gly Gly Gly Thr Ser Val Thr Pro Val Ile

 410 415 420

gtc ttc ctc gca acg atg tcc cta gtg tcc atc atc gcc atc gca atc 1411
Val Phe Leu Ala Thr Met Ser Leu Val Ser Ile Ile Ala Ile Ala Ile

425 430 435
acc aga gaa tca aaa gac cac gat ctt tct act tac gaa cac 1453
Thr Arg Glu Ser Lys Asp His Asp Leu Ser Thr Tyr Glu His

440 445 450
taaggggacg ataggtcaa ttt 1476

<210> 498
<211> 451
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 498
Met Thr Thr Ser Ser Thr Ala Ser Pro Ile Ala Glu Leu Gln Asn Leu
1 5 10 15
Ser Pro Lys Gln Arg Lys Ser Glu Ser Arg Arg Ala Ile Ile Ser Ser
20 25 30
Tyr Leu Gly Ser Thr Ile Glu Phe Tyr Asp Phe Leu Leu Tyr Ala Ala
35 40 45
Ala Ser Ala Thr Val Phe Pro Ala Val Phe Phe Thr Asn Leu Asp Pro
50 55 60
Leu Ala Gly Thr Ile Ala Ala Tyr Gly Thr Phe Ala Ala Gly Tyr Leu
65 70 75 80
Ala Arg Pro Leu Gly Gly Ala Ile Phe Gly His Phe Gly Asp Arg Leu
85 90 95
Gly Arg Lys Lys Met Leu Val Leu Ser Met Leu Ile Met Gly Val Ala
100 105 110
Ser Thr Cys Ile Gly Leu Val Pro Ser Ala Glu Met Ile Gly Ser Met
115 120 125
Gly Ala Val Ile Leu Ile Met Leu Arg Ile Cys Gln Gly Ile Ala Val
130 135 140
Gly Gly Glu Trp Gly Gly Ala Ala Leu Met Ala Leu Glu His Ser Asp
145 150 155 160
Ser Lys Lys Arg Gly Phe Ala Ala Ser Phe Thr Asn Ala Gly Ala Pro
165 170 175
Thr Gly Ala Ala Leu Gly Thr Phe Ala Leu Gly Thr Ala Ser Ala Val
180 185 190
Leu Thr Gln Glu Gln Phe Leu Ser Trp Gly Trp Arg Ile Pro Phe Leu
195 200 205

Leu Ser Phe Val Leu Leu Ile Val Gly Leu Val Ile Arg Ala Lys Val
210 215 220

Ser Glu Ser Pro Leu Phe Ala Ala Ala Ala Ala Glu Lys Ala Lys
225 230 235 240

Pro Thr Glu Arg Lys Val Pro Leu Leu Gln Val Leu Arg Arg Pro Lys
245 250 255

Ala Leu Ile Leu Thr Met Leu Gly Gly Ala Ser Gly Phe Gly Leu Gln
260 265 270

Val Leu Leu Ser Thr Phe Ser Ile Ser Tyr Ala Thr Gln Ser Gly Ile
275 280 285

Glu Arg Ser Ser Val Leu Tyr Ala Phe Ala Val Ala Ser Val Phe Ser
290 295 300

Val Phe Phe Val Ile Leu Phe Gly Arg Val Ser Asp Leu Phe Gly Arg
305 310 315 320

Arg Pro Val Met Ile Ile Ala Leu Val Leu Phe Val Ala Tyr Leu Pro
325 330 335

Ala Phe Phe Arg Met Leu Thr Ser Asp Asn Trp Phe Ile Leu Leu Ser
340 345 350

Ala Phe Thr Ile Ala Leu Ala Leu His Ala Met Leu Tyr Gly Pro Leu
355 360 365

Ala Ala Phe Ile Ser Glu Gln Phe Gly Thr Ser Ala Arg Tyr Thr Gly
370 375 380

Ala Ser Leu Gly Tyr Gln Leu Ala Thr Leu Ile Gly Ala Gly Phe Thr
385 390 395 400

Pro Thr Ile Leu Ala Ser Leu Tyr Ala Gly Pro Gly Gly Gly Thr Ser
405 410 415

Val Thr Pro Val Ile Val Phe Leu Ala Thr Met Ser Leu Val Ser Ile
420 425 430

Ile Ala Ile Ala Ile Thr Arg Glu Ser Lys Asp His Asp Leu Ser Thr
435 440 445

Tyr Glu His
450

<210> 499

<211> 1635

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1612)

<223> RXA01629

<400> 499

caggaagaag ttaacaccgc ccaggggtgc gttggatgat gatcatctac aaacaaacat 60
tccgttatgc actcataaga tatgacgaga ggttttactc gtg agc ccg att cgc 115
Val Ser Pro Ile Arg

1 5
tca aaa aag aaa atc aag aac gaa cca aga cta aca gtc gat gac gtc 163
Ser Lys Lys Lys Ile Lys Asn Glu Pro Arg Leu Thr Val Asp Asp Val

10 15 20
aac gtt gtt ccc cca aag aag atc cgt ccg gcc att aaa ggc act gtg 211
Asn Val Val Pro Pro Lys Lys Ile Arg Pro Ala Ile Lys Gly Thr Val

25 30 35
gtg ggt aac ttc atg gag tgg tac gac ttc gga att tat ggt tat ttg 259
Val Gly Asn Phe Met Glu Trp Tyr Asp Phe Gly Ile Tyr Gly Tyr Leu

40 45 50
acg gtc acg atg acc gca gta ttt acc caa ggc ctg ccg caa gaa tgg 307
Thr Val Thr Met Thr Ala Val Phe Thr Gln Gly Leu Pro Gln Glu Trp

55 60 65
cag ttg ttg gcc gtg atg ttt ggt ttc gcg gtg tct tat tta gtt cgc 355
Gln Leu Leu Ala Val Met Phe Gly Phe Ala Val Ser Tyr Leu Val Arg

70 75 80 85
ccg ctt ggt ggc ctg gtt ctg ggt ccg ctt ggc gat aag gtt ggc cgc 403
Pro Leu Gly Gly Leu Val Leu Gly Pro Leu Gly Asp Lys Val Gly Arg

90 95 100
cag aag gtt ttg tac gta acc atg gcc atg atg gcc gtg tct acg gcg 451
Gln Lys Val Leu Tyr Val Thr Met Ala Met Met Ala Val Ser Thr Ala

105 110 115
ctg att ggc ttg ctg ccg acg gcg gcg tgc ata ggc gct tgg gct ttg 499
Leu Ile Gly Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ser Ile Gly Ala Trp Ala Leu

120 125 130
gtg ctt ttg tac ctg ttg aag atg gtg cag gga ttt tgc act ggt ggt 547
Val Leu Leu Tyr Leu Leu Lys Met Val Gln Gly Phe Ser Thr Gly Gly

135 140 145
gaa tat gct ggt gcg acc acc tat gtt gct gag ttt gcg ccg gat cgt 595
Glu Tyr Ala Gly Ala Thr Thr Tyr Val Ala Glu Phe Ala Pro Asp Arg

150 155 160 165
cga cga ggt ttc ttc gga gct ttc cta gat atg ggt tcc tac ctg ggc 643
Arg Arg Gly Phe Phe Gly Ala Phe Leu Asp Met Gly Ser Tyr Leu Gly

170 175 180
ttt gcc gcg ggt gct tgc gtc gtg gcg att act acc tgg gtg acc act 691
Phe Ala Ala Gly Ala Ser Val Val Ala Ile Thr Thr Trp Val Thr Thr

185 190 195

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

ctg ctg cag aag act ggc ctg gat atc gtt cca gcg ctc tac atc atg 1411
 Leu Leu Gln Lys Thr Gly Leu Asp Ile Val Pro Ala Leu Tyr Ile Met

425 430 435
 ttc ttc tct gca atc gca ggt gtg gcg ctg ctg ttc atg acc gag tct 1459
 Phe Phe Ser Ala Ile Ala Gly Val Ala Leu Leu Phe Met Thr Glu Ser

440 445 450
 tca cag aag cca ctg ctt ggc tca ttc cca acc gtg gaa acc aag tct 1507
 Ser Gln Lys Pro Leu Leu Gly Ser Phe Pro Thr Val Glu Thr Lys Ser

455 460 465
 gag gcc gtg gag atc gtg aag aac cag gac gag gat cca aat att gat 1555
 Glu Ala Val Glu Ile Val Lys Asn Gln Asp Glu Asp Pro Asn Ile Asp

470 475 480 485
 ctt tcc cat atg ccg ttt cct gat gag gaa aac gta ggt gct gaa aag 1603
 Leu Ser His Met Pro Phe Pro Asp Glu Glu Asn Val Gly Ala Glu Lys

490 495 500
 caa aac gca taaccgtaaa gcccgtgca agg 1635
 Gln Asn Ala

<210> 500
 <211> 504
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 500
 Val Ser Pro Ile Arg Ser Lys Lys Lys Ile Lys Asn Glu Pro Arg Leu
 1 5 10 15

Thr Val Asp Asp Val Asn Val Val Pro Pro Lys Lys Ile Arg Pro Ala
 20 25 30

Ile Lys Gly Thr Val Val Gly Asn Phe Met Glu Trp Tyr Asp Phe Gly
 35 40 45

Ile Tyr Gly Tyr Leu Thr Val Thr Met Thr Ala Val Phe Thr Gln Gly
 50 55 60

Leu Pro Gln Glu Trp Gln Leu Leu Ala Val Met Phe Gly Phe Ala Val
 65 70 75 80

Ser Tyr Leu Val Arg Pro Leu Gly Gly Leu Val Leu Gly Pro Leu Gly
 85 90 95

Asp Lys Val Gly Arg Gln Lys Val Leu Tyr Val Thr Met Ala Met Met
 100 105 110

Ala Val Ser Thr Ala Leu Ile Gly Leu Leu Pro Thr Ala Ala Ser Ile
 115 120 125

Gly Ala Trp Ala Leu Val Leu Leu Tyr Leu Leu Lys Met Val Gln Gly
130 135 140

Phe Ser Thr Gly Gly Glu Tyr Ala Gly Ala Thr Thr Tyr Val Ala Glu
145 150 155 160

Phe Ala Pro Asp Arg Arg Arg Gly Phe Phe Gly Ala Phe Leu Asp Met
165 170 175

Gly Ser Tyr Leu Gly Phe Ala Ala Gly Ala Ser Val Val Ala Ile Thr
180 185 190

Thr Trp Val Thr Thr His Phe Tyr Gly Ala Thr Ala Met Glu Asp Phe
195 200 205

Gly Trp Arg Ile Pro Phe Leu Thr Ala Ile Pro Leu Gly Ile Ile Ala
210 215 220

Val Tyr Leu Arg Thr Arg Ile Pro Glu Thr Pro Ala Phe Glu Asn Asn
225 230 235 240

Gln Asp Glu Pro Asn Ala Val Val Glu Lys Asp Thr Glu Asp Pro Tyr
245 250 255

Ala Arg Leu Gly Leu Ala Gly Val Ile Arg His His Trp Arg Pro Leu
260 265 270

Leu Ile Gly Ile Ala Ile Val Ala Ala Thr Asn Thr Ala Gly Tyr Ala
275 280 285

Leu Thr Ser Tyr Met Pro Val Tyr Leu Glu Glu Gln Ile Gly Leu His
290 295 300

Ser Ala Ser Ala Ala Ala Val Thr Val Pro Ile Leu Val Val Met Ser
305 310 315 320

Leu Leu Leu Pro Phe Val Gly Met Trp Ser Asp Arg Val Gly Arg Lys
325 330 335

Pro Val Tyr Ala Thr Ala Val Ala Ala Thr Leu Ile Leu Met Val Pro
340 345 350

Ala Phe Leu Ile Met Asn Thr Gly Thr Ile Gly Ala Val Leu Ile Ala
355 360 365

Leu Ser Met Val Ala Ile Pro Thr Gly Leu Tyr Val Ala Leu Ser Ala
370 375 380

Ser Ala Leu Pro Ala Leu Phe Pro Thr Ala Ser Arg Phe Ser Gly Met
385 390 395 400

Gly Ile Ser Tyr Asn Ile Ser Val Ser Leu Phe Gly Gly Thr Thr Pro
405 410 415

Leu Ile Thr Gln Phe Leu Leu Gln Lys Thr Gly Leu Asp Ile Val Pro
420 425 430

Ala Leu Tyr Ile Met Phe Phe Ser Ala Ile Ala Gly Val Ala Leu Leu

435 440 445

Phe Met Thr Glu Ser Ser Gln Lys Pro Leu Leu Gly Ser Phe Pro Thr
450 455 460

Val Glu Thr Lys Ser Glu Ala Val Glu Ile Val Lys Asn Gln Asp Glu
465 470 475 480

Asp Pro Asn Ile Asp Leu Ser His Met Pro Phe Pro Asp Glu Glu Asn
485 490 495

Val Gly Ala Glu Lys Gln Asn Ala
500

<210> 501
<211> 1509
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1486)
<223> RXA02030

<400> 501
gcgcctaaca tctcattgta tgggattgac tctaataatc tctgtggaa acatcgcaag 60
ggtaattatt ggaatctatt attgtgtgag gcgataactc gtg acc aca act gat 115
Val Thr Thr Thr Asp

1 5
cac tcc acg gag ttg aat cct tct gat cca ggt ggg cag acg gca acc 163
His Ser Thr Glu Leu Asn Pro Ser Asp Pro Gly Gly Gln Thr Ala Thr

10 15 20
cta gtg att gac aag aaa act aaa cgt cgg gtt gca gca gcc tcc acc 211
Leu Val Ile Asp Lys Lys Thr Lys Arg Arg Val Ala Ala Ala Ser Thr

25 30 35
atc ggc aca acc atc gag ttc tac gat ttt tat gcg tac gct gcg gca 259
Ile Gly Thr Thr Ile Glu Phe Tyr Asp Phe Tyr Ala Tyr Ala Ala Ala

40 45 50
gct gtc gtt gtt ttc cca agt ctg ttt ttc cct gcc aat gac aac cca 307
Ala Val Val Val Phe Pro Ser Leu Phe Phe Pro Ala Asn Asp Asn Pro

55 60 65
acc gtg aac ctg ttg gca tcg ttt gcc acc ttt ggt ctt gcg ttc gtt 355
Thr Val Asn Leu Leu Ala Ser Phe Ala Thr Phe Gly Leu Ala Phe Val

70 75 80 85
gct cgt cca ctc ggt tca atc att ttc ggg cac ttc ggt gac cgt gtg 403
Ala Arg Pro Leu Gly Ser Ile Ile Phe Gly His Phe Gly Asp Arg Val

90 95 100
gga cgc aaa gct acc ttg atc ggt tca ctg ctg acc atg ggc att gcc 451

Gly Arg Lys Ala Thr Leu Ile Gly Ser Leu Leu Thr Met Gly Ile Ala

105 110 115
acc atc ttg atc ggc ctg ctg cct act tat ggt cag gtc gga atc att 499
Thr Ile Leu Ile Gly Leu Leu Pro Thr Tyr Gly Gln Val Gly Ile Ile

120 125 130
gca ccg gcg ctg ttg gcg ctc atg cgt ttc tgc cag ggc ctg ggc ctt 547
Ala Pro Ala Leu Leu Ala Leu Met Arg Phe Cys Gln Gly Leu Gly Leu

135 140 145
ggc ggt gaa tgg tct ggc gct gcg ttg ctg gct ggt gaa aac gcg gaa 595
Gly Gly Glu Trp Ser Gly Ala Ala Leu Leu Ala Gly Glu Asn Ala Glu

150 155 160 165
aac act cac cgc gct cgt gct gca atg tgg cca cag ctg ggt gca ccg 643
Asn Thr His Arg Ala Arg Ala Ala Met Trp Pro Gln Leu Gly Ala Pro

170 175 180
ttt ggt ttc ttc ttg gcc aat ggt ttc atg ctc att ctg gtc ggt gtg 691
Phe Gly Phe Phe Leu Ala Asn Gly Phe Met Leu Ile Leu Val Gly Val

185 190 195
ctt gcc cat cag gac ggc gat ctt cac ggc gcg ttc atg acc tgg ggt 739
Leu Ala His Gln Asp Gly Asp Leu His Gly Ala Phe Met Thr Trp Gly

200 205 210
tgg cgt ctg cca ttc ctg tct tgc gcg atc atg atc gca gtt ggc ctg 787
Trp Arg Leu Pro Phe Leu Ser Ser Ala Ile Met Ile Ala Val Gly Leu

215 220 225
tgg gtg cgt ttc tca ctg gag gaa act cca gtg ttc aag cag gct gtt 835
Trp Val Arg Phe Ser Leu Glu Glu Thr Pro Val Phe Lys Gln Ala Val

230 235 240 245
gat cag ggc aag aag gtg aag tct ccg ctc aag gag ctg ttc aag act 883
Asp Gln Gly Lys Lys Val Lys Ser Pro Leu Lys Glu Leu Phe Lys Thr

250 255 260
tcc cct ggc cct gtt gtg cag gct act ttg atc atg ctg tcc act tat 931
Ser Pro Gly Pro Val Val Gln Ala Thr Leu Ile Met Leu Ser Thr Tyr

265 270 275
acc ttg ttc tac ctg gtt acc acg tgg att ctg tgc tat ggc atc ggt 979
Thr Leu Phe Tyr Leu Val Thr Thr Trp Ile Leu Ser Tyr Gly Ile Gly

280 285 290
aat cgc agc acc gga aac ggc ctg tct att ccg tac ttt gag ttc ttg 1027
Asn Arg Ser Thr Gly Asn Gly Leu Ser Ile Pro Tyr Phe Glu Phe Leu

295 300 305
cag ttg cag ctg gcc acc atc gtg ttc ttc gcc atc atg atc cct gtg 1075
Gln Leu Gln Leu Ala Thr Ile Val Phe Phe Ala Ile Met Ile Pro Val

310 315 320 325

tca ggc tgg ttg gct gat gtg tgg ggt cgt aaa aac acc ctg acc ttg 1123
Ser Gly Trp Leu Ala Asp Val Trp Gly Arg Lys Asn Thr Leu Thr Leu

330 335 340
gct tct gtg ctg ctt ctc ggc ttt ggt ctg acg ttt aat ctg ctt ctc 1171
Ala Ser Val Leu Leu Leu Gly Phe Gly Leu Thr Phe Asn Leu Leu Leu

345 350 355
gat cca gag acc gcc acc aag acc acc gtg ttc atc ttc ttg ttc gtg 1219
Asp Pro Glu Thr Ala Thr Lys Thr Thr Val Phe Ile Phe Leu Phe Val

360 365 370
ggc atg agc atc atg ggt ctg atc ttt gga ccc atg tcg gca att ttg 1267
Gly Met Ser Ile Met Gly Leu Ile Phe Gly Pro Met Ser Ala Ile Leu

375 380 385
ccg gag ctc ttc ccc acc aac gtc cgc tac acg ggc tcc gga atc gcc 1315
Pro Glu Leu Phe Pro Thr Asn Val Arg Tyr Thr Gly Ser Gly Ile Ala

390 395 400 405
tac aat gtc tcc tcg atc ctc ggt gca gct att gca ccg ttc atc gca 1363
Tyr Asn Val Ser Ser Ile Leu Gly Ala Ala Ile Ala Pro Phe Ile Ala

410 415 420
acg tgg ctg gtg tcc gag ttt tca gtg gcg tac gtc ggc tat tac ctc 1411
Thr Trp Leu Val Ser Glu Phe Ser Val Ala Tyr Val Gly Tyr Tyr Leu

425 430 435
atc atc gtc acc gca att acc ttt gtt gcg gtg ctg acg atg aag gaa 1459
Ile Ile Val Thr Ala Ile Thr Phe Val Ala Val Leu Thr Met Lys Glu

440 445 450
aac aaa aac cac gac ctc cga gag gtc taaaagattt ttgcttatcg 1506
Asn Lys Asn His Asp Leu Arg Glu Val

455 460
acg 1509

<210> 502
<211> 462
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 502
Val Thr Thr Thr Asp His Ser Thr Glu Leu Asn Pro Ser Asp Pro Gly
1 5 10 15
Gly Gln Thr Ala Thr Leu Val Ile Asp Lys Lys Thr Lys Arg Arg Val
20 25 30
Ala Ala Ala Ser Thr Ile Gly Thr Thr Ile Glu Phe Tyr Asp Phe Tyr
35 40 45
Ala Tyr Ala Ala Ala Ala Val Val Val Phe Pro Ser Leu Phe Phe Pro

50	55	60	
Ala Asn Asp Asn Pro Thr Val Asn Leu Leu Ala Ser Phe Ala Thr Phe			
65	70	75	80
Gly Leu Ala Phe Val Ala Arg Pro Leu Gly Ser Ile Ile Phe Gly His			
	85	90	95
Phe Gly Asp Arg Val Gly Arg Lys Ala Thr Leu Ile Gly Ser Leu Leu			
	100	105	110
Thr Met Gly Ile Ala Thr Ile Leu Ile Gly Leu Leu Pro Thr Tyr Gly			
	115	120	125
Gln Val Gly Ile Ile Ala Pro Ala Leu Leu Ala Leu Met Arg Phe Cys			
	130	135	140
Gln Gly Leu Gly Leu Gly Gly Glu Trp Ser Gly Ala Ala Leu Leu Ala			
145	150	155	160
Gly Glu Asn Ala Glu Asn Thr His Arg Ala Arg Ala Ala Met Trp Pro			
	165	170	175
Gln Leu Gly Ala Pro Phe Gly Phe Phe Leu Ala Asn Gly Phe Met Leu			
	180	185	190
Ile Leu Val Gly Val Leu Ala His Gln Asp Gly Asp Leu His Gly Ala			
	195	200	205
Phe Met Thr Trp Gly Trp Arg Leu Pro Phe Leu Ser Ser Ala Ile Met			
	210	215	220
Ile Ala Val Gly Leu Trp Val Arg Phe Ser Leu Glu Glu Thr Pro Val			
225	230	235	240
Phe Lys Gln Ala Val Asp Gln Gly Lys Lys Val Lys Ser Pro Leu Lys			
	245	250	255
Glu Leu Phe Lys Thr Ser Pro Gly Pro Val Val Gln Ala Thr Leu Ile			
	260	265	270
Met Leu Ser Thr Tyr Thr Leu Phe Tyr Leu Val Thr Thr Trp Ile Leu			
	275	280	285
Ser Tyr Gly Ile Gly Asn Arg Ser Thr Gly Asn Gly Leu Ser Ile Pro			
	290	295	300
Tyr Phe Glu Phe Leu Gln Leu Gln Leu Ala Thr Ile Val Phe Phe Ala			
305	310	315	320
Ile Met Ile Pro Val Ser Gly Trp Leu Ala Asp Val Trp Gly Arg Lys			
	325	330	335
Asn Thr Leu Thr Leu Ala Ser Val Leu Leu Leu Gly Phe Gly Leu Thr			
	340	345	350
Phe Asn Leu Leu Leu Asp Pro Glu Thr Ala Thr Lys Thr Thr Val Phe			
	355	360	365

Ile Phe Leu Phe Val Gly Met Ser Ile Met Gly Leu Ile Phe Gly Pro
370 375 380

Met Ser Ala Ile Leu Pro Glu Leu Phe Pro Thr Asn Val Arg Tyr Thr
385 390 395 400

Gly Ser Gly Ile Ala Tyr Asn Val Ser Ser Ile Leu Gly Ala Ala Ile
405 410 415

Ala Pro Phe Ile Ala Thr Trp Leu Val Ser Glu Phe Ser Val Ala Tyr
420 425 430

Val Gly Tyr Tyr Leu Ile Ile Val Thr Ala Ile Thr Phe Val Ala Val
435 440 445

Leu Thr Met Lys Glu Asn Lys Asn His Asp Leu Arg Glu Val
450 455 460

<210> 503

<211> 870

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(847)

<223> RXA00186

<400> 503

agaagccag cattttgttt agctcacctc taaagctcct gatctggata cgaggactcc 60
tgcggaaaac cgtgtggcta gtgaagctac ccggcatctc atg ggg gag aag act 115
Met Gly Glu Lys Thr

1 5
tct gtc gcg tat gtt cac gat gtt ctg atc aag ggc gtg cca gtg cgg 163
Ser Val Ala Tyr Val His Asp Val Leu Ile Lys Gly Val Pro Val Arg

10 15 20
ata tac aat ccg cac ccc aac gac ggg ccg ctt cct gtc ttt atc tac 211
Ile Tyr Asn Pro His Pro Asn Asp Gly Pro Leu Pro Val Phe Ile Tyr

25 30 35
ttc cat ggt ggc gga tgg gtt ttg ggg gac ctt gaa tca gtg gat tcc 259
Phe His Gly Gly Gly Trp Val Leu Gly Asp Leu Glu Ser Val Asp Ser

40 45 50
acc gtg cgc gat att gcc gtt gct tca ggc gcc ctg tgt atc agt gtg 307
Thr Val Arg Asp Ile Ala Val Ala Ser Gly Ala Leu Cys Ile Ser Val

55 60 65
gat tat cgc cgt gca ccg gaa cat cct ttt ctc gct gca ttg gat gat 355
Asp Tyr Arg Arg Ala Pro Glu His Pro Phe Leu Ala Ala Leu Asp Asp

70 75 80 85
tgc caa gtg gtc acg gaa gct gtc ctc aat ggt gaa ctc gcc agt gct 403

Cys Gln Val Val Thr Glu Ala Val Leu Asn Gly Glu Leu Ala Ser Ala

90 95 100
aac cag cat cta gtg gca gtc ggc ggg gac agc gcc ggt ggc aat att 451
Asn Gln His Leu Val Ala Val Gly Gly Asp Ser Ala Gly Gly Asn Ile

105 110 115
gcg gcg gtc atc gct caa cag ctg cgc gat cag atc acc cac caa gtt 499
Ala Ala Val Ile Ala Gln Gln Leu Arg Asp Gln Ile Thr His Gln Val

120 125 130
ctt gtg tat ccg gtg atg gac gta atc ttg ctg gtg att tgt tct atc 547
Leu Val Tyr Pro Val Met Asp Val Ile Leu Leu Val Ile Cys Ser Ile

135 140 145
att acc act ggt ttt gcg ctg ctc atg cat cca aag agc aag gac aag 595
Ile Thr Thr Gly Phe Ala Leu Leu Met His Pro Lys Ser Lys Asp Lys

150 155 160 165
acg gag acg att tct gat gaa ttc ctc gca gag atc caa gcg gga agt 643
Thr Glu Thr Ile Ser Asp Glu Phe Leu Ala Glu Ile Gln Ala Gly Ser

170 175 180
gaa aag atc tcc att ctg cgt tgc acc cct gct gaa aaa gcc aat gcg 691
Glu Lys Ile Ser Ile Leu Arg Ser Thr Pro Ala Glu Lys Ala Asn Ala

185 190 195
agc cgt tgg atc atg tac ttc gtt ggc gga att ggc ctg ctc tac agc 739
Ser Arg Trp Ile Met Tyr Phe Val Gly Gly Ile Gly Leu Leu Tyr Ser

200 205 210
gtg ttc agc ctg tgg aca ggt ggc gta acc gga ctg acg ttg aac tcc 787
Val Phe Ser Leu Trp Thr Gly Gly Val Thr Gly Leu Thr Leu Asn Ser

215 220 225
ttc aac ttc ctg ttc ctg tca ctc ggc atg gtg ctc acc gct aat tac 835
Phe Asn Phe Leu Phe Leu Ser Leu Gly Met Val Leu Thr Ala Asn Tyr

230 235 240 245
ggg cca gag tat taagcaaagc ttattcgca agg 870
Gly Pro Glu Tyr

<210> 504

<211> 249

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 504

Met Gly Glu Lys Thr Ser Val Ala Tyr Val His Asp Val Leu Ile Lys
1 5 10 15

Gly Val Pro Val Arg Ile Tyr Asn Pro His Pro Asn Asp Gly Pro Leu

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

<210> 505

<211> 468

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(451)

<223> RXA00187

<400> 505

gcttattcgc gaaggcatcc aaggaacgtg gggattcatt cttcaattcc cgttctacgc 60

```

aggcattttc gggttgattt ccttcaccgg tctgggtgtt gtg atc tcc gga ttt 115
                               Val Ile Ser Gly Phe

                               1           5
ttc acc tcg att tcc acg gca acc acg tgg cct gtc atc gcg ttc ctc 163
Phe Thr Ser Ile Ser Thr Ala Thr Thr Trp Pro Val Ile Ala Phe Leu

          10           15           20
tac tct gga ctg ctc aac atc gcg gtg cct tca ggt ggc tcg aaa ttc 211
Tyr Ser Gly Leu Leu Asn Ile Ala Val Pro Ser Gly Gly Ser Lys Phe

          25           30           35
atc atc gaa gcc ccg tac atc atc cca acc cca gtg gat ctt ggc gct 259
Ile Ile Glu Ala Pro Tyr Ile Ile Pro Thr Pro Val Asp Leu Gly Ala

          40           45           50
gac atg ggc ctt gtc ctg cag gct tat caa atg agt gat ggc gcg acc 307
Asp Met Gly Leu Val Leu Gln Ala Tyr Gln Met Ser Asp Gly Ala Thr

          55           60           65
aac ctg ctc att ccg ttc ttc gcg ctg cca tat ttg gcc aat ttc aag 355
Asn Leu Leu Ile Pro Phe Phe Ala Leu Pro Tyr Leu Ala Asn Phe Lys

          70           75           80           85
atc aaa ttc agc caa gtg gtg ggc tat aca gtt ccg cct gtc ctc gtt 403
Ile Lys Phe Ser Gln Val Val Gly Tyr Thr Val Pro Pro Val Leu Val

          90           95           100
gtt atc gcc gtg atc tgc att tac ctg ttc ctg cga gca tca atc att 451
Val Ile Ala Val Ile Cys Ile Tyr Leu Phe Leu Arg Ala Ser Ile Ile

          105           110           115
taaaaagatg cttctcg 468

```

<210> 506
 <211> 117
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 506
 Val Ile Ser Gly Phe Phe Thr Ser Ile Ser Thr Ala Thr Thr Trp Pro
 1 5 10 15
 Val Ile Ala Phe Leu Tyr Ser Gly Leu Leu Asn Ile Ala Val Pro Ser
 20 25 30
 Gly Gly Ser Lys Phe Ile Ile Glu Ala Pro Tyr Ile Ile Pro Thr Pro
 35 40 45
 Val Asp Leu Gly Ala Asp Met Gly Leu Val Leu Gln Ala Tyr Gln Met
 50 55 60
 Ser Asp Gly Ala Thr Asn Leu Leu Ile Pro Phe Phe Ala Leu Pro Tyr

65	70	75	80
Leu Ala Asn Phe Lys	Ile Lys Phe Ser Gln Val Val Gly Tyr Thr Val		
85	90	95	
Pro Pro Val Leu Val Val	Ile Ala Val Ile Cys Ile Tyr Leu Phe Leu		
100	105	110	
Arg Ala Ser Ile Ile			
115			
<210> 507			
<211> 1329			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(1306)			
<223> RXA01667			
<400> 507			
tctcgcggtt gatgatcatc cgcaatatca tgccgcgcga agattccgct tttccagact	60		
ttgctcattc cttcctctat tactgctcgc catcatcggc atg att ttg ggg cct	115		
	Met Ile Leu Gly Pro		
	1	5	
aag gtg ttg ggt ctg att ggt tgg tcg gat cat ctt tcc act tac act	163		
Lys Val Leu Gly Leu Ile Gly Trp Ser Asp His Leu Ser Thr Tyr Thr			
	10	15	20
acg gtg ctc att gcg att gtg ttt gct tcg atg ccg tat tcg atg aag	211		
Thr Val Leu Ile Ala Ile Val Phe Ala Ser Met Pro Tyr Ser Met Lys			
	25	30	35
ttt gac cgt ggc gtg cgt act ggc atg aag acg atg tgg gcg tat tcg	259		
Phe Asp Arg Gly Val Arg Thr Gly Met Lys Thr Met Trp Ala Tyr Ser			
	40	45	50
act gcg atg ttt gtg ggg cag tgg ggt ctg ttc att ttg ctg ggt ctg	307		
Thr Ala Met Phe Val Gly Gln Trp Gly Leu Phe Ile Leu Leu Gly Leu			
	55	60	65
ttt ttg ttc caa ccg gtg tgg ggt acc gat gag tgg ttc ggc atg atg	355		
Phe Leu Phe Gln Pro Val Trp Gly Thr Asp Glu Trp Phe Gly Met Met			
	70	75	80
ttg ccg gtt ggt ttt gtt ggt ggt ttt ggt act gct gct gcg gtg ggt	403		
Leu Pro Val Gly Phe Val Gly Gly Phe Gly Thr Ala Ala Ala Val Gly			
	90	95	100
act gcg ttg gag tct tcg ggt gcg gag gct gcg atg tct ttg ggc ttt	451		
Thr Ala Leu Glu Ser Ser Gly Ala Glu Ala Ala Met Ser Leu Gly Phe			
	105	110	115

acc tct gcg acg gtg ggt act ttt gct gcg att gtt ggt gga att att 499
Thr Ser Ala Thr Val Gly Thr Phe Ala Ala Ile Val Gly Gly Ile Ile

120 125 130
ttc aca acg tgg ggt att aag aag ggc aag act gcg gcg atg cct gcg 547
Phe Thr Thr Trp Gly Ile Lys Lys Gly Lys Thr Ala Ala Met Pro Ala

135 140 145
cag ttg ccg tgg gat ttg cgt tgc ggt tat atc gat aag ctg agt gat 595
Gln Leu Pro Trp Asp Leu Arg Ser Gly Tyr Ile Asp Lys Leu Ser Asp

150 155 160 165
cgt ccg tgc att ggt aag gcg agt acg aat ccg tct gcg att gag cct 643
Arg Pro Ser Ile Gly Lys Ala Ser Thr Asn Pro Ser Ala Ile Glu Pro

170 175 180
ttg gcg ctg cat act ggc att att ttg ttg act gtt gcg gtt gcg tat 691
Leu Ala Leu His Thr Gly Ile Ile Leu Leu Thr Val Ala Val Ala Tyr

185 190 195
tcc att aat cag tgg ttg ggt agc atg ttc cca acc gtg cag att ccg 739
Ser Ile Asn Gln Trp Leu Gly Ser Met Phe Pro Thr Val Gln Ile Pro

200 205 210
ttg ttt gcg atg tca ttt gtg gtc ggc att gtg ggc atg gga att atg 787
Leu Phe Ala Met Ser Phe Val Val Gly Ile Val Gly Met Gly Ile Met

215 220 225
cgt ttg ttg aag aag cct gag tat ttg gat cgc gac acc gtg aat tcc 835
Arg Leu Leu Lys Lys Pro Glu Tyr Leu Asp Arg Asp Thr Val Asn Ser

230 235 240 245
gtg tgc ggc gcg gcg acg gat tac ctc att gcg ttt ggt att gcc tgc 883
Val Ser Gly Ala Ala Thr Asp Tyr Leu Ile Ala Phe Gly Ile Ala Ser

250 255 260
att gct cct gct gcg att gct gat tac tgg gtt cct ctt gtg gtg ctg 931
Ile Ala Pro Ala Ala Ile Ala Asp Tyr Trp Val Pro Leu Val Val Leu

265 270 275
ttt gtt ttg ggc acc atc aac tgt tgt ttc ttc ttt ttc tgg gtt gcg 979
Phe Val Leu Gly Thr Ile Asn Cys Cys Phe Phe Phe Phe Trp Val Ala

280 285 290
cct cgt ttc ttt ggc gag aag tgg ctg gag cgc gcg atc ttc ggt tgg 1027
Pro Arg Phe Phe Gly Glu Lys Trp Leu Glu Arg Ala Ile Phe Gly Trp

295 300 305
ggg tgg gct act gcc gcg gtt gct acc ggt atc gcg ttg ctg aag atc 1075
Gly Trp Ala Thr Ala Ala Val Ala Thr Gly Ile Ala Leu Leu Lys Ile

310 315 320 325
gtg gat ccg aag ttg aag tgc gga gcg ctt aat gag tac ggc gtg gct 1123
Val Asp Pro Lys Leu Lys Ser Gly Ala Leu Asn Glu Tyr Gly Val Ala

330 335 340

tat atc ggt ttt gct cca ttt gaa atc ggc atg acc atc atc gcg ccg 1171
Tyr Ile Gly Phe Ala Pro Phe Glu Ile Gly Met Thr Ile Ile Ala Pro

345 350 355
atc gcg gtg ctc gca ggc ttt acc atg ggg ttg ggt tgg gcg tcg ttg 1219
Ile Ala Val Leu Ala Gly Phe Thr Met Gly Leu Gly Trp Ala Ser Leu

360 365 370
att gtt gcg atc gtg att ttt ggc ctc gcg tgg ggt ctg aag tgg ttg 1267
Ile Val Ala Ile Val Ile Phe Gly Leu Ala Trp Gly Leu Lys Trp Leu

375 380 385
ccg gag cgc gga cat gtc cgc ggc gag ggt aag ccg caa taaaggttgg 1316
Pro Glu Arg Gly His Val Arg Gly Glu Gly Lys Pro Gln

390 395 400
aagcgccggg tct 1329

<210> 508
<211> 402
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 508
Met Ile Leu Gly Pro Lys Val Leu Gly Leu Ile Gly Trp Ser Asp His
1 5 10 15

Leu Ser Thr Tyr Thr Thr Val Leu Ile Ala Ile Val Phe Ala Ser Met
20 25 30

Pro Tyr Ser Met Lys Phe Asp Arg Gly Val Arg Thr Gly Met Lys Thr
35 40 45

Met Trp Ala Tyr Ser Thr Ala Met Phe Val Gly Gln Trp Gly Leu Phe
50 55 60

Ile Leu Leu Gly Leu Phe Leu Phe Gln Pro Val Trp Gly Thr Asp Glu
65 70 75 80

Trp Phe Gly Met Met Leu Pro Val Gly Phe Val Gly Gly Phe Gly Thr
85 90 95

Ala Ala Ala Val Gly Thr Ala Leu Glu Ser Ser Gly Ala Glu Ala Ala
100 105 110

Met Ser Leu Gly Phe Thr Ser Ala Thr Val Gly Thr Phe Ala Ala Ile
115 120 125

Val Gly Gly Ile Ile Phe Thr Thr Trp Gly Ile Lys Lys Gly Lys Thr
130 135 140

Ala Ala Met Pro Ala Gln Leu Pro Trp Asp Leu Arg Ser Gly Tyr Ile
145 150 155 160

Asp Lys Leu Ser Asp Arg Pro Ser Ile Gly Lys Ala Ser Thr Asn Pro

165	170	175
Ser Ala Ile Glu Pro Leu Ala Leu His Thr Gly Ile Ile Leu Leu Thr		
180	185	190
Val Ala Val Ala Tyr Ser Ile Asn Gln Trp Leu Gly Ser Met Phe Pro		
195	200	205
Thr Val Gln Ile Pro Leu Phe Ala Met Ser Phe Val Val Gly Ile Val		
210	215	220
Gly Met Gly Ile Met Arg Leu Leu Lys Lys Pro Glu Tyr Leu Asp Arg		
225	230	240
Asp Thr Val Asn Ser Val Ser Gly Ala Ala Thr Asp Tyr Leu Ile Ala		
245	250	255
Phe Gly Ile Ala Ser Ile Ala Pro Ala Ala Ile Ala Asp Tyr Trp Val		
260	265	270
Pro Leu Val Val Leu Phe Val Leu Gly Thr Ile Asn Cys Cys Phe Phe		
275	280	285
Phe Phe Trp Val Ala Pro Arg Phe Phe Gly Glu Lys Trp Leu Glu Arg		
290	295	300
Ala Ile Phe Gly Trp Gly Trp Ala Thr Ala Ala Val Ala Thr Gly Ile		
305	310	315
Ala Leu Leu Lys Ile Val Asp Pro Lys Leu Lys Ser Gly Ala Leu Asn		
325	330	335
Glu Tyr Gly Val Ala Tyr Ile Gly Phe Ala Pro Phe Glu Ile Gly Met		
340	345	350
Thr Ile Ile Ala Pro Ile Ala Val Leu Ala Gly Phe Thr Met Gly Leu		
355	360	365
Gly Trp Ala Ser Leu Ile Val Ala Ile Val Ile Phe Gly Leu Ala Trp		
370	375	380
Gly Leu Lys Trp Leu Pro Glu Arg Gly His Val Arg Gly Glu Gly Lys		
385	390	400

Pro Gln

<210> 509

<211> 1776

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1753)

<223> RXA02171

<400> 509

aaccacattc gtcattactt acatctatgt catgtttgcg aacaagaact tggagcctcg 60
tcaggctgct attcgccaga agatggaagg ttaatcagat atg aat tcc act att 115
Met Asn Ser Thr Ile

1 5
ctc ctt gca caa gac gct gtt tct gag ggc gtc ggt aat ccg att ctt 163
Leu Leu Ala Gln Asp Ala Val Ser Glu Gly Val Gly Asn Pro Ile Leu

10 15 20
aac atc agt gtc ttc gtc gtc ttc att att gtg acg atg acc gtg gtg 211
Asn Ile Ser Val Phe Val Val Phe Ile Ile Val Thr Met Thr Val Val

25 30 35
ctt cgc gtg ggc aag agc acc agc gaa tcc acc gac ttc tac acc ggt 259
Leu Arg Val Gly Lys Ser Thr Ser Glu Ser Thr Asp Phe Tyr Thr Gly

40 45 50
ggt gct tcc ttc tcc gga acc cag aac ggt ctg gct atc gca ggt gac 307
Gly Ala Ser Phe Ser Gly Thr Gln Asn Gly Leu Ala Ile Ala Gly Asp

55 60 65
tac ctg tct gca gcg tcc ttc ctc gga atc gtt ggt gca att tca ctc 355
Tyr Leu Ser Ala Ala Ser Phe Leu Gly Ile Val Gly Ala Ile Ser Leu

70 75 80 85
aac ggt tac gac gga ttc ctt tac tcc atc ggc ttc ttc gtc gca tgg 403
Asn Gly Tyr Asp Gly Phe Leu Tyr Ser Ile Gly Phe Phe Val Ala Trp

90 95 100
ctt gtt gca ctg ctg ctc gtg gca gag cca ctt cgt aac gtg ggc cgc 451
Leu Val Ala Leu Leu Leu Val Ala Glu Pro Leu Arg Asn Val Gly Arg

105 110 115
ttc acc atg gct gac gtg ctg tcc ttc cga ctg cgt cag aaa cca gtc 499
Phe Thr Met Ala Asp Val Leu Ser Phe Arg Leu Arg Gln Lys Pro Val

120 125 130
cgc gtc gct gcg gcc tgc ggt acc ctc gcg gtt acc ctc ttt tac ttg 547
Arg Val Ala Ala Ala Cys Gly Thr Leu Ala Val Thr Leu Phe Tyr Leu

135 140 145
atc gct cag atg gct ggt gca ggt tcg ctt gtg tcc gtt ctg ctg gac 595
Ile Ala Gln Met Ala Gly Ala Gly Ser Leu Val Ser Val Leu Leu Asp

150 155 160 165
atc cac gag ttc aag tgg cag gca gtt gtt gtc ggt atc gtt ggc att 643
Ile His Glu Phe Lys Trp Gln Ala Val Val Val Gly Ile Val Gly Ile

170 175 180
gtc atg atc gcc tac gtt ctt ctt ggc ggt atg aag ggc acc aca tac 691
Val Met Ile Ala Tyr Val Leu Leu Gly Gly Met Lys Gly Thr Thr Tyr

185 190 195
gtt cag atg att aag gca gtt ctg ctg gtc ggt ggc gtt gcc att atg 739

Val Gln Met Ile Lys Ala Val Leu Leu Val Gly Gly Val Ala Ile Met

200 205 210
acc gtt ctg acc ttc gtc aag gtg tct ggt ggc ctg acc acc ctt tta 787
Thr Val Leu Thr Phe Val Lys Val Ser Gly Gly Leu Thr Thr Leu Leu

215 220 225
aat gac gct gtt gag aag cac gcc gct tca gat tac gct gcc acc aag 835
Asn Asp Ala Val Glu Lys His Ala Ala Ser Asp Tyr Ala Ala Thr Lys

230 235 240 245
ggg tac gat cca acc cag atc ctg gag cct ggt ctg cag tac ggt gca 883
Gly Tyr Asp Pro Thr Gln Ile Leu Glu Pro Gly Leu Gln Tyr Gly Ala

250 255 260
act ctg acc act cag ctg gac ttc att tcc ttg gct ctc gct ctg tgt 931
Thr Leu Thr Thr Gln Leu Asp Phe Ile Ser Leu Ala Leu Ala Leu Cys

265 270 275
ctt gga acc gct ggt ctg cca cac gtt ctg atg cgc ttc tac acc gtt 979
Leu Gly Thr Ala Gly Leu Pro His Val Leu Met Arg Phe Tyr Thr Val

280 285 290
cct acc gcc aag gaa gca cgt aag tct gtg acc tgg gct atc gtc ctc 1027
Pro Thr Ala Lys Glu Ala Arg Lys Ser Val Thr Trp Ala Ile Val Leu

295 300 305
att ggt gcg ttc tac ctg atg acc ctg gtc ctt ggt tac ggc gct gcg 1075
Ile Gly Ala Phe Tyr Leu Met Thr Leu Val Leu Gly Tyr Gly Ala Ala

310 315 320 325
gca ctg gtc ggt cca gac cgc gtc att gcc gca cca ggt gct gct aat 1123
Ala Leu Val Gly Pro Asp Arg Val Ile Ala Ala Pro Gly Ala Ala Asn

330 335 340
gct gct gct cct ctg ctg gcc ttc gag ctt ggt ggt tcc atc ttc atg 1171
Ala Ala Ala Pro Leu Leu Ala Phe Glu Leu Gly Gly Ser Ile Phe Met

345 350 355
gcg ctg att tcc gca gtt gcg ttc gct acc gtt ctc gcc gtg gtc gca 1219
Ala Leu Ile Ser Ala Val Ala Phe Ala Thr Val Leu Ala Val Val Ala

360 365 370
ggt ctt gca att acc gca tcc gct gct gtt ggt cac gac atc tac aac 1267
Gly Leu Ala Ile Thr Ala Ser Ala Ala Val Gly His Asp Ile Tyr Asn

375 380 385
gct gtt atc cgc aac ggt cag tcc acc gaa gcg gag cag gtc cga gta 1315
Ala Val Ile Arg Asn Gly Gln Ser Thr Glu Ala Glu Gln Val Arg Val

390 395 400 405
tcc cgc atc acc gtt gtc gtc att ggc ctg att tcc att gtc ctg gga 1363
Ser Arg Ile Thr Val Val Val Ile Gly Leu Ile Ser Ile Val Leu Gly

410 415 420
att ctt gca atg acc cag aac gtt gcg ttc ctc gtg gcc ctg gcc ttc 1411

Ile Leu Ala Met Thr Gln Asn Val Ala Phe Leu Val Ala Leu Ala Phe

425 430 435
gca gtt gca gca tcc gct aac ctg cca acc atc ctg tac tcc ctg tac 1459
Ala Val Ala Ala Ser Ala Asn Leu Pro Thr Ile Leu Tyr Ser Leu Tyr

440 445 450
tgg aag aag ttc aac acc acc ggc gct gtg gcc gct atc tac acc ggt 1507
Trp Lys Lys Phe Asn Thr Thr Gly Ala Val Ala Ala Ile Tyr Thr Gly

455 460 465
ctc atc tcc gcg ctg ctg ctg atc ttc ctg tcc cca gca gtc tcc ggt 1555
Leu Ile Ser Ala Leu Leu Leu Ile Phe Leu Ser Pro Ala Val Ser Gly

470 475 480 485
aat gac agc gca atg gtt cca ggt gca gac tgg gca atc ttc cca ctg 1603
Asn Asp Ser Ala Met Val Pro Gly Ala Asp Trp Ala Ile Phe Pro Leu

490 495 500
aag aac cca ggc ctc gtc tcc atc cca ctg gca ttc atc gct ggt tgg 1651
Lys Asn Pro Gly Leu Val Ser Ile Pro Leu Ala Phe Ile Ala Gly Trp

505 510 515
atc ggc act ttg gtt ggc aag cca gac aac atg gat gat ctt gct gcc 1699
Ile Gly Thr Leu Val Gly Lys Pro Asp Asn Met Asp Asp Leu Ala Ala

520 525 530
gaa atg gaa gtt cgt tcc ctc acc ggt gtc ggt gtt gaa aag gct gtt 1747
Glu Met Glu Val Arg Ser Leu Thr Gly Val Gly Val Glu Lys Ala Val

535 540 545
gat cac taaatctagt ttctgaagtt att 1776
Asp His

550

<210> 510

<211> 551

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 510

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

Gly Asn Pro Ile Leu Asn Ile Ser Val Phe Val Val Phe Ile Ile Val
20 25 30

Thr Met Thr Val Val Leu Arg Val Gly Lys Ser Thr Ser Glu Ser Thr
35 40 45

Asp Phe Tyr Thr Gly Gly Ala Ser Phe Ser Gly Thr Gln Asn Gly Leu
50 55 60

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

Gly Ala Ile Ser Leu Asn Gly Tyr Asp Gly Phe Leu Tyr Ser Ile Gly
85 90 95

Phe Phe Val Ala Trp Leu Val Ala Leu Leu Leu Val Ala Glu Pro Leu
100 105 110

Arg Asn Val Gly Arg Phe Thr Met Ala Asp Val Leu Ser Phe Arg Leu
115 120 125

Arg Gln Lys Pro Val Arg Val Ala Ala Ala Cys Gly Thr Leu Ala Val
130 135 140

Thr Leu Phe Tyr Leu Ile Ala Gln Met Ala Gly Ala Gly Ser Leu Val
145 150 155 160

Ser Val Leu Leu Asp Ile His Glu Phe Lys Trp Gln Ala Val Val Val
165 170 175

Gly Ile Val Gly Ile Val Met Ile Ala Tyr Val Leu Leu Gly Gly Met
180 185 190

Lys Gly Thr Thr Tyr Val Gln Met Ile Lys Ala Val Leu Leu Val Gly
195 200 205

Gly Val Ala Ile Met Thr Val Leu Thr Phe Val Lys Val Ser Gly Gly
210 215 220

Leu Thr Thr Leu Leu Asn Asp Ala Val Glu Lys His Ala Ala Ser Asp
225 230 235 240

Tyr Ala Ala Thr Lys Gly Tyr Asp Pro Thr Gln Ile Leu Glu Pro Gly
245 250 255

Leu Gln Tyr Gly Ala Thr Leu Thr Thr Gln Leu Asp Phe Ile Ser Leu
260 265 270

Ala Leu Ala Leu Cys Leu Gly Thr Ala Gly Leu Pro His Val Leu Met
275 280 285

Arg Phe Tyr Thr Val Pro Thr Ala Lys Glu Ala Arg Lys Ser Val Thr
290 295 300

Trp Ala Ile Val Leu Ile Gly Ala Phe Tyr Leu Met Thr Leu Val Leu
305 310 315 320

Gly Tyr Gly Ala Ala Ala Leu Val Gly Pro Asp Arg Val Ile Ala Ala
325 330 335

Pro Gly Ala Ala Asn Ala Ala Ala Pro Leu Leu Ala Phe Glu Leu Gly
340 345 350

Gly Ser Ile Phe Met Ala Leu Ile Ser Ala Val Ala Phe Ala Thr Val
355 360 365

Leu Ala Val Val Ala Gly Leu Ala Ile Thr Ala Ser Ala Ala Val Gly

370 375 380

His Asp Ile Tyr Asn Ala Val Ile Arg Asn Gly Gln Ser Thr Glu Ala
385 390 395 400

Glu Gln Val Arg Val Ser Arg Ile Thr Val Val Val Ile Gly Leu Ile
405 410 415

Ser Ile Val Leu Gly Ile Leu Ala Met Thr Gln Asn Val Ala Phe Leu
420 425 430

Val Ala Leu Ala Phe Ala Val Ala Ala Ser Ala Asn Leu Pro Thr Ile
435 440 445

Leu Tyr Ser Leu Tyr Trp Lys Lys Phe Asn Thr Thr Gly Ala Val Ala
450 455 460

Ala Ile Tyr Thr Gly Leu Ile Ser Ala Leu Leu Leu Ile Phe Leu Ser
465 470 475 480

Pro Ala Val Ser Gly Asn Asp Ser Ala Met Val Pro Gly Ala Asp Trp
485 490 495

Ala Ile Phe Pro Leu Lys Asn Pro Gly Leu Val Ser Ile Pro Leu Ala
500 505 510

Phe Ile Ala Gly Trp Ile Gly Thr Leu Val Gly Lys Pro Asp Asn Met
515 520 525

Asp Asp Leu Ala Ala Glu Met Glu Val Arg Ser Leu Thr Gly Val Gly
530 535 540

Val Glu Lys Ala Val Asp His
545 550

<210> 511
<211> 1333
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1333)
<223> RXA00902

<400> 511
ttgttattgg tttgttcaact cccatgcaat gtacgatcgg ttctaacgtc tacggcaatt 60
gacacgtcaa ttttaattcag gaaaggggtg gggagaattt atg tct agt ggt ttt 115
Met Ser Ser Gly Phe

1 5
gaa tat gtt caa cat cct cga cga gcc ctc cct ccg cct ata cct gaa 163
Glu Tyr Val Gln His Pro Arg Arg Ala Leu Pro Pro Pro Ile Pro Glu

10 15 20
cgg aaa ggt cct gcc gca gca ttc ctg ccg gga act ttc cat ccc att 211

Arg Lys Gly Pro Ala Ala Ala Phe Leu Pro Gly Thr Phe His Pro Ile

25 30 35
aat cca aag aat att gca gcg agc cac gat cag gtg ctt cta tct ggt 259
Asn Pro Lys Asn Ile Ala Ala Ser His Asp Gln Val Leu Leu Ser Gly

40 45 50
tgg ggc aaa ttt gtg cgt tgg ctc ttg gta ttg ttg tcc att ttg gtc 307
Trp Gly Lys Phe Val Arg Trp Leu Leu Val Leu Leu Ser Ile Leu Val

55 60 65
atc atc att ggc atc aac ctc atc ttg gac ggt gtc tac gga ttt ggt 355
Ile Ile Ile Gly Ile Asn Leu Ile Leu Asp Gly Val Tyr Gly Phe Gly

70 75 80 85
act ttt tca acc acc cag atg tac caa gtt gcg aaa gat cca ctc att 403
Thr Phe Ser Thr Thr Gln Met Tyr Gln Val Ala Lys Asp Pro Leu Ile

90 95 100
ggt gtg ctg atc ggt atc ttg gct acg gcc ttg gtg caa tca tca acc 451
Gly Val Leu Ile Gly Ile Leu Ala Thr Ala Leu Val Gln Ser Ser Thr

105 110 115
acc acc aca acg ttg acg gtg act gca gtt ggt acg ggc att gtg tcg 499
Thr Thr Thr Thr Leu Thr Val Thr Ala Val Gly Thr Gly Ile Val Ser

120 125 130
gtg cct gtg gcg att ccg atc att ctt ggc gca aat atc ggt acg acg 547
Val Pro Val Ala Ile Pro Ile Ile Leu Gly Ala Asn Ile Gly Thr Thr

135 140 145
atc acc gcg atg ctc gtt gcg ttt tct tat gtg ggt gaa cgc agg gag 595
Ile Thr Ala Met Leu Val Ala Phe Ser Tyr Val Gly Glu Arg Arg Glu

150 155 160 165
ttt aag cga gct ttt acg gtt gcc gcc atg cat gtg tgg ttt aac gtg 643
Phe Lys Arg Ala Phe Thr Val Ala Ala Met His Val Trp Phe Asn Val

170 175 180
ctc gtc att ctt gtt cta ttt gtt gtg gaa ttg ctc ttt cat cca ttc 691
Leu Val Ile Leu Val Leu Phe Val Val Glu Leu Leu Phe His Pro Phe

185 190 195
cgc aca att agt ggt gcg atc gca acg gag atc aca ctg aca act ggt 739
Arg Thr Ile Ser Gly Ala Ile Ala Thr Glu Ile Thr Leu Thr Thr Gly

200 205 210
ggc tct ttg cct acc agt ggt gtg atg acc aag att ttt gat ccc cca 787
Gly Ser Leu Pro Thr Ser Gly Val Met Thr Lys Ile Phe Asp Pro Pro

215 220 225
acc caa ctt ctg ggt atg aat ggt ctt atc ggt tcg atc ggc aat cct 835
Thr Gln Leu Leu Gly Met Asn Gly Leu Ile Gly Ser Ile Gly Asn Pro

230 235 240 245

agt att tcg gcg att gta tgt ctt gtg gtg ggc acc att ctt att ctg 883
 Ser Ile Ser Ala Ile Val Cys Leu Val Val Gly Thr Ile Leu Ile Leu

 250 255 260
 att tcg gtg cgt gcc atg agt tct cag atc cga acc att acg gca gcg 931
 Ile Ser Val Arg Ala Met Ser Ser Gln Ile Arg Thr Ile Thr Ala Ala

 265 270 275
 acc gta acc tca att atg gac aag gtg atc aat cca gag aac agc ccc 979
 Thr Val Thr Ser Ile Met Asp Lys Val Ile Asn Pro Glu Asn Ser Pro

 280 285 290
 aag gcg acg att ctt tcc aat ttc tgg agc ttc att ctt gga gtt ttg 1027
 Lys Ala Thr Ile Leu Ser Asn Phe Trp Ser Phe Ile Leu Gly Val Leu

 295 300 305
 ttc acg ctc atg gtc act gcc tcg tca gtg acc gtg gct tcc atg cag 1075
 Phe Thr Leu Met Val Thr Ala Ser Ser Val Thr Val Ala Ser Met Gln

 310 315 320 325
 cca gtg gct gcc tct ggt gtc gtt aag caa aag cca ttg ctg ggc gtc 1123
 Pro Val Ala Ala Ser Gly Val Val Lys Gln Lys Pro Leu Leu Gly Val

 330 335 340
 att ttg ggt gcc aac gtg ggc acc acg gtg acc gca atg ttt gct act 1171
 Ile Leu Gly Ala Asn Val Gly Thr Thr Val Thr Ala Met Phe Ala Thr

 345 350 355
 ttc gcg att gtc agc gat cag ggt gag ttc gct att cag gct gcg ttg 1219
 Phe Ala Ile Val Ser Asp Gln Gly Glu Phe Ala Ile Gln Ala Ala Leu

 360 365 370
 atc cac ctc att gtg aac ttc acc ggc gca tta cta gtg ctg tgt att 1267
 Ile His Leu Ile Val Asn Phe Thr Gly Ala Leu Leu Val Leu Cys Ile

 375 380 385
 ccg cag ctt gcc aat gtg att att cac ttg gcc gag aaa act gcg aac 1315
 Pro Gln Leu Ala Asn Val Ile Ile His Leu Ala Glu Lys Thr Ala Asn

 390 395 400 405
 ctc act gcc cgc agt tac 1333
 Leu Thr Ala Arg Ser Tyr

 410

<210> 512

<211> 411

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 512

Met Ser Ser Gly Phe Glu Tyr Val Gln His Pro Arg Arg Ala Leu Pro

1

5

10

15

Pro Pro Ile Pro Glu Arg Lys Gly Pro Ala Ala Ala Phe Leu Pro Gly
20 25 30

Thr Phe His Pro Ile Asn Pro Lys Asn Ile Ala Ala Ser His Asp Gln
35 40 45

Val Leu Leu Ser Gly Trp Gly Lys Phe Val Arg Trp Leu Leu Val Leu
50 55 60

Leu Ser Ile Leu Val Ile Ile Ile Gly Ile Asn Leu Ile Leu Asp Gly
65 70 75 80

Val Tyr Gly Phe Gly Thr Phe Ser Thr Thr Gln Met Tyr Gln Val Ala
85 90 95

Lys Asp Pro Leu Ile Gly Val Leu Ile Gly Ile Leu Ala Thr Ala Leu
100 105 110

Val Gln Ser Ser Thr Thr Thr Thr Thr Leu Thr Val Thr Ala Val Gly
115 120 125

Thr Gly Ile Val Ser Val Pro Val Ala Ile Pro Ile Ile Leu Gly Ala
130 135 140

Asn Ile Gly Thr Thr Ile Thr Ala Met Leu Val Ala Phe Ser Tyr Val
145 150 155 160

Gly Glu Arg Arg Glu Phe Lys Arg Ala Phe Thr Val Ala Ala Met His
165 170 175

Val Trp Phe Asn Val Leu Val Ile Leu Val Leu Phe Val Val Glu Leu
180 185 190

Leu Phe His Pro Phe Arg Thr Ile Ser Gly Ala Ile Ala Thr Glu Ile
195 200 205

Thr Leu Thr Thr Gly Gly Ser Leu Pro Thr Ser Gly Val Met Thr Lys
210 215 220

Ile Phe Asp Pro Pro Thr Gln Leu Leu Gly Met Asn Gly Leu Ile Gly
225 230 235 240

Ser Ile Gly Asn Pro Ser Ile Ser Ala Ile Val Cys Leu Val Val Gly
245 250 255

Thr Ile Leu Ile Leu Ile Ser Val Arg Ala Met Ser Ser Gln Ile Arg
260 265 270

Thr Ile Thr Ala Ala Thr Val Thr Ser Ile Met Asp Lys Val Ile Asn
275 280 285

Pro Glu Asn Ser Pro Lys Ala Thr Ile Leu Ser Asn Phe Trp Ser Phe
290 295 300

Ile Leu Gly Val Leu Phe Thr Leu Met Val Thr Ala Ser Ser Val Thr
305 310 315 320

Val Ala Ser Met Gln Pro Val Ala Ala Ser Gly Val Val Lys Gln Lys

[illegible]

Gln Val Phe Ala Leu Ser Leu Leu Val Tyr Gly Val Ala Thr Gly Ala

90 95 100
 tcg gcg ctt tca gtg tcg ctg gca atg ttg atg gcg ctg cgc ttc gtc 451
 Ser Ala Leu Ser Val Ser Leu Ala Met Leu Met Ala Leu Arg Phe Val

105 110 115
 gtt gga ctt ggc ctg ggc gct gaa ctc ccc gtt gca tcc act ctg att 499
 Val Gly Leu Gly Leu Gly Ala Glu Leu Pro Val Ala Ser Thr Leu Ile

120 125 130
 tcc gag ttt tct cca cga aaa gtt cgt ggc cgc atg gtc gtt atc ctg 547
 Ser Glu Phe Ser Pro Arg Lys Val Arg Gly Arg Met Val Val Ile Leu

135 140 145
 gag gcg ttt tgg gcg ctg ggc tgg atc atg gct gca atc gtc gga acc 595
 Glu Ala Phe Trp Ala Leu Gly Trp Ile Met Ala Ala Ile Val Gly Thr

150 155 160 165
 ttt gtc gtg gca gga tcc gat aat ggt tgg cgt tgg gcg tta gct ctt 643
 Phe Val Val Ala Gly Ser Asp Asn Gly Trp Arg Trp Ala Leu Ala Leu

170 175 180
 ggc tgt gtc cct gca att tac gcg gtg tat gtc cgt ctc gga ctt cca 691
 Gly Cys Val Pro Ala Ile Tyr Ala Val Tyr Val Arg Leu Gly Leu Pro

185 190 195
 gaa tca gta cgt ttc ctg gag aag aaa ggc cgg cac gac gaa gca gaa 739
 Glu Ser Val Arg Phe Leu Glu Lys Lys Gly Arg His Asp Glu Ala Glu

200 205 210
 gcc atc gtt gtt tcc ttc gaa gaa gct gcc gct gcc gaa ggt aaa gct 787
 Ala Ile Val Val Ser Phe Glu Glu Ala Ala Ala Ala Glu Gly Lys Ala

215 220 225
 gcc gat gcc acc acc gct gtg gtt cat gac aac gct gcc gag ggt tcc 835
 Ala Asp Ala Thr Thr Ala Val Val His Asp Asn Ala Ala Glu Gly Ser

230 235 240 245
 gta tcc atc tgg tca gct gct ttg cgc aag cgc acc gtc gcg ctg tgg 883
 Val Ser Ile Trp Ser Ala Ala Leu Arg Lys Arg Thr Val Ala Leu Trp

250 255 260
 atc gtg tgg ttc tgc atc aac ttg tcc tac tac gga gcc ttc att tgg 931
 Ile Val Trp Phe Cys Ile Asn Leu Ser Tyr Tyr Gly Ala Phe Ile Trp

265 270 275
 att cca tcg ctg ctg gtt gcc gac ggt ttc acc ctc gtg aag tct ttc 979
 Ile Pro Ser Leu Leu Val Ala Asp Gly Phe Thr Leu Val Lys Ser Phe

280 285 290
 caa ttc act ctg atc atc acc ttg gct cag ctt cca ggc tat gcg gtt 1027
 Gln Phe Thr Leu Ile Ile Thr Leu Ala Gln Leu Pro Gly Tyr Ala Val

295 300 305
 gca gcg tgg ttg att gaa aag tgg ggc cgt cgc agc aca ttg gcc acg 1075

Ala Ala Trp Leu Ile Glu Lys Trp Gly Arg Arg Ser Thr Leu Ala Thr

310 315 320 325
 ttc ctg gtt ggt tct gct atc tct gca gcg ctc tac ggc ttg gca aat 1123
 Phe Leu Val Gly Ser Ala Ile Ser Ala Ala Leu Tyr Gly Leu Ala Asn

330 335 340
 gtg gag tgg cag atc ctg gtc gca ggt tgt tta cta tcc ttc ttc aac 1171
 Val Glu Trp Gln Ile Leu Val Ala Gly Cys Leu Leu Ser Phe Phe Asn

345 350 355
 ctg ggc gca tgg ggc gca ctg tat gcc att ggg ccg gag ctt tat ccc 1219
 Leu Gly Ala Trp Gly Ala Leu Tyr Ala Ile Gly Pro Glu Leu Tyr Pro

360 365 370
 act aat gtc cgt gga act gga acg ggt gct gcc gcg gga ttc ggg cgc 1267
 Thr Asn Val Arg Gly Thr Gly Thr Gly Ala Ala Ala Gly Phe Gly Arg

375 380 385
 att gct tcc atc atc gct ccg ctc att gtt ccg cca gtg att gct ttt 1315
 Ile Ala Ser Ile Ile Ala Pro Leu Ile Val Pro Pro Val Ile Ala Phe

390 395 400 405
 ggt gga cca att gct ttg ttc gct ctc ttt gcc acc gcg ttt gcg atc 1363
 Gly Gly Pro Ile Ala Leu Phe Ala Leu Phe Ala Thr Ala Phe Ala Ile

410 415 420
 gca gcg att gcg gcg ttt acg ctg cct gag cag aag ggt aag tct ctc 1411
 Ala Ala Ile Ala Ala Phe Thr Leu Pro Glu Gln Lys Gly Lys Ser Leu

425 430 435
 gct gat tagtgagatc cttccaccag ttt 1440
 Ala Asp

<210> 514
 <211> 439
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 514
 Met Asn Leu Thr Arg Asn Asp Arg Leu Asp Arg Leu Pro Val Thr Ser
 1 5 10 15

Lys His Lys Lys Ile Leu Gly Gly Ser Gly Ile Gly Trp Ala Leu Asp
 20 25 30

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

His Trp Gly Leu Ser Pro Thr Glu Thr Ser Leu Leu Gly Ser Ile Gly
 50 55 60

Phe Val Gly Met Ala Ile Gly Ala Ser Leu Gly Gly Leu Leu Ala Asp
 65 70 75 80
 Lys Leu Gly Arg Arg Gln Val Phe Ala Leu Ser Leu Leu Val Tyr Gly
 85 90 95
 Val Ala Thr Gly Ala Ser Ala Leu Ser Val Ser Leu Ala Met Leu Met
 100 105 110
 Ala Leu Arg Phe Val Val Gly Leu Gly Leu Gly Ala Glu Leu Pro Val
 115 120 125
 Ala Ser Thr Leu Ile Ser Glu Phe Ser Pro Arg Lys Val Arg Gly Arg
 130 135 140
 Met Val Val Ile Leu Glu Ala Phe Trp Ala Leu Gly Trp Ile Met Ala
 145 150 155 160
 Ala Ile Val Gly Thr Phe Val Val Ala Gly Ser Asp Asn Gly Trp Arg
 165 170 175
 Trp Ala Leu Ala Leu Gly Cys Val Pro Ala Ile Tyr Ala Val Tyr Val
 180 185 190
 Arg Leu Gly Leu Pro Glu Ser Val Arg Phe Leu Glu Lys Lys Gly Arg
 195 200 205
 His Asp Glu Ala Glu Ala Ile Val Val Ser Phe Glu Glu Ala Ala Ala
 210 215 220
 Ala Glu Gly Lys Ala Ala Asp Ala Thr Thr Ala Val Val His Asp Asn
 225 230 235 240
 Ala Ala Glu Gly Ser Val Ser Ile Trp Ser Ala Ala Leu Arg Lys Arg
 245 250 255
 Thr Val Ala Leu Trp Ile Val Trp Phe Cys Ile Asn Leu Ser Tyr Tyr
 260 265 270
 Gly Ala Phe Ile Trp Ile Pro Ser Leu Leu Val Ala Asp Gly Phe Thr
 275 280 285
 Leu Val Lys Ser Phe Gln Phe Thr Leu Ile Ile Thr Leu Ala Gln Leu
 290 295 300
 Pro Gly Tyr Ala Val Ala Ala Trp Leu Ile Glu Lys Trp Gly Arg Arg
 305 310 315 320
 Ser Thr Leu Ala Thr Phe Leu Val Gly Ser Ala Ile Ser Ala Ala Leu
 325 330 335
 Tyr Gly Leu Ala Asn Val Glu Trp Gln Ile Leu Val Ala Gly Cys Leu
 340 345 350
 Leu Ser Phe Phe Asn Leu Gly Ala Trp Gly Ala Leu Tyr Ala Ile Gly
 355 360 365
 Pro Glu Leu Tyr Pro Thr Asn Val Arg Gly Thr Gly Thr Gly Ala Ala

370 375 380

Ala Gly Phe Gly Arg Ile Ala Ser Ile Ile Ala Pro Leu Ile Val Pro
385 390 395 400

Pro Val Ile Ala Phe Gly Gly Pro Ile Ala Leu Phe Ala Leu Phe Ala
405 410 415

Thr Ala Phe Ala Ile Ala Ala Ile Ala Ala Phe Thr Leu Pro Glu Gln
420 425 430

Lys Gly Lys Ser Leu Ala Asp
435

<210> 515
<211> 1704
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1681)
<223> RXN00449

<400> 515
tcgttggctt acatggtcac tgatgaccgg gctgaatatg tgagaaaatc catcccttct 60
ttaagcaagg gactgaatta cagaaaagga ttgttcagca atg agc aca cct gac 115
Met Ser Thr Pro Asp

1 5
att aaa gaa ggc tcg gca gaa tca ccg ggc gaa gta atg gtc gtt gga 163
Ile Lys Glu Gly Ser Ala Glu Ser Pro Gly Glu Val Met Val Val Gly

10 15 20
gac agg cga gag tgg cgt cga caa gca acc ggc atc att gcc ggc ctc 211
Asp Arg Arg Glu Trp Arg Arg Gln Ala Thr Gly Ile Ile Ala Gly Leu

25 30 35
gtc tta gcc gcc ctg gtc tat ctt ctc ttc ccc tcg aac tcc gtg gaa 259
Val Leu Ala Ala Leu Val Tyr Leu Leu Phe Pro Ser Asn Ser Val Glu

40 45 50
acc gtc atg caa tcc agt ggc gtc gat cca gaa act gaa tac acc aac 307
Thr Val Met Gln Ser Ser Gly Val Asp Pro Glu Thr Glu Tyr Thr Asn

55 60 65
aac gcg atg cgt ctt act gct gca gtc aca atc ttg atg gca gtg tgg 355
Asn Ala Met Arg Leu Thr Ala Ala Val Thr Ile Leu Met Ala Val Trp

70 75 80 85
tgg atg aca gaa gca atc cca cta gca gca acc gca ctt atc ccg ttg 403
Trp Met Thr Glu Ala Ile Pro Leu Ala Ala Thr Ala Leu Ile Pro Leu

90 95 100
gtt gca ttc cct gct ttc cag gtt gtg gac ttt ggg aag gca aca gct 451

Val Ala Phe Pro Ala Phe Gln Val Val Asp Phe Gly Lys Ala Thr Ala

105 110 115
 ccg tat gcc aac cct acg agc ttc ctc ttc ttg ggc ggc ttt ctt atg 499
 Pro Tyr Ala Asn Pro Thr Ser Phe Leu Phe Leu Gly Gly Phe Leu Met

120 125 130
 gca ctt ggc ctg cag aaa tgg aac cta cac cga cgt atg gct cta gcg 547
 Ala Leu Gly Leu Gln Lys Trp Asn Leu His Arg Arg Met Ala Leu Ala

135 140 145
 gtc gtg cta gct gtt ggt act aag cca aag caa ttg gtc ttg ggt ttt 595
 Val Val Leu Ala Val Gly Thr Lys Pro Lys Gln Leu Val Leu Gly Phe

150 155 160 165
 atg gtg gca act gga ttt ttg tcc atg tgg gtg tct aac act gca acg 643
 Met Val Ala Thr Gly Phe Leu Ser Met Trp Val Ser Asn Thr Ala Thr

170 175 180
 gcc gtg gtt atg tta ccg atc ggt atg tgc gta ctg gca ctg acc gct 691
 Ala Val Val Met Leu Pro Ile Gly Met Ser Val Leu Ala Leu Thr Ala

185 190 195
 gag act gtg ggc gga atg aaa aac caa aag aaa ttc gcc act gga ctc 739
 Glu Thr Val Gly Gly Met Lys Asn Gln Lys Lys Phe Ala Thr Gly Leu

200 205 210
 atg ctg tcc att gct tat tct gct tcc atc ggt tca ctc ggc acc tta 787
 Met Leu Ser Ile Ala Tyr Ser Ala Ser Ile Gly Ser Leu Gly Thr Leu

215 220 225
 att ggc acg cca ccc aat gcc ttg ctt gct gcg tat atg tct gaa tgc 835
 Ile Gly Thr Pro Pro Asn Ala Leu Leu Ala Ala Tyr Met Ser Glu Ser

230 235 240 245
 cat gat atc cac atc gga ttt ggt cag tgg atg att ctt ggt gta cca 883
 His Asp Ile His Ile Gly Phe Gly Gln Trp Met Ile Leu Gly Val Pro

250 255 260
 att gct gtc gtc ttc acc atc atc gcg tgg ctt gtg ttg acc acc gtg 931
 Ile Ala Val Val Phe Thr Ile Ile Ala Trp Leu Val Leu Thr Thr Val

265 270 275
 ttc aag cca gaa atg aaa gaa atc cct ggc gga cgt gaa ctg atc aaa 979
 Phe Lys Pro Glu Met Lys Glu Ile Pro Gly Gly Arg Glu Leu Ile Lys

280 285 290
 cgt gaa atc gct gaa atg ggg ccg tgg act gca cct cag gtc aca gtg 1027
 Arg Glu Ile Ala Glu Met Gly Pro Trp Thr Ala Pro Gln Val Thr Val

295 300 305
 ggt gtt att ttt gcg gca gct gca ctg gct tgg gtc ttc att cca tta 1075
 Gly Val Ile Phe Ala Ala Ala Ala Leu Ala Trp Val Phe Ile Pro Leu

310 315 320 325

act cta gat tgg acc ggt tcc cag ctc tct atc aat gac tcc ctc att 1123
Thr Leu Asp Trp Thr Gly Ser Gln Leu Ser Ile Asn Asp Ser Leu Ile

330 335 340
ggc atc gct gcc ggc ctg ctg atg ttt atc gtt ccc gct aac ttt aaa 1171
Gly Ile Ala Ala Gly Leu Leu Met Phe Ile Val Pro Ala Asn Phe Lys

345 350 355
acc ggc gaa cgc att ctt gat tgg cgt act gca ggc gaa ctt cca tgg 1219
Thr Gly Glu Arg Ile Leu Asp Trp Arg Thr Ala Gly Glu Leu Pro Trp

360 365 370
gat gtt ctc ttg ctt ttt ggt ggc ggg ctt tca ctt tct gcg atg ttt 1267
Asp Val Leu Leu Leu Phe Gly Gly Gly Leu Ser Leu Ser Ala Met Phe

375 380 385
acc agc acg gga ctt tcc cta tgg atc ggt gaa cta gct aag gga ctt 1315
Thr Ser Thr Gly Leu Ser Leu Trp Ile Gly Glu Leu Ala Lys Gly Leu

390 395 400 405
gat gcc ctt cca atc ttc att ctc atc ttc gcc att gct gtc ctg gtg 1363
Asp Ala Leu Pro Ile Phe Ile Leu Ile Phe Ala Ile Ala Val Leu Val

410 415 420
ttg ttc ctg acc gag ttc acc tcc aac acc gca aca gcg gca acc ttc 1411
Leu Phe Leu Thr Glu Phe Thr Ser Asn Thr Ala Thr Ala Ala Thr Phe

425 430 435
ctg cca atc atg ggt ggc gtc gcc gta ggt atc gga ctg acc gca ggt 1459
Leu Pro Ile Met Gly Gly Val Ala Val Gly Ile Gly Leu Thr Ala Gly

440 445 450
ggc gag cag aat gtt ctg ctg ctg acc atc cca gtc gca ctg tcc gca 1507
Gly Glu Gln Asn Val Leu Leu Leu Thr Ile Pro Val Ala Leu Ser Ala

455 460 465
acc tgt gcg ttc atg ctt cca gtg gca acg cct cca aac gcg att gca 1555
Thr Cys Ala Phe Met Leu Pro Val Ala Thr Pro Pro Asn Ala Ile Ala

470 475 480 485
ttc ggc tcc ggc tac att aag atc ggc gaa atg gtc aag ggt ggt ctg 1603
Phe Gly Ser Gly Tyr Ile Lys Ile Gly Glu Met Val Lys Gly Gly Leu

490 495 500
tgg ctg aac atc atc gca gtc atc ctc att acg att ttc acc tac ttc 1651
Trp Leu Asn Ile Ile Ala Val Ile Leu Ile Thr Ile Phe Thr Tyr Phe

505 510 515
gta gcg atc cca ctc ttt ggc atc atg ctt taaaagttaa caggcccgca 1701
Val Ala Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Leu

520 525
gtc 1704

<210> 516

<211> 527

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 516

Met Ser Thr Pro Asp Ile Lys Glu Gly Ser Ala Glu Ser Pro Gly Glu
1 5 10 15

Val Met Val Val Gly Asp Arg Arg Glu Trp Arg Arg Gln Ala Thr Gly
20 25 30

Ile Ile Ala Gly Leu Val Leu Ala Ala Leu Val Tyr Leu Leu Phe Pro
35 40 45

Ser Asn Ser Val Glu Thr Val Met Gln Ser Ser Gly Val Asp Pro Glu
50 55 60

Thr Glu Tyr Thr Asn Asn Ala Met Arg Leu Thr Ala Ala Val Thr Ile
65 70 75 80

Leu Met Ala Val Trp Trp Met Thr Glu Ala Ile Pro Leu Ala Ala Thr
85 90 95

Ala Leu Ile Pro Leu Val Ala Phe Pro Ala Phe Gln Val Val Asp Phe
100 105 110

Gly Lys Ala Thr Ala Pro Tyr Ala Asn Pro Thr Ser Phe Leu Phe Leu
115 120 125

Gly Gly Phe Leu Met Ala Leu Gly Leu Gln Lys Trp Asn Leu His Arg
130 135 140

Arg Met Ala Leu Ala Val Val Leu Ala Val Gly Thr Lys Pro Lys Gln
145 150 155 160

Leu Val Leu Gly Phe Met Val Ala Thr Gly Phe Leu Ser Met Trp Val
165 170 175

Ser Asn Thr Ala Thr Ala Val Val Met Leu Pro Ile Gly Met Ser Val
180 185 190

Leu Ala Leu Thr Ala Glu Thr Val Gly Gly Met Lys Asn Gln Lys Lys
195 200 205

Phe Ala Thr Gly Leu Met Leu Ser Ile Ala Tyr Ser Ala Ser Ile Gly
210 215 220

Ser Leu Gly Thr Leu Ile Gly Thr Pro Pro Asn Ala Leu Leu Ala Ala
225 230 235 240

Tyr Met Ser Glu Ser His Asp Ile His Ile Gly Phe Gly Gln Trp Met
245 250 255

Ile Leu Gly Val Pro Ile Ala Val Val Phe Thr Ile Ile Ala Trp Leu
260 265 270

Val Leu Thr Thr Val Phe Lys Pro Glu Met Lys Glu Ile Pro Gly Gly

275 280 285
 Arg Glu Leu Ile Lys Arg Glu Ile Ala Glu Met Gly Pro Trp Thr Ala
 290 295 300
 Pro Gln Val Thr Val Gly Val Ile Phe Ala Ala Ala Ala Leu Ala Trp
 305 310 315 320
 Val Phe Ile Pro Leu Thr Leu Asp Trp Thr Gly Ser Gln Leu Ser Ile
 325 330 335
 Asn Asp Ser Leu Ile Gly Ile Ala Ala Gly Leu Leu Met Phe Ile Val
 340 345 350
 Pro Ala Asn Phe Lys Thr Gly Glu Arg Ile Leu Asp Trp Arg Thr Ala
 355 360 365
 Gly Glu Leu Pro Trp Asp Val Leu Leu Leu Phe Gly Gly Gly Leu Ser
 370 375 380
 Leu Ser Ala Met Phe Thr Ser Thr Gly Leu Ser Leu Trp Ile Gly Glu
 385 390 395 400
 Leu Ala Lys Gly Leu Asp Ala Leu Pro Ile Phe Ile Leu Ile Phe Ala
 405 410 415
 Ile Ala Val Leu Val Leu Phe Leu Thr Glu Phe Thr Ser Asn Thr Ala
 420 425 430
 Thr Ala Ala Thr Phe Leu Pro Ile Met Gly Gly Val Ala Val Gly Ile
 435 440 445
 Gly Leu Thr Ala Gly Gly Glu Gln Asn Val Leu Leu Leu Thr Ile Pro
 450 455 460
 Val Ala Leu Ser Ala Thr Cys Ala Phe Met Leu Pro Val Ala Thr Pro
 465 470 475 480
 Pro Asn Ala Ile Ala Phe Gly Ser Gly Tyr Ile Lys Ile Gly Glu Met
 485 490 495
 Val Lys Gly Gly Leu Trp Leu Asn Ile Ile Ala Val Ile Leu Ile Thr
 500 505 510
 Ile Phe Thr Tyr Phe Val Ala Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Leu
 515 520 525

<210> 517

<211> 1028

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1005)

<223> FRXA00449

<400> 517

ctg gca ctg acc gct gag act gtg ggc gga atg aaa aac caa aag aaa 48
Leu Ala Leu Thr Ala Glu Thr Val Gly Gly Met Lys Asn Gln Lys Lys

1 5 10 15
ttc gcc act gga ctc atg ctg tcc att gct tat tct gct tcc atc ggt 96
Phe Ala Thr Gly Leu Met Leu Ser Ile Ala Tyr Ser Ala Ser Ile Gly

20 25 30
tca ctc ggc acc tta att ggc acg cca ccc aat gcc ttg ctt gct gcg 144
Ser Leu Gly Thr Leu Ile Gly Thr Pro Pro Asn Ala Leu Leu Ala Ala

35 40 45
tat atg tct gaa tcg cat gat atc cac atc gga ttt ggt cag tgg atg 192
Tyr Met Ser Glu Ser His Asp Ile His Ile Gly Phe Gly Gln Trp Met

50 55 60
att ctt ggt gta cca att gct gtc gtc ttc acc atc atc gcg tgg ctt 240
Ile Leu Gly Val Pro Ile Ala Val Val Phe Thr Ile Ile Ala Trp Leu

65 70 75 80
gtg ttg acc acc gtg ttc aag cca gaa atg aaa gaa atc cct ggc gga 288
Val Leu Thr Thr Val Phe Lys Pro Glu Met Lys Glu Ile Pro Gly Gly

85 90 95
cgt gaa ctg atc aaa cgt gaa atc gct gaa atg ggg ccg tgg act gca 336
Arg Glu Leu Ile Lys Arg Glu Ile Ala Glu Met Gly Pro Trp Thr Ala

100 105 110
cct cag gtc aca gtg ggt gtt att ttt gcg gca gct gca ctg gct tgg 384
Pro Gln Val Thr Val Gly Val Ile Phe Ala Ala Ala Ala Leu Ala Trp

115 120 125
gtc ttc att cca tta act cta gat tgg acc ggt tcc cag ctc tct atc 432
Val Phe Ile Pro Leu Thr Leu Asp Trp Thr Gly Ser Gln Leu Ser Ile

130 135 140
aat gac tcc ctc att ggc atc gct gcc ggc ctg ctg atg ttt atc gtt 480
Asn Asp Ser Leu Ile Gly Ile Ala Ala Gly Leu Leu Met Phe Ile Val

145 150 155 160
ccc gct aac ttt aaa acc ggc gaa cgc att ctt gat tgg cgt act gca 528
Pro Ala Asn Phe Lys Thr Gly Glu Arg Ile Leu Asp Trp Arg Thr Ala

165 170 175
ggc gaa ctt cca tgg gat gtt ctc ttg ctt ttt ggt ggc ggg ctt tca 576
Gly Glu Leu Pro Trp Asp Val Leu Leu Leu Phe Gly Gly Gly Leu Ser

180 185 190
ctt tct gcg atg ttt acc agc acg gga ctt tcc cta tgg atc ggt gaa 624
Leu Ser Ala Met Phe Thr Ser Thr Gly Leu Ser Leu Trp Ile Gly Glu

195 200 205

cta gct aag gga ctt gat gcc ctt cca atc ttc att ctc atc ttc gcc 672
 Leu Ala Lys Gly Leu Asp Ala Leu Pro Ile Phe Ile Leu Ile Phe Ala

210 215 220
 att gct gtc ctg gtg ttg ttc ctg acc gag ttc acc tcc aac acc gca 720
 Ile Ala Val Leu Val Leu Phe Leu Thr Glu Phe Thr Ser Asn Thr Ala

225 230 235 240
 aca gcg gca acc ttc ctg cca atc atg ggt ggc gtc gcc gta ggt atc 768
 Thr Ala Ala Thr Phe Leu Pro Ile Met Gly Gly Val Ala Val Gly Ile

245 250 255
 gga ctg acc gca ggt ggc gag cag aat gtt ctg ctg ctg acc atc cca 816
 Gly Leu Thr Ala Gly Gly Glu Gln Asn Val Leu Leu Leu Thr Ile Pro

260 265 270
 gtc gca ctg tcc gca acc tgt gcg ttc atg ctt cca gtg gca acg cct 864
 Val Ala Leu Ser Ala Thr Cys Ala Phe Met Leu Pro Val Ala Thr Pro

275 280 285
 cca aac gcg att gca ttc ggc tcc ggc tac att aag atc ggc gaa atg 912
 Pro Asn Ala Ile Ala Phe Gly Ser Gly Tyr Ile Lys Ile Gly Glu Met

290 295 300
 gtc aag ggt ggt ctg tgg ctg aac atc atc gca gtc atc ctc att acg 960
 Val Lys Gly Gly Leu Trp Leu Asn Ile Ile Ala Val Ile Leu Ile Thr

305 310 315 320
 att ttc acc tac ttc gta gcg atc cca ctc ttt ggc atc atg ctt 1005
 Ile Phe Thr Tyr Phe Val Ala Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Leu

325 330 335
 taaaagttaa caggcccgca gtc 1028

<210> 518
 <211> 335
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 518
 Leu Ala Leu Thr Ala Glu Thr Val Gly Gly Met Lys Asn Gln Lys Lys
 1 5 10 15
 Phe Ala Thr Gly Leu Met Leu Ser Ile Ala Tyr Ser Ala Ser Ile Gly
 20 25 30
 Ser Leu Gly Thr Leu Ile Gly Thr Pro Pro Asn Ala Leu Leu Ala Ala
 35 40 45
 Tyr Met Ser Glu Ser His Asp Ile His Ile Gly Phe Gly Gln Trp Met
 50 55 60
 Ile Leu Gly Val Pro Ile Ala Val Val Phe Thr Ile Ile Ala Trp Leu
 65 70 75 80

Val Leu Thr Thr Val Phe Lys Pro Glu Met Lys Glu Ile Pro Gly Gly
85 90 95

Arg Glu Leu Ile Lys Arg Glu Ile Ala Glu Met Gly Pro Trp Thr Ala
100 105 110

Pro Gln Val Thr Val Gly Val Ile Phe Ala Ala Ala Ala Leu Ala Trp
115 120 125

Val Phe Ile Pro Leu Thr Leu Asp Trp Thr Gly Ser Gln Leu Ser Ile
130 135 140

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

Pro Ala Asn Phe Lys Thr Gly Glu Arg Ile Leu Asp Trp Arg Thr Ala
165 170 175

Gly Glu Leu Pro Trp Asp Val Leu Leu Leu Phe Gly Gly Gly Leu Ser
180 185 190

Leu Ser Ala Met Phe Thr Ser Thr Gly Leu Ser Leu Trp Ile Gly Glu
195 200 205

Leu Ala Lys Gly Leu Asp Ala Leu Pro Ile Phe Ile Leu Ile Phe Ala
210 215 220

Ile Ala Val Leu Val Leu Phe Leu Thr Glu Phe Thr Ser Asn Thr Ala
225 230 235 240

Thr Ala Ala Thr Phe Leu Pro Ile Met Gly Gly Val Ala Val Gly Ile
245 250 255

Gly Leu Thr Ala Gly Gly Glu Gln Asn Val Leu Leu Leu Thr Ile Pro
260 265 270

Val Ala Leu Ser Ala Thr Cys Ala Phe Met Leu Pro Val Ala Thr Pro
275 280 285

Pro Asn Ala Ile Ala Phe Gly Ser Gly Tyr Ile Lys Ile Gly Glu Met
290 295 300

Val Lys Gly Gly Leu Trp Leu Asn Ile Ile Ala Val Ile Leu Ile Thr
305 310 315 320

Ile Phe Thr Tyr Phe Val Ala Ile Pro Leu Phe Gly Ile Met Leu
325 330 335

<210> 519

<211> 448

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(448)

<223> FRXA01755

<400> 519

tcgttggctt acatgggtcat tgatgaccgg gctgaatatg tgagaaaatc catcccttct 60
ttaagcaagg gagtgaatta cagaaaagga ttgttcagca atg agc aca cct gac 115
Met Ser Thr Pro Asp

1 5
att aaa gaa ggc tcg gca gaa tca ccg ggc gaa gta atg gtc gtt gga 163
Ile Lys Glu Gly Ser Ala Glu Ser Pro Gly Glu Val Met Val Val Gly

10 15 20
gac agg cga gag tgg cgt cga caa gca acc ggc atc att gcc ggc ctc 211
Asp Arg Arg Glu Trp Arg Arg Gln Ala Thr Gly Ile Ile Ala Gly Leu

25 30 35
gtc tta gcc gcc ctg gtc tat ctt ctc ttc ccc tcg aac tcc gtg gaa 259
Val Leu Ala Ala Leu Val Tyr Leu Leu Phe Pro Ser Asn Ser Val Glu

40 45 50
acc gtc atg caa tcc agt ggc gtc gat cca gaa act gaa tac acc aac 307
Thr Val Met Gln Ser Ser Gly Val Asp Pro Glu Thr Glu Tyr Thr Asn

55 60 65
aac gcg atg cgt ctt act gct gca gtc aca atc ttg atg gca gtg tgg 355
Asn Ala Met Arg Leu Thr Ala Ala Val Thr Ile Leu Met Ala Val Trp

70 75 80 85
tgg atg aca gaa gca atc cca cta gca gca acc gca ctt atc ccg ttg 403
Trp Met Thr Glu Ala Ile Pro Leu Ala Ala Thr Ala Leu Ile Pro Leu

90 95 100
gtt gca ttc cct gct ttc cag gtt gtg gac ttt ggg aag gca gca 448
Val Ala Phe Pro Ala Phe Gln Val Val Asp Phe Gly Lys Ala Ala

105 110 115

<210> 520

<211> 116

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 520

Met Ser Thr Pro Asp Ile Lys Glu Gly Ser Ala Glu Ser Pro Gly Glu
1 5 10 15

Val Met Val Val Gly Asp Arg Arg Glu Trp Arg Arg Gln Ala Thr Gly
20 25 30

Ile Ile Ala Gly Leu Val Leu Ala Ala Leu Val Tyr Leu Leu Phe Pro
35 40 45

Ser Asn Ser Val Glu Thr Val Met Gln Ser Ser Gly Val Asp Pro Glu

50	55	60	
Thr Glu Tyr Thr Asn Asn Ala Met Arg Leu Thr Ala Ala Val Thr Ile			
65	70	75	80
Leu Met Ala Val Trp Trp Met Thr Glu Ala Ile Pro Leu Ala Ala Thr			
	85	90	95
Ala Leu Ile Pro Leu Val Ala Phe Pro Ala Phe Gln Val Val Asp Phe			
	100	105	110
Gly Lys Ala Ala			
115			
<210> 521			
<211> 912			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(889)			
<223> RXA00269			
<400> 521			
tgcgatcttg gtggtgtgctg ccatgctgct gccgaggtgg cgtgcgaagt tctccaaggc	60		
accgaagcct aagcaaccag tagcagtgga ggcttaagac atg tta tcc atc aac	115		
	Met Leu Ser Ile Asn		
	1	5	
gga att tct aag acg ttc ttc ccc ggc act gtg aat gag cgc cgc gcg	163		
Gly Ile Ser Lys Thr Phe Phe Pro Gly Thr Val Asn Glu Arg Arg Ala			
	10	15	20
ttg cag cag ctc aaa ctc gat atg gct gag ggc gat ttt gtc acc gtc	211		
Leu Gln Gln Leu Lys Leu Asp Met Ala Glu Gly Asp Phe Val Thr Val			
	25	30	35
atc ggt tct aac ggt gcg ggt aaa tcc acg ctg ctc aac gct gtt tct	259		
Ile Gly Ser Asn Gly Ala Gly Lys Ser Thr Leu Leu Asn Ala Val Ser			
	40	45	50
ggc cgt ttg ctt gtt gat tcc ggc gag att tcc atc gac ggc aac aag	307		
Gly Arg Leu Leu Val Asp Ser Gly Glu Ile Ser Ile Asp Gly Asn Lys			
	55	60	65
gta aac aag atg tca gag cac aag cgt gcc cgc tac atc ggc cgc gtt	355		
Val Asn Lys Met Ser Glu His Lys Arg Ala Arg Tyr Ile Gly Arg Val			
	70	75	80
ttc cag gat cct ctg gcc ggc acc gcg cgg aat ctc acc att gaa gag	403		
Phe Gln Asp Pro Leu Ala Gly Thr Ala Pro Asn Leu Thr Ile Glu Glu			
	90	95	100
aat ctg gcc atc gcg ttg ctg cgc ggc aag cgc cgt gga ttg ggc ttt	451		

Asn Leu Ala Ile Ala Leu Leu Arg Gly Lys Arg Arg Gly Leu Gly Phe

105 110 115
gca ctg acc tcg aag cgc cgt gag caa ttc aag cag gaa ctt gag cgc 499
Ala Leu Thr Ser Lys Arg Arg Glu Gln Phe Lys Gln Glu Leu Glu Arg

120 125 130
ctt gag ctg ggt ctg gaa aac agg ctc act gcc aaa gtt ggt ttg ctc 547
Leu Glu Leu Gly Leu Glu Asn Arg Leu Thr Ala Lys Val Gly Leu Leu

135 140 145
tct ggc ggt cag cgt cag gca ttg tcc ctg ctg atg gct ggt ttt act 595
Ser Gly Gly Gln Arg Gln Ala Leu Ser Leu Leu Met Ala Gly Phe Thr

150 155 160 165
caa cct aaa atc atg ctg ttg gat gag cac acc gca gcg ctt gat cca 643
Gln Pro Lys Ile Met Leu Leu Asp Glu His Thr Ala Ala Leu Asp Pro

170 175 180
cag cgt gca gag ctt gtg acc acc ttg acc gaa aag atc gtg gca gat 691
Gln Arg Ala Glu Leu Val Thr Thr Leu Thr Glu Lys Ile Val Ala Asp

185 190 195
gga aat ctg act acg ctt atg gtc acg cac aac atg gaa cag gca att 739
Gly Asn Leu Thr Thr Leu Met Val Thr His Asn Met Glu Gln Ala Ile

200 205 210
cgc ctg ggc aat cgc ctg atc atg atg cat gaa ggc cag att gtc tac 787
Arg Leu Gly Asn Arg Leu Ile Met Met His Glu Gly Gln Ile Val Tyr

215 220 225
cag gca gat cag gct acc aag tcg aag ttg act gtg cgc gat ttg ctg 835
Gln Ala Asp Gln Ala Thr Lys Ser Lys Leu Thr Val Arg Asp Leu Leu

230 235 240 245
cag gag ttc gcc aac atc aag ggc gca aca ttg tct gac aag gcg ttc 883
Gln Glu Phe Ala Asn Ile Lys Gly Ala Thr Leu Ser Asp Lys Ala Phe

250 255 260
ctc ggc taaaaagagc ttgctttacg acg 912
Leu Gly

<210> 522

<211> 263

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 522

Met Leu Ser Ile Asn Gly Ile Ser Lys Thr Phe Phe Pro Gly Thr Val
1 5 10 15

Asn Glu Arg Arg Ala Leu Gln Gln Leu Lys Leu Asp Met Ala Glu Gly

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

<210> 523

<211> 817

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(817)

<223> RXA00369

<400> 523

ggcgggaaat tacaatcagg catcggcggtt gtcgttgatg tttgcgatta tcggtatcgt 60
ggcgctcgcg ttgacgggtgc gcagccagaa ggagtttttag gtg tca tcg atc aaa 115
Val Ser Ser Ile Lys

1 5
ttg cgc gat tta agc gtg agc ttc cgc gac gga acc ttc ggg ctg caa 163
Leu Arg Asp Leu Ser Val Ser Phe Arg Asp Gly Thr Phe Gly Leu Gln

10 15 20
gat atc aat ttg aaa att gag ccg gaa gaa ttt gtg gtg ctc atc ggg 211
Asp Ile Asn Leu Lys Ile Glu Pro Glu Glu Phe Val Val Leu Ile Gly

25 30 35
ccg tcg ggg tcc ggt aaa acc acc atg ttg ggc acc atc gcg ggg ttt 259
Pro Ser Gly Ser Gly Lys Thr Thr Met Leu Gly Thr Ile Ala Gly Phe

40 45 50
gtg gag cca agt tcc ggc agt gtg ctc atc gcc ggc gaa gaa atg acg 307
Val Glu Pro Ser Ser Gly Ser Val Leu Ile Ala Gly Glu Glu Met Thr

55 60 65
cat gtc ccg ccg gag cgc cgt cgc atg ggc atg gtg ttt cag cag cat 355
His Val Pro Pro Glu Arg Arg Arg Met Gly Met Val Phe Gln Gln His

70 75 80 85
gcg gtg tgg ccg cat atg tcg gtc gcc aag aat gtg gga tac ccg ctg 403
Ala Val Trp Pro His Met Ser Val Ala Lys Asn Val Gly Tyr Pro Leu

90 95 100
gcg cga agt ggt cag aag ggg gcg tcg ata agc aaa cgc gtg gag cgc 451
Ala Arg Ser Gly Gln Lys Gly Ala Ser Ile Ser Lys Arg Val Glu Arg

105 110 115
acg ctc gcg ctg gtg ggg ctt gag ggg ttc ggc agt cgc aga ccg gcc 499
Thr Leu Ala Leu Val Gly Leu Glu Gly Phe Gly Ser Arg Arg Pro Ala

120 125 130
agc ctg tct ggt ggt caa cgt cag cgg gtg gcg ctt gcg cgc gcc atc 547
Ser Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Val Ala Leu Ala Arg Ala Ile

135 140 145
atc gcc gac ccc acc gtg ctg ctt ctc gac gag gcc ctc tcc gcc ctc 595
Ile Ala Asp Pro Thr Val Leu Leu Leu Asp Glu Ala Leu Ser Ala Leu

150 155 160 165
gac gaa ccg ctg cga gac gct tta cga cgc gaa ctc gta tct ttg acc 643
Asp Glu Pro Leu Arg Asp Ala Leu Arg Arg Glu Leu Val Ser Leu Thr

170 175 180
cgg cgc gaa ggc ctc act act gtg cac gtg acg cat gac cgc gcc gaa 691
Arg Arg Glu Gly Leu Thr Thr Val His Val Thr His Asp Arg Ala Glu

185 190 195

gcg atc tcc atc gct gac cgc atc gtc gta ctc ggc aac ggt cga atc 739
Ala Ile Ser Ile Ala Asp Arg Ile Val Val Leu Gly Asn Gly Arg Ile

200 205 210
caa cag gta gcc acc cct act gag ctc ctt tcc gcc ccc gct act gcc 787
Gln Gln Val Ala Thr Pro Thr Glu Leu Leu Ser Ala Pro Ala Thr Ala

215 220 225
gat gtt gcc cga ttc atc gtc gac gcc acc 817
Asp Val Ala Arg Phe Ile Val Asp Ala Thr

230 235

<210> 524

<211> 239

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 524

Val Ser Ser Ile Lys Leu Arg Asp Leu Ser Val Ser Phe Arg Asp Gly
1 5 10 15

Thr Phe Gly Leu Gln Asp Ile Asn Leu Lys Ile Glu Pro Glu Glu Phe
20 25 30

Val Val Leu Ile Gly Pro Ser Gly Ser Gly Lys Thr Thr Met Leu Gly
35 40 45

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

Gly Glu Glu Met Thr His Val Pro Pro Glu Arg Arg Arg Met Gly Met
65 70 75 80

Val Phe Gln Gln His Ala Val Trp Pro His Met Ser Val Ala Lys Asn
85 90 95

Val Gly Tyr Pro Leu Ala Arg Ser Gly Gln Lys Gly Ala Ser Ile Ser
100 105 110

Lys Arg Val Glu Arg Thr Leu Ala Leu Val Gly Leu Glu Gly Phe Gly
115 120 125

Ser Arg Arg Pro Ala Ser Leu Ser Gly Gly Gln Arg Gln Arg Val Ala
130 135 140

Leu Ala Arg Ala Ile Ile Ala Asp Pro Thr Val Leu Leu Leu Asp Glu
145 150 155 160

Ala Leu Ser Ala Leu Asp Glu Pro Leu Arg Asp Ala Leu Arg Arg Glu
165 170 175

Leu Val Ser Leu Thr Arg Arg Glu Gly Leu Thr Thr Val His Val Thr
180 185 190

His Asp Arg Ala Glu Ala Ile Ser Ile Ala Asp Arg Ile Val Val Leu
195 200 205

Gly Asn Gly Arg Ile Gln Gln Val Ala Thr Pro Thr Glu Leu Leu Ser
210 215 220

Ala Pro Ala Thr Ala Asp Val Ala Arg Phe Ile Val Asp Ala Thr
225 230 235

<210> 525
<211> 1653
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1630)
<223> RXA02073

<400> 525
tcattgtttt agaggatggc caattgacca tgatggatac acccagcaac gtttccagc 60
acaatgcgtt tttccgcacc gctgtgatgg aggaagaaca atg att tcc cga ctt 115
Met Ile Ser Arg Leu

1 5
ctc caa ttg gct aag aaa gta tgg ccg gaa ctt gga gcc tcc acg ctc 163
Leu Gln Leu Ala Lys Lys Val Trp Pro Glu Leu Gly Ala Ser Thr Leu

10 15 20
ctg cga ctg ctc aat cag cta ctc acc gca gca ctc att gtg ttc ccc 211
Leu Arg Leu Leu Asn Gln Leu Leu Thr Ala Ala Leu Ile Val Phe Pro

25 30 35
gcc tgg gtg cta agc cgc aaa cca gac atc tcc ctg ctc gcc gtc gcc 259
Ala Trp Val Leu Ser Arg Lys Pro Asp Ile Ser Leu Leu Ala Val Ala

40 45 50
atc atc atg gcg ctc atc gcg ctg aca gca gct gtc tgt cgc tgg ggt 307
Ile Ile Met Ala Leu Ile Ala Leu Thr Ala Ala Val Cys Arg Trp Gly

55 60 65
gag cag gta tgc ggc cac cgc gct gcc ttt ggg ctg ctt gcc cac atg 355
Glu Gln Val Cys Gly His Arg Ala Ala Phe Gly Leu Leu Ala His Met

70 75 80 85
cgc gtt atg ctt tac gac gcc ctc gtc cac aaa ggt tcc ccc tcg ccg 403
Arg Val Met Leu Tyr Asp Ala Leu Val His Lys Gly Ser Pro Ser Pro

90 95 100
atc cac ggc agc ggt tcg atc atg tct gtt gcc acc cgt gac att aac 451
Ile His Gly Ser Gly Ser Ile Met Ser Val Ala Thr Arg Asp Ile Asn

105 110 115
tcc atc gaa gta ttc ttc gcg cac acc att ggg cct aca gtc acc gca 499

Ser Ile Glu Val Phe Phe Ala His Thr Ile Gly Pro Thr Val Thr Ala

120 125 130
gtg ctg ctc agt gcg gga ggc gtg atc acg ctg gca acg ctc gat ccc 547
Val Leu Leu Ser Ala Gly Gly Val Ile Thr Leu Ala Thr Leu Asp Pro

135 140 145
gtt gct ggt cta att ggt tta ctc ggt gtc ctc atc gcg tgg ttg atc 595
Val Ala Gly Leu Ile Gly Leu Leu Gly Val Leu Ile Ala Trp Leu Ile

150 155 160 165
ccc ttg att gga aaa caa tcc tca agc agt gaa gcc aca tca cgt gga 643
Pro Leu Ile Gly Lys Gln Ser Ser Ser Ser Glu Ala Thr Ser Arg Gly

170 175 180
cac atc gcc cag cac ctc acc gaa gat gcc gcc ggc agg ctt gaa atc 691
His Ile Ala Gln His Leu Thr Glu Asp Ala Ala Gly Arg Leu Glu Ile

185 190 195
aac tca cat gga gcg caa gcc aca cgg tta aat gcg ctc gag gtg aaa 739
Asn Ser His Gly Ala Gln Ala Thr Arg Leu Asn Ala Leu Glu Val Lys

200 205 210
gag caa caa ctg gaa caa gtt gtg acc cga cag ggc ttg atc gtc ggt 787
Glu Gln Gln Leu Glu Gln Val Val Thr Arg Gln Gly Leu Ile Val Gly

215 220 225
atc cgt cag ggc gca gca ctt tta tgg ccg tgg ata tca gct gtg ttg 835
Ile Arg Gln Gly Ala Ala Leu Leu Trp Pro Trp Ile Ser Ala Val Leu

230 235 240 245
ttg gtt gct ctg gtt cct cat gtg ggc att gtt gca gcc gcg att atc 883
Leu Val Ala Leu Val Pro His Val Gly Ile Val Ala Ala Ala Ile Ile

250 255 260
ctg ggc atc tcc cct gcg ttg gat gca gtt gag gga ttt gct cgc acc 931
Leu Gly Ile Ser Pro Ala Leu Asp Ala Val Glu Gly Phe Ala Arg Thr

265 270 275
atg cct acc gcg tta aac agt gcg cag cgg tat ttc cag atc atc gat 979
Met Pro Thr Ala Leu Asn Ser Ala Gln Arg Tyr Phe Gln Ile Ile Asp

280 285 290
gcc cct gtt gct atc gct gaa cct gac gag ccg aag cct ttg ccc aaa 1027
Ala Pro Val Ala Ile Ala Glu Pro Asp Glu Pro Lys Pro Leu Pro Lys

295 300 305
ggc ccg ctt aag ctg cga att tct aga gtt cca gtc agc gca aag ggc 1075
Gly Pro Leu Lys Leu Arg Ile Ser Arg Val Pro Val Ser Ala Lys Gly

310 315 320 325
acc gtg tct tta gag gtt gca gct ggt gaa cac atc ggc atc atc gga 1123
Thr Val Ser Leu Glu Val Ala Ala Gly Glu His Ile Gly Ile Ile Gly

330 335 340
tcc agc ggt agt gga aaa tcc act ttg gcc aaa ctc atc ctc aag ctg 1171

Ser Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Ala Lys Leu Ile Leu Lys Leu

345 350 355
gcg caa cta cgg tct gga acc atc acc atc ggt ggt gtt gat atc gca 1219
Ala Gln Leu Arg Ser Gly Thr Ile Thr Ile Gly Gly Val Asp Ile Ala

360 365 370
gag gtt tca tcg gcg gag ctt cgc aaa tcc gtc acg ctg gtt gag cag 1267
Glu Val Ser Ser Ala Glu Leu Arg Lys Ser Val Thr Leu Val Glu Gln

375 380 385
aaa tct gtg ctg ttt aga gca agc gtg ctg gag aat tta cgg atg ggc 1315
Lys Ser Val Leu Phe Arg Ala Ser Val Leu Glu Asn Leu Arg Met Gly

390 395 400 405
aat cca gag ctg tct gaa gat gaa gca agg gaa gcc ttg agg ttg gcg 1363
Asn Pro Glu Leu Ser Glu Asp Glu Ala Arg Glu Ala Leu Arg Leu Ala

410 415 420
tcg ata agc gaa ctg cct tta gat gct gac gcc ctg cgc cta tct ggc 1411
Ser Ile Ser Glu Leu Pro Leu Asp Ala Asp Ala Leu Arg Leu Ser Gly

425 430 435
gga cag caa caa cgg ctg tgc ctg gcg cgt gct ttg gca cgc acc cct 1459
Gly Gln Gln Gln Arg Leu Cys Leu Ala Arg Ala Leu Ala Arg Thr Pro

440 445 450
cag gta ctg att gtc gat gaa gcc acc agc cac caa gat gcg ctg aat 1507
Gln Val Leu Ile Val Asp Glu Ala Thr Ser His Gln Asp Ala Leu Asn

455 460 465
caa gcg gat ctt tcc cag act ctg gcc acg ctt aaa gac acc acg gtg 1555
Gln Ala Asp Leu Ser Gln Thr Leu Ala Thr Leu Lys Asp Thr Thr Val

470 475 480 485
atc atc att gcg cac cgc aca gct gca tta acc cat gtg gat cgg ata 1603
Ile Ile Ile Ala His Arg Thr Ala Ala Leu Thr His Val Asp Arg Ile

490 495 500
att gac ctg gaa gaa atc aaa aat ccc tgatccttaa cgcgatcag 1650
Ile Asp Leu Glu Glu Ile Lys Asn Pro

505 510
ggg 1653

<210> 526

<211> 510

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 526

Met Ile Ser Arg Leu Leu Gln Leu Ala Lys Lys Val Trp Pro Glu Leu

1

5

10

15

Gly Ala Ser Thr Leu Leu Arg Leu Leu Asn Gln Leu Leu Thr Ala Ala
 20 25 30
 Leu Ile Val Phe Pro Ala Trp Val Leu Ser Arg Lys Pro Asp Ile Ser
 35 40 45
 Leu Leu Ala Val Ala Ile Ile Met Ala Leu Ile Ala Leu Thr Ala Ala
 50 55 60
 Val Cys Arg Trp Gly Glu Gln Val Cys Gly His Arg Ala Ala Phe Gly
 65 70 75 80
 Leu Leu Ala His Met Arg Val Met Leu Tyr Asp Ala Leu Val His Lys
 85 90 95
 Gly Ser Pro Ser Pro Ile His Gly Ser Gly Ser Ile Met Ser Val Ala
 100 105 110
 Thr Arg Asp Ile Asn Ser Ile Glu Val Phe Phe Ala His Thr Ile Gly
 115 120 125
 Pro Thr Val Thr Ala Val Leu Leu Ser Ala Gly Gly Val Ile Thr Leu
 130 135 140
 Ala Thr Leu Asp Pro Val Ala Gly Leu Ile Gly Leu Leu Gly Val Leu
 145 150 155 160
 Ile Ala Trp Leu Ile Pro Leu Ile Gly Lys Gln Ser Ser Ser Ser Glu
 165 170 175
 Ala Thr Ser Arg Gly His Ile Ala Gln His Leu Thr Glu Asp Ala Ala
 180 185 190
 Gly Arg Leu Glu Ile Asn Ser His Gly Ala Gln Ala Thr Arg Leu Asn
 195 200 205
 Ala Leu Glu Val Lys Glu Gln Gln Leu Glu Gln Val Val Thr Arg Gln
 210 215 220
 Gly Leu Ile Val Gly Ile Arg Gln Gly Ala Ala Leu Leu Trp Pro Trp
 225 230 235 240
 Ile Ser Ala Val Leu Leu Val Ala Leu Val Pro His Val Gly Ile Val
 245 250 255
 Ala Ala Ala Ile Ile Leu Gly Ile Ser Pro Ala Leu Asp Ala Val Glu
 260 265 270
 Gly Phe Ala Arg Thr Met Pro Thr Ala Leu Asn Ser Ala Gln Arg Tyr
 275 280 285
 Phe Gln Ile Ile Asp Ala Pro Val Ala Ile Ala Glu Pro Asp Glu Pro
 290 295 300
 Lys Pro Leu Pro Lys Gly Pro Leu Lys Leu Arg Ile Ser Arg Val Pro
 305 310 315 320
 Val Ser Ala Lys Gly Thr Val Ser Leu Glu Val Ala Ala Gly Glu His

325 330 335
 Ile Gly Ile Ile Gly Ser Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Ala Lys
 340 345 350
 Leu Ile Leu Lys Leu Ala Gln Leu Arg Ser Gly Thr Ile Thr Ile Gly
 355 360 365
 Gly Val Asp Ile Ala Glu Val Ser Ser Ala Glu Leu Arg Lys Ser Val
 370 375 380
 Thr Leu Val Glu Gln Lys Ser Val Leu Phe Arg Ala Ser Val Leu Glu
 385 390 395 400
 Asn Leu Arg Met Gly Asn Pro Glu Leu Ser Glu Asp Glu Ala Arg Glu
 405 410 415
 Ala Leu Arg Leu Ala Ser Ile Ser Glu Leu Pro Leu Asp Ala Asp Ala
 420 425 430
 Leu Arg Leu Ser Gly Gly Gln Gln Gln Arg Leu Cys Leu Ala Arg Ala
 435 440 445
 Leu Ala Arg Thr Pro Gln Val Leu Ile Val Asp Glu Ala Thr Ser His
 450 455 460
 Gln Asp Ala Leu Asn Gln Ala Asp Leu Ser Gln Thr Leu Ala Thr Leu
 465 470 475 480
 Lys Asp Thr Thr Val Ile Ile Ile Ala His Arg Thr Ala Ala Leu Thr
 485 490 495
 His Val Asp Arg Ile Ile Asp Leu Glu Glu Ile Lys Asn Pro
 500 505 510

 <210> 527
 <211> 1142
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1119)
 <223> RXA01399

 <400> 527
 att ctc agc ccc gca acc gca ctt gtc ctg gcg att gga ttg att gct 48
 Ile Leu Ser Pro Ala Thr Ala Leu Val Leu Ala Ile Gly Leu Ile Ala

 1 5 10 15
 gct gca att atc cct ccc ctg ctt gct gct cgc gga gtt aaa aca gcc 96
 Ala Ala Ile Ile Pro Pro Leu Leu Ala Ala Arg Gly Val Lys Thr Ala

 20 25 30
 gaa gcc cgg cgc gct gaa tcc agc gaa gcc tac ttg agt tcc ttg gat 144

Glu Ala Arg Arg Ala Glu Ser Ser Glu Ala Tyr Leu Ser Ser Leu Asp

35 40 45
cag gtg ctg tcc aac cag gcg gcg ctt cgt gtt cgt ggt gaa atg ccg 192
Gln Val Leu Ser Asn Gln Ala Ala Leu Arg Val Arg Gly Glu Met Pro

50 55 60
gcc gct ctg tcc aag gcg gat gtg gct gcg cgt tcc tat tct tct tca 240
Ala Ala Leu Ser Lys Ala Asp Val Ala Ala Arg Ser Tyr Ser Ser Ser

65 70 75 80
ctg gag gca ggc gcg aaa gac act gcc att ggc gca gcg agt tcc ctg 288
Leu Glu Ala Gly Ala Lys Asp Thr Ala Ile Gly Ala Ala Ser Ser Leu

85 90 95
tgg att cac ggt ttc act gtc att ggt gtg ctc atg gtt tcc gcg tca 336
Trp Ile His Gly Phe Thr Val Ile Gly Val Leu Met Val Ser Ala Ser

100 105 110
ctg tat gca gat gga agc cat tca ccg cag tgg ttt ggt gtg ttg gtg 384
Leu Tyr Ala Asp Gly Ser His Ser Pro Gln Trp Phe Gly Val Leu Val

115 120 125
ctg ctt tca ctc gca gct ttc gag gct gtc tct gtt ctc ccc gat gct 432
Leu Leu Ser Leu Ala Ala Phe Glu Ala Val Ser Val Leu Pro Asp Ala

130 135 140
gcg att gct cgt acc cgc gcc gca gat gcc acc agg agg ctt gcg gaa 480
Ala Ile Ala Arg Thr Arg Ala Ala Asp Ala Thr Arg Arg Leu Ala Glu

145 150 155 160
atc tcg gcg ctg cca gaa tct gtc tct ctt gag ctt cgc acg gcc tct 528
Ile Ser Ala Leu Pro Glu Ser Val Ser Leu Glu Leu Arg Thr Ala Ser

165 170 175
gac cag ccc gta tta cgc gcc gag aat cta gtt tat gga tgg gac agc 576
Asp Gln Pro Val Leu Arg Ala Glu Asn Leu Val Tyr Gly Trp Asp Ser

180 185 190
gac cta ggc acg agc aac ctg gat ctc acc ttt ggt tca cga cat gaa 624
Asp Leu Gly Thr Ser Asn Leu Asp Leu Thr Phe Gly Ser Arg His Glu

195 200 205
atc atc gca ccc tct gga act ggc aaa acg acc ctg ctg ctc aca ctt 672
Ile Ile Ala Pro Ser Gly Thr Gly Lys Thr Thr Leu Leu Leu Thr Leu

210 215 220
gcg ggg ctg ttg gaa cct cgt gga ggc caa gtg ctt atc gac ggc acc 720
Ala Gly Leu Leu Glu Pro Arg Gly Gly Gln Val Leu Ile Asp Gly Thr

225 230 235 240
aat cct tcc gag ttg aaa aac gcc gtg ctg ttc agt cca gaa gat gcc 768
Asn Pro Ser Glu Leu Lys Asn Ala Val Leu Phe Ser Pro Glu Asp Ala

245 250 255
cac att ttt gcc acc act gtc cga gat aac tta gca ctc gga gca ccg 816

His Ile Phe Ala Thr Thr Val Arg Asp Asn Leu Ala Leu Gly Ala Pro

260 265 270
gaa gca acc gac gcg gaa atg aca tcg atc ctg gaa cat gtt ggt ttg 864
Glu Ala Thr Asp Ala Glu Met Thr Ser Ile Leu Glu His Val Gly Leu

275 280 285
tca gag tgg gtt caa ggt tta ccc gat ggt ctt ggc act gtc ctt gat 912
Ser Glu Trp Val Gln Gly Leu Pro Asp Gly Leu Gly Thr Val Leu Asp

290 295 300
tca ggt gcc gat agt ctc tcg gga ggt cag cgc cgc cgc ctg ctc ctt 960
Ser Gly Ala Asp Ser Leu Ser Gly Gly Gln Arg Arg Arg Leu Leu Leu

305 310 315 320
gcc cgc gta cta cta agt gat gca cca att ctg ctt ttg gat gaa ccc 1008
Ala Arg Val Leu Leu Ser Asp Ala Pro Ile Leu Leu Leu Asp Glu Pro

325 330 335
acc gag cac ctc gac act gca ggc tcc tct gaa atc ttg tct atg ctg 1056
Thr Glu His Leu Asp Thr Ala Gly Ser Ser Glu Ile Leu Ser Met Leu

340 345 350
gcc tcc gat gaa ctc cct ggt aaa aga gct agg aga acc gta gtg att 1104
Ala Ser Asp Glu Leu Pro Gly Lys Arg Ala Arg Arg Thr Val Val Ile

355 360 365
gtg agg cat gtg agg taattttgcc ccgctgtctt ctg 1142
Val Arg His Val Arg

370

<210> 528
<211> 373
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 528
Ile Leu Ser Pro Ala Thr Ala Leu Val Leu Ala Ile Gly Leu Ile Ala
1 5 10 15
Ala Ala Ile Ile Pro Pro Leu Leu Ala Ala Arg Gly Val Lys Thr Ala
20 25 30
Glu Ala Arg Arg Ala Glu Ser Ser Glu Ala Tyr Leu Ser Ser Leu Asp
35 40 45
Gln Val Leu Ser Asn Gln Ala Ala Leu Arg Val Arg Gly Glu Met Pro
50 55 60
Ala Ala Leu Ser Lys Ala Asp Val Ala Ala Arg Ser Tyr Ser Ser Ser
65 70 75 80
Leu Glu Ala Gly Ala Lys Asp Thr Ala Ile Gly Ala Ala Ser Ser Leu

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

<210> 529
 <211> 1368
 <212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1345)

<223> RXA01339

<400> 529

gagaaggcgg aaccgaagga atcgaagaat atctctccgt gcgttacctc gctttgccgt 60
gacacatgag ctgtccggtg aataacccga aggaaaaaac atg act acc gaa tca 115
Met Thr Thr Glu Ser

1 5
ata gtt gcg cac aat gct gca ggt aca gca cct cag aat gtg tcc tct 163
Ile Val Ala His Asn Ala Ala Gly Thr Ala Pro Gln Asn Val Ser Ser

10 15 20
gct aag aag aag tac ctc agc gtt gcc caa ggc gtt gcc ctt atc tac 211
Ala Lys Lys Lys Tyr Leu Ser Val Ala Gln Gly Val Ala Leu Ile Tyr

25 30 35
gga acc aac atc ggc gcc ggt gtg ctc agc ctc cca tac gct gcc cgc 259
Gly Thr Asn Ile Gly Ala Gly Val Leu Ser Leu Pro Tyr Ala Ala Arg

40 45 50
aac ggt ggt ttc ctc gcc ctg gtt gtt gcc ctg ctc att gcg gga aca 307
Asn Gly Gly Phe Leu Ala Leu Val Val Ala Leu Leu Ile Ala Gly Thr

55 60 65
ctg acc acc atc tcc atg ctc tac atc gcc gaa gta tcc ctg cgc acc 355
Leu Thr Thr Ile Ser Met Leu Tyr Ile Ala Glu Val Ser Leu Arg Thr

70 75 80 85
aag aag cca ctg cag ctt tcc ggc ctg gca gaa aaa tac ctg ggg cag 403
Lys Lys Pro Leu Gln Leu Ser Gly Leu Ala Glu Lys Tyr Leu Gly Gln

90 95 100
tgg ggc cgc tgg ctg gtg ttc att gcc att gtg gtc aac agc gtg ggt 451
Trp Gly Arg Trp Leu Val Phe Ile Ala Ile Val Val Asn Ser Val Gly

105 110 115
gca ctg att gcc tac gca tca gga tcc ggc att ttg ata ggc aac ctc 499
Ala Leu Ile Ala Tyr Ala Ser Gly Ser Gly Ile Leu Ile Gly Asn Leu

120 125 130
acc ggc ctg cca cca atc gtg ggc acc ctt gga ttc ttt gtt tta ggc 547
Thr Gly Leu Pro Pro Ile Val Gly Thr Leu Gly Phe Phe Val Leu Gly

135 140 145
acc ttg atc atg tgg aaa ggc ctg cac acg gca agc ttc gtg gag gca 595
Thr Leu Ile Met Trp Lys Gly Leu His Thr Ala Ser Phe Val Glu Ala

150 155 160 165
ttg atc acc act ggc atg gca acg atc atc atc gtg ctg tgt gga tgg 643

Leu Ile Thr Thr Gly Met Ala Thr Ile Ile Ile Val Leu Cys Gly Trp

170 175 180
aca gtg ctt ggc cct gga att tcc gca gac aac ctg atc gtg ttc cac 691
Thr Val Leu Gly Pro Gly Ile Ser Ala Asp Asn Leu Ile Val Phe His

185 190 195
cca ttc ttc atc gtt ccg atc atg aac ctc gcg gtc ttt acc ttc ctt 739
Pro Phe Phe Ile Val Pro Ile Met Asn Leu Ala Val Phe Thr Phe Leu

200 205 210
gcc caa tat gtg gtt cca gaa atc gca cga gga gtt aac cct gcc acc 787
Ala Gln Tyr Val Val Pro Glu Ile Ala Arg Gly Val Asn Pro Ala Thr

215 220 225
ccg aag gca gtg cca cgc gcg atc atc atc ggc atg gtc gca act ggt 835
Pro Lys Ala Val Pro Arg Ala Ile Ile Ile Gly Met Val Ala Thr Gly

230 235 240 245
gtc acc ctg gca gct gta cca ttc gcg gca cta ggg ctt ctg ggc aca 883
Val Thr Leu Ala Ala Val Pro Phe Ala Ala Leu Gly Leu Leu Gly Thr

250 255 260
ggc gtc agt gaa gtt gtc acc atc tcc tgg ggc gaa gca ctc gcc cca 931
Gly Val Ser Glu Val Val Thr Ile Ser Trp Gly Glu Ala Leu Ala Pro

265 270 275
gtg gcc tat tac atg gcc aat gcc ttc gca cta ttg gcc atg ttc act 979
Val Ala Tyr Tyr Met Ala Asn Ala Phe Ala Leu Leu Ala Met Phe Thr

280 285 290
tca ttc atc gcc att gga ttc acc gcg atg cgc aac gta cta gat att 1027
Ser Phe Ile Ala Ile Gly Phe Thr Ala Met Arg Asn Val Leu Asp Ile

295 300 305
ggc cac tgg cca caa cac gga tgg cag cga tcc gtt gct gtc gga cta 1075
Gly His Trp Pro Gln His Gly Trp Gln Arg Ser Val Ala Val Gly Leu

310 315 320 325
act gtt ctt cca cca ctg gca att tca ctt gcg gga tta ggc gga ttc 1123
Thr Val Leu Pro Pro Leu Ala Ile Ser Leu Ala Gly Leu Gly Gly Phe

330 335 340
gtg gca gca ctg agc tac gcc gga gga ttt gcc gga gca atc atg tcc 1171
Val Ala Ala Leu Ser Tyr Ala Gly Gly Phe Ala Gly Ala Ile Met Ser

345 350 355
atc atc ccc gtg ctg ttg ctg cgc aac tcc cgc aag agt ggc gac caa 1219
Ile Ile Pro Val Leu Leu Leu Arg Asn Ser Arg Lys Ser Gly Asp Gln

360 365 370
gaa cca gtg tgg aaa gcc acc tgg caa gcg cac ccc atc ttc cag atc 1267
Glu Pro Val Trp Lys Ala Thr Trp Gln Ala His Pro Ile Phe Gln Ile

375 380 385
ctg ttg att gtg gtg tac tcc ctg gcg ttt gtg tac tcg gtt ctc gcg 1315

Leu Leu Ile Val Val Tyr Ser Leu Ala Phe Val Tyr Ser Val Leu Ala

390 395 400 405
atc gtc gga tta atg cct gcg ggt tgg gca tagtcacttc ctgttgtggc 1365
Ile Val Gly Leu Met Pro Ala Gly Trp Ala

410 415
tgc 1368

<210> 530
<211> 415
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 530
Met Thr Thr Glu Ser Ile Val Ala His Asn Ala Ala Gly Thr Ala Pro
1 5 10 15

Gln Asn Val Ser Ser Ala Lys Lys Lys Tyr Leu Ser Val Ala Gln Gly
20 25 30

Val Ala Leu Ile Tyr Gly Thr Asn Ile Gly Ala Gly Val Leu Ser Leu
35 40 45

Pro Tyr Ala Ala Arg Asn Gly Gly Phe Leu Ala Leu Val Val Ala Leu
50 55 60

Leu Ile Ala Gly Thr Leu Thr Thr Ile Ser Met Leu Tyr Ile Ala Glu
65 70 75 80

Val Ser Leu Arg Thr Lys Lys Pro Leu Gln Leu Ser Gly Leu Ala Glu
85 90 95

Lys Tyr Leu Gly Gln Trp Gly Arg Trp Leu Val Phe Ile Ala Ile Val
100 105 110

Val Asn Ser Val Gly Ala Leu Ile Ala Tyr Ala Ser Gly Ser Gly Ile
115 120 125

Leu Ile Gly Asn Leu Thr Gly Leu Pro Pro Ile Val Gly Thr Leu Gly
130 135 140

Phe Phe Val Leu Gly Thr Leu Ile Met Trp Lys Gly Leu His Thr Ala
145 150 155 160

Ser Phe Val Glu Ala Leu Ile Thr Thr Gly Met Ala Thr Ile Ile Ile
165 170 175

Val Leu Cys Gly Trp Thr Val Leu Gly Pro Gly Ile Ser Ala Asp Asn
180 185 190

Leu Ile Val Phe His Pro Phe Phe Ile Val Pro Ile Met Asn Leu Ala
195 200 205

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

210 215 220

Val Asn Pro Ala Thr Pro Lys Ala Val Pro Arg Ala Ile Ile Ile Gly
225 230 235 240

Met Val Ala Thr Gly Val Thr Leu Ala Ala Val Pro Phe Ala Ala Leu
245 250 255

Gly Leu Leu Gly Thr Gly Val Ser Glu Val Val Thr Ile Ser Trp Gly
260 265 270

Glu Ala Leu Ala Pro Val Ala Tyr Tyr Met Ala Asn Ala Phe Ala Leu
275 280 285

Leu Ala Met Phe Thr Ser Phe Ile Ala Ile Gly Phe Thr Ala Met Arg
290 295 300

Asn Val Leu Asp Ile Gly His Trp Pro Gln His Gly Trp Gln Arg Ser
305 310 315 320

Val Ala Val Gly Leu Thr Val Leu Pro Pro Leu Ala Ile Ser Leu Ala
325 330 335

Gly Leu Gly Gly Phe Val Ala Ala Leu Ser Tyr Ala Gly Gly Phe Ala
340 345 350

Gly Ala Ile Met Ser Ile Ile Pro Val Leu Leu Leu Arg Asn Ser Arg
355 360 365

Lys Ser Gly Asp Gln Glu Pro Val Trp Lys Ala Thr Trp Gln Ala His
370 375 380

Pro Ile Phe Gln Ile Leu Leu Ile Val Val Tyr Ser Leu Ala Phe Val
385 390 395 400

Tyr Ser Val Leu Ala Ile Val Gly Leu Met Pro Ala Gly Trp Ala
405 410 415

<210> 531
<211> 1452
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1429)
<223> RXA02527

<400> 531
attggagcaa tcttttaatc aagttgggaa ttccagcggt gattgtggtt gccatgtggt 60
ttgcccgcac cctgaagcac tcacggatca agcgtggcgg atg ttt ggc ctg ttc 115
Met Phe Gly Leu Phe
1 5
atc gcg acg att gtg gcg att att ctc aag cca atg cca atg ggt gcc 163

Ile Ala Thr Ile Val Ala Ile Ile Leu Lys Pro Met Pro Met Gly Ala

10 15 20
gtg aca att atc ggc atg atc gcc gcg gtg ttg act ggt ttg gtg ccg 211
Val Thr Ile Ile Gly Met Ile Ala Ala Val Leu Thr Gly Leu Val Pro

25 30 35
ttg acg gcg tct tct gat gat ccc ggc gcg gtg tat ggc ctt att ggt 259
Leu Thr Ala Ser Ser Asp Asp Pro Gly Ala Val Tyr Gly Leu Ile Gly

40 45 50
ttc agt aac ggc acc att tgg ctg att gtg atg gcg ttc ctg att tcg 307
Phe Ser Asn Gly Thr Ile Trp Leu Ile Val Met Ala Phe Leu Ile Ser

55 60 65
cgt gga ttc atc aag acg ggg ctt gga cgt cga ata gcg ttg ttc ttt 355
Arg Gly Phe Ile Lys Thr Gly Leu Gly Arg Arg Ile Ala Leu Phe Phe

70 75 80 85
gtg tct aaa gtc ggc gga aaa atg ctg ggt gtg acc tat ggt ttg gcg 403
Val Ser Lys Val Gly Gly Lys Met Leu Gly Val Thr Tyr Gly Leu Ala

90 95 100
ctc gct gat ttg gtg ttg gct cct gcg att cca tca gca act gcc cga 451
Leu Ala Asp Leu Val Leu Ala Pro Ala Ile Pro Ser Ala Thr Ala Arg

105 110 115
ggg ggt ggc att atg gct ccg att atg aag tcg gtg gca ttg act tat 499
Gly Gly Gly Ile Met Ala Pro Ile Met Lys Ser Val Ala Leu Thr Tyr

120 125 130
gat tcc act cct ggc cca act cgt cgc agg gct ggc gcg ttc ttg gcg 547
Asp Ser Thr Pro Gly Pro Thr Arg Arg Arg Ala Gly Ala Phe Leu Ala

135 140 145
ctg aat gtg gga cag gta aat gcg att acg tgc gcg atg ttt cta act 595
Leu Asn Val Gly Gln Val Asn Ala Ile Thr Cys Ala Met Phe Leu Thr

150 155 160 165
gca atg gca gga aac ccc ttg atc gcc tct ttg gct tcg cag atg gat 643
Ala Met Ala Gly Asn Pro Leu Ile Ala Ser Leu Ala Ser Gln Met Asp

170 175 180
gtc aat atc acg tgg aca aac tgg gct gtg ggt gcg att gtg cct ggt 691
Val Asn Ile Thr Trp Thr Asn Trp Ala Val Gly Ala Ile Val Pro Gly

185 190 195
ctg gtg gcg ctt att gtg gtg ccg tgg gtg gta tac aag atc tat cca 739
Leu Val Ala Leu Ile Val Val Pro Trp Val Val Tyr Lys Ile Tyr Pro

200 205 210
cct gag ttg aag gac acc cct gag gtc aag aaa atg gct tct gat gag 787
Pro Glu Leu Lys Asp Thr Pro Glu Val Lys Lys Met Ala Ser Asp Glu

215 220 225
ctc aag caa ttg ggt ggg ttt act tat ggt gag aag gtg ctg gcg gga 835

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

230 235 240 245
acc ttt gtt gtg ttg ctg ctg ctc tgg aca ggt ggc gat ttg gtc ttg 883
Thr Phe Val Val Leu Leu Leu Leu Trp Thr Gly Gly Asp Leu Val Leu

250 255 260
gga atc tcg gca act acc acc gct ttc gtt ggc gtc atc atc ttg cta 931
Gly Ile Ser Ala Thr Thr Thr Ala Phe Val Gly Val Ile Ile Leu Leu

265 270 275
gtg gct cac gtg ctg acg tgg gag gac atc att caa gaa aag act gcg 979
Val Ala His Val Leu Thr Trp Glu Asp Ile Ile Gln Glu Lys Thr Ala

280 285 290
tgg gac acc atg gtg tgg ttc gcg gtg cta tac atg atg gca aca gcg 1027
Trp Asp Thr Met Val Trp Phe Ala Val Leu Tyr Met Met Ala Thr Ala

295 300 305
tta tcg cag tac gga ttc atc gca tgg atc tct gag gta att gct tcc 1075
Leu Ser Gln Tyr Gly Phe Ile Ala Trp Ile Ser Glu Val Ile Ala Ser

310 315 320 325
agt ttg ggt ggc atg aac tgg gtc gtt gct ttg gtt gtg ttg gtg ctg 1123
Ser Leu Gly Gly Met Asn Trp Val Val Ala Leu Val Val Leu Val Leu

330 335 340
att tac ttc ttc agt cac tat ttc ttt gcc tcg gca aca gcg cat att 1171
Ile Tyr Phe Phe Ser His Tyr Phe Phe Ala Ser Ala Thr Ala His Ile

345 350 355
tct gcg atg tac ttg gcc ttc ctg ggt gct gcg att gcg att ggt gca 1219
Ser Ala Met Tyr Leu Ala Phe Leu Gly Ala Ala Ile Ala Ile Gly Ala

360 365 370
ccc ccg ttg atg gcg gcc ctg gtg ttg gcg tac acc tcc aat ttg ttc 1267
Pro Pro Leu Met Ala Ala Leu Val Leu Ala Tyr Thr Ser Asn Leu Phe

375 380 385
tct tca ctc act cag tat tct ggt ggt cct tcg cca aca ttg ttt ggt 1315
Ser Ser Leu Thr Gln Tyr Ser Gly Gly Pro Ser Pro Thr Leu Phe Gly

390 395 400 405
ttg aac tac atc acg gtg ggt gag tgg tgg cgg acc tcg gca att gct 1363
Leu Asn Tyr Ile Thr Val Gly Glu Trp Trp Arg Thr Ser Ala Ile Ala

410 415 420
ggc gcg gta tcg att aca atc tgg ttg gtt atc ggt ggt ttg tgg atg 1411
Gly Ala Val Ser Ile Thr Ile Trp Leu Val Ile Gly Gly Leu Trp Met

425 430 435
aat gtc atc gga ctc tgg taatcgaaaa ttaaaggtaa ggg 1452
Asn Val Ile Gly Leu Trp

440

<210> 532

<211> 443

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 532

Met Phe Gly Leu Phe Ile Ala Thr Ile Val Ala Ile Ile Leu Lys Pro
1 5 10 15

Met Pro Met Gly Ala Val Thr Ile Ile Gly Met Ile Ala Ala Val Leu
20 25 30

Thr Gly Leu Val Pro Leu Thr Ala Ser Ser Asp Asp Pro Gly Ala Val
35 40 45

Tyr Gly Leu Ile Gly Phe Ser Asn Gly Thr Ile Trp Leu Ile Val Met
50 55 60

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

Ile Ala Leu Phe Phe Val Ser Lys Val Gly Gly Lys Met Leu Gly Val
85 90 95

Thr Tyr Gly Leu Ala Leu Ala Asp Leu Val Leu Ala Pro Ala Ile Pro
100 105 110

Ser Ala Thr Ala Arg Gly Gly Gly Ile Met Ala Pro Ile Met Lys Ser
115 120 125

Val Ala Leu Thr Tyr Asp Ser Thr Pro Gly Pro Thr Arg Arg Arg Ala
130 135 140

Gly Ala Phe Leu Ala Leu Asn Val Gly Gln Val Asn Ala Ile Thr Cys
145 150 155 160

Ala Met Phe Leu Thr Ala Met Ala Gly Asn Pro Leu Ile Ala Ser Leu
165 170 175

Ala Ser Gln Met Asp Val Asn Ile Thr Trp Thr Asn Trp Ala Val Gly
180 185 190

Ala Ile Val Pro Gly Leu Val Ala Leu Ile Val Val Pro Trp Val Val
195 200 205

Tyr Lys Ile Tyr Pro Pro Glu Leu Lys Asp Thr Pro Glu Val Lys Lys
210 215 220

Met Ala Ser Asp Glu Leu Lys Gln Leu Gly Gly Phe Thr Tyr Gly Glu
225 230 235 240

Lys Val Leu Ala Gly Thr Phe Val Val Leu Leu Leu Trp Thr Gly
245 250 255

Gly Asp Leu Val Leu Gly Ile Ser Ala Thr Thr Thr Ala Phe Val Gly

260 265 270

Val Ile Ile Leu Leu Val Ala His Val Leu Thr Trp Glu Asp Ile Ile
275 280 285

Gln Glu Lys Thr Ala Trp Asp Thr Met Val Trp Phe Ala Val Leu Tyr
290 295 300

Met Met Ala Thr Ala Leu Ser Gln Tyr Gly Phe Ile Ala Trp Ile Ser
305 310 315 320

Glu Val Ile Ala Ser Ser Leu Gly Gly Met Asn Trp Val Val Ala Leu
325 330 335

Val Val Leu Val Leu Ile Tyr Phe Phe Ser His Tyr Phe Phe Ala Ser
340 345 350

Ala Thr Ala His Ile Ser Ala Met Tyr Leu Ala Phe Leu Gly Ala Ala
355 360 365

Ile Ala Ile Gly Ala Pro Pro Leu Met Ala Ala Leu Val Leu Ala Tyr
370 375 380

Thr Ser Asn Leu Phe Ser Ser Leu Thr Gln Tyr Ser Gly Gly Pro Ser
385 390 395 400

Pro Thr Leu Phe Gly Leu Asn Tyr Ile Thr Val Gly Glu Trp Trp Arg
405 410 415

Thr Ser Ala Ile Ala Gly Ala Val Ser Ile Thr Ile Trp Leu Val Ile
420 425 430

Gly Gly Leu Trp Met Asn Val Ile Gly Leu Trp
435 440

<210> 533
<211> 1968
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1945)
<223> RXN00298

<400> 533
tttagacaag ttctggttaa aattcttcat gaaggtgaga atctgggaat ttctcggtac 60
tctttcagat tcgtagttat ccaactgattg gaagaatgag atg agc tca aat ata 115
Met Ser Ser Asn Ile

1 5
gct atc acg acc gag cct gaa ggg aaa aat aaa aag ggt ctc aaa tca 163
Ala Ile Thr Thr Glu Pro Glu Gly Lys Asn Lys Lys Gly Leu Lys Ser

10 15 20
gac ccg ttc att ttt tcc att tct gtc ggt ttt atc gtg gtg ttt gtc 211

Asp Pro Phe Ile Phe Ser Ile Ser Val Gly Phe Ile Val Val Phe Val

25 30 35
atc gcc aca att gcg cta ggc gag aaa gct cga aca acc ttt tcc gcg 259
Ile Ala Thr Ile Ala Leu Gly Glu Lys Ala Arg Thr Thr Phe Ser Ala

40 45 50
att gcc ggc tgg ctc tta gaa aat tta ggg tgg atg tat atc ggg ggt 307
Ile Ala Gly Trp Leu Leu Glu Asn Leu Gly Trp Met Tyr Ile Gly Gly

55 60 65
gtc tcc ttg gtt ttc att ttc ctc atg ggt atc ttt gcg tcc cgg tat 355
Val Ser Leu Val Phe Ile Phe Leu Met Gly Ile Phe Ala Ser Arg Tyr

70 75 80 85
ggc cgg gta aaa ctt ggt gat gac gat gat gac ccc gag cac acc cta 403
Gly Arg Val Lys Leu Gly Asp Asp Asp Asp Asp Pro Glu His Thr Leu

90 95 100
atc gtg tgg ttc tgt atg ctt ttt gct ggc ggt gtc ggt gca gtc tta 451
Ile Val Trp Phe Cys Met Leu Phe Ala Gly Gly Val Gly Ala Val Leu

105 110 115
atg ttt tgg ggt gtt gcc gaa cgg att aac cac gcg ttc aac gtg cca 499
Met Phe Trp Gly Val Ala Glu Pro Ile Asn His Ala Phe Asn Val Pro

120 125 130
atg gct aat gaa gaa tcc atg agt gaa gcc gca att gtg cag gct ttt 547
Met Ala Asn Glu Glu Ser Met Ser Glu Ala Ala Ile Val Gln Ala Phe

135 140 145
gct tat act ttc tat cac ttc ggt att cac atg tgg gta atc atg gca 595
Ala Tyr Thr Phe Tyr His Phe Gly Ile His Met Trp Val Ile Met Ala

150 155 160 165
ctc cca gga tta tca ttg gga tac ttt att tac aaa cgt aag cta cct 643
Leu Pro Gly Leu Ser Leu Gly Tyr Phe Ile Tyr Lys Arg Lys Leu Pro

170 175 180
ccc cgt cta tcc tct gtg ttt tct ccg atc ttg ggt aag cac att tat 691
Pro Arg Leu Ser Ser Val Phe Ser Pro Ile Leu Gly Lys His Ile Tyr

185 190 195
tcc aca ccc ggc aag ctc atc gat gta ctg gcc atc gta ggc acc acg 739
Ser Thr Pro Gly Lys Leu Ile Asp Val Leu Ala Ile Val Gly Thr Thr

200 205 210
ttt ggt att gct gtg tca gta ggt ctt ggt gtg ctg caa atc aat gca 787
Phe Gly Ile Ala Val Ser Val Gly Leu Gly Val Leu Gln Ile Asn Ala

215 220 225
ggc atg aac aaa cta tgg agc acc ccg caa gta tgg ggt gtt cag ctt 835
Gly Met Asn Lys Leu Trp Ser Thr Pro Gln Val Ser Trp Val Gln Leu

230 235 240 245

ttg atc atc ttg atc atc acc gcg gtt gca tgt att tcc gtt gct tcc	883
Leu Ile Ile Leu Ile Ile Thr Ala Val Ala Cys Ile Ser Val Ala Ser	
250 255 260	
ggc ttg gat aag ggc att aag tta ctg tcc aac att aat att gca atg	931
Gly Leu Asp Lys Gly Ile Lys Leu Leu Ser Asn Ile Asn Ile Ala Met	
265 270 275	
gcc gtt gcg ttg atg ttc ttc atc ttg ttc act ggt cca acc ctc aca	979
Ala Val Ala Leu Met Phe Phe Ile Leu Phe Thr Gly Pro Thr Leu Thr	
280 285 290	
ttg ctg cgc ttt ctc gta gaa tcc ttc gga atc tat gca tcc tgg atg	1027
Leu Leu Arg Phe Leu Val Glu Ser Phe Gly Ile Tyr Ala Ser Trp Met	
295 300 305	
cct aat ctg atg ttt tgg act gac tct ttc caa gat aac cca ggc tgg	1075
Pro Asn Leu Met Phe Trp Thr Asp Ser Phe Gln Asp Asn Pro Gly Trp	
310 315 320 325	
cag ggc aaa tgg acg gtg ttc tat tgg gca tgg act att tgt tgg tcg	1123
Gln Gly Lys Trp Thr Val Phe Tyr Trp Ala Trp Thr Ile Cys Trp Ser	
330 335 340	
cca tat gtc ggc atg ttc gtg gcg cgt att tcg cgt gga cgt acc gtc	1171
Pro Tyr Val Gly Met Phe Val Ala Arg Ile Ser Arg Gly Arg Thr Val	
345 350 355	
cgt gaa ttt atc ggt ggg gtt cta gct ctg cca gcg atc ttt ggc gta	1219
Arg Glu Phe Ile Gly Gly Val Leu Ala Leu Pro Ala Ile Phe Gly Val	
360 365 370	
gtt tgg ttc tct atc ttt ggt cgt gca ggc atc gaa gtg gaa ctg agt	1267
Val Trp Phe Ser Ile Phe Gly Arg Ala Gly Ile Glu Val Glu Leu Ser	
375 380 385	
aac cca ggt ttc ttg acc cag cca act gtt gtt gaa ggt gac gtg cca	1315
Asn Pro Gly Phe Leu Thr Gln Pro Thr Val Val Glu Gly Asp Val Pro	
390 395 400 405	
gca gcg ctt ttt aat gtg ctg caa gag tat ccg ctg act gga att gtc	1363
Ala Ala Leu Phe Asn Val Leu Gln Glu Tyr Pro Leu Thr Gly Ile Val	
410 415 420	
tcc gcg ttt gca ctt gta att att gtg att ttc ttt atc acc tcc atc	1411
Ser Ala Phe Ala Leu Val Ile Ile Val Ile Phe Phe Ile Thr Ser Ile	
425 430 435	
gat tcc gca gcg cta gtt aac gat atg ttc gct acc ggt gca gaa aat	1459
Asp Ser Ala Ala Leu Val Asn Asp Met Phe Ala Thr Gly Ala Glu Asn	
440 445 450	
caa aca ccg act agt tac cgc gtg atg tgg gcc tgc acc att ggg gcg	1507
Gln Thr Pro Thr Ser Tyr Arg Val Met Trp Ala Cys Thr Ile Gly Ala	
455 460 465	

gtc gca ggt tcc ttg ctg atc att tcc cca tcc tct ggt att gcc acg 1555
Val Ala Gly Ser Leu Leu Ile Ile Ser Pro Ser Ser Gly Ile Ala Thr

470 475 480 485
ctg caa gaa gtg gtt atc atc gtg gct ttc cca ttc ttc ctc gtg caa 1603
Leu Gln Glu Val Val Ile Ile Val Ala Phe Pro Phe Phe Leu Val Gln

490 495 500
ttt gtc atg atg ttt tct ttg ctt aaa ggc atg agt gaa gat gct gct 1651
Phe Val Met Met Phe Ser Leu Leu Lys Gly Met Ser Glu Asp Ala Ala

505 510 515
gcg gtt cgt cgt gtg cag act cgt cag tgg gaa aag act gat aca cca 1699
Ala Val Arg Arg Val Gln Thr Arg Gln Trp Glu Lys Thr Asp Thr Pro

520 525 530
gaa aaa ctt gaa gag cat tcg tcc caa cca gcc ccg ggc tat gat gac 1747
Glu Lys Leu Glu Glu His Ser Ser Gln Pro Ala Pro Gly Tyr Asp Asp

535 540 545
gag ggc aac ccc ttg cca atg cct gcc ctc gaa cat gat gag gac ggt 1795
Glu Gly Asn Pro Leu Pro Met Pro Ala Leu Glu His Asp Glu Asp Gly

550 555 560 565
aac att gtt atc cca ggc aac gta gtc att gaa ggt gat ctt ggg gta 1843
Asn Ile Val Ile Pro Gly Asn Val Val Ile Glu Gly Asp Leu Gly Val

570 575 580
gtt ggt gat gtg gtc gac gat cct gag gaa gcc caa gag atg ggg tct 1891
Val Gly Asp Val Val Asp Asp Pro Glu Glu Ala Gln Glu Met Gly Ser

585 590 595
cgt ttt aag atc gtc gag caa act cgg ccc cag tcc agg gac gaa tac 1939
Arg Phe Lys Ile Val Glu Gln Thr Arg Pro Gln Ser Arg Asp Glu Tyr

600 605 610
gat att taaacgattg cttttcgacg cac 1968
Asp Ile

615

<210> 534
<211> 615
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 534
Met Ser Ser Asn Ile Ala Ile Thr Thr Glu Pro Glu Gly Lys Asn Lys
1 5 10 15
Lys Gly Leu Lys Ser Asp Pro Phe Ile Phe Ser Ile Ser Val Gly Phe
20 25 30
Ile Val Val Phe Val Ile Ala Thr Ile Ala Leu Gly Glu Lys Ala Arg

35	40	45			
Thr Thr Phe Ser Ala Ile Ala Gly Trp Leu Leu Glu Asn Leu Gly Trp					
50	55	60			
Met Tyr Ile Gly Gly Val Ser Leu Val Phe Ile Phe Leu Met Gly Ile					
65	70	75			80
Phe Ala Ser Arg Tyr Gly Arg Val Lys Leu Gly Asp Asp Asp Asp Asp					
	85	90			95
Pro Glu His Thr Leu Ile Val Trp Phe Cys Met Leu Phe Ala Gly Gly					
	100	105			110
Val Gly Ala Val Leu Met Phe Trp Gly Val Ala Glu Pro Ile Asn His					
	115	120			125
Ala Phe Asn Val Pro Met Ala Asn Glu Glu Ser Met Ser Glu Ala Ala					
	130	135			140
Ile Val Gln Ala Phe Ala Tyr Thr Phe Tyr His Phe Gly Ile His Met					
145	150	155			160
Trp Val Ile Met Ala Leu Pro Gly Leu Ser Leu Gly Tyr Phe Ile Tyr					
	165	170			175
Lys Arg Lys Leu Pro Pro Arg Leu Ser Ser Val Phe Ser Pro Ile Leu					
	180	185			190
Gly Lys His Ile Tyr Ser Thr Pro Gly Lys Leu Ile Asp Val Leu Ala					
	195	200			205
Ile Val Gly Thr Thr Phe Gly Ile Ala Val Ser Val Gly Leu Gly Val					
	210	215			220
Leu Gln Ile Asn Ala Gly Met Asn Lys Leu Trp Ser Thr Pro Gln Val					
225	230	235			240
Ser Trp Val Gln Leu Leu Ile Ile Leu Ile Ile Thr Ala Val Ala Cys					
	245	250			255
Ile Ser Val Ala Ser Gly Leu Asp Lys Gly Ile Lys Leu Leu Ser Asn					
	260	265			270
Ile Asn Ile Ala Met Ala Val Ala Leu Met Phe Phe Ile Leu Phe Thr					
	275	280			285
Gly Pro Thr Leu Thr Leu Leu Arg Phe Leu Val Glu Ser Phe Gly Ile					
	290	295			300
Tyr Ala Ser Trp Met Pro Asn Leu Met Phe Trp Thr Asp Ser Phe Gln					
305	310	315			320
Asp Asn Pro Gly Trp Gln Gly Lys Trp Thr Val Phe Tyr Trp Ala Trp					
	325	330			335
Thr Ile Cys Trp Ser Pro Tyr Val Gly Met Phe Val Ala Arg Ile Ser					
	340	345			350

Arg Gly Arg Thr Val Arg Glu Phe Ile Gly Gly Val Leu Ala Leu Pro
355 360 365

Ala Ile Phe Gly Val Val Trp Phe Ser Ile Phe Gly Arg Ala Gly Ile
370 375 380

Glu Val Glu Leu Ser Asn Pro Gly Phe Leu Thr Gln Pro Thr Val Val
385 390 395 400

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

Leu Thr Gly Ile Val Ser Ala Phe Ala Leu Val Ile Ile Val Ile Phe
420 425 430

Phe Ile Thr Ser Ile Asp Ser Ala Ala Leu Val Asn Asp Met Phe Ala
435 440 445

Thr Gly Ala Glu Asn Gln Thr Pro Thr Ser Tyr Arg Val Met Trp Ala
450 455 460

Cys Thr Ile Gly Ala Val Ala Gly Ser Leu Leu Ile Ile Ser Pro Ser
465 470 475 480

Ser Gly Ile Ala Thr Leu Gln Glu Val Val Ile Ile Val Ala Phe Pro
485 490 495

Phe Phe Leu Val Gln Phe Val Met Met Phe Ser Leu Leu Lys Gly Met
500 505 510

Ser Glu Asp Ala Ala Ala Val Arg Arg Val Gln Thr Arg Gln Trp Glu
515 520 525

Lys Thr Asp Thr Pro Glu Lys Leu Glu Glu His Ser Ser Gln Pro Ala
530 535 540

Pro Gly Tyr Asp Asp Glu Gly Asn Pro Leu Pro Met Pro Ala Leu Glu
545 550 555 560

His Asp Glu Asp Gly Asn Ile Val Ile Pro Gly Asn Val Val Ile Glu
565 570 575

Gly Asp Leu Gly Val Val Gly Asp Val Val Asp Asp Pro Glu Glu Ala
580 585 590

Gln Glu Met Gly Ser Arg Phe Lys Ile Val Glu Gln Thr Arg Pro Gln
595 600 605

Ser Arg Asp Glu Tyr Asp Ile
610 615

<210> 535

<211> 1968

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1945)

<223> FRXA00298

<400> 535

tttagacaag ttctggttaa aattcttcat gaaggtgaga atctgggaat ttctcggtac 60
tctttcagat tcgtagtat ccaactgattg gaagaatgag atg agc tca aat ata 115
Met Ser Ser Asn Ile

1 5
gct atc acg acc gag cct gaa ggg aaa aat aaa aag ggt ctc aaa tca 163
Ala Ile Thr Thr Glu Pro Glu Gly Lys Asn Lys Lys Gly Leu Lys Ser

10 15 20
gac ccg ttc att ttt tcc att tct gtc ggt ttt atc gtg gtg ttt gtc 211
Asp Pro Phe Ile Phe Ser Ile Ser Val Gly Phe Ile Val Val Phe Val

25 30 35
atc gcc aca att gcg cta ggc gag aaa gct cga aca acc ttt tcc gcg 259
Ile Ala Thr Ile Ala Leu Gly Glu Lys Ala Arg Thr Thr Phe Ser Ala

40 45 50
att gcc ggc tgg ctc tta gaa aat tta ggg tgg atg tat atc ggg ggt 307
Ile Ala Gly Trp Leu Leu Glu Asn Leu Gly Trp Met Tyr Ile Gly Gly

55 60 65
gtc tcc ttg gtt ttc att ttc ctc atg ggt atc ttt gcg tcc cgg tat 355
Val Ser Leu Val Phe Ile Phe Leu Met Gly Ile Phe Ala Ser Arg Tyr

70 75 80 85
ggc cgg gta aaa ctt ggt gat gac gat gat gac ccc gag cac acc cta 403
Gly Arg Val Lys Leu Gly Asp Asp Asp Asp Asp Pro Glu His Thr Leu

90 95 100
atc gtg tgg ttc tgt atg ctt ttt gct ggc ggt gtc ggt gca gtc tta 451
Ile Val Trp Phe Cys Met Leu Phe Ala Gly Gly Val Gly Ala Val Leu

105 110 115
atg ttt tgg ggt gtt gcc gaa ccg att aac cac gcg ttc aac gtg cca 499
Met Phe Trp Gly Val Ala Glu Pro Ile Asn His Ala Phe Asn Val Pro

120 125 130
atg gct aat gaa gaa tcc atg agt gaa gcc gca att gtg cag gct ttt 547
Met Ala Asn Glu Glu Ser Met Ser Glu Ala Ala Ile Val Gln Ala Phe

135 140 145
gct tat act ttc tat cac ttc ggt att cac atg tgg gta atc atg gca 595
Ala Tyr Thr Phe Tyr His Phe Gly Ile His Met Trp Val Ile Met Ala

150 155 160 165
ctc cca gga tta tca ttg gga tac ttt att tac aaa cgt aag cta cct 643
Leu Pro Gly Leu Ser Leu Gly Tyr Phe Ile Tyr Lys Arg Lys Leu Pro

170 175 180
ccc cgt cta tcc tct gtg ttt tct ccg atc ttg ggt aag cac att tat 691

Pro Arg Leu Ser Ser Val Phe Ser Pro Ile Leu Gly Lys His Ile Tyr

185 190 195
tcc aca ccc ggc aag ctc atc gat gta ctg gcc atc gta ggc acc acg 739
Ser Thr Pro Gly Lys Leu Ile Asp Val Leu Ala Ile Val Gly Thr Thr

200 205 210
ttt ggt att gct gtg tca gta ggt ctt ggt gtg ctg caa atc aat gca 787
Phe Gly Ile Ala Val Ser Val Gly Leu Gly Val Leu Gln Ile Asn Ala

215 220 225
ggg atg aac aaa cta tgg agc acc ccg caa gta tgg tgg gtt cag ctt 835
Gly Met Asn Lys Leu Trp Ser Thr Pro Gln Val Ser Trp Val Gln Leu

230 235 240 245
ttg atc atc ttg atc atc acc gcg gtt gca tgt att tcc gtt gct tcc 883
Leu Ile Ile Leu Ile Ile Thr Ala Val Ala Cys Ile Ser Val Ala Ser

250 255 260
ggg ttg gat aag ggc att aag tta ctg tcc aac att aat att gca atg 931
Gly Leu Asp Lys Gly Ile Lys Leu Leu Ser Asn Ile Asn Ile Ala Met

265 270 275
gcc gtt gcg ttg atg ttc ttc atc ttg ttc act ggt cca acc ctc aca 979
Ala Val Ala Leu Met Phe Phe Ile Leu Phe Thr Gly Pro Thr Leu Thr

280 285 290
ttg ctg cgc ttt ctc gta gaa tcc ttc gga atc tat gca tcc tgg atg 1027
Leu Leu Arg Phe Leu Val Glu Ser Phe Gly Ile Tyr Ala Ser Trp Met

295 300 305
cct aat ctg atg ttt tgg act gac tct ttc caa gat aac cca ggc tgg 1075
Pro Asn Leu Met Phe Trp Thr Asp Ser Phe Gln Asp Asn Pro Gly Trp

310 315 320 325
cag ggc aaa tgg acg gtg ttc tat tgg gca tgg act att tgt tgg tgg 1123
Gln Gly Lys Trp Thr Val Phe Tyr Trp Ala Trp Thr Ile Cys Trp Ser

330 335 340
cca tat gtc ggc atg ttc gtg gcg cgt att tgg cgt gga cgt acc gtc 1171
Pro Tyr Val Gly Met Phe Val Ala Arg Ile Ser Arg Gly Arg Thr Val

345 350 355
cgt gaa ttt atc ggt ggg gtt cta gct ctg cca gcg atc ttt ggc gta 1219
Arg Glu Phe Ile Gly Gly Val Leu Ala Leu Pro Ala Ile Phe Gly Val

360 365 370
gtt tgg ttc tct atc ttt ggt cgt gca ggc atc gaa gtg gaa ctg agt 1267
Val Trp Phe Ser Ile Phe Gly Arg Ala Gly Ile Glu Val Glu Leu Ser

375 380 385
aac cca ggt ttc ttg acc cag cca act gtt gtt gaa ggt gac gtg cca 1315
Asn Pro Gly Phe Leu Thr Gln Pro Thr Val Val Glu Gly Asp Val Pro

390 395 400 405

gca gcg ctt ttt aat gtg ctg caa gag tat ccg ctg act gga att gtc	1363
Ala Ala Leu Phe Asn Val Leu Gln Glu Tyr Pro Leu Thr Gly Ile Val	
410 415 420	
tcc gcg ttt gca ctt gta att att gtg att ttc ttt atc acc tcc atc	1411
Ser Ala Phe Ala Leu Val Ile Ile Val Ile Phe Phe Ile Thr Ser Ile	
425 430 435	
gat tcc gca gcg cta gtt aac gat atg ttc gct acc ggt gca gaa aat	1459
Asp Ser Ala Ala Leu Val Asn Asp Met Phe Ala Thr Gly Ala Glu Asn	
440 445 450	
caa aca ccg act agt tac cgc gtg atg tgg gcc tgc acc att ggg gcg	1507
Gln Thr Pro Thr Ser Tyr Arg Val Met Trp Ala Cys Thr Ile Gly Ala	
455 460 465	
gtc gca ggt tcc ttg ctg atc att tcc cca tcc tct ggt att gcc acg	1555
Val Ala Gly Ser Leu Leu Ile Ile Ser Pro Ser Ser Gly Ile Ala Thr	
470 475 480 485	
ctg caa gaa gtg gtt atc atc gtg gct ttc cca ttc ttc ctc gtg caa	1603
Leu Gln Glu Val Val Ile Ile Val Ala Phe Pro Phe Phe Leu Val Gln	
490 495 500	
ttt gtc atg atg ttt tct ttg ctt aaa ggc atg agt gaa gat gct gct	1651
Phe Val Met Met Phe Ser Leu Leu Lys Gly Met Ser Glu Asp Ala Ala	
505 510 515	
gcg gtt cgt cgt gtg cag act cgt cag tgg gaa aag act gat aca cca	1699
Ala Val Arg Arg Val Gln Thr Arg Gln Trp Glu Lys Thr Asp Thr Pro	
520 525 530	
gaa aaa ctt gaa gag cat tcg tcc caa cca gcc ccg ggc tat gat gac	1747
Glu Lys Leu Glu Glu His Ser Ser Gln Pro Ala Pro Gly Tyr Asp Asp	
535 540 545	
gag ggc aac ccc ttg cca atg cct gcc ctc gaa cat gat gag gac ggt	1795
Glu Gly Asn Pro Leu Pro Met Pro Ala Leu Glu His Asp Glu Asp Gly	
550 555 560 565	
aac att gtt atc cca ggc aac gta gtc att gaa ggt gat ctt ggg gta	1843
Asn Ile Val Ile Pro Gly Asn Val Val Ile Glu Gly Asp Leu Gly Val	
570 575 580	
gtt ggt gat gtg gtc gac gat cct gag gaa gcc caa gag atg ggg tct	1891
Val Gly Asp Val Val Asp Asp Pro Glu Glu Ala Gln Glu Met Gly Ser	
585 590 595	
cgt ttt aag atc gtc gag caa act cgg ccc cag tcc agg gac gaa tac	1939
Arg Phe Lys Ile Val Glu Gln Thr Arg Pro Gln Ser Arg Asp Glu Tyr	
600 605 610	
gat att taaacgattg cttttcgacg cac	1968
Asp Ile	

615

<210> 536

<211> 615

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 536

Met Ser Ser Asn Ile Ala Ile Thr Thr Glu Pro Glu Gly Lys Asn Lys
1 5 10 15

Lys Gly Leu Lys Ser Asp Pro Phe Ile Phe Ser Ile Ser Val Gly Phe
20 25 30

Ile Val Val Phe Val Ile Ala Thr Ile Ala Leu Gly Glu Lys Ala Arg
35 40 45

Thr Thr Phe Ser Ala Ile Ala Gly Trp Leu Leu Glu Asn Leu Gly Trp
50 55 60

Met Tyr Ile Gly Gly Val Ser Leu Val Phe Ile Phe Leu Met Gly Ile
65 70 75 80

Phe Ala Ser Arg Tyr Gly Arg Val Lys Leu Gly Asp Asp Asp Asp Asp
85 90 95

Pro Glu His Thr Leu Ile Val Trp Phe Cys Met Leu Phe Ala Gly Gly
100 105 110

Val Gly Ala Val Leu Met Phe Trp Gly Val Ala Glu Pro Ile Asn His
115 120 125

Ala Phe Asn Val Pro Met Ala Asn Glu Glu Ser Met Ser Glu Ala Ala
130 135 140

Ile Val Gln Ala Phe Ala Tyr Thr Phe Tyr His Phe Gly Ile His Met
145 150 155 160

Trp Val Ile Met Ala Leu Pro Gly Leu Ser Leu Gly Tyr Phe Ile Tyr
165 170 175

Lys Arg Lys Leu Pro Pro Arg Leu Ser Ser Val Phe Ser Pro Ile Leu
180 185 190

Gly Lys His Ile Tyr Ser Thr Pro Gly Lys Leu Ile Asp Val Leu Ala
195 200 205

Ile Val Gly Thr Thr Phe Gly Ile Ala Val Ser Val Gly Leu Gly Val
210 215 220

Leu Gln Ile Asn Ala Gly Met Asn Lys Leu Trp Ser Thr Pro Gln Val
225 230 235 240

Ser Trp Val Gln Leu Leu Ile Ile Leu Ile Ile Thr Ala Val Ala Cys
245 250 255

Ile Ser Val Ala Ser Gly Leu Asp Lys Gly Ile Lys Leu Leu Ser Asn

260	265	270
Ile Asn Ile Ala Met Ala Val Ala Leu Met Phe Phe Ile Leu Phe Thr		
275	280	285
Gly Pro Thr Leu Thr Leu Leu Arg Phe Leu Val Glu Ser Phe Gly Ile		
290	295	300
Tyr Ala Ser Trp Met Pro Asn Leu Met Phe Trp Thr Asp Ser Phe Gln		
305	310	315
Asp Asn Pro Gly Trp Gln Gly Lys Trp Thr Val Phe Tyr Trp Ala Trp		
325	330	335
Thr Ile Cys Trp Ser Pro Tyr Val Gly Met Phe Val Ala Arg Ile Ser		
340	345	350
Arg Gly Arg Thr Val Arg Glu Phe Ile Gly Gly Val Leu Ala Leu Pro		
355	360	365
Ala Ile Phe Gly Val Val Trp Phe Ser Ile Phe Gly Arg Ala Gly Ile		
370	375	380
Glu Val Glu Leu Ser Asn Pro Gly Phe Leu Thr Gln Pro Thr Val Val		
385	390	395
Glu Gly Asp Val Pro Ala Ala Leu Phe Asn Val Leu Gln Glu Tyr Pro		
405	410	415
Leu Thr Gly Ile Val Ser Ala Phe Ala Leu Val Ile Ile Val Ile Phe		
420	425	430
Phe Ile Thr Ser Ile Asp Ser Ala Ala Leu Val Asn Asp Met Phe Ala		
435	440	445
Thr Gly Ala Glu Asn Gln Thr Pro Thr Ser Tyr Arg Val Met Trp Ala		
450	455	460
Cys Thr Ile Gly Ala Val Ala Gly Ser Leu Leu Ile Ile Ser Pro Ser		
465	470	475
Ser Gly Ile Ala Thr Leu Gln Glu Val Val Ile Ile Val Ala Phe Pro		
485	490	495
Phe Phe Leu Val Gln Phe Val Met Met Phe Ser Leu Leu Lys Gly Met		
500	505	510
Ser Glu Asp Ala Ala Ala Val Arg Arg Val Gln Thr Arg Gln Trp Glu		
515	520	525
Lys Thr Asp Thr Pro Glu Lys Leu Glu Glu His Ser Ser Gln Pro Ala		
530	535	540
Pro Gly Tyr Asp Asp Glu Gly Asn Pro Leu Pro Met Pro Ala Leu Glu		
545	550	555
His Asp Glu Asp Gly Asn Ile Val Ile Pro Gly Asn Val Val Ile Glu		
565	570	575

Gly Asp Leu Gly Val Val Gly Asp Val Val Asp Asp Pro Glu Glu Ala
580 585 590

Gln Glu Met Gly Ser Arg Phe Lys Ile Val Glu Gln Thr Arg Pro Gln
595 600 605

Ser Arg Asp Glu Tyr Asp Ile
610 615

<210> 537
<211> 576
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(553)
<223> RXA00596

<400> 537
ccgccaccga cggcctcttg aacaccgatg cataccaaca ggctgtgctc ggtgaaaatg 60
ccatcggagt gccaaagccct agctaccagg gaggaaacta atg ctt aac gcc ctg 115
Met Leu Asn Ala Leu

1 5
aaa ttc atc cca tgg ctg atc ggc cag att ttc ctc tct ggc ttc agc 163
Lys Phe Ile Pro Trp Leu Ile Gly Gln Ile Phe Leu Ser Gly Phe Ser

10 15 20
gtg atc acc gct gcg gta aaa aag gac acc ggc ttc aac ccc gtt gtt 211
Val Ile Thr Ala Ala Val Lys Lys Asp Thr Gly Phe Asn Pro Val Val

25 30 35
atc cgc tac cca ctt cga gtg acc acg gac ttc cag atc gca gcc ctg 259
Ile Arg Tyr Pro Leu Arg Val Thr Thr Asp Phe Gln Ile Ala Ala Leu

40 45 50
tca acg tgc atc acc gcg act cct tcc acc ctg tcc ctt ggc cta cgc 307
Ser Thr Cys Ile Thr Ala Thr Pro Ser Thr Leu Ser Leu Gly Leu Arg

55 60 65
gaa ccc cgc aag ccc ggc gac ccc acc att ttg ctg atc caa gca gtg 355
Glu Pro Arg Lys Pro Gly Asp Pro Thr Ile Leu Leu Ile Gln Ala Val

70 75 80 85
ttt ggt tcc gat cca gta gaa gtt ttt gaa tcc atc gcc gat atg gaa 403
Phe Gly Ser Asp Pro Val Glu Val Phe Glu Ser Ile Ala Asp Met Glu

90 95 100
caa cgc ctc gtc cct tcg gtc gct tca att gac cac ggc gtc cca ggc 451
Gln Arg Leu Val Pro Ser Val Ala Ser Ile Asp His Gly Val Pro Gly

105 110 115
caa ggc cct tac aag gag atc cgc ccc agc gat gct gag tgg cca agt 499

Gln Gly Pro Tyr Lys Glu Ile Arg Pro Ser Asp Ala Glu Trp Pro Ser

120 125 130
cgc gag atc gct gac acc gcc caa aac acc gtc agc caa gac aag agg 547
Arg Glu Ile Ala Asp Thr Ala Gln Asn Thr Val Ser Gln Asp Lys Arg

135 140 145
gag ttt taaaacaaca tgactgcttt tgg 576
Glu Phe

150

<210> 538
<211> 151
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 538
Met Leu Asn Ala Leu Lys Phe Ile Pro Trp Leu Ile Gly Gln Ile Phe
1 5 10 15

Leu Ser Gly Phe Ser Val Ile Thr Ala Ala Val Lys Lys Asp Thr Gly
20 25 30

Phe Asn Pro Val Val Ile Arg Tyr Pro Leu Arg Val Thr Thr Asp Phe
35 40 45

Gln Ile Ala Ala Leu Ser Thr Cys Ile Thr Ala Thr Pro Ser Thr Leu
50 55 60

Ser Leu Gly Leu Arg Glu Pro Arg Lys Pro Gly Asp Pro Thr Ile Leu
65 70 75 80

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

Ile Ala Asp Met Glu Gln Arg Leu Val Pro Ser Val Ala Ser Ile Asp
100 105 110

His Gly Val Pro Gly Gln Gly Pro Tyr Lys Glu Ile Arg Pro Ser Asp
115 120 125

Ala Glu Trp Pro Ser Arg Glu Ile Ala Asp Thr Ala Gln Asn Thr Val
130 135 140

Ser Gln Asp Lys Arg Glu Phe
145 150

<210> 539
<211> 750
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(727)

<223> RXA02364

<400> 539

gcgaaagtat ctaaggtcgt ttgattggtt tactaccccc gaagtggggg ttattggcag 60
catcgagcac caaatgagcg tgatccggga tcaggatctg atg gag cca ctg ttc 115
Met Glu Pro Leu Phe

1 5
caa agt ctt gcg gaa tcg gac aat att tct gtc att ggt gga ttt acc 163
Gln Ser Leu Ala Glu Ser Asp Asn Ile Ser Val Ile Gly Gly Phe Thr

10 15 20
caa ggc acc cga aat ctg tac acc act gat gcg ccg gtg aaa aga ccc 211
Gln Gly Thr Arg Asn Leu Tyr Thr Thr Asp Ala Pro Val Lys Arg Pro

25 30 35
gct gac ctg gct gga aag aag att cgc gtc cag gaa tcc gcc atg cac 259
Ala Asp Leu Ala Gly Lys Lys Ile Arg Val Gln Glu Ser Ala Met His

40 45 50
atc cgc atg att gaa ctc atg ggt ggc tcg gca acc ccg ttg act tac 307
Ile Arg Met Ile Glu Leu Met Gly Gly Ser Ala Thr Pro Leu Thr Tyr

55 60 65
ggc gag gta tat acc gcg atg cag tct ggt gtg ctg gat ggc gcg gaa 355
Gly Glu Val Tyr Thr Ala Met Gln Ser Gly Val Leu Asp Gly Ala Glu

70 75 80 85
aat aac gag atc agt tac gtt acc caa aac cac ttc gag gtt gct cgc 403
Asn Asn Glu Ile Ser Tyr Val Thr Gln Asn His Phe Glu Val Ala Arg

90 95 100
tac aac agc aac acc aat cac ctt gtc ggt ttg gat tac atg gtc atg 451
Tyr Asn Ser Asn Thr Asn His Leu Val Gly Leu Asp Tyr Met Val Met

105 110 115
cga cac gat ctg ctt gac gcc atg agc gag cca gac cgt gaa ttg ttc 499
Arg His Asp Leu Leu Asp Ala Met Ser Glu Pro Asp Arg Glu Leu Phe

120 125 130
ctg gaa gaa tgg gac gcc gcg atg act gag cac acg gat ctg tgg aac 547
Leu Glu Glu Trp Asp Ala Ala Met Thr Glu His Thr Asp Leu Trp Asn

135 140 145
aca gaa act gat gcc gtt att gaa aag gcg aaa gct ggg gga gcg gag 595
Thr Glu Thr Asp Ala Val Ile Glu Lys Ala Lys Ala Gly Gly Ala Glu

150 155 160 165
ttc gtt gag gtg gat gcg caa gca ttt acc gat gca ctg gct ccc atc 643
Phe Val Glu Val Asp Ala Gln Ala Phe Thr Asp Ala Leu Ala Pro Ile

170 175 180
aaa gac gaa ttc ttg acc tca gaa ttc cag cgt gaa ctc tac gaa gca 691

Lys Asp Glu Phe Leu Thr Ser Glu Phe Gln Arg Glu Leu Tyr Glu Ala

185 190 195
gtg cgc gcc gct gat act tca gga ggt gcg gca tca tgatgaattt 737
Val Arg Ala Ala Asp Thr Ser Gly Gly Ala Ala Ser

200 205
taagtccatc gtg 750

<210> 540
<211> 209
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 540
Met Glu Pro Leu Phe Gln Ser Leu Ala Glu Ser Asp Asn Ile Ser Val
1 5 10 15

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

Pro Val Lys Arg Pro Ala Asp Leu Ala Gly Lys Lys Ile Arg Val Gln
35 40 45

Glu Ser Ala Met His Ile Arg Met Ile Glu Leu Met Gly Gly Ser Ala
50 55 60

Thr Pro Leu Thr Tyr Gly Glu Val Tyr Thr Ala Met Gln Ser Gly Val
65 70 75 80

Leu Asp Gly Ala Glu Asn Asn Glu Ile Ser Tyr Val Thr Gln Asn His
85 90 95

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

Asp Tyr Met Val Met Arg His Asp Leu Leu Asp Ala Met Ser Glu Pro
115 120 125

Asp Arg Glu Leu Phe Leu Glu Glu Trp Asp Ala Ala Met Thr Glu His
130 135 140

Thr Asp Leu Trp Asn Thr Glu Thr Asp Ala Val Ile Glu Lys Ala Lys
145 150 155 160

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

Ala Leu Ala Pro Ile Lys Asp Glu Phe Leu Thr Ser Glu Phe Gln Arg
180 185 190

Glu Leu Tyr Glu Ala Val Arg Ala Ala Asp Thr Ser Gly Gly Ala Ala
195 200 205

Ser

<210> 541

<211> 888

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(865)

<223> RXN01411

<400> 541

cttatcgacg tccccatccc cctcgccaat gcttcggcga ggggttctat ttattgtgtg 60
tgctagcctt ttcgcaatcg ttcagcccg cccgacgtca atg ttg gga gtg ggc 115
Met Leu Gly Val Gly

1 5
tgg cgc att cca ttc ctg atg gcc gtg cca cta ggg ctt atc ggc tgg 163
Trp Arg Ile Pro Phe Leu Met Ala Val Pro Leu Gly Leu Ile Gly Trp

10 15 20
tgg atc cgc acc ggt gcc cag gaa aat gta cgc ccc gca tcc gaa cgc 211
Trp Ile Arg Thr Gly Ala Gln Glu Asn Val Arg Pro Ala Ser Glu Arg

25 30 35
ccc gaa gct cct att aag cag gca ttg cgt act gag tgg aag atg atg 259
Pro Glu Ala Pro Ile Lys Gln Ala Leu Arg Thr Glu Trp Lys Met Met

40 45 50
ttg cgg gta ggt ggc ttt atc tct tgc acc ggt ctg agc ttc tac att 307
Leu Arg Val Gly Gly Phe Ile Ser Cys Thr Gly Leu Ser Phe Tyr Ile

55 60 65
ttc acc acg tac atg acc act ttc ctg cgc agc acc gtc gga ctg gag 355
Phe Thr Thr Tyr Met Thr Thr Phe Leu Arg Ser Thr Val Gly Leu Glu

70 75 80 85
ggc acg tta gtg ctg gct gga aac atc atc gct ctc agc atg gca gca 403
Gly Thr Leu Val Leu Ala Gly Asn Ile Ile Ala Leu Ser Met Ala Ala

90 95 100
att gtg gcc cca ttt gtt ggc cgc gca att gat aaa ttc ccc cgc cgg 451
Ile Val Ala Pro Phe Val Gly Arg Ala Ile Asp Lys Phe Pro Arg Arg

105 110 115
aac atc atg gct ttc gct acc tta agc aca gta att atg gcg atc ccg 499
Asn Ile Met Ala Phe Ala Thr Leu Ser Thr Val Ile Met Ala Ile Pro

120 125 130
gcc tac atc att gca ggt caa ggt act ttg act gct tct ttg att gcg 547
Ala Tyr Ile Ile Ala Gly Gln Gly Thr Leu Thr Ala Ser Leu Ile Ala

135

140

145

cag gta atg ctt gga atc ggc gcg gtt acc gct aac tgc gtt acc tca 595
Gln Val Met Leu Gly Ile Gly Ala Val Thr Ala Asn Cys Val Thr Ser

150 155 160 165
gta atg atg gcc gag gtc ttc caa gag gtc acc cgc ggt act tcc gcc 643
Val Met Met Ala Glu Val Phe Gln Glu Val Thr Arg Gly Thr Ser Ala

170 175 180
ggc att acc tac aac gtc act tac gca atc ttc ggc ggc tcg gct cca 691
Gly Ile Thr Tyr Asn Val Thr Tyr Ala Ile Phe Gly Gly Ser Ala Pro

185 190 195
ttt atc tcc acc gca ttg gtc tcc tgg acc ggc agc ccg ctg gcc cct 739
Phe Ile Ser Thr Ala Leu Val Ser Trp Thr Gly Ser Pro Leu Ala Pro

200 205 210
gcg gta tac atg atc atc att gcg ctc ttc gcc ttc acc gcg tcc cgc 787
Ala Val Tyr Met Ile Ile Ile Ala Leu Phe Ala Phe Thr Ala Ser Arg

215 220 225
ttc att cct gaa acc tcc cca gtt ttt gtc acc gca acc ccg gcc att 835
Phe Ile Pro Glu Thr Ser Pro Val Phe Val Thr Ala Thr Pro Ala Ile

230 235 240 245
aag gca cca aag gtg ctg gtc aac ccg ggt taaaccacgc ttttcgacga 885
Lys Ala Pro Lys Val Leu Val Asn Pro Gly

250 255
aaa 888

<210> 542
<211> 255
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 542
Met Leu Gly Val Gly Trp Arg Ile Pro Phe Leu Met Ala Val Pro Leu
1 5 10 15

Gly Leu Ile Gly Trp Trp Ile Arg Thr Gly Ala Gln Glu Asn Val Arg
20 25 30

Pro Ala Ser Glu Arg Pro Glu Ala Pro Ile Lys Gln Ala Leu Arg Thr
35 40 45

Glu Trp Lys Met Met Leu Arg Val Gly Gly Phe Ile Ser Cys Thr Gly
50 55 60

Leu Ser Phe Tyr Ile Phe Thr Thr Tyr Met Thr Thr Phe Leu Arg Ser
65 70 75 80

Thr Val Gly Leu Glu Gly Thr Leu Val Leu Ala Gly Asn Ile Ile Ala
85 90 95

Leu Ser Met Ala Ala Ile Val Ala Pro Phe Val Gly Arg Ala Ile Asp

100	105	110	
Lys Phe Pro Arg Arg Asn Ile Met Ala Phe Ala Thr Leu Ser Thr Val			
115	120	125	
Ile Met Ala Ile Pro Ala Tyr Ile Ile Ala Gly Gln Gly Thr Leu Thr			
130	135	140	
Ala Ser Leu Ile Ala Gln Val Met Leu Gly Ile Gly Ala Val Thr Ala			
145	150	155	160
Asn Cys Val Thr Ser Val Met Met Ala Glu Val Phe Gln Glu Val Thr			
165	170	175	
Arg Gly Thr Ser Ala Gly Ile Thr Tyr Asn Val Thr Tyr Ala Ile Phe			
180	185	190	
Gly Gly Ser Ala Pro Phe Ile Ser Thr Ala Leu Val Ser Trp Thr Gly			
195	200	205	
Ser Pro Leu Ala Pro Ala Val Tyr Met Ile Ile Ile Ala Leu Phe Ala			
210	215	220	
Phe Thr Ala Ser Arg Phe Ile Pro Glu Thr Ser Pro Val Phe Val Thr			
225	230	235	240
Ala Thr Pro Ala Ile Lys Ala Pro Lys Val Leu Val Asn Pro Gly			
245	250	255	
<210> 543			
<211> 1058			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (1)..(1035)			
<223> RXN00960			
<400> 543			
atg gct cgg cat tgt tgc agc aat cgc tac gcg tcc acc gtc ttc tcc	48		
Met Ala Arg His Cys Cys Ser Asn Arg Tyr Ala Ser Thr Val Phe Ser			
1 5 10 15			
ggg ctg atc gcc tac gga gca tcc caa gcg ctc tac cca tgg ctg ctg	96		
Gly Leu Ile Ala Tyr Gly Ala Ser Gln Ala Leu Tyr Pro Trp Leu Leu			
20 25 30			
aaa gac cac caa agc gtc acc gaa atc gac ctt gat gca ggt gcc ctc	144		
Lys Asp His Gln Ser Val Thr Glu Ile Asp Leu Asp Ala Gly Ala Leu			
35 40 45			
cag ccc tac ttc aac atc gag atg cca cca cca ttt gaa gtg atg acc	192		
Gln Pro Tyr Phe Asn Ile Glu Met Pro Pro Pro Phe Glu Val Met Thr			

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

275 280 285
 atc gcg att gac tcc ttc ggc acc gca gca aac gtc acc ggc gac ggc 912
 Ile Ala Ile Asp Ser Phe Gly Thr Ala Ala Asn Val Thr Gly Asp Gly

290 295 300
 gca atc gca gtc atc gtg aac aaa ttc gcc aag ggc cag ctg cac acc 960
 Ala Ile Ala Val Ile Val Asn Lys Phe Ala Lys Gly Gln Leu His Thr

305 310 315 320
 act tcc cca gat gaa atc gaa gaa gac gac cgc gtt gcc ttc gac atc 1008
 Thr Ser Pro Asp Glu Ile Glu Glu Asp Asp Arg Val Ala Phe Asp Ile

325 330 335
 act cca tcg gat gtg gaa cat cac aag tagaaaccgc cattttctgt 1055
 Thr Pro Ser Asp Val Glu His His Lys

340 345
 agt 1058

<210> 544
 <211> 345
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 544
 Met Ala Arg His Cys Cys Ser Asn Arg Tyr Ala Ser Thr Val Phe Ser
 1 5 10 15
 Gly Leu Ile Ala Tyr Gly Ala Ser Gln Ala Leu Tyr Pro Trp Leu Leu
 20 25 30
 Lys Asp His Gln Ser Val Thr Glu Ile Asp Leu Asp Ala Gly Ala Leu
 35 40 45
 Gln Pro Tyr Phe Asn Ile Glu Met Pro Pro Pro Phe Glu Val Met Thr
 50 55 60
 Ala Leu Leu Leu Ala Phe Cys Leu Gly Leu Gly Met Ala Val Ile Lys
 65 70 75 80
 Ser Asp Thr Leu Phe Lys Val Thr Arg Glu Leu Glu Arg Val Val Met
 85 90 95
 Lys Thr Ile Thr Ala Phe Val Ile Pro Leu Leu Pro Leu Phe Ile Phe
 100 105 110
 Gly Ile Phe Leu Gly Met Gly Met Asn Gly Gly Leu Leu Glu Ile Met
 115 120 125
 Ser Ala Phe Gly Lys Val Leu Ile Leu Ala Val Val Gly Thr Leu Leu
 130 135 140
 Phe Leu Ala Ile Gln Phe Ile Ile Ala Gly Ala Val Ser Lys Lys Asn
 145 150 155 160

Pro Trp Lys Leu Phe Lys Asn Met Leu Pro Ala Tyr Phe Thr Ala Leu
165 170 175

Gly Thr Ser Ser Ser Ala Ala Thr Ile Pro Val Thr Tyr Gln Gln Thr
180 185 190

Leu Lys Asn Asp Val Asp Val Asn Val Ala Gly Phe Val Val Pro Leu
195 200 205

Cys Ala Thr Ile His Leu Ala Gly Ser Met Met Lys Ile Gly Leu Phe
210 215 220

Thr Phe Ala Val Val Phe Met Tyr Asp Met Glu Val Gly Val Gly Leu
225 230 235 240

Ser Ile Gly Phe Leu Leu Met Leu Gly Ile Thr Met Ile Ala Ala Pro
245 250 255

Gly Val Pro Gly Gly Ala Ile Met Ala Ala Thr Gly Met Leu Ala Ser
260 265 270

Met Leu Gly Phe Asn Thr Glu Gln Val Ala Leu Met Ile Ala Ala Tyr
275 280 285

Ile Ala Ile Asp Ser Phe Gly Thr Ala Ala Asn Val Thr Gly Asp Gly
290 295 300

Ala Ile Ala Val Ile Val Asn Lys Phe Ala Lys Gly Gln Leu His Thr
305 310 315 320

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

Thr Pro Ser Asp Val Glu His His Lys
340 345

<210> 545
<211> 1118
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1095)
<223> RXN02447

<400> 545
aca gta gtt ccg gtg tac ctc gct gaa ctc gca cca cta gaa atc cgc 48
Thr Val Val Pro Val Tyr Leu Ala Glu Leu Ala Pro Leu Glu Ile Arg

1 5 10 15
ggc tcc ctg acc ggc cga aac gag ctt gct atc gtc acc ggc cag ctg 96
Gly Ser Leu Thr Gly Arg Asn Glu Leu Ala Ile Val Thr Gly Gln Leu

20 25 30
ctt gcc ttc gtg atc aac gcg ctt atc gcc gtc acc cta cac gga gtt 144

Leu Ala Phe Val Ile Asn Ala Leu Ile Ala Val Thr Leu His Gly Val

35 40 45
att gat gga atc tgg cgc atc atg ttc gcc gtc tgt gcc ctc cct gcc 192
Ile Asp Gly Ile Trp Arg Ile Met Phe Ala Val Cys Ala Leu Pro Ala

50 55 60
gtc gcc ctc ttc ctc ggc atg ctg cgg atg ccg gaa tca cca cgc tgg 240
Val Ala Leu Phe Leu Gly Met Leu Arg Met Pro Glu Ser Pro Arg Trp

65 70 75 80
ctg gtc aac cag ggg cgt tac gac gac gcc cgc cgc gtc atg gag acc 288
Leu Val Asn Gln Gly Arg Tyr Asp Asp Ala Arg Arg Val Met Glu Thr

85 90 95
gtc cgt acc cct gag cgt gcg aaa gcc gaa atg gat gaa atc atc gcg 336
Val Arg Thr Pro Glu Arg Ala Lys Ala Glu Met Asp Glu Ile Ile Ala

100 105 110
gtg cac tct gaa aac aat gcg gca ctt cct ggt gtt aag cag tct tcg 384
Val His Ser Glu Asn Asn Ala Ala Leu Pro Gly Val Lys Gln Ser Ser

115 120 125
ggc cag gct tca ggc cag gtt tct agc aag cac acc cac atg tcc atc 432
Gly Gln Ala Ser Gly Gln Val Ser Ser Lys His Thr His Met Ser Ile

130 135 140
ggc gaa gtc ctc agc aac aaa tgg ctg gtt cgt ctg ctc atc gcc ggc 480
Gly Glu Val Leu Ser Asn Lys Trp Leu Val Arg Leu Leu Ile Ala Gly

145 150 155 160
atc ggt gtt gca gtt gcc cag cag ctc acc ggc atc aac gcc atc atg 528
Ile Gly Val Ala Val Ala Gln Gln Leu Thr Gly Ile Asn Ala Ile Met

165 170 175
tac tac gga acc cgc gtc ctc gag gaa tcc ggc atg agc gca gaa atg 576
Tyr Tyr Gly Thr Arg Val Leu Glu Glu Ser Gly Met Ser Ala Glu Met

180 185 190
gct gtg gtt gcc aac att gct ttc ggt gcc gtt gcc gtc atc ggt gga 624
Ala Val Val Ala Asn Ile Ala Phe Gly Ala Val Ala Val Ile Gly Gly

195 200 205
ctg atc gca ctg cgc aac atg gac cgc ctg gat cgc cgc acc acc ttc 672
Leu Ile Ala Leu Arg Asn Met Asp Arg Leu Asp Arg Arg Thr Thr Phe

210 215 220
atc atc ggc ctg tca ctg acc acc acc ttc cac ctt ttg atc gca gct 720
Ile Ile Gly Leu Ser Leu Thr Thr Thr Phe His Leu Leu Ile Ala Ala

225 230 235 240
gcc ggc act ctc ctt cca gaa ggt aac tcc att cga cca ttc gcc atc 768
Ala Gly Thr Leu Leu Pro Glu Gly Asn Ser Ile Arg Pro Phe Ala Ile

245 250 255
atg atc ctt gtt gtt ggg ttc gtg ctc tcc atg cag act ttc ctc aac 816

Met Ile Leu Val Val Gly Phe Val Leu Ser Met Gln Thr Phe Leu Asn

260 265 270
gtt gca gtg tgg gtg tgg ctg gcg gaa atc ttc cca gtc cga atg aag 864
Val Ala Val Trp Val Trp Leu Ala Glu Ile Phe Pro Val Arg Met Lys

275 280 285
ggc atc ggc acc ggt att tcg gta ttc tgc ggt tgg ggc atc aat ggc 912
Gly Ile Gly Thr Gly Ile Ser Val Phe Cys Gly Trp Gly Ile Asn Gly

290 295 300
gtc cta gcg ttg ttc ttc cca gca ctg gtc tcc ggc gtg ggt atc acc 960
Val Leu Ala Leu Phe Phe Pro Ala Leu Val Ser Gly Val Gly Ile Thr

305 310 315 320
ttc tcc ttc ctt atc ttc gca gtc gtc gga gtc att gcc ctg gcg ttc 1008
Phe Ser Phe Leu Ile Phe Ala Val Val Gly Val Ile Ala Leu Ala Phe

325 330 335
gtc acc aag ttt gtt cct gaa acc cgt ggc cgc tca ctt gaa gaa ctc 1056
Val Thr Lys Phe Val Pro Glu Thr Arg Gly Arg Ser Leu Glu Glu Leu

340 345 350
gat cac gca gca ttc acc ggc cag atc ttc aag aag gct taaacccct 1105
Asp His Ala Ala Phe Thr Gly Gln Ile Phe Lys Lys Ala

355 360 365
ccgattctctt tgg 1118

<210> 546
<211> 365
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 546
Thr Val Val Pro Val Tyr Leu Ala Glu Leu Ala Pro Leu Glu Ile Arg
1 5 10 15
Gly Ser Leu Thr Gly Arg Asn Glu Leu Ala Ile Val Thr Gly Gln Leu
20 25 30
Leu Ala Phe Val Ile Asn Ala Leu Ile Ala Val Thr Leu His Gly Val
35 40 45
Ile Asp Gly Ile Trp Arg Ile Met Phe Ala Val Cys Ala Leu Pro Ala
50 55 60
Val Ala Leu Phe Leu Gly Met Leu Arg Met Pro Glu Ser Pro Arg Trp
65 70 75 80
Leu Val Asn Gln Gly Arg Tyr Asp Asp Ala Arg Arg Val Met Glu Thr
85 90 95
Val Arg Thr Pro Glu Arg Ala Lys Ala Glu Met Asp Glu Ile Ile Ala

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

<210> 547

<211> 2013

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1990)

<223> RXN02395

<400> 547

aaacaggaat atttaactcg acttctttaa aaagctctat acgtaaatat cttgcccac 60
cagcaccacc tcattgtggt gcacaatgga gaggacacac atg tcc acc aac tct 115
Met Ser Thr Asn Ser

1 5
ggc aat aac ttg cct gaa tcc caa gag tca ccc gag gaa cct cat tat 163
Gly Asn Asn Leu Pro Glu Ser Gln Glu Ser Pro Glu Glu Pro His Tyr

10 15 20
cct cac gac acc cac cca ggc cta gtt cct ggc att tcg gtc gat gct 211
Pro His Asp Thr His Pro Gly Leu Val Pro Gly Ile Ser Val Asp Ala

25 30 35
caa cgc aac aag ttc gga ctc gac aaa acc gtt ttc ggc gtc acc gca 259
Gln Arg Asn Lys Phe Gly Leu Asp Lys Thr Val Phe Gly Val Thr Ala

40 45 50
gca tta att ctg gcg ttc atc gcc tgg ggc att tcc agc cct gat tcg 307
Ala Leu Ile Leu Ala Phe Ile Ala Trp Gly Ile Ser Ser Pro Asp Ser

55 60 65
gtt tct tca gta tcg tcc acg atg ttc agt tgg gct atg acg aat act 355
Val Ser Ser Val Ser Ser Thr Met Phe Ser Trp Ala Met Thr Asn Thr

70 75 80 85
ggg tgg ctc ctc aac ttt gtc atg ctg atc ggc att ggc acc atg ctc 403
Gly Trp Leu Leu Asn Phe Val Met Leu Ile Gly Ile Gly Thr Met Leu

90 95 100
tac atc gct ttt tcg cgc tac ggc cgc atc aag ctg ggc acg gac gaa 451
Tyr Ile Ala Phe Ser Arg Tyr Gly Arg Ile Lys Leu Gly Thr Asp Glu

105 110 115
gac gaa cca gaa ttc tct cgc ttt tcc tgg att gcg atg atg ttc ggc 499
Asp Glu Pro Glu Phe Ser Arg Phe Ser Trp Ile Ala Met Met Phe Gly

120 125 130
gcc ggc atc ggt gtc ggt atc ttc ttc ttc ggt cct tcc gaa ccg ctg 547
Ala Gly Ile Gly Val Gly Ile Phe Phe Phe Gly Pro Ser Glu Pro Leu

135 140 145
tgg cat tat ctc agt ccc cca cct cac acc gtg gaa gga tct aca cct 595
Trp His Tyr Leu Ser Pro Pro Pro His Thr Val Glu Gly Ser Thr Pro

150 155 160 165
gag tcc ttg cac caa gca ctt gcg cag tcc cac ttc cac tgg ggc tta 643
Glu Ser Leu His Gln Ala Leu Ala Gln Ser His Phe His Trp Gly Leu

170 175 180
tcc gcc tgg ggg ctg tat gcc ttg gtc ggc ggc gcg ttg gcg tac tcc 691
Ser Ala Trp Gly Leu Tyr Ala Leu Val Gly Gly Ala Leu Ala Tyr Ser

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

410	415	420	
agt tca tcc aag gaa cag gtg ctg ttt gat atg ttc agc aac ctt ccg			1411
Ser Ser Ser Lys Glu Gln Val Leu Phe Asp Met Phe Ser Asn Leu Pro			
425	430	435	
ctg tac tcg atc aca ccg ttc att ttg atc ttt gtg ctg gca gta ttc			1459
Leu Tyr Ser Ile Thr Pro Phe Ile Leu Ile Phe Val Leu Ala Val Phe			
440	445	450	
ttt gtt acc tct gcc gat tcc gcc tcc gtg gtg atg gga acg atg agc			1507
Phe Val Thr Ser Ala Asp Ser Ala Ser Val Val Met Gly Thr Met Ser			
455	460	465	
tcc caa ggt aac cct gca cca aac aaa tta atc gtg gtg ttc tgg gga			1555
Ser Gln Gly Asn Pro Ala Pro Asn Lys Leu Ile Val Val Phe Trp Gly			
470	475	480	485
ctg tgc atg atg ggc atc gcg gtg gtc atg ctg ctt act ggt ggc gaa			1603
Leu Cys Met Met Gly Ile Ala Val Val Met Leu Leu Thr Gly Gly Glu			
490	495	500	
tcc gcg ctg act ggt ctg cag aac ctc acc att ttg atc gcc att ccg			1651
Ser Ala Leu Thr Gly Leu Gln Asn Leu Thr Ile Leu Ile Ala Ile Pro			
505	510	515	
ttt gcg ctg gtg ttg atc gtg atg gct att gcc ttt att aag gac tta			1699
Phe Ala Leu Val Leu Ile Val Met Ala Ile Ala Phe Ile Lys Asp Leu			
520	525	530	
tcc aca gac cca gcc gct att cga caa cgc tat gca aag gca gcc atc			1747
Ser Thr Asp Pro Ala Ala Ile Arg Gln Arg Tyr Ala Lys Ala Ala Ile			
535	540	545	
tct aac gcg gtg gtt cgt ggc ttg gaa gaa cac ggc gac gac ttc gag			1795
Ser Asn Ala Val Val Arg Gly Leu Glu Glu His Gly Asp Asp Phe Glu			
550	555	560	565
ctc tcc atc gaa cct gca gag gaa ggt cgt gga gcg ggt gct acc ttc			1843
Leu Ser Ile Glu Pro Ala Glu Glu Gly Arg Gly Ala Gly Ala Thr Phe			
570	575	580	
gat tcc acc gct gat cac atc acc gac tgg tat cag cgc acc gac gaa			1891
Asp Ser Thr Ala Asp His Ile Thr Asp Trp Tyr Gln Arg Thr Asp Glu			
585	590	595	
gaa ggc aat gat gtt gat tat gac ttc acc acc ggc aaa tgg gcc gat			1939
Glu Gly Asn Asp Val Asp Tyr Asp Phe Thr Thr Gly Lys Trp Ala Asp			
600	605	610	
ggg tgg aca ccg gaa tcg acc gaa gaa ggc gaa gtg gac gcg aaa aag			1987
Gly Trp Thr Pro Glu Ser Thr Glu Glu Gly Glu Val Asp Ala Lys Lys			
615	620	625	
gat taaaaaataa cgactggctg gga			2013

Asp

630

<210> 548

<211> 630

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 548

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

Glu Glu Pro His Tyr Pro His Asp Thr His Pro Gly Leu Val Pro Gly
20 25 30

Ile Ser Val Asp Ala Gln Arg Asn Lys Phe Gly Leu Asp Lys Thr Val
35 40 45

Phe Gly Val Thr Ala Ala Leu Ile Leu Ala Phe Ile Ala Trp Gly Ile
50 55 60

Ser Ser Pro Asp Ser Val Ser Ser Val Ser Ser Thr Met Phe Ser Trp
65 70 75 80

Ala Met Thr Asn Thr Gly Trp Leu Leu Asn Phe Val Met Leu Ile Gly
85 90 95

Ile Gly Thr Met Leu Tyr Ile Ala Phe Ser Arg Tyr Gly Arg Ile Lys
100 105 110

Leu Gly Thr Asp Glu Asp Glu Pro Glu Phe Ser Arg Phe Ser Trp Ile
115 120 125

Ala Met Met Phe Gly Ala Gly Ile Gly Val Gly Ile Phe Phe Phe Gly
130 135 140

Pro Ser Glu Pro Leu Trp His Tyr Leu Ser Pro Pro Pro His Thr Val
145 150 155 160

Glu Gly Ser Thr Pro Glu Ser Leu His Gln Ala Leu Ala Gln Ser His
165 170 175

Phe His Trp Gly Leu Ser Ala Trp Gly Leu Tyr Ala Leu Val Gly Gly
180 185 190

Ala Leu Ala Tyr Ser Ser Tyr Arg Arg Gly Arg Val Thr Leu Ile Ser
195 200 205

Ser Thr Phe Arg Ser Leu Phe Gly Glu Lys Thr Glu Gly Ile Ala Gly
210 215 220

Arg Leu Ile Asp Met Met Ala Ile Ile Ala Thr Leu Phe Gly Thr Ala
225 230 235 240

Ala Thr Leu Gly Leu Ser Ala Ile Gln Val Gly Gln Gly Val Gln Ile

245	250	255
Ile Ser Gly Ala Ser Glu Ile Thr Asn Asn Ile Leu Ile Ala Ile Ile		
260	265	270
Ala Ile Leu Thr Ile Gly Phe Ile Ile Ser Ser Val Ser Gly Val Ser		
275	280	285
Lys Gly Ile Arg Tyr Leu Ser Asn Leu Asn Ile Ser Leu Thr Leu Gly		
290	295	300
Leu Val Leu Phe Val Phe Ile Thr Gly Pro Thr Leu Phe Leu Leu Asn		
305	310	315
Leu Ile Pro Ser Ser Val Leu Glu Tyr Gly Ser Glu Phe Leu Ser Met		
325	330	335
Ala Gly Lys Ser Leu Ser Trp Gly Glu Glu Thr Ile Glu Phe Gln Ala		
340	345	350
Gly Trp Thr Ala Phe Tyr Trp Ala Trp Trp Ile Ala Trp Thr Pro Phe		
355	360	365
Val Gly Met Phe Ile Ala Arg Ile Ser Arg Gly Arg Thr Leu Arg Glu		
370	375	380
Phe Ala Leu Ile Thr Met Ala Ile Pro Ser Phe Ile Leu Ile Leu Ala		
385	390	395
Phe Thr Ile Phe Gly Gly Thr Ala Ile Thr Met Asn Arg Glu Asn Val		
405	410	415
Asp Gly Phe Asp Gly Ser Ser Ser Lys Glu Gln Val Leu Phe Asp Met		
420	425	430
Phe Ser Asn Leu Pro Leu Tyr Ser Ile Thr Pro Phe Ile Leu Ile Phe		
435	440	445
Val Leu Ala Val Phe Phe Val Thr Ser Ala Asp Ser Ala Ser Val Val		
450	455	460
Met Gly Thr Met Ser Ser Gln Gly Asn Pro Ala Pro Asn Lys Leu Ile		
465	470	475
Val Val Phe Trp Gly Leu Cys Met Met Gly Ile Ala Val Val Met Leu		
485	490	495
Leu Thr Gly Gly Glu Ser Ala Leu Thr Gly Leu Gln Asn Leu Thr Ile		
500	505	510
Leu Ile Ala Ile Pro Phe Ala Leu Val Leu Ile Val Met Ala Ile Ala		
515	520	525
Phe Ile Lys Asp Leu Ser Thr Asp Pro Ala Ala Ile Arg Gln Arg Tyr		
530	535	540
Ala Lys Ala Ala Ile Ser Asn Ala Val Val Arg Gly Leu Glu Glu His		
545	550	555
		560

Gly Asp Asp Phe Glu Leu Ser Ile Glu Pro Ala Glu Glu Gly Arg Gly
565 570 575

Ala Gly Ala Thr Phe Asp Ser Thr Ala Asp His Ile Thr Asp Trp Tyr
580 585 590

Gln Arg Thr Asp Glu Glu Gly Asn Asp Val Asp Tyr Asp Phe Thr Thr
595 600 605

Gly Lys Trp Ala Asp Gly Trp Thr Pro Glu Ser Thr Glu Glu Gly Glu
610 615 620

Val Asp Ala Lys Lys Asp
625 630

<210> 549
<211> 2007
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1984)
<223> RXN02348

<400> 549
aaagaccga gccgaagccc tggcctgcgc atacttcctt gtcaacgctc gctgggatta 60
ggctcttttct gagcgtctagc atttctccac tcaaaggagc atg ctt aac cgc atg 115
Met Leu Asn Arg Met

1 5
aaa agt gcg cgg cca aaa tca gtc gct cca aaa tcc gga caa gct tta 163
Lys Ser Ala Arg Pro Lys Ser Val Ala Pro Lys Ser Gly Gln Ala Leu

10 15 20
ctc act ctc ggt gcc cta ggt gtt gtg ttc ggc gac atc ggc acc agc 211
Leu Thr Leu Gly Ala Leu Gly Val Val Phe Gly Asp Ile Gly Thr Ser

25 30 35
ccc ctg tac tca ctt cac act gca ttc agc atg cag cac aac aaa gtc 259
Pro Leu Tyr Ser Leu His Thr Ala Phe Ser Met Gln His Asn Lys Val

40 45 50
gaa gtc act cag gaa aat gtg tac ggc atc atc tcc atg gtg ttg tgg 307
Glu Val Thr Gln Glu Asn Val Tyr Gly Ile Ile Ser Met Val Leu Trp

55 60 65
acc atc act ttg atc gtc acc gtc aaa tac gtc atg ctg gtc acc cga 355
Thr Ile Thr Leu Ile Val Thr Val Lys Tyr Val Met Leu Val Thr Arg

70 75 80 85
gct gac aac caa gga caa ggt ggc atc ctg gcg ctc gtt gct ttg ctg 403
Ala Asp Asn Gln Gly Gln Gly Gly Ile Leu Ala Leu Val Ala Leu Leu

90 95 100

aaa aac cgt ggg cac tgg gga aaa ttc gtg gca gta gcc ggc atg ttg	451
Lys Asn Arg Gly His Trp Gly Lys Phe Val Ala Val Ala Gly Met Leu	
105 110 115	
ggc gcc gca ttg ttt tat ggc gat gtg gtg atc acc ccg gcg atc tct	499
Gly Ala Ala Leu Phe Tyr Gly Asp Val Val Ile Thr Pro Ala Ile Ser	
120 125 130	
gtt ctc agc gca aca gaa ggc ttg acg gtt atc tcc cca agc ttt gag	547
Val Leu Ser Ala Thr Glu Gly Leu Thr Val Ile Ser Pro Ser Phe Glu	
135 140 145	
cgc ttc att ctg ccc gta tct ctc gca gtt ctg atc gct att ttt gca	595
Arg Phe Ile Leu Pro Val Ser Leu Ala Val Leu Ile Ala Ile Phe Ala	
150 155 160 165	
atc caa ccg ctc ggt aca gaa aaa gtc ggc aaa gcc ttc ggc ccc atc	643
Ile Gln Pro Leu Gly Thr Glu Lys Val Gly Lys Ala Phe Gly Pro Ile	
170 175 180	
atg ttg ctg tgg ttt gtc acc ctt gca gga ttg gga att ccg caa atc	691
Met Leu Leu Trp Phe Val Thr Leu Ala Gly Leu Gly Ile Pro Gln Ile	
185 190 195	
atc ggg cac cca gaa atc ttg cag agc ttg tct cca cat tgg gcc ctg	739
Ile Gly His Pro Glu Ile Leu Gln Ser Leu Ser Pro His Trp Ala Leu	
200 205 210	
cgc ttg att gtg gct gag cct ttc caa gca ttt gtg ctg ctt ggt gcc	787
Arg Leu Ile Val Ala Glu Pro Phe Gln Ala Phe Val Leu Leu Gly Ala	
215 220 225	
gtt gtc ctg aca gta acg ggt gcg gaa gcg ctc tac gct gat atg ggc	835
Val Val Leu Thr Val Thr Gly Ala Glu Ala Leu Tyr Ala Asp Met Gly	
230 235 240 245	
cat ttt ggg gcg agg cca atc aga gtg gcg tgg ttt tgc gtc gtc atg	883
His Phe Gly Ala Arg Pro Ile Arg Val Ala Trp Phe Cys Val Val Met	
250 255 260	
cct gct tta atc ttg acg tat ttg ggg cag ggc gcc ttg gtg atc aac	931
Pro Ala Leu Ile Leu Thr Tyr Leu Gly Gln Gly Ala Leu Val Ile Asn	
265 270 275	
cag cct gaa gcg gtg cgc aac ccc atg ttt tat ctc gcg ccg gaa ggt	979
Gln Pro Glu Ala Val Arg Asn Pro Met Phe Tyr Leu Ala Pro Glu Gly	
280 285 290	
ctg cgg att ccg ttg gtt att ttg gcg acc atc gct acg gtg atc gca	1027
Leu Arg Ile Pro Leu Val Ile Leu Ala Thr Ile Ala Thr Val Ile Ala	
295 300 305	
tcg cag gcc gtg att tct ggt gcg tat tca ttg acc aag cag gcc gtg	1075
Ser Gln Ala Val Ile Ser Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Lys Gln Ala Val	

310	315	320	325	
aat ttg aaa ctg ctg cca cgc atg gtg atc cgg cat acc tcc cgc aaa				1123
Asn Leu Lys Leu Leu Pro Arg Met Val Ile Arg His Thr Ser Arg Lys				
	330	335	340	
	gag gaa ggc cag atc tat atg cca ctg gtt aat gga ttg ctg ttt gta			1171
	Glu Glu Gly Gln Ile Tyr Met Pro Leu Val Asn Gly Leu Leu Phe Val			
	345	350	355	
	tcc gtg atg gtt gtg gtg ctg gta ttc cga tcc tct gaa agc ctc gcc			1219
	Ser Val Met Val Val Val Leu Val Phe Arg Ser Ser Glu Ser Leu Ala			
	360	365	370	
	agc gcg tac gga ctt gca gtg acc gga acc ttg gtg ctg gtc agc gtc			1267
	Ser Ala Tyr Gly Leu Ala Val Thr Gly Thr Leu Val Leu Val Ser Val			
	375	380	385	
	ctg tat ctg atc tat gtt cac acc aca tgg tgg aaa aca gcg ctg ttc			1315
	Leu Tyr Leu Ile Tyr Val His Thr Thr Trp Trp Lys Thr Ala Leu Phe			
390	395	400	405	
att gtg ctc atc ggt att cca gaa gta ctt cta ttc gcc tgc aac acc				1363
Ile Val Leu Ile Gly Ile Pro Glu Val Leu Leu Phe Ala Ser Asn Thr				
	410	415	420	
	acg aaa att cac gac ggt ggc tgg ctt cca cta ctt att gcg gcc gtg			1411
	Thr Lys Ile His Asp Gly Gly Trp Leu Pro Leu Leu Ile Ala Ala Val			
	425	430	435	
	ctc atc gtg gtg atg cgg acc tgg gag tgg gga agt gac cgc gtc aat			1459
	Leu Ile Val Val Met Arg Thr Trp Glu Trp Gly Ser Asp Arg Val Asn			
	440	445	450	
	cag gaa cgc gca gag ctg gaa ctt ccc atg gat aag ttc ttg gag aaa			1507
	Gln Glu Arg Ala Glu Leu Glu Leu Pro Met Asp Lys Phe Leu Glu Lys			
	455	460	465	
	ctc gat cag cca cac aat att ggt ctg cgt aaa gtt gcc gaa gtg gca			1555
	Leu Asp Gln Pro His Asn Ile Gly Leu Arg Lys Val Ala Glu Val Ala			
470	475	480	485	
gta ttt cca cat ggc acc agc gat act gtc ccg ttg tca ttg gtt cgc				1603
Val Phe Pro His Gly Thr Ser Asp Thr Val Pro Leu Ser Leu Val Arg				
	490	495	500	
	tgc gtg aaa gac ctc aag ctt tta tac cga gag atc gtg atc gtt cga			1651
	Cys Val Lys Asp Leu Lys Leu Leu Tyr Arg Glu Ile Val Ile Val Arg			
	505	510	515	
	atc gtc caa gaa cac gtt ccg cac gtg cca cca gag gaa cgc gcg gaa			1699
	Ile Val Gln Glu His Val Pro His Val Pro Pro Glu Glu Arg Ala Glu			
	520	525	530	
	atg gaa gtg ctc cat cac gcc ccg atc aga gtc gtg cga gtt gat ctg			1747
	Met Glu Val Leu His His Ala Pro Ile Arg Val Val Arg Val Asp Leu			

535 540 545
 cac ctt ggt tat ttt gat gag cag aac ctg cct gag cat ctc cat gcc 1795
 His Leu Gly Tyr Phe Asp Glu Gln Asn Leu Pro Glu His Leu His Ala

 550 555 560 565
 att gac cca aca tgg gat aac gcc acc tac ttc ctg tct gcc ctg act 1843
 Ile Asp Pro Thr Trp Asp Asn Ala Thr Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Thr

 570 575 580
 ctt cgg agc agg ttg cct gga aag att gct ggc tgg cgt gat cgt ttg 1891
 Leu Arg Ser Arg Leu Pro Gly Lys Ile Ala Gly Trp Arg Asp Arg Leu

 585 590 595
 tat ctt tcg atg gaa cgt aat cag gca tct cga act gag tct ttc aaa 1939
 Tyr Leu Ser Met Glu Arg Asn Gln Ala Ser Arg Thr Glu Ser Phe Lys

 600 605 610
 ttg caa cca agc aaa acc atc acg gtt gga aca gag ctg cac ctt 1984
 Leu Gln Pro Ser Lys Thr Ile Thr Val Gly Thr Glu Leu His Leu

 615 620 625
 taatcaggca gttgctggcc aac 2007

<210> 550
 <211> 628
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 550
 Met Leu Asn Arg Met Lys Ser Ala Arg Pro Lys Ser Val Ala Pro Lys
 1 5 10 15

 Ser Gly Gln Ala Leu Leu Thr Leu Gly Ala Leu Gly Val Val Phe Gly
 20 25 30

 Asp Ile Gly Thr Ser Pro Leu Tyr Ser Leu His Thr Ala Phe Ser Met
 35 40 45

 Gln His Asn Lys Val Glu Val Thr Gln Glu Asn Val Tyr Gly Ile Ile
 50 55 60

 Ser Met Val Leu Trp Thr Ile Thr Leu Ile Val Thr Val Lys Tyr Val
 65 70 75 80

 Met Leu Val Thr Arg Ala Asp Asn Gln Gly Gln Gly Gly Ile Leu Ala
 85 90 95

 Leu Val Ala Leu Leu Lys Asn Arg Gly His Trp Gly Lys Phe Val Ala
 100 105 110

 Val Ala Gly Met Leu Gly Ala Ala Leu Phe Tyr Gly Asp Val Val Ile
 115 120 125

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

130	135	140	
Ser Pro Ser Phe Glu Arg Phe Ile Leu Pro Val Ser Leu Ala Val Leu			
145	150	155	160
Ile Ala Ile Phe Ala Ile Gln Pro Leu Gly Thr Glu Lys Val Gly Lys			
	165	170	175
Ala Phe Gly Pro Ile Met Leu Leu Trp Phe Val Thr Leu Ala Gly Leu			
	180	185	190
Gly Ile Pro Gln Ile Ile Gly His Pro Glu Ile Leu Gln Ser Leu Ser			
	195	200	205
Pro His Trp Ala Leu Arg Leu Ile Val Ala Glu Pro Phe Gln Ala Phe			
	210	215	220
Val Leu Leu Gly Ala Val Val Leu Thr Val Thr Gly Ala Glu Ala Leu			
	225	230	235
Tyr Ala Asp Met Gly His Phe Gly Ala Arg Pro Ile Arg Val Ala Trp			
	245	250	255
Phe Cys Val Val Met Pro Ala Leu Ile Leu Thr Tyr Leu Gly Gln Gly			
	260	265	270
Ala Leu Val Ile Asn Gln Pro Glu Ala Val Arg Asn Pro Met Phe Tyr			
	275	280	285
Leu Ala Pro Glu Gly Leu Arg Ile Pro Leu Val Ile Leu Ala Thr Ile			
	290	295	300
Ala Thr Val Ile Ala Ser Gln Ala Val Ile Ser Gly Ala Tyr Ser Leu			
	305	310	315
Thr Lys Gln Ala Val Asn Leu Lys Leu Leu Pro Arg Met Val Ile Arg			
	325	330	335
His Thr Ser Arg Lys Glu Glu Gly Gln Ile Tyr Met Pro Leu Val Asn			
	340	345	350
Gly Leu Leu Phe Val Ser Val Met Val Val Val Leu Val Phe Arg Ser			
	355	360	365
Ser Glu Ser Leu Ala Ser Ala Tyr Gly Leu Ala Val Thr Gly Thr Leu			
	370	375	380
Val Leu Val Ser Val Leu Tyr Leu Ile Tyr Val His Thr Thr Trp Trp			
	385	390	395
Lys Thr Ala Leu Phe Ile Val Leu Ile Gly Ile Pro Glu Val Leu Leu			
	405	410	415
Phe Ala Ser Asn Thr Thr Lys Ile His Asp Gly Gly Trp Leu Pro Leu			
	420	425	430
Leu Ile Ala Ala Val Leu Ile Val Val Met Arg Thr Trp Glu Trp Gly			
	435	440	445

Ser Asp Arg Val Asn Gln Glu Arg Ala Glu Leu Glu Leu Pro Met Asp
450 455 460

Lys Phe Leu Glu Lys Leu Asp Gln Pro His Asn Ile Gly Leu Arg Lys
465 470 475 480

Val Ala Glu Val Ala Val Phe Pro His Gly Thr Ser Asp Thr Val Pro
485 490 495

Leu Ser Leu Val Arg Cys Val Lys Asp Leu Lys Leu Leu Tyr Arg Glu
500 505 510

Ile Val Ile Val Arg Ile Val Gln Glu His Val Pro His Val Pro Pro
515 520 525

Glu Glu Arg Ala Glu Met Glu Val Leu His His Ala Pro Ile Arg Val
530 535 540

Val Arg Val Asp Leu His Leu Gly Tyr Phe Asp Glu Gln Asn Leu Pro
545 550 555 560

Glu His Leu His Ala Ile Asp Pro Thr Trp Asp Asn Ala Thr Tyr Phe
565 570 575

Leu Ser Ala Leu Thr Leu Arg Ser Arg Leu Pro Gly Lys Ile Ala Gly
580 585 590

Trp Arg Asp Arg Leu Tyr Leu Ser Met Glu Arg Asn Gln Ala Ser Arg
595 600 605

Thr Glu Ser Phe Lys Leu Gln Pro Ser Lys Thr Ile Thr Val Gly Thr
610 615 620

Glu Leu His Leu
625

<210> 551

<211> 1035

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1012)

<223> RXN00297

<400> 551

aacaaggcac cggaaaacaa gcaacgcacc ttgcagaggt ggtcttaagc atcttggagc 60
aaaacaacat ggcacaataa cgatcatgca acaggtgctc atg ggt ttc acg gtc 115
Met Gly Phe Thr Val

1 5
gtg ttc atc gtc atc gga ata ggt tgg att ctc ggt aga aga gac acc 163
Val Phe Ile Val Ile Gly Ile Gly Trp Ile Leu Gly Arg Arg Asp Thr

10

15

20

ttg ggc aca cat gcc cag aaa cct ttg agc ctg ttt gtc tat tac gtg	211
Leu Gly Thr His Ala Gln Lys Pro Leu Ser Leu Phe Val Tyr Tyr Val	
25 30 35	
gcc acc cca gcg ttg ttg ttt gat cgg gtc acc aag tca gat acc tcg	259
Ala Thr Pro Ala Leu Leu Phe Asp Arg Val Thr Lys Ser Asp Thr Ser	
40 45 50	
acg att ttc tct ctg aac ttc gtg gtc att gca ctc tct gcg ttg atc	307
Thr Ile Phe Ser Leu Asn Phe Val Val Ile Ala Leu Ser Ala Leu Ile	
55 60 65	
gta ggt ttc ctg ttt ttc cta ctc atg cgg ttc gtg atc aaa aga act	355
Val Gly Phe Leu Phe Phe Leu Leu Met Arg Phe Val Ile Lys Arg Thr	
70 75 80 85	
gcc gca gta tcg gtg atc ggc atg cta gct gcg tcc tac gcc aac gcc	403
Ala Ala Val Ser Val Ile Gly Met Leu Ala Ala Ser Tyr Ala Asn Ala	
90 95 100	
ggt aac ctg ggt atc cct ttg gca gcc tat att ttg gat gat ttc acc	451
Gly Asn Leu Gly Ile Pro Leu Ala Ala Tyr Ile Leu Asp Asp Phe Thr	
105 110 115	
gtg gtg att ccc gtg att ttg ttc cag gtg gcg ttc tac gca ccg atc	499
Val Val Ile Pro Val Ile Leu Phe Gln Val Ala Phe Tyr Ala Pro Ile	
120 125 130	
acc atg acc atc atg gag atg ctg acc aac aag aaa tcc acc aac ttg	547
Thr Met Thr Ile Met Glu Met Leu Thr Asn Lys Lys Ser Thr Asn Leu	
135 140 145	
gtg gcg aac ctc ctg gtc acg cca cta acc aac acc atg gtg ctc gca	595
Val Arg Asn Leu Leu Val Thr Pro Leu Thr Asn Thr Met Val Leu Ala	
150 155 160 165	
gcg att gcc ggt att gct gtg tct ttg act tcg atg agc gtg ccc gtg	643
Ala Ile Ala Gly Ile Ala Val Ser Leu Thr Ser Met Ser Val Pro Val	
170 175 180	
gtg att gct cag cca gtg gaa atg ttg gcg aat gct tca gtg cca ctg	691
Val Ile Ala Gln Pro Val Glu Met Leu Ala Asn Ala Ser Val Pro Leu	
185 190 195	
gct ttg gtg gtg ttc gga ctg tcc ttg tcc aag agc aag atc ctg gaa	739
Ala Leu Val Val Phe Gly Leu Ser Leu Ser Lys Ser Lys Ile Leu Glu	
200 205 210	
aag ggg cag gta tcc agg cgc gat gtg ttt acg gcg gca ctg ttc aag	787
Lys Gly Gln Val Ser Arg Arg Asp Val Phe Thr Ala Ala Leu Phe Lys	
215 220 225	
aat gtt ctg cac cca att gtt gcg gga ctt tta gcc tta gcc ttt ggt	835
Asn Val Leu His Pro Ile Val Ala Gly Leu Leu Ala Leu Ala Phe Gly	

230 235 240 245
atg gaa ggt act gcc ttg ttg tcg gcg gtg att ctc ggt gca ctg cca 883
Met Glu Gly Thr Ala Leu Leu Ser Ala Val Ile Leu Gly Ala Leu Pro

250 255 260
aca gcg cag aat gtc tac acc tac gcg ttg cga ttt aga aca gct gaa 931
Thr Ala Gln Asn Val Tyr Thr Tyr Ala Leu Arg Phe Arg Thr Ala Glu

265 270 275
tcg atg gcg aga gac aca ggg gtg gtc acc aca ctc att tcc ttc ccc 979
Ser Met Ala Arg Asp Thr Gly Val Val Thr Thr Leu Ile Ser Phe Pro

280 285 290
gta ttg gtg gcg gtc tcc att atc ttt gga tct tagggtagc attagtggc 1032
Val Leu Val Ala Val Ser Ile Ile Phe Gly Ser

295 300
atg 1035

<210> 552
<211> 304
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 552
Met Gly Phe Thr Val Val Phe Ile Val Ile Gly Ile Gly Trp Ile Leu
1 5 10 15
Gly Arg Arg Asp Thr Leu Gly Thr His Ala Gln Lys Pro Leu Ser Leu
20 25 30
Phe Val Tyr Tyr Val Ala Thr Pro Ala Leu Leu Phe Asp Arg Val Thr
35 40 45
Lys Ser Asp Thr Ser Thr Ile Phe Ser Leu Asn Phe Val Val Ile Ala
50 55 60
Leu Ser Ala Leu Ile Val Gly Phe Leu Phe Phe Leu Leu Met Arg Phe
65 70 75 80
Val Ile Lys Arg Thr Ala Ala Val Ser Val Ile Gly Met Leu Ala Ala
85 90 95
Ser Tyr Ala Asn Ala Gly Asn Leu Gly Ile Pro Leu Ala Ala Tyr Ile
100 105 110
Leu Asp Asp Phe Thr Val Val Ile Pro Val Ile Leu Phe Gln Val Ala
115 120 125
Phe Tyr Ala Pro Ile Thr Met Thr Ile Met Glu Met Leu Thr Asn Lys
130 135 140
Lys Ser Thr Asn Leu Val Arg Asn Leu Leu Val Thr Pro Leu Thr Asn
145 150 155 160

Thr Met Val Leu Ala Ala Ile Ala Gly Ile Ala Val Ser Leu Thr Ser
165 170 175

Met Ser Val Pro Val Val Ile Ala Gln Pro Val Glu Met Leu Ala Asn
180 185 190

Ala Ser Val Pro Leu Ala Leu Val Val Phe Gly Leu Ser Leu Ser Lys
195 200 205

Ser Lys Ile Leu Glu Lys Gly Gln Val Ser Arg Arg Asp Val Phe Thr
210 215 220

Ala Ala Leu Phe Lys Asn Val Leu His Pro Ile Val Ala Gly Leu Leu
225 230 235 240

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

Leu Gly Ala Leu Pro Thr Ala Gln Asn Val Tyr Thr Tyr Ala Leu Arg
260 265 270

Phe Arg Thr Ala Glu Ser Met Ala Arg Asp Thr Gly Val Val Thr Thr
275 280 285

Leu Ile Ser Phe Pro Val Leu Val Ala Val Ser Ile Ile Phe Gly Ser
290 295 300

<210> 553
<211> 353
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(343)
<223> RXN03103

<400> 553
atcttcagag tcacttcttt cagtgtcatt tttctcggcc ctaatccccc gctggagttc 60
aatcagcgat tgcaaccttt tagatatata aggagacaac atg tct gca aag cgt 115
Met Ser Ala Lys Arg

1 5
act ttt acc cgt atc ggt gcg att ctt gga gca act gca ctt gcc gga 163
Thr Phe Thr Arg Ile Gly Ala Ile Leu Gly Ala Thr Ala Leu Ala Gly

10 15 20
gtt acc ctc acc gcc tgt ggt gat tca agc ggt ggc gac gga ttc ctc 211
Val Thr Leu Thr Ala Cys Gly Asp Ser Ser Gly Gly Asp Gly Phe Leu

25 30 35
gca gcc att gaa aat ggt tct gtc aat gtc ggc acc aaa tac gat cag 259
Ala Ala Ile Glu Asn Gly Ser Val Asn Val Gly Thr Lys Tyr Asp Gln

40 45 50
cct ggt ctt ggc ctc cgc aac cca gac aac tcc atg agc ggt ctc gac 307
Pro Gly Leu Gly Leu Arg Asn Pro Asp Asn Ser Met Ser Gly Leu Asp

55 60 65
gtg gat gtt gct gaa tac gta att caa ctc cat cgc tgatgacaag 353
Val Asp Val Ala Glu Tyr Val Ile Gln Leu His Arg

70 75 80

<210> 554
<211> 81
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 554
Met Ser Ala Lys Arg Thr Phe Thr Arg Ile Gly Ala Ile Leu Gly Ala
1 5 10 15

Thr Ala Leu Ala Gly Val Thr Leu Thr Ala Cys Gly Asp Ser Ser Gly
20 25 30

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

Thr Lys Tyr Asp Gln Pro Gly Leu Gly Leu Arg Asn Pro Asp Asn Ser
50 55 60

Met Ser Gly Leu Asp Val Asp Val Ala Glu Tyr Val Ile Gln Leu His
65 70 75 80

Arg

<210> 555
<211> 695
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(672)
<223> RXN02993

<400> 555
gtt gct gaa tac gta gtc aac tcc atc gct gat gac aag ggc tgg gat 48
Val Ala Glu Tyr Val Val Asn Ser Ile Ala Asp Asp Lys Gly Trp Asp

1 5 10 15
cac ccc acc atc gaa tgg cgt gaa tcc cct tct gcg cag cgt gaa acc 96
His Pro Thr Ile Glu Trp Arg Glu Ser Pro Ser Ala Gln Arg Glu Thr

20 25 30
ctc att caa aac ggt gag gta gac atg atc gca gca acc tac tcc atc 144

Leu Ile Gln Asn Gly Glu Val Asp Met Ile Ala Ala Thr Tyr Ser Ile

35 40 45
aac gct ggc cgt tca gag tcc gtc aac ttc ggt ggc cca tac ctg ctt 192
Asn Ala Gly Arg Ser Glu Ser Val Asn Phe Gly Gly Pro Tyr Leu Leu

50 55 60
acc cac cag gct ctg ctt gtt cgc caa gat gac gat cgc att gaa acc 240
Thr His Gln Ala Leu Leu Val Arg Gln Asp Asp Asp Arg Ile Glu Thr

65 70 75 80
ctc gag gac ttg gat aac ggt ttg atc ctg tgc tcc gtt tcc gga tcc 288
Leu Glu Asp Leu Asp Asn Gly Leu Ile Leu Cys Ser Val Ser Gly Ser

85 90 95
act cca gct cag aag gtc aag gat gtc ctc cca ggc gtt cag ctc caa 336
Thr Pro Ala Gln Lys Val Lys Asp Val Leu Pro Gly Val Gln Leu Gln

100 105 110
gaa tac gac acc tac tct tcc tgt gtt gag gca ctg tcc cag ggc aac 384
Glu Tyr Asp Thr Tyr Ser Ser Cys Val Glu Ala Leu Ser Gln Gly Asn

115 120 125
gtt gac gcc ctg acc act gac gcc acc atc ctc ttc ggc tac tcc cag 432
Val Asp Ala Leu Thr Thr Asp Ala Thr Ile Leu Phe Gly Tyr Ser Gln

130 135 140
cag tac gaa ggc gac ttc cgc gtt gtg gaa atg gaa aag gac ggc gag 480
Gln Tyr Glu Gly Asp Phe Arg Val Val Glu Met Glu Lys Asp Gly Glu

145 150 155 160
cca ttc acc gac gag tac tac ggc att ggc ctg aag aag gat gac cag 528
Pro Phe Thr Asp Glu Tyr Tyr Gly Ile Gly Leu Lys Lys Asp Asp Gln

165 170 175
gaa ggc acc gac gct atc aac gcc gca ctt gag cgc atg tac gct gac 576
Glu Gly Thr Asp Ala Ile Asn Ala Ala Leu Glu Arg Met Tyr Ala Asp

180 185 190
ggc acc ttc cag cga ctg ctc acc gag aac ctc ggt gaa gac tcc gtg 624
Gly Thr Phe Gln Arg Leu Leu Thr Glu Asn Leu Gly Glu Asp Ser Val

195 200 205
gtt gtt gaa gaa ggc acc cca ggt gac ctc tcc ttc ctc gac gca agc 672
Val Val Glu Glu Gly Thr Pro Gly Asp Leu Ser Phe Leu Asp Ala Ser

210 215 220
tagtgtgacg gcttttaaaa gcc 695

<210> 556

<211> 224

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 556

Val Ala Glu Tyr Val Val Asn Ser Ile Ala Asp Asp Lys Gly Trp Asp
1 5 10 15

His Pro Thr Ile Glu Trp Arg Glu Ser Pro Ser Ala Gln Arg Glu Thr
20 25 30

Leu Ile Gln Asn Gly Glu Val Asp Met Ile Ala Ala Thr Tyr Ser Ile
35 40 45

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

Thr His Gln Ala Leu Leu Val Arg Gln Asp Asp Asp Arg Ile Glu Thr
65 70 75 80

Leu Glu Asp Leu Asp Asn Gly Leu Ile Leu Cys Ser Val Ser Gly Ser
85 90 95

Thr Pro Ala Gln Lys Val Lys Asp Val Leu Pro Gly Val Gln Leu Gln
100 105 110

Glu Tyr Asp Thr Tyr Ser Ser Cys Val Glu Ala Leu Ser Gln Gly Asn
115 120 125

Val Asp Ala Leu Thr Thr Asp Ala Thr Ile Leu Phe Gly Tyr Ser Gln
130 135 140

Gln Tyr Glu Gly Asp Phe Arg Val Val Glu Met Glu Lys Asp Gly Glu
145 150 155 160

Pro Phe Thr Asp Glu Tyr Tyr Gly Ile Gly Leu Lys Lys Asp Asp Gln
165 170 175

Glu Gly Thr Asp Ala Ile Asn Ala Ala Leu Glu Arg Met Tyr Ala Asp
180 185 190

Gly Thr Phe Gln Arg Leu Leu Thr Glu Asn Leu Gly Glu Asp Ser Val
195 200 205

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

<210> 557

<211> 1590

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1567)

<223> RXN00349

<400> 557

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> 558

<211> 489

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 558

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
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
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
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> 559

<211> 492

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(469)

<223> RXN03095

<400> 559

aacgcctcaa ttagtgccag accttgccga ccgcagacca aacttcacca tttaaacca 60
tccctagcca caacaacggc agttgtgcaa tgatctgcgt atg aat gca gat aag 115
Met Asn Ala Asp Lys

1 5
aaa atg tgc gga atg aac ccg gat agc caa tac gtc gaa ctt gcc gtc 163
Lys Met Cys Gly Met Asn Pro Asp Ser Gln Tyr Val Glu Leu Ala Val

10 15 20
gaa gtt ttc gga ctc ctc gcg gac gcc act cga gtt cgc atc atc ttg 211
Glu Val Phe Gly Leu Leu Ala Asp Ala Thr Arg Val Arg Ile Ile Leu

25 30 35
gca ctt cga aac agt ggt gaa ctt tcc gta aac cac ctc gcg gac atc 259
Ala Leu Arg Asn Ser Gly Glu Leu Ser Val Asn His Leu Ala Asp Ile

40 45 50
gtc gat aaa tcc ccc gca gca gtt tcc caa cac ctc gcc cgg ctg cgc 307
Val Asp Lys Ser Pro Ala Ala Val Ser Gln His Leu Ala Arg Leu Arg

55 60 65
atg gcc cga atc gtg tcc acc cgt caa gaa ggt caa cga gtt ttc tac 355
Met Ala Arg Ile Val Ser Thr Arg Gln Glu Gly Gln Arg Val Phe Tyr

70 75 80 85
aaa ctc acc aat gaa cac gca tca cag cta gtc tcc gac gct att ttt 403
Lys Leu Thr Asn Glu His Ala Ser Gln Leu Val Ser Asp Ala Ile Phe

90 95 100
cag gcg gaa cac acc att gcg gac ggc cag act ccc cca cac cac cac 451
Gln Ala Glu His Thr Ile Ala Asp Gly Gln Thr Pro Pro His His His

105 110 115
cga gaa cga gaa caa tca tgaccacca cagtcaccaa gaa 492
Arg Glu Arg Glu Gln Ser

120

<210> 560
 <211> 123
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 560
 Met Asn Ala Asp Lys Lys Met Cys Gly Met Asn Pro Asp Ser Gln Tyr
 1 5 10 15
 Val Glu Leu Ala Val Glu Val Phe Gly Leu Leu Ala Asp Ala Thr Arg
 20 25 30
 Val Arg Ile Ile Leu Ala Leu Arg Asn Ser Gly Glu Leu Ser Val Asn
 35 40 45
 His Leu Ala Asp Ile Val Asp Lys Ser Pro Ala Ala Val Ser Gln His
 50 55 60
 Leu Ala Arg Leu Arg Met Ala Arg Ile Val Ser Thr Arg Gln Glu Gly
 65 70 75 80
 Gln Arg Val Phe Tyr Lys Leu Thr Asn Glu His Ala Ser Gln Leu Val
 85 90 95
 Ser Asp Ala Ile Phe Gln Ala Glu His Thr Ile Ala Asp Gly Gln Thr
 100 105 110
 Pro Pro His His His Arg Glu Arg Glu Gln Ser
 115 120

<210> 561
 <211> 591
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(568)
 <223> RXN03160

<400> 561
 gagcatatgg tgcgcgcggc cgatatgtg atcaattcca accccgatcc gcacgcttaa 60
 ctcttgccaa aaagtcgttt tgaccataag ctaagcgatt gtg aat cga att gca 115
 Val Asn Arg Ile Ala
 1 5
 gaa atc gca cgc agt ttc ggc gtg ctg ggc ttc agc gct ttc ggc ggc 163
 Glu Ile Ala Arg Ser Phe Gly Val Leu Gly Phe Ser Ala Phe Gly Gly
 10 15 20
 ccc acc gcg cac ctc gga tat ttc cgc acg gaa ttc gtg gag cgg cgg 211

Pro Thr Ala His Leu Gly Tyr Phe Arg Thr Glu Phe Val Glu Arg Arg

25 30 35
cgc tgg ctg gat gat cgc caa tat tcc gag atc gta gcg ctc agc caa 259
Arg Trp Leu Asp Asp Arg Gln Tyr Ser Glu Ile Val Ala Leu Ser Gln

40 45 50
cta ctt ccc gga cct gga tcg tcg cag gtc ggt atg atg ctg ggc tac 307
Leu Leu Pro Gly Pro Gly Ser Ser Gln Val Gly Met Met Leu Gly Tyr

55 60 65
cac cgc gcc ggt ttt tcc ggc atg gcg atc gcc tgg ctc atg ttt acc 355
His Arg Ala Gly Phe Ser Gly Met Ala Ile Ala Trp Leu Met Phe Thr

70 75 80 85
tgg ccc tca ttg gcg ctc atg gcg gcg ttc gcc ctg ctt ttt gat gcg 403
Trp Pro Ser Leu Ala Leu Met Ala Ala Phe Ala Leu Leu Phe Asp Ala

90 95 100
acc tcc gcc agc tgg acg ctc ggc ctg ctc gcc gca gcg gtc gcc gtc 451
Thr Ser Ala Ser Trp Thr Leu Gly Leu Leu Ala Ala Ala Val Ala Val

105 110 115
gtt ttc aaa cgc agt cac cgg gca tgg cgc ggt tca atg gct tcc acg 499
Val Phe Lys Arg Ser His Arg Ala Trp Arg Gly Ser Met Ala Ser Thr

120 125 130
ccg ggg cgc cgg cca cca tcg ggg gtc ggc ctc ggg gca tcg cgg gtg 547
Pro Gly Arg Arg Pro Pro Ser Gly Val Gly Leu Gly Ala Ser Arg Val

135 140 145
ctc ggc cct ccc caa cgg ggt taacacacct tggggttcaa tca 591
Leu Gly Pro Pro Gln Arg Gly

150 155

<210> 562
<211> 156
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 562
Val Asn Arg Ile Ala Glu Ile Ala Arg Ser Phe Gly Val Leu Gly Phe
1 5 10 15
Ser Ala Phe Gly Gly Pro Thr Ala His Leu Gly Tyr Phe Arg Thr Glu
20 25 30
Phe Val Glu Arg Arg Arg Trp Leu Asp Asp Arg Gln Tyr Ser Glu Ile
35 40 45
Val Ala Leu Ser Gln Leu Leu Pro Gly Pro Gly Ser Ser Gln Val Gly
50 55 60

Met Met Leu Gly Tyr His Arg Ala Gly Phe Ser Gly Met Ala Ile Ala
65 70 75 80

Trp Leu Met Phe Thr Trp Pro Ser Leu Ala Leu Met Ala Ala Phe Ala
85 90 95

Leu Leu Phe Asp Ala Thr Ser Ala Ser Trp Thr Leu Gly Leu Leu Ala
100 105 110

Ala Ala Val Ala Val Val Phe Lys Arg Ser His Arg Ala Trp Arg Gly
115 120 125

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

Gly Ala Ser Arg Val Leu Gly Pro Pro Gln Arg Gly
145 150 155

<210> 563

<211> 645

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(622)

<223> RXN02955

<400> 563

atgcactggc tcccatcaaa gacgaattct tgacctcaga attccagcgt gaactctacg 60
aagcagtgcg cgccgctgat acttcaggag gtgcggcatc atg atg aat ttt aag 115
Met Met Asn Phe Lys

1 5
tcc atc gtg tgc gtc act gcc tgg cag gtg ttt agc cgc cag gtg ctg 163
Ser Ile Val Cys Val Thr Ala Trp Gln Val Phe Ser Arg Gln Val Leu

10 15 20
cac agc cca tca acg tgg tct gaa gaa cta tcc aag ctg ttg ttc gtg 211
His Ser Pro Ser Thr Trp Ser Glu Glu Leu Ser Lys Leu Leu Phe Val

25 30 35
tgg cta tct ttc gca ggt agt gcg ttc ctc ttt gga gag cgt gga cat 259
Trp Leu Ser Phe Ala Gly Ser Ala Phe Leu Phe Gly Glu Arg Gly His

40 45 50
att gcg gtt gat ttc atc gcg cgc aaa ctg cct gtt tct gcg cag cgg 307
Ile Ala Val Asp Phe Ile Ala Arg Lys Leu Pro Val Ser Ala Gln Arg

55 60 65
gtc ctg cag gtc att gtt cag ttg ttg att gtt gtt ttt gcg atc ctc 355
Val Leu Gln Val Ile Val Gln Leu Leu Ile Val Val Phe Ala Ile Leu

70 75 80 85
ggc atg atc tgg ggt ggc tac ttg gct gca tca atc gcg tgg aat cag 403

Gly Met Ile Trp Gly Gly Tyr Leu Ala Ala Ser Ile Ala Trp Asn Gln

90 95 100

cag ctc act gcg ctg cca ctt acc ttg gga tgg gtg tat gtt gtc atc 451

Gln Leu Thr Ala Leu Pro Leu Thr Leu Gly Trp Val Tyr Val Val Ile

105 110 115

ccg atc gcg ggt gtg ttc atc gcg ttg ttc gcg atc atc gat ctc atc 499

Pro Ile Ala Gly Val Phe Ile Ala Leu Phe Ala Ile Ile Asp Leu Ile

120 125 130

gaa gtg gcc aca ggc aag gaa gag cct tac ccc ctt gtt gat gaa tca 547

Glu Val Ala Thr Gly Lys Glu Glu Pro Tyr Pro Leu Val Asp Glu Ser

135 140 145

gaa gaa cct cga gat ttg gac gag cta gag gcc caa agc gct ata gat 595

Glu Glu Pro Arg Asp Leu Asp Glu Leu Glu Ala Gln Ser Ala Ile Asp

150 155 160 165

tct gca agt tca gcg gaa ggt agg aac taatatgttg tcgccagcag 642

Ser Ala Ser Ser Ala Glu Gly Arg Asn

170

ctg 645

<210> 564

<211> 174

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 564

Met Met Asn Phe Lys Ser Ile Val Cys Val Thr Ala Trp Gln Val Phe

1 5 10 15

Ser Arg Gln Val Leu His Ser Pro Ser Thr Trp Ser Glu Glu Leu Ser

20 25 30

Lys Leu Leu Phe Val Trp Leu Ser Phe Ala Gly Ser Ala Phe Leu Phe

35 40 45

Gly Glu Arg Gly His Ile Ala Val Asp Phe Ile Ala Arg Lys Leu Pro

50 55 60

Val Ser Ala Gln Arg Val Leu Gln Val Ile Val Gln Leu Leu Ile Val

65 70 75 80

Val Phe Ala Ile Leu Gly Met Ile Trp Gly Gly Tyr Leu Ala Ala Ser

85 90 95

Ile Ala Trp Asn Gln Gln Leu Thr Ala Leu Pro Leu Thr Leu Gly Trp

100 105 110

Val Tyr Val Val Ile Pro Ile Ala Gly Val Phe Ile Ala Leu Phe Ala

115 120 125

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

Leu Val Asp Glu Ser Glu Glu Pro Arg Asp Leu Asp Glu Leu Glu Ala
145 150 155 160

Gln Ser Ala Ile Asp Ser Ala Ser Ser Ala Glu Gly Arg Asn
165 170

<210> 565

<211> 754

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(754)

<223> RXN03109

<400> 565

actggcgctt cccgatggc aatcattggc ctttgggtgcc caaactggcg agttgttgc 60
ccgcgcatcc cgcgaactgt atgtgcaggg cggcgagtag atg gtt gtg aag gag 115
Met Val Val Lys Glu

1 5
gtt gac gtc gaa aag caa aaa gct ggc cgg gtg cct ggt gct ata gct 163
Val Asp Val Glu Lys Gln Lys Ala Gly Arg Val Pro Gly Ala Ile Ala

10 15 20
aag cgt cgg acc gtg cgg att gtg ctg ttt gtc gcg ctg ggc gcg atc 211
Lys Arg Arg Thr Val Arg Ile Val Leu Phe Val Ala Leu Gly Ala Ile

25 30 35
gtg att gcg gcg tcg ctg tgg tcg att ctg gtc ggc caa tac acc atc 259
Val Ile Ala Ala Ser Leu Trp Ser Ile Leu Val Gly Gln Tyr Thr Ile

40 45 50
ccg att cgc gat cta cct gcg att tta gcc tcc ggt ccg acc ggt gcg 307
Pro Ile Arg Asp Leu Pro Ala Ile Leu Ala Ser Gly Pro Thr Gly Ala

55 60 65
cag acg atg gcg gaa caa gtc gtg tgg caa atc cgc atg ccg cgc atc 355
Gln Thr Met Ala Glu Gln Val Val Trp Gln Ile Arg Met Pro Arg Ile

70 75 80 85
gtg ctg gga ctg ctc gtg ggt gcc gct ttg ggc gtg gcc ggc gcg ctg 403
Val Leu Gly Leu Leu Val Gly Ala Ala Leu Gly Val Ala Gly Ala Leu

90 95 100
ttg cag gcg gtg ttt tcc aac ccg ctg gcg gaa ccg tcg atc atc ggc 451
Leu Gln Ala Val Phe Ser Asn Pro Leu Ala Glu Pro Ser Ile Ile Gly

105 110 115
gtg acc tcc ggc gcg ggc gtg ggt gct gct gcg gtg atc gtg ttt aac 499

Val Thr Ser Gly Ala Gly Val Gly Ala Ala Ala Val Ile Val Phe Asn

120 125 130
ctg aca ttt ttg ggc aca tcc acc gtc gca gtc ggc gcg ttt att acc 547
Leu Thr Phe Leu Gly Thr Ser Thr Val Ala Val Gly Ala Phe Ile Thr

135 140 145
gcg gtg atc acc acg att ttg gta tat cag ctg gcc aga agc cgt gga 595
Ala Val Ile Thr Thr Ile Leu Val Tyr Gln Leu Ala Arg Ser Arg Gly

150 155 160 165
cgt gtg caa gtg atc aac ctg atc ctg aca ggc ata gcc att aat gca 643
Arg Val Gln Val Ile Asn Leu Ile Leu Thr Gly Ile Ala Ile Asn Ala

170 175 180
gta tcc ggc gcg ctg acc tca gtt ctt gat cta cat cgc gcc gac gag 691
Val Ser Gly Ala Leu Thr Ser Val Leu Asp Leu His Arg Ala Asp Glu

185 190 195
ctc ccg cga aga aat att ttc tgc aga tgg gtt cct cac ggc tcg cat 739
Leu Pro Arg Arg Asn Ile Phe Cys Arg Trp Val Pro His Gly Ser His

200 205 210
ggc gca cgt caa cgt 754
Gly Ala Arg Gln Arg

215

<210> 566

<211> 218

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 566

Met Val Val Lys Glu Val Asp Val Glu Lys Gln Lys Ala Gly Arg Val
1 5 10 15

Pro Gly Ala Ile Ala Lys Arg Arg Thr Val Arg Ile Val Leu Phe Val
20 25 30

Ala Leu Gly Ala Ile Val Ile Ala Ala Ser Leu Trp Ser Ile Leu Val
35 40 45

Gly Gln Tyr Thr Ile Pro Ile Arg Asp Leu Pro Ala Ile Leu Ala Ser
50 55 60

Gly Pro Thr Gly Ala Gln Thr Met Ala Glu Gln Val Val Trp Gln Ile
65 70 75 80

Arg Met Pro Arg Ile Val Leu Gly Leu Leu Val Gly Ala Ala Leu Gly
85 90 95

Val Ala Gly Ala Leu Leu Gln Ala Val Phe Ser Asn Pro Leu Ala Glu
100 105 110

Pro Ser Ile Ile Gly Val Thr Ser Gly Ala Gly Val Gly Ala Ala Ala
115 120 125

Val Ile Val Phe Asn Leu Thr Phe Leu Gly Thr Ser Thr Val Ala Val
130 135 140

Gly Ala Phe Ile Thr Ala Val Ile Thr Thr Ile Leu Val Tyr Gln Leu
145 150 155 160

Ala Arg Ser Arg Gly Arg Val Gln Val Ile Asn Leu Ile Leu Thr Gly
165 170 175

Ile Ala Ile Asn Ala Val Ser Gly Ala Leu Thr Ser Val Leu Asp Leu
180 185 190

His Arg Ala Asp Glu Leu Pro Arg Arg Asn Ile Phe Cys Arg Trp Val
195 200 205

Pro His Gly Ser His Gly Ala Arg Gln Arg
210 215

<210> 567
<211> 357
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(334)
<223> RXN02979

<400> 567
ctaggtaag gaattcact cggctagtcc ttagactcaa atgtgttcag acaaacactg 60
gcaccgtaag gcacgaaagt taccgaaagg actggttccc atg acc gcc cca aac 115
Met Thr Ala Pro Asn

1 5
act ctc aag caa aca act ctt cgc tct gat gag ttc tct tgc cca tcc 163
Thr Leu Lys Gln Thr Thr Leu Arg Ser Asp Glu Phe Ser Cys Pro Ser

10 15 20
tgt gtc tcc aag att gaa aac aaa ttg aat gga ttg gat ggc gtc gac 211
Cys Val Ser Lys Ile Glu Asn Lys Leu Asn Gly Leu Asp Gly Val Asp

25 30 35
aat gca gag gtg aag ttc tcc tcc gga aga atc ctt gtt gat cac gac 259
Asn Ala Glu Val Lys Phe Ser Ser Gly Arg Ile Leu Val Asp His Asp

40 45 50
ccc agc aag gtc tct atc aag gat cta gtc gct gca gtc gca gag gtt 307
Pro Ser Lys Val Ser Ile Lys Asp Leu Val Ala Ala Val Ala Glu Val

55 60 65
ggc tac acc gca aag cca tca gca atc taaaactctc agttagacca 354

Gly Tyr Thr Ala Lys Pro Ser Ala Ile

70 75 357
tta

<210> 568
<211> 78
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 568
Met Thr Ala Pro Asn Thr Leu Lys Gln Thr Thr Leu Arg Ser Asp Glu
1 5 10 15

Phe Ser Cys Pro Ser Cys Val Ser Lys Ile Glu Asn Lys Leu Asn Gly
20 25 30

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

Leu Val Asp His Asp Pro Ser Lys Val Ser Ile Lys Asp Leu Val Ala
50 55 60

Ala Val Ala Glu Val Gly Tyr Thr Ala Lys Pro Ser Ala Ile
65 70 75

<210> 569
<211> 357
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(334)
<223> RXN02987

<400> 569
gttgtttgat ccaggtcaag gaattaaccc ggaaaggacc gtatctttaa aggtgcaagc 60
acaggaacat gacgataaaa gatgaaagga cctgggttacg atg acc gcc ccc gcc 115
Met Thr Ala Pro Ala

1 5
acg ctg aag aac acc acc ttg cgc tct gat gag ttc acc tgt ccg agc 163
Thr Leu Lys Asn Thr Thr Leu Arg Ser Asp Glu Phe Thr Cys Pro Ser

10 15 20
tgt gtc gcc aag atc gaa aac aag ctg aat ggt ttg gac ggc gtg gag 211
Cys Val Ala Lys Ile Glu Asn Lys Leu Asn Gly Leu Asp Gly Val Glu

25 30 35
aat gcg gag gtg aag ttc tcc tcc gga cgc atc ctg atc acc cac gac 259

Asn Ala Glu Val Lys Phe Ser Ser Gly Arg Ile Leu Ile Thr His Asp

40 45 50
cca cag aag gtc tcc gta cgt gac ctg gtc acc gcg gta gcc gag gtc 307
Pro Gln Lys Val Ser Val Arg Asp Leu Val Thr Ala Val Ala Glu Val

55 60 65
ggc tac acc gcc aag ccg tcg gcg atc tgacgcactc ccgacccac 354
Gly Tyr Thr Ala Lys Pro Ser Ala Ile

70 75
aag 357

<210> 570
<211> 78
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 570
Met Thr Ala Pro Ala Thr Leu Lys Asn Thr Thr Leu Arg Ser Asp Glu
1 5 10 15

Phe Thr Cys Pro Ser Cys Val Ala Lys Ile Glu Asn Lys Leu Asn Gly
20 25 30

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

Leu Ile Thr His Asp Pro Gln Lys Val Ser Val Arg Asp Leu Val Thr
50 55 60

Ala Val Ala Glu Val Gly Tyr Thr Ala Lys Pro Ser Ala Ile
65 70 75

<210> 571
<211> 1041
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1018)
<223> RXN03084

<400> 571
ccaccccccac gtctaagttt tcccctattt acacacacct gaccgaagct gtaaggtttg 60
cctaattctt ttcaatctaa agtcaggata ttcacagccc atg tca tct cgc aga 115
Met Ser Ser Arg Arg

1 5
aaa ctc tcc tcc gca ctg atc gtg ctt ctc gca gca cta cct ctt 163

Lys Leu Ser Ser Ala Leu Ile Val Leu Leu Ala Ala Ala Leu Pro Leu

10 15 20
act gct tgt tcc tcc agc tca gaa gag gaa gca tcc acc agc tct gcg 211
Thr Ala Cys Ser Ser Ser Ser Glu Glu Glu Ala Ser Thr Ser Ser Ala

25 30 35
act cgc gaa ttc aca gac gct cac gga aca acc gaa gtt ccc gaa aat 259
Thr Arg Glu Phe Thr Asp Ala His Gly Thr Thr Glu Val Pro Glu Asn

40 45 50
cct cag cgc gtc gtt gtc ctc gag cca ctt gag cta gac acc gca atc 307
Pro Gln Arg Val Val Val Leu Glu Pro Leu Glu Leu Asp Thr Ala Ile

55 60 65
gcc ctc gga atc acc cca gtg ggt gca gct gtc gcc aac aac gtc act 355
Ala Leu Gly Ile Thr Pro Val Gly Ala Ala Val Ala Asn Asn Val Thr

70 75 80 85
ggt att cct gca tat ctc ggc gtc gat gga atc gag cct gtc ggc acc 403
Gly Ile Pro Ala Tyr Leu Gly Val Asp Gly Ile Glu Pro Val Gly Thr

90 95 100
gtt tct gag cca aat atc gaa gcg atc gct gct ctc gag ccc gac ctg 451
Val Ser Glu Pro Asn Ile Glu Ala Ile Ala Ala Leu Glu Pro Asp Leu

105 110 115
atc ctg ggc acc gat tcc cgc cac gcc gaa atc tac gac cgc ctc gaa 499
Ile Leu Gly Thr Asp Ser Arg His Ala Glu Ile Tyr Asp Arg Leu Glu

120 125 130
tcc atc gcc cca acc gtg ttc atg aca acc cat gtt gat ccg tgg aaa 547
Ser Ile Ala Pro Thr Val Phe Met Thr Thr His Val Asp Pro Trp Lys

135 140 145
gac aat gtc gtc ttc atc ggc gat gca ttg ggc aag aag cag gaa tcc 595
Asp Asn Val Val Phe Ile Gly Asp Ala Leu Gly Lys Lys Gln Glu Ser

150 155 160 165
gag gat ctc atc caa ggc ttt aat gac aag tgc gaa gag atc aag tcc 643
Glu Asp Leu Ile Gln Gly Phe Asn Asp Lys Cys Glu Glu Ile Lys Ser

170 175 180
gag cat gat gtc gaa ggt aag acc gtc aac atg att cgt ccc cgc gac 691
Glu His Asp Val Glu Gly Lys Thr Val Asn Met Ile Arg Pro Arg Asp

185 190 195
gag caa acc atg agc cta tac ggc ccg acc tca ttt gcc ggc agc tct 739
Glu Gln Thr Met Ser Leu Tyr Gly Pro Thr Ser Phe Ala Gly Ser Ser

200 205 210
ttg gag tgc gca gga ctc acc att cct gat cag gaa tgg aag gat gac 787
Leu Glu Cys Ala Gly Leu Thr Ile Pro Asp Gln Glu Trp Lys Asp Asp

215 220 225
ctc cag gcc gac atc gct cct gag aac ttc atg ctc gcc acc gcc gac 835

Leu Gln Ala Asp Ile Ala Pro Glu Asn Phe Met Leu Ala Thr Ala Asp

230 235 240 245
 tac gtc ttt gtc acc gca act gat gtc acc gat gaa aat gag ctc ccc 883
 Tyr Val Phe Val Thr Ala Thr Asp Val Thr Asp Glu Asn Glu Leu Pro

250 255 260
 gaa gta atc cga gaa aac cgc gaa cag ttc cca tca ctc acc ctt gtc 931
 Glu Val Ile Arg Glu Asn Arg Glu Gln Phe Pro Ser Leu Thr Leu Val

265 270 275
 gat acc agc tac tgg gta tct ggc gtc ggt cca ctt ggc ggc agc aaa 979
 Asp Thr Ser Tyr Trp Val Ser Gly Val Gly Pro Leu Gly Gly Ser Lys

280 285 290
 gtc ttg gaa gac atc gat gcc ttc ctc gac gca cag caa taatgtccac 1028
 Val Leu Glu Asp Ile Asp Ala Phe Leu Asp Ala Gln Gln

295 300 305
 agctctcccc gat 1041

<210> 572
 <211> 306
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 572
 Met Ser Ser Arg Arg Lys Leu Ser Ser Ala Leu Ile Val Leu Leu Ala
 1 5 10 15
 Ala Ala Leu Pro Leu Thr Ala Cys Ser Ser Ser Ser Glu Glu Glu Ala
 20 25 30
 Ser Thr Ser Ser Ala Thr Arg Glu Phe Thr Asp Ala His Gly Thr Thr
 35 40 45
 Glu Val Pro Glu Asn Pro Gln Arg Val Val Val Leu Glu Pro Leu Glu
 50 55 60
 Leu Asp Thr Ala Ile Ala Leu Gly Ile Thr Pro Val Gly Ala Ala Val
 65 70 75 80
 Ala Asn Asn Val Thr Gly Ile Pro Ala Tyr Leu Gly Val Asp Gly Ile
 85 90 95
 Glu Pro Val Gly Thr Val Ser Glu Pro Asn Ile Glu Ala Ile Ala Ala
 100 105 110
 Leu Glu Pro Asp Leu Ile Leu Gly Thr Asp Ser Arg His Ala Glu Ile
 115 120 125
 Tyr Asp Arg Leu Glu Ser Ile Ala Pro Thr Val Phe Met Thr Thr His
 130 135 140
 Val Asp Pro Trp Lys Asp Asn Val Val Phe Ile Gly Asp Ala Leu Gly

145 150 155 160
 Lys Lys Gln Glu Ser Glu Asp Leu Ile Gln Gly Phe Asn Asp Lys Cys
 165 170 175
 Glu Glu Ile Lys Ser Glu His Asp Val Glu Gly Lys Thr Val Asn Met
 180 185 190
 Ile Arg Pro Arg Asp Glu Gln Thr Met Ser Leu Tyr Gly Pro Thr Ser
 195 200 205
 Phe Ala Gly Ser Ser Leu Glu Cys Ala Gly Leu Thr Ile Pro Asp Gln
 210 215 220
 Glu Trp Lys Asp Asp Leu Gln Ala Asp Ile Ala Pro Glu Asn Phe Met
 225 230 235 240
 Leu Ala Thr Ala Asp Tyr Val Phe Val Thr Ala Thr Asp Val Thr Asp
 245 250 255
 Glu Asn Glu Leu Pro Glu Val Ile Arg Glu Asn Arg Glu Gln Phe Pro
 260 265 270
 Ser Leu Thr Leu Val Asp Thr Ser Tyr Trp Val Ser Gly Val Gly Pro
 275 280 285
 Leu Gly Gly Ser Lys Val Leu Glu Asp Ile Asp Ala Phe Leu Asp Ala
 290 295 300

 Gln Gln
 305

 <210> 573
 <211> 440
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(417)
 <223> RXN03183

 <400> 573
 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> 574

<211> 139

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 574

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> 575
<211> 1077
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1054)
<223> RXN01139

<400> 575
accaccgtgg caggcttttt cagtggcaag aagattaatt ctccaccct tcattttcaa 60
taagctttca ataaggggag aagtgtgctt agctggggtc atg gaa agc cac gat 115
Met Glu Ser His Asp

1 5
ctt cag cag cgc agt tat gcg cac aat ccc gat ggc cac gac cac agc 163
Leu Gln Gln Arg Ser Tyr Ala His Asn Pro Asp Gly His Asp His Ser

10 15 20
cat gac gga ctc gga cac tca cat gct ccc agc tcc ctc aag gct ctt 211
His Asp Gly Leu Gly His Ser His Ala Pro Ser Ser Leu Lys Ala Leu

25 30 35
ttt gcg gtc atc att ttc acc tcg atc atc ttc cta gcg gaa cta atc 259
Phe Ala Val Ile Ile Phe Thr Ser Ile Ile Phe Leu Ala Glu Leu Ile

40 45 50
gcc ggc ctt att tcc gga tct ttg gca ctg ctg gct gac gcc atg cac 307
Ala Gly Leu Ile Ser Gly Ser Leu Ala Leu Leu Ala Asp Ala Met His

55 60 65
atg ctg tcc gac tcc act ggc ttg atc att gcg gct gtc gcc atg ctc 355
Met Leu Ser Asp Ser Thr Gly Leu Ile Ile Ala Ala Val Ala Met Leu

70 75 80 85
att ggc cgt cgg gca cgc act tct cgt gcg acc tac gga tac aag cgt 403
Ile Gly Arg Arg Ala Arg Thr Ser Arg Ala Thr Tyr Gly Tyr Lys Arg

90 95 100
gcg gaa gtc ttg gca gcg atg gtt aac gcc acc gtt gtt aca gca ctg 451
Ala Glu Val Leu Ala Ala Met Val Asn Ala Thr Val Val Thr Ala Leu

105 110 115
tct gtg tgg atc gtc gtt gag gcc atc atg cgt ctg ggc aag gac ctg 499
Ser Val Trp Ile Val Val Glu Ala Ile Met Arg Leu Gly Lys Asp Leu

120 125 130
gaa atc cag acc aac ctg atg ctc atc gtc gcg gtc att ggt ttt gtc 547

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

135 140 145
acc aac gga att tcc gcc ctg gtg ttg atg cgc cac caa gat ggc aat 595
Thr Asn Gly Ile Ser Ala Leu Val Leu Met Arg His Gln Asp Gly Asn

150 155 160 165
atc aat atg cgt gga gca ttc ctt cac gtt ctc agt gac atg ctg ggt 643
Ile Asn Met Arg Gly Ala Phe Leu His Val Leu Ser Asp Met Leu Gly

170 175 180
tcc gtt gcc gtc att att gcg ggc ctg gtg att cgc tac acg gga tgg 691
Ser Val Ala Val Ile Ile Ala Gly Leu Val Ile Arg Tyr Thr Gly Trp

185 190 195
atg ccg gcc gat acc att gct tgc att gcg att gct gcg att att att 739
Met Pro Ala Asp Thr Ile Ala Ser Ile Ala Ile Ala Ala Ile Ile Ile

200 205 210
cct cgc gca ttc agc ctc ctg aag gaa gct ctc aat atc ttg ttg gag 787
Pro Arg Ala Phe Ser Leu Leu Lys Glu Ala Leu Asn Ile Leu Leu Glu

215 220 225
cgt gtt cct aca ggt gcg gag cct gca gag gtc gac gca gcc ctt cgt 835
Arg Val Pro Thr Gly Ala Glu Pro Ala Glu Val Asp Ala Ala Leu Arg

230 235 240 245
aaa gtc cca ggt gtc agc gat gtg cat gat ctt cac att tgg agc att 883
Lys Val Pro Gly Val Ser Asp Val His Asp Leu His Ile Trp Ser Ile

250 255 260
gac ggc aag gaa atc ctg gcc acg gtg cat ttg gtg gtg gat tgc tct 931
Asp Gly Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val His Leu Val Val Asp Ser Ser

265 270 275
aca aat cag ctg cat agt tgt ggc gtg ttg gat cgg gca gaa gcg gaa 979
Thr Asn Gln Leu His Ser Cys Gly Val Leu Asp Arg Ala Glu Ala Glu

280 285 290
cta tcc aaa ctt ggg atc ttg cac tca aca att cag ctg gaa agc gca 1027
Leu Ser Lys Leu Gly Ile Leu His Ser Thr Ile Gln Leu Glu Ser Ala

295 300 305
gat cac agt gat cat gaa agt gtg tgc tgatatagag tatgtcccat 1074
Asp His Ser Asp His Glu Ser Val Cys

310 315
ggg 1077

<210> 576
<211> 318
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 576

Met Glu Ser His Asp Leu Gln Gln Arg Ser Tyr Ala His Asn Pro Asp
1 5 10 15

Gly His Asp His Ser His Asp Gly Leu Gly His Ser His Ala Pro Ser
20 25 30

Ser Leu Lys Ala Leu Phe Ala Val Ile Ile Phe Thr Ser Ile Ile Phe
35 40 45

Leu Ala Glu Leu Ile Ala Gly Leu Ile Ser Gly Ser Leu Ala Leu Leu
50 55 60

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

Ala Val Ala Met Leu Ile Gly Arg Arg Ala Arg Thr Ser Arg Ala Thr
85 90 95

Tyr Gly Tyr Lys Arg Ala Glu Val Leu Ala Ala Met Val Asn Ala Thr
100 105 110

Val Val Thr Ala Leu Ser Val Trp Ile Val Val Glu Ala Ile Met Arg
115 120 125

Leu Gly Lys Asp Leu Glu Ile Gln Thr Asn Leu Met Leu Ile Val Ala
130 135 140

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

His Gln Asp Gly Asn Ile Asn Met Arg Gly Ala Phe Leu His Val Leu
165 170 175

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

Arg Tyr Thr Gly Trp Met Pro Ala Asp Thr Ile Ala Ser Ile Ala Ile
195 200 205

Ala Ala Ile Ile Ile Pro Arg Ala Phe Ser Leu Leu Lys Glu Ala Leu
210 215 220

Asn Ile Leu Leu Glu Arg Val Pro Thr Gly Ala Glu Pro Ala Glu Val
225 230 235 240

Asp Ala Ala Leu Arg Lys Val Pro Gly Val Ser Asp Val His Asp Leu
245 250 255

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

Val Val Asp Ser Ser Thr Asn Gln Leu His Ser Cys Gly Val Leu Asp
275 280 285

Arg Ala Glu Ala Glu Leu Ser Lys Leu Gly Ile Leu His Ser Thr Ile

290 295 300

Gln Leu Glu Ser Ala Asp His Ser Asp His Glu Ser Val Cys
305 310 315

<210> 577
<211> 2733
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(2710)
<223> RXN00378

<400> 577
accgtgagcc ttatactgtg aggacattaa aagtgcacacc tctttttcta tctttttacaa 60
cccaagaagg tttatcgtga gcacaccgga ttcttcctcg gtg gac aag gcc gta 115
Val Asp Lys Ala Val

1 5
aac act gct atc tct gac gcc aaa aca gcg gcg ctc aag gca ggt gtt 163
Asn Thr Ala Ile Ser Asp Ala Lys Thr Ala Ala Leu Lys Ala Gly Val

10 15 20
gga ttg aac cga gcc acc gcc tca gaa gaa gag gaa gat tta agc tca 211
Gly Leu Asn Arg Ala Thr Ala Ser Glu Glu Glu Glu Asp Leu Ser Ser

25 30 35
agc att aag gtt tct ttg gcc ttt gag ctc gag ggg tta agc aat gca 259
Ser Ile Lys Val Ser Leu Ala Phe Glu Leu Glu Gly Leu Ser Asn Ala

40 45 50
cca tcg ttg atg gtg gtg gaa aaa gcc cta gag aag atc ccc ggt gta 307
Pro Ser Leu Met Val Val Glu Lys Ala Leu Glu Lys Ile Pro Gly Val

55 60 65
tcc gcg gat ctg att tac cct tca caa act gca tgg att aca gca act 355
Ser Ala Asp Leu Ile Tyr Pro Ser Gln Thr Ala Trp Ile Thr Ala Thr

70 75 80 85
gat cgg gta cat ccc gaa acc ctc att gag gtg ttt gag cag ttc ggc 403
Asp Arg Val His Pro Glu Thr Leu Ile Glu Val Phe Glu Gln Phe Gly

90 95 100
atc aaa gca cac ctt tct aat tca tcg ctg ctg cgc agg cat caa cag 451
Ile Lys Ala His Leu Ser Asn Ser Ser Leu Leu Arg Arg His Gln Gln

105 110 115
ctc agc gcg gaa gta aat agg gaa gca cgc ctt gat cgt tac cgc tcc 499
Leu Ser Ala Glu Val Asn Arg Glu Ala Arg Leu Asp Arg Tyr Arg Ser

120 125 130
cga atg gat gcc aag cga atc tcg cct cgt gtg cga agg cat aac cga 547

Arg Met Asp Ala Lys Arg Ile Ser Pro Arg Val Arg Arg His Asn Arg

135 140 145
caa gaa atg gta cat gcg gta cgc gct cgt gaa agt ggt tgg att aaa 595
Gln Glu Met Val His Ala Val Arg Ala Arg Glu Ser Gly Trp Ile Lys

150 155 160 165
cgc agg aat cac acc acc tcg cag cat gaa gac cca atg tcg ggc gat 643
Arg Arg Asn His Thr Thr Ser Gln His Glu Asp Pro Met Ser Gly Asp

170 175 180
gtg ctg ttc acc gcc cgc gca ctg att aca cct aag cgt ttg tgg gtg 691
Val Leu Phe Thr Ala Arg Ala Leu Ile Thr Pro Lys Arg Leu Trp Val

185 190 195
tcg ttg ccg ttt gcg ctc atc gta ttg gcg tta tcg ttg aat cct tcg 739
Ser Leu Pro Phe Ala Leu Ile Val Leu Ala Leu Ser Leu Asn Pro Ser

200 205 210
tgg cag ttt gat tat tgg cag tgg ttg tcc gct gtg ttg gct att cct 787
Trp Gln Phe Asp Tyr Trp Gln Trp Leu Ser Ala Val Leu Ala Ile Pro

215 220 225
gtg gtg gtg tgg ggt gcc tgg ccg ttt cac cgc gct gca gca ggc ggt 835
Val Val Val Trp Gly Ala Trp Pro Phe His Arg Ala Ala Ala Gly Gly

230 235 240 245
att cgt cga gga att tcc gct ctt gat gcg acc agc tca atc gct att 883
Ile Arg Arg Gly Ile Ser Ala Leu Asp Ala Thr Ser Ser Ile Ala Ile

250 255 260
gct gct gca tac gcg tgg tct atc gcc atg ctg ttg ttt gaa acc cca 931
Ala Ala Ala Tyr Ala Trp Ser Ile Ala Met Leu Leu Phe Glu Thr Pro

265 270 275
gga ggt aaa tcc tgg cgg tca tat ccg tcc tgg ttc gct ttt gac cac 979
Gly Gly Lys Ser Trp Arg Ser Tyr Pro Ser Trp Phe Ala Phe Asp His

280 285 290
ggc acg ttg acc caa aac gag att tat ttt gat gtg gcc tgc gga atc 1027
Gly Thr Leu Thr Gln Asn Glu Ile Tyr Phe Asp Val Ala Cys Gly Ile

295 300 305
acc gtg ttg ctt ctt gcc gga cgg ctg ctg aca agg cgt cga agc caa 1075
Thr Val Leu Leu Leu Ala Gly Arg Leu Leu Thr Arg Arg Arg Ser Gln

310 315 320 325
tcc agt ttg tta gcg gaa ctt ggt cgc ctc caa atc gat cca cag cgc 1123
Ser Ser Leu Leu Ala Glu Leu Gly Arg Leu Gln Ile Asp Pro Gln Arg

330 335 340
att gtc act gtg gtg cgt aaa cac cga ttg aag cgc gta gtc cag gaa 1171
Ile Val Thr Val Val Arg Lys His Arg Leu Lys Arg Val Val Gln Glu

345 350 355
ctg aac att cca gtg cag gaa gtc cgt gtc aat gac gat gtg aaa gtt 1219

Leu Asn Ile Pro Val Gln Glu Val Arg Val Asn Asp Asp Val Lys Val

360 365 370
cca cct aat acc acg atc cct gtg gat ggc act gtc atc ggt ggc ggt 1267
Pro Pro Asn Thr Thr Ile Pro Val Asp Gly Thr Val Ile Gly Gly Gly

375 380 385
tcg cgg atc gca gct agc atc atc atg gga caa gac cag cgt gat gta 1315
Ser Arg Ile Ala Ala Ser Ile Ile Met Gly Gln Asp Gln Arg Asp Val

390 395 400 405
aaa gta aat gac aaa gtt ttc gcc ggc agc ctc aac ctc gaa tcc gaa 1363
Lys Val Asn Asp Lys Val Phe Ala Gly Ser Leu Asn Leu Glu Ser Glu

410 415 420
atc aag gtt cgt gtt att cgc act ggt cac cgc acc cgc atc gcc gcg 1411
Ile Lys Val Arg Val Ile Arg Thr Gly His Arg Thr Arg Ile Ala Ala

425 430 435
gta cat agg tgg gtt aaa gaa gcg acg ttg aag gaa aac cgc cac aat 1459
Val His Arg Trp Val Lys Glu Ala Thr Leu Lys Glu Asn Arg His Asn

440 445 450
agg gca gcg atc cgt tcg gcc ggt aac ctt gtg ccc atc acg ttc acc 1507
Arg Ala Ala Ile Arg Ser Ala Gly Asn Leu Val Pro Ile Thr Phe Thr

455 460 465
ctt gct gtg gtg gac ttc tgt ctg tgg gca ctg atc tct gga aac atc 1555
Leu Ala Val Val Asp Phe Cys Leu Trp Ala Leu Ile Ser Gly Asn Ile

470 475 480 485
aac gct gca ttt acc act acc ttg gct gtc ctt gcg tgc gtg gct ccg 1603
Asn Ala Ala Phe Thr Thr Thr Leu Ala Val Leu Ala Cys Val Ala Pro

490 495 500
gtg gcc tta gcg ttg tct gct cca ctt gcc acg agg aat tcc atc gaa 1651
Val Ala Leu Ala Leu Ser Ala Pro Leu Ala Thr Arg Asn Ser Ile Glu

505 510 515
gct gca gca cga cac ggt att ttg gtc cgc tct ggt gaa att ttc cga 1699
Ala Ala Ala Arg His Gly Ile Leu Val Arg Ser Gly Glu Ile Phe Arg

520 525 530
gtt ctc gat gat gtg gat act gcc gta ttt aat cgt gtg ggc aca cta 1747
Val Leu Asp Asp Val Asp Thr Ala Val Phe Asn Arg Val Gly Thr Leu

535 540 545
acc gat ggc gaa atg aca gtg gaa acc gtc aca gca gac aaa ggc gag 1795
Thr Asp Gly Glu Met Thr Val Glu Thr Val Thr Ala Asp Lys Gly Glu

550 555 560 565
gac cca gaa cta gtg ctg cgt gtc gcc ggg gcg ttg gcc atg gaa tcc 1843
Asp Pro Glu Leu Val Leu Arg Val Ala Gly Ala Leu Ala Met Glu Ser

570 575 580
cac cac gcg att tcc aaa gca ctg gtg aaa gca tcc cgt gaa gct cgt 1891

His His Ala Ile Ser Lys Ala Leu Val Lys Ala Ser Arg Glu Ala Arg

585 590 595
gat acc ggc gcc ggt ggt gaa gat gtc cca cac tgg att gaa gta ggc 1939
Asp Thr Gly Ala Gly Gly Glu Asp Val Pro His Trp Ile Glu Val Gly

600 605 610
aac gtg gaa atc acc gaa gcc ggc tca ttc caa gca acc atc gag ctg 1987
Asn Val Glu Ile Thr Glu Ala Gly Ser Phe Gln Ala Thr Ile Glu Leu

615 620 625
cca ctg atc aaa cca tct ggc gaa aaa atc atg cgc acc aca gaa gca 2035
Pro Leu Ile Lys Pro Ser Gly Glu Lys Ile Met Arg Thr Thr Glu Ala

630 635 640 645
ctc ctg tgg cga cca cga tcc atg aca gaa gtc cgt gag cac tta agc 2083
Leu Leu Trp Arg Pro Arg Ser Met Thr Glu Val Arg Glu His Leu Ser

650 655 660
ccc cga cta gtg gca gca gca acc tca ggt ggc gca cca ctg atc gtg 2131
Pro Arg Leu Val Ala Ala Ala Thr Ser Gly Gly Ala Pro Leu Ile Val

665 670 675
cga tgg aaa ggc aaa gac cgc gga gtt atc act cta agt gac cac gtg 2179
Arg Trp Lys Gly Lys Asp Arg Gly Val Ile Thr Leu Ser Asp His Val

680 685 690
aga tca gat tcc tcc gat gcg att att gcg att gaa gaa caa ggc atc 2227
Arg Ser Asp Ser Ser Asp Ala Ile Ile Ala Ile Glu Glu Gln Gly Ile

695 700 705
gag acc atg atg ctt tca cgt gat act tac ccg gtg gca cgt cga tac 2275
Glu Thr Met Met Leu Ser Arg Asp Thr Tyr Pro Val Ala Arg Arg Tyr

710 715 720 725
gca gac agc tta ggc atc acc cac gtc ttg gcc ggc atc gcg ccg ggc 2323
Ala Asp Ser Leu Gly Ile Thr His Val Leu Ala Gly Ile Ala Pro Gly

730 735 740
aag aaa gcc cag gtc gtc cgt gca gtc cac acc cgc gga tcc act gtc 2371
Lys Lys Ala Gln Val Val Arg Ala Val His Thr Arg Gly Ser Thr Val

745 750 755
gcg atg atc ggc gat gaa tca gta atg gac tgt ttg aaa gtc gct gac 2419
Ala Met Ile Gly Asp Glu Ser Val Met Asp Cys Leu Lys Val Ala Asp

760 765 770
gtg ggt gta ctg atg ggc gtc gat cgt ccc tca gat ctg cgt gat gat 2467
Val Gly Val Leu Met Gly Val Asp Arg Pro Ser Asp Leu Arg Asp Asp

775 780 785
tcc gat gac ccg gca gct gac gtt gtg gtc atg cgc gaa gag gtc atg 2515
Ser Asp Asp Pro Ala Ala Asp Val Val Val Met Arg Glu Glu Val Met

790 795 800 805

agc gtg cgc acg ctg ttt aaa ctg gct cga cgc tac gcc aag ttg gtc 2563
Ser Val Pro Thr Leu Phe Lys Leu Ala Arg Arg Tyr Ala Lys Leu Val

810 815 820
aat ggc aat att gct ctg gcc tgg atc tat aac ggt gtt gcc atg gtg 2611
Asn Gly Asn Ile Ala Leu Ala Trp Ile Tyr Asn Gly Val Ala Met Val

825 830 835
ctt gca gtg tct ggc ttg ctg cat cca atg gct gcg acc gtg gct atg 2659
Leu Ala Val Ser Gly Leu Leu His Pro Met Ala Ala Thr Val Ala Met

840 845 850
ctg gcg tct tcg ctg ctt att gaa tgg cgc tcg ggc agg gcg cgc aag 2707
Leu Ala Ser Ser Leu Leu Ile Glu Trp Arg Ser Gly Arg Ala Arg Lys

855 860 865
tac taaccagcaa ttcccaagcc caa 2733
Tyr

870

<210> 578

<211> 870

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 578

Val Asp Lys Ala Val Asn Thr Ala Ile Ser Asp Ala Lys Thr Ala Ala
1 5 10 15

Leu Lys Ala Gly Val Gly Leu Asn Arg Ala Thr Ala Ser Glu Glu Glu
20 25 30

Glu Asp Leu Ser Ser Ser Ile Lys Val Ser Leu Ala Phe Glu Leu Glu
35 40 45

Gly Leu Ser Asn Ala Pro Ser Leu Met Val Val Glu Lys Ala Leu Glu
50 55 60

Lys Ile Pro Gly Val Ser Ala Asp Leu Ile Tyr Pro Ser Gln Thr Ala
65 70 75 80

Trp Ile Thr Ala Thr Asp Arg Val His Pro Glu Thr Leu Ile Glu Val
85 90 95

Phe Glu Gln Phe Gly Ile Lys Ala His Leu Ser Asn Ser Ser Leu Leu
100 105 110

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

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

Arg Arg His Asn Arg Gln Glu Met Val His Ala Val Arg Ala Arg Glu

145	150	155	160
Ser Gly Trp Ile Lys Arg Arg Asn His Thr Thr Ser Gln His Glu Asp	165	170	175
Pro Met Ser Gly Asp Val Leu Phe Thr Ala Arg Ala Leu Ile Thr Pro	180	185	190
Lys Arg Leu Trp Val Ser Leu Pro Phe Ala Leu Ile Val Leu Ala Leu	195	200	205
Ser Leu Asn Pro Ser Trp Gln Phe Asp Tyr Trp Gln Trp Leu Ser Ala	210	215	220
Val Leu Ala Ile Pro Val Val Val Trp Gly Ala Trp Pro Phe His Arg	225	230	235
Ala Ala Ala Gly Gly Ile Arg Arg Gly Ile Ser Ala Leu Asp Ala Thr	245	250	255
Ser Ser Ile Ala Ile Ala Ala Ala Tyr Ala Trp Ser Ile Ala Met Leu	260	265	270
Leu Phe Glu Thr Pro Gly Gly Lys Ser Trp Arg Ser Tyr Pro Ser Trp	275	280	285
Phe Ala Phe Asp His Gly Thr Leu Thr Gln Asn Glu Ile Tyr Phe Asp	290	295	300
Val Ala Cys Gly Ile Thr Val Leu Leu Leu Ala Gly Arg Leu Leu Thr	305	310	315
Arg Arg Arg Ser Gln Ser Ser Leu Leu Ala Glu Leu Gly Arg Leu Gln	325	330	335
Ile Asp Pro Gln Arg Ile Val Thr Val Val Arg Lys His Arg Leu Lys	340	345	350
Arg Val Val Gln Glu Leu Asn Ile Pro Val Gln Glu Val Arg Val Asn	355	360	365
Asp Asp Val Lys Val Pro Pro Asn Thr Thr Ile Pro Val Asp Gly Thr	370	375	380
Val Ile Gly Gly Gly Ser Arg Ile Ala Ala Ser Ile Ile Met Gly Gln	385	390	395
Asp Gln Arg Asp Val Lys Val Asn Asp Lys Val Phe Ala Gly Ser Leu	405	410	415
Asn Leu Glu Ser Glu Ile Lys Val Arg Val Ile Arg Thr Gly His Arg	420	425	430
Thr Arg Ile Ala Ala Val His Arg Trp Val Lys Glu Ala Thr Leu Lys	435	440	445
Glu Asn Arg His Asn Arg Ala Ala Ile Arg Ser Ala Gly Asn Leu Val	450	455	460

Pro Ile Thr Phe Thr Leu Ala Val Val Asp Phe Cys Leu Trp Ala Leu
465 470 475 480

Ile Ser Gly Asn Ile Asn Ala Ala Phe Thr Thr Thr Leu Ala Val Leu
485 490 495

Ala Cys Val Ala Pro Val Ala Leu Ala Leu Ser Ala Pro Leu Ala Thr
500 505 510

Arg Asn Ser Ile Glu Ala Ala Ala Arg His Gly Ile Leu Val Arg Ser
515 520 525

Gly Glu Ile Phe Arg Val Leu Asp Asp Val Asp Thr Ala Val Phe Asn
530 535 540

Arg Val Gly Thr Leu Thr Asp Gly Glu Met Thr Val Glu Thr Val Thr
545 550 555 560

Ala Asp Lys Gly Glu Asp Pro Glu Leu Val Leu Arg Val Ala Gly Ala
565 570 575

Leu Ala Met Glu Ser His His Ala Ile Ser Lys Ala Leu Val Lys Ala
580 585 590

Ser Arg Glu Ala Arg Asp Thr Gly Ala Gly Gly Glu Asp Val Pro His
595 600 605

Trp Ile Glu Val Gly Asn Val Glu Ile Thr Glu Ala Gly Ser Phe Gln
610 615 620

Ala Thr Ile Glu Leu Pro Leu Ile Lys Pro Ser Gly Glu Lys Ile Met
625 630 635 640

Arg Thr Thr Glu Ala Leu Leu Trp Arg Pro Arg Ser Met Thr Glu Val
645 650 655

Arg Glu His Leu Ser Pro Arg Leu Val Ala Ala Ala Thr Ser Gly Gly
660 665 670

Ala Pro Leu Ile Val Arg Trp Lys Gly Lys Asp Arg Gly Val Ile Thr
675 680 685

Leu Ser Asp His Val Arg Ser Asp Ser Ser Asp Ala Ile Ile Ala Ile
690 695 700

Glu Glu Gln Gly Ile Glu Thr Met Met Leu Ser Arg Asp Thr Tyr Pro
705 710 715 720

Val Ala Arg Arg Tyr Ala Asp Ser Leu Gly Ile Thr His Val Leu Ala
725 730 735

Gly Ile Ala Pro Gly Lys Lys Ala Gln Val Val Arg Ala Val His Thr
740 745 750

Arg Gly Ser Thr Val Ala Met Ile Gly Asp Glu Ser Val Met Asp Cys
755 760 765

Leu Lys Val Ala Asp Val Gly Val Leu Met Gly Val Asp Arg Pro Ser

770 775 780

Asp Leu Arg Asp Asp Ser Asp Asp Pro Ala Ala Asp Val Val Val Met
785 790 795 800

Arg Glu Glu Val Met Ser Val Pro Thr Leu Phe Lys Leu Ala Arg Arg
805 810 815

Tyr Ala Lys Leu Val Asn Gly Asn Ile Ala Leu Ala Trp Ile Tyr Asn
820 825 830

Gly Val Ala Met Val Leu Ala Val Ser Gly Leu Leu His Pro Met Ala
835 840 845

Ala Thr Val Ala Met Leu Ala Ser Ser Leu Leu Ile Glu Trp Arg Ser
850 855 860

Gly Arg Ala Arg Lys Tyr
865 870

<210> 579
<211> 1925
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1902)
<223> RXN01338

<400> 579

aaa act tat acc cca aat ccc tgg atg tta ttc atc cgc tca ttt gat 48
Lys Thr Tyr Thr Pro Asn Pro Trp Met Leu Phe Ile Arg Ser Phe Asp

1 5 10 15
ggc atc atc act gtc gca gcc ctt gtt gcc atc gca ata cat ctc att 96
Gly Ile Ile Thr Val Ala Ala Leu Val Ala Ile Ala Ile His Leu Ile

20 25 30
tta tgg ctg gct cta gat cta gat ggc ctt gct aaa aac tgg cct tta 144
Leu Trp Leu Ala Leu Asp Leu Asp Gly Leu Ala Lys Asn Trp Pro Leu

35 40 45
ata gcc atc gtt atc gta ggt ggc att ccg ttg atg tgg gat gtg ctg 192
Ile Ala Ile Val Ile Val Gly Gly Ile Pro Leu Met Trp Asp Val Leu

50 55 60
aaa tca gcc att aaa act cgc ggt ggc gcg gat act tta gca gca gtc 240
Lys Ser Ala Ile Lys Thr Arg Gly Gly Ala Asp Thr Leu Ala Ala Val

65 70 75 80
tcc atc att act tct gtg ttg tta ggg gag tgg ttg gtt gcc gcg atc 288
Ser Ile Ile Thr Ser Val Leu Leu Gly Glu Trp Leu Val Ala Ala Ile

85 90 95

atc gtg ctc atg ctc tct ggt ggt gaa gcg cta gaa gag gca gca tca	336
Ile Val Leu Met Leu Ser Gly Gly Glu Ala Leu Glu Glu Ala Ala Ser	
100 105 110	
cgg cga gcc agt ggc acc ttg gac gca ctt gcc cgg cgc gca cca agt	384
Arg Arg Ala Ser Gly Thr Leu Asp Ala Leu Ala Arg Arg Ala Pro Ser	
115 120 125	
aca gct cac cgc ctg ttg ggt gca acc att ctt gat gga acc gaa gag	432
Thr Ala His Arg Leu Leu Gly Ala Thr Ile Leu Asp Gly Thr Glu Glu	
130 135 140	
atc gcc gtg gaa gag atc acg gtt ggt gat tta gtg gcg gtg ctc ccg	480
Ile Ala Val Glu Glu Ile Thr Val Gly Asp Leu Val Ala Val Leu Pro	
145 150 155 160	
cat gaa ctt tgt ccc gtg gat ggt gaa atc gtg gca ggc cac ggc acc	528
His Glu Leu Cys Pro Val Asp Gly Glu Ile Val Ala Gly His Gly Thr	
165 170 175	
atg gat gag tct tat ctc acg ggt gag ccc tat gtg gtg agt aaa tct	576
Met Asp Glu Ser Tyr Leu Thr Gly Glu Pro Tyr Val Val Ser Lys Ser	
180 185 190	
aaa ggt tcg caa gca atg tcg ggt gca gtc aat ggt gat act ccg ctg	624
Lys Gly Ser Gln Ala Met Ser Gly Ala Val Asn Gly Asp Thr Pro Leu	
195 200 205	
acg att gtt gcc aca aag ctt gcc cat gat tcc aga tac gcc caa att	672
Thr Ile Val Ala Thr Lys Leu Ala His Asp Ser Arg Tyr Ala Gln Ile	
210 215 220	
gtt ggt gta ctc cat gaa gca gaa aac aac cgc cca gaa atg cgc agg	720
Val Gly Val Leu His Glu Ala Glu Asn Asn Arg Pro Glu Met Arg Arg	
225 230 235 240	
atg gct gac cgt ctt ggc gcg tgg tat acg gtg att gca ctt gcc ctc	768
Met Ala Asp Arg Leu Gly Ala Trp Tyr Thr Val Ile Ala Leu Ala Leu	
245 250 255	
ggg ggt ctt ggc tgg att gtc tcc ggc gac cca gtg agg ttc ttg gct	816
Gly Gly Leu Gly Trp Ile Val Ser Gly Asp Pro Val Arg Phe Leu Ala	
260 265 270	
gtt gtc gtt gtc gcc acc cca tgt cca ttg ctc att gca gtg cca gtg	864
Val Val Val Val Ala Thr Pro Cys Pro Leu Leu Ile Ala Val Pro Val	
275 280 285	
gcg atc atc ggt gcg att tct ctt gcg gct cgt cgg ggc atc atc gtg	912
Ala Ile Ile Gly Ala Ile Ser Leu Ala Ala Arg Arg Gly Ile Ile Val	
290 295 300	
aag aac cct gga atg ctg gaa aac gct tca gga gta aag aca gtg atg	960
Lys Asn Pro Gly Met Leu Glu Asn Ala Ser Gly Val Lys Thr Val Met	

305	310	315	320	
ttc gat aag act gga acg ctc acc tat ggc agg cca gtg att act gat	1008			
Phe Asp Lys Thr Gly Thr Leu Thr Tyr Gly Arg Pro Val Ile Thr Asp				
	325	330	335	
atc cac act gct ccc gga gtt gag gaa gat aca gtc cta gct ttg gct	1056			
Ile His Thr Ala Pro Gly Val Glu Glu Asp Thr Val Leu Ala Leu Ala				
	340	345	350	
gct tca gta gag cgc tac tcc aga cac ccg ttg gct gac gcg att cgt	1104			
Ala Ser Val Glu Arg Tyr Ser Arg His Pro Leu Ala Asp Ala Ile Arg				
	355	360	365	
gag ggc gca aaa gcc agg gaa ctt cat ctg cct gat gta gtg gaa gta	1152			
Glu Gly Ala Lys Ala Arg Glu Leu His Leu Pro Asp Val Val Glu Val				
	370	375	380	
tcg gaa cgt cca gga cag gga cta acc ggc acg gtg ggc gag cac ctg	1200			
Ser Glu Arg Pro Gly Gln Gly Leu Thr Gly Thr Val Gly Glu His Leu				
	385	390	395	400
gtt cga ata acc aat agg cgc agc aca cta gaa att gat cca gac agc	1248			
Val Arg Ile Thr Asn Arg Arg Ser Thr Leu Glu Ile Asp Pro Asp Ser				
	405	410	415	
aag aac tac att ccg gtg aca agt tcc ggc atg gaa tct gtg gtg ctt	1296			
Lys Asn Tyr Ile Pro Val Thr Ser Ser Gly Met Glu Ser Val Val Leu				
	420	425	430	
gtt gat gat aaa tat gca gca ctc att cgc ctc cgg gat gaa cct cgt	1344			
Val Asp Asp Lys Tyr Ala Ala Leu Ile Arg Leu Arg Asp Glu Pro Arg				
	435	440	445	
gca tct gcc agt gag ttc atc gcg cac ttg ccc aag aag cac aaa gtg	1392			
Ala Ser Ala Ser Glu Phe Ile Ala His Leu Pro Lys Lys His Lys Val				
	450	455	460	
gac aag ctc atg att atc tct ggt gat cgc gca tct gag gtt cgt tac	1440			
Asp Lys Leu Met Ile Ile Ser Gly Asp Arg Ala Ser Glu Val Arg Tyr				
	465	470	475	480
ctt gcg gac aag gtt ggc att gat gag gta cac gca gag gcc tca ccg	1488			
Leu Ala Asp Lys Val Gly Ile Asp Glu Val His Ala Glu Ala Ser Pro				
	485	490	495	
gaa gac aag ctg aac att gtt aat cgg cat aat gag cac ggc gcc acc	1536			
Glu Asp Lys Leu Asn Ile Val Asn Arg His Asn Glu His Gly Ala Thr				
	500	505	510	
atg ttc tta ggt gat gga atc aac gat gcg cca gcc atg gcc gtt gcc	1584			
Met Phe Leu Gly Asp Gly Ile Asn Asp Ala Pro Ala Met Ala Val Ala				
	515	520	525	
acc gtt ggt gtc gcg atg gga gca gac tcc gat gtc acg tcc gaa gca	1632			
Thr Val Gly Val Ala Met Gly Ala Asp Ser Asp Val Thr Ser Glu Ala				

530 535 540
gca gat get gtg att ttg gat tct tcc ctg gaa cgt ctc gac gat ctg 1680
Ala Asp Ala Val Ile Leu Asp Ser Ser Leu Glu Arg Leu Asp Asp Leu

545 550 555 560
ctc cac atc agt gca cgg atg cgt cga ata gcg ttg caa tct gcg ggc 1728
Leu His Ile Ser Ala Arg Met Arg Arg Ile Ala Leu Gln Ser Ala Gly

565 570 575
ggt ggc atg gcg ttg agt gtc ata gga atg atc ctc gcg gta ttt gga 1776
Gly Gly Met Ala Leu Ser Val Ile Gly Met Ile Leu Ala Val Phe Gly

580 585 590
ttc ttg acg cca ctg atg ggt gcg atc ttc caa gag gtc att gac gtg 1824
Phe Leu Thr Pro Leu Met Gly Ala Ile Phe Gln Glu Val Ile Asp Val

595 600 605
ctg gct atc ctc aat tcc gct cgg gtc gca ctg cca cgc gga gcg att 1872
Leu Ala Ile Leu Asn Ser Ala Arg Val Ala Leu Pro Arg Gly Ala Ile

610 615 620
agt gat ttt gat acg caa gaa aaa gtt tct tagcagggtg acctaaatgt 1922
Ser Asp Phe Asp Thr Gln Glu Lys Val Ser

625 630
cgt 1925

<210> 580
<211> 634
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 580
Lys Thr Tyr Thr Pro Asn Pro Trp Met Leu Phe Ile Arg Ser Phe Asp
1 5 10 15

Gly Ile Ile Thr Val Ala Ala Leu Val Ala Ile Ala Ile His Leu Ile
20 25 30

Leu Trp Leu Ala Leu Asp Leu Asp Gly Leu Ala Lys Asn Trp Pro Leu
35 40 45

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

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

Ser Ile Ile Thr Ser Val Leu Leu Gly Glu Trp Leu Val Ala Ala Ile
85 90 95

Ile Val Leu Met Leu Ser Gly Gly Glu Ala Leu Glu Glu Ala Ala Ser
100 105 110

Arg Arg Ala Ser Gly Thr Leu Asp Ala Leu Ala Arg Arg Ala Pro Ser

115	120	125
Thr Ala His Arg Leu Leu Gly Ala Thr Ile Leu Asp Gly Thr Glu Glu		
130	135	140
Ile Ala Val Glu Glu Ile Thr Val Gly Asp Leu Val Ala Val Leu Pro		
145	150	155
His Glu Leu Cys Pro Val Asp Gly Glu Ile Val Ala Gly His Gly Thr		
	165	170
Met Asp Glu Ser Tyr Leu Thr Gly Glu Pro Tyr Val Val Ser Lys Ser		
	180	185
Lys Gly Ser Gln Ala Met Ser Gly Ala Val Asn Gly Asp Thr Pro Leu		
	195	200
Thr Ile Val Ala Thr Lys Leu Ala His Asp Ser Arg Tyr Ala Gln Ile		
	210	215
Val Gly Val Leu His Glu Ala Glu Asn Asn Arg Pro Glu Met Arg Arg		
	225	230
Met Ala Asp Arg Leu Gly Ala Trp Tyr Thr Val Ile Ala Leu Ala Leu		
	245	250
Gly Gly Leu Gly Trp Ile Val Ser Gly Asp Pro Val Arg Phe Leu Ala		
	260	265
Val Val Val Val Ala Thr Pro Cys Pro Leu Leu Ile Ala Val Pro Val		
	275	280
Ala Ile Ile Gly Ala Ile Ser Leu Ala Ala Arg Arg Gly Ile Ile Val		
	290	295
Lys Asn Pro Gly Met Leu Glu Asn Ala Ser Gly Val Lys Thr Val Met		
	305	310
Phe Asp Lys Thr Gly Thr Leu Thr Tyr Gly Arg Pro Val Ile Thr Asp		
	325	330
Ile His Thr Ala Pro Gly Val Glu Glu Asp Thr Val Leu Ala Leu Ala		
	340	345
Ala Ser Val Glu Arg Tyr Ser Arg His Pro Leu Ala Asp Ala Ile Arg		
	355	360
Glu Gly Ala Lys Ala Arg Glu Leu His Leu Pro Asp Val Val Glu Val		
	370	375
Ser Glu Arg Pro Gly Gln Gly Leu Thr Gly Thr Val Gly Glu His Leu		
	385	390
Val Arg Ile Thr Asn Arg Arg Ser Thr Leu Glu Ile Asp Pro Asp Ser		
	405	410
Lys Asn Tyr Ile Pro Val Thr Ser Ser Gly Met Glu Ser Val Val Leu		
	420	425
		430

Val Asp Asp Lys Tyr Ala Ala Leu Ile Arg Leu Arg Asp Glu Pro Arg
435 440 445

Ala Ser Ala Ser Glu Phe Ile Ala His Leu Pro Lys Lys His Lys Val
450 455 460

Asp Lys Leu Met Ile Ile Ser Gly Asp Arg Ala Ser Glu Val Arg Tyr
465 470 475 480

Leu Ala Asp Lys Val Gly Ile Asp Glu Val His Ala Glu Ala Ser Pro
485 490 495

Glu Asp Lys Leu Asn Ile Val Asn Arg His Asn Glu His Gly Ala Thr
500 505 510

Met Phe Leu Gly Asp Gly Ile Asn Asp Ala Pro Ala Met Ala Val Ala
515 520 525

Thr Val Gly Val Ala Met Gly Ala Asp Ser Asp Val Thr Ser Glu Ala
530 535 540

Ala Asp Ala Val Ile Leu Asp Ser Ser Leu Glu Arg Leu Asp Asp Leu
545 550 555 560

Leu His Ile Ser Ala Arg Met Arg Arg Ile Ala Leu Gln Ser Ala Gly
565 570 575

Gly Gly Met Ala Leu Ser Val Ile Gly Met Ile Leu Ala Val Phe Gly
580 585 590

Phe Leu Thr Pro Leu Met Gly Ala Ile Phe Gln Glu Val Ile Asp Val
595 600 605

Leu Ala Ile Leu Asn Ser Ala Arg Val Ala Leu Pro Arg Gly Ala Ile
610 615 620

Ser Asp Phe Asp Thr Gln Glu Lys Val Ser
625 630

<210> 581

<211> 1917

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1894)

<223> RXN00980

<400> 581

agagagaaag ggagaaatca tgaaacgtg gaagacctgg ggggtcgtcg gagcttcagg 60
cctcttgatt attttgcgt ggttgagttc atcgagcccg atg ctg gca gat gca 115
Met Leu Ala Asp Ala

1 5

ttc atg atc gcg gct gca att gtt gca ggt tgg ccg atc gcg cag tct 163

Phe Met Ile Ala Ala Ala Ile Val Ala Gly Trp Pro Ile Ala Gln Ser

10 15 20
gca tat caa gca ctt cgc att cga atg gtg tcg att gac tta ctg gtc 211
Ala Tyr Gln Ala Leu Arg Ile Arg Met Val Ser Ile Asp Leu Leu Val

25 30 35
gtt gtg gct gcc gtt ggt gcc atg ttc atc aac aac tat tgg gag tct 259
Val Val Ala Ala Val Gly Ala Met Phe Ile Asn Asn Tyr Trp Glu Ser

40 45 50
gcg gcg gtg acg ttc ctc ttt gcc ctt ggc aag gca ctg gaa cgc gcg 307
Ala Ala Val Thr Phe Leu Phe Ala Leu Gly Lys Ala Leu Glu Arg Ala

55 60 65
aca atg aac cgc aca cga aaa gca cta tcg gat ctg gtg gat gca gct 355
Thr Met Asn Arg Thr Arg Lys Ala Leu Ser Asp Leu Val Asp Ala Ala

70 75 80 85
cca gaa act gca aca agg ctc aac gcg gat gac tca aca gag gta gtt 403
Pro Glu Thr Ala Thr Arg Leu Asn Ala Asp Asp Ser Thr Glu Val Val

90 95 100
gag ctg tgg gag ctt gag ccc ggt gac atc gtc ttg gta cgc aat ggc 451
Glu Leu Trp Glu Leu Glu Pro Gly Asp Ile Val Leu Val Arg Asn Gly

105 110 115
gaa caa att ccc gtc gat gga aac gtg att gcg ggt gtc ggt gga att 499
Glu Gln Ile Pro Val Asp Gly Asn Val Ile Ala Gly Val Gly Gly Ile

120 125 130
gat gaa tcc aac atc acg ggt gaa tca atg ccg gct gaa aag ggt caa 547
Asp Glu Ser Asn Ile Thr Gly Glu Ser Met Pro Ala Glu Lys Gly Gln

135 140 145
ggc tct gat gtg tat gca gga acc tgg ctg cga tct ggt gtt ttg aga 595
Gly Ser Asp Val Tyr Ala Gly Thr Trp Leu Arg Ser Gly Val Leu Arg

150 155 160 165
gtc gag gca aca gga att ggt tca gac tca act ttg gca aaa atc att 643
Val Glu Ala Thr Gly Ile Gly Ser Asp Ser Thr Leu Ala Lys Ile Ile

170 175 180
cac cgc gtt gaa gac gcc cag gat gac aaa gcc cgc aca caa aca ttc 691
His Arg Val Glu Asp Ala Gln Asp Asp Lys Ala Arg Thr Gln Thr Phe

185 190 195
tta gag aaa ttc tct aag tgg tac acc ccg ggc gtc atg atc gcc gcc 739
Leu Glu Lys Phe Ser Lys Trp Tyr Thr Pro Gly Val Met Ile Ala Ala

200 205 210
gca gtg gtg gga ctt atc acc tgg gac gta gaa cta gca ctg acg ctc 787
Ala Val Val Gly Leu Ile Thr Trp Asp Val Glu Leu Ala Leu Thr Leu

215 220 225
tta gtg atc ggc tgc ccc ggc gcg ttg gtt atc tcc atc ccg gtg tcc 835

Leu Val Ile Gly Cys Pro Gly Ala Leu Val Ile Ser Ile Pro Val Ser

230 235 240 245
atc gtc gca ggc atc ggc cgt gct gca cgc gat ggc gtg ctg atc aag 883
Ile Val Ala Gly Ile Gly Arg Ala Ala Arg Asp Gly Val Leu Ile Lys

250 255 260
ggc gga gaa tac cta gaa acc gcc gcg aaa gtc gac gtc gtt gtc gtg 931
Gly Gly Glu Tyr Leu Glu Thr Ala Ala Lys Val Asp Val Val Val Val

265 270 275
gac aaa act gga acg ctg acc acc ggc cgc cca gaa ctc aca gac gta 979
Asp Lys Thr Gly Thr Leu Thr Thr Gly Arg Pro Glu Leu Thr Asp Val

280 285 290
gaa gtc atc gag ccc gcc tac agc cag ggc gag gtg ctg gag ctc gcc 1027
Glu Val Ile Glu Pro Ala Tyr Ser Gln Gly Glu Val Leu Glu Leu Ala

295 300 305
gcg cgc gcc gag acg gct tca gaa cat ccg ctt gcc gac gcc atc atc 1075
Ala Arg Ala Glu Thr Ala Ser Glu His Pro Leu Ala Asp Ala Ile Ile

310 315 320 325
cgt ggt gcc cag gat cgg ggg ctg tcc aca aca ttg gtg gaa gca gct 1123
Arg Gly Ala Gln Asp Arg Gly Leu Ser Thr Thr Leu Val Glu Ala Ala

330 335 340
gaa aac atc acc ggc cga ggc att atc gca aat gtt gat gga cag gca 1171
Glu Asn Ile Thr Gly Arg Gly Ile Ile Ala Asn Val Asp Gly Gln Ala

345 350 355
gtt gct gtt gga tct gct gag tta ctt gat cat gaa cca gac tcg acc 1219
Val Ala Val Gly Ser Ala Glu Leu Leu Asp His Glu Pro Asp Ser Thr

360 365 370
agg atc ctg gag cta aat gcc gaa gga aag acc gcg atg ttt gtc gga 1267
Arg Ile Leu Glu Leu Asn Ala Glu Gly Lys Thr Ala Met Phe Val Gly

375 380 385
gtg aac gga cac gcc att gga atc gtg gcc gtc gcc gac gcc gtt cgt 1315
Val Asn Gly His Ala Ile Gly Ile Val Ala Val Ala Asp Ala Val Arg

390 395 400 405
tca gat tct gcc tca gca atc gaa tcg ctg cat aag gcg ggc att caa 1363
Ser Asp Ser Ala Ser Ala Ile Glu Ser Leu His Lys Ala Gly Ile Gln

410 415 420
gtt gtc atg gcg act ggc gac gct cac cgc gtt gca caa aac gtg gcc 1411
Val Val Met Ala Thr Gly Asp Ala His Arg Val Ala Gln Asn Val Ala

425 430 435
tcc aag ctg gga gtg gat gaa gtc tac tca gag cta ctc cct gaa cag 1459
Ser Lys Leu Gly Val Asp Glu Val Tyr Ser Glu Leu Leu Pro Glu Gln

440 445 450
aaa tta gaa ctg gtg cgt gat ctg caa gct gcc ggc aaa acg gtc gcg 1507

Lys Leu Glu Leu Val Arg Asp Leu Gln Ala Ala Gly Lys Thr Val Ala

455 460 465
atg gtg ggt gac gga gtc aac gac acc cca gca ttg gca gct gct gat 1555
Met Val Gly Asp Gly Val Asn Asp Thr Pro Ala Leu Ala Ala Ala Asp

470 475 480 485
atc gga gta gcg atg ggc gtg gca ggt tcc cct gca gcc att gaa acc 1603
Ile Gly Val Ala Met Gly Val Ala Gly Ser Pro Ala Ala Ile Glu Thr

490 495 500
gct gat atc gca ctc atg gcg gat cgt ctc cca cgg ctg gca cat gca 1651
Ala Asp Ile Ala Leu Met Ala Asp Arg Leu Pro Arg Leu Ala His Ala

505 510 515
gtg acc ttg gca aaa cgc acc gta aga acc atg cgc atc aat att ctg 1699
Val Thr Leu Ala Lys Arg Thr Val Arg Thr Met Arg Ile Asn Ile Leu

520 525 530
att gcg ttg gct acc gtg atg gtg tta cta gct ggc gtc cta ttt ggc 1747
Ile Ala Leu Ala Thr Val Met Val Leu Leu Ala Gly Val Leu Phe Gly

535 540 545
gga gtt acc atg tcg gtt ggc atg ctc gtt cac gaa gca agc gtg ctg 1795
Gly Val Thr Met Ser Val Gly Met Leu Val His Glu Ala Ser Val Leu

550 555 560 565
ctt gtt atc agc atc gcc atg ctg ttg ctg cgt cca aca ctt aaa gaa 1843
Leu Val Ile Ser Ile Ala Met Leu Leu Leu Arg Pro Thr Leu Lys Glu

570 575 580
gat gct gcg caa gca agt gat att aaa cgc tcg gaa ata caa cag atc 1891
Asp Ala Ala Gln Ala Ser Asp Ile Lys Arg Ser Glu Ile Gln Gln Ile

585 590 595
gca taaccaatgg ctgggtactg atg 1917
Ala

<210> 582

<211> 598

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 582

Met Leu Ala Asp Ala Phe Met Ile Ala Ala Ala Ile Val Ala Gly Trp
1 5 10 15

Pro Ile Ala Gln Ser Ala Tyr Gln Ala Leu Arg Ile Arg Met Val Ser
20 25 30

Ile Asp Leu Leu Val Val Val Ala Ala Val Gly Ala Met Phe Ile Asn

35	40	45
Asn Tyr Trp Glu Ser Ala Ala Val Thr Phe Leu Phe Ala Leu Gly Lys		
50	55	60
Ala Leu Glu Arg Ala Thr Met Asn Arg Thr Arg Lys Ala Leu Ser Asp		
65	70	75
80		
Leu Val Asp Ala Ala Pro Glu Thr Ala Thr Arg Leu Asn Ala Asp Asp		
85	90	95
Ser Thr Glu Val Val Glu Leu Trp Glu Leu Glu Pro Gly Asp Ile Val		
100	105	110
Leu Val Arg Asn Gly Glu Gln Ile Pro Val Asp Gly Asn Val Ile Ala		
115	120	125
Gly Val Gly Gly Ile Asp Glu Ser Asn Ile Thr Gly Glu Ser Met Pro		
130	135	140
Ala Glu Lys Gly Gln Gly Ser Asp Val Tyr Ala Gly Thr Trp Leu Arg		
145	150	155
160		
Ser Gly Val Leu Arg Val Glu Ala Thr Gly Ile Gly Ser Asp Ser Thr		
165	170	175
Leu Ala Lys Ile Ile His Arg Val Glu Asp Ala Gln Asp Asp Lys Ala		
180	185	190
Arg Thr Gln Thr Phe Leu Glu Lys Phe Ser Lys Trp Tyr Thr Pro Gly		
195	200	205
Val Met Ile Ala Ala Ala Val Val Gly Leu Ile Thr Trp Asp Val Glu		
210	215	220
Leu Ala Leu Thr Leu Leu Val Ile Gly Cys Pro Gly Ala Leu Val Ile		
225	230	235
240		
Ser Ile Pro Val Ser Ile Val Ala Gly Ile Gly Arg Ala Ala Arg Asp		
245	250	255
Gly Val Leu Ile Lys Gly Gly Glu Tyr Leu Glu Thr Ala Ala Lys Val		
260	265	270
Asp Val Val Val Val Asp Lys Thr Gly Thr Leu Thr Thr Gly Arg Pro		
275	280	285
Glu Leu Thr Asp Val Glu Val Ile Glu Pro Ala Tyr Ser Gln Gly Glu		
290	295	300
Val Leu Glu Leu Ala Ala Arg Ala Glu Thr Ala Ser Glu His Pro Leu		
305	310	315
320		
Ala Asp Ala Ile Ile Arg Gly Ala Gln Asp Arg Gly Leu Ser Thr Thr		
325	330	335
Leu Val Glu Ala Ala Glu Asn Ile Thr Gly Arg Gly Ile Ile Ala Asn		
340	345	350

Val Asp Gly Gln Ala Val Ala Val Gly Ser Ala Glu Leu Leu Asp His
355 360 365

Glu Pro Asp Ser Thr Arg Ile Leu Glu Leu Asn Ala Glu Gly Lys Thr
370 375 380

Ala Met Phe Val Gly Val Asn Gly His Ala Ile Gly Ile Val Ala Val
385 390 395 400

Ala Asp Ala Val Arg Ser Asp Ser Ala Ser Ala Ile Glu Ser Leu His
405 410 415

Lys Ala Gly Ile Gln Val Val Met Ala Thr Gly Asp Ala His Arg Val
420 425 430

Ala Gln Asn Val Ala Ser Lys Leu Gly Val Asp Glu Val Tyr Ser Glu
435 440 445

Leu Leu Pro Glu Gln Lys Leu Glu Leu Val Arg Asp Leu Gln Ala Ala
450 455 460

Gly Lys Thr Val Ala Met Val Gly Asp Gly Val Asn Asp Thr Pro Ala
465 470 475 480

Leu Ala Ala Ala Asp Ile Gly Val Ala Met Gly Val Ala Gly Ser Pro
485 490 495

Ala Ala Ile Glu Thr Ala Asp Ile Ala Leu Met Ala Asp Arg Leu Pro
500 505 510

Arg Leu Ala His Ala Val Thr Leu Ala Lys Arg Thr Val Arg Thr Met
515 520 525

Arg Ile Asn Ile Leu Ile Ala Leu Ala Thr Val Met Val Leu Leu Ala
530 535 540

Gly Val Leu Phe Gly Gly Val Thr Met Ser Val Gly Met Leu Val His
545 550 555 560

Glu Ala Ser Val Leu Leu Val Ile Ser Ile Ala Met Leu Leu Leu Arg
565 570 575

Pro Thr Leu Lys Glu Asp Ala Ala Gln Ala Ser Asp Ile Lys Arg Ser
580 585 590

Glu Ile Gln Gln Ile Ala
595

<210> 583

<211> 1296

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1273)

<223> RXN00099

<400> 583

ctctgggtgaa gaggatgttg actcgggaga ttcttcact gattcactga ttaagtggta 60
ccgcgcaaat aggtagtcgc ttgcttatag ggtcaggggc gtg aag aat cct cgc 115
Val Lys Asn Pro Arg

1 5
ctc ata gca ctg gcc gct atc atc ctg acc tcg ttc aat ctg cga aca 163
Leu Ile Ala Leu Ala Ala Ile Ile Leu Thr Ser Phe Asn Leu Arg Thr

10 15 20
gct att act gct tta gct ccg ctg gtt tct gag att cgg gat gat tta 211
Ala Ile Thr Ala Leu Ala Pro Leu Val Ser Glu Ile Arg Asp Asp Leu

25 30 35
ggg gtt agt gct tct ctt att ggt gtg ttg ggc atg atc ccg act gct 259
Gly Val Ser Ala Ser Leu Ile Gly Val Leu Gly Met Ile Pro Thr Ala

40 45 50
atg ttc gcg gat gct gcg ttt gcg ctt ccg tcg ttg aag agg aag ttc 307
Met Phe Ala Asp Ala Ala Phe Ala Leu Pro Ser Leu Lys Arg Lys Phe

55 60 65
act act tcc caa ctg ttg atg ttt gcc atg ctg ttg act gct gcc ggt 355
Thr Thr Ser Gln Leu Leu Met Phe Ala Met Leu Leu Thr Ala Ala Gly

70 75 80 85
cag att att cgt gtc gct gga cct gct tcg ctg ttg atg gtc ggt act 403
Gln Ile Ile Arg Val Ala Gly Pro Ala Ser Leu Leu Met Val Gly Thr

90 95 100
gtg ttc gcg atg ttt gcg atc gga gtt acc aat gtg ttg ctt ccg att 451
Val Phe Ala Met Phe Ala Ile Gly Val Thr Asn Val Leu Leu Pro Ile

105 110 115
gct gtt agg gag tat ttt ccg cgt cac gtc ggt gga atg tcg aca act 499
Ala Val Arg Glu Tyr Phe Pro Arg His Val Gly Gly Met Ser Thr Thr

120 125 130
tat ctg gtg tcg ttc cag att gtt cag gca ctt gct ccg acg ctt gcc 547
Tyr Leu Val Ser Phe Gln Ile Val Gln Ala Leu Ala Pro Thr Leu Ala

135 140 145
gtg ccg att tct cag tgg gct aca cat gtg ggg ttg acc ggt tgg agg 595
Val Pro Ile Ser Gln Trp Ala Thr His Val Gly Leu Thr Gly Trp Arg

150 155 160 165
gtg tcg ctc ggt tcg tgg gcg ctg ctg ggg ttg gtt gcg gcg att tcg 643
Val Ser Leu Gly Ser Trp Ala Leu Leu Gly Leu Val Ala Ala Ile Ser

170 175 180
tgg att ccg ctg ttg agt ttg cag ggt gcc agg gtt gtt gcg gcg ccg 691
Trp Ile Pro Leu Leu Ser Leu Gln Gly Ala Arg Val Val Ala Ala Pro

185 190 195

tcg aag gtt tct ctt cct gtg tgg aag tct tcg gtt ggt gtg ggg ctc	739
Ser Lys Val Ser Leu Pro Val Trp Lys Ser Ser Val Gly Val Gly Leu	
200 205 210	
ggg ttg atg ttt ggg ttt act tgc ttt gcg acg tat atc ctc atg ggt	787
Gly Leu Met Phe Gly Phe Thr Ser Phe Ala Thr Tyr Ile Leu Met Gly	
215 220 225	
ttt atg ccg cag atg gta ggt gat cct cag ctc ggt gcg gtg ttg tta	835
Phe Met Pro Gln Met Val Gly Asp Pro Gln Leu Gly Ala Val Leu Leu	
230 235 240 245	
ggc tgg tgg tca att ttg gga ttg ccg ctg aac att ctg gga ccg tgg	883
Gly Trp Trp Ser Ile Leu Gly Leu Pro Leu Asn Ile Leu Gly Pro Trp	
250 255 260	
ttg gtg acg cgt ttc act aac tgc ttc ccg atg gtt gtt atc gcc agt	931
Leu Val Thr Arg Phe Thr Asn Cys Phe Pro Met Val Val Ile Ala Ser	
265 270 275	
gtc atg ttt ctc atc ggt aat ggt ggg ttt tgt ttg gct ccg gat gtt	979
Val Met Phe Leu Ile Gly Asn Gly Gly Phe Cys Leu Ala Pro Asp Val	
280 285 290	
gcg ccg tgg ttg tgg gcg acg ttg tct ggt ctt ggt ccc ctt gcg ttc	1027
Ala Pro Trp Leu Trp Ala Thr Leu Ser Gly Leu Gly Pro Leu Ala Phe	
295 300 305	
ccg atg gcg ttg acg ctc att aat att cgt gct gaa act agt gct ggt	1075
Pro Met Ala Leu Thr Leu Ile Asn Ile Arg Ala Glu Thr Ser Ala Gly	
310 315 320 325	
gct tct gcg ttg agt tcc ttc ggg cag ggt ttg ggt tat acg att gcg	1123
Ala Ser Ala Leu Ser Ser Phe Gly Gln Gly Leu Gly Tyr Thr Ile Ala	
330 335 340	
tgt ttc ggt ccc ttg ttg act ggt ttc att gtc gat gcg aca ggc agc	1171
Cys Phe Gly Pro Leu Leu Thr Gly Phe Ile Val Asp Ala Thr Gly Ser	
345 350 355	
ttc cga aca atc ttt gtg ctt ttt gcg gtt gca aca ctc ttc gtt att	1219
Phe Arg Thr Ile Phe Val Leu Phe Ala Val Ala Thr Leu Phe Val Ile	
360 365 370	
aga ggc ggt tac ttt gcg aca agg cag gtt tac gtc gaa aag ctt tta	1267
Arg Gly Gly Tyr Phe Ala Thr Arg Gln Val Tyr Val Glu Lys Leu Leu	
375 380 385	
aat cgc taggatggcg ctatgccgca aag	1296
Asn Arg	
390	
<210> 584	
<211> 391	

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 584

Val Lys Asn Pro Arg Leu Ile Ala Leu Ala Ala Ile Ile Leu Thr Ser
1 5 10 15

Phe Asn Leu Arg Thr Ala Ile Thr Ala Leu Ala Pro Leu Val Ser Glu
20 25 30

Ile Arg Asp Asp Leu Gly Val Ser Ala Ser Leu Ile Gly Val Leu Gly
35 40 45

Met Ile Pro Thr Ala Met Phe Ala Asp Ala Ala Phe Ala Leu Pro Ser
50 55 60

Leu Lys Arg Lys Phe Thr Thr Ser Gln Leu Leu Met Phe Ala Met Leu
65 70 75 80

Leu Thr Ala Ala Gly Gln Ile Ile Arg Val Ala Gly Pro Ala Ser Leu
85 90 95

Leu Met Val Gly Thr Val Phe Ala Met Phe Ala Ile Gly Val Thr Asn
100 105 110

Val Leu Leu Pro Ile Ala Val Arg Glu Tyr Phe Pro Arg His Val Gly
115 120 125

Gly Met Ser Thr Thr Tyr Leu Val Ser Phe Gln Ile Val Gln Ala Leu
130 135 140

Ala Pro Thr Leu Ala Val Pro Ile Ser Gln Trp Ala Thr His Val Gly
145 150 155 160

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

Val Ala Ala Ile Ser Trp Ile Pro Leu Leu Ser Leu Gln Gly Ala Arg
180 185 190

Val Val Ala Ala Pro Ser Lys Val Ser Leu Pro Val Trp Lys Ser Ser
195 200 205

Val Gly Val Gly Leu Gly Leu Met Phe Gly Phe Thr Ser Phe Ala Thr
210 215 220

Tyr Ile Leu Met Gly Phe Met Pro Gln Met Val Gly Asp Pro Gln Leu
225 230 235 240

Gly Ala Val Leu Leu Gly Trp Trp Ser Ile Leu Gly Leu Pro Leu Asn
245 250 255

Ile Leu Gly Pro Trp Leu Val Thr Arg Phe Thr Asn Cys Phe Pro Met
260 265 270

Val Val Ile Ala Ser Val Met Phe Leu Ile Gly Asn Gly Gly Phe Cys

275 280 285

Leu Ala Pro Asp Val Ala Pro Trp Leu Trp Ala Thr Leu Ser Gly Leu
290 295 300

Gly Pro Leu Ala Phe Pro Met Ala Leu Thr Leu Ile Asn Ile Arg Ala
305 310 315 320

Glu Thr Ser Ala Gly Ala Ser Ala Leu Ser Ser Phe Gly Gln Gly Leu
325 330 335

Gly Tyr Thr Ile Ala Cys Phe Gly Pro Leu Leu Thr Gly Phe Ile Val
340 345 350

Asp Ala Thr Gly Ser Phe Arg Thr Ile Phe Val Leu Phe Ala Val Ala
355 360 365

Thr Leu Phe Val Ile Arg Gly Gly Tyr Phe Ala Thr Arg Gln Val Tyr
370 375 380

Val Glu Lys Leu Leu Asn Arg
385 390

<210> 585
<211> 387
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(364)
<223> RXN02662

<400> 585
ccaaggtgtc accctcaccg ttgccatgc cttcatcatc gtcaatatcg ccgtggacct 60
gctctacgtc ctggtaacac cacgtattag gagcatctag atg cgc cgt aaa cta 115
Met Arg Arg Lys Leu

1 5
acc acc aca tta gaa aac aag ccc ggt gca cga ctt ggt ggc ttc cgc 163
Thr Thr Thr Leu Glu Asn Lys Pro Gly Ala Arg Leu Gly Gly Phe Arg

10 15 20
gca ctt gca cca act tca aaa atc gcg ctg gtt ttc ctt ctc ctg atc 211
Ala Leu Ala Pro Thr Ser Lys Ile Ala Leu Val Phe Leu Leu Leu Ile

25 30 35
ttc ctc ctc gcg atc ttt gcc cca ctg att gct aaa tac gat cca ctg 259
Phe Leu Leu Ala Ile Phe Ala Pro Leu Ile Ala Lys Tyr Asp Pro Leu

40 45 50
gcc tcc gga act cca gtc cag cct cca agc ggt gag cac tgg ttt ggt 307
Ala Ser Gly Thr Pro Val Gln Pro Pro Ser Gly Glu His Trp Phe Gly

55 60 65

acc gac gcc atc ggc cgc gat att ttc tcc cgc gta gcc acg gcg cca 355
Thr Asp Ala Ile Gly Arg Asp Ile Phe Ser Arg Val Ala Thr Ala Pro

70 75 80 85
gag cct ccc tgatcattgg tcttttcgct acg 387
Glu Pro Pro

<210> 586
<211> 88
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 586
Met Arg Arg Lys Leu Thr Thr Thr Leu Glu Asn Lys Pro Gly Ala Arg
1 5 10 15

Leu Gly Gly Phe Arg Ala Leu Ala Pro Thr Ser Lys Ile Ala Leu Val
20 25 30

Phe Leu Leu Leu Ile Phe Leu Leu Ala Ile Phe Ala Pro Leu Ile Ala
35 40 45

Lys Tyr Asp Pro Leu Ala Ser Gly Thr Pro Val Gln Pro Pro Ser Gly
50 55 60

Glu His Trp Phe Gly Thr Asp Ala Ile Gly Arg Asp Ile Phe Ser Arg
65 70 75 80

Val Ala Thr Ala Pro Glu Pro Pro
85

<210> 587
<211> 972
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(949)
<223> RXN02442

<400> 587
gccgtgatgt tgttgagcgc gatgtgattg ccgtatgtgc atgtgagatt ccggacgctg 60
agtcttgcca ttcttaatg ataacggta tcattttcaa atg aag ttt ttt act 115
Met Lys Phe Phe Thr

1 5
gac gcc ctc ata gtg cct ttt gac gtt tca ttc atc tcc cgc gcc ctg 163
Asp Ala Leu Ile Val Pro Phe Asp Val Ser Phe Ile Ser Arg Ala Leu

10 15 20

gtc gcc gga tgc ctg gcc gca att tta tgc tca ctc att gga acg tgg 211
Val Ala Gly Cys Leu Ala Ala Ile Leu Cys Ser Leu Ile Gly Thr Trp

25 30 35
gtt att ttg cgc agg cta acc ttt ttc ggc gac gct atg tcg cac ggc 259
Val Ile Leu Arg Arg Leu Thr Phe Phe Gly Asp Ala Met Ser His Gly

40 45 50
ttg ctc ccc gga gta gcc acg gca tca cta ttg ggc gga aat ctc atg 307
Leu Leu Pro Gly Val Ala Thr Ala Ser Leu Leu Gly Gly Asn Leu Met

55 60 65
ttc ggc gca gca atc agc gca tta atc atg tca gcc gga gtg gtg tgg 355
Phe Gly Ala Ala Ile Ser Ala Leu Ile Met Ser Ala Gly Val Val Trp

70 75 80 85
acc agc aga aaa tcc agc ctc tcc caa gac gtc agc att ggc ctg caa 403
Thr Ser Arg Lys Ser Ser Leu Ser Gln Asp Val Ser Ile Gly Leu Gln

90 95 100
ttt att acc atg ctt tcc ctc ggc gtg gtt att gtg tcc cac tcc gat 451
Phe Ile Thr Met Leu Ser Leu Gly Val Val Ile Val Ser His Ser Asp

105 110 115
tcc cac gcc gta gac ctc acc agt ttc ctt ttt gga gac att ctt ggc 499
Ser His Ala Val Asp Leu Thr Ser Phe Leu Phe Gly Asp Ile Leu Gly

120 125 130
gtg cga ccc tcg gat ata ttc atc atc gcc att gca aca gtg ttg ggt 547
Val Arg Pro Ser Asp Ile Phe Ile Ile Ala Ile Ala Thr Val Leu Gly

135 140 145
gga ttg act att ttt ctc ttc cac cga cag ttc act gca ctc gct ttc 595
Gly Leu Thr Ile Phe Leu Phe His Arg Gln Phe Thr Ala Leu Ala Phe

150 155 160 165
gac gag cgt aaa gct cac acc tta gga ctc aat ccc cgc ttt gca cac 643
Asp Glu Arg Lys Ala His Thr Leu Gly Leu Asn Pro Arg Phe Ala His

170 175 180
cta ctc atg ctg gca ctg atc gca tta gct acg gtg gtg tcg ttt cag 691
Leu Leu Met Leu Ala Leu Ile Ala Leu Ala Thr Val Val Ser Phe Gln

185 190 195
gtg gtg gga acg ctt tta gtg ttt gga ctt ctc att ggt ccg ccc gcc 739
Val Val Gly Thr Leu Leu Val Phe Gly Leu Leu Ile Gly Pro Pro Ala

200 205 210
acg gct gca ctt tta gtg caa gac aaa gca agt att tca ctg atc atg 787
Thr Ala Ala Leu Leu Val Gln Asp Lys Ala Ser Ile Ser Leu Ile Met

215 220 225
atc gtc gcg tcg ctt ctt gga tgc gcg gaa att tac ctc ggg ctt tta 835
Ile Val Ala Ser Leu Leu Gly Cys Ala Glu Ile Tyr Leu Gly Leu Leu

230 235 240 245
atc agc tgg cac gca agc act gcc gcg gga gcc act atc act ttg tta 883
Ile Ser Trp His Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ala Thr Ile Thr Leu Leu

250 255 260
agt gct gcg ata ttt ttt gcc acc tta ttg aca aag agt gcc att agt 931
Ser Ala Ala Ile Phe Phe Ala Thr Leu Leu Thr Lys Ser Ala Ile Ser

265 270 275
agg tta aac ttc acc gcg tgatactgaa agacattttc aat 972
Arg Leu Asn Phe Thr Ala

280

<210> 588

<211> 283

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 588

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

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

Leu Ile Gly Thr Trp Val Ile Leu Arg Arg Leu Thr Phe Phe Gly Asp
35 40 45

Ala Met Ser His Gly Leu Leu Pro Gly Val Ala Thr Ala Ser Leu Leu
50 55 60

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

Ala Gly Val Val Trp Thr Ser Arg Lys Ser Ser Leu Ser Gln Asp Val
85 90 95

Ser Ile Gly Leu Gln Phe Ile Thr Met Leu Ser Leu Gly Val Val Ile
100 105 110

Val Ser His Ser Asp Ser His Ala Val Asp Leu Thr Ser Phe Leu Phe
115 120 125

Gly Asp Ile Leu Gly Val Arg Pro Ser Asp Ile Phe Ile Ile Ala Ile
130 135 140

Ala Thr Val Leu Gly Gly Leu Thr Ile Phe Leu Phe His Arg Gln Phe
145 150 155 160

Thr Ala Leu Ala Phe Asp Glu Arg Lys Ala His Thr Leu Gly Leu Asn
165 170 175

Pro Arg Phe Ala His Leu Leu Met Leu Ala Leu Ile Ala Leu Ala Thr
180 185 190

Val Val Ser Phe Gln Val Val Gly Thr Leu Leu Val Phe Gly Leu Leu
195 200 205

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

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

Tyr Leu Gly Leu Leu Ile Ser Trp His Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ala
245 250 255

Thr Ile Thr Leu Leu Ser Ala Ala Ile Phe Phe Ala Thr Leu Leu Thr
260 265 270

Lys Ser Ala Ile Ser Arg Leu Asn Phe Thr Ala
275 280

<210> 589

<211> 1077

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1054)

<223> RXN02443

<400> 589

caagcactgc cgcgggagcc actatcactt tgtaaagtgc tgcgatattt ttgcccact 60
tattgacaaa gaggccatt agtaggttaa acttcaccgc gtg ata ctg aaa gac 115
Val Ile Leu Lys Asp

1 5
att ttc aat aat ggg gag ctc ttt ggg gct tcc tcc gcg aaa aat ttc 163
Ile Phe Asn Asn Gly Glu Leu Phe Gly Ala Ser Ser Ala Lys Asn Phe

10 15 20
cga aaa cta cta gct gtt cca gcc gtt gcc gcc tca cta gct ttt ggt 211
Arg Lys Leu Leu Ala Val Pro Ala Val Ala Ala Ser Leu Ala Phe Gly

25 30 35
atc acc gcc tgt tcc gct gta gat gac acc cct gac att gtg gtc acc 259
Ile Thr Ala Cys Ser Ala Val Asp Asp Thr Pro Asp Ile Val Val Thr

40 45 50
acc aac atc ctg ggt gat gtt gta agc cat atc gtg gga gat tcc gca 307
Thr Asn Ile Leu Gly Asp Val Val Ser His Ile Val Gly Asp Ser Ala

55 60 65
gat gtc caa gta ctc atg aaa ccc aac gca gat cca cat tcc ttc gga 355
Asp Val Gln Val Leu Met Lys Pro Asn Ala Asp Pro His Ser Phe Gly

70 75 80 85
gtc tca gca caa gac gcc gct gcc atg gaa cat gcc gat ctc atc gtg 403

Val Ser Ala Gln Asp Ala Ala Ala Met Glu His Ala Asp Leu Ile Val

90 95 100
gcc aat gga cta gga ctt gaa gag ggc ctt caa tcc aat gtg gac aat 451
Ala Asn Gly Leu Gly Leu Glu Glu Gly Leu Gln Ser Asn Val Asp Asn

105 110 115
gcc aaa agc caa ggg gtt ccc gtc ttg gaa gtc ggc gaa cac atc gat 499
Ala Lys Ser Gln Gly Val Pro Val Leu Glu Val Gly Glu His Ile Asp

120 125 130
gtc att gac tac tcc ccc ggc gtt cca gat cct cac ttt tgg aca gac 547
Val Ile Asp Tyr Ser Pro Gly Val Pro Asp Pro His Phe Trp Thr Asp

135 140 145
ccg gcg cgc atg atc gcc gcc acg gaa gtt ata gaa gct gaa ctg atc 595
Pro Ala Arg Met Ile Ala Ala Thr Glu Val Ile Glu Ala Glu Leu Ile

150 155 160 165
aaa gaa ctc gat cct tcc ctg act gaa tcg atc aca caa tca gcc cag 643
Lys Glu Leu Asp Pro Ser Leu Thr Glu Ser Ile Thr Gln Ser Ala Gln

170 175 180
cac tac cgt gag gaa ctt gtt gcc ctt gat gag gaa gtc acc gaa ttg 691
His Tyr Arg Glu Glu Leu Val Ala Leu Asp Glu Glu Val Thr Glu Leu

185 190 195
ctc agc ggc gtg gcc cca gaa aac cgc aag ctg gta acc aat cac aat 739
Leu Ser Gly Val Ala Pro Glu Asn Arg Lys Leu Val Thr Asn His Asn

200 205 210
gtt ttt gga tac ctg gcc agc cgg ttt aac tac acc gtc att gac acc 787
Val Phe Gly Tyr Leu Ala Ser Arg Phe Asn Tyr Thr Val Ile Asp Thr

215 220 225
atc atc cca ggt gga agc aca ttg gcg gcg cct tca gca tct gac ctc 835
Ile Ile Pro Gly Gly Ser Thr Leu Ala Ala Pro Ser Ala Ser Asp Leu

230 235 240 245
aat gac atc tcc acc gcc atc gaa gac aac aat gtt ccc gca atc ttc 883
Asn Asp Ile Ser Thr Ala Ile Glu Asp Asn Asn Val Pro Ala Ile Phe

250 255 260
acc gat acc tca agc cca caa cgg tta gct gaa gtg ttg gcc agc aac 931
Thr Asp Thr Ser Ser Pro Gln Arg Leu Ala Glu Val Leu Ala Ser Asn

265 270 275
gct ggc att gat gtt caa gtg gtg tcc att ttc acg gaa tca ctc acc 979
Ala Gly Ile Asp Val Gln Val Val Ser Ile Phe Thr Glu Ser Leu Thr

280 285 290
gat gca gat ggt gaa gca ccc acc tac atc agc atg caa aaa atc aat 1027
Asp Ala Asp Gly Glu Ala Pro Thr Tyr Ile Ser Met Gln Lys Ile Asn

295 300 305
gcc gag cgc att gca agc act ttg tcc taaacagtcc taaacagtct 1074

Ala Glu Arg Ile Ala Ser Thr Leu Ser

310
taa

1077

<210> 590
<211> 318
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 590
Val Ile Leu Lys Asp Ile Phe Asn Asn Gly Glu Leu Phe Gly Ala Ser
1 5 10 15

Ser Ala Lys Asn Phe Arg Lys Leu Leu Ala Val Pro Ala Val Ala Ala
20 25 30

Ser Leu Ala Phe Gly Ile Thr Ala Cys Ser Ala Val Asp Asp Thr Pro
35 40 45

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

Val Gly Asp Ser Ala Asp Val Gln Val Leu Met Lys Pro Asn Ala Asp
65 70 75 80

Pro His Ser Phe Gly Val Ser Ala Gln Asp Ala Ala Ala Met Glu His
85 90 95

Ala Asp Leu Ile Val Ala Asn Gly Leu Gly Leu Glu Glu Gly Leu Gln
100 105 110

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

Gly Glu His Ile Asp Val Ile Asp Tyr Ser Pro Gly Val Pro Asp Pro
130 135 140

His Phe Trp Thr Asp Pro Ala Arg Met Ile Ala Ala Thr Glu Val Ile
145 150 155 160

Glu Ala Glu Leu Ile Lys Glu Leu Asp Pro Ser Leu Thr Glu Ser Ile
165 170 175

Thr Gln Ser Ala Gln His Tyr Arg Glu Glu Leu Val Ala Leu Asp Glu
180 185 190

Glu Val Thr Glu Leu Leu Ser Gly Val Ala Pro Glu Asn Arg Lys Leu
195 200 205

Val Thr Asn His Asn Val Phe Gly Tyr Leu Ala Ser Arg Phe Asn Tyr
210 215 220

Thr Val Ile Asp Thr Ile Ile Pro Gly Gly Ser Thr Leu Ala Ala Pro
225 230 235 240

Ser Ala Ser Asp Leu Asn Asp Ile Ser Thr Ala Ile Glu Asp Asn Asn
245 250 255

Val Pro Ala Ile Phe Thr Asp Thr Ser Ser Pro Gln Arg Leu Ala Glu
260 265 270

Val Leu Ala Ser Asn Ala Gly Ile Asp Val Gln Val Val Ser Ile Phe
275 280 285

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

Met Gln Lys Ile Asn Ala Glu Arg Ile Ala Ser Thr Leu Ser
305 310 315

<210> 591

<211> 1323

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1300)

<223> RXN00842

<400> 591

ccttgtcgcg gaggtaacgc agggatatttc tggatgtgga acaacgcgga ttatggaaaa 60
tcgtgacttt cataacgttg agcctactaa ggtttgttcc atg att att caa atc 115
Met Ile Ile Gln Ile

1 5
cta aga gtg gca ttt gcc ttc gtc ggc atc att gtt ggc gcc ggt ttc 163
Leu Arg Val Ala Phe Ala Phe Val Gly Ile Ile Val Gly Ala Gly Phe

10 15 20
gca tca ggg caa gag gtc atg caa tat ttt gtg gcc ttc ggc ata gac 211
Ala Ser Gly Gln Glu Val Met Gln Tyr Phe Val Ala Phe Gly Ile Asp

25 30 35
gga att tgg gga gtc att gtt tct gca gtg atc atg tcg gtg atg gcg 259
Gly Ile Trp Gly Val Ile Val Ser Ala Val Ile Met Ser Val Met Ala

40 45 50
ttg atc att ttg cag ctc gga agc tat ttc aat gca ggt gaa cac ggt 307
Leu Ile Ile Leu Gln Leu Gly Ser Tyr Phe Asn Ala Gly Glu His Gly

55 60 65
gaa gtg ttc cgc cga gta agt cac ccc gtt ttc tcc aaa att ttg gac 355
Glu Val Phe Arg Arg Val Ser His Pro Val Phe Ser Lys Ile Leu Asp

70 75 80 85
atc ggc gtt gtg gtg acg ttg ttc tcc acc ggt ttc gtc atg ttt gca 403
Ile Gly Val Val Val Thr Leu Phe Ser Thr Gly Phe Val Met Phe Ala

90

95

100

ggc gcg gga tca aat ctg aat cag cag tgg ggg ctt ccg ctc tgg atc	451
Gly Ala Gly Ser Asn Leu Asn Gln Gln Trp Gly Leu Pro Leu Trp Ile	
105 110 115	
ggt tct gtg atc atg gtt ctt ctg gtg ctg gct gcg ggc atg ttg gac	499
Gly Ser Val Ile Met Val Leu Leu Val Leu Ala Ala Gly Met Leu Asp	
120 125 130	
gtg gat aaa gta acc aca gtc att ggt gca att act ccg ttc atc atc	547
Val Asp Lys Val Thr Thr Val Ile Gly Ala Ile Thr Pro Phe Ile Ile	
135 140 145	
att ttc atc act gcc gcc tcg atc tac acg ctg gta ggt aat ttc agc	595
Ile Phe Ile Thr Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Leu Val Gly Asn Phe Ser	
150 155 160 165	
tca gtg gag cag ctt gat tct gct gct tta gaa gtc ggc acg acg ttg	643
Ser Val Glu Gln Leu Asp Ser Ala Ala Leu Glu Val Gly Thr Thr Leu	
170 175 180	
cct cac tgg gct gtt gca gcg gtg aac tat gtg gga ttc aac ctg atg	691
Pro His Trp Ala Val Ala Ala Val Asn Tyr Val Gly Phe Asn Leu Met	
185 190 195	
gtt gcg gtg tcc atg gct gtg gtc att ggt gga tca atg ttt aac ccg	739
Val Ala Val Ser Met Ala Val Val Ile Gly Gly Ser Met Phe Asn Pro	
200 205 210	
cgg gtc gca ggt cgg ggc ggt ttg ctg ggc gga ttg atc ctg gga ttc	787
Arg Val Ala Gly Arg Gly Gly Leu Leu Gly Gly Leu Ile Leu Gly Phe	
215 220 225	
ttg atc atc atc agt gcg cta aca ctg ttc gcc acc gtg gaa gaa gtt	835
Leu Ile Ile Ile Ser Ala Leu Thr Leu Phe Ala Thr Val Glu Glu Val	
230 235 240 245	
ggc caa gat gat atg cct atg ctg acg atc atc aac aat ttg aac ccg	883
Gly Gln Asp Asp Met Pro Met Leu Thr Ile Ile Asn Asn Leu Asn Pro	
250 255 260	
ctg gct ggc caa gta atg gca gtg gtt atc tac gga atg atc ttc aac	931
Leu Ala Gly Gln Val Met Ala Val Val Ile Tyr Gly Met Ile Phe Asn	
265 270 275	
acg gca ctg ggt atg ttc tac gca ttg ggc cgt cgt ctc act gcg aaa	979
Thr Ala Leu Gly Met Phe Tyr Ala Leu Gly Arg Arg Leu Thr Ala Lys	
280 285 290	
aac cca cag cga ttc cgt ccg gtt tat gtg gtc aca gtg ctg att ggt	1027
Asn Pro Gln Arg Phe Arg Pro Val Tyr Val Val Thr Val Leu Ile Gly	
295 300 305	
ttt gtg ttg agc ttt gtg gga ttc aag aac ttg gtg ggc tat gtg tac	1075
Phe Val Leu Ser Phe Val Gly Phe Lys Asn Leu Val Gly Tyr Val Tyr	

310 315 320 325
cca gtc ttg gga tac att ggc ctg ctg ctg att gca gtg atg atg gtg 1123
Pro Val Leu Gly Tyr Ile Gly Leu Leu Leu Ile Ala Val Met Met Val

330 335 340
gcg tgg gtg agg gga cgc gta cgc atc tac aag gaa tcc gaa cgc cgc 1171
Ala Trp Val Arg Gly Arg Val Arg Ile Tyr Lys Glu Ser Glu Arg Arg

345 350 355
atg cgg atc gca gac ttg ttg cag atc ggc cat gac gga gcg ttg agt 1219
Met Arg Ile Ala Asp Leu Leu Gln Ile Gly His Asp Gly Ala Leu Ser

360 365 370
gga gca gag ctg gcg gtg ctc aac cag gaa atc caa gat tca aac ttg 1267
Gly Ala Glu Leu Ala Val Leu Asn Gln Glu Ile Gln Asp Ser Asn Leu

375 380 385
gat gag gaa caa att aaa gca gcg gtt agg aag tagttactct gcagggacga 1320
Asp Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Val Arg Lys

390 395 400
gct 1323

<210> 592
<211> 400
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 592
Met Ile Ile Gln Ile Leu Arg Val Ala Phe Ala Phe Val Gly Ile Ile
1 5 10 15

Val Gly Ala Gly Phe Ala Ser Gly Gln Glu Val Met Gln Tyr Phe Val
20 25 30

Ala Phe Gly Ile Asp Gly Ile Trp Gly Val Ile Val Ser Ala Val Ile
35 40 45

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

Ala Gly Glu His Gly Glu Val Phe Arg Arg Val Ser His Pro Val Phe
65 70 75 80

Ser Lys Ile Leu Asp Ile Gly Val Val Val Thr Leu Phe Ser Thr Gly
85 90 95

Phe Val Met Phe Ala Gly Ala Gly Ser Asn Leu Asn Gln Gln Trp Gly
100 105 110

Leu Pro Leu Trp Ile Gly Ser Val Ile Met Val Leu Leu Val Leu Ala
115 120 125

Ala Gly Met Leu Asp Val Asp Lys Val Thr Thr Val Ile Gly Ala Ile

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

<210> 593

<211> 1323

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1300)

<223> FRXA00842

<400> 593

ccttgctcgcg gaggtaagcg aggggtatttc tggatgtgga acaacgcgga ttatggaaaa 60
tcgtgacttt cataacgttg agcctactaa ggtttgttcc atg att att caa atc 115
Met Ile Ile Gln Ile

1 5
cta aga gtg gca ttt gcc ttc gtc ggc atc att gtt ggc gcc ggt ttc 163
Leu Arg Val Ala Phe Ala Phe Val Gly Ile Ile Val Gly Ala Gly Phe

10 15 20
gca tca ggg caa gag gtc atg caa tat ttt gtg gcc ttc ggc ata gac 211
Ala Ser Gly Gln Glu Val Met Gln Tyr Phe Val Ala Phe Gly Ile Asp

25 30 35
gga att tgg gga gtc att gtt tct gca gtg atc atg tcg gtg atg gcg 259
Gly Ile Trp Gly Val Ile Val Ser Ala Val Ile Met Ser Val Met Ala

40 45 50
ttg atc att ttg cag ctc gga agc tat ttc aat gca ggt gaa cac ggt 307
Leu Ile Ile Leu Gln Leu Gly Ser Tyr Phe Asn Ala Gly Glu His Gly

55 60 65
gaa gtg ttc cgc cga gta agt cac ccc gtt ttc tcc aaa att ttg gac 355
Glu Val Phe Arg Arg Val Ser His Pro Val Phe Ser Lys Ile Leu Asp

70 75 80 85
atc ggc gtt gtg gtg acg ttg ttc tcc acc ggt ttc gtc atg ttt gca 403
Ile Gly Val Val Val Thr Leu Phe Ser Thr Gly Phe Val Met Phe Ala

90 95 100
ggc gcg gga tca aat ctg aat cag cag tgg ggg ctt ccg ctc tgg atc 451
Gly Ala Gly Ser Asn Leu Asn Gln Gln Trp Gly Leu Pro Leu Trp Ile

105 110 115
ggg tct gtg atc atg gtt ctt ctg gtg ctg gct gcg ggc atg ttg gac 499
Gly Ser Val Ile Met Val Leu Leu Val Leu Ala Ala Gly Met Leu Asp

120 125 130
gtg gat aaa gta acc aca gtc att ggt gca att act ccg ttc atc atc 547
Val Asp Lys Val Thr Thr Val Ile Gly Ala Ile Thr Pro Phe Ile Ile

135 140 145
att ttc atc act gcc gcc tcg atc tac acg ctg gta ggt aat ttc agc 595
Ile Phe Ile Thr Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Leu Val Gly Asn Phe Ser

150 155 160 165
tca gtg gag cag ctt gat tct gct gct tta gaa gtc ggc acg acg ttg 643
Ser Val Glu Gln Leu Asp Ser Ala Ala Leu Glu Val Gly Thr Thr Leu

170 175 180
cct cac tgg gct gtt gca gcg gtg aac tat gtg gga ttc aac ctg atg 691

Pro His Trp Ala Val Ala Ala Val Asn Tyr Val Gly Phe Asn Leu Met

185 190 195
gtt gcg gtg tcc atg gct gtg gtc att ggt gga tca atg ttt aac ccg 739
Val Ala Val Ser Met Ala Val Val Ile Gly Gly Ser Met Phe Asn Pro

200 205 210
cgg gtc gca ggt cgg ggc ggt ttg ctg ggc gga ttg atc ctg gga ttc 787
Arg Val Ala Gly Arg Gly Gly Leu Leu Gly Gly Leu Ile Leu Gly Phe

215 220 225
ttg atc atc atc agt gcg cta aca ctg ttc gcc acc gtg gaa gaa gtt 835
Leu Ile Ile Ile Ser Ala Leu Thr Leu Phe Ala Thr Val Glu Glu Val

230 235 240 245
ggc caa gat gat atg cct atg ctg acg atc atc aac aat ttg aac ccg 883
Gly Gln Asp Asp Met Pro Met Leu Thr Ile Ile Asn Asn Leu Asn Pro

250 255 260
ctg gct ggc caa gta atg gca gtg gtt atc tac gga atg atc ttc aac 931
Leu Ala Gly Gln Val Met Ala Val Val Ile Tyr Gly Met Ile Phe Asn

265 270 275
acg gca ctg ggt atg ttc tac gca ttg ggc cgt cgt ctc act gcg aaa 979
Thr Ala Leu Gly Met Phe Tyr Ala Leu Gly Arg Arg Leu Thr Ala Lys

280 285 290
aac cca cag cga ttc cgt ccg gtt tat gtg gtc aca gtg ctg att ggt 1027
Asn Pro Gln Arg Phe Arg Pro Val Tyr Val Val Thr Val Leu Ile Gly

295 300 305
ttt gtg ttg agc ttt gtg gga ttc aag aac ttg gtg ggc tat gtg tac 1075
Phe Val Leu Ser Phe Val Gly Phe Lys Asn Leu Val Gly Tyr Val Tyr

310 315 320 325
cca gtc ttg gga tac att ggc ctg ctg ctg att gca gtg atg atg gtg 1123
Pro Val Leu Gly Tyr Ile Gly Leu Leu Leu Ile Ala Val Met Met Val

330 335 340
gcg tgg gtg agg gga cgc gta cgc atc tac aag gaa tcc gaa cgc cgc 1171
Ala Trp Val Arg Gly Arg Val Arg Ile Tyr Lys Glu Ser Glu Arg Arg

345 350 355
atg cgg atc gca gac ttg ttg cag atc ggc cat gac gga gcg ttg agt 1219
Met Arg Ile Ala Asp Leu Leu Gln Ile Gly His Asp Gly Ala Leu Ser

360 365 370
gga gca gag ctg gcg gtg ctc aac cag gaa atc caa gat tca aac ttg 1267
Gly Ala Glu Leu Ala Val Leu Asn Gln Glu Ile Gln Asp Ser Asn Leu

375 380 385
gat gag gaa caa att aaa gca gcg gtt agg aag tagttactct gcaggacga 1320
Asp Glu Glu Gln Ile Lys Ala Ala Val Arg Lys

390 395 400

gct

1323

<210> 594

<211> 400

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 594

Met Ile Ile Gln Ile Leu Arg Val Ala Phe Ala Phe Val Gly Ile Ile
1 5 10 15

Val Gly Ala Gly Phe Ala Ser Gly Gln Glu Val Met Gln Tyr Phe Val
20 25 30

Ala Phe Gly Ile Asp Gly Ile Trp Gly Val Ile Val Ser Ala Val Ile
35 40 45

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

Ala Gly Glu His Gly Glu Val Phe Arg Arg Val Ser His Pro Val Phe
65 70 75 80

Ser Lys Ile Leu Asp Ile Gly Val Val Val Thr Leu Phe Ser Thr Gly
85 90 95

Phe Val Met Phe Ala Gly Ala Gly Ser Asn Leu Asn Gln Gln Trp Gly
100 105 110

Leu Pro Leu Trp Ile Gly Ser Val Ile Met Val Leu Leu Val Leu Ala
115 120 125

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

Thr Pro Phe Ile Ile Ile Phe Ile Thr Ala Ala Ser Ile Tyr Thr Leu
145 150 155 160

Val Gly Asn Phe Ser Ser Val Glu Gln Leu Asp Ser Ala Ala Leu Glu
165 170 175

Val Gly Thr Thr Leu Pro His Trp Ala Val Ala Ala Val Asn Tyr Val
180 185 190

Gly Phe Asn Leu Met Val Ala Val Ser Met Ala Val Val Ile Gly Gly
195 200 205

Ser Met Phe Asn Pro Arg Val Ala Gly Arg Gly Gly Leu Leu Gly Gly
210 215 220

Leu Ile Leu Gly Phe Leu Ile Ile Ile Ser Ala Leu Thr Leu Phe Ala
225 230 235 240

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

Asn Asn Leu Asn Pro Leu Ala Gly Gln Val Met Ala Val Val Ile Tyr
260 265 270

Gly Met Ile Phe Asn Thr Ala Leu Gly Met Phe Tyr Ala Leu Gly Arg
275 280 285

Arg Leu Thr Ala Lys Asn Pro Gln Arg Phe Arg Pro Val Tyr Val Val
290 295 300

Thr Val Leu Ile Gly Phe Val Leu Ser Phe Val Gly Phe Lys Asn Leu
305 310 315 320

Val Gly Tyr Val Tyr Pro Val Leu Gly Tyr Ile Gly Leu Leu Leu Ile
325 330 335

Ala Val Met Met Val Ala Trp Val Arg Gly Arg Val Arg Ile Tyr Lys
340 345 350

Glu Ser Glu Arg Arg Met Arg Ile Ala Asp Leu Leu Gln Ile Gly His
355 360 365

Asp Gly Ala Leu Ser Gly Ala Glu Leu Ala Val Leu Asn Gln Glu Ile
370 375 380

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

<210> 595

<211> 1173

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1150)

<223> RXN00832

<400> 595

gagattgtgc taggttctga tgaggcttcg ggacgacccg aagaaatcta tgacagcctg 60
ggaacggccc agagttctta agaaagtttg actagagaac atg ccg ttt tct tgg 115
Met Pro Phe Ser Trp

1 5
cta aaa cca att gat tat gcc cgc atc ttt gtc ggc tgg gca tgc att 163
Leu Lys Pro Ile Asp Tyr Ala Arg Ile Phe Val Gly Trp Ala Ser Ile

10 15 20
ttt atc atc ccc ctc atc aca ctg cca tca att att gag ttg gcg ctg 211
Phe Ile Ile Pro Leu Ile Thr Leu Pro Ser Ile Ile Glu Leu Ala Leu

25 30 35
atc gtg gca gtc atc cta ttc tgc gca ttt ggc gtg gtg aag atg gcg 259
Ile Val Ala Val Ile Leu Phe Cys Ala Phe Gly Val Val Lys Met Ala

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

265	270	275	
gcc caa gta tca acg gtg ggg ctg aca atc cca gct gtt cta gtg atc	979		
Ala Gln Val Ser Thr Val Gly Leu Thr Ile Pro Ala Val Leu Val Ile			
280	285	290	
ggc gtg atc aca ggt caa gat gta gtt ttg ggg gag acc ccg atc aac	1027		
Gly Val Ile Thr Gly Gln Asp Val Val Leu Gly Glu Thr Pro Ile Asn			
295	300	305	
ttg ttg ctg ctg gga acc acc att gcg gtg aca gcc att gcg ttt agc	1075		
Leu Leu Leu Leu Gly Thr Thr Ile Ala Val Thr Ala Ile Ala Phe Ser			
310	315	320	325
tcc aag aaa gtc agt gct gtg cat ggc tcg gtg ctg ctc atg ctt ttc	1123		
Ser Lys Lys Val Ser Ala Val His Gly Ser Val Leu Leu Met Leu Phe			
330	335	340	
ggc gtt tac atg atg agc atg ttc gcc tgatttaggt agcctggtgg	1170		
Gly Val Tyr Met Met Ser Met Phe Ala			
345	350		
gaa	1173		

<210> 596
 <211> 350
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 596
 Met Pro Phe Ser Trp Leu Lys Pro Ile Asp Tyr Ala Arg Ile Phe Val
 1 5 10 15
 Gly Trp Ala Ser Ile Phe Ile Ile Pro Leu Ile Thr Leu Pro Ser Ile
 20 25 30
 Ile Glu Leu Ala Leu Ile Val Ala Val Ile Leu Phe Cys Ala Phe Gly
 35 40 45
 Val Val Lys Met Ala Glu Arg Leu Ala His Ile Leu Gly Asp Pro Phe
 50 55 60
 Gly Ser Leu Ile Leu Thr Leu Ser Ile Val Ile Ile Glu Val Ile Leu
 65 70 75 80
 Ile Cys Ala Val Met Leu Gly Pro Ala Asp Ser Thr Thr Ala Gly Arg
 85 90 95
 Asp Ser Val Met Ala Val Ser Met Ile Ile Met Gly Leu Val Val Gly
 100 105 110
 Leu Cys Leu Leu Ile Gly Gly Leu Arg His Gly Ser Met Pro His Asn
 115 120 125
 Gly Val Gly Thr Pro Thr Tyr Leu Val Leu Ile Ala Thr Phe Ser Val

130 135 140

Ile Ala Phe Ala Val Pro Ala Phe Arg Gly Glu Tyr Ser Thr Gly Gln
145 150 155 160

Ala Leu Val Ile Ser Thr Leu Thr Ala Val Val Tyr Gly Phe Phe Leu
165 170 175

Phe Arg Gln Met Gly Ala Gln Ala Gly Glu Phe Gln Glu Val Glu Val
180 185 190

Ala Glu Lys Ala Asp Asp Ala Ala Lys Trp Glu Val Pro Phe Arg Gly
195 200 205

Leu Ile Leu Ile Ile Thr Val Leu Pro Ile Val Leu Leu Ser His Asp
210 215 220

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

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

Ile Thr Ser Leu Lys Ala Ala Trp Thr Gly Glu Ile Gln Arg Val Ser
260 265 270

Asn Leu Ala His Gly Ala Gln Val Ser Thr Val Gly Leu Thr Ile Pro
275 280 285

Ala Val Leu Val Ile Gly Val Ile Thr Gly Gln Asp Val Val Leu Gly
290 295 300

Glu Thr Pro Ile Asn Leu Leu Leu Gly Thr Thr Ile Ala Val Thr
305 310 315 320

Ala Ile Ala Phe Ser Ser Lys Lys Val Ser Ala Val His Gly Ser Val
325 330 335

Leu Leu Met Leu Phe Gly Val Tyr Met Met Ser Met Phe Ala
340 345 350

<210> 597
<211> 1119
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1096)
<223> RXN00466

<400> 597
tttaaaagcg cactaagagc tcgtcaattc tttaaaacaa gctgagaatg tgaataatag 60
gataggttaa cctgattcga ttagaaaacg gagatttgtc gtg caa tcc cgc ctg 115
Val Gln Ser Arg Leu

	1	5	
tcc aaa atc ctg cgc agt agc gtc gta ggc gtt gct gtc cta gcc ctg			163
Ser Lys Ile Leu Arg Ser Ser Val Val Gly Val Ala Val Leu Ala Leu			
	10	15	20
tta gct ggg tgt tct aac aat gca gat gac acc gac gct gat tca aca			211
Leu Ala Gly Cys Ser Asn Asn Ala Asp Asp Thr Asp Ala Asp Ser Thr			
	25	30	35
tcc acg gga aac tcc gct ttt cct gtt tcg att gaa cac gag ttc gga			259
Ser Thr Gly Asn Ser Ala Phe Pro Val Ser Ile Glu His Glu Phe Gly			
	40	45	50
acc acc aca atc gat gat gta ccc gaa aga gtt gtc acc ctt ggc gtt			307
Thr Thr Thr Ile Asp Asp Val Pro Glu Arg Val Val Thr Leu Gly Val			
	55	60	65
acc gac gcc gat att gtc ctc gca ttg ggg acc gtc cca gta ggc aac			355
Thr Asp Ala Asp Ile Val Leu Ala Leu Gly Thr Val Pro Val Gly Asn			
	70	75	80
acc gga tac aaa ttc ttc gaa aac gga ttg gga ccg tgg act gat gag			403
Thr Gly Tyr Lys Phe Phe Glu Asn Gly Leu Gly Pro Trp Thr Asp Glu			
	90	95	100
tta gtg gaa ggc aaa gaa tta aca ctg ctt gac tct gat tcc aca cca			451
Leu Val Glu Gly Lys Glu Leu Thr Leu Leu Asp Ser Asp Ser Thr Pro			
	105	110	115
gat ctt gaa caa gta gca gcc ctg gag cca gac ctg att att gga gtc			499
Asp Leu Glu Gln Val Ala Ala Leu Glu Pro Asp Leu Ile Ile Gly Val			
	120	125	130
tct gcg ggg ttt gac gac gtt gta tac gag caa cta tct gat atc gca			547
Ser Ala Gly Phe Asp Asp Val Val Tyr Glu Gln Leu Ser Asp Ile Ala			
	135	140	145
ccg gtg gtc gcc cgt cca gcg gga aca gct gca tac gca gta gct cgc			595
Pro Val Val Ala Arg Pro Ala Gly Thr Ala Ala Tyr Ala Val Ala Arg			
	150	155	160
gag gaa gct acc aac ctt gtt gcc cgt gcg atg ggg caa tca gaa aaa			643
Glu Glu Ala Thr Asn Leu Val Ala Arg Ala Met Gly Gln Ser Glu Lys			
	170	175	180
gga caa gag ctc aat gag gaa aca gat gct ctg atc caa gct gcg cgt			691
Gly Gln Glu Leu Asn Glu Glu Thr Asp Ala Leu Ile Gln Ala Ala Arg			
	185	190	195
gat gaa aat cct tct ttt gac ggt aaa aca gga acc gtc atc ttg cca			739
Asp Glu Asn Pro Ser Phe Asp Gly Lys Thr Gly Thr Val Ile Leu Pro			
	200	205	210
tac cag ggt aaa tac ggt gcc tac ctg cca ggc gat gca cgg gga caa			787
Tyr Gln Gly Lys Tyr Gly Ala Tyr Leu Pro Gly Asp Ala Arg Gly Gln			

215 220 225
 ttc ctc gat tca ctt ggc att tcg ctg ccg gaa gca gtt ctt tcg cga 835
 Phe Leu Asp Ser Leu Gly Ile Ser Leu Pro Glu Ala Val Leu Ser Arg

 230 235 240 245
 gac acc ggc gac agc ttc ttt gtc gat gtc ccc gct gaa agc gtc aaa 883
 Asp Thr Gly Asp Ser Phe Phe Val Asp Val Pro Ala Glu Ser Val Lys

 250 255 260
 gac gta gac ggt gat gtt ctc ctc gtg ctt tcc aac gac gaa aat ctg 931
 Asp Val Asp Gly Asp Val Leu Leu Val Leu Ser Asn Asp Glu Asn Leu

 265 270 275
 gat atc aca gca gag aat cca ctg ttt gaa aca ctc aac gtt gtg caa 979
 Asp Ile Thr Ala Glu Asn Pro Leu Phe Glu Thr Leu Asn Val Val Gln

 280 285 290
 aaa gac gca gta att gtg gca aca acc gaa gaa cgc ggg gcg att acc 1027
 Lys Asp Ala Val Ile Val Ala Thr Thr Glu Glu Arg Gly Ala Ile Thr

 295 300 305
 tac aac tca gtg ctg tct gtt cct ttt gcg ttg gaa cat ctc gca cca 1075
 Tyr Asn Ser Val Leu Ser Val Pro Phe Ala Leu Glu His Leu Ala Pro

 310 315 320 325
 cgt att gct gag gct ttg aag taaaactcaa ctactcgagc aca 1119
 Arg Ile Ala Glu Ala Leu Lys

330

<210> 598
 <211> 332
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 598
 Val Gln Ser Arg Leu Ser Lys Ile Leu Arg Ser Ser Val Val Gly Val
 1 5 10 15

 Ala Val Leu Ala Leu Leu Ala Gly Cys Ser Asn Asn Ala Asp Asp Thr
 20 25 30

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

 Glu His Glu Phe Gly Thr Thr Thr Ile Asp Asp Val Pro Glu Arg Val
 50 55 60

 Val Thr Leu Gly Val Thr Asp Ala Asp Ile Val Leu Ala Leu Gly Thr
 65 70 75 80

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

 Pro Trp Thr Asp Glu Leu Val Glu Gly Lys Glu Leu Thr Leu Leu Asp

100 105 110
 Ser Asp Ser Thr Pro Asp Leu Glu Gln Val Ala Ala Leu Glu Pro Asp
 115 120 125
 Leu Ile Ile Gly Val Ser Ala Gly Phe Asp Asp Val Val Tyr Glu Gln
 130 135 140
 Leu Ser Asp Ile Ala Pro Val Val Ala Arg Pro Ala Gly Thr Ala Ala
 145 150 155 160
 Tyr Ala Val Ala Arg Glu Glu Ala Thr Asn Leu Val Ala Arg Ala Met
 165 170 175
 Gly Gln Ser Glu Lys Gly Gln Glu Leu Asn Glu Glu Thr Asp Ala Leu
 180 185 190
 Ile Gln Ala Ala Arg Asp Glu Asn Pro Ser Phe Asp Gly Lys Thr Gly
 195 200 205
 Thr Val Ile Leu Pro Tyr Gln Gly Lys Tyr Gly Ala Tyr Leu Pro Gly
 210 215 220
 Asp Ala Arg Gly Gln Phe Leu Asp Ser Leu Gly Ile Ser Leu Pro Glu
 225 230 235 240
 Ala Val Leu Ser Arg Asp Thr Gly Asp Ser Phe Phe Val Asp Val Pro
 245 250 255
 Ala Glu Ser Val Lys Asp Val Asp Gly Asp Val Leu Leu Val Leu Ser
 260 265 270
 Asn Asp Glu Asn Leu Asp Ile Thr Ala Glu Asn Pro Leu Phe Glu Thr
 275 280 285
 Leu Asn Val Val Gln Lys Asp Ala Val Ile Val Ala Thr Thr Glu Glu
 290 295 300
 Arg Gly Ala Ile Thr Tyr Asn Ser Val Leu Ser Val Pro Phe Ala Leu
 305 310 315 320
 Glu His Leu Ala Pro Arg Ile Ala Glu Ala Leu Lys
 325 330

<210> 599

<211> 1395

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1372)

<223> RXN01936

<400> 599

gcgcggtgac accacagccg ttgtcagcgg cgcttggtct gtggaggatc gccgaggtta 60

ctaacaata ggccaacaa agaggtctaa gctctacctg gtg agt ttc cga gat 115
Val Ser Phe Arg Asp

1 5
att ttc gct gac acc aga ccg ctg aaa gaa ccg gcc ttc aaa cgc ctc 163
Ile Phe Ala Asp Thr Arg Pro Leu Lys Glu Pro Ala Phe Lys Arg Leu

10 15 20
tgg ctt ggc aat gtt gcc acc gtc att ggt gcc caa tta act gtt gtt 211
Trp Leu Gly Asn Val Ala Thr Val Ile Gly Ala Gln Leu Thr Val Val

25 30 35
gcc gtt ccg gtg cag att tac caa atg act ggg tcc tcc ggc tat gtg 259
Ala Val Pro Val Gln Ile Tyr Gln Met Thr Gly Ser Ser Gly Tyr Val

40 45 50
ggc ttg acc ggg ctt ttt ggc ctt att cct ttg gtt att ttt ggc ctt 307
Gly Leu Thr Gly Leu Phe Gly Leu Ile Pro Leu Val Ile Phe Gly Leu

55 60 65
tat ggt gga tcc att gcg gat gct ttt gat aaa cgc atc gtg ctg atc 355
Tyr Gly Gly Ser Ile Ala Asp Ala Phe Asp Lys Arg Ile Val Leu Ile

70 75 80 85
tgc acc acg atc ggc atg tgt gtc acc act gcc ggt ttt tgg gtg ctg 403
Cys Thr Thr Ile Gly Met Cys Val Thr Thr Ala Gly Phe Trp Val Leu

90 95 100
acc att tta ggc aat gag aat att tgg ctc ctg tta ata aac ttt tct 451
Thr Ile Leu Gly Asn Glu Asn Ile Trp Leu Leu Leu Ile Asn Phe Ser

105 110 115
tta cag cag gca ttt ttc gcg gtg aat caa ccc acc cga acg gcg atc 499
Leu Gln Gln Ala Phe Phe Ala Val Asn Gln Pro Thr Arg Thr Ala Ile

120 125 130
ctt cga agt att ttg ccg att gat caa tta gcg tcg gca aca tca ctg 547
Leu Arg Ser Ile Leu Pro Ile Asp Gln Leu Ala Ser Ala Thr Ser Leu

135 140 145
aat atg ctg ctc atg cag acc ggc gca atc gtt ggc ccg ctg atc gca 595
Asn Met Leu Leu Met Gln Thr Gly Ala Ile Val Gly Pro Leu Ile Ala

150 155 160 165
ggt gcg ttg att ccg ctg atc ggt ttc ggg tgg ctg tat ttc ctt gat 643
Gly Ala Leu Ile Pro Leu Ile Gly Phe Gly Trp Leu Tyr Phe Leu Asp

170 175 180
gtt gtc tcc atc atc ccc aca ctg tgg gct gta tgg tca ctg cct tcg 691
Val Val Ser Ile Ile Pro Thr Leu Trp Ala Val Trp Ser Leu Pro Ser

185 190 195
atc aag cca tcc ggc aag gtg atg aag gct ggt ttc gcc agt gtg gtg 739
Ile Lys Pro Ser Gly Lys Val Met Lys Ala Gly Phe Ala Ser Val Val

200 205 210

gat ggc ctg aag tat ttg gct ggc caa ccc gtg ttg ttg atg gtg atg	787
Asp Gly Leu Lys Tyr Leu Ala Gly Gln Pro Val Leu Leu Met Val Met	
215 220 225	
gtg ctg gat ctt atc gcc atg att ttc ggc atg cca cgt gcg ctt tac	835
Val Leu Asp Leu Ile Ala Met Ile Phe Gly Met Pro Arg Ala Leu Tyr	
230 235 240 245	
ccc gag atc gca gaa gtg aac ttc ggt ggg ggt gac gcc ggt gca acg	883
Pro Glu Ile Ala Glu Val Asn Phe Gly Gly Gly Asp Ala Gly Ala Thr	
250 255 260	
atg ctg gcg ttc atg tac tca tcc atg gct gtt ggc gca gtt ctt ggc	931
Met Leu Ala Phe Met Tyr Ser Ser Met Ala Val Gly Ala Val Leu Gly	
265 270 275	
ggc gtg ctg tct ggt tgg gtg gcc cgg att agc cgc cag ggt gtt gca	979
Gly Val Leu Ser Gly Trp Val Ala Arg Ile Ser Arg Gln Gly Val Ala	
280 285 290	
gtt tat tgg tgc atc atc gcc tgg ggc gca gcc gtt gct ttg ggt ggt	1027
Val Tyr Trp Cys Ile Ile Ala Trp Gly Ala Ala Val Ala Leu Gly Gly	
295 300 305	
gtg gca att gtt gtc agc ccc ggc gcg gtg act gcg tgg gcg tgg atg	1075
Val Ala Ile Val Val Ser Pro Gly Ala Val Thr Ala Trp Ala Trp Met	
310 315 320 325	
ttc atc atc atg atg gtc att ggt ggc atg gct gac atg ttc agc tcg	1123
Phe Ile Ile Met Met Val Ile Gly Gly Met Ala Asp Met Phe Ser Ser	
330 335 340	
gca gtt cga aac gct att ttg cag cag tct gct gcg gaa cat gtg cag	1171
Ala Val Arg Asn Ala Ile Leu Gln Gln Ser Ala Ala Glu His Val Gln	
345 350 355	
ggc cga atc caa ggt gtg tgg atc atc gtc gtg gtg ggt gga cct cgt	1219
Gly Arg Ile Gln Gly Val Trp Ile Ile Val Val Val Gly Gly Pro Arg	
360 365 370	
tta gct gac gtc ctt cac ggt tgg gcc gct gag ccc ctc ggc gca ggt	1267
Leu Ala Asp Val Leu His Gly Trp Ala Ala Glu Pro Leu Gly Ala Gly	
375 380 385	
tgg acg gta tta tgg ggc gga gta gcg gtg gtt gta ctc act gca att	1315
Trp Thr Val Leu Trp Gly Gly Val Ala Val Val Val Leu Thr Ala Ile	
390 395 400 405	
tgt atg gtg gcg gtg cct aaa ttc tgg aaa tac gag aaa cca aaa att	1363
Cys Met Val Ala Val Pro Lys Phe Trp Lys Tyr Glu Lys Pro Lys Ile	
410 415 420	
acc ggc atc taaatactta tccatgccca ttt	1395
Thr Gly Ile	

<210> 600

<211> 424

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 600

Val Ser Phe Arg Asp Ile Phe Ala Asp Thr Arg Pro Leu Lys Glu Pro
1 5 10 15

Ala Phe Lys Arg Leu Trp Leu Gly Asn Val Ala Thr Val Ile Gly Ala
20 25 30

Gln Leu Thr Val Val Ala Val Pro Val Gln Ile Tyr Gln Met Thr Gly
35 40 45

Ser Ser Gly Tyr Val Gly Leu Thr Gly Leu Phe Gly Leu Ile Pro Leu
50 55 60

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

Arg Ile Val Leu Ile Cys Thr Thr Ile Gly Met Cys Val Thr Thr Ala
85 90 95

Gly Phe Trp Val Leu Thr Ile Leu Gly Asn Glu Asn Ile Trp Leu Leu
100 105 110

Leu Ile Asn Phe Ser Leu Gln Gln Ala Phe Phe Ala Val Asn Gln Pro
115 120 125

Thr Arg Thr Ala Ile Leu Arg Ser Ile Leu Pro Ile Asp Gln Leu Ala
130 135 140

Ser Ala Thr Ser Leu Asn Met Leu Leu Met Gln Thr Gly Ala Ile Val
145 150 155 160

Gly Pro Leu Ile Ala Gly Ala Leu Ile Pro Leu Ile Gly Phe Gly Trp
165 170 175

Leu Tyr Phe Leu Asp Val Val Ser Ile Ile Pro Thr Leu Trp Ala Val
180 185 190

Trp Ser Leu Pro Ser Ile Lys Pro Ser Gly Lys Val Met Lys Ala Gly
195 200 205

Phe Ala Ser Val Val Asp Gly Leu Lys Tyr Leu Ala Gly Gln Pro Val
210 215 220

Leu Leu Met Val Met Val Leu Asp Leu Ile Ala Met Ile Phe Gly Met
225 230 235 240

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

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

Gly Ala Val Leu Gly Gly Val Leu Ser Gly Trp Val Ala Arg Ile Ser
275 280 285

Arg Gln Gly Val Ala Val Tyr Trp Cys Ile Ile Ala Trp Gly Ala Ala
290 295 300

Val Ala Leu Gly Gly Val Ala Ile Val Val Ser Pro Gly Ala Val Thr
305 310 315 320

Ala Trp Ala Trp Met Phe Ile Ile Met Met Val Ile Gly Gly Met Ala
325 330 335

Asp Met Phe Ser Ser Ala Val Arg Asn Ala Ile Leu Gln Gln Ser Ala
340 345 350

Ala Glu His Val Gln Gly Arg Ile Gln Gly Val Trp Ile Ile Val Val
355 360 365

Val Gly Gly Pro Arg Leu Ala Asp Val Leu His Gly Trp Ala Ala Glu
370 375 380

Pro Leu Gly Ala Gly Trp Thr Val Leu Trp Gly Gly Val Ala Val Val
385 390 395 400

Val Leu Thr Ala Ile Cys Met Val Ala Val Pro Lys Phe Trp Lys Tyr
405 410 415

Glu Lys Pro Lys Ile Thr Gly Ile
420

<210> 601

<211> 1461

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1438)

<223> RXN01995

<400> 601

ccgacgcaaa ggcattgcgcc tgcgtgtctc gagtagtctc ctcccttcc tcgtcccaaa 60
cctcgaccat tacggtcgcc ctctcctaaa ggagcctggc atg gat atc cgc caa 115
Met Asp Ile Arg Gln

1 5
aca att aac gac aca gca atg tcg aga tat cag tgg ttc att gta ttt 163
Thr Ile Asn Asp Thr Ala Met Ser Arg Tyr Gln Trp Phe Ile Val Phe

10 15 20
atc gca gtg ctg ctc aac gca ctg gac ggc ttt gat gtc ctc gcc atg 211
Ile Ala Val Leu Leu Asn Ala Leu Asp Gly Phe Asp Val Leu Ala Met

25	30	35	
tct ttt act gcg aat gca gtg acc gaa gaa ttt gga ctg agt ggc agc	259		
Ser Phe Thr Ala Asn Ala Val Thr Glu Glu Phe Gly Leu Ser Gly Ser			
40	45	50	
cag ctt ggt gtg ctg ctg agt tcc gcg ctg ttc ggc atg acc gct gga	307		
Gln Leu Gly Val Leu Leu Ser Ser Ala Leu Phe Gly Met Thr Ala Gly			
55	60	65	
tct ttg ctg ttc ggt ccg atc ggt gac cgt ttc ggc cgt aag aat gcc	355		
Ser Leu Leu Phe Gly Pro Ile Gly Asp Arg Phe Gly Arg Lys Asn Ala			
70	75	80	85
ctg atg atc gcg ctg ctg ttc aac gtg gtg gga ttg gta ttg tcc gcc	403		
Leu Met Ile Ala Leu Leu Phe Asn Val Val Gly Leu Val Leu Ser Ala			
90	95	100	
acc gcg cag tcc gca ggc cag ttg ggc gtg tgg cgt ttg atc act ggt	451		
Thr Ala Gln Ser Ala Gly Gln Leu Gly Val Trp Arg Leu Ile Thr Gly			
105	110	115	
atc ggc atc ggc gga atc ctc gcc tgc atc aca gtg gtg atc agt gag	499		
Ile Gly Ile Gly Gly Ile Leu Ala Cys Ile Thr Val Val Ile Ser Glu			
120	125	130	
ttc tcc aac aac aaa aac cgc ggc atg gcc atg tcc atc tac gct gct	547		
Phe Ser Asn Asn Lys Asn Arg Gly Met Ala Met Ser Ile Tyr Ala Ala			
135	140	145	
ggt tac ggc atc ggc gcg tcc ttg ggc ggt ttc ggc gca gcg cag ctc	595		
Gly Tyr Gly Ile Gly Ala Ser Leu Gly Gly Phe Gly Ala Ala Gln Leu			
150	155	160	165
atc cca aca ttt gga tgg cgc tcc gtg ttc gca gcc ggt gcg atc gca	643		
Ile Pro Thr Phe Gly Trp Arg Ser Val Phe Ala Ala Gly Ala Ile Ala			
170	175	180	
act ggt atc gcc acc atc gct act ttc ttc ttc ctg cca gaa tcc gtt	691		
Thr Gly Ile Ala Thr Ile Ala Thr Phe Phe Phe Leu Pro Glu Ser Val			
185	190	195	
gat tgg ctg agc act cgc cgc cct gcg ggc gct cgc gac aag atc aat	739		
Asp Trp Leu Ser Thr Arg Arg Pro Ala Gly Ala Arg Asp Lys Ile Asn			
200	205	210	
tac att gcg cgc cgc ctg ggc aaa gtc ggt acc ttt gag ctt cca ggc	787		
Tyr Ile Ala Arg Arg Leu Gly Lys Val Gly Thr Phe Glu Leu Pro Gly			
215	220	225	
gaa caa agc ttg tcg acg aaa aaa gcc ggt ctc caa tcg tat gca gtg	835		
Glu Gln Ser Leu Ser Thr Lys Lys Ala Gly Leu Gln Ser Tyr Ala Val			
230	235	240	245
ctc gtt aac aaa gag aac cgt gga acc agc atc aag ctg tgg gtt gcg	883		
Leu Val Asn Lys Glu Asn Arg Gly Thr Ser Ile Lys Leu Trp Val Ala			

250	255	260	
ttc ggc atc gtg atg ttc ggc ttc tac ttc gcc aac act tgg acc ccg			931
Phe Gly Ile Val Met Phe Gly Phe Tyr Phe Ala Asn Thr Trp Thr Pro			
265	270	275	
aag ctg ctc gtg gaa acc gga atg tca gaa cag cag ggc atc atc ggt			979
Lys Leu Leu Val Glu Thr Gly Met Ser Glu Gln Gln Gly Ile Ile Gly			
280	285	290	
ggt ttg atg ttg tcc atg ggt gga gca ttc ggc tcc ctg ctc tac ggt			1027
Gly Leu Met Leu Ser Met Gly Gly Ala Phe Gly Ser Leu Leu Tyr Gly			
295	300	305	
ttc ctc acc acc aag ttc agc tcc cga aac aca ctg atg acc ttc atg			1075
Phe Leu Thr Thr Lys Phe Ser Ser Arg Asn Thr Leu Met Thr Phe Met			
310	315	320	325
gtg ctg tcc ggc ctg acg ctg atc ctg ttc att tcc tcc acc tct gtt			1123
Val Leu Ser Gly Leu Thr Leu Ile Leu Phe Ile Ser Ser Thr Ser Val			
330	335	340	
cca tcc atc gcg ttt gcc agc ggc gtt gtc gtg ggc atg ctg atc aat			1171
Pro Ser Ile Ala Phe Ala Ser Gly Val Val Val Gly Met Leu Ile Asn			
345	350	355	
ggt tgt gtg gct ggt ctg tac acc ctg tcc cca cag ctg tac tcc gct			1219
Gly Cys Val Ala Gly Leu Tyr Thr Leu Ser Pro Gln Leu Tyr Ser Ala			
360	365	370	
gaa gta cgc acc act ggt gtg ggc gct gcg att ggt atg ggt cgt gtc			1267
Glu Val Arg Thr Thr Gly Val Gly Ala Ala Ile Gly Met Gly Arg Val			
375	380	385	
ggt gcg att tcc gcg cca ctg ctg gtg ggt ggc ctg ctg gat tct ggc			1315
Gly Ala Ile Ser Ala Pro Leu Leu Val Gly Gly Leu Leu Asp Ser Gly			
390	395	400	405
tgg tcc cca acg cag ctg tat gtt ggt gtg gca gtg att gtt att gcc			1363
Trp Ser Pro Thr Gln Leu Tyr Val Gly Val Ala Val Ile Val Ile Ala			
410	415	420	
ggt gca acc gca ttg att ggg atg cgc act cag gcg gta gcc gtc gaa			1411
Gly Ala Thr Ala Leu Ile Gly Met Arg Thr Gln Ala Val Ala Val Glu			
425	430	435	
aag cag cct gaa gcc cta gcg acc aaa tagggccgcg attcctagca			1458
Lys Gln Pro Glu Ala Leu Ala Thr Lys			
440	445		
tgc			1461

<210> 602

<211> 446

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 602

```

Met Asp Ile Arg Gln Thr Ile Asn Asp Thr Ala Met Ser Arg Tyr Gln
 1             5             10             15

Trp Phe Ile Val Phe Ile Ala Val Leu Leu Asn Ala Leu Asp Gly Phe
          20             25             30

Asp Val Leu Ala Met Ser Phe Thr Ala Asn Ala Val Thr Glu Glu Phe
          35             40             45

Gly Leu Ser Gly Ser Gln Leu Gly Val Leu Leu Ser Ser Ala Leu Phe
          50             55             60

Gly Met Thr Ala Gly Ser Leu Leu Phe Gly Pro Ile Gly Asp Arg Phe
 65             70             75             80

Gly Arg Lys Asn Ala Leu Met Ile Ala Leu Leu Phe Asn Val Val Gly
          85             90             95

Leu Val Leu Ser Ala Thr Ala Gln Ser Ala Gly Gln Leu Gly Val Trp
          100            105            110

Arg Leu Ile Thr Gly Ile Gly Ile Gly Gly Ile Leu Ala Cys Ile Thr
          115            120            125

Val Val Ile Ser Glu Phe Ser Asn Asn Lys Asn Arg Gly Met Ala Met
          130            135            140

Ser Ile Tyr Ala Ala Gly Tyr Gly Ile Gly Ala Ser Leu Gly Gly Phe
          145            150            155            160

Gly Ala Ala Gln Leu Ile Pro Thr Phe Gly Trp Arg Ser Val Phe Ala
          165            170            175

Ala Gly Ala Ile Ala Thr Gly Ile Ala Thr Ile Ala Thr Phe Phe Phe
          180            185            190

Leu Pro Glu Ser Val Asp Trp Leu Ser Thr Arg Arg Pro Ala Gly Ala
          195            200            205

Arg Asp Lys Ile Asn Tyr Ile Ala Arg Arg Leu Gly Lys Val Gly Thr
          210            215            220

Phe Glu Leu Pro Gly Glu Gln Ser Leu Ser Thr Lys Lys Ala Gly Leu
          225            230            235            240

Gln Ser Tyr Ala Val Leu Val Asn Lys Glu Asn Arg Gly Thr Ser Ile
          245            250            255

Lys Leu Trp Val Ala Phe Gly Ile Val Met Phe Gly Phe Tyr Phe Ala
          260            265            270

Asn Thr Trp Thr Pro Lys Leu Leu Val Glu Thr Gly Met Ser Glu Gln
          275            280            285

```

Gln Gly Ile Ile Gly Gly Leu Met Leu Ser Met Gly Gly Ala Phe Gly
 290 295 300

Ser Leu Leu Tyr Gly Phe Leu Thr Thr Lys Phe Ser Ser Arg Asn Thr
 305 310 315 320

Leu Met Thr Phe Met Val Leu Ser Gly Leu Thr Leu Ile Leu Phe Ile
 325 330 335

Ser Ser Thr Ser Val Pro Ser Ile Ala Phe Ala Ser Gly Val Val Val
 340 345 350

Gly Met Leu Ile Asn Gly Cys Val Ala Gly Leu Tyr Thr Leu Ser Pro
 355 360 365

Gln Leu Tyr Ser Ala Glu Val Arg Thr Thr Gly Val Gly Ala Ala Ile
 370 375 380

Gly Met Gly Arg Val Gly Ala Ile Ser Ala Pro Leu Leu Val Gly Gly
 385 390 395 400

Leu Leu Asp Ser Gly Trp Ser Pro Thr Gln Leu Tyr Val Gly Val Ala
 405 410 415

Val Ile Val Ile Ala Gly Ala Thr Ala Leu Ile Gly Met Arg Thr Gln
 420 425 430

Ala Val Ala Val Glu Lys Gln Pro Glu Ala Leu Ala Thr Lys
 435 440 445

<210> 603
 <211> 813
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(790)
 <223> RXN00661

<400> 603
 cggatgcaag agaaccgtgg ttctcgtgat ttttggcga cccggaatta aggccccgag 60
 gattacatgc ttttaaattcc ttgaaaagg ggacaagatc atg aat cct ata acc 115
 Met Asn Pro Ile Thr

1 5
 gaa tta tta gac gca aca cta tgg atc ggc gga gtt ccg att ctg tgg 163
 Glu Leu Leu Asp Ala Thr Leu Trp Ile Gly Gly Val Pro Ile Leu Trp

10 15 20
 cgc gaa atc atc ggc aac gtt ttc gga tta ttt agc gcg tgg gca gga 211
 Arg Glu Ile Ile Gly Asn Val Phe Gly Leu Phe Ser Ala Trp Ala Gly

25 30 35
 atg cga cgc atc gtg tgg gca tgg ccc atc ggc atc ata ggc aac gcg 259

Met Arg Arg Ile Val Trp Ala Trp Pro Ile Gly Ile Ile Gly Asn Ala

40 45 50
ctg ctg ttc aca gta ttt atg ggc ggc ctt ttc cac act cca caa aac 307
Leu Leu Phe Thr Val Phe Met Gly Gly Leu Phe His Thr Pro Gln Asn

55 60 65
ctc gat ctc tac ggc caa gcg ggt cgc cag atc atg ttc atc atc gtc 355
Leu Asp Leu Tyr Gly Gln Ala Gly Arg Gln Ile Met Phe Ile Ile Val

70 75 80 85
agt ggt tat ggc tgg tac caa tgg tgc gcc gca aaa cgt cgc gca ctc 403
Ser Gly Tyr Gly Trp Tyr Gln Trp Ser Ala Ala Lys Arg Arg Ala Leu

90 95 100
acc cca gaa aat gca gta gca gtg gtt cct cgc tgg gca agc acc aaa 451
Thr Pro Glu Asn Ala Val Ala Val Val Pro Arg Trp Ala Ser Thr Lys

105 110 115
gaa cgc gcc ggc att gtg att gcg gcg gtt gtg gga aca ctc agc ttt 499
Glu Arg Ala Gly Ile Val Ile Ala Ala Val Val Gly Thr Leu Ser Phe

120 125 130
gcc tgg att ttc caa gca ctc ggc tcc tgg ggg cca tgg gcc gac gcg 547
Ala Trp Ile Phe Gln Ala Leu Gly Ser Trp Gly Pro Trp Ala Asp Ala

135 140 145
tgg att ttc gtc ggc tca atc ctg gct acc tac gga atg gct cgc gga 595
Trp Ile Phe Val Gly Ser Ile Leu Ala Thr Tyr Gly Met Ala Arg Gly

150 155 160 165
tgg aca gag ttc tgg ctg atc tgg atc gcc gtc gac ata gtt ggc gtt 643
Trp Thr Glu Phe Trp Leu Ile Trp Ile Ala Val Asp Ile Val Gly Val

170 175 180
cct cta ctt ttg act gct ggc tac tac cca tcc gcg gtg ctt tac ctg 691
Pro Leu Leu Leu Thr Ala Gly Tyr Tyr Pro Ser Ala Val Leu Tyr Leu

185 190 195
gtg tac ggt gcg ttt gtc agc tgg gga ttt gtc gtg tgg ctg cgg gtg 739
Val Tyr Gly Ala Phe Val Ser Trp Gly Phe Val Val Trp Leu Arg Val

200 205 210
caa aaa gca gac aag gct cgt gcg ctg gaa gct cag gag tct gtg aca 787
Gln Lys Ala Asp Lys Ala Arg Ala Leu Glu Ala Gln Glu Ser Val Thr

215 220 225
gtc tgaaaagcgt ttactaaata gaa 813
Val

230

<210> 604
<211> 230
<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 604

Met Asn Pro Ile Thr Glu Leu Leu Asp Ala Thr Leu Trp Ile Gly Gly
1 5 10 15

Val Pro Ile Leu Trp Arg Glu Ile Ile Gly Asn Val Phe Gly Leu Phe
20 25 30

Ser Ala Trp Ala Gly Met Arg Arg Ile Val Trp Ala Trp Pro Ile Gly
35 40 45

Ile Ile Gly Asn Ala Leu Leu Phe Thr Val Phe Met Gly Gly Leu Phe
50 55 60

His Thr Pro Gln Asn Leu Asp Leu Tyr Gly Gln Ala Gly Arg Gln Ile
65 70 75 80

Met Phe Ile Ile Val Ser Gly Tyr Gly Trp Tyr Gln Trp Ser Ala Ala
85 90 95

Lys Arg Arg Ala Leu Thr Pro Glu Asn Ala Val Ala Val Val Pro Arg
100 105 110

Trp Ala Ser Thr Lys Glu Arg Ala Gly Ile Val Ile Ala Ala Val Val
115 120 125

Gly Thr Leu Ser Phe Ala Trp Ile Phe Gln Ala Leu Gly Ser Trp Gly
130 135 140

Pro Trp Ala Asp Ala Trp Ile Phe Val Gly Ser Ile Leu Ala Thr Tyr
145 150 155 160

Gly Met Ala Arg Gly Trp Thr Glu Phe Trp Leu Ile Trp Ile Ala Val
165 170 175

Asp Ile Val Gly Val Pro Leu Leu Leu Thr Ala Gly Tyr Tyr Pro Ser
180 185 190

Ala Val Leu Tyr Leu Val Tyr Gly Ala Phe Val Ser Trp Gly Phe Val
195 200 205

Val Trp Leu Arg Val Gln Lys Ala Asp Lys Ala Arg Ala Leu Glu Ala
210 215 220

Gln Glu Ser Val Thr Val
225 230

<210> 605

<211> 1332

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1309)

<223> RXN02566

<400> 605

gactccggat gatcaagcag cgaaaccttt gtcaagaaca tagctcccca ccctagacaa 60
aagcccaaat aaatctgctc aataacctaa cctaaagtcc atg cac gcc tcg tcg 115
Met His Ala Ser Ser

1 5
ccc caa cct cac cct cag cgc acc cgt gtt ctc agc ggc ctg att ttc 163
Pro Gln Pro His Pro Gln Arg Thr Arg Val Leu Ser Gly Leu Ile Phe

10 15 20
gcc caa atc atg gtt ggt gca tcc aat ggc gtg acg cta tcg atg gga 211
Ala Gln Ile Met Val Gly Ala Ser Asn Gly Val Thr Leu Ser Met Gly

25 30 35
agt ttg ctg gca gca cac ttg gcg gga gct tcg tgg gga gga tca gcc 259
Ser Leu Leu Ala Ala His Leu Ala Gly Ala Ser Trp Gly Gly Ser Ala

40 45 50
gcc aca ttg acc acg atc ggc gca gct atc ttt tcg att ccc ctt gcc 307
Ala Thr Leu Thr Thr Ile Gly Ala Ala Ile Phe Ser Ile Pro Leu Ala

55 60 65
cgc atg gtc tcc aca tac gat cgc cga act tca ctc agc acg ggc atg 355
Arg Met Val Ser Thr Tyr Asp Arg Arg Thr Ser Leu Ser Thr Gly Met

70 75 80 85
ttg ctt ggt tgc gtg ggc gca cta ctg gcg atc ctc ggc gca caa ttc 403
Leu Leu Gly Cys Val Gly Ala Leu Leu Ala Ile Leu Gly Ala Gln Phe

90 95 100
ggc ttg ttt cca gta gta ctt ttg gca ttt ttg ttc ctc gga tcc atg 451
Gly Leu Phe Pro Val Val Leu Leu Ala Phe Leu Phe Leu Gly Ser Met

105 110 115
tcg gcg gtt aac ctc caa gca cgt ttc gcc gca acc gac gtg gcc agt 499
Ser Ala Val Asn Leu Gln Ala Arg Phe Ala Ala Thr Asp Val Ala Ser

120 125 130
gaa gaa acc cgc ggc cgc gac ctc tcg atc gtt gtg tgg tcc acc acc 547
Glu Glu Thr Arg Gly Arg Asp Leu Ser Ile Val Val Trp Ser Thr Thr

135 140 145
atc ggc gca atc gcc gga cca aat tta ttt gaa cca agc gcc cga ttc 595
Ile Gly Ala Ile Ala Gly Pro Asn Leu Phe Glu Pro Ser Ala Arg Phe

150 155 160 165
agc gaa acc ctg ggc ctc gaa caa cat gcc ggc gca tac ctg ctg tgt 643
Ser Glu Thr Leu Gly Leu Glu Gln His Ala Gly Ala Tyr Leu Leu Cys

170 175 180
tta ttt ggc cag ctc atc gcc atc gca gtc tgg cga ttc acc ctc ccc 691
Leu Phe Gly Gln Leu Ile Ala Ile Ala Val Trp Arg Phe Thr Leu Pro

185	190	195	
aaa ggc ctc aaa ccc gaa gcc acc cca aat gca cca aca gaa aag aag	739		
Lys Gly Leu Lys Pro Glu Ala Thr Pro Asn Ala Pro Thr Glu Lys Lys			
200	205	210	
cgc ctc acc ccg aaa gcc ctc caa gcc atc aca tcg gtt gca acc gca	787		
Arg Leu Thr Pro Lys Ala Leu Gln Ala Ile Thr Ser Val Ala Thr Ala			
215	220	225	
cac ttc tcc atg gtc ggt ctc atg tcc atg gcc gcc atc cac atg caa	835		
His Phe Ser Met Val Gly Leu Met Ser Met Ala Ala Ile His Met Gln			
230	235	240	245
ggc cac ggc gcc agc ctc acc atc atc ggc ttc acc atc agt ttg cac	883		
Gly His Gly Ala Ser Leu Thr Ile Ile Gly Phe Thr Ile Ser Leu His			
250	255	260	
gtc gcc gga atg tac gca ctc tca cca gtg ttc ggc ctg ctc aca gac	931		
Val Ala Gly Met Tyr Ala Leu Ser Pro Val Phe Gly Leu Leu Thr Asp			
265	270	275	
aaa ctc ggc cgc aat gtc acc atc tat tcc ggc ttc gcc atg ctc gcc	979		
Lys Leu Gly Arg Asn Val Thr Ile Tyr Ser Gly Phe Ala Met Leu Ala			
280	285	290	
aca tcc gca gca ttt ctt atc att tgg ccc gaa cca cag tgg gcc atg	1027		
Thr Ser Ala Ala Phe Leu Ile Ile Trp Pro Glu Pro Gln Trp Ala Met			
295	300	305	
atc aca tcc atg atc ctg ctt ggg ctc ggc tgg aac tct gcc ctc gtc	1075		
Ile Thr Ser Met Ile Leu Leu Gly Leu Gly Trp Asn Ser Ala Leu Val			
310	315	320	325
ggt tct tca aca ttg ctt gtc gac gcc acc ccc atc cac cac cgc acc	1123		
Gly Ser Ser Thr Leu Leu Val Asp Ala Thr Pro Ile His His Arg Thr			
330	335	340	
tac gcc cag ggg cgc agc gac cta acg atg aat ctt gcg gga gct tca	1171		
Tyr Ala Gln Gly Arg Ser Asp Leu Thr Met Asn Leu Ala Gly Ala Ser			
345	350	355	
ggc ggg ttg atc gcc gga ccg tta att gcc atg ggc gga atg ccc ttg	1219		
Gly Gly Leu Ile Ala Gly Pro Leu Ile Ala Met Gly Gly Met Pro Leu			
360	365	370	
ttg gca ggc gtc gtt ctt gca gtt gtg gcg ctt caa acg gtg ctt agt	1267		
Leu Ala Gly Val Val Leu Ala Val Val Ala Leu Gln Thr Val Leu Ser			
375	380	385	
ttc aga acc cgt tca att gaa aag act cct gct tca tgt ttt	1309		
Phe Arg Thr Arg Ser Ile Glu Lys Thr Pro Ala Ser Cys Phe			
390	395	400	
tagcctagga attcagcac gac	1332		

<210> 606

<211> 403

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 606

Met His Ala Ser Ser Pro Gln Pro His Pro Gln Arg Thr Arg Val Leu
1 5 10 15

Ser Gly Leu Ile Phe Ala Gln Ile Met Val Gly Ala Ser Asn Gly Val
20 25 30

Thr Leu Ser Met Gly Ser Leu Leu Ala Ala His Leu Ala Gly Ala Ser
35 40 45

Trp Gly Gly Ser Ala Ala Thr Leu Thr Thr Ile Gly Ala Ala Ile Phe
50 55 60

Ser Ile Pro Leu Ala Arg Met Val Ser Thr Tyr Asp Arg Arg Thr Ser
65 70 75 80

Leu Ser Thr Gly Met Leu Leu Gly Cys Val Gly Ala Leu Leu Ala Ile
85 90 95

Leu Gly Ala Gln Phe Gly Leu Phe Pro Val Val Leu Leu Ala Phe Leu
100 105 110

Phe Leu Gly Ser Met Ser Ala Val Asn Leu Gln Ala Arg Phe Ala Ala
115 120 125

Thr Asp Val Ala Ser Glu Glu Thr Arg Gly Arg Asp Leu Ser Ile Val
130 135 140

Val Trp Ser Thr Thr Ile Gly Ala Ile Ala Gly Pro Asn Leu Phe Glu
145 150 155 160

Pro Ser Ala Arg Phe Ser Glu Thr Leu Gly Leu Glu Gln His Ala Gly
165 170 175

Ala Tyr Leu Leu Cys Leu Phe Gly Gln Leu Ile Ala Ile Ala Val Trp
180 185 190

Arg Phe Thr Leu Pro Lys Gly Leu Lys Pro Glu Ala Thr Pro Asn Ala
195 200 205

Pro Thr Glu Lys Lys Arg Leu Thr Pro Lys Ala Leu Gln Ala Ile Thr
210 215 220

Ser Val Ala Thr Ala His Phe Ser Met Val Gly Leu Met Ser Met Ala
225 230 235 240

Ala Ile His Met Gln Gly His Gly Ala Ser Leu Thr Ile Ile Gly Phe
245 250 255

Thr Ile Ser Leu His Val Ala Gly Met Tyr Ala Leu Ser Pro Val Phe

260 265 270

Gly Leu Leu Thr Asp Lys Leu Gly Arg Asn Val Thr Ile Tyr Ser Gly
275 280 285

Phe Ala Met Leu Ala Thr Ser Ala Ala Phe Leu Ile Ile Trp Pro Glu
290 295 300

Pro Gln Trp Ala Met Ile Thr Ser Met Ile Leu Leu Gly Leu Gly Trp
305 310 315 320

Asn Ser Ala Leu Val Gly Ser Ser Thr Leu Leu Val Asp Ala Thr Pro
325 330 335

Ile His His Arg Thr Tyr Ala Gln Gly Arg Ser Asp Leu Thr Met Asn
340 345 350

Leu Ala Gly Ala Ser Gly Gly Leu Ile Ala Gly Pro Leu Ile Ala Met
355 360 365

Gly Gly Met Pro Leu Leu Ala Gly Val Val Leu Ala Val Val Ala Leu
370 375 380

Gln Thr Val Leu Ser Phe Arg Thr Arg Ser Ile Glu Lys Thr Pro Ala
385 390 395 400

Ser Cys Phe

<210> 607
<211> 760
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(760)
<223> FRXA02561

<400> 607
atctgctcaa taacctaacc taaagtccat gcacgcctcg tcgccccaac ctcaccctca 60
gcgcaccctg gttctcagcg gctgatttt cgcccaaatac atg gtt ggt gca tcc 115
Met Val Gly Ala Ser

1 5
aat ggc gtg acg cta tcg atg gga agt ttg ctg gca gca cac ttg gcg 163
Asn Gly Val Thr Leu Ser Met Gly Ser Leu Leu Ala Ala His Leu Ala

10 15 20
gga gct tcg tgg gga gga tca gcc gcc aca ttg acc acg atc ggc gca 211
Gly Ala Ser Trp Gly Gly Ser Ala Ala Thr Leu Thr Thr Ile Gly Ala

25 30 35
gct atc ttt tcg att ccc ctt gcc cgc atg gtc tcc aca tac gat cgc 259
Ala Ile Phe Ser Ile Pro Leu Ala Arg Met Val Ser Thr Tyr Asp Arg

40	45	50	
cga act tca ctc agc acg ggc atg ttg ctt ggt tgc gtg ggc gca cta	307		
Arg Thr Ser Leu Ser Thr Gly Met Leu Leu Gly Cys Val Gly Ala Leu			
55	60	65	
ctg gcg atc ctc ggc gca caa ttc ggc ttg ttt cca gta gta ctt ttg	355		
Leu Ala Ile Leu Gly Ala Gln Phe Gly Leu Phe Pro Val Val Leu Leu			
70	75	80	85
gca ttt ttg ttc ctc gga tcc atg tcg gcg gtt aac ctc caa gca cgt	403		
Ala Phe Leu Phe Leu Gly Ser Met Ser Ala Val Asn Leu Gln Ala Arg			
90	95	100	
ttc gcc gca acc gac gtg gcc agt gaa gaa acc cgc ggc cgc gac ctc	451		
Phe Ala Ala Thr Asp Val Ala Ser Glu Glu Thr Arg Gly Arg Asp Leu			
105	110	115	
tcg atc gtt gtg tgg tcc acc acc atc ggc gca atc gcc gga cca aat	499		
Ser Ile Val Val Trp Ser Thr Thr Ile Gly Ala Ile Ala Gly Pro Asn			
120	125	130	
tta ttt gaa cca agc gcc cga ttc agc gaa acc ctg ggc ctc gaa caa	547		
Leu Phe Glu Pro Ser Ala Arg Phe Ser Glu Thr Leu Gly Leu Glu Gln			
135	140	145	
cat gcc ggc gca tac ctg ctg tgt tta ttt ggc cag ctc atc gcc atc	595		
His Ala Gly Ala Tyr Leu Leu Cys Leu Phe Gly Gln Leu Ile Ala Ile			
150	155	160	165
gca gtc tgg cga ttc acc ctc ccc aaa ggc ctc aaa ccc gaa gcc acc	643		
Ala Val Trp Arg Phe Thr Leu Pro Lys Gly Leu Lys Pro Glu Ala Thr			
170	175	180	
cca aat gca cca aca gaa aag aag cgc ctc acc ccg aaa gcc ctc caa	691		
Pro Asn Ala Pro Thr Glu Lys Lys Arg Leu Thr Pro Lys Ala Leu Gln			
185	190	195	
gcc atc aca tcg gtt gca acc gca cac ttc tcc atg gtc ggt ctc atg	739		
Ala Ile Thr Ser Val Ala Thr Ala His Phe Ser Met Val Gly Leu Met			
200	205	210	
tcc atg gcc gcc atc cac atg	760		
Ser Met Ala Ala Ile His Met			
215	220		
<210> 608			
<211> 220			
<212> PRT			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<400> 608			
Met Val Gly Ala Ser Asn Gly Val Thr Leu Ser Met Gly Ser Leu Leu			
1	5	10	15

Ala Ala His Leu Ala Gly Ala Ser Trp Gly Gly Ser Ala Ala Thr Leu
20 25 30

Thr Thr Ile Gly Ala Ala Ile Phe Ser Ile Pro Leu Ala Arg Met Val
35 40 45

Ser Thr Tyr Asp Arg Arg Thr Ser Leu Ser Thr Gly Met Leu Leu Gly
50 55 60

Cys Val Gly Ala Leu Leu Ala Ile Leu Gly Ala Gln Phe Gly Leu Phe
65 70 75 80

Pro Val Val Leu Leu Ala Phe Leu Phe Leu Gly Ser Met Ser Ala Val
85 90 95

Asn Leu Gln Ala Arg Phe Ala Ala Thr Asp Val Ala Ser Glu Glu Thr
100 105 110

Arg Gly Arg Asp Leu Ser Ile Val Val Trp Ser Thr Thr Ile Gly Ala
115 120 125

Ile Ala Gly Pro Asn Leu Phe Glu Pro Ser Ala Arg Phe Ser Glu Thr
130 135 140

Leu Gly Leu Glu Gln His Ala Gly Ala Tyr Leu Leu Cys Leu Phe Gly
145 150 155 160

Gln Leu Ile Ala Ile Ala Val Trp Arg Phe Thr Leu Pro Lys Gly Leu
165 170 175

Lys Pro Glu Ala Thr Pro Asn Ala Pro Thr Glu Lys Lys Arg Leu Thr
180 185 190

Pro Lys Ala Leu Gln Ala Ile Thr Ser Val Ala Thr Ala His Phe Ser
195 200 205

Met Val Gly Leu Met Ser Met Ala Ala Ile His Met
210 215 220

<210> 609

<211> 461

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(438)

<223> FRXA02566

<400> 609

atc agt ttg cac gtc gcc gga atg tac gca ctc tca cca gtg ttc ggc 48
Ile Ser Leu His Val Ala Gly Met Tyr Ala Leu Ser Pro Val Phe Gly

1 5 10 15
ctg ctc aca gac aaa ctc ggc cgc aat gtc acc atc tat tcc ggc ttc 96

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

20 25 30
gcc atg ctc gcc aca tcc gca gca ttt ctt atc att tgg ccc gaa cca 144
Ala Met Leu Ala Thr Ser Ala Ala Phe Leu Ile Ile Trp Pro Glu Pro

35 40 45
cag tgg gcc atg atc aca tcc atg atc ctg ctt ggg ctc ggc tgg aac 192
Gln Trp Ala Met Ile Thr Ser Met Ile Leu Leu Gly Leu Gly Trp Asn

50 55 60
tct gcc ctc gtc ggt tct tca aca ttg ctt gtc gac gcc acc ccc atc 240
Ser Ala Leu Val Gly Ser Ser Thr Leu Leu Val Asp Ala Thr Pro Ile

65 70 75 80
cac cac cgc acc tac gcc cag ggg cgc agc gac cta acg atg aat ctt 288
His His Arg Thr Tyr Ala Gln Gly Arg Ser Asp Leu Thr Met Asn Leu

85 90 95
gcg gga gct tca ggc ggg ttg atc gcc gga ccg tta att gcc atg ggc 336
Ala Gly Ala Ser Gly Gly Leu Ile Ala Gly Pro Leu Ile Ala Met Gly

100 105 110
gga atg ccc ttg ttg gca ggc gtc gtt ctt gca gtt gtg gcg ctt caa 384
Gly Met Pro Leu Leu Ala Gly Val Val Leu Ala Val Val Ala Leu Gln

115 120 125
acg gtg ctt agt ttc aga acc cgt tca att gaa aag act cct gct tca 432
Thr Val Leu Ser Phe Arg Thr Arg Ser Ile Glu Lys Thr Pro Ala Ser

130 135 140
tgt ttt tagcctagga attcagcac gac 461
Cys Phe

145

<210> 610
<211> 146
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 610
Ile Ser Leu His Val Ala Gly Met Tyr Ala Leu Ser Pro Val Phe Gly
1 5 10 15

Leu Leu Thr Asp Lys Leu Gly Arg Asn Val Thr Ile Tyr Ser Gly Phe
20 25 30

Ala Met Leu Ala Thr Ser Ala Ala Phe Leu Ile Ile Trp Pro Glu Pro
35 40 45

Gln Trp Ala Met Ile Thr Ser Met Ile Leu Leu Gly Leu Gly Trp Asn
50 55 60

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

His His Arg Thr Tyr Ala Gln Gly Arg Ser Asp Leu Thr Met Asn Leu
85 90 95

Ala Gly Ala Ser Gly Gly Leu Ile Ala Gly Pro Leu Ile Ala Met Gly
100 105 110

Gly Met Pro Leu Leu Ala Gly Val Val Leu Ala Val Val Ala Leu Gln
115 120 125

Thr Val Leu Ser Phe Arg Thr Arg Ser Ile Glu Lys Thr Pro Ala Ser
130 135 140

Cys Phe
145

<210> 611

<211> 1527

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1504)

<223> RXA00051

<400> 611

cagtaaaagt gcaccgacac taagaatcct tatccttcag agtaagggtga tctgcgtcaa 60
aaaatgtccg ctattcaccc gaaacgaggt cagcatctcg atg aat gcc tcc cct 115
Met Asn Ala Ser Pro

1 5
gcc cca acc cga tct ttt aaa gga ttg cgg gct cga cac att cac ttc 163
Ala Pro Thr Arg Ser Phe Lys Gly Leu Arg Ala Arg His Ile His Phe

10 15 20
atc gcg ctg ggt tcc gcg atc ggc acc ggc ttg ttc tac ggt tcc gct 211
Ile Ala Leu Gly Ser Ala Ile Gly Thr Gly Leu Phe Tyr Gly Ser Ala

25 30 35
ggc gca atc caa gca gct ggt cca tct gta ctc ttg gtc tac ctt ctc 259
Gly Ala Ile Gln Ala Ala Gly Pro Ser Val Leu Leu Val Tyr Leu Leu

40 45 50
ggt ggc gcc gtc gtg tac ttc atg ctg cgc gca ctc ggc gag atg gct 307
Gly Gly Ala Val Val Tyr Phe Met Leu Arg Ala Leu Gly Glu Met Ala

55 60 65
gtg cat cac cca gtc cgt ggt tcc ttc gcg gtc tac acc cgc gca cac 355
Val His His Pro Val Arg Gly Ser Phe Ala Val Tyr Thr Arg Ala His

70 75 80 85
ctt ggc gga tgg gca ggc tac atc acc ggc tgg atg ttc gcg ttt gag 403

Leu Gly Gly Trp Ala Gly Tyr Ile Thr Gly Trp Met Phe Ala Phe Glu

90 95 100
atg ctc atc gtc tgc ctg gct gac ctc aca gcc atc ggc atc tat atg 451
Met Leu Ile Val Cys Leu Ala Asp Leu Thr Ala Ile Gly Ile Tyr Met

105 110 115
aac ttc tgg ttc ccc ggc acc cca caa tgg act tgg gtg gta gcc acc 499
Asn Phe Trp Phe Pro Gly Thr Pro Gln Trp Thr Trp Val Val Ala Thr

120 125 130
ctt ctt att gtc ggt ggc gca aac ctc gca tca gtg cgt tgg ttc ggt 547
Leu Leu Ile Val Gly Gly Ala Asn Leu Ala Ser Val Arg Trp Phe Gly

135 140 145
gag ctc gag ttc atc ttc acc atc att aag gtc acc gca gtt gtc gcc 595
Glu Leu Glu Phe Ile Phe Thr Ile Ile Lys Val Thr Ala Val Val Ala

150 155 160 165
atg atc gtc ggc ggc gca gcc atc ctc gca ttc ggt ctc ggc gcc aac 643
Met Ile Val Gly Gly Ala Ala Ile Leu Ala Phe Gly Leu Gly Ala Asn

170 175 180
gct gaa gtt gcc ggc gta tcc aac ctc tgg gag cac ggc gga ttc ttc 691
Ala Glu Val Ala Gly Val Ser Asn Leu Trp Glu His Gly Gly Phe Phe

185 190 195
ccc aac ggt gtt gaa ggc atg atc gca gcc ttc atc ctt gtt ctc ttc 739
Pro Asn Gly Val Glu Gly Met Ile Ala Ala Phe Ile Leu Val Leu Phe

200 205 210
gca ttc ggt ggc acc gaa atc atc ggt gtt gca ggc tct gaa gct gaa 787
Ala Phe Gly Gly Thr Glu Ile Ile Gly Val Ala Gly Ser Glu Ala Glu

215 220 225
gat cct gag aag tcc atc ccc aag gct gtt aat act gtc cca gta cgc 835
Asp Pro Glu Lys Ser Ile Pro Lys Ala Val Asn Thr Val Pro Val Arg

230 235 240 245
atc ctc ctc ttc tat gtg ggt gcc atc ctg gtg atc ctt gcc ctt aat 883
Ile Leu Leu Phe Tyr Val Gly Ala Ile Leu Val Ile Leu Ala Leu Asn

250 255 260
cct tgg cct tcc atc acc ggc gaa gaa tcc cca ttc gtc cag atc ttc 931
Pro Trp Pro Ser Ile Thr Gly Glu Glu Ser Pro Phe Val Gln Ile Phe

265 270 275
gac acc ctc ggc gtc aac tgg gct gct ggt ctc ctc aac gcc gtg gtc 979
Asp Thr Leu Gly Val Asn Trp Ala Ala Gly Leu Leu Asn Ala Val Val

280 285 290
atc acc gct gca ctg tct gcc atc aac gct gac ctc ttc ggc gct ggc 1027
Ile Thr Ala Ala Leu Ser Ala Ile Asn Ala Asp Leu Phe Gly Ala Gly

295 300 305
cgc gtt ctc act ggt ctt gcg aag gaa aac ctc gca cca aag gcc atg 1075

Arg Val Leu Thr Gly Leu Ala Lys Glu Asn Leu Ala Pro Lys Ala Met

310 315 320 325
ggc aag atc gcc aag aac ggc gtt cca gtc atg acc acc acc atc atg 1123
Gly Lys Ile Ala Lys Asn Gly Val Pro Val Met Thr Thr Thr Ile Met

330 335 340
atc atc gtc ttg atc gtg gga gta atc ctc aac gca gtg ctt ccc gag 1171
Ile Ile Val Leu Ile Val Gly Val Ile Leu Asn Ala Val Leu Pro Glu

345 350 355
cgc gtc ttc gag atc gtc gct tcc cta gca acc ttc gcc aca gtt tac 1219
Arg Val Phe Glu Ile Val Ala Ser Leu Ala Thr Phe Ala Thr Val Tyr

360 365 370
gtc tgg ctg atg atc ctg ctc gca cag gtg gga tcc cgc cga aac atg 1267
Val Trp Leu Met Ile Leu Leu Ala Gln Val Gly Ser Arg Arg Asn Met

375 380 385
cct gcc gac gag gtc aag tcc ctg aag ttc cct gtc ccc ttc tac ccc 1315
Pro Ala Asp Glu Val Lys Ser Leu Lys Phe Pro Val Pro Phe Tyr Pro

390 395 400 405
ttc gga caa tac ttc gcg atc cta ttt atc gcc ttc acc ttc ggc atc 1363
Phe Gly Gln Tyr Phe Ala Ile Leu Phe Ile Ala Phe Thr Phe Gly Ile

410 415 420
atg gtc tgg tac gac aac tac cac ctg cca ctc gcc gtc ggc gtt gga 1411
Met Val Trp Tyr Asp Asn Tyr His Leu Pro Leu Ala Val Gly Val Gly

425 430 435
ttc ctt gtc ctg atg aca atc ctt tac tac gcc aca ggc cga cca aag 1459
Phe Leu Val Leu Met Thr Ile Leu Tyr Tyr Ala Thr Gly Arg Pro Lys

440 445 450
gcg atc gct ccg atc gat tat gaa gag cta gat ccg cga cgc gat 1504
Ala Ile Ala Pro Ile Asp Tyr Glu Glu Leu Asp Pro Arg Arg Asp

455 460 465
taatctagac tcgcacgaaa aag 1527

<210> 612
<211> 468
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 612
Met Asn Ala Ser Pro Ala Pro Thr Arg Ser Phe Lys Gly Leu Arg Ala
1 5 10 15
Arg His Ile His Phe Ile Ala Leu Gly Ser Ala Ile Gly Thr Gly Leu
20 25 30
Phe Tyr Gly Ser Ala Gly Ala Ile Gln Ala Ala Gly Pro Ser Val Leu

35	40	45
Leu Val Tyr Leu Leu Gly Gly Ala Val Val Tyr Phe Met Leu Arg Ala		
50	55	60
Leu Gly Glu Met Ala Val His His Pro Val Arg Gly Ser Phe Ala Val		
65	70	75
Tyr Thr Arg Ala His Leu Gly Gly Trp Ala Gly Tyr Ile Thr Gly Trp		
	85	90
Met Phe Ala Phe Glu Met Leu Ile Val Cys Leu Ala Asp Leu Thr Ala		
	100	105
Ile Gly Ile Tyr Met Asn Phe Trp Phe Pro Gly Thr Pro Gln Trp Thr		
	115	120
Trp Val Val Ala Thr Leu Leu Ile Val Gly Gly Ala Asn Leu Ala Ser		
	130	135
Val Arg Trp Phe Gly Glu Leu Glu Phe Ile Phe Thr Ile Ile Lys Val		
	145	150
Thr Ala Val Val Ala Met Ile Val Gly Gly Ala Ala Ile Leu Ala Phe		
	165	170
Gly Leu Gly Ala Asn Ala Glu Val Ala Gly Val Ser Asn Leu Trp Glu		
	180	185
His Gly Gly Phe Phe Pro Asn Gly Val Glu Gly Met Ile Ala Ala Phe		
	195	200
Ile Leu Val Leu Phe Ala Phe Gly Gly Thr Glu Ile Ile Gly Val Ala		
	210	215
Gly Ser Glu Ala Glu Asp Pro Glu Lys Ser Ile Pro Lys Ala Val Asn		
	225	230
Thr Val Pro Val Arg Ile Leu Leu Phe Tyr Val Gly Ala Ile Leu Val		
	245	250
Ile Leu Ala Leu Asn Pro Trp Pro Ser Ile Thr Gly Glu Glu Ser Pro		
	260	265
Phe Val Gln Ile Phe Asp Thr Leu Gly Val Asn Trp Ala Ala Gly Leu		
	275	280
Leu Asn Ala Val Val Ile Thr Ala Ala Leu Ser Ala Ile Asn Ala Asp		
	290	295
Leu Phe Gly Ala Gly Arg Val Leu Thr Gly Leu Ala Lys Glu Asn Leu		
	305	310
Ala Pro Lys Ala Met Gly Lys Ile Ala Lys Asn Gly Val Pro Val Met		
	325	330
Thr Thr Thr Ile Met Ile Ile Val Leu Ile Val Gly Val Ile Leu Asn		
	340	345

Ala Val Leu Pro Glu Arg Val Phe Glu Ile Val Ala Ser Leu Ala Thr
355 360 365

Phe Ala Thr Val Tyr Val Trp Leu Met Ile Leu Leu Ala Gln Val Gly
370 375 380

Ser Arg Arg Asn Met Pro Ala Asp Glu Val Lys Ser Leu Lys Phe Pro
385 390 395 400

Val Pro Phe Tyr Pro Phe Gly Gln Tyr Phe Ala Ile Leu Phe Ile Ala
405 410 415

Phe Thr Phe Gly Ile Met Val Trp Tyr Asp Asn Tyr His Leu Pro Leu
420 425 430

Ala Val Gly Val Gly Phe Leu Val Leu Met Thr Ile Leu Tyr Tyr Ala
435 440 445

Thr Gly Arg Pro Lys Ala Ile Ala Pro Ile Asp Tyr Glu Glu Leu Asp
450 455 460

Pro Arg Arg Asp
465

<210> 613

<211> 1578

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1555)

<223> RXA01172

<400> 613

taaatttttc tagactaccc agattaagtg agattctttc gtgtcttcga caacttcgac 60
aacttcggcc acccgacaag agccgttgag cccgacgggt gtg ctt gcc tcg ttt 115
Val Leu Ala Ser Phe

1 5
agg ttc gcg ttt agt agc ccg cgg agg ttt cgc acc gag gtt tta gct 163
Arg Phe Ala Phe Ser Ser Pro Arg Arg Phe Arg Thr Glu Val Leu Ala

10 15 20
ggc ctc gtg gtg gcg ctc gcg ctg att ccg gag tcg att gcg ttt tcc 211
Gly Leu Val Val Ala Leu Ala Leu Ile Pro Glu Ser Ile Ala Phe Ser

25 30 35
gta tta gct ggc gtg gat cct aag atg ggt ctt ttt gcg tcg tgc acc 259
Val Leu Ala Gly Val Asp Pro Lys Met Gly Leu Phe Ala Ser Cys Thr

40 45 50
atg gca atg acc att gcg ctt aca ggt gga cgc cct gcg atg att tcc 307
Met Ala Met Thr Ile Ala Leu Thr Gly Gly Arg Pro Ala Met Ile Ser

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

280	285	290	
cgc cta tcc acc ttc ttg gcc ggc ggc ttc ctg ctg ctc ctg gtg gtt			1027
Arg Leu Ser Thr Phe Leu Ala Gly Gly Phe Leu Leu Leu Leu Val Val			
295	300	305	
ttg ctg ggc gat gtc gtg ggc aaa atc ccc atg gcg gcg ctc gtg gca			1075
Leu Leu Gly Asp Val Val Gly Lys Ile Pro Met Ala Ala Leu Val Ala			
310	315	320	325
gtc atg att atc gtc tcc atc gac acc gcc gac tgg cat tcg ctg aac			1123
Val Met Ile Ile Val Ser Ile Asp Thr Ala Asp Trp His Ser Leu Asn			
330	335	340	
ccg cgc acc ctc aaa ttc atg ccg ctg agt gaa acg atc gtc atg ttt			1171
Pro Arg Thr Leu Lys Phe Met Pro Leu Ser Glu Thr Ile Val Met Phe			
345	350	355	
ata acg atc atc gcg acc ctc gtc acc gga aac ctg gcg atc ggc gtc			1219
Ile Thr Ile Ile Ala Thr Leu Val Thr Gly Asn Leu Ala Ile Gly Val			
360	365	370	
atc ctc gga gtg ctc acc gcc atg gtc atg ttt gct cgc cgc gtg gcc			1267
Ile Leu Gly Val Leu Thr Ala Met Val Met Phe Ala Arg Arg Val Ala			
375	380	385	
cac ctc gtg tct gtg gag cgc acc acc gac aac aac atc agc acc tat			1315
His Leu Val Ser Val Glu Arg Thr Thr Asp Asn Asn Ile Ser Thr Tyr			
390	395	400	405
acc gtc aag ggc cag cta ttt tgg gcg tcc tcg aac gat atg gtg tac			1363
Thr Val Lys Gly Gln Leu Phe Trp Ala Ser Ser Asn Asp Met Val Tyr			
410	415	420	
tcc ttc gac tac tcc gac gag gcc gag cag atc atc atc gat ctc acc			1411
Ser Phe Asp Tyr Ser Asp Glu Ala Glu Gln Ile Ile Ile Asp Leu Thr			
425	430	435	
gcc gca gaa atc tgg gac gcc tcc acg gta gcc acg ctg gac agc atc			1459
Ala Ala Glu Ile Trp Asp Ala Ser Thr Val Ala Thr Leu Asp Ser Ile			
440	445	450	
atc cac aaa tac gcc gcg cgc ggc aag agc gtg gag atc atc ggg ctc			1507
Ile His Lys Tyr Ala Ala Arg Gly Lys Ser Val Glu Ile Ile Gly Leu			
455	460	465	
gac ggc ccc agc cgc gat agg ctt gag cgc cta tca ggc aag ctg ggc			1555
Asp Gly Pro Ser Arg Asp Arg Leu Glu Arg Leu Ser Gly Lys Leu Gly			
470	475	480	485
taaaaatttg cttatcgacg cgc			1578

<210> 614

<211> 485

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 614

Val Leu Ala Ser Phe Arg Phe Ala Phe Ser Ser Pro Arg Arg Phe Arg
1 5 10 15

Thr Glu Val Leu Ala Gly Leu Val Val Ala Leu Ala Leu Ile Pro Glu
20 25 30

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

Phe Ala Ser Cys Thr Met Ala Met Thr Ile Ala Leu Thr Gly Gly Arg
50 55 60

Pro Ala Met Ile Ser Ala Ala Thr Gly Ala Val Ala Leu Val Ile Ala
65 70 75 80

Pro Val Val Arg Asp His Gly Val Glu Tyr Phe Leu Ala Thr Val Ile
85 90 95

Leu Ala Gly Ile Ile Gln Ile Ala Leu Ser Leu Leu Gly Val Ala Lys
100 105 110

Leu Met Arg Phe Ile Pro Arg Ser Val Met Leu Gly Phe Val Asn Ala
115 120 125

Leu Ala Cys Leu Val Phe Phe Ala Gln Leu Pro His Leu Ile Asp Val
130 135 140

Pro Trp Met Val Tyr Pro Leu Phe Ala Leu Gly Ile Gly Ile Met Leu
145 150 155 160

Phe Trp Pro Lys Leu Thr Ser Val Ile Pro Ala Pro Leu Ile Val Ile
165 170 175

Val Ala Leu Thr Ala Ile Val Trp Val Phe Gly Ile Asn Ile Pro Asn
180 185 190

Val Ser Asp Gln Gly Glu Leu Pro Ser Ser Leu Pro Glu Phe Leu Ile
195 200 205

Pro Asn Val Pro Leu Thr Leu Glu Thr Leu Lys Ile Ile Gly Pro Tyr
210 215 220

Ala Leu Gly Met Ser Leu Val Gly Leu Met Glu Ser Leu Leu Thr Ala
225 230 235 240

Lys Leu Val Asp Asp Ile Thr Glu Val His Ser Asn Lys Ser Arg Glu
245 250 255

Ala Ala Gly Gln Gly Ile Ala Asn Ile Ile Thr Ala Phe Leu Gly Gly
260 265 270

Met Gly Gly Cys Ala Met Ile Gly Gln Thr Met Ile Asn Val Lys Asn
275 280 285

Ser Gly Ala Arg Thr Arg Leu Ser Thr Phe Leu Ala Gly Gly Phe Leu
290 295 300

Leu Leu Leu Val Val Leu Leu Gly Asp Val Val Gly Lys Ile Pro Met
305 310 315 320

Ala Ala Leu Val Ala Val Met Ile Ile Val Ser Ile Asp Thr Ala Asp
325 330 335

Trp His Ser Leu Asn Pro Arg Thr Leu Lys Phe Met Pro Leu Ser Glu
340 345 350

Thr Ile Val Met Phe Ile Thr Ile Ile Ala Thr Leu Val Thr Gly Asn
355 360 365

Leu Ala Ile Gly Val Ile Leu Gly Val Leu Thr Ala Met Val Met Phe
370 375 380

Ala Arg Arg Val Ala His Leu Val Ser Val Glu Arg Thr Thr Asp Asn
385 390 395 400

Asn Ile Ser Thr Tyr Thr Val Lys Gly Gln Leu Phe Trp Ala Ser Ser
405 410 415

Asn Asp Met Val Tyr Ser Phe Asp Tyr Ser Asp Glu Ala Glu Gln Ile
420 425 430

Ile Ile Asp Leu Thr Ala Ala Glu Ile Trp Asp Ala Ser Thr Val Ala
435 440 445

Thr Leu Asp Ser Ile Ile His Lys Tyr Ala Ala Arg Gly Lys Ser Val
450 455 460

Glu Ile Ile Gly Leu Asp Gly Pro Ser Arg Asp Arg Leu Glu Arg Leu
465 470 475 480

Ser Gly Lys Leu Gly
485

<210> 615

<211> 1818

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1795)

<223> RXA02128

<400> 615

tattagcaaa acttcttaaa gagccttttt gtgcctttat ccgagtatct ttaaaagcat 60
gagtattaag tgggcgcgct ttgtaccggg gataaccgcg atg cgg ggc tat caa 115
Met Arg Gly Tyr Gln

1

5

cga tcc tgg ttg aag ggt gat gtc atc gcg ggt ata acc gtg gcc gcg 163

Arg Ser Trp Leu Lys Gly Asp Val Ile Ala Gly Ile Thr Val Ala Ala

10 15 20
tac ttg gtt cca caa gtc atg gct tat gcc gtc att gcg ggg ctg cca 211
Tyr Leu Val Pro Gln Val Met Ala Tyr Ala Val Ile Ala Gly Leu Pro

25 30 35
gct gtc gtt ggt ctg tgg gga gtt ctg gct ccc atg gcg ctg tac ttt 259
Ala Val Val Gly Leu Trp Gly Val Leu Ala Pro Met Ala Leu Tyr Phe

40 45 50
ttc ttg ggc acg tct cga aat ctc tcg gtt ggt cct gaa tca acc acc 307
Phe Leu Gly Thr Ser Arg Asn Leu Ser Val Gly Pro Glu Ser Thr Thr

55 60 65
gct ctg atg acg gct gca ggt gtg gga gct tta gtc ggg gca gct ggc 355
Ala Leu Met Thr Ala Ala Gly Val Gly Ala Leu Val Gly Ala Ala Gly

70 75 80 85
ggg cct gaa cga tac gca gaa gta gcg gca cta ttg gct att gca gtg 403
Gly Pro Glu Arg Tyr Ala Glu Val Ala Ala Leu Leu Ala Ile Ala Val

90 95 100
ggc att gta tgc gct gtt ggt ttt att ggc cga ttg gga ttt ctt acc 451
Gly Ile Val Cys Ala Val Gly Phe Ile Gly Arg Leu Gly Phe Leu Thr

105 110 115
agg ctg ttg tct cga ccg gtg ctc gtt gga tat ttg atc ggt att gca 499
Arg Leu Leu Ser Arg Pro Val Leu Val Gly Tyr Leu Ile Gly Ile Ala

120 125 130
gtc ttg atg atc gtc agt cag ctg tcc aaa gtc acc cag gtg aat gtg 547
Val Leu Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Lys Val Thr Gln Val Asn Val

135 140 145
gag agc ggt cag acg tgg cag gaa ata ata tcg ttt atc aaa gta gct 595
Glu Ser Gly Gln Thr Trp Gln Glu Ile Ile Ser Phe Ile Lys Val Ala

150 155 160 165
ggc cag gca cat att cct aca gtg att ttg gca gtc gtg gtg ttg agc 643
Gly Gln Ala His Ile Pro Thr Val Ile Leu Ala Val Val Val Leu Ser

170 175 180
ttg ctg tat ctg gca aat tgg ttg acg cct aaa ttt ccc agc aca ctc 691
Leu Leu Tyr Leu Ala Asn Trp Leu Thr Pro Lys Phe Pro Ser Thr Leu

185 190 195
atg gtt ctt ctg ctt tcg gca gcc gcg gtg ggg ttt ttt cat ctg gat 739
Met Val Leu Leu Leu Ser Ala Ala Ala Val Gly Phe Phe His Leu Asp

200 205 210
agg ttt ggt ctt gag gtc att ggt gag gtg ccc cgt ggc ctg cct caa 787
Arg Phe Gly Leu Glu Val Ile Gly Glu Val Pro Arg Gly Leu Pro Gln

215 220 225
cca agt att ccc tcg att ggc gat cta gag atc tgg tcg ttg ttg ccc 835

Pro Ser Ile Pro Ser Ile Gly Asp Leu Glu Ile Trp Ser Leu Leu Pro

230 235 240 245
tat gcc gtg ggt att gcc atc gtt ggt ttt tca gac aat gtg ttg act 883
Tyr Ala Val Gly Ile Ala Ile Val Gly Phe Ser Asp Asn Val Leu Thr

250 255 260
gct cgt gca ttc gcg tcg gga aaa gat gag gtg att gat tcc aac cag 931
Ala Arg Ala Phe Ala Ser Gly Lys Asp Glu Val Ile Asp Ser Asn Gln

265 270 275
gag ctg ctc gca ctg gga acc gca aac ctg gcg aat ggg ttc ttc cag 979
Glu Leu Leu Ala Leu Gly Thr Ala Asn Leu Ala Asn Gly Phe Phe Gln

280 285 290
gga ttt cct gtg tca tcg agt ggc tcc cga act gtt ctt gga gac acg 1027
Gly Phe Pro Val Ser Ser Ser Gly Ser Arg Thr Val Leu Gly Asp Thr

295 300 305
gca ggt gct cgc act cag gtg cat tca ctt gtc gtg gtg gcg ctg gtg 1075
Ala Gly Ala Arg Thr Gln Val His Ser Leu Val Val Val Ala Leu Val

310 315 320 325
atc atg gtg ctg ttg ttt gct ggt cct gtg ctc gag tct ttc cca gat 1123
Ile Met Val Leu Leu Phe Ala Gly Pro Val Leu Glu Ser Phe Pro Asp

330 335 340
gcg gca ctt ggc gcc tta gtt att tat gca gca acg cag ttg att gat 1171
Ala Ala Leu Gly Ala Leu Val Ile Tyr Ala Ala Thr Gln Leu Ile Asp

345 350 355
atc gca gag atc aaa agg atc gca cgt ttc cgc aag agc gag ttg gtc 1219
Ile Ala Glu Ile Lys Arg Ile Ala Arg Phe Arg Lys Ser Glu Leu Val

360 365 370
atc aca gcg gct act gct gca tcc gtt gtg gct tct ggc gtg ctc gcg 1267
Ile Thr Ala Ala Thr Ala Ala Ser Val Val Ala Ser Gly Val Leu Ala

375 380 385
ggg atc ggc gtt gcg gtt acg ttg tcc atc ttg gat ctc atc aga cgt 1315
Gly Ile Gly Val Ala Val Thr Leu Ser Ile Leu Asp Leu Ile Arg Arg

390 395 400 405
att acc cga cct tat gcc gat gtc cta gga tat acg ccg ggc atg gct 1363
Ile Thr Arg Pro Tyr Ala Asp Val Leu Gly Tyr Thr Pro Gly Met Ala

410 415 420
gga atg cac agc ttg gag gat tat cct gag tcg aca gca gtc gaa ggg 1411
Gly Met His Ser Leu Glu Asp Tyr Pro Glu Ser Thr Ala Val Glu Gly

425 430 435
ctc gtg gtt ttt aga tac gat tcc cca ctg ttt ttc gcc aac gct gat 1459
Leu Val Val Phe Arg Tyr Asp Ser Pro Leu Phe Phe Ala Asn Ala Asp

440 445 450
gat ttt tcc aaa cgt gcc atc gaa gcc gtt gat gaa gca act caa ccc 1507

Asp Phe Ser Lys Arg Ala Ile Glu Ala Val Asp Glu Ala Thr Gln Pro

455 460 465
gtg cat tgg ttt tta ctg aat gct gaa gcg aat acg gaa gtt gat ctc 1555
Val His Trp Phe Leu Leu Asn Ala Glu Ala Asn Thr Glu Val Asp Leu

470 475 480 485
acg gcc gtc gat gcc atg gaa gca ctt cgc aaa acc ctg gag gaa cgg 1603
Thr Ala Val Asp Ala Met Glu Ala Leu Arg Lys Thr Leu Glu Glu Arg

490 495 500
ggc atc cga ttt gcg atg gcc cgg gtg aag caa gat cta cgc cga agc 1651
Gly Ile Arg Phe Ala Met Ala Arg Val Lys Gln Asp Leu Arg Arg Ser

505 510 515
ctc gag cct gca ggt ttc att gaa tcc gtg ggg gag gag tac att ttc 1699
Leu Glu Pro Ala Gly Phe Ile Glu Ser Val Gly Glu Glu Tyr Ile Phe

520 525 530
gcc aca ctc ccc act gca gtc aag ggg tat tcc gtg gag ttt cgc gat 1747
Ala Thr Leu Pro Thr Ala Val Lys Gly Tyr Ser Val Glu Phe Arg Asp

535 540 545
cgt ttt gga aac tat cca gaa ggc gtt ccg aaa gaa att ttg gaa ctt 1795
Arg Phe Gly Asn Tyr Pro Glu Gly Val Pro Lys Glu Ile Leu Glu Leu

550 555 560 565
taagctgcct ggttgccgga ctt 1818

<210> 616
<211> 565
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 616
Met Arg Gly Tyr Gln Arg Ser Trp Leu Lys Gly Asp Val Ile Ala Gly
1 5 10 15
Ile Thr Val Ala Ala Tyr Leu Val Pro Gln Val Met Ala Tyr Ala Val
20 25 30
Ile Ala Gly Leu Pro Ala Val Val Gly Leu Trp Gly Val Leu Ala Pro
35 40 45
Met Ala Leu Tyr Phe Phe Leu Gly Thr Ser Arg Asn Leu Ser Val Gly
50 55 60
Pro Glu Ser Thr Thr Ala Leu Met Thr Ala Ala Gly Val Gly Ala Leu
65 70 75 80
Val Gly Ala Ala Gly Gly Pro Glu Arg Tyr Ala Glu Val Ala Ala Leu
85 90 95
Leu Ala Ile Ala Val Gly Ile Val Cys Ala Val Gly Phe Ile Gly Arg

100	105	110
Leu Gly Phe Leu Thr Arg Leu Leu Ser Arg Pro Val Leu Val Gly Tyr		
115	120	125
Leu Ile Gly Ile Ala Val Leu Met Ile Val Ser Gln Leu Ser Lys Val		
130	135	140
Thr Gln Val Asn Val Glu Ser Gly Gln Thr Trp Gln Glu Ile Ile Ser		
145	150	155
		160
Phe Ile Lys Val Ala Gly Gln Ala His Ile Pro Thr Val Ile Leu Ala		
	165	170
		175
Val Val Val Leu Ser Leu Leu Tyr Leu Ala Asn Trp Leu Thr Pro Lys		
	180	185
		190
Phe Pro Ser Thr Leu Met Val Leu Leu Leu Ser Ala Ala Ala Val Gly		
	195	200
		205
Phe Phe His Leu Asp Arg Phe Gly Leu Glu Val Ile Gly Glu Val Pro		
	210	215
		220
Arg Gly Leu Pro Gln Pro Ser Ile Pro Ser Ile Gly Asp Leu Glu Ile		
225	230	235
		240
Trp Ser Leu Leu Pro Tyr Ala Val Gly Ile Ala Ile Val Gly Phe Ser		
	245	250
		255
Asp Asn Val Leu Thr Ala Arg Ala Phe Ala Ser Gly Lys Asp Glu Val		
	260	265
		270
Ile Asp Ser Asn Gln Glu Leu Leu Ala Leu Gly Thr Ala Asn Leu Ala		
	275	280
		285
Asn Gly Phe Phe Gln Gly Phe Pro Val Ser Ser Ser Gly Ser Arg Thr		
	290	295
		300
Val Leu Gly Asp Thr Ala Gly Ala Arg Thr Gln Val His Ser Leu Val		
305	310	315
		320
Val Val Ala Leu Val Ile Met Val Leu Leu Phe Ala Gly Pro Val Leu		
	325	330
		335
Glu Ser Phe Pro Asp Ala Ala Leu Gly Ala Leu Val Ile Tyr Ala Ala		
	340	345
		350
Thr Gln Leu Ile Asp Ile Ala Glu Ile Lys Arg Ile Ala Arg Phe Arg		
	355	360
		365
Lys Ser Glu Leu Val Ile Thr Ala Ala Thr Ala Ala Ser Val Val Ala		
	370	375
		380
Ser Gly Val Leu Ala Gly Ile Gly Val Ala Val Thr Leu Ser Ile Leu		
385	390	395
		400
Asp Leu Ile Arg Arg Ile Thr Arg Pro Tyr Ala Asp Val Leu Gly Tyr		
	405	410
		415

Thr Pro Gly Met Ala Gly Met His Ser Leu Glu Asp Tyr Pro Glu Ser
420 425 430

Thr Ala Val Glu Gly Leu Val Val Phe Arg Tyr Asp Ser Pro Leu Phe
435 440 445

Phe Ala Asn Ala Asp Asp Phe Ser Lys Arg Ala Ile Glu Ala Val Asp
450 455 460

Glu Ala Thr Gln Pro Val His Trp Phe Leu Leu Asn Ala Glu Ala Asn
465 470 475 480

Thr Glu Val Asp Leu Thr Ala Val Asp Ala Met Glu Ala Leu Arg Lys
485 490 495

Thr Leu Glu Glu Arg Gly Ile Arg Phe Ala Met Ala Arg Val Lys Gln
500 505 510

Asp Leu Arg Arg Ser Leu Glu Pro Ala Gly Phe Ile Glu Ser Val Gly
515 520 525

Glu Glu Tyr Ile Phe Ala Thr Leu Pro Thr Ala Val Lys Gly Tyr Ser
530 535 540

Val Glu Phe Arg Asp Arg Phe Gly Asn Tyr Pro Glu Gly Val Pro Lys
545 550 555 560

Glu Ile Leu Glu Leu
565

<210> 617

<211> 1734

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1711)

<223> RXA02634

<400> 617

caacgcgaag gcttagttgt ttattaccgg ctcacctacc cggaggtcgc agactttctt 60
aaggtgagcc gctcactatt aaagaggatg gctggcgaag atg cgt gac ctt tta 115
Met Arg Asp Leu Leu

1 5
ccc tct aga gac gac tat cag cta ctc cgc ttc tcc tgg aag atg gac 163
Pro Ser Arg Asp Asp Tyr Gln Leu Leu Arg Phe Ser Trp Lys Met Asp

10 15 20
att gct gct ggc gtc acc gtg ggc att gtt gcc ctc ccc ctc gct ctc 211
Ile Ala Ala Gly Val Thr Val Gly Ile Val Ala Leu Pro Leu Ala Leu

25 30 35
gcc ttt ggt gtg agt tct gga gtc gga gcc gag gca gga tta gtg act 259

Ala Phe Gly Val Ser Ser Gly Val Gly Ala Glu Ala Gly Leu Val Thr

40 45 50
gcg att att gct ggc ctg gtt gca gca atc ttc ggc ggt tcc aat gtg 307
Ala Ile Ile Ala Gly Leu Val Ala Ala Ile Phe Gly Gly Ser Asn Val

55 60 65
cag gtt tca gga cca aca gga gcg atg gtg gtt gtt ctg gct cca atc 355
Gln Val Ser Gly Pro Thr Gly Ala Met Val Val Val Leu Ala Pro Ile

70 75 80 85
gtc gcc caa tat ggt gtc ggt gcg gtt gca tta ctg agc ctg atg gct 403
Val Ala Gln Tyr Gly Val Gly Ala Val Ala Leu Leu Ser Leu Met Ala

90 95 100
gga gtt atc gtc ctt gtc gcc gga gtg ctt cga tta ggc cga acg gtg 451
Gly Val Ile Val Leu Val Ala Gly Val Leu Arg Leu Gly Arg Thr Val

105 110 115
agt ttc att ccg tgg ccg gtc atc gaa gga ttt acg gca ggc atc ggt 499
Ser Phe Ile Pro Trp Pro Val Ile Glu Gly Phe Thr Ala Gly Ile Gly

120 125 130
gtg att att ttc ctg caa cag gtg cca gct gcg ttt ggt tat tcg ggc 547
Val Ile Ile Phe Leu Gln Gln Val Pro Ala Ala Phe Gly Tyr Ser Gly

135 140 145
cat ttg ccc acc aat gcg ctg ctg gct gcg att cac act gtt tca cac 595
His Leu Pro Thr Asn Ala Leu Leu Ala Ala Ile His Thr Val Ser His

150 155 160 165
gcc acg aag gac gca att cta cct ctg tta att att atc gtc acc gct 643
Ala Thr Lys Asp Ala Ile Leu Pro Leu Leu Ile Ile Ile Val Thr Ala

170 175 180
gcg atc atg att gtg ttg gga aag atc gcc cca aag ctg cct gcc agc 691
Ala Ile Met Ile Val Leu Gly Lys Ile Ala Pro Lys Leu Pro Ala Ser

185 190 195
ttc att gcc att ttg gtg gtg tcc att ggc gtg gct ctg ctg aag ctt 739
Phe Ile Ala Ile Leu Val Val Ser Ile Gly Val Ala Leu Leu Lys Leu

200 205 210
ccc gtt gag ttg atc ggt gag ctg ccc aat tcc ctt cct gcc cct cac 787
Pro Val Glu Leu Ile Gly Glu Leu Pro Asn Ser Leu Pro Ala Pro His

215 220 225
ctg cct gat gtg aac ctg gag atg ttc acg agt ttg ctg ggg cca gct 835
Leu Pro Asp Val Asn Leu Glu Met Phe Thr Ser Leu Leu Gly Pro Ala

230 235 240 245
ttt gct gtc gcc gcg ctg gct gct att gag tct ctg ctt tcc gct cgt 883
Phe Ala Val Ala Ala Leu Ala Ala Ile Glu Ser Leu Leu Ser Ala Arg

250 255 260
gtg gca gcc tcc atg gcc gat acg ggt cct tat aat gct gac cgc gaa 931

Val Ala Ala Ser Met Ala Asp Thr Gly Pro Tyr Asn Ala Asp Arg Glu

265 270 275
 ttg gtc ggt cag ggg ttg gcg tcg ata agc gct ggc ttt ttt ggc ggc 979
 Leu Val Gly Gln Gly Leu Ala Ser Ile Ser Ala Gly Phe Phe Gly Gly

280 285 290
 atg ccg gca act ggc gca atc gcg cgt acg gcg gtc aat gtg cgc tcc 1027
 Met Pro Ala Thr Gly Ala Ile Ala Arg Thr Ala Val Asn Val Arg Ser

295 300 305
 ggc ggg cgt acc cgt ata gcg tcg att att cac gcg ctt gtg ctg ctc 1075
 Gly Gly Arg Thr Arg Ile Ala Ser Ile Ile His Ala Leu Val Leu Leu

310 315 320 325
 ggc gtt gtg tat gtg gcg gcg aat atc gtt gcg gtc att ccg ctc gcc 1123
 Gly Val Val Tyr Val Ala Ala Asn Ile Val Ala Val Ile Pro Leu Ala

330 335 340
 gca ctg tcg ggc gtg ctc atg gtc acc gcg agc cgc atg gtg tcc att 1171
 Ala Leu Ser Gly Val Leu Met Val Thr Ala Ser Arg Met Val Ser Ile

345 350 355
 gaa gtg atc tcg cgc gtc atg cgc tcc act cgc tct gat gcg atc gtt 1219
 Glu Val Ile Ser Arg Val Met Arg Ser Thr Arg Ser Asp Ala Ile Val

360 365 370
 ttt gtc atc acc gcg atc gtc acc atc agc gtc gac ctc gtc att gcg 1267
 Phe Val Ile Thr Ala Ile Val Thr Ile Ser Val Asp Leu Val Ile Ala

375 380 385
 gtc ggc atc ggc att gcc gtc gcg acg ttc ttc atg ctg cga cgc atg 1315
 Val Gly Ile Gly Ile Ala Val Ala Thr Phe Phe Met Leu Arg Arg Met

390 395 400 405
 agc atg aac gcc ggc gtc ttc cgg gaa acc ttg ccc gaa ccg gcc acg 1363
 Ser Met Asn Ala Gly Val Phe Arg Glu Thr Leu Pro Glu Pro Ala Thr

410 415 420
 ctt aac gac gaa aag atc ggc ctt ttc cgt atc gag ggc gca ttg ttc 1411
 Leu Asn Asp Glu Lys Ile Gly Leu Phe Arg Ile Glu Gly Ala Leu Phe

425 430 435
 ttt ggc gca gct gaa cgt ctt tcg cag caa atc ctt gat tat gag gac 1459
 Phe Gly Ala Ala Glu Arg Leu Ser Gln Gln Ile Leu Asp Tyr Glu Asp

440 445 450
 ctc gaa gtg gtg atc ctg cgc ctg tca cac atc caa atg atc gac gcc 1507
 Leu Glu Val Val Ile Leu Arg Leu Ser His Ile Gln Met Ile Asp Ala

455 460 465
 acc ggc gcc cac cag ctc acc gag ctt gtc aat gcg ctg gaa aga aaa 1555
 Thr Gly Ala His Gln Leu Thr Glu Leu Val Asn Ala Leu Glu Arg Lys

470 475 480 485

aat gtc act gta tta att aag ggc gtc cgg aaa gaa cac att cac gtt 1603
Asn Val Thr Val Leu Ile Lys Gly Val Arg Lys Glu His Ile His Val

490 495 500
ctc ggc gtc ctc gga gcg atc aga tca ctg cgg cat gag aac cac ctc 1651
Leu Gly Val Leu Gly Ala Ile Arg Ser Leu Arg His Glu Asn His Leu

505 510 515
ttc gat gac ctt gcc cca gcg gtt gaa cat gcc cga aaa cac gtt aag 1699
Phe Asp Asp Leu Ala Pro Ala Val Glu His Ala Arg Lys His Val Lys

520 525 530
atc gac aac agt taaggcttcc gggcgatct aaa 1734
Ile Asp Asn Ser

535

<210> 618

<211> 537

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 618

Met Arg Asp Leu Leu Pro Ser Arg Asp Asp Tyr Gln Leu Leu Arg Phe
1 5 10 15

Ser Trp Lys Met Asp Ile Ala Ala Gly Val Thr Val Gly Ile Val Ala
20 25 30

Leu Pro Leu Ala Leu Ala Phe Gly Val Ser Ser Gly Val Gly Ala Glu
35 40 45

Ala Gly Leu Val Thr Ala Ile Ile Ala Gly Leu Val Ala Ala Ile Phe
50 55 60

Gly Gly Ser Asn Val Gln Val Ser Gly Pro Thr Gly Ala Met Val Val
65 70 75 80

Val Leu Ala Pro Ile Val Ala Gln Tyr Gly Val Gly Ala Val Ala Leu
85 90 95

Leu Ser Leu Met Ala Gly Val Ile Val Leu Val Ala Gly Val Leu Arg
100 105 110

Leu Gly Arg Thr Val Ser Phe Ile Pro Trp Pro Val Ile Glu Gly Phe
115 120 125

Thr Ala Gly Ile Gly Val Ile Ile Phe Leu Gln Gln Val Pro Ala Ala
130 135 140

Phe Gly Tyr Ser Gly His Leu Pro Thr Asn Ala Leu Leu Ala Ala Ile
145 150 155 160

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

165	170	175
Ile Ile Val Thr Ala Ala Ile Met Ile Val Leu Gly Lys Ile Ala Pro		
180	185	190
Lys Leu Pro Ala Ser Phe Ile Ala Ile Leu Val Val Ser Ile Gly Val		
195	200	205
Ala Leu Leu Lys Leu Pro Val Glu Leu Ile Gly Glu Leu Pro Asn Ser		
210	215	220
Leu Pro Ala Pro His Leu Pro Asp Val Asn Leu Glu Met Phe Thr Ser		
225	230	240
Leu Leu Gly Pro Ala Phe Ala Val Ala Ala Leu Ala Ala Ile Glu Ser		
245	250	255
Leu Leu Ser Ala Arg Val Ala Ala Ser Met Ala Asp Thr Gly Pro Tyr		
260	265	270
Asn Ala Asp Arg Glu Leu Val Gly Gln Gly Leu Ala Ser Ile Ser Ala		
275	280	285
Gly Phe Phe Gly Gly Met Pro Ala Thr Gly Ala Ile Ala Arg Thr Ala		
290	295	300
Val Asn Val Arg Ser Gly Gly Arg Thr Arg Ile Ala Ser Ile Ile His		
305	310	315
Ala Leu Val Leu Leu Gly Val Val Tyr Val Ala Ala Asn Ile Val Ala		
325	330	335
Val Ile Pro Leu Ala Ala Leu Ser Gly Val Leu Met Val Thr Ala Ser		
340	345	350
Arg Met Val Ser Ile Glu Val Ile Ser Arg Val Met Arg Ser Thr Arg		
355	360	365
Ser Asp Ala Ile Val Phe Val Ile Thr Ala Ile Val Thr Ile Ser Val		
370	375	380
Asp Leu Val Ile Ala Val Gly Ile Gly Ile Ala Val Ala Thr Phe Phe		
385	390	395
Met Leu Arg Arg Met Ser Met Asn Ala Gly Val Phe Arg Glu Thr Leu		
405	410	415
Pro Glu Pro Ala Thr Leu Asn Asp Glu Lys Ile Gly Leu Phe Arg Ile		
420	425	430
Glu Gly Ala Leu Phe Phe Gly Ala Ala Glu Arg Leu Ser Gln Gln Ile		
435	440	445
Leu Asp Tyr Glu Asp Leu Glu Val Val Ile Leu Arg Leu Ser His Ile		
450	455	460
Gln Met Ile Asp Ala Thr Gly Ala His Gln Leu Thr Glu Leu Val Asn		
465	470	480

Ala Leu Glu Arg Lys Asn Val Thr Val Leu Ile Lys Gly Val Arg Lys
485 490 495

Glu His Ile His Val Leu Gly Val Leu Gly Ala Ile Arg Ser Leu Arg
500 505 510

His Glu Asn His Leu Phe Asp Asp Leu Ala Pro Ala Val Glu His Ala
515 520 525

Arg Lys His Val Lys Ile Asp Asn Ser
530 535

<210> 619

<211> 1410

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1387)

<223> RXN02233

<400> 619

atccccaccc aattggccca agagctgcag agttacgttg tagaacccac ctctgcctaa 60
ctgtcgattt cccaagagcc cccttgggag tcgataatta gtg ctc gtg act tca 115
Val Leu Val Thr Ser

1 5
aca tgg gga tgg acc gtc cac gga gac ggc aaa aag atc gaa ccc ggc 163
Thr Trp Gly Trp Thr Val His Gly Asp Gly Lys Lys Ile Glu Pro Gly

10 15 20
gca gtt gtc gct cct aaa gag cgc ctg agc tgg ggg cgc aca att gga 211
Ala Val Val Ala Pro Lys Glu Arg Leu Ser Trp Gly Arg Thr Ile Gly

25 30 35
atc ggt atg cag cac gtg atc gcc atg ttc ggc gcc acg ctc ctg gtt 259
Ile Gly Met Gln His Val Ile Ala Met Phe Gly Ala Thr Leu Leu Val

40 45 50
ccc aca ctc acc gga ttt ccg gtc aac acc aca ctt tta ttc tct ggt 307
Pro Thr Leu Thr Gly Phe Pro Val Asn Thr Thr Leu Leu Phe Ser Gly

55 60 65
ctg gga aca atc ctg ttc ctg ttg atc acc aga aac cga cta ccc tcg 355
Leu Gly Thr Ile Leu Phe Leu Leu Ile Thr Arg Asn Arg Leu Pro Ser

70 75 80 85
tac ctg ggt agt tct ttt gct ttc att gca cct tta acc gca acc caa 403
Tyr Leu Gly Ser Ser Phe Ala Phe Ile Ala Pro Leu Thr Ala Thr Gln

90 95 100
gtc cat ggc att ggc gtg cag atc ggt ggc att ctt gtc gca ggt ctc 451
Val His Gly Ile Gly Val Gln Ile Gly Gly Ile Leu Val Ala Gly Leu

105	110	115	
gtg ctc gtc gcc att gga ttt gtg gtg aaa gca gcg ggc aaa cgc gtt			499
Val Leu Val Ala Ile Gly Phe Val Val Lys Ala Ala Gly Lys Arg Val			
120	125	130	
att gat gct gtc atg cca ccc gct gtc acc ggt gcg atc gtg gca ctc			547
Ile Asp Ala Val Met Pro Pro Ala Val Thr Gly Ala Ile Val Ala Leu			
135	140	145	
atc ggc ctg aac ctg gca cca acc gcg gca gga aac ttc tcc agc caa			595
Ile Gly Leu Asn Leu Ala Pro Thr Ala Ala Gly Asn Phe Ser Ser Gln			
150	155	160	165
cca ctg gtt gcc acg gcg acc ctc ttt gcc att ttg atc gct acc gtt			643
Pro Leu Val Ala Thr Ala Thr Leu Phe Ala Ile Leu Ile Ala Thr Val			
170	175	180	
gca ggc cgc gga atg att gct cgc ctg ggc att ttg atc ggt gtg gtg			691
Ala Gly Arg Gly Met Ile Ala Arg Leu Gly Ile Leu Ile Gly Val Val			
185	190	195	
atc ggc tgg gtt ttc gca gct atc acc ggc aac ctc tca gaa ggc gca			739
Ile Gly Trp Val Phe Ala Ala Ile Thr Gly Asn Leu Ser Glu Gly Ala			
200	205	210	
gca gac acc atc cgt gaa gca gca tgg ttc gga ctg cca cag ttc cac			787
Ala Asp Thr Ile Arg Glu Ala Ala Trp Phe Gly Leu Pro Gln Phe His			
215	220	225	
aag ccg gaa ttc cag ctc tct gcc att ttg gtg aca ctg cca gtc atc			835
Lys Pro Glu Phe Gln Leu Ser Ala Ile Leu Val Thr Leu Pro Val Ile			
230	235	240	245
atc gtg ctc atc gct gaa aac gtc ggc cac gtc aaa gca gtc tca gag			883
Ile Val Leu Ile Ala Glu Asn Val Gly His Val Lys Ala Val Ser Glu			
250	255	260	
atg aca ggg gag gac ctc gac gac ctc gcc ggc gac gca ctt atc gca			931
Met Thr Gly Glu Asp Leu Asp Asp Leu Ala Gly Asp Ala Leu Ile Ala			
265	270	275	
gac gga ttc ggc acc acc ctc gca ggt gcc ttc ggt gga tcc ggc acc			979
Asp Gly Phe Gly Thr Thr Leu Ala Gly Ala Phe Gly Gly Ser Gly Thr			
280	285	290	
acc acc tac gca gaa aac atc ggc gtc atg gcg gcc acc cgc gta tat			1027
Thr Thr Tyr Ala Glu Asn Ile Gly Val Met Ala Ala Thr Arg Val Tyr			
295	300	305	
tcc acc gct gcg tac tgg gtt gcc gcg tgc act gcc atc gcc ctt gcc			1075
Ser Thr Ala Ala Tyr Trp Val Ala Ala Cys Thr Ala Ile Ala Leu Ala			
310	315	320	325
ttc atc ccc aaa ttc ggt gca ctg atc ttc acc atc ccc gcc ggc gtg			1123
Phe Ile Pro Lys Phe Gly Ala Leu Ile Phe Thr Ile Pro Ala Gly Val			

330 335 340
ctg ggt ggg gca tgt ttg gtt ctt tac ggc cta atc ggt atg ctc ggc 1171
Leu Gly Gly Ala Cys Leu Val Leu Tyr Gly Leu Ile Gly Met Leu Gly

345 350 355
att cgt atc tgg caa gac aac aag gtc aac ttc aac aat cca gtg aat 1219
Ile Arg Ile Trp Gln Asp Asn Lys Val Asn Phe Asn Asn Pro Val Asn

360 365 370
ctg acc atg gct gcc gtt gct ttg gtt gca ggc att ggt aac ctc acc 1267
Leu Thr Met Ala Ala Val Ala Leu Val Ala Gly Ile Gly Asn Leu Thr

375 380 385
ctc acc gtt ttc gga gtc act ctt gaa ggc atc gca tgg ggc tct gta 1315
Leu Thr Val Phe Gly Val Thr Leu Glu Gly Ile Ala Trp Gly Ser Val

390 395 400 405
ggc atc att gtg ctg tac cca atc atg aag cgc ctg tac ctt tcc att 1363
Gly Ile Ile Val Leu Tyr Pro Ile Met Lys Arg Leu Tyr Leu Ser Ile

410 415 420
ggg gaa ggc aag aac gca aag ttc tagtacgctg ctaaagtatg cag 1410
Gly Glu Gly Lys Asn Ala Lys Phe

425

<210> 620

<211> 429

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 620

Val Leu Val Thr Ser Thr Trp Gly Trp Thr Val His Gly Asp Gly Lys
1 5 10 15

Lys Ile Glu Pro Gly Ala Val Val Ala Pro Lys Glu Arg Leu Ser Trp
20 25 30

Gly Arg Thr Ile Gly Ile Gly Met Gln His Val Ile Ala Met Phe Gly
35 40 45

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

Leu Leu Phe Ser Gly Leu Gly Thr Ile Leu Phe Leu Leu Ile Thr Arg
65 70 75 80

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

Leu Thr Ala Thr Gln Val His Gly Ile Gly Val Gln Ile Gly Gly Ile
100 105 110

Leu Val Ala Gly Leu Val Leu Val Ala Ile Gly Phe Val Val Lys Ala

115	120	125
Ala Gly Lys Arg Val Ile Asp Ala Val Met Pro Pro Ala Val Thr Gly		
130	135	140
Ala Ile Val Ala Leu Ile Gly Leu Asn Leu Ala Pro Thr Ala Ala Gly		
145	150	155
Asn Phe Ser Ser Gln Pro Leu Val Ala Thr Ala Thr Leu Phe Ala Ile		
165	170	175
Leu Ile Ala Thr Val Ala Gly Arg Gly Met Ile Ala Arg Leu Gly Ile		
180	185	190
Leu Ile Gly Val Val Ile Gly Trp Val Phe Ala Ala Ile Thr Gly Asn		
195	200	205
Leu Ser Glu Gly Ala Ala Asp Thr Ile Arg Glu Ala Ala Trp Phe Gly		
210	215	220
Leu Pro Gln Phe His Lys Pro Glu Phe Gln Leu Ser Ala Ile Leu Val		
225	230	235
Thr Leu Pro Val Ile Ile Val Leu Ile Ala Glu Asn Val Gly His Val		
245	250	255
Lys Ala Val Ser Glu Met Thr Gly Glu Asp Leu Asp Asp Leu Ala Gly		
260	265	270
Asp Ala Leu Ile Ala Asp Gly Phe Gly Thr Thr Leu Ala Gly Ala Phe		
275	280	285
Gly Gly Ser Gly Thr Thr Thr Tyr Ala Glu Asn Ile Gly Val Met Ala		
290	295	300
Ala Thr Arg Val Tyr Ser Thr Ala Ala Tyr Trp Val Ala Ala Cys Thr		
305	310	315
Ala Ile Ala Leu Ala Phe Ile Pro Lys Phe Gly Ala Leu Ile Phe Thr		
325	330	335
Ile Pro Ala Gly Val Leu Gly Gly Ala Cys Leu Val Leu Tyr Gly Leu		
340	345	350
Ile Gly Met Leu Gly Ile Arg Ile Trp Gln Asp Asn Lys Val Asn Phe		
355	360	365
Asn Asn Pro Val Asn Leu Thr Met Ala Ala Val Ala Leu Val Ala Gly		
370	375	380
Ile Gly Asn Leu Thr Leu Thr Val Phe Gly Val Thr Leu Glu Gly Ile		
385	390	395
Ala Trp Gly Ser Val Gly Ile Ile Val Leu Tyr Pro Ile Met Lys Arg		
405	410	415
Leu Tyr Leu Ser Ile Gly Glu Gly Lys Asn Ala Lys Phe		
420	425	

<210> 621
 <211> 1335
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1312)
 <223> FRXA02233

<400> 621
 atccccaccc aattggccca agagctgcag agttacgttg tagaacccac ctctgcctaa 60
 ctgtcgattt cccaagagcc cccctgggag tcgataatta gtg ctc gtg act tca 115
 Val Leu Val Thr Ser

 1 5
 aca tgg gga tgg acc gtc cac gga gac ggc aaa aag atc gaa ccc ggc 163
 Thr Trp Gly Trp Thr Val His Gly Asp Gly Lys Lys Ile Glu Pro Gly

 10 15 20
 gca gtt gtc gct cct aaa gag cgc ctg agc tgg ggg cgc aca att gga 211
 Ala Val Val Ala Pro Lys Glu Arg Leu Ser Trp Gly Arg Thr Ile Gly

 25 30 35
 atc ggt atg cag cac gtg atc gcc atg ttc ggc gcc acg ctc ctg gtt 259
 Ile Gly Met Gln His Val Ile Ala Met Phe Gly Ala Thr Leu Leu Val

 40 45 50
 ccc aca ctc acc gga ttt ccg gtc aac acc aca ctt tta ttc tct ggt 307
 Pro Thr Leu Thr Gly Phe Pro Val Asn Thr Thr Leu Leu Phe Ser Gly

 55 60 65
 ctg gga aca atc ctg ttc ctg ttg atc acc aga aac cga cta ccc tcg 355
 Leu Gly Thr Ile Leu Phe Leu Leu Ile Thr Arg Asn Arg Leu Pro Ser

 70 75 80 85
 tac ctg ggt agt tct ttt gct ttc att gca cct tta acc gca acc caa 403
 Tyr Leu Gly Ser Ser Phe Ala Phe Ile Ala Pro Leu Thr Ala Thr Gln

 90 95 100
 gtc cat ggc att ggc gtg cag atc ggt ggc att ctt gtc gca ggt ctc 451
 Val His Gly Ile Gly Val Gln Ile Gly Gly Ile Leu Val Ala Gly Leu

 105 110 115
 gtg ctc gtc gcc att gga ttt gtg gtg aaa gca gcg ggc aaa cgc gtt 499
 Val Leu Val Ala Ile Gly Phe Val Val Lys Ala Ala Gly Lys Arg Val

 120 125 130
 att gat gct gtc atg cca ccc gct gtc acc ggt gcg atc gtg gca ctc 547
 Ile Asp Ala Val Met Pro Pro Ala Val Thr Gly Ala Ile Val Ala Leu

 135 140 145
 atc ggc ctg aac ctg gca cca acc gcg gca gga aac ttc tcc agc caa 595

Ile Gly Leu Asn Leu Ala Pro Thr Ala Ala Gly Asn Phe Ser Ser Gln

150 155 160 165
cca ctg gtt gcc acg gcg acc ctc ttt gcc att ttg atc gct acc gtt 643
Pro Leu Val Ala Thr Ala Thr Leu Phe Ala Ile Leu Ile Ala Thr Val

170 175 180
gca ggc cgc gga atg att gct cgc ctg ggc att ttg atc ggt gtg gtg 691
Ala Gly Arg Gly Met Ile Ala Arg Leu Gly Ile Leu Ile Gly Val Val

185 190 195
atc ggc tgg gtt ttc gca gct atc acc ggc aac ctc tca gaa ggc gca 739
Ile Gly Trp Val Phe Ala Ala Ile Thr Gly Asn Leu Ser Glu Gly Ala

200 205 210
gca gac acc atc cgt gaa gca gca tgg ttc gga ctg cca cag ttc cac 787
Ala Asp Thr Ile Arg Glu Ala Ala Trp Phe Gly Leu Pro Gln Phe His

215 220 225
aag ccg gaa ttc cag ctc tct gcc att ttg gtg aca ctg cca gtc atc 835
Lys Pro Glu Phe Gln Leu Ser Ala Ile Leu Val Thr Leu Pro Val Ile

230 235 240 245
atc gtg ctc atc gct gaa aac gtc ggc cac gtc aaa gca gtc tca gag 883
Ile Val Leu Ile Ala Glu Asn Val Gly His Val Lys Ala Val Ser Glu

250 255 260
atg aca ggg gag gac ctc gac gac ctc gcc ggc gac gca ctt atc gca 931
Met Thr Gly Glu Asp Leu Asp Asp Leu Ala Gly Asp Ala Leu Ile Ala

265 270 275
gac gga ttc ggc acc acc ctc gca ggt gcc ttc ggt gga tcc ggc acc 979
Asp Gly Phe Gly Thr Thr Leu Ala Gly Ala Phe Gly Gly Ser Gly Thr

280 285 290
acc acc tac gca gaa aac atc ggc gtc atg gcg gcc acc cgc gta tat 1027
Thr Thr Tyr Ala Glu Asn Ile Gly Val Met Ala Ala Thr Arg Val Tyr

295 300 305
tcc acc get gcg tac tgg gtt gcc gcg tgc act gcc atc gcc ctt gcc 1075
Ser Thr Ala Ala Tyr Trp Val Ala Ala Cys Thr Ala Ile Ala Leu Ala

310 315 320 325
ttc atc ccc aaa ttc ggt gca ctg atc ttc acc atc ccc gcc ggc gtg 1123
Phe Ile Pro Lys Phe Gly Ala Leu Ile Phe Thr Ile Pro Ala Gly Val

330 335 340
ctg ggt ggg gca tgt ttg gtt ctt tac ggc cta atc ggt atg ctc ggc 1171
Leu Gly Gly Ala Cys Leu Val Leu Tyr Gly Leu Ile Gly Met Leu Gly

345 350 355
att cgt atc tgg caa gac aac aag gtc aac ttc aac aat cca gtg aat 1219
Ile Arg Ile Trp Gln Asp Asn Lys Val Asn Phe Asn Asn Pro Val Asn

360 365 370
ctg acc atg gct gcc gtt gct ttg gtt gca ggc att ggt aac ctc acc 1267

Leu Thr Met Ala Ala Val Ala Leu Val Ala Gly Ile Gly Asn Leu Thr

375 380 385
ctc acc gtt ttc gga gtc act ctt gaa ggc atc gca tgg gct ctg 1312
Leu Thr Val Phe Gly Val Thr Leu Glu Gly Ile Ala Trp Ala Leu

390 395 400
taggcacatc tctgctgtac cca 1335

<210> 622
<211> 404
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 622
Val Leu Val Thr Ser Thr Trp Gly Trp Thr Val His Gly Asp Gly Lys
1 5 10 15

Lys Ile Glu Pro Gly Ala Val Val Ala Pro Lys Glu Arg Leu Ser Trp
20 25 30

Gly Arg Thr Ile Gly Ile Gly Met Gln His Val Ile Ala Met Phe Gly
35 40 45

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

Leu Leu Phe Ser Gly Leu Gly Thr Ile Leu Phe Leu Leu Ile Thr Arg
65 70 75 80

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

Leu Thr Ala Thr Gln Val His Gly Ile Gly Val Gln Ile Gly Gly Ile
100 105 110

Leu Val Ala Gly Leu Val Leu Val Ala Ile Gly Phe Val Val Lys Ala
115 120 125

Ala Gly Lys Arg Val Ile Asp Ala Val Met Pro Pro Ala Val Thr Gly
130 135 140

Ala Ile Val Ala Leu Ile Gly Leu Asn Leu Ala Pro Thr Ala Ala Gly
145 150 155 160

Asn Phe Ser Ser Gln Pro Leu Val Ala Thr Ala Thr Leu Phe Ala Ile
165 170 175

Leu Ile Ala Thr Val Ala Gly Arg Gly Met Ile Ala Arg Leu Gly Ile
180 185 190

Leu Ile Gly Val Val Ile Gly Trp Val Phe Ala Ala Ile Thr Gly Asn
195 200 205

Leu Ser Glu Gly Ala Ala Asp Thr Ile Arg Glu Ala Ala Trp Phe Gly

210											215											220																											
Leu	Pro	Gln	Phe	His	Lys	Pro	Glu	Phe	Gln	Leu	Ser	Ala	Ile	Leu	Val	225											230											235											240
Thr	Leu	Pro	Val	Ile	Ile	Val	Leu	Ile	Ala	Glu	Asn	Val	Gly	His	Val	245											250											255											
Lys	Ala	Val	Ser	Glu	Met	Thr	Gly	Glu	Asp	Leu	Asp	Asp	Leu	Ala	Gly	260											265											270											
Asp	Ala	Leu	Ile	Ala	Asp	Gly	Phe	Gly	Thr	Thr	Leu	Ala	Gly	Ala	Phe	275											280											285											
Gly	Gly	Ser	Gly	Thr	Thr	Thr	Tyr	Ala	Glu	Asn	Ile	Gly	Val	Met	Ala	290											295											300											
Ala	Thr	Arg	Val	Tyr	Ser	Thr	Ala	Ala	Tyr	Trp	Val	Ala	Ala	Cys	Thr	305											310											315											320
Ala	Ile	Ala	Leu	Ala	Phe	Ile	Pro	Lys	Phe	Gly	Ala	Leu	Ile	Phe	Thr	325											330											335											
Ile	Pro	Ala	Gly	Val	Leu	Gly	Gly	Ala	Cys	Leu	Val	Leu	Tyr	Gly	Leu	340											345											350											
Ile	Gly	Met	Leu	Gly	Ile	Arg	Ile	Trp	Gln	Asp	Asn	Lys	Val	Asn	Phe	355											360											365											
Asn	Asn	Pro	Val	Asn	Leu	Thr	Met	Ala	Ala	Val	Ala	Leu	Val	Ala	Gly	370											375											380											
Ile	Gly	Asn	Leu	Thr	Leu	Thr	Val	Phe	Gly	Val	Thr	Leu	Glu	Gly	Ile	385											390											395											400

Ala Trp Ala Leu

<210> 623

<211> 2010

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

 $\langle 220 \rangle$

<221> CDS

<222> (101)..(1987)

<223> RXN02372

<400> 623

gacaatactg atggataaat ttcatatcga ggacgaaggg acaaccccg aacgcgtgac 60
aacatcaacc acaacccggg tgaaacatcc ggtagaccag gtg cca ccc gca ccc 115
Val Pro Pro Ala Pro

1 5
aaa ctt gca gcc cta ggg ctc caa cac gtt ctt gct ttc tac gca gga 163
Lys Leu Ala Ala Leu Gly Leu Gln His Val Leu Ala Phe Tyr Ala Gly

10	15	20	
gcc gtc att gtt ccg ctg ctg att gca cag tgc ctg aac ttg gac act	211		
Ala Val Ile Val Pro Leu Leu Ile Ala Gln Ser Leu Asn Leu Asp Thr			
25	30	35	
gcg acc acc att cac ctg att aac gct gac ttg ttg aca tgt ggc atc	259		
Ala Thr Thr Ile His Leu Ile Asn Ala Asp Leu Leu Thr Cys Gly Ile			
40	45	50	
gcc acg ttg att cag tct gtg ggc att ggt cgc cac att ggt gtg cgc	307		
Ala Thr Leu Ile Gln Ser Val Gly Ile Gly Arg His Ile Gly Val Arg			
55	60	65	
cta ccg atc gtt caa ggt gtc acc act act gct gtt gct ccc atc atc	355		
Leu Pro Ile Val Gln Gly Val Thr Thr Thr Ala Val Ala Pro Ile Ile			
70	75	80	85
gcc att ggt ttg ggc gtt act gat ggt caa ggt ggc gtt gcg tgc ctg	403		
Ala Ile Gly Leu Gly Val Thr Asp Gly Gln Gly Gly Val Ala Ser Leu			
90	95	100	
cct gcc att tac ggt gca gtc att gtc tcc ggc att ttc acg ttc ttt	451		
Pro Ala Ile Tyr Gly Ala Val Ile Val Ser Gly Ile Phe Thr Phe Phe			
105	110	115	
gca gcg ccg gtg ttt gcg cgt ttc ctc aag ttc ttc cca cca gtt gtc	499		
Ala Ala Pro Val Phe Ala Arg Phe Leu Lys Phe Phe Pro Pro Val Val			
120	125	130	
acc ggt act gtg ctg ttg gtt atg ggt gct tcc ctg ctg tgc gta tct	547		
Thr Gly Thr Val Leu Leu Val Met Gly Ala Ser Leu Leu Ser Val Ser			
135	140	145	
gca aat gac ttt gtg aac tac gcc gat ggg gtg cct gct gcc cgc gat	595		
Ala Asn Asp Phe Val Asn Tyr Ala Asp Gly Val Pro Ala Ala Arg Asp			
150	155	160	165
ctt gct tac ggt ttt ggc acc ttg gcg gtg atc att ttg gcg cag cgc	643		
Leu Ala Tyr Gly Phe Gly Thr Leu Ala Val Ile Ile Leu Ala Gln Arg			
170	175	180	
ttc ttc cgt gga ttc atg ggc acc ttg gct gtg ttg atc ggc ctg gtt	691		
Phe Phe Arg Gly Phe Met Gly Thr Leu Ala Val Leu Ile Gly Leu Val			
185	190	195	
ggt ggc acc gca gtt gct ctg atc ttg ggc gat gcc aac ttg gat gag	739		
Gly Gly Thr Ala Val Ala Leu Ile Leu Gly Asp Ala Asn Leu Asp Glu			
200	205	210	
gtg gga aat gct gaa gcg ttc gac atc acc act ccg ttt tat ttt ggt	787		
Val Gly Asn Ala Glu Ala Phe Asp Ile Thr Thr Pro Phe Tyr Phe Gly			
215	220	225	
gtt cca gaa ttt aac gct gtt gcc att ttc tcc atg att atc gtc atg	835		

Val Pro Glu Phe Asn Ala Val Ala Ile Phe Ser Met Ile Ile Val Met

230 235 240 245
atc atc acc atg gtg gag acc acc ggt gat gtg ttt gca acg ggg gaa 883
Ile Ile Thr Met Val Glu Thr Thr Gly Asp Val Phe Ala Thr Gly Glu

250 255 260
atc gtc ggc aag cga act cgc cgc agt gat gtc acc cgc gca ctg cgc 931
Ile Val Gly Lys Arg Thr Arg Arg Ser Asp Val Thr Arg Ala Leu Arg

265 270 275
gct gac ggc ctg tcc acc ctg atg ggt ggc gtc atg aac tcc ttc ccg 979
Ala Asp Gly Leu Ser Thr Leu Met Gly Gly Val Met Asn Ser Phe Pro

280 285 290
tac acg tgc ttc gcg caa aac gtt ggc ctg gtg cgc atc acg ggc gtg 1027
Tyr Thr Cys Phe Ala Gln Asn Val Gly Leu Val Arg Ile Thr Gly Val

295 300 305
aaa tct cgc tgg gtt gcg gca gct gct gcc ggc ttc atg atc atc ctc 1075
Lys Ser Arg Trp Val Ala Ala Ala Ala Ala Gly Phe Met Ile Ile Leu

310 315 320 325
ggt gtg ctg ccc aag gct ggc gcg atc gtc gct tcc atc cct tcc cca 1123
Gly Val Leu Pro Lys Ala Gly Ala Ile Val Ala Ser Ile Pro Ser Pro

330 335 340
gtc ctc ggt ggc gca tcc ttg gca ctg ttc gcc aac gtt gca tgg gtg 1171
Val Leu Gly Gly Ala Ser Leu Ala Leu Phe Ala Asn Val Ala Trp Val

345 350 355
ggc atc cag acc atc gcc aag tct gac ctc gct gat agc cgc aac tcc 1219
Gly Ile Gln Thr Ile Ala Lys Ser Asp Leu Ala Asp Ser Arg Asn Ser

360 365 370
gtc atc gtg acc tcc gca ctt ggc cta gcc atg ctg gtg tcc ttc cgc 1267
Val Ile Val Thr Ser Ala Leu Gly Leu Ala Met Leu Val Ser Phe Arg

375 380 385
ccc gat gtt gct cag gcg ttc cct gag tgg gcg cgt atc ttc gtc tcc 1315
Pro Asp Val Ala Gln Ala Phe Pro Glu Trp Ala Arg Ile Phe Val Ser

390 395 400 405
tcc ggc atg tcc gtc ggc gcg atc acc gcg atc ctg ctt aac ctg ctg 1363
Ser Gly Met Ser Val Gly Ala Ile Thr Ala Ile Leu Leu Asn Leu Leu

410 415 420
ttc ttc cac gtc gga cgc caa tcc ggt gga caa gtc gct acc tca aaa 1411
Phe Phe His Val Gly Arg Gln Ser Gly Gly Gln Val Ala Thr Ser Lys

425 430 435
tcc ggt gag cgc atc aat ttg gat gcg gtc aac aag atg gat cgc acc 1459
Ser Gly Glu Arg Ile Asn Leu Asp Ala Val Asn Lys Met Asp Arg Thr

440 445 450
gac ttc gta gaa acc ttc gca ccg ctg ttc aac agc aag acc tgg cct 1507

Asp Phe Val Glu Thr Phe Ala Pro Leu Phe Asn Ser Lys Thr Trp Pro

455 460 465
 ttg gaa acc gca tgg gaa tcc cag cca ttc gcc aac gtc acg gaa ctg 1555
 Leu Glu Thr Ala Trp Glu Ser Gln Pro Phe Ala Asn Val Thr Glu Leu

470 475 480 485
 cgc gaa gcc atc caa gtc gct gtg ctc acc gca ccg ttg tcc gac cgc 1603
 Arg Glu Ala Ile Gln Val Ala Val Leu Thr Ala Pro Leu Ser Asp Arg

490 495 500
 gaa gag ctc atc cac gac tac ccc gac atg gca cag ctc att ttg gcc 1651
 Glu Glu Leu Ile His Asp Tyr Pro Asp Met Ala Gln Leu Ile Leu Ala

505 510 515
 acc gaa gag gaa gcc gcc acc atc tct caa gac cgt ggt tcg atc ggt 1699
 Thr Glu Glu Glu Ala Ala Thr Ile Ser Gln Asp Arg Gly Ser Ile Gly

520 525 530
 ctt gat gat ctc gat gac gtg gat caa gaa aag ctc atc acc gtc acc 1747
 Leu Asp Asp Leu Asp Asp Val Asp Gln Glu Lys Leu Ile Thr Val Thr

535 540 545
 gag cag tac cgc gaa cgg ttc aac atg ccg tat gtt gcg tac ttc gac 1795
 Glu Gln Tyr Arg Glu Arg Phe Asn Met Pro Tyr Val Ala Tyr Phe Asp

550 555 560 565
 acc atg gat tct gtg gat acc gtc gta gcc gcc ggc ttg cgc cgc ctc 1843
 Thr Met Asp Ser Val Asp Thr Val Val Ala Ala Gly Leu Arg Arg Leu

570 575 580
 gac aac tcc gac gag cag gag cac cgc caa gcg cta tcg gaa atc att 1891
 Asp Asn Ser Asp Glu Gln Glu His Arg Gln Ala Leu Ser Glu Ile Ile

585 590 595
 gag att gcc aat gac cgc ttc gat ata ttg ctt gcc gac gct aac cca 1939
 Glu Ile Ala Asn Asp Arg Phe Asp Ile Leu Leu Ala Asp Ala Asn Pro

600 605 610
 gcc cgt tca get ttc gat cgc aag ttt acc gag act gac ttc ctc ggc 1987
 Ala Arg Ser Ala Phe Asp Arg Lys Phe Thr Glu Thr Asp Phe Leu Gly

615 620 625
 taaaacacca aaaacaaatt aag 2010

<210> 624

<211> 629

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 624

Val Pro Pro Ala Pro Lys Leu Ala Ala Leu Gly Leu Gln His Val Leu

1	5	10	15
Ala Phe Tyr	Ala Gly Ala Val	Ile Val Pro Leu Leu	Ile Ala Gln Ser
	20	25	30
Leu Asn Leu	Asp Thr Ala Thr	Thr Ile His Leu	Ile Asn Ala Asp Leu
	35	40	45
Leu Thr Cys	Gly Ile Ala Thr	Leu Ile Gln Ser	Val Gly Ile Gly Arg
	50	55	60
His Ile Gly	Val Arg Leu Pro	Ile Val Gln Gly	Val Thr Thr Thr Ala
	65	70	75
Val Ala Pro	Ile Ile Ala Ile	Gly Leu Gly Val	Thr Asp Gly Gln Gly
	85	90	95
Gly Val Ala	Ser Leu Pro Ala	Ile Tyr Gly Ala	Val Ile Val Ser Gly
	100	105	110
Ile Phe Thr	Phe Phe Ala Ala	Pro Val Phe Ala	Arg Phe Leu Lys Phe
	115	120	125
Phe Pro Pro	Val Val Thr Gly	Thr Val Leu Leu	Val Met Gly Ala Ser
	130	135	140
Leu Leu Ser	Val Ser Ala Asn	Asp Phe Val Asn	Tyr Ala Asp Gly Val
	145	150	155
Pro Ala Ala	Arg Asp Leu Ala	Tyr Gly Phe Gly	Thr Leu Ala Val Ile
	165	170	175
Ile Leu Ala	Gln Arg Phe Phe	Arg Gly Phe Met	Gly Thr Leu Ala Val
	180	185	190
Leu Ile Gly	Leu Val Gly Gly	Thr Ala Val Ala	Leu Ile Leu Gly Asp
	195	200	205
Ala Asn Leu	Asp Glu Val Gly	Asn Ala Glu Ala	Phe Asp Ile Thr Thr
	210	215	220
Pro Phe Tyr	Phe Gly Val Pro	Glu Phe Asn Ala	Val Ala Ile Phe Ser
	225	230	235
Met Ile Ile	Val Met Ile Ile	Thr Met Val Glu	Thr Thr Gly Asp Val
	245	250	255
Phe Ala Thr	Gly Glu Ile Val	Gly Lys Arg Thr	Arg Arg Ser Asp Val
	260	265	270
Thr Arg Ala	Leu Arg Ala Asp	Gly Leu Ser Thr	Leu Met Gly Gly Val
	275	280	285
Met Asn Ser	Phe Pro Tyr Thr	Cys Phe Ala Gln	Asn Val Gly Leu Val
	290	295	300
Arg Ile Thr	Gly Val Lys Ser	Arg Trp Val Ala	Ala Ala Ala Ala Gly
	305	310	315
			320

Phe Met Ile Ile Leu Gly Val Leu Pro Lys Ala Gly Ala Ile Val Ala
 325 330 335
 Ser Ile Pro Ser Pro Val Leu Gly Gly Ala Ser Leu Ala Leu Phe Ala
 340 345 350
 Asn Val Ala Trp Val Gly Ile Gln Thr Ile Ala Lys Ser Asp Leu Ala
 355 360 365
 Asp Ser Arg Asn Ser Val Ile Val Thr Ser Ala Leu Gly Leu Ala Met
 370 375 380
 Leu Val Ser Phe Arg Pro Asp Val Ala Gln Ala Phe Pro Glu Trp Ala
 385 390 395 400
 Arg Ile Phe Val Ser Ser Gly Met Ser Val Gly Ala Ile Thr Ala Ile
 405 410 415
 Leu Leu Asn Leu Leu Phe Phe His Val Gly Arg Gln Ser Gly Gly Gln
 420 425 430
 Val Ala Thr Ser Lys Ser Gly Glu Arg Ile Asn Leu Asp Ala Val Asn
 435 440 445
 Lys Met Asp Arg Thr Asp Phe Val Glu Thr Phe Ala Pro Leu Phe Asn
 450 455 460
 Ser Lys Thr Trp Pro Leu Glu Thr Ala Trp Glu Ser Gln Pro Phe Ala
 465 470 475 480
 Asn Val Thr Glu Leu Arg Glu Ala Ile Gln Val Ala Val Leu Thr Ala
 485 490 495
 Pro Leu Ser Asp Arg Glu Glu Leu Ile His Asp Tyr Pro Asp Met Ala
 500 505 510
 Gln Leu Ile Leu Ala Thr Glu Glu Glu Ala Ala Thr Ile Ser Gln Asp
 515 520 525
 Arg Gly Ser Ile Gly Leu Asp Asp Leu Asp Asp Val Asp Gln Glu Lys
 530 535 540
 Leu Ile Thr Val Thr Glu Gln Tyr Arg Glu Arg Phe Asn Met Pro Tyr
 545 550 555 560
 Val Ala Tyr Phe Asp Thr Met Asp Ser Val Asp Thr Val Val Ala Ala
 565 570 575
 Gly Leu Arg Arg Leu Asp Asn Ser Asp Glu Gln Glu His Arg Gln Ala
 580 585 590
 Leu Ser Glu Ile Ile Glu Ile Ala Asn Asp Arg Phe Asp Ile Leu Leu
 595 600 605
 Ala Asp Ala Asn Pro Ala Arg Ser Ala Phe Asp Arg Lys Phe Thr Glu
 610 615 620
 Thr Asp Phe Leu Gly

625

<210> 625

<211> 578

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(555)

<223> FRXA02372

<400> 625

gat gcg gtc aac aag atg gat cgc acc gac ttc gta gaa acc ttc gca 48
Asp Ala Val Asn Lys Met Asp Arg Thr Asp Phe Val Glu Thr Phe Ala

1 5 10 15
ccg ctg ttc aac agc aag acc tgg cct ttg gaa acc gca tgg gaa tcc 96
Pro Leu Phe Asn Ser Lys Thr Trp Pro Leu Glu Thr Ala Trp Glu Ser

20 25 30
cag cca ttc gcc aac gtc acg gaa ctg cgc gaa gcc atc caa gtc gct 144
Gln Pro Phe Ala Asn Val Thr Glu Leu Arg Glu Ala Ile Gln Val Ala

35 40 45
gtg ctc acc gca ccg ttg tcc gac cgc gaa gag ctc atc cac gac tac 192
Val Leu Thr Ala Pro Leu Ser Asp Arg Glu Glu Leu Ile His Asp Tyr

50 55 60
ccc gac atg gca cag ctc att ttg gcc acc gaa gag gaa gcc gcc acc 240
Pro Asp Met Ala Gln Leu Ile Leu Ala Thr Glu Glu Glu Ala Ala Thr

65 70 75 80
atc tct caa gac cgt ggt tcg atc ggt ctt gat gat ctc gat gac gtg 288
Ile Ser Gln Asp Arg Gly Ser Ile Gly Leu Asp Asp Leu Asp Asp Val

85 90 95
gat caa gaa aag ctc atc acc gtc acc gag cag tac cgc gaa cgg ttc 336
Asp Gln Glu Lys Leu Ile Thr Val Thr Glu Gln Tyr Arg Glu Arg Phe

100 105 110
aac atg ccg tat gtt gcg tac ttc gac acc atg gat tct gtg gat acc 384
Asn Met Pro Tyr Val Ala Tyr Phe Asp Thr Met Asp Ser Val Asp Thr

115 120 125
gtc gta gcc gcc ggc ttg cgc cgc ctc gac aac tcc gac gag cag gag 432
Val Val Ala Ala Gly Leu Arg Arg Leu Asp Asn Ser Asp Glu Gln Glu

130 135 140
cac cgc caa gcg cta tcg gaa atc att gag att gcc aat gac cgc ttc 480
His Arg Gln Ala Leu Ser Glu Ile Ile Glu Ile Ala Asn Asp Arg Phe

145 150 155 160
gat ata ttg ctt gcc gac gct aac cca gcc cgt tca gct ttc gat cgc 528

Asp Ile Leu Leu Ala Asp Ala Asn Pro Ala Arg Ser Ala Phe Asp Arg

165 170 175
aag ttt acc gag act gac ttc ctc ggc taaaacacca aaaacaaatt 575
Lys Phe Thr Glu Thr Asp Phe Leu Gly

180 185
aag 578

<210> 626
<211> 185
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 626
Asp Ala Val Asn Lys Met Asp Arg Thr Asp Phe Val Glu Thr Phe Ala
1 5 10 15

Pro Leu Phe Asn Ser Lys Thr Trp Pro Leu Glu Thr Ala Trp Glu Ser
20 25 30

Gln Pro Phe Ala Asn Val Thr Glu Leu Arg Glu Ala Ile Gln Val Ala
35 40 45

Val Leu Thr Ala Pro Leu Ser Asp Arg Glu Glu Leu Ile His Asp Tyr
50 55 60

Pro Asp Met Ala Gln Leu Ile Leu Ala Thr Glu Glu Glu Ala Ala Thr
65 70 75 80

Ile Ser Gln Asp Arg Gly Ser Ile Gly Leu Asp Asp Leu Asp Asp Val
85 90 95

Asp Gln Glu Lys Leu Ile Thr Val Thr Glu Gln Tyr Arg Glu Arg Phe
100 105 110

Asn Met Pro Tyr Val Ala Tyr Phe Asp Thr Met Asp Ser Val Asp Thr
115 120 125

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

His Arg Gln Ala Leu Ser Glu Ile Ile Glu Ile Ala Asn Asp Arg Phe
145 150 155 160

Asp Ile Leu Leu Ala Asp Ala Asn Pro Ala Arg Ser Ala Phe Asp Arg
165 170 175

Lys Phe Thr Glu Thr Asp Phe Leu Gly
180 185

<210> 627
<211> 1314
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1291)

<223> FRXA02377

<400> 627

gacaatactg atggataaat ttcatatcga ggacgaaggg acaaccccga acgccgtgac 60
aacatcaacc acaacccggg tgaacatcc ggtagaccag gtg cca ccc gca ccc 115
Val Pro Pro Ala Pro

1 5
aaa ctt gca gcc cta ggg ctc caa cac gtt ctt gct ttc tac gca gga 163
Lys Leu Ala Ala Leu Gly Leu Gln His Val Leu Ala Phe Tyr Ala Gly

10 15 20
gcc gtc att gtt ccg ctg ctg att gca cag tcg ctg aac ttg gac act 211
Ala Val Ile Val Pro Leu Leu Ile Ala Gln Ser Leu Asn Leu Asp Thr

25 30 35
gcg acc acc att cac ctg att aac gct gac ttg ttg aca tgt ggc atc 259
Ala Thr Thr Ile His Leu Ile Asn Ala Asp Leu Leu Thr Cys Gly Ile

40 45 50
gcc acg ttg att cag tct gtg ggc att ggt cgc cac att ggt gtg cgc 307
Ala Thr Leu Ile Gln Ser Val Gly Ile Gly Arg His Ile Gly Val Arg

55 60 65
cta ccg atc gtt caa ggt gtc acc act act gct gtt gct ccc atc atc 355
Leu Pro Ile Val Gln Gly Val Thr Thr Thr Ala Val Ala Pro Ile Ile

70 75 80 85
gcc att ggt ttg ggc gtt act gat ggt caa ggt ggc gtt gcg tcg ctg 403
Ala Ile Gly Leu Gly Val Thr Asp Gly Gln Gly Gly Val Ala Ser Leu

90 95 100
cct gcc att tac ggt gca gtc att gtc tcc ggc att ttc acg ttc ttt 451
Pro Ala Ile Tyr Gly Ala Val Ile Val Ser Gly Ile Phe Thr Phe Phe

105 110 115
gca gcg ccg gtg ttt gcg cgt ttc ctc aag ttc ttc cca cca gtt gtc 499
Ala Ala Pro Val Phe Ala Arg Phe Leu Lys Phe Phe Pro Pro Val Val

120 125 130
acc ggt act gtg ctg ttg gtt atg ggt gct tcc ctg ctg tcg gta tct 547
Thr Gly Thr Val Leu Leu Val Met Gly Ala Ser Leu Leu Ser Val Ser

135 140 145
gca aat gac ttt gtg aac tac gcc gat ggg gtg cct gct gcc cgc gat 595
Ala Asn Asp Phe Val Asn Tyr Ala Asp Gly Val Pro Ala Ala Arg Asp

150 155 160 165
ctt gct tac ggt ttt ggc acc ttg gcg gtg atc att ttg gcg cag cgc 643

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

170 175 180
 ttc ttc cgt gga ttc atg ggc acc ttg gct gtg ttg atc ggc ctg gtt 691
 Phe Phe Arg Gly Phe Met Gly Thr Leu Ala Val Leu Ile Gly Leu Val

185 190 195
 ggt ggc acc gca gtt gct ctg atc ttg ggc gat gcc aac ttg gat gag 739
 Gly Gly Thr Ala Val Ala Leu Ile Leu Gly Asp Ala Asn Leu Asp Glu

200 205 210
 gtg gga aat gct gaa gcg ttc gac atc acc act ccg ttt tat ttt ggt 787
 Val Gly Asn Ala Glu Ala Phe Asp Ile Thr Thr Pro Phe Tyr Phe Gly

215 220 225
 gtt cca gaa ttt aac gct gtt gcc att ttc tcc atg att atc gtc atg 835
 Val Pro Glu Phe Asn Ala Val Ala Ile Phe Ser Met Ile Ile Val Met

230 235 240 245
 atc atc acc atg gtg gag acc acc ggt gat gtg ttt gca acg ggg gaa 883
 Ile Ile Thr Met Val Glu Thr Thr Gly Asp Val Phe Ala Thr Gly Glu

250 255 260
 atc gtc ggc aag cga act cgc cgc agt gat gtc acc cgc gca ctg cgc 931
 Ile Val Gly Lys Arg Thr Arg Arg Ser Asp Val Thr Arg Ala Leu Arg

265 270 275
 gct gac ggc ctg tcc acc ctg atg ggt ggc gtc atg aac tcc ttc ccg 979
 Ala Asp Gly Leu Ser Thr Leu Met Gly Gly Val Met Asn Ser Phe Pro

280 285 290
 tac acg tgc ttc gcg caa aac gtt ggc ctg gtg cgc atc acg ggc gtg 1027
 Tyr Thr Cys Phe Ala Gln Asn Val Gly Leu Val Arg Ile Thr Gly Val

295 300 305
 aaa tct cgc tgg gtt gcg gca gct gct gcc ggc ttc atg atc atc ctc 1075
 Lys Ser Arg Trp Val Ala Ala Ala Ala Ala Gly Phe Met Ile Ile Leu

310 315 320 325
 ggt gtg ctg ccc aag gct ggc gcg atc gtc gct tcc atc cct tcc cca 1123
 Gly Val Leu Pro Lys Ala Gly Ala Ile Val Ala Ser Ile Pro Ser Pro

330 335 340
 gtc ctc ggt ggc gca tcc ttg gca ctg ttc gcc aac gtt gca tgg gtg 1171
 Val Leu Gly Gly Ala Ser Leu Ala Leu Phe Ala Asn Val Ala Trp Val

345 350 355
 ggc atc cag acc atc gcc aag tct gac ctc gct gat agc cgc aac tcc 1219
 Gly Ile Gln Thr Ile Ala Lys Ser Asp Leu Ala Asp Ser Arg Asn Ser

360 365 370
 gtc atc gtg acc tcc gca ctt ggc cta gcc atg ctg gtg tcc ttc cgc 1267
 Val Ile Val Thr Ser Ala Leu Gly Leu Ala Met Leu Val Ser Phe Arg

375 380 385
 ccc gat gtt gct caa ggc gtt ccc tgagtgggcg cgtatcttcg tct 1314

Pro Asp Val Ala Gln Gly Val Pro

390 395

<210> 628

<211> 397

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 628

Val Pro Pro Ala Pro Lys Leu Ala Ala Leu Gly Leu Gln His Val Leu
1 5 10 15

Ala Phe Tyr Ala Gly Ala Val Ile Val Pro Leu Leu Ile Ala Gln Ser
20 25 30

Leu Asn Leu Asp Thr Ala Thr Thr Ile His Leu Ile Asn Ala Asp Leu
35 40 45

Leu Thr Cys Gly Ile Ala Thr Leu Ile Gln Ser Val Gly Ile Gly Arg
50 55 60

His Ile Gly Val Arg Leu Pro Ile Val Gln Gly Val Thr Thr Thr Ala
65 70 75 80

Val Ala Pro Ile Ile Ala Ile Gly Leu Gly Val Thr Asp Gly Gln Gly
85 90 95

Gly Val Ala Ser Leu Pro Ala Ile Tyr Gly Ala Val Ile Val Ser Gly
100 105 110

Ile Phe Thr Phe Phe Ala Ala Pro Val Phe Ala Arg Phe Leu Lys Phe
115 120 125

Phe Pro Pro Val Val Thr Gly Thr Val Leu Leu Val Met Gly Ala Ser
130 135 140

Leu Leu Ser Val Ser Ala Asn Asp Phe Val Asn Tyr Ala Asp Gly Val
145 150 155 160

Pro Ala Ala Arg Asp Leu Ala Tyr Gly Phe Gly Thr Leu Ala Val Ile
165 170 175

Ile Leu Ala Gln Arg Phe Phe Arg Gly Phe Met Gly Thr Leu Ala Val
180 185 190

Leu Ile Gly Leu Val Gly Gly Thr Ala Val Ala Leu Ile Leu Gly Asp
195 200 205

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

Pro Phe Tyr Phe Gly Val Pro Glu Phe Asn Ala Val Ala Ile Phe Ser
225 230 235 240

Met Ile Ile Val Met Ile Ile Thr Met Val Glu Thr Thr Gly Asp Val

[illegible]

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

40 45 50
gtc acc gca gta gtg gac act ctc ctt gac ggt ttt ggt aaa aca ctc 307
Val Thr Ala Val Val Asp Thr Leu Leu Asp Gly Phe Gly Lys Thr Leu

55 60 65
gcc tcg gtc gcc cta ttg gta ggc ctg ggt gcc atg ctt ggt cga ttg 355
Ala Ser Val Ala Leu Leu Val Gly Leu Gly Ala Met Leu Gly Arg Leu

70 75 80 85
gtt gaa aca tcc ggt ggc gca aaa tct cta gcc gac act atg gtg cga 403
Val Glu Thr Ser Gly Gly Ala Lys Ser Leu Ala Asp Thr Met Val Arg

90 95 100
atc ttc ggt gaa aaa cga gca gct ttc gca ctc ggt gtc gca tcg ctg 451
Ile Phe Gly Glu Lys Arg Ala Ala Phe Ala Leu Gly Val Ala Ser Leu

105 110 115
atc atg gga ttc cct atc ttc ttc gat gct ggc ctc gtg gtc atg ctc 499
Ile Met Gly Phe Pro Ile Phe Phe Asp Ala Gly Leu Val Val Met Leu

120 125 130
cca gtg atc ttc gca gta gct cga cgc ctc aac ggc tcc gtc ctt act 547
Pro Val Ile Phe Ala Val Ala Arg Arg Leu Asn Gly Ser Val Leu Thr

135 140 145
ttt ggt atc cct gca gct ggc gcc ttc tct gtc atg cac gtg ttc gtc 595
Phe Gly Ile Pro Ala Ala Gly Ala Phe Ser Val Met His Val Phe Val

150 155 160 165
cca cct cac cca ggc cca att gca gcc tct gaa ttc ttc ggc gca caa 643
Pro Pro His Pro Gly Pro Ile Ala Ala Ser Glu Phe Phe Gly Ala Gln

170 175 180
gtt gga tac gta cta atc gct ggc atc atc gtt gca cta ccc acc tgg 691
Val Gly Tyr Val Leu Ile Ala Gly Ile Ile Val Ala Leu Pro Thr Trp

185 190 195
tat tta acc ggt tac ctg cta ggt aag ttc tta ggc cga aag ttc ccc 739
Tyr Leu Thr Gly Tyr Leu Leu Gly Lys Phe Leu Gly Arg Lys Phe Pro

200 205 210
ctt ccc gta ccc gat cta ctc agt ggt gga gca cag gaa gat gat cag 787
Leu Pro Val Pro Asp Leu Leu Ser Gly Gly Ala Gln Glu Asp Asp Gln

215 220 225
cct cag aac cca gct aac gca gtg tcg atc att gtc att ttg ctc att 835
Pro Gln Asn Pro Ala Asn Ala Val Ser Ile Ile Val Ile Leu Leu Ile

230 235 240 245
cct atg ctc ctt att ttt ggc aat acc gga aca tca atg gca gtt tcc 883
Pro Met Leu Leu Ile Phe Gly Asn Thr Gly Thr Ser Met Ala Val Ser

250 255 260
gcc ggc ctc cta gat gca gaa tcc acc atg gtg aaa att cta gga ttc 931

Ala Gly Leu Leu Asp Ala Glu Ser Thr Met Val Lys Ile Leu Gly Phe

265 270 275
ctc ggc gaa aca cca gtg gca ctg ctc att acc ttg atc att gcc ctg 979
Leu Gly Glu Thr Pro Val Ala Leu Leu Ile Thr Leu Ile Ile Ala Leu

280 285 290
ttc ttc cta ggc aac cga cgt ggc att aat ggt tct gct cta gag aaa 1027
Phe Phe Leu Gly Asn Arg Arg Gly Ile Asn Gly Ser Ala Leu Glu Lys

295 300 305
acc atc gaa ggc gca ctc ggc cca atc tgt tca gtc gta tta atc act 1075
Thr Ile Glu Gly Ala Leu Gly Pro Ile Cys Ser Val Val Leu Ile Thr

310 315 320 325
ggc gcc ggt ggc atg ttc ggt gga gtg cta cgc acg tct gga att gga 1123
Gly Ala Gly Gly Met Phe Gly Gly Val Leu Arg Thr Ser Gly Ile Gly

330 335 340
gga gcg ctt gca gac tcc atg gca gat cta gga ctt cca gtt atc gca 1171
Gly Ala Leu Ala Asp Ser Met Ala Asp Leu Gly Leu Pro Val Ile Ala

345 350 355
ggc tgt ttc atc gtg gca gcc gtc ctt cgt gtc gcg cag ggt tct gcc 1219
Gly Cys Phe Ile Val Ala Ala Val Leu Arg Val Ala Gln Gly Ser Ala

360 365 370
acc gtt gcg cta acc acc gcc gca gca ctc atg gca cct gct gtt gcc 1267
Thr Val Ala Leu Thr Thr Ala Ala Ala Leu Met Ala Pro Ala Val Ala

375 380 385
gct gct gac ttt aac gaa ttc cag ctt gct gcc atc gtt att tcc act 1315
Ala Ala Asp Phe Asn Glu Phe Gln Leu Ala Ala Ile Val Ile Ser Thr

390 395 400 405
gcc gct ggt tct gtt att gcc agc cac gtc aac gac tcc gga ttc tgg 1363
Ala Ala Gly Ser Val Ile Ala Ser His Val Asn Asp Ser Gly Phe Trp

410 415 420
ctc gtt ggt cga ctc atg aac gcc gac gta ccc acc acg cta aaa act 1411
Leu Val Gly Arg Leu Met Asn Ala Asp Val Pro Thr Thr Leu Lys Thr

425 430 435
tgg acc gta aac caa acc tgc att gcg att gtg gga ttt gtg atg gcc 1459
Trp Thr Val Asn Gln Thr Cys Ile Ala Ile Val Gly Phe Val Met Ala

440 445 450
tat gca atg ttc gga ttg gca tcg ctt gca tagtccgctg accccattga 1509
Tyr Ala Met Phe Gly Leu Ala Ser Leu Ala

455 460
ttc 1512

<210> 630

<211> 463
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 630

```

Met Asp Thr Trp Glu Gln Thr Leu Gly Thr Gly Pro Leu Leu Gly Ile
 1           5           10          15

Ala Ala Gly Ala Ile Ala Leu Ile Leu Val Leu Val Ile Val Phe Lys
      20           25           30

Leu His Ala Phe Leu Thr Leu Ile Leu Val Ser Ile Val Thr Ala Leu
      35           40           45

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

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

Met Leu Gly Arg Leu Val Glu Thr Ser Gly Gly Ala Lys Ser Leu Ala
      85           90           95

Asp Thr Met Val Arg Ile Phe Gly Glu Lys Arg Ala Ala Phe Ala Leu
      100          105          110

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

Leu Val Val Met Leu Pro Val Ile Phe Ala Val Ala Arg Arg Leu Asn
      130          135          140

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

Met His Val Phe Val Pro Pro His Pro Gly Pro Ile Ala Ala Ser Glu
      165          170          175

Phe Phe Gly Ala Gln Val Gly Tyr Val Leu Ile Ala Gly Ile Ile Val
      180          185          190

Ala Leu Pro Thr Trp Tyr Leu Thr Gly Tyr Leu Leu Gly Lys Phe Leu
      195          200          205

Gly Arg Lys Phe Pro Leu Pro Val Pro Asp Leu Leu Ser Gly Gly Ala
      210          215          220

Gln Glu Asp Asp Gln Pro Gln Asn Pro Ala Asn Ala Val Ser Ile Ile
      225          230          235          240

Val Ile Leu Leu Ile Pro Met Leu Leu Ile Phe Gly Asn Thr Gly Thr
      245          250          255

Ser Met Ala Val Ser Ala Gly Leu Leu Asp Ala Glu Ser Thr Met Val
      260          265          270

Lys Ile Leu Gly Phe Leu Gly Glu Thr Pro Val Ala Leu Leu Ile Thr
    
```

275 280 285
 Leu Ile Ile Ala Leu Phe Phe Leu Gly Asn Arg Arg Gly Ile Asn Gly
 290 295 300
 Ser Ala Leu Glu Lys Thr Ile Glu Gly Ala Leu Gly Pro Ile Cys Ser
 305 310 315 320
 Val Val Leu Ile Thr Gly Ala Gly Gly Met Phe Gly Gly Val Leu Arg
 325 330 335
 Thr Ser Gly Ile Gly Gly Ala Leu Ala Asp Ser Met Ala Asp Leu Gly
 340 345 350
 Leu Pro Val Ile Ala Gly Cys Phe Ile Val Ala Ala Val Leu Arg Val
 355 360 365
 Ala Gln Gly Ser Ala Thr Val Ala Leu Thr Thr Ala Ala Ala Leu Met
 370 375 380
 Ala Pro Ala Val Ala Ala Ala Asp Phe Asn Glu Phe Gln Leu Ala Ala
 385 390 395 400
 Ile Val Ile Ser Thr Ala Ala Gly Ser Val Ile Ala Ser His Val Asn
 405 410 415
 Asp Ser Gly Phe Trp Leu Val Gly Arg Leu Met Asn Ala Asp Val Pro
 420 425 430
 Thr Thr Leu Lys Thr Trp Thr Val Asn Gln Thr Cys Ile Ala Ile Val
 435 440 445
 Gly Phe Val Met Ala Tyr Ala Met Phe Gly Leu Ala Ser Leu Ala
 450 455 460
 <210> 631
 <211> 1608
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum
 <220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1585)
 <223> RXN00432
 <400> 631
 agctaactcg ccttgcttta cacctccggg ctataacaat ccagtgccag tggctaggga 60
 tttaactaaaa atcgggtaac acgcgcgtag tatitttcgc atg gaa tta ttg gag 115
 Met Glu Leu Leu Glu
 1 5
 acc ttc atc act gat gtc att aat gac aat ttg tgg atg atc ttg ccc 163
 Thr Phe Ile Thr Asp Val Ile Asn Asp Asn Leu Trp Met Ile Leu Pro
 10 15 20
 ttc ttg ctc gtt gct gct ggc ctc tat ttc ggt ggg cgt acg ttg ctg 211

Phe Leu Leu Val Ala Ala Gly Leu Tyr Phe Gly Gly Arg Thr Leu Leu

25 30 35
gtt cag att cgg atg att ccg gag atg ttc aaa gcg gtc gtc gag aag 259
Val Gln Ile Arg Met Ile Pro Glu Met Phe Lys Ala Val Val Glu Lys

40 45 50
cct gcg aag gat ggg gag ttc gcg gac aag cag gac att tcg gct ttt 307
Pro Ala Lys Asp Gly Glu Phe Ala Asp Lys Gln Asp Ile Ser Ala Phe

55 60 65
aag gcg ttc acg att tct gcg gcg tcg cga gtt ggt acg gcg aat gtt 355
Lys Ala Phe Thr Ile Ser Ala Ala Ser Arg Val Gly Thr Ala Asn Val

70 75 80 85
gcg ggt gtt gcg ctg gcg atc act ctg ggt gga ccg ggt gca gtg ttc 403
Ala Gly Val Ala Leu Ala Ile Thr Leu Gly Gly Pro Gly Ala Val Phe

90 95 100
tgg atg tgg atc att gcg ctg gtt ggc ggt gcg aca tcg ttc att gag 451
Trp Met Trp Ile Ile Ala Leu Val Gly Gly Ala Thr Ser Phe Ile Glu

105 110 115
tcg act ctt gga cag ttg tgg aag gtg aag gac ggc gac agc tat cgc 499
Ser Thr Leu Gly Gln Leu Trp Lys Val Lys Asp Gly Asp Ser Tyr Arg

120 125 130
ggg ggc cct gcg tac tac atg acg ctt ggt ttg aat gct cgg tgg ctt 547
Gly Gly Pro Ala Tyr Tyr Met Thr Leu Gly Leu Asn Ala Arg Trp Leu

135 140 145
gcg gtt gtt ttc ggt gtc gcc atc acg ttg acc ttt ggt ttt gtg tac 595
Ala Val Val Phe Gly Val Ala Ile Thr Leu Thr Phe Gly Phe Val Tyr

150 155 160 165
aac gct ttg cag tcc aac gcg gtt gtt gag gcg att acg gta tca ctc 643
Asn Ala Leu Gln Ser Asn Ala Val Val Glu Ala Ile Thr Val Ser Leu

170 175 180
ggc acc cct tct acc act gca aag gct ttt gtt ggc ttg ggc atg gct 691
Gly Thr Pro Ser Thr Thr Ala Lys Ala Phe Val Gly Leu Gly Met Ala

185 190 195
gga ttg tct gcg ctg gtt att ttt ggc ggc gtg cag cgt atc gca aac 739
Gly Leu Ser Ala Leu Val Ile Phe Gly Gly Val Gln Arg Ile Ala Asn

200 205 210
gtg acg cag tgg atg gtt ccg ttc atg gcg ggt gcg tac atc att gtg 787
Val Thr Gln Trp Met Val Pro Phe Met Ala Gly Ala Tyr Ile Ile Val

215 220 225
ggg gtg gtg gtg att gtg att aac att cag cag gtt ccg acc atg atc 835
Gly Val Val Val Ile Val Ile Asn Ile Gln Gln Val Pro Thr Met Ile

230 235 240 245

aac gac atc att gct ggt gct ttt ggt ttc cgt ccg gtt gct act gcg	883
Asn Asp Ile Ile Ala Gly Ala Phe Gly Phe Arg Pro Val Ala Thr Ala	
250 255 260	
tcg gtg tgg ggc gcg ttc tgg ttg gcg ttt atg aac ggt atg cgc cgt	931
Ser Val Trp Gly Ala Phe Trp Leu Ala Phe Met Asn Gly Met Arg Arg	
265 270 275	
gga ctg ttc tcc aat gag gct ggt gag ggt tct gtc ccg aac gct gct	979
Gly Leu Phe Ser Asn Glu Ala Gly Glu Gly Ser Val Pro Asn Ala Ala	
280 285 290	
gct acc gcg act gtg tct cac cct gtg aag cag ggt ttg gtt cag act	1027
Ala Thr Ala Thr Val Ser His Pro Val Lys Gln Gly Leu Val Gln Thr	
295 300 305	
ctg ggc gta tat ttc gac acc ctg ctc gtt tgt agc att acc gct ttt	1075
Leu Gly Val Tyr Phe Asp Thr Leu Leu Val Cys Ser Ile Thr Ala Phe	
310 315 320 325	
gtc atc ctg ctg tct gga gtg gag tac gcg acc ggc gat att cag tct	1123
Val Ile Leu Leu Ser Gly Val Glu Tyr Ala Thr Gly Asp Ile Gln Ser	
330 335 340	
tct tct ttg act cag tcc gcg ctg gct agc gtt gtt ggt ggt tgg gga	1171
Ser Ser Leu Thr Gln Ser Ala Leu Ala Ser Val Val Gly Gly Trp Gly	
345 350 355	
acc cac ttc att acc gta gtg atg ttc ttc ctg gcg ttt tct tcc gtg	1219
Thr His Phe Ile Thr Val Val Met Phe Phe Leu Ala Phe Ser Ser Val	
360 365 370	
ctg ggt aac tac tac ttg gca cag gcg aat att cag tac ttc acc gat	1267
Leu Gly Asn Tyr Tyr Leu Ala Gln Ala Asn Ile Gln Tyr Phe Thr Asp	
375 380 385	
tcg aag act gtc atg act gtt ttc cga ctc ttg gtg ctg ctc agc gtg	1315
Ser Lys Thr Val Met Thr Val Phe Arg Leu Leu Val Leu Leu Ser Val	
390 395 400 405	
ttc tct ggc gcg gtt gct tcg gtg ccg ttg atc tgg gct ttg ggt gat	1363
Phe Ser Gly Ala Val Ala Ser Val Pro Leu Ile Trp Ala Leu Gly Asp	
410 415 420	
act ttc gct ggc atc atg gtg ctc att aac ctg gcg gcg atc att ccg	1411
Thr Phe Ala Gly Ile Met Val Leu Ile Asn Leu Ala Ala Ile Ile Pro	
425 430 435	
ctg ggt ggc gtt gca gtg aag ttg ctt aag aat tac acc att cag aag	1459
Leu Gly Gly Val Ala Val Lys Leu Leu Lys Asn Tyr Thr Ile Gln Lys	
440 445 450	
aag gct ggt ctg gat cct gtg ttc cac gcg gac atg atg cca gag gtt	1507
Lys Ala Gly Leu Asp Pro Val Phe His Arg Asp Met Met Pro Glu Val	
455 460 465	

cgt aat att gcg tgc tgg aac ggc aaa gat gca gct aca tcc aac tat 1555
Arg Asn Ile Ala Cys Trp Asn Gly Lys Asp Ala Ala Thr Ser Asn Tyr

470 475 480 485
cac gaa gcg atg gaa gtg atc aag aag agc tagtcatcga aggaacagtg 1605
His Glu Ala Met Glu Val Ile Lys Lys Ser

490 495
gta 1608

<210> 632
<211> 495
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 632
Met Glu Leu Leu Glu Thr Phe Ile Thr Asp Val Ile Asn Asp Asn Leu
1 5 10 15

Trp Met Ile Leu Pro Phe Leu Leu Val Ala Ala Gly Leu Tyr Phe Gly
20 25 30

Gly Arg Thr Leu Leu Val Gln Ile Arg Met Ile Pro Glu Met Phe Lys
35 40 45

Ala Val Val Glu Lys Pro Ala Lys Asp Gly Glu Phe Ala Asp Lys Gln
50 55 60

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

Gly Thr Ala Asn Val Ala Gly Val Ala Leu Ala Ile Thr Leu Gly Gly
85 90 95

Pro Gly Ala Val Phe Trp Met Trp Ile Ile Ala Leu Val Gly Gly Ala
100 105 110

Thr Ser Phe Ile Glu Ser Thr Leu Gly Gln Leu Trp Lys Val Lys Asp
115 120 125

Gly Asp Ser Tyr Arg Gly Gly Pro Ala Tyr Tyr Met Thr Leu Gly Leu
130 135 140

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

Phe Gly Phe Val Tyr Asn Ala Leu Gln Ser Asn Ala Val Val Glu Ala
165 170 175

Ile Thr Val Ser Leu Gly Thr Pro Ser Thr Thr Ala Lys Ala Phe Val
180 185 190

Gly Leu Gly Met Ala Gly Leu Ser Ala Leu Val Ile Phe Gly Gly Val
195 200 205

Gln Arg Ile Ala Asn Val Thr Gln Trp Met Val Pro Phe Met Ala Gly

210	215	220
Ala Tyr Ile Ile Val Gly Val Val Val Ile Val Ile Asn Ile Gln Gln		
225	230	235 240
Val Pro Thr Met Ile Asn Asp Ile Ile Ala Gly Ala Phe Gly Phe Arg		
	245	250 255
Pro Val Ala Thr Ala Ser Val Trp Gly Ala Phe Trp Leu Ala Phe Met		
	260	265 270
Asn Gly Met Arg Arg Gly Leu Phe Ser Asn Glu Ala Gly Glu Gly Ser		
	275	280 285
Val Pro Asn Ala Ala Ala Thr Ala Thr Val Ser His Pro Val Lys Gln		
	290	295 300
Gly Leu Val Gln Thr Leu Gly Val Tyr Phe Asp Thr Leu Leu Val Cys		
305	310	315 320
Ser Ile Thr Ala Phe Val Ile Leu Leu Ser Gly Val Glu Tyr Ala Thr		
	325	330 335
Gly Asp Ile Gln Ser Ser Ser Leu Thr Gln Ser Ala Leu Ala Ser Val		
	340	345 350
Val Gly Gly Trp Gly Thr His Phe Ile Thr Val Val Met Phe Phe Leu		
	355	360 365
Ala Phe Ser Ser Val Leu Gly Asn Tyr Tyr Leu Ala Gln Ala Asn Ile		
	370	375 380
Gln Tyr Phe Thr Asp Ser Lys Thr Val Met Thr Val Phe Arg Leu Leu		
385	390	395 400
Val Leu Leu Ser Val Phe Ser Gly Ala Val Ala Ser Val Pro Leu Ile		
	405	410 415
Trp Ala Leu Gly Asp Thr Phe Ala Gly Ile Met Val Leu Ile Asn Leu		
	420	425 430
Ala Ala Ile Ile Pro Leu Gly Gly Val Ala Val Lys Leu Leu Lys Asn		
	435	440 445
Tyr Thr Ile Gln Lys Lys Ala Gly Leu Asp Pro Val Phe His Arg Asp		
	450	455 460
Met Met Pro Glu Val Arg Asn Ile Ala Cys Trp Asn Gly Lys Asp Ala		
465	470	475 480
Ala Thr Ser Asn Tyr His Glu Ala Met Glu Val Ile Lys Lys Ser		
	485	490 495

<210> 633

<211> 914

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(891)

<223> FRXA00432

<400> 633

ttg tct gcg ctg gtt att ttt ggc ggc gtg cag cgt atc gca aac gtg 48
Leu Ser Ala Leu Val Ile Phe Gly Gly Val Gln Arg Ile Ala Asn Val

1 5 10 15
acg cag tgg atg gtt ccg ttc atg gcg ggt gcg tac atc att gtg ggt 96
Thr Gln Trp Met Val Pro Phe Met Ala Gly Ala Tyr Ile Ile Val Gly

20 25 30
gtg gtg gtg att gtg att aac att cag cag gtt ccg acc atg atc aac 144
Val Val Val Ile Val Ile Asn Ile Gln Gln Val Pro Thr Met Ile Asn

35 40 45
gac atc att gct ggt gct ttt ggt ttc cgt ccg gtt gct act gcg tcg 192
Asp Ile Ile Ala Gly Ala Phe Gly Phe Arg Pro Val Ala Thr Ala Ser

50 55 60
gtg tgg ggc gcg ttc tgg ttg gcg ttt atg aac ggt atg cgc cgt gga 240
Val Trp Gly Ala Phe Trp Leu Ala Phe Met Asn Gly Met Arg Arg Gly

65 70 75 80
ctg ttc tcc aat gag gct ggt gag ggt tct gtc ccg aac gct gct gct 288
Leu Phe Ser Asn Glu Ala Gly Glu Gly Ser Val Pro Asn Ala Ala Ala

85 90 95
acc gcg act gtg tct cac cct gtg aag cag ggt ttg gtt cag act ctg 336
Thr Ala Thr Val Ser His Pro Val Lys Gln Gly Leu Val Gln Thr Leu

100 105 110
ggc gta tat ttc gac acc ctg ctc gtt tgt agc att acc gct ttt gtc 384
Gly Val Tyr Phe Asp Thr Leu Leu Val Cys Ser Ile Thr Ala Phe Val

115 120 125
atc ctg ctg tct gga gtg gag tac gcg acc ggc gat att cag tct tct 432
Ile Leu Leu Ser Gly Val Glu Tyr Ala Thr Gly Asp Ile Gln Ser Ser

130 135 140
tct ttg act cag tcc gcg ctg gct agc gtt gtt ggt ggt tgg gga acc 480
Ser Leu Thr Gln Ser Ala Leu Ala Ser Val Val Gly Gly Trp Gly Thr

145 150 155 160
cac ttc att acc gta gtg atg ttc ttc ctg gcg ttt tct tcc gtg ctg 528
His Phe Ile Thr Val Val Met Phe Phe Leu Ala Phe Ser Ser Val Leu

165 170 175
ggt aac tac tac ttg gca cag gcg aat att cag tac ttc acc gat tcg 576
Gly Asn Tyr Tyr Leu Ala Gln Ala Asn Ile Gln Tyr Phe Thr Asp Ser

180 185 190
aag act gtc atg act gtt ttc cga ctc ttg gtg ctg ctc agc gtg ttc 624

Lys Thr Val Met Thr Val Phe Arg Leu Leu Val Leu Leu Ser Val Phe

195 200 205
tct ggc gcg gtt gct tcg gtg ccg ttg atc tgg gct ttg ggt gat act 672
Ser Gly Ala Val Ala Ser Val Pro Leu Ile Trp Ala Leu Gly Asp Thr

210 215 220
ttc gct ggc atc atg gtg ctc att aac ctg gcg gcg atc att ccg ctg 720
Phe Ala Gly Ile Met Val Leu Ile Asn Leu Ala Ala Ile Ile Pro Leu

225 230 235 240
ggc ggc gtt gca gtg aag ttg ctt aag aat tac acc att cag aag aag 768
Gly Gly Val Ala Val Lys Leu Leu Lys Asn Tyr Thr Ile Gln Lys Lys

245 250 255
gct ggt ctg gat cct gtg ttc cac cgc gac atg atg cca gag gtt cgt 816
Ala Gly Leu Asp Pro Val Phe His Arg Asp Met Met Pro Glu Val Arg

260 265 270
aat att gcg tgc tgg aac ggc aaa gat gca gct aca tcc aac tat cac 864
Asn Ile Ala Cys Trp Asn Gly Lys Asp Ala Ala Thr Ser Asn Tyr His

275 280 285
gaa gcg atg gaa gtg atc aag aag agc tagtcacga aggaacagtg 911
Glu Ala Met Glu Val Ile Lys Lys Ser

290 295
gta 914

<210> 634
<211> 297
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 634
Leu Ser Ala Leu Val Ile Phe Gly Gly Val Gln Arg Ile Ala Asn Val
1 5 10 15
Thr Gln Trp Met Val Pro Phe Met Ala Gly Ala Tyr Ile Ile Val Gly
20 25 30
Val Val Val Ile Val Ile Asn Ile Gln Gln Val Pro Thr Met Ile Asn
35 40 45
Asp Ile Ile Ala Gly Ala Phe Gly Phe Arg Pro Val Ala Thr Ala Ser
50 55 60
Val Trp Gly Ala Phe Trp Leu Ala Phe Met Asn Gly Met Arg Arg Gly
65 70 75 80
Leu Phe Ser Asn Glu Ala Gly Glu Gly Ser Val Pro Asn Ala Ala Ala
85 90 95
Thr Ala Thr Val Ser His Pro Val Lys Gln Gly Leu Val Gln Thr Leu

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

<210> 635
<211> 569
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (45)..(569)  
<223> FRXA00436
```

<400> 635
gggatttact aaaaatcggg taacacgcgc gtagtatttt tcgc atg gaa tta ttg 56
Met Glu Leu Leu

1
gag acc ttc atc act gat gtc att aat gac aat ttg tgg atg atc ttg 104
Glu Thr Phe Ile Thr Asp Val Ile Asn Asp Asn Leu Trp Met Ile Leu

```

5           10           15           20
ccc ttc ttg ctc gtt gct gct ggc ctc tat ttc ggt ggg cgt acg ttg 152
Pro Phe Leu Leu Val Ala Ala Gly Leu Tyr Phe Gly Gly Arg Thr Leu

           25           30           35
ctg gtt cag att cgg atg att ccg gag atg ttc aaa gcg gtc gtc gag 200
Leu Val Gln Ile Arg Met Ile Pro Glu Met Phe Lys Ala Val Val Glu

           40           45           50
aag cct gcg aag gat ggg gag ttc gcg gac aag cag gac att tcg gct 248
Lys Pro Ala Lys Asp Gly Glu Phe Ala Asp Lys Gln Asp Ile Ser Ala

           55           60           65
ttt aag gcg ttc acg att tct gcg gcg tcg cga gtt ggt acg gcg aat 296
Phe Lys Ala Phe Thr Ile Ser Ala Ala Ser Arg Val Gly Thr Ala Asn

           70           75           80
gtt gcg ggt gtt gcg ctg gcg atc act ctg ggt gga ccg ggt gca gtg 344
Val Ala Gly Val Ala Leu Ala Ile Thr Leu Gly Gly Pro Gly Ala Val

           85           90           95           100
ttc tgg atg tgg atc att gcg ctg gtt ggc ggt gcg aca tcg ttc att 392
Phe Trp Met Trp Ile Ile Ala Leu Val Gly Gly Ala Thr Ser Phe Ile

           105           110           115
gag tcg act ctt gga cag ttg tgg aag gtg aag gac ggc gac agc tat 440
Glu Ser Thr Leu Gly Gln Leu Trp Lys Val Lys Asp Gly Asp Ser Tyr

           120           125           130
cgc ggt ggc cct gcg tac tac atg acg ctt ggt ttg aat gct cgg tgg 488
Arg Gly Gly Pro Ala Tyr Tyr Met Thr Leu Gly Leu Asn Ala Arg Trp

           135           140           145
ctt gcg gtt gtt ttc ggt gtc gcc atc acg ttg acc ttt ggt ttt gtg 536
Leu Ala Val Val Phe Gly Val Ala Ile Thr Leu Thr Phe Gly Phe Val

           150           155           160
tac aac gct ttg cag tcc aac gcg gtt gtt gag 569
Tyr Asn Ala Leu Gln Ser Asn Ala Val Val Glu

165           170           175

<210> 636
<211> 175
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 636
Met Glu Leu Leu Glu Thr Phe Ile Thr Asp Val Ile Asn Asp Asn Leu
1           5           10           15

Trp Met Ile Leu Pro Phe Leu Leu Val Ala Ala Gly Leu Tyr Phe Gly
20           25           30

Gly Arg Thr Leu Leu Val Gln Ile Arg Met Ile Pro Glu Met Phe Lys

```

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

<210> 637
 <211> 1572
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1549)
 <223> RXA00847

<400> 637
 tctggcccg tggtcctct ggacgcagcg ggccagtagt attttggggg tgagaataag 60
 gtttgggaatt ctaagtgtg tcgcctgcac ggtttcgttg gtg gca tgt cag gct 115
 Val Ala Cys Gln Ala

1 5
 aat ccg ggt cct gcg ccc gtt gag gag cca act aca gcc act gcg acg 163
 Asn Pro Gly Pro Ala Pro Val Glu Glu Pro Thr Thr Ala Thr Ala Thr
 10 15 20
 acc acg gca act gag acg acc acc gta gag act gaa gcc ccc aaa caa 211
 Thr Thr Ala Thr Glu Thr Thr Thr Val Glu Thr Glu Ala Pro Lys Gln
 25 30 35
 gat cgg gaa acc atc agt att ggt atc gat ccg atc cgc aac ggt ttc 259
 Asp Arg Glu Thr Ile Ser Ile Gly Ile Asp Pro Ile Arg Asn Gly Phe
 40 45 50
 aat cca cat ttg ttg tct gat gat tct cca ctg gtg cgc gat act gca 307

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

55 60 65 355
tcg ttg gtg ttg ccg agt gct ttt gag ggc aat cag ctg aac act gac
Ser Leu Val Leu Pro Ser Ala Phe Glu Gly Asn Gln Leu Asn Thr Asp

70 75 80 85 403
ttg ttg gac aat gtt gag cag gtg gat gaa acc acg gtg agg tac acg
Leu Leu Asp Asn Val Glu Gln Val Asp Glu Thr Thr Val Arg Tyr Thr

90 95 100 451
att gct cag gaa gcg cag tgg agt gat ggc act ccg att act ggg tct
Ile Ala Gln Glu Ala Gln Trp Ser Asp Gly Thr Pro Ile Thr Gly Ser

105 110 115 499
gat ttt gag tac ttg cgc agg tcc att gtg gcg ggg aca gga acg ctg
Asp Phe Glu Tyr Leu Arg Arg Ser Ile Val Ala Gly Thr Gly Thr Leu

120 125 130 547
aac gat tct gca tat tcg gcg att tca gag att agg acc tca ggc ggt
Asn Asp Ser Ala Tyr Ser Ala Ile Ser Glu Ile Arg Thr Ser Gly Gly

135 140 145 595
gga aaa act gtc gac gtt att ttt gaa cat cct gtc gct gat tgg cat
Gly Lys Thr Val Asp Val Ile Phe Glu His Pro Val Ala Asp Trp His

150 155 160 165 643
ttg ctg ttt aac aat ttg ttg ccg agt cat ttg atc act ggc aat tcc
Leu Leu Phe Asn Asn Leu Leu Pro Ser His Leu Ile Thr Gly Asn Ser

170 175 180 691
aca ttc cag aca gcg ttt tat gat tcc atc ccg gcc tct gcg ggg cgc
Thr Phe Gln Thr Ala Phe Tyr Asp Ser Ile Pro Ala Ser Ala Gly Arg

185 190 195 739
tac atg gtg cgt tcc att gat cgt cag cgc ggc gtg att acg ttg tcg
Tyr Met Val Arg Ser Ile Asp Arg Gln Arg Gly Val Ile Thr Leu Ser

200 205 210 787
cgc aat gat cgt ttc tgg ggt gca aat ccg gca cac gtg gaa gta ctc
Arg Asn Asp Arg Phe Trp Gly Ala Asn Pro Ala His Val Glu Val Leu

215 220 225 835
caa ttc aac acc gtt gcc tct gca tcc cgg gcg ggg gag tac ctg cgc
Gln Phe Asn Thr Val Ala Ser Ala Ser Arg Ala Gly Glu Tyr Leu Arg

230 235 240 245 883
acc ggg cag agt tcg ttt atg aat ctg tca ccg cag gaa acc ctg gtg
Thr Gly Gln Ser Ser Phe Met Asn Leu Ser Pro Gln Glu Thr Leu Val

250 255 260 931
gac acg ttg aat ttg gtg ccg gac acg gaa gtg cgg gtg tct gac acg
Asp Thr Leu Asn Leu Val Pro Asp Thr Glu Val Arg Val Ser Asp Thr

265 270 275 979
acg cgc acg ctg gag ctg gta ttc aac gcc gaa gcg ctg gca ccg gcg

Thr Arg Thr Leu Glu Leu Val Phe Asn Ala Glu Ala Leu Ala Pro Ala

280 285 290
cag cgc gcc tac ctg aca tcg ctt atc gac gtc ccc ctc acc gcc aag 1027
Gln Arg Ala Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Asp Val Pro Leu Thr Ala Lys

295 300 305
tta gct ggc ggt cgc agt gca aac ctg ggt gtg ccc caa acg gtg gag 1075
Leu Ala Gly Gly Arg Ser Ala Asn Leu Gly Val Pro Gln Thr Val Glu

310 315 320 325
gcg agc gtc gat aag caa gaa att cct gcg ttg cgc ctg gcg gcg gac 1123
Ala Ser Val Asp Lys Gln Glu Ile Pro Ala Leu Arg Leu Ala Ala Asp

330 335 340
ccc gcc gac gat gct ggt ttg gca gct gcg cgg ggc atc gtc gat atg 1171
Pro Ala Asp Asp Ala Gly Leu Ala Ala Ala Arg Gly Ile Val Asp Met

345 350 355
ctg gct gcg gat gga atc aag gct cag gtc gtg aca acc gat ttg aat 1219
Leu Ala Ala Asp Gly Ile Lys Ala Gln Val Val Thr Thr Asp Leu Asn

360 365 370
tcg gcg att gcg ggt aat ttt gat gcg atc gtg gcg tgg acc aga act 1267
Ser Ala Ile Ala Gly Asn Phe Asp Ala Ile Val Ala Trp Thr Arg Thr

375 380 385
gcc acg gat tcg att gcg ttg gcg gac cga gtg ggt tgt ggc gtg aac 1315
Ala Thr Asp Ser Ile Ala Leu Ala Asp Arg Val Gly Cys Gly Val Asn

390 395 400 405
ttg gca aag tgg tgc gct gag gga acc acg gaa tat atc aac ggt gtt 1363
Leu Ala Lys Trp Cys Ala Glu Gly Thr Thr Glu Tyr Ile Asn Gly Val

410 415 420
ttg gcg ggt gag att gat ttc gat cct gcg tgg gag cag cag ttt aac 1411
Leu Ala Gly Glu Ile Asp Phe Asp Pro Ala Trp Glu Gln Gln Phe Asn

425 430 435
acc gag aat cac ttg cgg gtt ccg atc ctg cgg gag act cgg gta gaa 1459
Thr Glu Asn His Leu Arg Val Pro Ile Leu Arg Glu Thr Arg Val Glu

440 445 450
gcg aaa aat aac ggt atc ctc ggg gct gcg gat ggc tgg cct ggg gga 1507
Ala Lys Asn Asn Gly Ile Leu Gly Ala Ala Asp Gly Trp Pro Gly Gly

455 460 465
att tca agt gct gca agt tgg agg aaa aac gat gtt gaa gaa 1549
Ile Ser Ser Ala Ala Ser Trp Arg Lys Asn Asp Val Glu Glu

470 475 480
tgatctgtct ggtgctcgag ttg 1572

<210> 638

<211> 483
 <212> PRT
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 638

```

Val Ala Cys Gln Ala Asn Pro Gly Pro Ala Pro Val Glu Glu Pro Thr
  1             5             10             15

Thr Ala Thr Ala Thr Thr Thr Ala Thr Glu Thr Thr Thr Val Glu Thr
          20             25             30

Glu Ala Pro Lys Gln Asp Arg Glu Thr Ile Ser Ile Gly Ile Asp Pro
          35             40             45

Ile Arg Asn Gly Phe Asn Pro His Leu Leu Ser Asp Asp Ser Pro Leu
          50             55             60

Val Arg Asp Thr Ala Ser Leu Val Leu Pro Ser Ala Phe Glu Gly Asn
          65             70             75             80

Gln Leu Asn Thr Asp Leu Leu Asp Asn Val Glu Gln Val Asp Glu Thr
          85             90             95

Thr Val Arg Tyr Thr Ile Ala Gln Glu Ala Gln Trp Ser Asp Gly Thr
          100            105            110

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

Gly Thr Gly Thr Leu Asn Asp Ser Ala Tyr Ser Ala Ile Ser Glu Ile
          130            135            140

Arg Thr Ser Gly Gly Gly Lys Thr Val Asp Val Ile Phe Glu His Pro
          145            150            155            160

Val Ala Asp Trp His Leu Leu Phe Asn Asn Leu Leu Pro Ser His Leu
          165            170            175

Ile Thr Gly Asn Ser Thr Phe Gln Thr Ala Phe Tyr Asp Ser Ile Pro
          180            185            190

Ala Ser Ala Gly Arg Tyr Met Val Arg Ser Ile Asp Arg Gln Arg Gly
          195            200            205

Val Ile Thr Leu Ser Arg Asn Asp Arg Phe Trp Gly Ala Asn Pro Ala
          210            215            220

His Val Glu Val Leu Gln Phe Asn Thr Val Ala Ser Ala Ser Arg Ala
          225            230            235            240

Gly Glu Tyr Leu Arg Thr Gly Gln Ser Ser Phe Met Asn Leu Ser Pro
          245            250            255

Gln Glu Thr Leu Val Asp Thr Leu Asn Leu Val Pro Asp Thr Glu Val
          260            265            270

Arg Val Ser Asp Thr Thr Arg Thr Leu Glu Leu Val Phe Asn Ala Glu
    
```

275 280 285

Ala Leu Ala Pro Ala Gln Arg Ala Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Asp Val
290 295 300

Pro Leu Thr Ala Lys Leu Ala Gly Gly Arg Ser Ala Asn Leu Gly Val
305 310 315 320

Pro Gln Thr Val Glu Ala Ser Val Asp Lys Gln Glu Ile Pro Ala Leu
325 330 335

Arg Leu Ala Ala Asp Pro Ala Asp Asp Ala Gly Leu Ala Ala Ala Arg
340 345 350

Gly Ile Val Asp Met Leu Ala Ala Asp Gly Ile Lys Ala Gln Val Val
355 360 365

Thr Thr Asp Leu Asn Ser Ala Ile Ala Gly Asn Phe Asp Ala Ile Val
370 375 380

Ala Trp Thr Arg Thr Ala Thr Asp Ser Ile Ala Leu Ala Asp Arg Val
385 390 395 400

Gly Cys Gly Val Asn Leu Ala Lys Trp Cys Ala Glu Gly Thr Thr Glu
405 410 415

Tyr Ile Asn Gly Val Leu Ala Gly Glu Ile Asp Phe Asp Pro Ala Trp
420 425 430

Glu Gln Gln Phe Asn Thr Glu Asn His Leu Arg Val Pro Ile Leu Arg
435 440 445

Glu Thr Arg Val Glu Ala Lys Asn Asn Gly Ile Leu Gly Ala Ala Asp
450 455 460

Gly Trp Pro Gly Gly Ile Ser Ser Ala Ala Ser Trp Arg Lys Asn Asp
465 470 475 480

Val Glu Glu

<210> 639
<211> 1192
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1192)
<223> RXN01382

<400> 639
aaaggatgta cctcatgagc accacgatta ctgcgcgcaa tttcctccga gcaaccggaa 60
tcctcggtgt cgcagctggc atcggcgcaa cacttgctgc atg tgc acc aac aac 115
Met Cys Thr Asn Asn

acc ggc acc agc gga tcc acc tcc acc gca gct ggc acc gga act gca	163
Thr Gly Thr Ser Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ala Gly Thr Gly Thr Ala	
10 15 20	
aat gaa gaa ggc acc atc acc gca gcc atc tcc tac gaa ctg gga acc	211
Asn Glu Glu Gly Thr Ile Thr Ala Ala Ile Ser Tyr Glu Leu Gly Thr	
25 30 35	
aac ggc tac gac cca atg acc acc acc tcg gct ctc act gtg gca gcc	259
Asn Gly Tyr Asp Pro Met Thr Thr Thr Ser Ala Leu Thr Val Ala Ala	
40 45 50	
aac tgg cac acc ctt gaa ggc ctc acc gaa atc gac cca gcc acc ggc	307
Asn Trp His Thr Leu Glu Gly Leu Thr Glu Ile Asp Pro Ala Thr Gly	
55 60 65	
gag gtc tac gca gca ctc gcc agc gca ctg cct tca gcc gat gcg acc	355
Glu Val Tyr Ala Ala Leu Ala Ser Ala Leu Pro Ser Ala Asp Ala Thr	
70 75 80 85	
tcc cta gac atc aag ctt cgc gac ggc gcc acc ttc cac aac ggc gac	403
Ser Leu Asp Ile Lys Leu Arg Asp Gly Ala Thr Phe His Asn Gly Asp	
90 95 100	
gca gtc acc gca gac gac gta gtc ttc tct ttt gag cga gtc ctc gat	451
Ala Val Thr Ala Asp Asp Val Val Phe Ser Phe Glu Arg Val Leu Asp	
105 110 115	
cca gcc aac aac tcc ctt tac gca tcc ttc atc cca ttc atc aag tca	499
Pro Ala Asn Asn Ser Leu Tyr Ala Ser Phe Ile Pro Phe Ile Lys Ser	
120 125 130	
gtc acc aag aag gat gac acc acc gtc acc atc gac ctc gac tac gca	547
Val Thr Lys Lys Asp Asp Thr Thr Val Thr Ile Asp Leu Asp Tyr Ala	
135 140 145	
acc ggc atc atc agc gaa cgc ctc gca gta gta aag atc gtg cca aag	595
Thr Gly Ile Ile Ser Glu Arg Leu Ala Val Val Lys Ile Val Pro Lys	
150 155 160 165	
tcc gtc gtg gaa gca gac gca tcc gga ttc gac gcc aac cca atc ggc	643
Ser Val Val Glu Ala Asp Ala Ser Gly Phe Asp Ala Asn Pro Ile Gly	
170 175 180	
tcc ggc cca tac aag atg acc gac aac ggt gca tcc aag gtg gtc aag	691
Ser Gly Pro Tyr Lys Met Thr Asp Asn Gly Ala Ser Lys Val Val Lys	
185 190 195	
ttc gag cgc aac gac gac tac aac ggc cca cgc cca gca cgt gcc gcc	739
Phe Glu Arg Asn Asp Asp Tyr Asn Gly Pro Arg Pro Ala Arg Ala Ala	
200 205 210	
aag atg gaa tgg cag atc atc ccc gac gcc tcc acc cgc acc aac tcc	787
Lys Met Glu Trp Gln Ile Ile Pro Asp Ala Ser Thr Arg Thr Asn Ser	
215 220 225	

ctt cag tcc ggc agc acc atg gcc atc gac tcc gtt cca tac ctg tgc 835
 Leu Gln Ser Gly Ser Thr Met Ala Ile Asp Ser Val Pro Tyr Leu Ser

 230 235 240 245
 atc cca cag ctt gaa gcc acc agc acc gta gaa tcc gtc caa gga ttc 883
 Ile Pro Gln Leu Glu Ala Thr Ser Thr Val Glu Ser Val Gln Gly Phe

 250 255 260
 ggc ctc ctg ttc gcc atg ttc agc tgc tcc gaa ggc aac ccc ttc aac 931
 Gly Leu Leu Phe Ala Met Phe Ser Cys Ser Glu Gly Asn Pro Phe Asn

 265 270 275
 gac gtc cgc aac cgc cag gca ttc ctc tac gca ctg gac atg gac aag 979
 Asp Val Arg Asn Arg Gln Ala Phe Leu Tyr Ala Leu Asp Met Asp Lys

 280 285 290
 atc gtt aag acc ggc atg tcc gac cag gca acc cca gcc acc tcc ttc 1027
 Ile Val Lys Thr Gly Met Ser Asp Gln Ala Thr Pro Ala Thr Ser Phe

 295 300 305
 gtg cag aag gaa cac ccc aac tac aac cag gca tcc acg gtc tac tcc 1075
 Val Gln Lys Glu His Pro Asn Tyr Asn Gln Ala Ser Thr Val Tyr Ser

 310 315 320 325
 ctc gac gcc gac aaa gcc aag gcg ctg ttc gct gaa acc ggc ctt acc 1123
 Leu Asp Ala Asp Lys Ala Lys Ala Leu Phe Ala Glu Thr Gly Leu Thr

 330 335 340
 agc ctc aac ctc ctg tgc acc gac cac gac tgg gtc aag aac tgc acc 1171
 Ser Leu Asn Leu Leu Cys Thr Asp His Asp Trp Val Lys Asn Cys Thr

 345 350 355
 cca ctg atc cag gaa tcc ctc 1192
 Pro Leu Ile Gln Glu Ser Leu

360

<210> 640
 <211> 364
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 640
 Met Cys Thr Asn Asn Thr Gly Thr Ser Gly Ser Thr Ser Thr Ala Ala
 1 5 10 15
 Gly Thr Gly Thr Ala Asn Glu Glu Gly Thr Ile Thr Ala Ala Ile Ser
 20 25 30
 Tyr Glu Leu Gly Thr Asn Gly Tyr Asp Pro Met Thr Thr Thr Ser Ala
 35 40 45
 Leu Thr Val Ala Ala Asn Trp His Thr Leu Glu Gly Leu Thr Glu Ile

50	55	60	
Asp Pro Ala Thr Gly Glu Val Tyr Ala Ala Leu Ala Ser Ala Leu Pro			
65	70	75	80
Ser Ala Asp Ala Thr Ser Leu Asp Ile Lys Leu Arg Asp Gly Ala Thr			
	85	90	95
Phe His Asn Gly Asp Ala Val Thr Ala Asp Asp Val Val Phe Ser Phe			
	100	105	110
Glu Arg Val Leu Asp Pro Ala Asn Asn Ser Leu Tyr Ala Ser Phe Ile			
	115	120	125
Pro Phe Ile Lys Ser Val Thr Lys Lys Asp Asp Thr Thr Val Thr Ile			
	130	135	140
Asp Leu Asp Tyr Ala Thr Gly Ile Ile Ser Glu Arg Leu Ala Val Val			
145	150	155	160
Lys Ile Val Pro Lys Ser Val Val Glu Ala Asp Ala Ser Gly Phe Asp			
	165	170	175
Ala Asn Pro Ile Gly Ser Gly Pro Tyr Lys Met Thr Asp Asn Gly Ala			
	180	185	190
Ser Lys Val Val Lys Phe Glu Arg Asn Asp Asp Tyr Asn Gly Pro Arg			
	195	200	205
Pro Ala Arg Ala Ala Lys Met Glu Trp Gln Ile Ile Pro Asp Ala Ser			
	210	215	220
Thr Arg Thr Asn Ser Leu Gln Ser Gly Ser Thr Met Ala Ile Asp Ser			
225	230	235	240
Val Pro Tyr Leu Ser Ile Pro Gln Leu Glu Ala Thr Ser Thr Val Glu			
	245	250	255
Ser Val Gln Gly Phe Gly Leu Leu Phe Ala Met Phe Ser Cys Ser Glu			
	260	265	270
Gly Asn Pro Phe Asn Asp Val Arg Asn Arg Gln Ala Phe Leu Tyr Ala			
	275	280	285
Leu Asp Met Asp Lys Ile Val Lys Thr Gly Met Ser Asp Gln Ala Thr			
	290	295	300
Pro Ala Thr Ser Phe Val Gln Lys Glu His Pro Asn Tyr Asn Gln Ala			
305	310	315	320
Ser Thr Val Tyr Ser Leu Asp Ala Asp Lys Ala Lys Ala Leu Phe Ala			
	325	330	335
Glu Thr Gly Leu Thr Ser Leu Asn Leu Leu Cys Thr Asp His Asp Trp			
	340	345	350
Val Lys Asn Cys Thr Pro Leu Ile Gln Glu Ser Leu			
	355	360	

<210> 641
 <211> 1062
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1062)
 <223> FRXA01382

<400> 641
 tcc acc tcc acc gca gct ggc acc gga act gca aat gaa gaa ggc acc 48
 Ser Thr Ser Thr Ala Ala Gly Thr Gly Thr Ala Asn Glu Glu Gly Thr

 1 5 10 15
 atc acc gca gcc atc tcc tac gaa ctg gga acc aac ggc tac gac cca 96
 Ile Thr Ala Ala Ile Ser Tyr Glu Leu Gly Thr Asn Gly Tyr Asp Pro

 20 25 30
 atg acc acc acc tcg gct ctc act gtg gca gcc aac tgg cac acc ctt 144
 Met Thr Thr Thr Ser Ala Leu Thr Val Ala Ala Asn Trp His Thr Leu

 35 40 45
 gaa ggc ctc acc gaa atc gac cca gcc acc ggc gag gtc tac gca gca 192
 Glu Gly Leu Thr Glu Ile Asp Pro Ala Thr Gly Glu Val Tyr Ala Ala

 50 55 60
 ctc gcc agc gca ctg cct tca gcc gat gcg acc tcc cta gac atc aag 240
 Leu Ala Ser Ala Leu Pro Ser Ala Asp Ala Thr Ser Leu Asp Ile Lys

 65 70 75 80
 ctt cgc gac ggc gcc acc ttc cac aac ggc gac gca gtc acc gca gac 288
 Leu Arg Asp Gly Ala Thr Phe His Asn Gly Asp Ala Val Thr Ala Asp

 85 90 95
 gac gta gtc ttc tct ttt gag cga gtc ctc gat cca gcc aac aac tcc 336
 Asp Val Val Phe Ser Phe Glu Arg Val Leu Asp Pro Ala Asn Asn Ser

 100 105 110
 ctt tac gca tcc ttc atc cca ttc atc aag tca gtc acc aag aag gat 384
 Leu Tyr Ala Ser Phe Ile Pro Phe Ile Lys Ser Val Thr Lys Lys Asp

 115 120 125
 gac acc acc gtc acc atc gac ctc gac tac gca acc ggc atc atc agc 432
 Asp Thr Thr Val Thr Ile Asp Leu Asp Tyr Ala Thr Gly Ile Ile Ser

 130 135 140
 gaa cgc ctc gca gta gta aag atc gtg cca aag tcc gtc gtg gaa gca 480
 Glu Arg Leu Ala Val Val Lys Ile Val Pro Lys Ser Val Val Glu Ala

 145 150 155 160
 gac gca tcc gga ttc gac gcc aac cca atc ggc tcc ggc cca tac aag 528
 Asp Ala Ser Gly Phe Asp Ala Asn Pro Ile Gly Ser Gly Pro Tyr Lys

165	170	175	
atg acc gac aac ggt gca tcc aag gtg gtc aag ttc gag cgc aac gac			576
Met Thr Asp Asn Gly Ala Ser Lys Val Val Lys Phe Glu Arg Asn Asp			
180	185	190	
gac tac aac ggc cca cgc cca gca cgt gcc gcc aag atg gaa tgg cag			624
Asp Tyr Asn Gly Pro Arg Pro Ala Arg Ala Ala Lys Met Glu Trp Gln			
195	200	205	
atc atc ccc gac gcc tcc acc cgc acc aac tcc ctt cag tcc ggc agc			672
Ile Ile Pro Asp Ala Ser Thr Arg Thr Asn Ser Leu Gln Ser Gly Ser			
210	215	220	
acc atg gcc atc gac tcc gtt cca tac ctg tcg atc cca cag ctt gaa			720
Thr Met Ala Ile Asp Ser Val Pro Tyr Leu Ser Ile Pro Gln Leu Glu			
225	230	235	240
gcc acc agc acc gta gaa tcc gtc caa gga ttc ggc ctc ctg ttc gcc			768
Ala Thr Ser Thr Val Glu Ser Val Gln Gly Phe Gly Leu Leu Phe Ala			
245	250	255	
atg ttc agc tgc tcc gaa ggc aac ccc ttc aac gac gtc cgc aac cgc			816
Met Phe Ser Cys Ser Glu Gly Asn Pro Phe Asn Asp Val Arg Asn Arg			
260	265	270	
cag gca ttc ctc tac gca ctg gac atg gac aag atc gtt aag acc ggc			864
Gln Ala Phe Leu Tyr Ala Leu Asp Met Asp Lys Ile Val Lys Thr Gly			
275	280	285	
atg tcc gac cag gca acc cca gcc acc tcc ttc gtg cag aag gaa cac			912
Met Ser Asp Gln Ala Thr Pro Ala Thr Ser Phe Val Gln Lys Glu His			
290	295	300	
ccc aac tac aac cag gca tcc acg gtc tac tcc ctc gac gcc gac aaa			960
Pro Asn Tyr Asn Gln Ala Ser Thr Val Tyr Ser Leu Asp Ala Asp Lys			
305	310	315	320
gcc aag gcg ctg ttc gct gaa acc ggc ctt acc agc ctc aac ctc ctg			1008
Ala Lys Ala Leu Phe Ala Glu Thr Gly Leu Thr Ser Leu Asn Leu Leu			
325	330	335	
tgc acc gac cac gac tgg gtc aag aac tgc acc cca ctg atc cag gaa			1056
Cys Thr Asp His Asp Trp Val Lys Asn Cys Thr Pro Leu Ile Gln Glu			
340	345	350	
tcc ctc			1062
Ser Leu			

<210> 642

<211> 354

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 642

```

Ser Thr Ser Thr Ala Ala Gly Thr Gly Thr Ala Asn Glu Glu Gly Thr
 1           5           10           15

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

Met Thr Thr Thr Ser Ala Leu Thr Val Ala Ala Asn Trp His Thr Leu
      35           40           45

Glu Gly Leu Thr Glu Ile Asp Pro Ala Thr Gly Glu Val Tyr Ala Ala
      50           55           60

Leu Ala Ser Ala Leu Pro Ser Ala Asp Ala Thr Ser Leu Asp Ile Lys
      65           70           75           80

Leu Arg Asp Gly Ala Thr Phe His Asn Gly Asp Ala Val Thr Ala Asp
      85           90           95

Asp Val Val Phe Ser Phe Glu Arg Val Leu Asp Pro Ala Asn Asn Ser
      100           105           110

Leu Tyr Ala Ser Phe Ile Pro Phe Ile Lys Ser Val Thr Lys Lys Asp
      115           120           125

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

Glu Arg Leu Ala Val Val Lys Ile Val Pro Lys Ser Val Val Glu Ala
      145           150           155           160

Asp Ala Ser Gly Phe Asp Ala Asn Pro Ile Gly Ser Gly Pro Tyr Lys
      165           170           175

Met Thr Asp Asn Gly Ala Ser Lys Val Val Lys Phe Glu Arg Asn Asp
      180           185           190

Asp Tyr Asn Gly Pro Arg Pro Ala Arg Ala Ala Lys Met Glu Trp Gln
      195           200           205

Ile Ile Pro Asp Ala Ser Thr Arg Thr Asn Ser Leu Gln Ser Gly Ser
      210           215           220

Thr Met Ala Ile Asp Ser Val Pro Tyr Leu Ser Ile Pro Gln Leu Glu
      225           230           235           240

Ala Thr Ser Thr Val Glu Ser Val Gln Gly Phe Gly Leu Leu Phe Ala
      245           250           255

Met Phe Ser Cys Ser Glu Gly Asn Pro Phe Asn Asp Val Arg Asn Arg
      260           265           270

Gln Ala Phe Leu Tyr Ala Leu Asp Met Asp Lys Ile Val Lys Thr Gly
      275           280           285

Met Ser Asp Gln Ala Thr Pro Ala Thr Ser Phe Val Gln Lys Glu His

```


290 295 300

Pro Asn Tyr Asn Gln Ala Ser Thr Val Tyr Ser Leu Asp Ala Asp Lys
305 310 315 320

Ala Lys Ala Leu Phe Ala Glu Thr Gly Leu Thr Ser Leu Asn Leu Leu
325 330 335

Cys Thr Asp His Asp Trp Val Lys Asn Cys Thr Pro Leu Ile Gln Glu
340 345 350

Ser Leu

<210> 643
<211> 335
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(312)
<223> RXA02659

<400> 643

ttc ggc aac gac cca gac ctc ctc atg cgc tgg tgg tac gcc ggc gac 48
Phe Gly Asn Asp Pro Asp Leu Leu Met Arg Trp Trp Tyr Ala Gly Asp

1 5 10 15
gtc tgg acc gac tcc cgc atg cac tgg aag ggc agc gaa tcc tac gac 96
Val Trp Thr Asp Ser Arg Met His Trp Lys Gly Ser Glu Ser Tyr Asp

20 25 30
cag gta caa aac ctc ctg gaa gaa ggc atc cgc gct acc gac aag gca 144
Gln Val Gln Asn Leu Leu Glu Glu Gly Ile Arg Ala Thr Asp Lys Ala

35 40 45
gaa cag caa gac atc tgg aac cgc acc ttc gat gtc atc tcc gac aat 192
Glu Gln Gln Asp Ile Trp Asn Arg Thr Phe Asp Val Ile Ser Asp Asn

50 55 60
gtt ccc ctc tac ccg ctg ttc cac cgc aag gtc cca acc gca tgg aac 240
Val Pro Leu Tyr Pro Leu Phe His Arg Lys Val Pro Thr Ala Trp Asn

65 70 75 80
tcc aac gcc ctc gtc gac ttc aag cca atc tca ctc acc ggc ttg aac 288
Ser Asn Ala Leu Val Asp Phe Lys Pro Ile Ser Leu Thr Gly Leu Asn

85 90 95
ttc tca ggt gtt gca act act gaa taacaacccc agtggctttc aaa 335
Phe Ser Gly Val Ala Thr Thr Glu

100

<210> 644

<211> 104
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 644
 Phe Gly Asn Asp Pro Asp Leu Leu Met Arg Trp Trp Tyr Ala Gly Asp
 1 5 10 15
 Val Trp Thr Asp Ser Arg Met His Trp Lys Gly Ser Glu Ser Tyr Asp
 20 25 30
 Gln Val Gln Asn Leu Leu Glu Glu Gly Ile Arg Ala Thr Asp Lys Ala
 35 40 45
 Glu Gln Gln Asp Ile Trp Asn Arg Thr Phe Asp Val Ile Ser Asp Asn
 50 55 60
 Val Pro Leu Tyr Pro Leu Phe His Arg Lys Val Pro Thr Ala Trp Asn
 65 70 75 80
 Ser Asn Ala Leu Val Asp Phe Lys Pro Ile Ser Leu Thr Gly Leu Asn
 85 90 95
 Phe Ser Gly Val Ala Thr Thr Glu
 100

<210> 645
 <211> 933
 <212> DNA
 <213> Corynebacterium glutamicum

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(910)
 <223> RXN02933

<400> 645
 tgatctgctg tatcaggtgg ttgatccaag agtcggtgct gttggggttg cttagcactaa 60
 gggtccaggg agcgtggctt aagtgacaac gatcaaaaac atg ccc ctt tca ggg 115
 Met Pro Leu Ser Gly
 1 5
 aaa atc ggc ggc ttc atc gtt gcc gtt gta ttt gtt ctt gct gcg ctg 163
 Lys Ile Gly Gly Phe Ile Val Ala Val Val Phe Val Leu Ala Ala Leu
 10 15 20
 tct ttc att tgg act ccg ttt gat cca gtt caa gct ttc cca cag gag 211
 Ser Phe Ile Trp Thr Pro Phe Asp Pro Val Gln Ala Phe Pro Gln Glu
 25 30 35
 cgc ctt gag gga agt tct ttg agg cac ctg ttg gga acg gat cgt tat 259
 Arg Leu Glu Gly Ser Ser Leu Arg His Leu Leu Gly Thr Asp Arg Tyr
 40 45 50

ggt cgc gat gtt tta tcc cag atc atg gtt ggt tcc cgc gtc acg ttg 307
Gly Arg Asp Val Leu Ser Gln Ile Met Val Gly Ser Arg Val Thr Leu

55 60 65
ttg gtg ggc atc att gcg gtg gcg atc gca gca tta atc ggc acg cca 355
Leu Val Gly Ile Ile Ala Val Ala Ile Ala Ala Leu Ile Gly Thr Pro

70 75 80 85
ctg ggt att gct gcg gga atg cgc cgt ggc atg gtg gaa acc ttt gtc 403
Leu Gly Ile Ala Ala Gly Met Arg Arg Gly Met Val Glu Thr Phe Val

90 95 100
atg cgt ggt gcc gat tta atg ttg gcg ttc cca gca ctg ttg ttg gcg 451
Met Arg Gly Ala Asp Leu Met Leu Ala Phe Pro Ala Leu Leu Leu Ala

105 110 115
att att tcc ggc gcc gtt ttc ggc gcc tcc acg tgg tcc gcg atg gtc 499
Ile Ile Ser Gly Ala Val Phe Gly Ala Ser Thr Trp Ser Ala Met Val

120 125 130
gcg atc ggc atc gca ggc atc cct agt ttt gcc cgc gtg gct cgt gca 547
Ala Ile Gly Ile Ala Gly Ile Pro Ser Phe Ala Arg Val Ala Arg Ala

135 140 145
ggc aca ttg cag gtg acc agt cag gat ttc atc gca gct gct cgg cta 595
Gly Thr Leu Gln Val Thr Ser Gln Asp Phe Ile Ala Ala Ala Arg Leu

150 155 160 165
tca aaa gta agt tcc gcc cgg atc gcg ctt cgc cat att ttg ccc aac 643
Ser Lys Val Ser Ser Ala Arg Ile Ala Leu Arg His Ile Leu Pro Asn

170 175 180
atc acc agc atg ttg atc gtt cag gca tca gta gct ttt gcc ctg gcg 691
Ile Thr Ser Met Leu Ile Val Gln Ala Ser Val Ala Phe Ala Leu Ala

185 190 195
atc ctg gcg gaa gcc gca ttg agt ttc ctc ggt ttg ggc acc act ccc 739
Ile Leu Ala Glu Ala Ala Leu Ser Phe Leu Gly Leu Gly Thr Thr Pro

200 205 210
ccg gat ccc agc tgg ggt cgc atg ttg caa acc gct caa gca tcc atc 787
Pro Asp Pro Ser Trp Gly Arg Met Leu Gln Thr Ala Gln Ala Ser Ile

215 220 225
ggc gtc acc ccc atg ttg gcg gtg tgg ccc ggt gct gcg atc gct ttg 835
Gly Val Thr Pro Met Leu Ala Val Trp Pro Gly Ala Ala Ile Ala Leu

230 235 240 245
acg gtc ctt ggt ttt aat ctt ttc ggt gat ggt tta cgc gat gcc atc 883
Thr Val Leu Gly Phe Asn Leu Phe Gly Asp Gly Leu Arg Asp Ala Ile

250 255 260
gat cca aag cgg gag gtc ggc cgt gct taaagtttct gatttaacgg 930
Asp Pro Lys Arg Glu Val Gly Arg Ala

265 270

ttg

933

<210> 646

<211> 270

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 646

Met Pro Leu Ser Gly Lys Ile Gly Gly Phe Ile Val Ala Val Val Phe
1 5 10 15

Val Leu Ala Ala Leu Ser Phe Ile Trp Thr Pro Phe Asp Pro Val Gln
20 25 30

Ala Phe Pro Gln Glu Arg Leu Glu Gly Ser Ser Leu Arg His Leu Leu
35 40 45

Gly Thr Asp Arg Tyr Gly Arg Asp Val Leu Ser Gln Ile Met Val Gly
50 55 60

Ser Arg Val Thr Leu Leu Val Gly Ile Ile Ala Val Ala Ile Ala Ala
65 70 75 80

Leu Ile Gly Thr Pro Leu Gly Ile Ala Ala Gly Met Arg Arg Gly Met
85 90 95

Val Glu Thr Phe Val Met Arg Gly Ala Asp Leu Met Leu Ala Phe Pro
100 105 110

Ala Leu Leu Leu Ala Ile Ile Ser Gly Ala Val Phe Gly Ala Ser Thr
115 120 125

Trp Ser Ala Met Val Ala Ile Gly Ile Ala Gly Ile Pro Ser Phe Ala
130 135 140

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

Ala Ala Ala Arg Leu Ser Lys Val Ser Ser Ala Arg Ile Ala Leu Arg
165 170 175

His Ile Leu Pro Asn Ile Thr Ser Met Leu Ile Val Gln Ala Ser Val
180 185 190

Ala Phe Ala Leu Ala Ile Leu Ala Glu Ala Ala Leu Ser Phe Leu Gly
195 200 205

Leu Gly Thr Thr Pro Pro Asp Pro Ser Trp Gly Arg Met Leu Gln Thr
210 215 220

Ala Gln Ala Ser Ile Gly Val Thr Pro Met Leu Ala Val Trp Pro Gly
225 230 235 240

Ala Ala Ile Ala Leu Thr Val Leu Gly Phe Asn Leu Phe Gly Asp Gly
245 250 255

Leu Arg Asp Ala Ile Asp Pro Lys Arg Glu Val Gly Arg Ala
260 265 270

<210> 647
<211> 715
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(715)
<223> RXN02991

<400> 647
ttgtcgtgtt cgcatcttc gccgttggct tcatgattct gaccctgcct atgggccttg 60
gcttgggcaa actctctgag cgtttggcgg tgaagaagta atg gct aat aca gtt 115
Met Ala Asn Thr Val
1 5
cgc gca aca gtc ctc tac gat gct cct gga cca aag ggc cgt cga ttc 163
Arg Ala Thr Val Leu Tyr Asp Ala Pro Gly Pro Lys Gly Arg Arg Phe
10 15 20
aac ctc ata atc acc att ctc acg gtg gtt ctg gga ttg gcg ctc ctc 211
Asn Leu Ile Ile Thr Ile Leu Thr Val Val Leu Gly Leu Ala Leu Leu
25 30 35
ttc tgg att ggc tcc atg ctt tca ggc aac ggc caa ctc gat gcc aac 259
Phe Trp Ile Gly Ser Met Leu Ser Gly Asn Gly Gln Leu Asp Ala Asn
40 45 50
aaa tgg act ccg ttc atc aat tcc caa acc tgg acc acc tac att ctt 307
Lys Trp Thr Pro Phe Ile Asn Ser Gln Thr Trp Thr Thr Tyr Ile Leu
55 60 65
cct ggt ttg tgg ggc acg ctg aaa tct gcc gtg ttc tcg gtg atc ttg 355
Pro Gly Leu Trp Gly Thr Leu Lys Ser Ala Val Phe Ser Val Ile Leu
70 75 80 85
gct ctg gtc atg ggt acc gca ctg ggt ctt ggc cgt atc tct gaa atc 403
Ala Leu Val Met Gly Thr Ala Leu Gly Leu Gly Arg Ile Ser Glu Ile
90 95 100
agg att ctc cgc tgg ttc tgc gcc gtc atc atc gag act ttc cga gcc 451
Arg Ile Leu Arg Trp Phe Cys Ala Val Ile Ile Glu Thr Phe Arg Ala
105 110 115
att ccg gtt ctg atc ctc atg att ttc gcc tac cag atg ttc gcc cag 499
Ile Pro Val Leu Ile Leu Met Ile Phe Ala Tyr Gln Met Phe Ala Gln
120 125 130
tac aac atc gtg ccg tcg agc cag ctc gcg ttc gcc gcc gtg gta ttc 547
Tyr Asn Ile Val Pro Ser Ser Gln Leu Ala Phe Ala Ala Val Val Phe

135 140 145
 ggt ctg acc atg tac aac ggt tct gtg atc gca gag att ctg cgt tct 595
 Gly Leu Thr Met Tyr Asn Gly Ser Val Ile Ala Glu Ile Leu Arg Ser

 150 155 160 165
 ggt atc gct tcc ctg cct aag ggg cag aag gaa gca gcg att gcg ttg 643
 Gly Ile Ala Ser Leu Pro Lys Gly Gln Lys Glu Ala Ala Ile Ala Leu

 170 175 180
 ggt atg tct tct agg caa acc acc tgg tca atc ttg ttg cct cag gcc 691
 Gly Met Ser Ser Arg Gln Thr Thr Trp Ser Ile Leu Leu Pro Gln Ala

 185 190 195
 gtg gct gca atg ctc cca gcg ttg 715
 Val Ala Ala Met Leu Pro Ala Leu

 200 205

 <210> 648
 <211> 205
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

 <400> 648
 Met Ala Asn Thr Val Arg Ala Thr Val Leu Tyr Asp Ala Pro Gly Pro
 1 5 10 15

 Lys Gly Arg Arg Phe Asn Leu Ile Ile Thr Ile Leu Thr Val Val Leu
 20 25 30

 Gly Leu Ala Leu Leu Phe Trp Ile Gly Ser Met Leu Ser Gly Asn Gly
 35 40 45

 Gln Leu Asp Ala Asn Lys Trp Thr Pro Phe Ile Asn Ser Gln Thr Trp
 50 55 60

 Thr Thr Tyr Ile Leu Pro Gly Leu Trp Gly Thr Leu Lys Ser Ala Val
 65 70 75 80

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

 Arg Ile Ser Glu Ile Arg Ile Leu Arg Trp Phe Cys Ala Val Ile Ile
 100 105 110

 Glu Thr Phe Arg Ala Ile Pro Val Leu Ile Leu Met Ile Phe Ala Tyr
 115 120 125

 Gln Met Phe Ala Gln Tyr Asn Ile Val Pro Ser Ser Gln Leu Ala Phe
 130 135 140

 Ala Ala Val Val Phe Gly Leu Thr Met Tyr Asn Gly Ser Val Ile Ala
 145 150 155 160

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

165 170 175
Ala Ala Ile Ala Leu Gly Met Ser Ser Arg Gln Thr Thr Trp Ser Ile
180 185 190
Leu Leu Pro Gln Ala Val Ala Ala Met Leu Pro Ala Leu
195 200 205
<210> 649
<211> 245
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(222)
<223> RXN02992
<400> 649
atc gtc cct ttg ggc aac aca ctg atc gca ctg act aag aac acc acc 48
Ile Val Pro Leu Gly Asn Thr Leu Ile Ala Leu Thr Lys Asn Thr Thr
1 5 10 15
atc gcc tct gtc att gga gtt ggc gaa gcc tcc ctg ctg atg aaa gcc 96
Ile Ala Ser Val Ile Gly Val Gly Glu Ala Ser Leu Leu Met Lys Ala
20 25 30
acc atc gaa aat cac gcc aac atg cta ttt gtc gtg ttc gcg atc ttc 144
Thr Ile Glu Asn His Ala Asn Met Leu Phe Val Val Phe Ala Ile Phe
35 40 45
gcc gtt ggc ttc atg att ctg acc ctg cct atg ggc ctt ggc ttg ggc 192
Ala Val Gly Phe Met Ile Leu Thr Leu Pro Met Gly Leu Gly Leu Gly
50 55 60
aaa ctc tct gag cgt ttg gcg gtg aag aag taatggctaa tacagttcgc 242
Lys Leu Ser Glu Arg Leu Ala Val Lys Lys
65 70
gca 245

<210> 650
<211> 74
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 650
Ile Val Pro Leu Gly Asn Thr Leu Ile Ala Leu Thr Lys Asn Thr Thr
1 5 10 15
Ile Ala Ser Val Ile Gly Val Gly Glu Ala Ser Leu Leu Met Lys Ala

20	25	30	
Thr Ile Glu Asn His Ala Asn Met Leu Phe Val Val Phe Ala Ile Phe			
35	40	45	
Ala Val Gly Phe Met Ile Leu Thr Leu Pro Met Gly Leu Gly Leu Gly			
50	55	60	
Lys Leu Ser Glu Arg Leu Ala Val Lys Lys			
65	70		
<210> 651			
<211> 792			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(769)			
<223> RXN02996			
<400> 651			
tcctgccaca gaatctgcct gctgtccat taactaaaaa ttgcaggcta gaatagaggg	60		
tcgattagga gtcgatgaaa aagtcggcgc caacgaggag atg aac aac aac gtg	115		
	Met Asn Asn Asn Val		
	1	5	
agt gat caa aag cta agt ggt aaa gag ctt gcg gca cta gag aaa caa	163		
Ser Asp Gln Lys Leu Ser Gly Lys Glu Leu Ala Ala Leu Glu Lys Gln			
	10	15	20
gcc gca aaa act ctc gaa ctt ggt gat aag aag tgg tat ctc atc gcg	211		
Ala Ala Lys Thr Leu Glu Leu Gly Asp Lys Lys Trp Tyr Leu Ile Ala			
	25	30	35
gga gtc gtg ctt ttc gcc atc gca ctc gtc ctc cca cat atc cgt gga	259		
Gly Val Val Leu Phe Ala Ile Ala Leu Val Leu Pro His Ile Arg Gly			
	40	45	50
gtg atg ggc tgg cag gtt ctg acg ctg tgc aat gtc gcg gag gat gcc	307		
Val Met Gly Trp Gln Val Leu Thr Leu Ser Asn Val Ala Glu Asp Ala			
	55	60	65
ggc att acc ctt ggt gag tac ggt ttc tac tgg ttg ggc acc atc ggt	355		
Gly Ile Thr Leu Gly Glu Tyr Gly Phe Tyr Trp Leu Gly Thr Ile Gly			
	70	75	80
gta ttc ctg ctt tct ttg ggc act gtc gtg ttt aag cgc acg tgg atg	403		
Val Phe Leu Leu Ser Leu Gly Thr Val Val Phe Lys Arg Thr Trp Met			
	90	95	100
gcg tgg att tca tgg att ttc tcc tgc gtc act ctt gtg ttc gct gtg	451		
Ala Trp Ile Ser Trp Ile Phe Ser Cys Val Thr Leu Val Phe Ala Val			
105	110	115	

ttt gcc atc tgg atg cgc caa aca acc acc agc acc caa gtg aat ttc 499
Phe Ala Ile Trp Met Arg Gln Thr Thr Thr Ser Thr Gln Val Asn Phe

120 125 130
gtc aac att ggc atg atg ctt gct gtg att gca gcg atc ctt gct gtg 547
Val Asn Ile Gly Met Met Leu Ala Val Ile Ala Ala Ile Leu Ala Val

135 140 145
tgg ggt cta tct tcg gtg att ttg gcc cgc agt gat cgc caa atg gag 595
Trp Gly Leu Ser Ser Val Ile Leu Ala Arg Ser Asp Arg Gln Met Glu

150 155 160 165
atc gct gaa atg cgc gcc gag aac cca gac ctt gat ggt gtt gca gct 643
Ile Ala Glu Met Arg Ala Glu Asn Pro Asp Leu Asp Gly Val Ala Ala

170 175 180
acc cag cgc gca ctt ctt gag cag cag caa agc aac cca gaa gat aat 691
Thr Gln Arg Ala Leu Leu Glu Gln Gln Gln Ser Asn Pro Glu Asp Asn

185 190 195
cct ttg ctt gtc gac gat cgt cgc gcc cgc atc gcc cgc cgc cgc gag 739
Pro Leu Leu Val Asp Asp Arg Arg Ala Arg Ile Ala Arg Arg Arg Glu

200 205 210
cgt gaa cag gat gca caa ggg gag cag gct taagttctag ttcaagcggg 789
Arg Glu Gln Asp Ala Gln Gly Glu Gln Ala

215 220
tga 792

<210> 652
<211> 223
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 652
Met Asn Asn Asn Val Ser Asp Gln Lys Leu Ser Gly Lys Glu Leu Ala
1 5 10 15
Ala Leu Glu Lys Gln Ala Ala Lys Thr Leu Glu Leu Gly Asp Lys Lys
20 25 30
Trp Tyr Leu Ile Ala Gly Val Val Leu Phe Ala Ile Ala Leu Val Leu
35 40 45
Pro His Ile Arg Gly Val Met Gly Trp Gln Val Leu Thr Leu Ser Asn
50 55 60
Val Ala Glu Asp Ala Gly Ile Thr Leu Gly Glu Tyr Gly Phe Tyr Trp
65 70 75 80
Leu Gly Thr Ile Gly Val Phe Leu Leu Ser Leu Gly Thr Val Val Phe
85 90 95

Lys Arg Thr Trp Met Ala Trp Ile Ser Trp Ile Phe Ser Cys Val Thr
100 105 110

Leu Val Phe Ala Val Phe Ala Ile Trp Met Arg Gln Thr Thr Thr Ser
115 120 125

Thr Gln Val Asn Phe Val Asn Ile Gly Met Met Leu Ala Val Ile Ala
130 135 140

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

Asp Arg Gln Met Glu Ile Ala Glu Met Arg Ala Glu Asn Pro Asp Leu
165 170 175

Asp Gly Val Ala Ala Thr Gln Arg Ala Leu Leu Glu Gln Gln Gln Ser
180 185 190

Asn Pro Glu Asp Asn Pro Leu Leu Val Asp Asp Arg Arg Ala Arg Ile
195 200 205

Ala Arg Arg Arg Glu Arg Glu Gln Asp Ala Gln Gly Glu Gln Ala
210 215 220

<210> 653

<211> 1017

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(994)

<223> RXN03126

<400> 653

tcttggacaa cattacccca cacacgggac actcaaactg gcatgaattc acctgtcgtc 60
gatacccaaa aatcactcca ccaccactag ggtgtcttat gtg cag gaa caa tcg 115
Val Gln Glu Gln Ser

1 5
aag cag aaa gac ctc cag gct gat atc gcc aga atc act gcc gtg aaa 163
Lys Gln Lys Asp Leu Gln Ala Asp Ile Ala Arg Ile Thr Ala Val Lys

10 15 20
tcg gac aca gtt ccg aat tcc cag tca atg acc ttt ggc gct gcc tgg 211
Ser Asp Thr Val Pro Asn Ser Gln Ser Met Thr Phe Gly Ala Ala Trp

25 30 35
aac gat atc gtc cgc gga ttc aag caa cat gag ttg tgg ctg caa etc 259
Asn Asp Ile Val Arg Gly Phe Lys Gln His Glu Leu Trp Leu Gln Leu

40 45 50
ggc tgg caa gac att aag caa cgc tac cgg cga tcc gtc ctt ggg ccc 307
Gly Trp Gln Asp Ile Lys Gln Arg Tyr Arg Arg Ser Val Leu Gly Pro

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

280 285 290
gtc agc tac tgg gta taaggagcac cacatggtat cca 1017
Val Ser Tyr Trp Val

295

<210> 654
<211> 298
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 654
Val Gln Glu Gln Ser Lys Gln Lys Asp Leu Gln Ala Asp Ile Ala Arg
1 5 10 15

Ile Thr Ala Val Lys Ser Asp Thr Val Pro Asn Ser Gln Ser Met Thr
20 25 30

Phe Gly Ala Ala Trp Asn Asp Ile Val Arg Gly Phe Lys Gln His Glu
35 40 45

Leu Trp Leu Gln Leu Gly Trp Gln Asp Ile Lys Gln Arg Tyr Arg Arg
50 55 60

Ser Val Leu Gly Pro Leu Trp Ile Thr Ile Ala Thr Gly Val Met Ala
65 70 75 80

Leu Ala Leu Gly Leu Leu Tyr Ser Val Leu Phe Lys Ile Pro Ile Ala
85 90 95

Glu Phe Leu Pro His Val Thr Val Gly Leu Ile Ile Trp Asn Phe Ile
100 105 110

Ser Gly Cys Ile Lys Glu Gly Ser Asp Ile Phe Ile Asp Asn Glu Gly
115 120 125

Leu Ile Lys Gln Leu Pro Ser Ala Leu Ser Val His Val Tyr Arg Leu
130 135 140

Val Trp Lys Gln Ala Leu Phe Leu Ala His Asn Leu Val Ile Trp Val
145 150 155 160

Ile Leu Met Met Ile Phe Pro Arg Pro Leu Gly Trp Asp Val Leu Leu
165 170 175

Ile Ile Pro Ala Met Phe Leu Leu Val Ile Asn Gly Val Trp Val Val
180 185 190

Met Phe Phe Gly Ile Ile Ala Thr Arg Tyr Arg Asp Val Ser Pro Leu
195 200 205

Leu Glu Ala Gly Thr Gln Leu Leu Phe Tyr Val Thr Pro Ile Val Trp
210 215 220

Met Thr Ser Thr Leu Gln Ser Gln Ser Ala Glu Ile Gly Asn Arg Ala

225	230	235	240
Arg Leu Ala Glu Leu Asn Pro Leu Tyr His Tyr Leu Glu Ile Val Arg	245	250	255
Ala Pro Met Val Gly Ala Asp Leu Pro Ala Tyr His Trp Trp Ile Val	260	265	270
Leu Ala Phe Thr Phe Val Gly Leu Gly Leu Ala Leu Leu Ala Met Lys	275	280	285
Gln Trp Arg Phe Arg Val Ser Tyr Trp Val	290	295	
<210> 655			
<211> 927			
<212> DNA			
<213> Corynebacterium glutamicum			
<220>			
<221> CDS			
<222> (101)..(904)			
<223> RXN00443			
<400> 655			
taaacaagga gcgtttaatt tccaccaat ccactgaaa gtttcccacc ccacagttat 60			
gctgattaag tactgaactt accgtaggaa aggcactcag gtg aac aaa agt atc 115			
Val Asn Lys Ser Ile			
1 5			
cgt cga gct ctc tac agt ttc atc act att tcg gcg ggt atc tca ctc 163			
Arg Arg Ala Leu Tyr Ser Phe Ile Thr Ile Ser Ala Gly Ile Ser Leu			
10 15 20			
gta gcg tgc tct tct tca gac acc gca agc act acc acc cag aat gcc 211			
Val Ala Cys Ser Ser Ser Asp Thr Ala Ser Thr Thr Thr Gln Asn Ala			
25 30 35			
tct gct acc gaa gca gct ggg gtt tcc gga acc gct agc gtt ttc gct 259			
Ser Ala Thr Glu Ala Ala Gly Val Ser Gly Thr Ala Ser Val Phe Ala			
40 45 50			
gcg gcg tct ttg acc aac gtt gct gag gat ctc gcg gct gcg ttc aac 307			
Ala Ala Ser Leu Thr Asn Val Ala Glu Asp Leu Ala Ala Ala Phe Asn			
55 60 65			
gaa gac aat cct gat gca aag ttg gag ttt aac ttc gct ggt tct tcc 355			
Glu Asp Asn Pro Asp Ala Lys Leu Glu Phe Asn Phe Ala Gly Ser Ser			
70 75 80 85			
gcg ctg gtt cgc cag atc agc gaa ggc gca cca tct gat ctg ttc att 403			
Ala Leu Val Arg Gln Ile Ser Glu Gly Ala Pro Ser Asp Leu Phe Ile			
90 95 100			
tct gcg gac atc gcc aac atg gac gat gcg ctg gca ctt cca gaa ttt 451			

Ser Ala Asp Ile Ala Asn Met Asp Asp Ala Leu Ala Leu Pro Glu Phe

105 110 115
gcc ggc gca acc tcg aag gtc atc gct acc aac aag ctg gtg ctg gtc 499
Ala Gly Ala Thr Ser Lys Val Ile Ala Thr Asn Lys Leu Val Leu Val

120 125 130
acc gca gac ggc aac ccc ggc gaa att tca gag ctt gcc gac gtc aag 547
Thr Ala Asp Gly Asn Pro Gly Glu Ile Ser Glu Leu Ala Asp Val Lys

135 140 145
gac tcc ctc gtt gct atc tgc gcc cct gaa gtt cca tgt gga acc atc 595
Asp Ser Leu Val Ala Ile Cys Ala Pro Glu Val Pro Cys Gly Thr Ile

150 155 160 165
acc cac gag gct ttg gac tac gca gac atc gag ttg aac acc agc tct 643
Thr His Glu Ala Leu Asp Tyr Ala Asp Ile Glu Leu Asn Thr Ser Ser

170 175 180
gag gaa gcc aat gtt gct gat gtc gcc acg aag att tcc acc ggt gca 691
Glu Glu Ala Asn Val Ala Asp Val Ala Thr Lys Ile Ser Thr Gly Ala

185 190 195
gtt gat gcg ggc ttt gtt tac caa acc gac gct cag tct ttg gct aaa 739
Val Asp Ala Gly Phe Val Tyr Gln Thr Asp Ala Gln Ser Leu Ala Lys

200 205 210
act cag gac aac act gtc att gaa ctc gaa ggt atc gac gcc aac gaa 787
Thr Gln Asp Asn Thr Val Ile Glu Leu Glu Gly Ile Asp Ala Asn Glu

215 220 225
tac cca atg gca ttg acc acc acc ggt gaa gac aac gag gta gcg aag 835
Tyr Pro Met Ala Leu Thr Thr Thr Gly Glu Asp Asn Glu Val Ala Lys

230 235 240 245
gct ttc gca gag ttc ctc agc agc gat cgt gcc aag gag atc ctt gcc 883
Ala Phe Ala Glu Phe Leu Ser Ser Asp Arg Ala Lys Glu Ile Leu Ala

250 255 260
agc tat ggt ttt ggc aca aac taaaaaggct cgtcgaagcg aga 927
Ser Tyr Gly Phe Gly Thr Asn

265

<210> 656

<211> 268

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 656

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

Ala Gly Ile Ser Leu Val Ala Cys Ser Ser Ser Asp Thr Ala Ser Thr

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

<210> 657

<211> 960

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(937)

<223> RXN00444

<400> 657

taccaatgg cattgaccac caccggtgaa gacaacgagg tagcgaaggc tttcgcagag 60
ttctcagca gcgatcgtgc caaggagatc cttgccagct atg gtt ttg gca caa 115
Met Val Leu Ala Gln

1 5
act aaa aag gct cgt cga agc gag aat cat atc ctc cca ggg tgg ttg 163
Thr Lys Lys Ala Arg Arg Ser Glu Asn His Ile Leu Pro Gly Trp Leu

10 15 20
ctc atc cca gcc acc ctg gcc atg ctg ctg atc att gga cct att ttt 211
Leu Ile Pro Ala Thr Leu Ala Met Leu Leu Ile Ile Gly Pro Ile Phe

25 30 35
gct ttg ctg ttg cag atc ccc tgg gat cgg tct tgg gag ttg ctt acc 259
Ala Leu Leu Leu Gln Ile Pro Trp Asp Arg Ser Trp Glu Leu Leu Thr

40 45 50
gcg ccg gaa tct tta gga acc gca cgg tta tct atc gga act gct ctg 307
Ala Pro Glu Ser Leu Gly Thr Ala Arg Leu Ser Ile Gly Thr Ala Leu

55 60 65
ttt tct acc gcg cta tgc gca att gtg ggt ttc ccg cta gcg ttg gcg 355
Phe Ser Thr Ala Leu Cys Ala Ile Val Gly Phe Pro Leu Ala Leu Ala

70 75 80 85
ctg cat tta tat gag cgt tcg cac ccc agg gtg aca tca gtt ttg acg 403
Leu His Leu Tyr Glu Arg Ser His Pro Arg Val Thr Ser Val Leu Thr

90 95 100
gtg ctg gtt tat gcg cct ttg gtg ttg tcg ccg gtg gtg tct ggt ttg 451
Val Leu Val Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ser Pro Val Val Ser Gly Leu

105 110 115
gcg ctg act ttt ctg tgg ggc agg cgt ggt ttt tta ggt tct tgg ctt 499
Ala Leu Thr Phe Leu Trp Gly Arg Arg Gly Phe Leu Gly Ser Trp Leu

120 125 130
gat cag gtt gga ttg ccg att gca ttt acc acc acg gct gtg gtg ttt 547
Asp Gln Val Gly Leu Pro Ile Ala Phe Thr Thr Thr Ala Val Val Phe

135 140 145
gcc cag gtg ttt gta gcg ttg cca ttt ttc att tcc act gtg act act 595
Ala Gln Val Phe Val Ala Leu Pro Phe Phe Ile Ser Thr Val Thr Thr

150 155 160 165
gca ctg cgt ggc att cca aaa cag ttt gag gaa atc gca gct act gaa 643
Ala Leu Arg Gly Ile Pro Lys Gln Phe Glu Glu Ile Ala Ala Thr Glu

170 175 180
ggc gca acc cgc tgg gag atc atg cac aag atg atc att ccg ctg gcg 691
Gly Ala Thr Arg Trp Glu Ile Met His Lys Met Ile Ile Pro Leu Ala

185 190 195

atg cct gga att ttc acc ggt atg att ttg gga ttc gcc agg gcc ttg 739
Met Pro Gly Ile Phe Thr Gly Met Ile Leu Gly Phe Ala Arg Ala Leu

200 205 210
ggc gag tat ggt gcg aca ctg act ttt gct gga aat att gca ggt gtt 787
Gly Glu Tyr Gly Ala Thr Leu Thr Phe Ala Gly Asn Ile Ala Gly Val

215 220 225
acc cgc acc att ccg ttg cat att gag ctt ggt ttg agt tcc aat gac 835
Thr Arg Thr Ile Pro Leu His Ile Glu Leu Gly Leu Ser Ser Asn Asp

230 235 240 245
atg gat aaa gcc ttg gga gcg gtg att atg ctt ttg gct gtc tat gtc 883
Met Asp Lys Ala Leu Gly Ala Val Ile Met Leu Leu Ala Val Tyr Val

250 255 260
ctc atc att gga gcc atc gga gcg tta cga ttg ttt tcc aag gtg aga 931
Leu Ile Ile Gly Ala Ile Gly Ala Leu Arg Leu Phe Ser Lys Val Arg

265 270 275
aag gtt taattgatgt ctggttcgcc gga 960
Lys Val

<210> 658
<211> 279
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 658
Met Val Leu Ala Gln Thr Lys Lys Ala Arg Arg Ser Glu Asn His Ile
1 5 10 15
Leu Pro Gly Trp Leu Leu Ile Pro Ala Thr Leu Ala Met Leu Leu Ile
20 25 30
Ile Gly Pro Ile Phe Ala Leu Leu Leu Gln Ile Pro Trp Asp Arg Ser
35 40 45
Trp Glu Leu Leu Thr Ala Pro Glu Ser Leu Gly Thr Ala Arg Leu Ser
50 55 60
Ile Gly Thr Ala Leu Phe Ser Thr Ala Leu Cys Ala Ile Val Gly Phe
65 70 75 80
Pro Leu Ala Leu Ala Leu His Leu Tyr Glu Arg Ser His Pro Arg Val
85 90 95
Thr Ser Val Leu Thr Val Leu Val Tyr Ala Pro Leu Val Leu Ser Pro
100 105 110
Val Val Ser Gly Leu Ala Leu Thr Phe Leu Trp Gly Arg Arg Gly Phe
115 120 125

Leu Gly Ser Trp Leu Asp Gln Val Gly Leu Pro Ile Ala Phe Thr Thr
130 135 140

Thr Ala Val Val Phe Ala Gln Val Phe Val Ala Leu Pro Phe Phe Ile
145 150 155 160

Ser Thr Val Thr Thr Ala Leu Arg Gly Ile Pro Lys Gln Phe Glu Glu
165 170 175

Ile Ala Ala Thr Glu Gly Ala Thr Arg Trp Glu Ile Met His Lys Met
180 185 190

Ile Ile Pro Leu Ala Met Pro Gly Ile Phe Thr Gly Met Ile Leu Gly
195 200 205

Phe Ala Arg Ala Leu Gly Glu Tyr Gly Ala Thr Leu Thr Phe Ala Gly
210 215 220

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

Leu Ser Ser Asn Asp Met Asp Lys Ala Leu Gly Ala Val Ile Met Leu
245 250 255

Leu Ala Val Tyr Val Leu Ile Ile Gly Ala Ile Gly Ala Leu Arg Leu
260 265 270

Phe Ser Lys Val Arg Lys Val
275

<210> 659
<211> 594
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(594)
<223> RXN00193

<220>
<221> misc_feature
<222> 11
<223> n indicates any nucleotide

<220>
<221> VARIANT
<222> 4
<223> Xaa = Phe, Ser, Tyr, or Cys

<400> 659
aaa gct ttc tnc caa cgc gaa ggt ttc atc tca gcc ttc ggt ttc acc 48

Lys Ala Phe Xaa Gln Arg Glu Gly Phe Ile Ser Ala Phe Gly Phe Thr

1 5 10 15
ctc ctc gtg gtc atc gtc tcc gtg atc aca gtc aac atc ttc gcc ttc 96
Val Leu Val Val Ile Val Ser Val Ile Thr Val Asn Ile Phe Ala Phe

20 25 30
ctc ttg gcg tgg ttg ctg acc cgc aaa ctc cgc ggt acc aac ttt ttc 144
Leu Leu Ala Trp Leu Leu Thr Arg Lys Leu Arg Gly Thr Asn Phe Phe

35 40 45
cgc aca gtc ttc ttt atg ccg aac ctt atc ggc ggc att gtg ctg ggt 192
Arg Thr Val Phe Phe Met Pro Asn Leu Ile Gly Gly Ile Val Leu Gly

50 55 60
tat acc tgg cag acc atg atc aac gcc gtg ctt tcg cac tat gcc acg 240
Tyr Thr Trp Gln Thr Met Ile Asn Ala Val Leu Ser His Tyr Ala Thr

65 70 75 80
act att agc gcg gac tgg aaa ttc ggc tac gcc ggc ctc atc atg cta 288
Thr Ile Ser Ala Asp Trp Lys Phe Gly Tyr Ala Gly Leu Ile Met Leu

85 90 95
ctt aac tgg cag ctc atc ggc tac atg atg atc att tac atc gcc ggc 336
Leu Asn Trp Gln Leu Ile Gly Tyr Met Met Ile Ile Tyr Ile Ala Gly

100 105 110
ctg caa aac gtc cca cca gag ctc att gag gct gcc gaa ctc gac ggc 384
Leu Gln Asn Val Pro Pro Glu Leu Ile Glu Ala Ala Glu Leu Asp Gly

115 120 125
gtc aac aag tgg gag atg ctg cgg cac gtc act att ccg atg gtc atg 432
Val Asn Lys Trp Glu Met Leu Arg His Val Thr Ile Pro Met Val Met

130 135 140
cca tcc atc acc atc tgc ctc ttt ttg act ttg tcg aac tcc ttt aag 480
Pro Ser Ile Thr Ile Cys Leu Phe Leu Thr Leu Ser Asn Ser Phe Lys

145 150 155 160
ctc ttc gac cag aac ctg gcg ctg acc aac ggc gct cct ggc ggg caa 528
Leu Phe Asp Gln Asn Leu Ala Leu Thr Asn Gly Ala Pro Gly Gly Gln

165 170 175
act gag atg gtg gcg ctc aac atc atc aac acg ctg ttt aac cgt atg 576
Thr Glu Met Val Ala Leu Asn Ile Ile Asn Thr Leu Phe Asn Arg Met

180 185 190
aat gtc gag ggc gtc ggt 594
Asn Val Glu Gly Val Gly

195

<210> 660

<211> 198

<212> PRT

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> VARIANT

<222> 4

<223> Xaa = Phe, Ser, Tyr, or Cys

<400> 660

Lys Ala Phe Xaa Gln Arg Glu Gly Phe Ile Ser Ala Phe Gly Phe Thr
1 5 10 15

Val Leu Val Val Ile Val Ser Val Ile Thr Val Asn Ile Phe Ala Phe
20 25 30

Leu Leu Ala Trp Leu Leu Thr Arg Lys Leu Arg Gly Thr Asn Phe Phe
35 40 45

Arg Thr Val Phe Phe Met Pro Asn Leu Ile Gly Gly Ile Val Leu Gly
50 55 60

Tyr Thr Trp Gln Thr Met Ile Asn Ala Val Leu Ser His Tyr Ala Thr
65 70 75 80

Thr Ile Ser Ala Asp Trp Lys Phe Gly Tyr Ala Gly Leu Ile Met Leu
85 90 95

Leu Asn Trp Gln Leu Ile Gly Tyr Met Met Ile Ile Tyr Ile Ala Gly
100 105 110

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

Val Asn Lys Trp Glu Met Leu Arg His Val Thr Ile Pro Met Val Met
130 135 140

Pro Ser Ile Thr Ile Cys Leu Phe Leu Thr Leu Ser Asn Ser Phe Lys
145 150 155 160

Leu Phe Asp Gln Asn Leu Ala Leu Thr Asn Gly Ala Pro Gly Gly Gln
165 170 175

Thr Glu Met Val Ala Leu Asn Ile Ile Asn Thr Leu Phe Asn Arg Met
180 185 190

Asn Val Glu Gly Val Gly
195

<210> 661

<211> 1053

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1030)

<223> RXN01298

<400> 661

cttaaagctc accttattta tgcattatgt tggtttcaga ctggaacaat tcaattagaa 60
aacactaatc ggacatttag gtcacataac atttccgctc gtg tcc aca tta att 115
Val Ser Thr Leu Ile

1 5
tct gaa ccc gag gtg gat aag cta cgt aaa cgt gcc aag aga tca agg 163
Ser Glu Pro Glu Val Asp Lys Leu Arg Lys Arg Ala Lys Arg Ser Arg

10 15 20
cgg aca gaa tgg tgg ctt gcc gcc gca ctt ctt gcc cca aac ttg ctt 211
Arg Thr Glu Trp Trp Leu Ala Ala Ala Leu Leu Ala Pro Asn Leu Leu

25 30 35
ctc ttg gcc atc ttt acg tat cgg cca ctg tta gat aac ttc cgg ttg 259
Leu Leu Ala Ile Phe Thr Tyr Arg Pro Leu Leu Asp Asn Phe Arg Leu

40 45 50
tcc ttt ttc aac tgg aac att tcc tgc ccc aca tca acc ttc att ggg 307
Ser Phe Phe Asn Trp Asn Ile Ser Ser Pro Thr Ser Thr Phe Ile Gly

55 60 65
ttt gat aac tac gtt gag ttc ttc act cgt agt gac act ctc caa gtt 355
Phe Asp Asn Tyr Val Glu Phe Phe Thr Arg Ser Asp Thr Leu Gln Val

70 75 80 85
gtt tta aac acc gtc atc ttc acg gca tgt gct gtg atc gga tcg atg 403
Val Leu Asn Thr Val Ile Phe Thr Ala Cys Ala Val Ile Gly Ser Met

90 95 100
gtg ctc ggt ttg ctc ctg gcc atg ttg ttg gat cag aag ctt ttc ggc 451
Val Leu Gly Leu Leu Leu Ala Met Leu Leu Asp Gln Lys Leu Phe Gly

105 110 115
cgt aac ttt gtg cgt tcc atg gtg ttt gcc ccg ttt gtg att tcc ggt 499
Arg Asn Phe Val Arg Ser Met Val Phe Ala Pro Phe Val Ile Ser Gly

120 125 130
gct gcc att ggt gtt gct ttc cag ttc gtt ttt gac cct aat ttt ggt 547
Ala Ala Ile Gly Val Ala Phe Gln Phe Val Phe Asp Pro Asn Phe Gly

135 140 145
ttg gtt cag gac ttg ctg gga cgc atc ggc gtt gat tcg cca cag ttc 595
Leu Val Gln Asp Leu Leu Gly Arg Ile Gly Val Asp Ser Pro Gln Phe

150 155 160 165
tac caa aac cct aac tgg gca ttg ttc atg gtg acg ttc act ttc gtg 643
Tyr Gln Asn Pro Asn Trp Ala Leu Phe Met Val Thr Phe Thr Phe Val

170 175 180
tgg aag aac ttg ggc tac tcc ttt gtt atc tac ctg gct gca ttg cag 691
Trp Lys Asn Leu Gly Tyr Ser Phe Val Ile Tyr Leu Ala Ala Leu Gln

```

185          190          195
ggg cta aac aag gat ttg tct gag gcc gca ccg gtg gat ggc gcg agc 739
Gly Leu Asn Lys Asp Leu Ser Glu Ala Ala Pro Val Asp Gly Ala Ser

200          205          210
gcg tgg aca cgt ttt tgg aag gtt act ctt ccg cag ctt cgc cca acc 787
Ala Trp Thr Arg Phe Trp Lys Val Thr Leu Pro Gln Leu Arg Pro Thr

215          220          225
acg ttc ttc ctt tct att act gtc acg ctg aac tcg gtt cag gtc ttc 835
Thr Phe Phe Leu Ser Ile Thr Val Thr Leu Asn Ser Val Gln Val Phe

230          235          240          245
gac atc att cac acc atg act cgt ggt gcc ccc ttg ggt aac ggt acg 883
Asp Ile Ile His Thr Met Thr Arg Gly Gly Pro Leu Gly Asn Gly Thr

250          255          260
acc acc ttg gtt tac cag gtg tac acc gag act ttc acc aac tat cgc 931
Thr Thr Leu Val Tyr Gln Val Tyr Thr Glu Thr Phe Thr Asn Tyr Arg

265          270          275
gcg gga tat ggt gca aca atc gca acg att ttg ttc ctg ttg ctg ctg 979
Ala Gly Tyr Gly Ala Thr Ile Ala Thr Ile Leu Phe Leu Leu Leu Leu

280          285          290
att atc act gtt atc cag gtt cga tac atg gat aag gag aac aag cag 1027
Ile Ile Thr Val Ile Gln Val Arg Tyr Met Asp Lys Glu Asn Lys Gln

295          300          305
aaa tgatctcgac tgatagaac gtt 1053
Lys

310

<210> 662
<211> 310
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 662
Val Ser Thr Leu Ile Ser Glu Pro Glu Val Asp Lys Leu Arg Lys Arg
1          5          10          15

Ala Lys Arg Ser Arg Arg Thr Glu Trp Trp Leu Ala Ala Ala Leu Leu
20          25          30

Ala Pro Asn Leu Leu Leu Leu Ala Ile Phe Thr Tyr Arg Pro Leu Leu
35          40          45

Asp Asn Phe Arg Leu Ser Phe Phe Asn Trp Asn Ile Ser Ser Pro Thr
50          55          60

Ser Thr Phe Ile Gly Phe Asp Asn Tyr Val Glu Phe Phe Thr Arg Ser
65          70          75          80

```

Asp Thr Leu Gln Val Val Leu Asn Thr Val Ile Phe Thr Ala Cys Ala
85 90 95

Val Ile Gly Ser Met Val Leu Gly Leu Leu Leu Ala Met Leu Leu Asp
100 105 110

Gln Lys Leu Phe Gly Arg Asn Phe Val Arg Ser Met Val Phe Ala Pro
115 120 125

Phe Val Ile Ser Gly Ala Ala Ile Gly Val Ala Phe Gln Phe Val Phe
130 135 140

Asp Pro Asn Phe Gly Leu Val Gln Asp Leu Leu Gly Arg Ile Gly Val
145 150 155 160

Asp Ser Pro Gln Phe Tyr Gln Asn Pro Asn Trp Ala Leu Phe Met Val
165 170 175

Thr Phe Thr Phe Val Trp Lys Asn Leu Gly Tyr Ser Phe Val Ile Tyr
180 185 190

Leu Ala Ala Leu Gln Gly Leu Asn Lys Asp Leu Ser Glu Ala Ala Pro
195 200 205

Val Asp Gly Ala Ser Ala Trp Thr Arg Phe Trp Lys Val Thr Leu Pro
210 215 220

Gln Leu Arg Pro Thr Thr Phe Phe Leu Ser Ile Thr Val Thr Leu Asn
225 230 235 240

Ser Val Gln Val Phe Asp Ile Ile His Thr Met Thr Arg Gly Gly Pro
245 250 255

Leu Gly Asn Gly Thr Thr Thr Leu Val Tyr Gln Val Tyr Thr Glu Thr
260 265 270

Phe Thr Asn Tyr Arg Ala Gly Tyr Gly Ala Thr Ile Ala Thr Ile Leu
275 280 285

Phe Leu Leu Leu Leu Ile Ile Thr Val Ile Gln Val Arg Tyr Met Asp
290 295 300

Lys Glu Asn Lys Gln Lys
305 310

<210> 663

<211> 1182

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1159)

<223> RXA01737

<400> 663

```

ctttgagccg aacgatctgc cgactcaaga agaactagcc cggtctgtca gtcaggaatg 60
atgcgcctaa gatcaaaca gaataaaagg acggtgaaca atg ggc cga atg aaa 115
Met Gly Arg Met Lys

1 5
aac gat ggt gaa ctc gcg gat ctg ccg gat cat gca ctt ttg agc att 163
Asn Asp Gly Glu Leu Ala Asp Leu Pro Asp His Ala Leu Leu Ser Ile

10 15 20
att cga atc ccg cag gcg gcg aaa aga agc ccc tgg gcg ctg atc tta 211
Ile Arg Ile Pro Gln Ala Ala Lys Arg Ser Pro Trp Ala Leu Ile Leu

25 30 35
acg cgc atc gga tac gcg atg gtg ctg ctg gtt atc gtc acc atg gtt 259
Thr Arg Ile Gly Tyr Ala Met Val Leu Leu Val Ile Val Thr Met Val

40 45 50
gtc tat ttt gac cgc aac gga tac tcc gaa gac ctc acg ttc atc gac 307
Val Tyr Phe Asp Arg Asn Gly Tyr Ser Glu Asp Leu Thr Phe Ile Asp

55 60 65
gcg ttg tac tat tcc aca gtc tcg ttg acc acc gtg ggc tac ggc gat 355
Ala Leu Tyr Tyr Ser Thr Val Ser Leu Thr Thr Val Gly Tyr Gly Asp

70 75 80 85
atc acc ccg gtg acg caa tcg gca cgc ctg atc aac atc atc gtc ctc 403
Ile Thr Pro Val Thr Gln Ser Ala Arg Leu Ile Asn Ile Ile Val Leu

90 95 100
acc cca gca cgc atc ggc ttc ctg atc ctc ctg gtc ggc acc acc ttg 451
Thr Pro Ala Arg Ile Gly Phe Leu Ile Leu Leu Val Gly Thr Thr Leu

105 110 115
tca gtg ctc acc gaa gaa tcg cgc cgg gcc ctg caa atc caa cgt tgg 499
Ser Val Leu Thr Glu Glu Ser Arg Arg Ala Leu Gln Ile Gln Arg Trp

120 125 130
aga aaa cgc atg cgc aac cac acc gtc gtt gtc gga tac gga acc aaa 547
Arg Lys Arg Met Arg Asn His Thr Val Val Val Gly Tyr Gly Thr Lys

135 140 145
ggc cgc tcc gcg gtc gct gca ctg ctt ggc gac ggc gtc ccc gcc aac 595
Gly Arg Ser Ala Val Ala Ala Leu Leu Gly Asp Gly Val Pro Ala Asn

150 155 160 165
cag atc gtt gtt atc gac acc gat caa gtc tcc ctc gac gcc gcc aac 643
Gln Ile Val Val Ile Asp Thr Asp Gln Val Ser Leu Asp Ala Ala Asn

170 175 180
aac agc gga ctc gtc acc gtc aaa ggc tcc gcc acc aaa gca gat gtg 691
Asn Ser Gly Leu Val Thr Val Lys Gly Ser Ala Thr Lys Ala Asp Val

185 190 195
ttg cgt cta gct ggc gtg tca cga gcg cgc gcc gtc gtc gtg gca ccg 739
Leu Arg Leu Ala Gly Val Ser Arg Ala Arg Ala Val Val Val Ala Pro

```


200	205	210	
aac ctg gac gat act gca gtt ctg gtg act cta tcg gtg cga gaa atc			787
Asn Leu Asp Asp Thr Ala Val Leu Val Thr Leu Ser Val Arg Glu Ile			
215	220	225	
gcg ccg cag gca atg att gtg gcc agt gtc cga gaa tct gaa aac caa			835
Ala Pro Gln Ala Met Ile Val Ala Ser Val Arg Glu Ser Glu Asn Gln			
230	235	240	245
cac ctc ctc gaa caa tcc ggt gcg gac tcg gtt gtg atc tcc tca gaa			883
His Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Ser Val Val Ile Ser Ser Glu			
250	255	260	
acc gct ggc cga atg ctc ggt ctg gca aca gtt acc cca tcg gtt gtg			931
Thr Ala Gly Arg Met Leu Gly Leu Ala Thr Val Thr Pro Ser Val Val			
265	270	275	
gag atg atg gaa gac ctc ctc tca ccc gac gaa gga ttc tcc gtt gcc			979
Glu Met Met Glu Asp Leu Leu Ser Pro Asp Glu Gly Phe Ser Val Ala			
280	285	290	
gaa cga cta gtc ggt gag gat gaa atc ggc tcc aac cca cga cac ctc			1027
Glu Arg Leu Val Gly Glu Asp Glu Ile Gly Ser Asn Pro Arg His Leu			
295	300	305	
gct gac atc gtc ctc ggt gtt gtt cga tcc ggt gag ctc tac cgc atc			1075
Ala Asp Ile Val Leu Gly Val Val Arg Ser Gly Glu Leu Tyr Arg Ile			
310	315	320	325
gac tcc cca gaa gca gaa act gta gag ccc ggc gat cgt ctc ctt tac			1123
Asp Ser Pro Glu Ala Glu Thr Val Glu Pro Gly Asp Arg Leu Leu Tyr			
330	335	340	
gtt cgc cga gta ttt agc gag gag gta aat gac aaa tgagaattct			1169
Val Arg Arg Val Phe Ser Glu Glu Val Asn Asp Lys			
345	350		
tcccatcggc ccc			1182

<210> 664
 <211> 353
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 664
 Met Gly Arg Met Lys Asn Asp Gly Glu Leu Ala Asp Leu Pro Asp His
 1 5 10 15
 Ala Leu Leu Ser Ile Ile Arg Ile Pro Gln Ala Ala Lys Arg Ser Pro
 20 25 30
 Trp Ala Leu Ile Leu Thr Arg Ile Gly Tyr Ala Met Val Leu Leu Val
 35 40 45

Ile Val Thr Met Val Val Tyr Phe Asp Arg Asn Gly Tyr Ser Glu Asp
50 55 60

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

Val Gly Tyr Gly Asp Ile Thr Pro Val Thr Gln Ser Ala Arg Leu Ile
85 90 95

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

Val Gly Thr Thr Leu Ser Val Leu Thr Glu Glu Ser Arg Arg Ala Leu
115 120 125

Gln Ile Gln Arg Trp Arg Lys Arg Met Arg Asn His Thr Val Val Val
130 135 140

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

Gly Val Pro Ala Asn Gln Ile Val Val Ile Asp Thr Asp Gln Val Ser
165 170 175

Leu Asp Ala Ala Asn Asn Ser Gly Leu Val Thr Val Lys Gly Ser Ala
180 185 190

Thr Lys Ala Asp Val Leu Arg Leu Ala Gly Val Ser Arg Ala Arg Ala
195 200 205

Val Val Val Ala Pro Asn Leu Asp Asp Thr Ala Val Leu Val Thr Leu
210 215 220

Ser Val Arg Glu Ile Ala Pro Gln Ala Met Ile Val Ala Ser Val Arg
225 230 235 240

Glu Ser Glu Asn Gln His Leu Leu Glu Gln Ser Gly Ala Asp Ser Val
245 250 255

Val Ile Ser Ser Glu Thr Ala Gly Arg Met Leu Gly Leu Ala Thr Val
260 265 270

Thr Pro Ser Val Val Glu Met Met Glu Asp Leu Leu Ser Pro Asp Glu
275 280 285

Gly Phe Ser Val Ala Glu Arg Leu Val Gly Glu Asp Glu Ile Gly Ser
290 295 300

Asn Pro Arg His Leu Ala Asp Ile Val Leu Gly Val Val Arg Ser Gly
305 310 315 320

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

Asp Arg Leu Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ser Glu Glu Val Asn Asp
340 345 350

Lys

<210> 665
 <211> 2007
 <212> DNA
 <213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (101)..(1984)
 <223> RXN02348

<400> 665
 aaagacccga gccgaagccc tggcctgcgc atacttcctt gtcaacgctc gctgggatta 60
 ggtcttttct gagcgttagc atttctccac tcaaaggagc atg ctt aac cgc atg 115
 Met Leu Asn Arg Met

 1 5
 aaa agt gcg cgg cca aaa tca gtc gct cca aaa tcc gga caa gct tta 163
 Lys Ser Ala Arg Pro Lys Ser Val Ala Pro Lys Ser Gly Gln Ala Leu

 10 15 20
 ctc act ctc ggt gcc cta ggt gtt gtg ttc ggc gac atc ggc acc agc 211
 Leu Thr Leu Gly Ala Leu Gly Val Val Phe Gly Asp Ile Gly Thr Ser

 25 30 35
 ccc ctg tac tca ctt cac act gca ttc agc atg cag cac aac aaa gtc 259
 Pro Leu Tyr Ser Leu His Thr Ala Phe Ser Met Gln His Asn Lys Val

 40 45 50
 gaa gtc act cag gaa aat gtg tac ggc atc atc tcc atg gtg ttg tgg 307
 Glu Val Thr Gln Glu Asn Val Tyr Gly Ile Ile Ser Met Val Leu Trp

 55 60 65
 acc atc act ttg atc gtc acc gtc aaa tac gtc atg ctg gtc acc cga 355
 Thr Ile Thr Leu Ile Val Thr Val Lys Tyr Val Met Leu Val Thr Arg

 70 75 80 85
 gct gac aac caa gga caa ggt ggc atc ctg gcg ctc gtt gct ttg ctg 403
 Ala Asp Asn Gln Gly Gln Gly Gly Ile Leu Ala Leu Val Ala Leu Leu

 90 95 100
 aaa aac cgt ggg cac tgg gga aaa ttc gtg gca gta gcc ggc atg ttg 451
 Lys Asn Arg Gly His Trp Gly Lys Phe Val Ala Val Ala Gly Met Leu

 105 110 115
 ggc gcc gca ttg ttt tat ggc gat gtg gtg atc acc ccg gcg atc tct 499
 Gly Ala Ala Leu Phe Tyr Gly Asp Val Val Ile Thr Pro Ala Ile Ser

 120 125 130
 gtt ctc agc gca aca gaa ggc ttg acg gtt atc tcc cca agc ttt gag 547
 Val Leu Ser Ala Thr Glu Gly Leu Thr Val Ile Ser Pro Ser Phe Glu

 135 140 145
 cgc ttc att ctg ccc gta tct ctc gca gtt ctg atc gct att ttt gca 595

Arg Phe Ile Leu Pro Val Ser Leu Ala Val Leu Ile Ala Ile Phe Ala

150 155 160 165
atc caa ccg ctc ggt aca gaa aaa gtc ggc aaa gcc ttc ggc ccc atc 643
Ile Gln Pro Leu Gly Thr Glu Lys Val Gly Lys Ala Phe Gly Pro Ile

170 175 180
atg ttg ctg tgg ttt gtc acc ctt gca gga ttg gga att ccg caa atc 691
Met Leu Leu Trp Phe Val Thr Leu Ala Gly Leu Gly Ile Pro Gln Ile

185 190 195
atc ggg cac cca gaa atc ttg cag agc ttg tct cca cat tgg gcc ctg 739
Ile Gly His Pro Glu Ile Leu Gln Ser Leu Ser Pro His Trp Ala Leu

200 205 210
cgc ttg att gtg gct gag cct ttc caa gca ttt gtg ctg ctt ggt gcc 787
Arg Leu Ile Val Ala Glu Pro Phe Gln Ala Phe Val Leu Leu Gly Ala

215 220 225
gtt gtc ctg aca gta acg ggt gcg gaa gcg ctc tac gct gat atg ggc 835
Val Val Leu Thr Val Thr Gly Ala Glu Ala Leu Tyr Ala Asp Met Gly

230 235 240 245
cat ttt ggg gcg agg cca atc aga gtg gcg tgg ttt tgc gtc gtc atg 883
His Phe Gly Ala Arg Pro Ile Arg Val Ala Trp Phe Cys Val Val Met

250 255 260
cct gct tta atc ttg acg tat ttg ggg cag ggc gcc ttg gtg atc aac 931
Pro Ala Leu Ile Leu Thr Tyr Leu Gly Gln Gly Ala Leu Val Ile Asn

265 270 275
cag cct gaa gcg gtg cgc aac ccc atg ttt tat ctc gcg ccg gaa ggt 979
Gln Pro Glu Ala Val Arg Asn Pro Met Phe Tyr Leu Ala Pro Glu Gly

280 285 290
ctg cgg att ccg ttg gtt att ttg gcg acc atc gct acg gtg atc gca 1027
Leu Arg Ile Pro Leu Val Ile Leu Ala Thr Ile Ala Thr Val Ile Ala

295 300 305
tcg cag gcc gtg att tct ggt gcg tat tca ttg acc aag cag gcc gtg 1075
Ser Gln Ala Val Ile Ser Gly Ala Tyr Ser Leu Thr Lys Gln Ala Val

310 315 320 325
aat ttg aaa ctg ctg cca cgc atg gtg atc cgg cat acc tcc cgc aaa 1123
Asn Leu Lys Leu Leu Pro Arg Met Val Ile Arg His Thr Ser Arg Lys

330 335 340
gag gaa ggc cag atc tat atg cca ctg gtt aat gga ttg ctg ttt gta 1171
Glu Glu Gly Gln Ile Tyr Met Pro Leu Val Asn Gly Leu Leu Phe Val

345 350 355
tcc gtg atg gtt gtg gtg ctg gta ttc cga tcc tct gaa agc ctc gcc 1219
Ser Val Met Val Val Val Leu Val Phe Arg Ser Ser Glu Ser Leu Ala

360 365 370
agc gcg tac gga ctt gca gtg acc gga acc ttg gtg ctg gtc agc gtc 1267

Ser Ala Tyr Gly Leu Ala Val Thr Gly Thr Leu Val Leu Val Ser Val

375 380 385
ctg tat ctg atc tat gtt cac acc aca tgg tgg aaa aca gcg ctg ttc 1315
Leu Tyr Leu Ile Tyr Val His Thr Thr Trp Trp Lys Thr Ala Leu Phe

390 395 400 405
att gtg ctc atc ggt att cca gaa gta ctt cta ttc gcc tcg aac acc 1363
Ile Val Leu Ile Gly Ile Pro Glu Val Leu Leu Phe Ala Ser Asn Thr

410 415 420
acg aaa att cac gac ggt ggc tgg ctt cca cta ctt att gcg gcc gtg 1411
Thr Lys Ile His Asp Gly Gly Trp Leu Pro Leu Leu Ile Ala Ala Val

425 430 435
ctc atc gtg gtg atg cgg acc tgg gag tgg gga agt gac cgc gtc aat 1459
Leu Ile Val Val Met Arg Thr Trp Glu Trp Gly Ser Asp Arg Val Asn

440 445 450
cag gaa cgc gca gag ctg gaa ctt ccc atg gat aag ttc ttg gag aaa 1507
Gln Glu Arg Ala Glu Leu Glu Leu Pro Met Asp Lys Phe Leu Glu Lys

455 460 465
ctc gat cag cca cac aat att ggt ctg cgt aaa gtt gcc gaa gtg gca 1555
Leu Asp Gln Pro His Asn Ile Gly Leu Arg Lys Val Ala Glu Val Ala

470 475 480 485
gta ttt cca cat ggc acc agc gat act gtc ccg ttg tca ttg gtt cgc 1603
Val Phe Pro His Gly Thr Ser Asp Thr Val Pro Leu Ser Leu Val Arg

490 495 500
tgc gtg aaa gac ctc aag ctt tta tac cga gag atc gtg atc gtt cga 1651
Cys Val Lys Asp Leu Lys Leu Leu Tyr Arg Glu Ile Val Ile Val Arg

505 510 515
atc gtc caa gaa cac gtt ccg cac gtg cca cca gag gaa cgc gcg gaa 1699
Ile Val Gln Glu His Val Pro His Val Pro Pro Glu Glu Arg Ala Glu

520 525 530
atg gaa gtg ctc cat cac gcc ccg atc aga gtc gtg cga gtt gat ctg 1747
Met Glu Val Leu His His Ala Pro Ile Arg Val Val Arg Val Asp Leu

535 540 545
cac ctt ggt tat ttt gat gag cag aac ctg cct gag cat ctc cat gcc 1795
His Leu Gly Tyr Phe Asp Glu Gln Asn Leu Pro Glu His Leu His Ala

550 555 560 565
att gac cca aca tgg gat aac gcc acc tac ttc ctg tct gcc ctg act 1843
Ile Asp Pro Thr Trp Asp Asn Ala Thr Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Thr

570 575 580
ctt cgg agc agg ttg cct gga aag att gct ggc tgg cgt gat cgt ttg 1891
Leu Arg Ser Arg Leu Pro Gly Lys Ile Ala Gly Trp Arg Asp Arg Leu

585 590 595
tat ctt tcg atg gaa cgt aat cag gca tct cga act gag tct ttc aaa 1939

Tyr Leu Ser Met Glu Arg Asn Gln Ala Ser Arg Thr Glu Ser Phe Lys

600 605 610
ttg caa cca agc aaa acc atc acg gtt gga aca gag ctg cac ctt 1984
Leu Gln Pro Ser Lys Thr Ile Thr Val Gly Thr Glu Leu His Leu

615 620 625
taatcaggca gttgctggcc aac 2007

<210> 666
<211> 628
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 666
Met Leu Asn Arg Met Lys Ser Ala Arg Pro Lys Ser Val Ala Pro Lys
1 5 10 15

Ser Gly Gln Ala Leu Leu Thr Leu Gly Ala Leu Gly Val Val Phe Gly
20 25 30

Asp Ile Gly Thr Ser Pro Leu Tyr Ser Leu His Thr Ala Phe Ser Met
35 40 45

Gln His Asn Lys Val Glu Val Thr Gln Glu Asn Val Tyr Gly Ile Ile
50 55 60

Ser Met Val Leu Trp Thr Ile Thr Leu Ile Val Thr Val Lys Tyr Val
65 70 75 80

Met Leu Val Thr Arg Ala Asp Asn Gln Gly Gln Gly Gly Ile Leu Ala
85 90 95

Leu Val Ala Leu Leu Lys Asn Arg Gly His Trp Gly Lys Phe Val Ala
100 105 110

Val Ala Gly Met Leu Gly Ala Ala Leu Phe Tyr Gly Asp Val Val Ile
115 120 125

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

Ser Pro Ser Phe Glu Arg Phe Ile Leu Pro Val Ser Leu Ala Val Leu
145 150 155 160

Ile Ala Ile Phe Ala Ile Gln Pro Leu Gly Thr Glu Lys Val Gly Lys
165 170 175

Ala Phe Gly Pro Ile Met Leu Leu Trp Phe Val Thr Leu Ala Gly Leu
180 185 190

Gly Ile Pro Gln Ile Ile Gly His Pro Glu Ile Leu Gln Ser Leu Ser
195 200 205

Pro His Trp Ala Leu Arg Leu Ile Val Ala Glu Pro Phe Gln Ala Phe

210	215	220
Val Leu Leu Gly Ala Val Val Leu Thr Val Thr Gly Ala Glu Ala Leu		
225	230	235 240
Tyr Ala Asp Met Gly His Phe Gly Ala Arg Pro Ile Arg Val Ala Trp		
	245	250 255
Phe Cys Val Val Met Pro Ala Leu Ile Leu Thr Tyr Leu Gly Gln Gly		
	260	265 270
Ala Leu Val Ile Asn Gln Pro Glu Ala Val Arg Asn Pro Met Phe Tyr		
	275	280 285
Leu Ala Pro Glu Gly Leu Arg Ile Pro Leu Val Ile Leu Ala Thr Ile		
	290	295 300
Ala Thr Val Ile Ala Ser Gln Ala Val Ile Ser Gly Ala Tyr Ser Leu		
305	310	315 320
Thr Lys Gln Ala Val Asn Leu Lys Leu Leu Pro Arg Met Val Ile Arg		
	325	330 335
His Thr Ser Arg Lys Glu Glu Gly Gln Ile Tyr Met Pro Leu Val Asn		
	340	345 350
Gly Leu Leu Phe Val Ser Val Met Val Val Val Leu Val Phe Arg Ser		
	355	360 365
Ser Glu Ser Leu Ala Ser Ala Tyr Gly Leu Ala Val Thr Gly Thr Leu		
	370	375 380
Val Leu Val Ser Val Leu Tyr Leu Ile Tyr Val His Thr Thr Trp Trp		
385	390	395 400
Lys Thr Ala Leu Phe Ile Val Leu Ile Gly Ile Pro Glu Val Leu Leu		
	405	410 415
Phe Ala Ser Asn Thr Thr Lys Ile His Asp Gly Gly Trp Leu Pro Leu		
	420	425 430
Leu Ile Ala Ala Val Leu Ile Val Val Met Arg Thr Trp Glu Trp Gly		
	435	440 445
Ser Asp Arg Val Asn Gln Glu Arg Ala Glu Leu Glu Leu Pro Met Asp		
	450	455 460
Lys Phe Leu Glu Lys Leu Asp Gln Pro His Asn Ile Gly Leu Arg Lys		
465	470	475 480
Val Ala Glu Val Ala Val Phe Pro His Gly Thr Ser Asp Thr Val Pro		
	485	490 495
Leu Ser Leu Val Arg Cys Val Lys Asp Leu Lys Leu Leu Tyr Arg Glu		
	500	505 510
Ile Val Ile Val Arg Ile Val Gln Glu His Val Pro His Val Pro Pro		
	515	520 525

Glu Glu Arg Ala Glu Met Glu Val Leu His His Ala Pro Ile Arg Val
530 535 540

Val Arg Val Asp Leu His Leu Gly Tyr Phe Asp Glu Gln Asn Leu Pro
545 550 555 560

Glu His Leu His Ala Ile Asp Pro Thr Trp Asp Asn Ala Thr Tyr Phe
565 570 575

Leu Ser Ala Leu Thr Leu Arg Ser Arg Leu Pro Gly Lys Ile Ala Gly
580 585 590

Trp Arg Asp Arg Leu Tyr Leu Ser Met Glu Arg Asn Gln Ala Ser Arg
595 600 605

Thr Glu Ser Phe Lys Leu Gln Pro Ser Lys Thr Ile Thr Val Gly Thr
610 615 620

Glu Leu His Leu
625

<210> 667

<211> 1656

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(1633)

<223> RXA02426

<400> 667

tgcagcagca taatcaggga aaaataggaa ctgtttactg aaaaactgac aaacctgaca 60
gacctgacct gaagagacct tattcatgac gatattgttc atg ctc att aca ttg 115
Met Leu Ile Thr Leu

1 5
ctg ctc gcc acc gtg att gtg gtg gcc atc ggc gat aaa acc gga ctc 163
Leu Leu Ala Thr Val Ile Val Val Ala Ile Gly Asp Lys Thr Gly Leu

10 15 20
ccc tgg cct gct ttg atg act att gtc gcc gca ggt gga gcg ttg ttg 211
Pro Trp Pro Ala Leu Met Thr Ile Val Ala Ala Gly Gly Ala Leu Leu

25 30 35
cca ttt ttg ccg gaa ttt act atc ccg gcc gat ctg atg ttg cct att 259
Pro Phe Leu Pro Glu Phe Thr Ile Pro Ala Asp Leu Met Leu Pro Ile

40 45 50
ttc att ccg ccg ctg ctg tgg gcg ctg gcg agg aag tca tcg tgg gcg 307
Phe Ile Pro Pro Leu Leu Trp Ala Leu Ala Arg Lys Ser Ser Trp Ala

55 60 65
gtg att agg tcg cag atg tct acc atc atc acg atg tcg gtg ttg ttg 355

Val Ile Arg Ser Gln Met Ser Thr Ile Ile Thr Met Ser Val Leu Leu

70 75 80 85
gtg ttc gtg acc atc gcg gca ctc acg ggt gca tcc atg ctg ttg ctt 403
Val Phe Val Thr Ile Ala Ala Leu Thr Gly Ala Ser Met Leu Leu Leu

90 95 100
cct ggc att ggt ctt gct ggt gcg atc atg ttg gct gcg gct att gct 451
Pro Gly Ile Gly Leu Ala Gly Ala Ile Met Leu Ala Ala Ala Ile Ala

105 110 115
cca ccg gat cct gtt gct gtt gat gca gtg gcg gaa cct gcg gga atc 499
Pro Pro Asp Pro Val Ala Val Asp Ala Val Ala Glu Pro Ala Gly Ile

120 125 130
ccg aag cgc atc acc acc act ttg cag acg gag ggt ctg ttt aat gat 547
Pro Lys Arg Ile Thr Thr Thr Leu Gln Thr Glu Gly Leu Phe Asn Asp

135 140 145
gca gcc agc atc gtg gcg ttc cat gtg gct tta gct gcc ctg gtc gct 595
Ala Ala Ser Ile Val Ala Phe His Val Ala Leu Ala Ala Leu Val Ala

150 155 160 165
ggg gag gat ttg tcc tgg tca acg ggt gtt ttg gaa ttc ttg tgg tcg 643
Gly Glu Asp Leu Ser Trp Ser Thr Gly Val Leu Glu Phe Leu Trp Ser

170 175 180
tgt ctt gct gcc gtt att ttg ggc ttg gtt att ggc cgg gcg gct gcg 691
Cys Leu Ala Ala Val Ile Leu Gly Leu Val Ile Gly Arg Ala Ala Ala

185 190 195
tgg ttt acc gat cac gtg agt tcc gtt gag gct cga aat gcg ttt acg 739
Trp Phe Thr Asp His Val Ser Ser Val Glu Ala Arg Asn Ala Phe Thr

200 205 210
tgg gtg ctg ccg ttt gcc att tat gtg gtg gcg gaa gaa atc ggc gga 787
Trp Val Leu Pro Phe Ala Ile Tyr Val Val Ala Glu Glu Ile Gly Gly

215 220 225
tcg ggc gtt atc gcc att gtg atc gct gca gtg gag atg aat tcg agg 835
Ser Gly Val Ile Ala Ile Val Ile Ala Ala Val Glu Met Asn Ser Arg

230 235 240 245
gcg tcg att ggt gcg gag gat cgt cta acg ggt tct gcg ttc tgg gga 883
Ala Ser Ile Gly Ala Glu Asp Arg Leu Thr Gly Ser Ala Phe Trp Gly

250 255 260
acc att gag gtg ctg ttt act ggc gtt gcc ttt ggt ttg atc ggc ctg 931
Thr Ile Glu Val Leu Phe Thr Gly Val Ala Phe Gly Leu Ile Gly Leu

265 270 275
aat gtg cgc gct gcg att gat gaa gtt gga tct gag ctg tgg cat gcc 979
Asn Val Arg Ala Ala Ile Asp Glu Val Gly Ser Glu Leu Trp His Ala

280 285 290
gtg gtc gtg ggc att gtg ctc tcg gtg gtg gcg atc gtt gtc cgt ggt 1027

Val Val Val Gly Ile Val Leu Ser Val Val Ala Ile Val Val Arg Gly

295 300 305
gtg tgg atg ttc gcg gcg tat aag cgc aat cgt ttc aag atc gat aag 1075
Val Trp Met Phe Ala Ala Tyr Lys Arg Asn Arg Phe Lys Ile Asp Lys

310 315 320 325
aag ggt gcg acc aat agt tca ttg cgg gcg cct ctt cga ctg cag gaa 1123
Lys Gly Ala Thr Asn Ser Ser Leu Arg Ala Pro Leu Arg Leu Gln Glu

330 335 340
tcg ttg ctg atg acg tgg gcg ggc atg cgc ggt ttg gtg acg ttg gcg 1171
Ser Leu Leu Met Thr Trp Ala Gly Met Arg Gly Leu Val Thr Leu Ala

345 350 355
ctg gtg ctg tct att ccg gag gat att ttc ccg tat cac cac gag ttg 1219
Leu Val Leu Ser Ile Pro Glu Asp Ile Phe Pro Tyr His His Glu Leu

360 365 370
cag gtc att gcg ctg gtc gtt ctc tta atc acc atg gtg ggc cct ggt 1267
Gln Val Ile Ala Leu Val Val Leu Leu Ile Thr Met Val Gly Pro Gly

375 380 385
ttg acg ttg ccg tgg ctg atg cgg aag ctc agc ttg gat aag ggt ccc 1315
Leu Thr Leu Pro Trp Leu Met Arg Lys Leu Ser Leu Asp Lys Gly Pro

390 395 400 405
gat gct gcg ggc gat gag agt atc gcc gcg ctg aca gag agg gct cac 1363
Asp Ala Ala Gly Asp Glu Ser Ile Ala Ala Leu Thr Glu Arg Ala His

410 415 420
aag gcc gca aca acg tat ttg gtg gat acc acg gag ttg ccg atg gag 1411
Lys Ala Ala Thr Thr Tyr Leu Val Asp Thr Thr Glu Leu Pro Met Glu

425 430 435
cag atg gtg gcg atc aag aat tgg ttc tcg caa gaa att gac gct gat 1459
Gln Met Val Ala Ile Lys Asn Trp Phe Ser Gln Glu Ile Asp Ala Asp

440 445 450
gaa ctg cag gag aac gtc gat aag ctg cat cag cgc gcg cat cat gcg 1507
Glu Leu Gln Glu Asn Val Asp Lys Leu His Gln Arg Ala His His Ala

455 460 465
cgt gtc ggg gca att aag gcg gcc cag gag gag ctg ttg aag gcg cgg 1555
Arg Val Gly Ala Ile Lys Ala Ala Gln Glu Glu Leu Leu Lys Ala Arg

470 475 480 485
cgg gag cgc ggc gtt aat ccg gcc tat gtt gat gag gtg ttg acc aac 1603
Arg Glu Arg Gly Val Asn Pro Ala Tyr Val Asp Glu Val Leu Thr Asn

490 495 500
att gac cgg atg ctt gtt gcg gct gaa cgc tagataaaca gcagcaggct 1653
Ile Asp Arg Met Leu Val Ala Ala Glu Arg

505 510

gat

1656

<210> 668

<211> 511

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 668

Met Leu Ile Thr Leu Leu Leu Ala Thr Val Ile Val Val Ala Ile Gly
1 5 10 15

Asp Lys Thr Gly Leu Pro Trp Pro Ala Leu Met Thr Ile Val Ala Ala
20 25 30

Gly Gly Ala Leu Leu Pro Phe Leu Pro Glu Phe Thr Ile Pro Ala Asp
35 40 45

Leu Met Leu Pro Ile Phe Ile Pro Pro Leu Leu Trp Ala Leu Ala Arg
50 55 60

Lys Ser Ser Trp Ala Val Ile Arg Ser Gln Met Ser Thr Ile Ile Thr
65 70 75 80

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

Ser Met Leu Leu Leu Pro Gly Ile Gly Leu Ala Gly Ala Ile Met Leu
100 105 110

Ala Ala Ala Ile Ala Pro Pro Asp Pro Val Ala Val Asp Ala Val Ala
115 120 125

Glu Pro Ala Gly Ile Pro Lys Arg Ile Thr Thr Thr Leu Gln Thr Glu
130 135 140

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

Ala Ala Leu Val Ala Gly Glu Asp Leu Ser Trp Ser Thr Gly Val Leu
165 170 175

Glu Phe Leu Trp Ser Cys Leu Ala Ala Val Ile Leu Gly Leu Val Ile
180 185 190

Gly Arg Ala Ala Ala Trp Phe Thr Asp His Val Ser Ser Val Glu Ala
195 200 205

Arg Asn Ala Phe Thr Trp Val Leu Pro Phe Ala Ile Tyr Val Val Ala
210 215 220

Glu Glu Ile Gly Gly Ser Gly Val Ile Ala Ile Val Ile Ala Ala Val
225 230 235 240

Glu Met Asn Ser Arg Ala Ser Ile Gly Ala Glu Asp Arg Leu Thr Gly
245 250 255

Ser Ala Phe Trp Gly Thr Ile Glu Val Leu Phe Thr Gly Val Ala Phe
260 265 270

Gly Leu Ile Gly Leu Asn Val Arg Ala Ala Ile Asp Glu Val Gly Ser
275 280 285

Glu Leu Trp His Ala Val Val Val Gly Ile Val Leu Ser Val Val Ala
290 295 300

Ile Val Val Arg Gly Val Trp Met Phe Ala Ala Tyr Lys Arg Asn Arg
305 310 315 320

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

Leu Arg Leu Gln Glu Ser Leu Leu Met Thr Trp Ala Gly Met Arg Gly
340 345 350

Leu Val Thr Leu Ala Leu Val Leu Ser Ile Pro Glu Asp Ile Phe Pro
355 360 365

Tyr His His Glu Leu Gln Val Ile Ala Leu Val Val Leu Leu Ile Thr
370 375 380

Met Val Gly Pro Gly Leu Thr Leu Pro Trp Leu Met Arg Lys Leu Ser
385 390 395 400

Leu Asp Lys Gly Pro Asp Ala Ala Gly Asp Glu Ser Ile Ala Ala Leu
405 410 415

Thr Glu Arg Ala His Lys Ala Ala Thr Thr Tyr Leu Val Asp Thr Thr
420 425 430

Glu Leu Pro Met Glu Gln Met Val Ala Ile Lys Asn Trp Phe Ser Gln
435 440 445

Glu Ile Asp Ala Asp Glu Leu Gln Glu Asn Val Asp Lys Leu His Gln
450 455 460

Arg Ala His His Ala Arg Val Gly Ala Ile Lys Ala Ala Gln Glu Glu
465 470 475 480

Leu Leu Lys Ala Arg Arg Glu Arg Gly Val Asn Pro Ala Tyr Val Asp
485 490 495

Glu Val Leu Thr Asn Ile Asp Arg Met Leu Val Ala Ala Glu Arg
500 505 510

<210> 669

<211> 993

<212> DNA

<213> *Corynebacterium glutamicum*

<220>

<221> CDS

<222> (101)..(970)

<223> RXN03164

<400> 669

cttttttgca tccagatgca caaagccgtg gcacaaacga gacaaactga gcacaatggc 60
tgtcatggca tatcaaccag cagacaatcg ctatgacgac atg atc tac cgc agg 115
Met Ile Tyr Arg Arg

1 5
gtg gga aat tct ggg ctg aag ctt ccg gca att tcg ctt ggg ctg tgg 163
Val Gly Asn Ser Gly Leu Lys Leu Pro Ala Ile Ser Leu Gly Leu Trp

10 15 20
cac aac ttc ggt gat gac aag ccg ctt tca acg cag cgc agc att att 211
His Asn Phe Gly Asp Asp Lys Pro Leu Ser Thr Gln Arg Ser Ile Ile

25 30 35
cac cgc gcg ttt gat agg gga gtc act cac ttc gat ttg gct aat aac 259
His Arg Ala Phe Asp Arg Gly Val Thr His Phe Asp Leu Ala Asn Asn

40 45 50
tat gga cct cca gca ggt tcc gca gag acc aac ttt ggc agg att ttg 307
Tyr Gly Pro Pro Ala Gly Ser Ala Glu Thr Asn Phe Gly Arg Ile Leu

55 60 65
cgt gag gat ctc aaa agc cac cgc gat gag ttg atc att tct tcc aag 355
Arg Glu Asp Leu Lys Ser His Arg Asp Glu Leu Ile Ile Ser Ser Lys

70 75 80 85
gcg ggt tgg gat atg tgg cct gga cct tat ggt ttt ggt ggt tcc cga 403
Ala Gly Trp Asp Met Trp Pro Gly Pro Tyr Gly Phe Gly Gly Ser Arg

90 95 100
aag tat cta gtg agt tcc ctt gat cag tcc ctg act cgc ctc ggc ttg 451
Lys Tyr Leu Val Ser Ser Leu Asp Gln Ser Leu Thr Arg Leu Gly Leu

105 110 115
gat tac gtg gat att ttc tat cat cac cgc ccg gat cca gat act cct 499
Asp Tyr Val Asp Ile Phe Tyr His His Arg Pro Asp Pro Asp Thr Pro

120 125 130
ttg gaa gaa acc atg tac gca ttg cgt gac att gtt gcg tct gga aag 547
Leu Glu Glu Thr Met Tyr Ala Leu Arg Asp Ile Val Ala Ser Gly Lys

135 140 145
gct ctt tac gtg ggt att tct tcc tac ggt cca gag ctc aca gcg gag 595
Ala Leu Tyr Val Gly Ile Ser Ser Tyr Gly Pro Glu Leu Thr Ala Glu

150 155 160 165
gcg gct gag ttc atg gcg gag gag ggc tgc ccg ctt ctg att cat cag 643
Ala Ala Glu Phe Met Ala Glu Glu Gly Cys Pro Leu Leu Ile His Gln

170 175 180
cca agc tat tcc atc att aat cgt tgg gtg gag gaa ccg ggc gat gac 691
Pro Ser Tyr Ser Ile Ile Asn Arg Trp Val Glu Glu Pro Gly Asp Asp

185 190 195

ggt gag aac ttg ttg cag tca gct gcc aac aat ggt ctt ggc gtc att 739
Gly Glu Asn Leu Leu Gln Ser Ala Ala Asn Asn Gly Leu Gly Val Ile

200 205 210
gct ttc tca cca ctt gcg cag ggc ctg ctc acg gac aaa tat ctc gat 787
Ala Phe Ser Pro Leu Ala Gln Gly Leu Leu Thr Asp Lys Tyr Leu Asp

215 220 225
gga att cca gag ggt tcc cgc gcc agc cag ggt aag tcc ctg tct gag 835
Gly Ile Pro Glu Gly Ser Arg Ala Ser Gln Gly Lys Ser Leu Ser Glu

230 235 240 245
ggc atg ttg aac gtg aac aat att gat atg gtc cgc aag ctc aat gac 883
Gly Met Leu Asn Val Asn Asn Ile Asp Met Val Arg Lys Leu Asn Asp

250 255 260
atc gcc cag gaa cgc ggg cag tca ctt gcg cag atg gcg ctt gca tgg 931
Ile Ala Gln Glu Arg Gly Gln Ser Leu Ala Gln Met Ala Leu Ala Trp

265 270 275
gtg ctg cgc gag caa aga gag tac ggc gcc gga tta ccg tgaccagtgc 980
Val Leu Arg Glu Gln Arg Glu Tyr Gly Ala Gly Leu Pro

280 285 290
attgattggt gct 993

<210> 670
<211> 290
<212> PRT
<213> *Corynebacterium glutamicum*

<400> 670
Met Ile Tyr Arg Arg Val Gly Asn Ser Gly Leu Lys Leu Pro Ala Ile
1 5 10 15
Ser Leu Gly Leu Trp His Asn Phe Gly Asp Asp Lys Pro Leu Ser Thr
20 25 30
Gln Arg Ser Ile Ile His Arg Ala Phe Asp Arg Gly Val Thr His Phe
35 40 45
Asp Leu Ala Asn Asn Tyr Gly Pro Pro Ala Gly Ser Ala Glu Thr Asn
50 55 60
Phe Gly Arg Ile Leu Arg Glu Asp Leu Lys Ser His Arg Asp Glu Leu
65 70 75 80
Ile Ile Ser Ser Lys Ala Gly Trp Asp Met Trp Pro Gly Pro Tyr Gly
85 90 95
Phe Gly Gly Ser Arg Lys Tyr Leu Val Ser Ser Leu Asp Gln Ser Leu
100 105 110
Thr Arg Leu Gly Leu Asp Tyr Val Asp Ile Phe Tyr His His Arg Pro

115 120 125

Asp Pro Asp Thr Pro Leu Glu Glu Thr Met Tyr Ala Leu Arg Asp Ile
130 135 140

Val Ala Ser Gly Lys Ala Leu Tyr Val Gly Ile Ser Ser Tyr Gly Pro
145 150 155 160

Glu Leu Thr Ala Glu Ala Ala Glu Phe Met Ala Glu Glu Gly Cys Pro
165 170 175

Leu Leu Ile His Gln Pro Ser Tyr Ser Ile Ile Asn Arg Trp Val Glu
180 185 190

Glu Pro Gly Asp Asp Gly Glu Asn Leu Leu Gln Ser Ala Ala Asn Asn
195 200 205

Gly Leu Gly Val Ile Ala Phe Ser Pro Leu Ala Gln Gly Leu Leu Thr
210 215 220

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

Lys Ser Leu Ser Glu Gly Met Leu Asn Val Asn Asn Ile Asp Met Val
245 250 255

Arg Lys Leu Asn Asp Ile Ala Gln Glu Arg Gly Gln Ser Leu Ala Gln
260 265 270

Met Ala Leu Ala Trp Val Leu Arg Glu Gln Arg Glu Tyr Gly Ala Gly
275 280 285

Leu Pro
290

<210> 671
<211> 1068
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

<220>
<221> CDS
<222> (101)..(1045)
<223> RXN00024

<400> 671
ttaaagacatc aacatatggc ttgtgctact gaaagatttt tcttctgaaa ttctgtagaa 60
acgctcctat gctcggggca gtaagtgtg agcataggaa atg gag cac ggc gtg 115
Met Glu His Gly Val

1 5
acc gtt att aaa ggc act gaa ttt gat gtt ttc cca cta aac ctc ggt 163
Thr Val Ile Lys Gly Thr Glu Phe Asp Val Phe Pro Leu Asn Leu Gly

10 15 20
gga aat acc ttt ggc tgg acc tcg aat agg gaa cag acc ttc gcg gtt 211

Gly Asn Thr Phe Gly Trp Thr Ser Asn Arg Glu Gln Thr Phe Ala Val

25 30 35
 ttg gat gca ttc gtg gca gcg gga gga aac ttt gtt gac acc gcc gat 259
 Leu Asp Ala Phe Val Ala Ala Gly Gly Asn Phe Val Asp Thr Ala Asp

40 45 50
 tct tat tct gca tgg gtt gaa ggc aat gag ggt ggc gag tcg gag cgg 307
 Ser Tyr Ser Ala Trp Val Glu Gly Asn Glu Gly Gly Glu Ser Glu Arg

55 60 65
 gag ctc ggc gcg tgg att aag gaa cgt ggc gca gac aag ctg atc att 355
 Glu Leu Gly Ala Trp Ile Lys Glu Arg Gly Ala Asp Lys Leu Ile Ile

70 75 80 85
 gct acc aag tct ggt gcg ttg gag cct gtt gct ggt cgt tcc cgt gag 403
 Ala Thr Lys Ser Gly Ala Leu Glu Pro Val Ala Gly Arg Ser Arg Glu

90 95 100
 gca act ttc aag gct gtc gag ggt tcc ctg gag cgt ttg ggc gtg gaa 451
 Ala Thr Phe Lys Ala Val Glu Gly Ser Leu Glu Arg Leu Gly Val Glu

105 110 115
 tcg atc gat att ttt tac tac cac tac gac gat gag gca gtc agc att 499
 Ser Ile Asp Ile Phe Tyr Tyr His Tyr Asp Asp Glu Ala Val Ser Ile

120 125 130
 gat gag cag gtt gct atc gct aat gat ctg att gca cag ggc aag att 547
 Asp Glu Gln Val Ala Ile Ala Asn Asp Leu Ile Ala Gln Gly Lys Ile

135 140 145
 aag cac ctc gca ttg tct aac tac agc gcg gag cgt tta gct gag ttc 595
 Lys His Leu Ala Leu Ser Asn Tyr Ser Ala Glu Arg Leu Ala Glu Phe

150 155 160 165
 ttt gag aag tct gta ggc act cca gcg cag ccg gtt gct ctg caa ccg 643
 Phe Glu Lys Ser Val Gly Thr Pro Ala Gln Pro Val Ala Leu Gln Pro

170 175 180
 cac tac aac ctg gtg tcg agg aag gat tat gag gag aac gtg cag cca 691
 His Tyr Asn Leu Val Ser Arg Lys Asp Tyr Glu Glu Asn Val Gln Pro

185 190 195
 ctc gcc gag aag cat ggc gtt gca gtc ttc cct tat ttc gcg ctt gcc 739
 Leu Ala Glu Lys His Gly Val Ala Val Phe Pro Tyr Phe Ala Leu Ala

200 205 210
 gcg ggt ctt ttg acc gga aag tac acc tcc aag gag gat att tcg ggt 787
 Ala Gly Leu Leu Thr Gly Lys Tyr Thr Ser Lys Glu Asp Ile Ser Gly

215 220 225
 aaa gcg cgt gcg ggg cag ttg gat cgt tac gcc agc gat gag gcg ttt 835
 Lys Ala Arg Ala Gly Gln Leu Asp Arg Tyr Ala Ser Asp Glu Ala Phe

230 235 240 245

gcc gtg gtg aca gag ttg cgt gct gtt gcc gat gag ttg ggt gtt gcg 883
Ala Val Val Thr Glu Leu Arg Ala Val Ala Asp Glu Leu Gly Val Ala

250 255 260
cca acg act gtg gcg ctt gcg tgg ttg gtt gcg cat ggt gtg acc gca 931
Pro Thr Thr Val Ala Leu Ala Trp Leu Val Ala His Gly Val Thr Ala

265 270 275
ccg att gcg tcc gtg tcc aag gta gag cag ttg aag gat ttg atg gct 979
Pro Ile Ala Ser Val Ser Lys Val Glu Gln Leu Lys Asp Leu Met Ala

280 285 290
gtg aag gat gtg gag ctg agc gct gag cag ctt gca cgt ttg gat aag 1027
Val Lys Asp Val Glu Leu Ser Ala Glu Gln Leu Ala Arg Leu Asp Lys

295 300 305
gtt tcg gag cct ttc gct taagctctcc tcaaaagtaa gtg 1068
Val Ser Glu Pro Phe Ala

310 315

<210> 672

<211> 315

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 672

Met Glu His Gly Val Thr Val Ile Lys Gly Thr Glu Phe Asp Val Phe
1 5 10 15

Pro Leu Asn Leu Gly Gly Asn Thr Phe Gly Trp Thr Ser Asn Arg Glu
20 25 30

Gln Thr Phe Ala Val Leu Asp Ala Phe Val Ala Ala Gly Gly Asn Phe
35 40 45

Val Asp Thr Ala Asp Ser Tyr Ser Ala Trp Val Glu Gly Asn Glu Gly
50 55 60

Gly Glu Ser Glu Arg Glu Leu Gly Ala Trp Ile Lys Glu Arg Gly Ala
65 70 75 80

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

Gly Arg Ser Arg Glu Ala Thr Phe Lys Ala Val Glu Gly Ser Leu Glu
100 105 110

Arg Leu Gly Val Glu Ser Ile Asp Ile Phe Tyr Tyr His Tyr Asp Asp
115 120 125

Glu Ala Val Ser Ile Asp Glu Gln Val Ala Ile Ala Asn Asp Leu Ile
130 135 140

Ala Gln Gly Lys Ile Lys His Leu Ala Leu Ser Asn Tyr Ser Ala Glu

145						150						155						160	
Arg	Leu	Ala	Glu	Phe	Phe	Glu	Lys	Ser	Val	Gly	Thr	Pro	Ala	Gln	Pro				
					165					170					175				
Val	Ala	Leu	Gln	Pro	His	Tyr	Asn	Leu	Val	Ser	Arg	Lys	Asp	Tyr	Glu				
180					185					190									
Glu	Asn	Val	Gln	Pro	Leu	Ala	Glu	Lys	His	Gly	Val	Ala	Val	Phe	Pro				
195					200					205									
Tyr	Phe	Ala	Leu	Ala	Ala	Gly	Leu	Leu	Thr	Gly	Lys	Tyr	Thr	Ser	Lys				
210					215					220									
Glu	Asp	Ile	Ser	Gly	Lys	Ala	Arg	Ala	Gly	Gln	Leu	Asp	Arg	Tyr	Ala				
225					230					235					240				
Ser	Asp	Glu	Ala	Phe	Ala	Val	Val	Thr	Glu	Leu	Arg	Ala	Val	Ala	Asp				
					245					250					255				
Glu	Leu	Gly	Val	Ala	Pro	Thr	Thr	Val	Ala	Leu	Ala	Trp	Leu	Val	Ala				
260					265					270									
His	Gly	Val	Thr	Ala	Pro	Ile	Ala	Ser	Val	Ser	Lys	Val	Glu	Gln	Leu				
275					280					285									
Lys	Asp	Leu	Met	Ala	Val	Lys	Asp	Val	Glu	Leu	Ser	Ala	Glu	Gln	Leu				
290					295					300									
Ala	Arg	Leu	Asp	Lys	Val	Ser	Glu	Pro	Phe	Ala									
305					310					315									

<210> 673
<211> 1758
<212> DNA
<213> *Corynebacterium glutamicum*

```
<220>  
<221> CDS  
<222> (101)..(1735)  
<223> RXN01164
```

<400> 673
gccgatcgtg attgatgaag acgagatcca agcctggact tctgatctca aacctgaaga 60
tttcacaaaa ggtaaatgat aatccgacgg tgagaaataa gtg aca ctg ttt gtt 115
Val Thr Leu Phe Val

1 5
cgg ctc gcc ctt gct gct gtg ggc ggg ctt ttt gtc ttt gct tcc aat 163
Arg Leu Ala Leu Ala Ala Val Gly Gly Leu Phe Val Phe Ala Ser Asn

10 15 20
gaa ccg atc ggc tgg ttt gtc gcg gga att gtt ggc act gca tta ttt 211
Glu Pro Ile Gly Trp Phe Val Ala Gly Ile Val Gly Thr Ala Leu Phe

25 30 35

ttt atc tcc ctt gcg ccg tgg gat ctg gga gtt ccc caa aag cgg cgg 259
 Phe Ile Ser Leu Ala Pro Trp Asp Leu Gly Val Pro Gln Lys Arg Arg

 40 45 50
 aag aag aat gag cca gtc cca ttt ttg caa cag atg tcc acg ggc cca 307
 Lys Lys Asn Glu Pro Val Pro Phe Leu Gln Gln Met Ser Thr Gly Pro

 55 60 65
 act gtt gta cag ggc atg ctt tta ggt ttt gtc cat ggc ctg gtg aca 355
 Thr Val Val Gln Gly Met Leu Leu Gly Phe Val His Gly Leu Val Thr

 70 75 80 85
 tat ttg cag ctg ttg ccg tgg atc ggt gag ttt gtt ggc tca ctg cct 403
 Tyr Leu Gln Leu Leu Pro Trp Ile Gly Glu Phe Val Gly Ser Leu Pro

 90 95 100
 tat gtc gcg ttg tca gtt gtc gag gcg ctt tat tcc att gct ctt ggt 451
 Tyr Val Ala Leu Ser Val Val Glu Ala Leu Tyr Ser Ile Ala Leu Gly

 105 110 115
 gct ttc ggc gtg ctc att gcg cgt tgg agg gac tgg aag gtt ctc ctg 499
 Ala Phe Gly Val Leu Ile Ala Arg Trp Arg Asp Trp Lys Val Leu Leu

 120 125 130
 ttt ccg gcg atg tat gtg gct gtg gag tat cta aga agc tcg tgg cca 547
 Phe Pro Ala Met Tyr Val Ala Val Glu Tyr Leu Arg Ser Ser Trp Pro

 135 140 145
 ttt gat gga ttc gcg tgg gtt cgc ctg gca tgg ggt caa att aac ggt 595
 Phe Asp Gly Phe Ala Trp Val Arg Leu Ala Trp Gly Gln Ile Asn Gly

 150 155 160 165
 ccg ttg gct aat ctc gca gcg ctt ggt ggg gta gcg ttt gtc act ttt 643
 Pro Leu Ala Asn Leu Ala Ala Leu Gly Gly Val Ala Phe Val Thr Phe

 170 175 180
 tcc acg gtg ctg gct gcc gtg ggt gtg gcc atg gtg att att tcc aag 691
 Ser Thr Val Leu Ala Ala Val Gly Val Ala Met Val Ile Ile Ser Lys

 185 190 195
 aag cga ctg gcc ggc gca atc atc acc gcg agt gtg att gct atc ggc 739
 Lys Arg Leu Ala Gly Ala Ile Ile Thr Ala Ser Val Ile Ala Ile Gly

 200 205 210
 gcg gtg tca tcc ctg tac gtt gac cgc aat ggc acg agc gat gaa agc 787
 Ala Val Ser Ser Leu Tyr Val Asp Arg Asn Gly Thr Ser Asp Glu Ser

 215 220 225
 atc gaa gta gcc gca att cag ggc aat gtg cct cgg atg gga ttg gac 835
 Ile Glu Val Ala Ala Ile Gln Gly Asn Val Pro Arg Met Gly Leu Asp

 230 235 240 245
 ttc aat gca cag cgc cgc gcg gtg ctg gcg aat cac gca cgg gaa acc 883
 Phe Asn Ala Gln Arg Arg Ala Val Leu Ala Asn His Ala Arg Glu Thr

 250 255 260

ctc aag ctg gat gaa caa gtg gat ttg gtg atc tgg ccg gag aat tcc	931
Leu Lys Leu Asp Glu Gln Val Asp Leu Val Ile Trp Pro Glu Asn Ser	
265 270 275	
tca gac gtc aac cca ttt tcc gat gca caa gca aga gcc att atc gat	979
Ser Asp Val Asn Pro Phe Ser Asp Ala Gln Ala Arg Ala Ile Ile Asp	
280 285 290	
gga gca gtg gaa cat gtt cag gca cct att ttg gtg ggc acg atc acc	1027
Gly Ala Val Glu His Val Gln Ala Pro Ile Leu Val Gly Thr Ile Thr	
295 300 305	
gtc gat gag gtt ggt cca cgc aac acc atg cag gta ttt gat cct gtt	1075
Val Asp Glu Val Gly Pro Arg Asn Thr Met Gln Val Phe Asp Pro Val	
310 315 320 325	
gaa ggt gcc gcg gag tac cac aat aag aag ttc ttg cag ccg ttt ggt	1123
Glu Gly Ala Ala Glu Tyr His Asn Lys Lys Phe Leu Gln Pro Phe Gly	
330 335 340	
gaa tac atg ccg ttt cgc gaa ttc ctg aga att ttc tcg ccc tac gtt	1171
Glu Tyr Met Pro Phe Arg Glu Phe Leu Arg Ile Phe Ser Pro Tyr Val	
345 350 355	
gat tcc gct gga aac ttc cag ccc ggt gat ggc acc ggc gta gtg gag	1219
Asp Ser Ala Gly Asn Phe Gln Pro Gly Asp Gly Thr Gly Val Val Glu	
360 365 370	
atg aat gct gcg aac tta ggc cgc gct gtg aca gtg ggc gtg atg acg	1267
Met Asn Ala Ala Asn Leu Gly Arg Ala Val Thr Val Gly Val Met Thr	
375 380 385	
tgt tac gag gtc atc ttc gac cgt gct ggc cgc gac gcc atc gcc aat	1315
Cys Tyr Glu Val Ile Phe Asp Arg Ala Gly Arg Asp Ala Ile Ala Asn	
390 395 400 405	
ggg gct gaa ttt ttg acc acg ccc acc aac aac gcc acc ttc gga ttc	1363
Gly Ala Glu Phe Leu Thr Thr Pro Thr Asn Asn Ala Thr Phe Gly Phe	
410 415 420	
acg gac atg acg tat cag caa tta gca atg agc agg atg cgt gcc atc	1411
Thr Asp Met Thr Tyr Gln Gln Leu Ala Met Ser Arg Met Arg Ala Ile	
425 430 435	
gaa ttt gat agg gcg gtg gtt gtt gca gct aca tcg ggt gtt tcg gct	1459
Glu Phe Asp Arg Ala Val Val Val Ala Ala Thr Ser Gly Val Ser Ala	
440 445 450	
atc gtc aac cct gat gga agc att tcc caa aac acc cga att ttt gag	1507
Ile Val Asn Pro Asp Gly Ser Ile Ser Gln Asn Thr Arg Ile Phe Glu	
455 460 465	
gcc gcc acc ttg acg gaa tcc att cca ctc aag gac act gtc acc atc	1555
Ala Ala Thr Leu Thr Glu Ser Ile Pro Leu Lys Asp Thr Val Thr Ile	

470 475 480 485
gca gcg cgg gtt ggt ttc tat gtt gaa tta ctg ttg gtt atc att ggt 1603
Ala Ala Arg Val Gly Phe Tyr Val Glu Leu Leu Leu Val Ile Ile Gly

 490 495 500
gta tta gct gga cta ttc gcc att cga atg aat agc cgt tca aag tct 1651
Val Leu Ala Gly Leu Phe Ala Ile Arg Met Asn Ser Arg Ser Lys Ser

 505 510 515
gcg aaa ggt tcc gct cgg ccc gca caa gtt cgg gtt aag aag gtg cct 1699
Ala Lys Gly Ser Ala Arg Pro Ala Gln Val Arg Val Lys Lys Val Pro

 520 525 530
gcg aaa aag gca gca act aat cgt cga aaa gta aaa taaaaacgtc 1745
Ala Lys Lys Ala Ala Thr Asn Arg Arg Lys Val Lys

 535 540 545
ccgaaggac gag 1758

<210> 674
<211> 545
<212> PRT
<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 674
Val Thr Leu Phe Val Arg Leu Ala Leu Ala Ala Val Gly Gly Leu Phe
1 5 10 15

Val Phe Ala Ser Asn Glu Pro Ile Gly Trp Phe Val Ala Gly Ile Val
20 25 30

Gly Thr Ala Leu Phe Phe Ile Ser Leu Ala Pro Trp Asp Leu Gly Val
35 40 45

Pro Gln Lys Arg Arg Lys Lys Asn Glu Pro Val Pro Phe Leu Gln Gln
50 55 60

Met Ser Thr Gly Pro Thr Val Val Gln Gly Met Leu Leu Gly Phe Val
65 70 75 80

His Gly Leu Val Thr Tyr Leu Gln Leu Leu Pro Trp Ile Gly Glu Phe
85 90 95

Val Gly Ser Leu Pro Tyr Val Ala Leu Ser Val Val Glu Ala Leu Tyr
100 105 110

Ser Ile Ala Leu Gly Ala Phe Gly Val Leu Ile Ala Arg Trp Arg Asp
115 120 125

Trp Lys Val Leu Leu Phe Pro Ala Met Tyr Val Ala Val Glu Tyr Leu
130 135 140

Arg Ser Ser Trp Pro Phe Asp Gly Phe Ala Trp Val Arg Leu Ala Trp
145 150 155 160

Gly Gln Ile Asn Gly Pro Leu Ala Asn Leu Ala Ala Leu Gly Gly Val
 165 170 175
 Ala Phe Val Thr Phe Ser Thr Val Leu Ala Ala Val Gly Val Ala Met
 180 185 190
 Val Ile Ile Ser Lys Lys Arg Leu Ala Gly Ala Ile Ile Thr Ala Ser
 195 200 205
 Val Ile Ala Ile Gly Ala Val Ser Ser Leu Tyr Val Asp Arg Asn Gly
 210 215 220
 Thr Ser Asp Glu Ser Ile Glu Val Ala Ala Ile Gln Gly Asn Val Pro
 225 230 235 240
 Arg Met Gly Leu Asp Phe Asn Ala Gln Arg Arg Ala Val Leu Ala Asn
 245 250 255
 His Ala Arg Glu Thr Leu Lys Leu Asp Glu Gln Val Asp Leu Val Ile
 260 265 270
 Trp Pro Glu Asn Ser Ser Asp Val Asn Pro Phe Ser Asp Ala Gln Ala
 275 280 285
 Arg Ala Ile Ile Asp Gly Ala Val Glu His Val Gln Ala Pro Ile Leu
 290 295 300
 Val Gly Thr Ile Thr Val Asp Glu Val Gly Pro Arg Asn Thr Met Gln
 305 310 315 320
 Val Phe Asp Pro Val Glu Gly Ala Ala Glu Tyr His Asn Lys Lys Phe
 325 330 335
 Leu Gln Pro Phe Gly Glu Tyr Met Pro Phe Arg Glu Phe Leu Arg Ile
 340 345 350
 Phe Ser Pro Tyr Val Asp Ser Ala Gly Asn Phe Gln Pro Gly Asp Gly
 355 360 365
 Thr Gly Val Val Glu Met Asn Ala Ala Asn Leu Gly Arg Ala Val Thr
 370 375 380
 Val Gly Val Met Thr Cys Tyr Glu Val Ile Phe Asp Arg Ala Gly Arg
 385 390 395 400
 Asp Ala Ile Ala Asn Gly Ala Glu Phe Leu Thr Thr Pro Thr Asn Asn
 405 410 415
 Ala Thr Phe Gly Phe Thr Asp Met Thr Tyr Gln Gln Leu Ala Met Ser
 420 425 430
 Arg Met Arg Ala Ile Glu Phe Asp Arg Ala Val Val Val Ala Ala Thr
 435 440 445
 Ser Gly Val Ser Ala Ile Val Asn Pro Asp Gly Ser Ile Ser Gln Asn
 450 455 460
 Thr Arg Ile Phe Glu Ala Ala Thr Leu Thr Glu Ser Ile Pro Leu Lys

465											470											475											480																
Asp	Thr	Val	Thr	Ile	Ala	Ala	Arg	Val	Gly	Phe	Tyr	Val	Glu	Leu	Leu																																		
				485								490								495																													
Leu	Val	Ile	Ile	Gly	Val	Leu	Ala	Gly	Leu	Phe	Ala	Ile	Arg	Met	Asn																																		
				500								505								510																													
Ser	Arg	Ser	Lys	Ser	Ala	Lys	Gly	Ser	Ala	Arg	Pro	Ala	Gln	Val	Arg																																		
				515								520								525																													
Val	Lys	Lys	Val	Pro	Ala	Lys	Lys	Ala	Ala	Thr	Asn	Arg	Arg	Lys	Val																																		
				530								535								540																													
Lys																																																	
545																																																	
<210> 675																																																	
<211> 933																																																	
<212> DNA																																																	
<213> Corynebacterium glutamicum																																																	
<220>																																																	
<221> CDS																																																	
<222> (101)..(910)																																																	
<223> RXN01168																																																	
<400> 675																																																	
ccgcacaagt tcgggttaag aagggtgcctg cgaaaaaggc agcaactaat cgtcgaaaag																60																																	
taaaataaaa acgtcccgaa gggacgagga ggacaacacc atg agc agt gag gca																115																																	
Met Ser Ser Glu Ala																																																	
																1											5																						
gta gat gct acg acg ctg gtg att att cca acg tac aac gag ctg gaa																163																																	
Val Asp Ala Thr Thr Leu Val Ile Ile Pro Thr Tyr Asn Glu Leu Glu																																																	
																10											15											20											
aac ctt cca ctc atc gtg gat cgc gtg cgc acc gca acc cct gac gtt																211																																	
Asn Leu Pro Leu Ile Val Asp Arg Val Arg Thr Ala Thr Pro Asp Val																																																	
																25											30											35											
cac gta ctc atc gtg gac gac aac agc cca gac ggc acc ggc gag cgc																259																																	
His Val Leu Ile Val Asp Asp Asn Ser Pro Asp Gly Thr Gly Glu Arg																																																	
																40											45											50											
gca gac aag ctt gct gct gac gac gac cac att ttt gtc ctc cac cgc																307																																	
Ala Asp Lys Leu Ala Ala Asp Asp Asp His Ile Phe Val Leu His Arg																																																	
																55											60											65											
gaa ggc aaa ggc ggc ctg tgc gca gag tac atg gct ggc ttc cag tgg																355																																	
Glu Gly Lys Gly Gly Leu Cys Ala Glu Tyr Met Ala Gly Phe Gln Trp																																																	
																70											75											80											85
ggc ctg gag cgc gac tac cag gtc ctg tgc gaa atg gac gcc gac ggc																403																																	

Gly Leu Glu Arg Asp Tyr Gln Val Leu Cys Glu Met Asp Ala Asp Gly

90 95 100
tcc cac gca cca gaa cag ctg cac ctg ctg ctc gct gag atc acc aat 451
Ser His Ala Pro Glu Gln Leu His Leu Leu Leu Ala Glu Ile Thr Asn

105 110 115
ggc gct gac ctg gtc atc ggc tgc cgc tac gtg cca ggc ggc cgc gta 499
Gly Ala Asp Leu Val Ile Gly Ser Arg Tyr Val Pro Gly Gly Arg Val

120 125 130
gtc aac tgg ccc aag aac cgt tgg ctc ttg tcc aag ggc ggc aac gtc 547
Val Asn Trp Pro Lys Asn Arg Trp Leu Leu Ser Lys Gly Gly Asn Val

135 140 145
tac atc agc gtc gcg ctc ggc gcc ggc ttg acc gat atg acc gca ggc 595
Tyr Ile Ser Val Ala Leu Gly Ala Gly Leu Thr Asp Met Thr Ala Gly

150 155 160 165
tac cgc gct ttt cga cgt gaa gtg cta gaa gca ctg ccg ctt gat gag 643
Tyr Arg Ala Phe Arg Arg Glu Val Leu Glu Ala Leu Pro Leu Asp Glu

170 175 180
ctc tcc aac gct ggg tac att ttc caa gtt gag att gcc tac cgt gca 691
Leu Ser Asn Ala Gly Tyr Ile Phe Gln Val Glu Ile Ala Tyr Arg Ala

185 190 195
gtt gaa gcc gga ttc gat gtt cgt gaa gtt ccc atc act ttc acc gag 739
Val Glu Ala Gly Phe Asp Val Arg Glu Val Pro Ile Thr Phe Thr Glu

200 205 210
cgt gag atc ggc gaa tcc aag ctg gac ggc agc ttt gtc aag gat tcc 787
Arg Glu Ile Gly Glu Ser Lys Leu Asp Gly Ser Phe Val Lys Asp Ser

215 220 225
ctg ctc gag gta acc aag tgg ggc ctc aag cac cgc ggt ggc cag gcc 835
Leu Leu Glu Val Thr Lys Trp Gly Leu Lys His Arg Gly Gly Gln Ala

230 235 240 245
aag gaa ctg tcc aag gaa atg gtc ggc ctg ctg aac tat gag tgg aag 883
Lys Glu Leu Ser Lys Glu Met Val Gly Leu Leu Asn Tyr Glu Trp Lys

250 255 260
cac ttc aaa aag cgc aac acc tgg ctc taaactgctt gccggttagt 930
His Phe Lys Lys Arg Asn Thr Trp Leu

265 270
gaa 933

<210> 676

<211> 270

<212> PRT

<213> Corynebacterium glutamicum

<400> 676

```

Met Ser Ser Glu Ala Val Asp Ala Thr Thr Leu Val Ile Ile Pro Thr
  1           5           10           15

Tyr Asn Glu Leu Glu Asn Leu Pro Leu Ile Val Asp Arg Val Arg Thr
      20           25           30

Ala Thr Pro Asp Val His Val Leu Ile Val Asp Asp Asn Ser Pro Asp
      35           40           45

Gly Thr Gly Glu Arg Ala Asp Lys Leu Ala Ala Asp Asp Asp His Ile
      50           55           60

Phe Val Leu His Arg Glu Gly Lys Gly Gly Leu Cys Ala Glu Tyr Met
      65           70           75           80

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

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

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

Pro Gly Gly Arg Val Val Asn Trp Pro Lys Asn Arg Trp Leu Leu Ser
      130           135           140

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

Asp Met Thr Ala Gly Tyr Arg Ala Phe Arg Arg Glu Val Leu Glu Ala
      165           170           175

Leu Pro Leu Asp Glu Leu Ser Asn Ala Gly Tyr Ile Phe Gln Val Glu
      180           185           190

Ile Ala Tyr Arg Ala Val Glu Ala Gly Phe Asp Val Arg Glu Val Pro
      195           200           205

Ile Thr Phe Thr Glu Arg Glu Ile Gly Glu Ser Lys Leu Asp Gly Ser
      210           215           220

Phe Val Lys Asp Ser Leu Leu Glu Val Thr Lys Trp Gly Leu Lys His
      225           230           235           240

Arg Gly Gly Gln Ala Lys Glu Leu Ser Lys Glu Met Val Gly Leu Leu
      245           250           255

Asn Tyr Glu Trp Lys His Phe Lys Lys Arg Asn Thr Trp Leu
      260           265           270

```

<210> 677

<211> 18

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 677

ggaaacagta tgaccatg

18

<210> 678

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence: primer

<400> 678

gtaaaacgac ggccagt

17