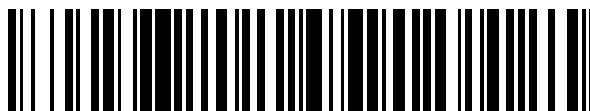


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 532 831**

51 Int. Cl.:

**C12P 19/04**

(2006.01)

12

## TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **31.10.2006** **E 06827161 (8)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **14.01.2015** **EP 1976996**

54 Título: **Gomas de diutano de alta viscosidad y métodos para su producción**

30 Prioridad:

**01.11.2005 US 264268**

**01.11.2005 US 264279**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:

**01.04.2015**

73 Titular/es:

**CP KELCO U.S., INC. (100.0%)**

**3100 Cumberland Boulevard, Suite 600**

**Atlanta, GA 30339, US**

72 Inventor/es:

**PATEL, YAMINI N.;**

**COLEMAN, RUSSELL;**

**MATZKE, STEVEN y**

**HARDING, NANCY**

74 Agente/Representante:

**DE ELZABURU MÁRQUEZ, Alberto**

ES 2 532 831 T3

Aviso: En el plazo de nueve meses a contar desde la fecha de publicación en el Boletín europeo de patentes, de la mención de concesión de la patente europea, cualquier persona podrá oponerse ante la Oficina Europea de Patentes a la patente concedida. La oposición deberá formularse por escrito y estar motivada; sólo se considerará como formulada una vez que se haya realizado el pago de la tasa de oposición (art. 99.1 del Convenio sobre concesión de Patentes Europeas).

## DESCRIPCIÓN

Gomas de diutano de alta viscosidad y métodos para su producción

## Campo de la invención

La presente invención describe la producción de un polisacárido de diutano que muestra mayores propiedades de viscosidad, comparado con polisacáridos con el mismo tipo de unidades repetidas producidos previamente. Este polisacárido de diutano mejorado se produce a través de la generación de un derivado de *Sphingomonas sp.* ATCC 53159 que porta un plásmido de amplio espectro de hospedantes de múltiples copias en el que se han clonado los genes para la biosíntesis del polisacárido de diutano. El plásmido proporciona la capacidad, dentro de la cepa del hospedante de *Sphingomonas*, para producir múltiples copias de genes para la síntesis de este polisacárido. De tal forma, se proporciona un método que no solo aumenta la producción del polisacárido de diutano diana, sino también la producción de un polisacárido de diutano con mejores propiedades físicas (con la mayor viscosidad mencionada anteriormente). Este polisacárido de diutano ha demostrado ser particularmente útil como posible viscosificante en aplicaciones en campos petroleros y dentro de materiales de cemento. Los métodos de producción de la invención de este polisacárido de diutano mejorado, así como los nuevos genes clonados requeridos para producir el diutano mejorado con dicho método, también se incluyen en esta invención. Además, en esta invención se incluye la nueva cepa de *Sphingomonas* modificada que incluye la secuencia de ADN necesaria.

## Antecedentes de la invención

Los polisacáridos o gomas se emplean principalmente para espesar o gelificar disoluciones acuosas y con frecuencia se clasifican en dos grupos: espesantes y agentes gelificantes. Los espesantes típicos incluyen almidones, goma de xantano, goma de diutano, goma de welano, goma de guar, carboximetilcelulosa, alginato, metilcelulosa, goma de karaya y goma de tragacanto. Los agentes gelificantes habituales incluyen gelatina, goma de gelano, almidón, alginato, pectina, carragenano, agar y metilcelulosa.

Algunos polisacáridos, o dicho más concretamente, biogomas, tales como xantano, gelano, welano y diutano, han sido producidos durante muchos años mediante fermentación a partir de microbios. Estas biogomas muestran características variadas, tales como capacidades de modificación de la viscosidad, que han permitido su utilización en muchas aplicaciones diferentes. Dentro de esta lista se incluyen agentes gelificantes para alimentos, tales como gelatinas para pastelería, mermeladas y jaleas, geles para postres, glaseados y productos lácteos, así como componentes de medios microbiológicos. Además, los agentes espesantes se emplean para una miríada de aplicaciones finales para modificar la viscosidad de líquidos diana. De particular interés es la capacidad de estas gomas para impartir modificaciones en la viscosidad a líquidos de petróleo subterráneos y/o submarinos para facilitar su recolección, aunque existen muchos otros usos finales posibles diferentes (que incluyen la producción de cemento, como un ejemplo). Se han producido diferentes biogomas a partir de diferentes fuentes bacterianas, tales como goma de xantano de *Xanthomonas campestris*, goma de gelano de *Sphingomonas elodea*, goma de welano de *Sphingomonas sp.* ATCC 31555, y goma de diutano (S-657) de *Sphingomonas sp.* ATCC 53159. En el pasado se han realizado modificaciones genéticas en dichas cepas para realizar cambios significativos en los materiales de goma resultantes producidos mediante los procedimientos de fermentación mencionados. Estas modificaciones han permitido cambios como la eliminación de grupos acilo para crear diferentes materiales de gomas que muestran diferentes propiedades físicas. En general, estas modificaciones genéticas han sido del tipo de alterar la composición final de la biogoma diana alterando en último término la expresión génica dentro del organismo hospedante, o aumentar el rendimiento de la biogoma diana mediante la introducción de un plásmido que muestra solo una amplificación de genes (tal como en las patentes de EEUU n.º 5.854.034, 5.985.623, y 6.284.516, de Pollock *et al.*, y la patente de EEUU n.º 6.709.845, de Pollock).

La goma de diutano (también conocida como heteropolisacárido S-657) se prepara mediante la fermentación de la cepa de *Sphingomonas sp.* ATCC 53159, y muestra propiedades espesantes, suspensoras y estabilizantes en disoluciones acuosas. El diutano en general presenta una unidad repetida hexámera que consiste en cuatro azúcares en el esqueleto (glucosa-ácido glucurónico-glucosa-ramnosa) y una cadena lateral de dos restos ramnosa unidos a uno de los restos glucosa. Los detalles de la estructura de la goma de diutano pueden encontrarse en un artículo por Chowdhury, T. A., B. Lindberg, U. Lindquist y J. Baird, Carbohydrate Research, 164 (1987), 117-122. Se ha demostrado que el diutano tiene dos sustituyentes acetilo por unidad repetida en Diltz *et al.*, Carbohydrate Research, 331 (2001), 265-270. Ambas referencias se incorporan en la presente como referencia en su totalidad. Los detalles para preparar la goma de diutano pueden encontrarse en la patente de EEUU n.º 5.175.278, que se incorpora en la presente como referencia en su totalidad. El diutano puede producirse a partir de la cepa de *Sphingomonas* utilizando técnicas de fermentación convencionales, tales como empleando fuentes de carbohidratos (glucosa, maltosa y similares, como ejemplos no limitantes), una fuente de nitrógeno, y sales adicionales.

Las características físicas impartidas por dicha biogoma de diutano en su forma salvaje son deseadas por ciertas industrias, en particular en términos de sus propiedades de modificación de la viscosidad y/o características de retención del agua. Por desgracia, el diutano ha demostrado ser difícil de producir de forma barata. Además, estos problemas de coste repercuten en contra de la utilización generalizada del diutano en la actualidad, puesto que el grado de viscosidad que muestra esta biogoma es insuficiente para suplantar a otras biogomas menos caras pero

eficaces (tales como la goma de xantano, como un ejemplo). Así, una necesidad establecida ha sido proporcionar un método para producir este diutano eficaz a un coste menor, como mínimo, y/o proporcionar una manera de producir una biogoma del tipo del diutano que también muestre una mejora significativa en las propiedades físicas. Hasta la fecha, la única mención de la producción de cualquier tipo de esfinganos relacionados (sin demostración para el diutano específicamente) se ha producido en términos de un mayor rendimiento (en las patentes de Pollock *et al.* mencionadas anteriormente). No se han realizado análisis ni sugerencias aceptables de ningún tipo para proporcionar un método para producir una goma de diutano mejorada con mayor peso molecular que muestre alguna mejora en las mediciones de la viscosidad a través de dicho método de producción.

### Breve descripción de la invención

Ahora se ha sabido que la amplificación de ciertas secuencias de ADN aisladas nuevas para la biosíntesis del diutano dentro de un organismo de *Sphingomonas* hospedante no solo permite una mayor producción de goma de diutano a partir de este, sino que produce una goma de diutano que muestra mayores propiedades de viscosidad. Esta secuencia de ADN nueva (que se introduce dentro de un organismo hospedante mediante cualquier método conocido, tal como, pero sin limitarse a un plásmido) proporciona así los resultados deseados que se han buscado para los métodos de síntesis del diutano. Una ventaja diferenciada de la utilización de estos genes amplificados en un plásmido es la naturaleza relativamente sencilla de la incorporación de dicha secuencia de ADN aislada a los procedimientos de síntesis de diutano. Otra ventaja es la capacidad para producir estas propiedades de mayor viscosidad para la goma de diutano diana, mientras que se aumenta potencialmente la eficacia de producción de la fermentación, si es necesario.

Por consiguiente, esta invención incluye una goma de diutano que muestra una mejora en una serie de diferentes mediciones de la viscosidad, tal como se reivindica en la reivindicación 1. Entre estas se encuentran: i) una viscosidad intrínseca mayor que 150, preferiblemente mayor que 155, más preferiblemente mayor que 160 dl/g; ii) una viscosidad en agua salada 3 rpm mayor que 35, preferiblemente mayor que 37, más preferiblemente mayor que 40, y lo más preferiblemente mayor que 42 de lectura del dial; iii) una viscosidad en agua salada 0,3 rpm mayor que 35.000, preferiblemente mayor que 39.000, más preferiblemente mayor que 40.000, y lo más preferiblemente mayor que 41.000 centipoise (cP); y una viscosidad de baja velocidad de cizallamiento PEG mayor que 3500, preferiblemente mayor que 3700, más preferiblemente mayor que 3900, y lo más preferiblemente mayor que 4000 cP. Además, esta invención incluye un método para producir dicha goma de diutano mediante la introducción de un agrupamiento de genes específicos en un organismo de *Sphingomonas* hospedante y permitir la fermentación de dicho organismo para producir una goma de diutano resultante.

Además, esta invención incluye la secuencia de ADN específica según SEQ ID NO:1 para proporcionar múltiples copias de los genes o una mayor expresión de los genes empleando un promotor más potente, y similares.

Se ha descubierto que esta secuencia de ADN aislada exclusiva requiere al menos una enzima biosintética del diutano que es una DpsG polimerasa. En otra realización posible, dicha enzima biosintética del diutano incluirá una DpsG polimerasa y una glucosa-1-fosfato timidililtransferasa; una dTDP-6-desoxi-D-glucosa-3-5-epimerasa; una dTDP-D-glucosa-4,6-deshidratasa; y una dTDP-6-desoxi-L-manosa-deshidrogenasa. En otra posible realización, esta enzima biosintética del diutano incluirá una DpsG polimerasa y una ramnosil transferasa IV; una beta-1,4-glucuronosil transferasa II; una glucosil isoprenilfosfato transferasa I; y una glucosil transferasa III. En otra posible realización, dicha enzima biosintética del diutano comprende una dpsG polimerasa y las proteínas de exportación de polisacáridos dpsD, dpsC, y dpsE. En otra posible realización, dicha enzima biosintética del diutano incluirá una ramnosil transferasa IV; una beta-1,4-glucuronosil transferasa II; una glucosil isoprenilfosfato transferasa I; glucosil transferasa III; una glucosa-1-fosfato timidililtransferasa; una dTDP-6-desoxi-D-glucosa-3-5-epimerasa; una dTDP-D-glucosa-4,6-deshidratasa; y una dTDP-6-desoxi-L-manosa-deshidrogenasa. En general, la enzima biosintética del diutano del método de la invención y dentro del producto de la invención puede seleccionarse del grupo que consiste en una polimerasa; liasa; ramnosil transferasa IV; beta-1,4-glucuronosil transferasa II; glucosil transferasa III; proteína exportadora de polisacáridos; proteína de secreción; glucosil-isoprenilfosfato transferasa I; glucosa-1-fosfato timidililtransferasa; dTDP-6-desoxi-D-glucosa-3-5-epimerasa; dTDP-D-glucosa-4,6-deshidratasa; dTDP-6-desoxi-L-manosa-deshidrogenasa y sus combinaciones. Así, en esta invención también se incluye una molécula de ácido nucleico aislada (además del ADN que pueda estar presente sobre el cromosoma diana) que codifica al menos una enzima biosintética del diutano, tal como se muestra en SEQ ID NO:5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, y 43, o una enzima que es al menos 95% idéntica con SEQ ID NO:5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, y 43.

Así, el método de la invención (así como los productos fabricados con ella) se refiere a gomas de esfingano, en particular del tipo del diutano, que incluyen, sin limitación, S88, S60 y S657.

Tal como se indicó anteriormente, la presente invención es la culminación del desarrollo y la comprensión de que secuencias de ADN específicas que se introducen en múltiples copias dentro de ciertas cepas de *Sphingomonas* pueden proporcionar una mayor producción biosintética del polisacárido de alta viscosidad diutano. Las bacterias modificadas que contienen estos genes para una mayor producción producen cantidades significativamente mayores del polisacárido de diutano, comparado con bacterias no modificadas, y crean las propiedades de alta viscosidad resultantes mencionadas anteriormente.

Las secuencias de ADN que se introducen dentro del organismo hospedante (en cualquier forma conocida, tal como, y de nuevo como un ejemplo no limitante, un plásmido) para generar las propiedades de mayor producción y mayor viscosidad mencionadas anteriormente (a través de lo que se cree, aunque sin confiar en ninguna teoría científica específica, un aumento en las propiedades de intervalo de peso molecular) según la presente invención pueden aislarse, recuperarse y clonarse mediante técnicas que están disponibles en la técnica. Después, el ADN se introduce en bacterias del género *Sphingomonas* en múltiples copias (a través de un plásmido, u otra manera conocida) o se aumenta de la expresión de los genes mediante, por ejemplo, un promotor más potente adecuado. Después de la inserción en la bacteria diana, la producción de diutano puede determinarse fermentando la bacteria modificada y comparando el rendimiento en términos de la cantidad producida y la calidad producida. La mayor producción y la mayor viscosidad pueden determinarse comparando la producción de diutano mediante el método de la invención, en comparación con la cepa productora de diutano de tipo salvaje (ATCC 53159).

#### Descripción detallada de la invención

Se emplearán los siguientes términos y expresiones se emplearán a lo largo de la memoria descriptiva en conexión con la presente invención y tienen el significado indicado.

El término "*Sphingomonas*" se emplea a lo largo de la memoria descriptiva para indicar cepas de bacterias gram-negativas del género *Sphingomonas*.

La expresión "mayor productor" o "mayor producción" se emplea a lo largo de la memoria descriptiva para describir bacterias modificadas que contienen múltiples copias de secuencias de ADN aisladas a partir de la misma cepa, que producen una cantidad significativamente mayor (al menos aproximadamente 5% más sobre una base de peso en peso) del polisacárido de diutano, comparado con bacterias de tipo salvaje de la misma cepa.

El término "aislado" se emplea para describir ADN que se ha retirado de un microorganismo y se ha sometido al menos a algún grado de purificación, es decir, una o más etapas de purificación, y que se ha roto o cortado con enzimas de restricción, se ha clonado en múltiples copias o se ha insertado en vectores plasmídicos o se ha insertado o incorporado de otra forma en bacterias.

El término "secuencia" se emplea para describir un segmento específico de ADN que se identifica mediante sus unidades de nucleótidos. El término "insertado" se emplea a lo largo de la memoria descriptiva para describir el proceso y el resultado de transferir segmentos de ADN aislados a partir del ADN cromosómico de una cepa de *Sphingomonas* productora de diutano en la cepa de *Sphingomonas* (a través de un plásmido, como un ejemplo no limitante). Este ADN aislado puede introducirse primero, de nuevo como una posibilidad no limitante, en el plásmido deseado (en este caso pLAFR3) mediante técnicas muy conocidas en la técnica, y después transferirse, por ejemplo, mediante conjugación o movilización, a una bacteria de *Sphingomonas* receptora. Después de la inserción en una bacteria de *Sphingomonas* receptora, el plásmido que contiene la secuencia de ADN pertinente se replicará en la célula receptora para producir varias (al menos dos y normalmente 4-10) copias del segmento de ADN necesario para una mayor producción del polisacárido de diutano de alta viscosidad (de nuevo, se cree que tiene un intervalo de peso molecular alto). El uso de la conjugación o la movilización para transferir los vectores plasmídicos a bacterias receptoras en general es eficaz. También puede utilizarse la electroporación o la transformación química de células competentes con ADN purificado. Pueden emplearse otros vectores o bacteriófagos para transferir el ADN a la célula hospedante. No es necesario mantener los segmentos de ADN sobre los plásmidos (u otros vectores de transporte conocidos) en la *Sphingomonas* productora de diutano receptora. Es habitual introducir copias adicionales de un segmento de ADN en el cromosoma bacteriano de modo que los segmentos son replicados en cada generación mediante el mismo mecanismo que replica el ADN bacteriano. Como alternativa, puede lograrse una mayor expresión de los genes empleando elementos promotores más potentes.

La expresión "amplificación de genes" se emplea para indicar un mayor número de copias de genes, por ejemplo, clonando los genes diana sobre un plásmido de múltiples copias (tales como de 4 a 10 copias), o la inserción de múltiples copias (tales como de 4 a 10) de los genes en el genoma bacteriano o, como alternativa, aumentar la expresión de genes mediante la modificación de los elementos promotores para aumentar la expresión de los genes. Ambos métodos y otros pueden producir una mayor cantidad de las proteínas codificadas.

El término "biosíntesis" se emplea a lo largo de la memoria descriptiva para describir la producción biológica o la síntesis de diutano por bacterias de *Sphingomonas*. El polisacárido de diutano se sintetiza a partir de unidades de carbohidratos individuales en una serie de etapas controladas por un gran número de enzimas de la bacteria.

La secuencia de ADN pertinente que se incorpora en la bacteria receptora en cualquier forma seleccionada (tal como, de nuevo preferible, pero no necesariamente, en forma de plásmido) codifica información genética que se sabe que es beneficiosa o fundamental para la biosíntesis de un polisacárido de diutano de mayor peso molecular y mayor producción. Sin embargo, se cree además que la secuencia de ADN de la invención concreta (tal como dentro del plásmido pS8), aunque sin confiar en ninguna teoría científica específica, induce no solo una mayor producción, sino también un aumento en el número de unidades repetidas polimerizadas dentro de los polímeros individuales del propio diutano. Como resultado, se cree que este aumento en las unidades repetidas produce las propiedades de alta viscosidad resultantes que proporciona, de modo sorprendente, la goma de diutano. Se ha

establecido la hipótesis de un aumento en el peso molecular debido a un aumento medido en la viscosidad intrínseca, que se relaciona con el peso molecular mediante una relación de ley potencial. Para un polímero lineal (como la goma de diutano), se sabe que la viscosidad intrínseca es fundamentalmente proporcional al peso molecular a este respecto.

El aislamiento de las secuencias de ADN pertinentes que son la base del método de esta invención y que generan el polisacárido de diutano de mayor viscosidad se realiza mediante métodos y técnicas convencionales. Así, estas secuencias pueden generarse a partir de una cepa de *Sphingomonas* productora de diutano que se ha cultivado empleando procedimientos convencionales. Entonces puede realizarse la extracción del ADN, por ejemplo, a través de una centrifugación inicial y la resuspensión de las células bacterianas, y después realizando una elución del ADN a través de columnas de purificación. Después de terminar la purificación, el ADN aislado puede digerirse con endonucleasas de restricción y clonarse en el plásmido deseado u otro vector de transporte, y después transferirse a una cepa receptora. Pueden emplearse otras técnicas conocidas en la técnica sin limitación.

La clonación del ADN en la presente invención se basa en métodos y técnicas generales que se han convertido en convencionales en la técnica. Se advierte que puede emplearse cualquier método para clonar los segmentos de ADN según la presente invención, y la presente invención no se limita, por ejemplo, al uso de vectores de clonación de plásmidos. Por ejemplo, los fragmentos de ADN pueden clonarse mediante la inserción en un vector bacteriófago.

Las secuencias de ADN clonadas después pueden introducirse en una cepa de *Sphingomonas* a través de un plásmido u otro vector de transporte. La cepa de *Sphingomonas* genéticamente modificada puede entonces emplearse para producir diutano mediante fermentación. Básicamente, un medio adecuado para la fermentación es un medio acuoso que en general contiene una fuente de carbono tal como, por ejemplo, carbohidratos, que incluyen glucosa, lactosa, sacarosa, maltosa o maltodextrinas, una fuente de nitrógeno tal como, por ejemplo, amonio inorgánico, nitrato inorgánico, aminoácidos orgánicos o materiales proteicos, tales como levadura hidrolizada, harina de soja o caseína, productos solubles de destilación o destilado de macerado de maíz, y sales inorgánicas. Una amplia variedad de medios de fermentación mantendrán la producción de los diutanos según la presente invención.

Pueden incluirse carbohidratos en el caldo de la fermentación en cantidades variables, pero normalmente entre aproximadamente 1% y 10% en peso (preferiblemente 2-8%) del medio de fermentación. Los carbohidratos pueden añadirse antes de la fermentación o, como alternativa, durante la fermentación. La cantidad de nitrógeno puede variar de aproximadamente 0,01% a aproximadamente 0,4% en peso del medio acuoso. Puede emplearse una única fuente de carbono o de nitrógeno, así como mezclas de estas fuentes. Entre las sales inorgánicas que pueden emplearse para fermentar bacterias de *Sphingomonas* se encuentran sales que contienen sodio, potasio, amonio, nitrato, calcio, fosfato, sulfato, cloruro, carbonato e iones similares. De forma ventajosa, pueden incluirse oligoelementos, tales como magnesio, manganeso, cobalto, hierro, cinc, cobre, molibdeno, yoduro y borato.

La fermentación puede realizarse a unas temperaturas entre aproximadamente 25 °C y 40 °C, siendo preferido un intervalo de temperatura de entre aproximadamente 27 °C y 35 °C. El inóculo puede prepararse mediante métodos convencionales de transformación de escala de volumen, que incluyen cultivos de matraces en agitación y fermentación agitada sumergida a pequeña escala. El medio para preparar el inóculo puede ser el mismo que el medio de producción o puede ser cualquiera de varios medios convencionales muy conocidos en la técnica, tales como caldo de cultivo Luria o medio YM. Puede emplearse más de una etapa de sembrado para obtener el volumen deseado para la inoculación. Los volúmenes de inoculación típicos varían de aproximadamente 0,5% a aproximadamente 10% del volumen de fermentación final total.

El recipiente de la fermentación puede contener un agitador para agitar el contenido. El recipiente también puede tener controles del pH y de la formación de espuma automáticos. El medio de producción puede añadirse al recipiente y esterilizarse in situ mediante calentamiento. Como alternativa, el carbohidrato o la fuente de carbono pueden esterilizarse por separado antes de la adición. Puede añadirse un cultivo de siembra previamente cultivado al medio enfriado (en general, a la temperatura de fermentación preferida de aproximadamente 27 °C a aproximadamente 35 °C), y el cultivo agitado puede fermentarse durante aproximadamente 48 a aproximadamente 110 horas, produciendo un caldo de cultivo de alta viscosidad. El polisacárido de diutano puede recuperarse del caldo de cultivo mediante el método convencional de precipitación con un alcohol, en general isopropanol.

#### **Realizaciones preferidas de la invención, que incluyen la descripción detallada de los dibujos**

Los siguientes ejemplos se proporcionan para ilustrar la presente invención. No debe interpretarse que la descripción de los ejemplos limite el alcance de la presente invención de ninguna manera.

#### Aislamiento de la secuencia de ADN/producción de plásmidos

Para realizar el aislamiento inicial y determinar la secuencia apropiada para los resultados de la invención descritos previamente, se construyó un banco de genes del organismo ATCC 53159 como sigue: Se aisló el ADN cromosómico de *Sphingomonas* sp. ATCC 53159 y se digirió parcialmente con la endonucleasa de restricción *Sau3AI*. Los fragmentos de ADN en el intervalo de 15 a 50 kb se purificaron en un gel de agarosa y se acoplaron en el vector de clonación cosmídico digerido con *Bam*HI pLARF2 (según Staskawicz, *et al.*, "Molecular characterization

of cloned avirulence genes from race 0 and race 1 of *Pseudomonas syringae* pv. *Glycinea*", J. Bacteriology, 1987, 169:5789-5794), aislado a partir de *Escherichia coli* cepa JZ279 (de Harding, *et al.*, "Genetic and physical analysis of a cluster of genes essential for xanthan gum biosynthesis in *Xanthomonas campestris*", J. Bacteriology, 1987, 169:2854-2861). Las reacciones de acoplamiento se encapsularon en partículas del fago  $\lambda$  (empleando el extracto de encapsulación Gigapack III Gold, de Stratagene, La Jolla, CA) y se transfectaron en células *E. coli* DH5 $\alpha$ MCR de eficacia de banco (Life Technologies, Rockville, MD). Se reunieron aproximadamente 10.000 colonias resistentes a tetraciclina para formar el banco de genes. A partir de este banco se aislaron después las secuencias individuales. El trabajo realizado en este caso implicó el aislamiento de genes específicos para la biosíntesis de polisacáridos del organismo de *Sphingomonas* ATCC 53159.

Estos genes para la biosíntesis de polisacáridos generalmente se identifican mediante la complementación de mutantes defectuosos en la síntesis de polisacáridos, en particular los que tienen bloqueada la primera etapa, de glucosil transferasa I. Puesto que inicialmente no estaban disponibles mutantes defectuosos en transferasa I de ATCC 53159, se empleó la complementación de mutantes defectuosos en transferasa I de *Sphingomonas elodea* y *Xanthomonas campestris* para identificar los genes para la biosíntesis del polisacárido de diutano. El plásmido pLAFR3 puede transferirse de su hospedante de *E. coli* a otra bacteria gram-negativa mediante una conjugación triparental empleando un plásmido auxiliar que suministra las funciones de transferencia IncP (según Ditta, *et al.*, "Broad host range ADN cloning system for gram-negative bacteria: construction of a gene bank of *Rhizobium meliloti*", Proc. Natl. Acad. Sci., 1980, 77:7347-7351). Los plásmidos de tipo RK2 tienen un número de copias calculado en *E. coli* de cinco a siete por cromosoma (Figurski *et al.*, "Suppression of ColE1 replication properties by the Inc P-1 plasmid RK2 in hybrid plasmids constructed in vitro", J. Mol. Biol., 1979, 133:295-318).

El banco de genes del ADN cromosómico de ATCC 53159 en *E. coli* se transfirió a un mutante no mucoso (GPS2) de *S. elodea* ATCC 31461 mediante conjugación triparental, seleccionando para la resistencia a tetraciclina y estreptomicina. El plásmido auxiliar empleado fue pRK2013 (en *E. coli* cepa JZ279), que contiene un origen de la replicación de espectro estrecho de hospedantes, pero muestra funciones de acción en trans que son necesarias para movilizar pLAFR3. El plásmido pRK2013 no se replica en cepas de *Sphingomonas*. *S. elodea* ATCC 31461 produce el polisacárido gelano. Ambos polisacáridos gelano y diutano tienen la misma unidad repetida de tetrasacárido, formada por  $[\rightarrow 4)\text{-}\alpha\text{-L}\text{-ramnosa-(1}\rightarrow 3)\text{-}\beta\text{-D-glucosa-(1}\rightarrow 4)\text{-}\beta\text{-D-ácido glucurónico-(1}\rightarrow 4)\text{-}\beta\text{-D-glucosa-(1}\rightarrow ]$ . Sin embargo, el diutano también incluye una cadena lateral formada por dos moléculas de ramnosa unidas a uno de los restos glucosa y está modificado con acetilo, mientras que el gelano no tiene cadenas laterales de azúcares y está modificado con acetilo y glicerilo. El mutante GPS2 es defectuoso en la primera etapa de la biosíntesis del polisacárido, es decir, la transferencia de glucosa-1-fosfato desde UDP-D-glucosa al vehículo de lípidos bactoprenil fosfato por la enzima glucosil transferasa I. A partir de las placas de selección de tetraciclina se aislaron las colonias productoras de polisacáridos (mucoides) de un entorno de colonias no mucoides. Los clones que restablecen la producción de polisacáridos probablemente contienen el gen de ATCC 53159 que codifica la glucosil transferasa I más aproximadamente 20-25 kb del ADN adyacente. El ADN del plásmido se aisló a partir de ocho transconjugantes GPS2 mucoides y se transfirió a *E. coli* cepa DH5 $\alpha$  (Life Technologies) mediante electroporación. Los plásmidos se aislaron de *E. coli* para obtener el ADN suficiente para la digestión doble con la endonucleasa de restricción *HindIII*/*EcoRI* (que cortan a ambos lados del sitio de endonucleasa de restricción *BamHI* en el policonector), para escindir el ADN insertado del vector. Se determinaron los tamaños del ADN insertado en los clones mediante electroforesis en gel. Las secuencias finales de varios plásmidos se determinaron mediante secuenciación con cebadores específicos para las secuencias del plásmido que flanquean el sitio *BamHI* del vector. Las secuencias se analizaron mediante una comparación con secuencias en bases de datos informáticas empleando BLASTX. Dos de estos plásmidos, pS8 y pS6, se presentan en la figura 1. De modo similar, el banco de genes de ATCC 53159 se transfirió a un mutante de *X. campestris* no mucoso resistente a rifampicina que es defectuoso en la transferasa I (CXC109) (tal como en la referencia mencionada anteriormente de Harding *et al.*) a través de una conjugación triparental y seleccionando para la resistencia a tetraciclina y rifampicina. *X. campestris* produce el polisacárido xantano, cuya síntesis también es iniciada por la transferencia de glucosa-1-fosfato desde UDP-D-glucosa al vehículo de lípidos bactoprenil fosfato por la enzima glucosil transferasa I (Ielpi *et al.*, "Sequential assembly and polymerization of the polyprenol-linked pentasaccharide repeating unit of the xanthan polysaccharide in *Xanthomonas campestris*", J. Bacteriology, 1993, 175:2490-2500). Los plásmidos se purificaron de los transconjugantes mucoides y se determinaron las secuencias finales como se describió anteriormente. Dos de estos plásmidos, pX6 y pX4, se presentan en la figura 1.

El ADN de S657 clonado en los plásmidos pS8 y pX6 fue completamente secuenciado mediante secuenciación de disparo bicatenaria en Lark Technologies Inc. (Houston, TX). Estas secuencias se analizaron para identificar los genes para la biosíntesis del diutano (presentados en la figura 1). Se diseñaron las funciones génicas basándose en la homología con otros genes en las bases de datos, en particular con los genes publicados para la biosíntesis del esfingano S-88 (tal como en la patente mencionada anteriormente '516 de Pollock *et al.*), GenBank n.º de registro U51197 y el gelano (GenBank AY217008 y AY220099). Se identificaron los genes (figura 1) que codifican las transferasas para los cuatro azúcares en el esqueleto y cuatro genes para la síntesis de dTDP-ramnosa. Los genes para la secreción del polisacárido se basan en la homología con genes para la biosíntesis de otros polisacáridos. Dos genes codifican proteínas homólogas a proteínas implicadas en la secreción de proteínas. Dos genes codifican putativamente una polimerasa y una liasa. El inserto en el plásmido pX6 contiene 17 genes que incluyen el gen *dpsB* que codifica la transferasa I (que inicia la primera etapa en la síntesis del diutano), genes para la secreción y cuatro

genes para la síntesis de dTDP-ramnosa, pero carece de los genes para las transferasas II, III y IV y los genes putativos para la polimerasa y la liasa. El plásmido pS8 contiene 20 genes del agrupamiento de genes *dps*, que incluyen genes para las cuatro transferasas de azúcares del esqueleto, los cuatro genes para la síntesis de dTDP-ramnosa, y los genes para la secreción del polisacárido, que incluyen los genes putativos para la polimerasa y la liasa, pero carece de los genes de función desconocida *orf6* y *orf7*. El plásmido pS6 contiene genes para la secreción y las cuatro transferasas de azúcares, pero no tiene todos los genes para la síntesis de dTDP-ramnosa o el gen para la polimerasa. El plásmido pX4 contiene solo una pequeña parte de la región *dps*, pero incluye el gen que codifica la transferasa I y los cuatro genes para la síntesis de dTDP-ramnosa que fueron indicados por Pollock *et al.* como suficientes para producir un aumento en la producción del polisacárido en cepas de *Sphingomonas*.

#### Producción de las cepas

Después, los cuatro plásmidos descritos anteriormente se introdujeron dentro de la cepa de *Sphingomonas* ATCC n.º 53159 mediante conjugación triparental como se describió anteriormente, para formar las nuevas cepas modificadas S657 (S657/pS8, S657/pS6, S657/pX6 y S657/pX4). Después se realizó una fermentación, tal como se describió anteriormente, para producir un material de biogoma como se indica a continuación. Los cuatro plásmidos tienen un efecto beneficioso sobre la productividad del diutano; sin embargo, el plásmido pS8 sorprendentemente también proporciona unos aumentos extremadamente grandes en la viscosidad del diutano, y un aumento en el peso molecular. Se proporciona la secuencia de ADN de pS8 (26278 pb) (secuencia de ADN n.º 1), y los genes codificados se listan en la siguiente tabla 1 y en forma de diagrama en la figura 1. El ADN del inserto en el plásmido pS8 incluye los genes *dpsG* a *rm1D* y una porción de los genes *dpsS* y *orf7*.

La siguiente tabla de genes es básicamente una lista de genes representados por la secuencia de ADN para el inserto en el plásmido pS8.

Tabla 1 - Genes sobre el inserto del plásmido pS8

Inicio	Fin	Nombre	Descripción
2*	1054	dpsS	homólogo a <i>ge/S</i> (parcial)
2738	1113 C	dpsG	polimerasa putativa
4895	2898 C	dpsR	liasa putativa
5093	6031	dpsQ	ramnosil transferasa IV putativa
7082	6111 C	dpsI	desconocido
7121	8167	dpsK	beta-1,4-glucuronosil transferasa II
8164	9030	dpsL	glucosil transferasa III
10467	9079 C	dpsJ	desconocido
11076	12374	dpsF	desconocido
12389	13306	dpsD	proteína exportadora de polisacáridos putativa
13341	14687	dpsC	proteína exportadora de polisacáridos putativa
14687	15394	dpsE	proteína exportadora de polisacáridos putativa
15405	16286	dpsM	proteína exportadora de polisacáridos putativa
16270	16968	dpsN	proteína exportadora de polisacáridos putativa
18454	17060 C	atrD	proteína de secreción putativa
20637	18451 C	atrB	proteína de secreción putativa
21229	22641	dpsB	glucosil-isoprenilfosfato transferasa I
22757	23635	rm1A	glucosa-1-fosfato timidilil transferasa
23632	24198	rm1C	dTDP-6-desoxi-D-glucosa-3-5-epimerasa
24202	25263	rm1B	dTDP-D-glucosa-4,6-deshidratasa

Inicio	Fin	Nombre	Descripción
25263	26129	rm1D	dTDP-6-desoxi-L-manosa-disehidrogenasa
26277*	26146 C	orf7	función desconocida (parcial)

\* Primer codón dentro de marco, el codón de inicio no está presente.

#### Producción de diutano

- Se determinó la producción de diutano por las cepas de *Sphingomonas* S657 modificadas que contienen el plásmido, comparado con la cepa de tipo salvaje S657 sin el plásmido, en tres conjuntos de pruebas de fermentación en el mismo medio líquido en fermentadores Applikon 20L, con agitación y aireación. Para las cepas que contienen el plásmido, se añadió el antibiótico tetraciclina a 5 mg/l a lo largo de la fermentación para asegurar la retención del plásmido. Se añadió KOH según fue necesario para controlar el pH. Se emplearon dos etapas de siembra con 1% al 6% de transferencias de inóculos. El medio empleado para la fermentación contiene jarabe de maíz como fuente de carbohidratos, una fuente de nitrógeno asimilable y sales. Los nutrientes que pueden emplearse para la fermentación son conocidos en la técnica e incluyen un carbohidrato, por ejemplo, glucosa, sacarosa, maltosa o dextrina, una fuente de nitrógeno, por ejemplo, nitrógeno inorgánico en forma de amonio o nitrato, nitrógeno orgánico, tal como aminoácidos, extracto de levadura hidrolizada, proteína de soja, o destilado de macerado de maíz, y sales adicionales que contienen, por ejemplo, cloruro, fosfato, sulfato, calcio, cobre, hierro, magnesio, potasio, sodio o cinc.
- Como medida de la producción de diutano resultado, se determinó la viscosidad del caldo y las fibras precipitadas. La viscosidad de los cultivos de fermentación se midió con un viscosímetro Brookfield que se hace funcionar a 60 rpm con un huso n.º 4, y los resultados se muestran en la tabla 2. Al final de la fermentación, los caldos de cultivos se trataron con la introducción de la enzima glucoamilasa, muy conocida, para hidrolizar cualquier oligosacárido remanente del jarabe de maíz. Las gomas de diutano producidas después se precipitaron a partir de una parte alícuota del caldo con dos volúmenes de alcohol isopropílico. Las fibras se recogieron sobre un filtro y se secaron. En la tabla 2, el término DWY significa los rendimientos en peso seco precipitables totales de las biogomas después de la hidrólisis del exceso de oligosacáridos de los jarabes de maíz.
- Claramente, el material resultante aparece en mayor rendimiento con los plásmidos pX4, pX6, pS6 o pS8 que portan copias adicionales de los genes para la biosíntesis del diutano en su interior. Sin embargo, con el plásmido pS8 se produce un gran aumento inesperado en la viscosidad del caldo con relación al aumento en el rendimiento de peso seco, lo cual indica que otro factor, además de la mayor cantidad de diutano producida, está afectando a la viscosidad.

Tabla 2 - Fermentación de cepas que contienen plásmidos

DWY					
Cepa	Prueba n.º 1	Prueba n.º 2	Prueba n.º 3	Media	% de aumento
S657	34,3	32,2	33,9	33,5	----
S657/pS8	37,1	35,4	35,9	36,1	8,0%
S657/pX6	38,4	37,6	33,5	36,5	9,1%
S657/pS6			37,6		12,3%
S657/pX4			36,4		8,8%
Viscosidad del caldo de cultivo					
Cepa	Prueba n.º 1	Prueba n.º 2	Prueba n.º 3	Media	% de aumento
S657	5150	4950	5550	5217	----
S657/pS8	6650	6850	6850	6783	30,0%
S657/pX6	5400	6250	5125	5593	7,2%
S657/pS6			6675		28,0%
S657/pX4			5525		5,9



Claramente, se produce un mayor rendimiento del material resultante con cualquiera de los cuatro plásmidos presentes en el interior de las cepas, y los plásmidos pS8 y pS6 lograron un aumento muy inesperado en la viscosidad del caldo, lo cual indica también una alta calidad del producto. Después se determinó la calidad, es decir, la viscosidad de los productos de goma de diutano resultantes.

## 5 Reología del diutano en ensayos de aplicaciones

Estas muestras de goma de diutano después se analizaron en términos de los usos beneficiosos potenciales dentro de dos áreas diferentes: los aditivos de campos petroleros para la recuperación de petróleo y los aditivos del cemento para la retención de agua y un fraguado rápido.

La industria petrolera se basa en lo que se denomina el ensayo de la “viscosidad en agua salada” (SWV) como un cálculo para la actuación aceptable de gomas para la recuperación de petróleo. Este ensayo básicamente es un indicador de la eficacia de una goma para aumentar la viscosidad en condiciones salobres del agua (para reproducir la recuperación a partir de lecho marinos, por ejemplo).

La predicción de la viabilidad de una goma resultante como un modificador de la viscosidad apropiado para fines de recuperación de petróleo se acepta, en general, en los términos de la modificación de la viscosidad de una formulación de agua salada de ensayo. Esta formulación de “agua salada sintética” se produce mezclando 419,53 gramos de sal marina (ASTM D-1141-52) en 9800 gramos de agua desionizada. Para el ensayo de la viscosidad en agua salada, se añaden 0,86 gramos de la goma de muestra a 307,0 g de agua salada sintética y se mezcla a aproximadamente 11.500 rpm en un Fann Multimixer (modelo 9B5, parte número N5020) durante 35 minutos. Al final de los 35 minutos, la disolución se enfría hasta aproximadamente 26 °C antes de medir la viscosidad. Para la lectura de 3 rpm, la muestra se coloca en la plataforma de muestras de Fann (Fann modelo 35A; muelle de torsión MOC 34/35 F0.2b; plomada B1; rotor R1) y la velocidad se ajusta a 3 rpm cambiando el motor a una velocidad baja y ajustando la palanca de cambios en la posición intermedia. Después se deja que la lectura se estabilice y se lee el valor de tensión de cizallamiento del dial y se registra como la lectura del dial (DR) de SWV 3 rpm. Para la lectura de 0,3 rpm se emplea un viscosímetro Brookfield (viscosímetro Brookfield LV DV-II o DV-II, con un huso LV-2C) para medir la viscosidad. La velocidad del huso se ajusta a 0,3 rpm y se deja que el huso rote durante al menos 6 minutos antes de registrar la viscosidad como la lectura de SWV 0,3 rpm, y se expresa en centipoises (cP). Para aplicaciones de cemento, el ensayo PEG LSRV (una viscosidad de baja velocidad de cizallamiento empleando polietilenglicol como dispersante como se indica a continuación) proporciona una indicación acerca de la eficacia de la actuación de un modificador de la viscosidad para esa industria. Este ensayo mide la viscosidad de una disolución al 0,25% de la biogoma en agua de grifo convencional (“Standard Tap Water”, STW). La STW se prepara añadiendo 10,00 gramos de NaCl y 1,47 gramos de  $\text{CaCl}_2 \cdot 2\text{H}_2\text{O}$  a 10 litros de agua desionizada. Para la medición de la viscosidad, se añaden 0,75 gramos de la biogoma a 4,5 gramos de polietilenglicol 200 (CAS 25322-68-3) en un vaso de precipitado de 400 ml y se dispersa a fondo. Después se añaden 299 gramos de STW al vaso de precipitado y se mezcla durante aproximadamente 4 horas empleando un agitador de estilo propulsor de baja inclinación a  $800 \pm 20$  rpm. Después de un tiempo de mezclado de 4 horas, el vaso de precipitado se coloca en un baño de agua a 25 °C y se deja en reposo durante aproximadamente 30 minutos. Después se mide la viscosidad empleando un viscosímetro Brookfield LV equipado con un muelle de par de torsión 2,5+ (o un instrumento equivalente, tal como el modelo DVE 2,5+) a 3 rpm empleando el huso LV 1 después de dejar que el huso rote durante 3 minutos, y se expresa en centipoises (cP).

Las muestras de diutano producidas anteriormente se ensayaron de esta manera; los resultados fueron los siguientes:

Tabla 3 - Reología del diutano procedente de cepas que contienen plásmidos

Cepa	SWV 3 rpm (DR)			SWV 0,3 rpm (cP)		PEG LSRV (cP)		
	Prueba n.º 1	Prueba n.º 2	Prueba n.º 3	Prueba n.º 1	Prueba n.º 2	Prueba n.º 1	Prueba n.º 2	Prueba n.º 3
S657 tipo salvaje	25	26	22	24400	28600	2820	3150	2280
S657/pS8	42	43	47	41500	38800	4720	4980	4920
S657/pX6	25	29	26	25000	29100	2860	3400	3270
S657/pS6	---	---	22	---	---	---	---	2270
S657/pX4	---	---	24,5	---	---	---	---	2950

SWV = viscosidad en agua salada

LSRV = viscosidad de baja velocidad de cizallamiento

De modo inesperado, se producen aumentos definitivos en la viscosidad que muestran las gomas de diutano de la

invención producidas por algunas de las cepas modificadas que contienen plásmidos. Sin embargo, lo más sorprendente es que el aumento en la viscosidad para SWV a 3 rpm para la cepa pS8 es del 80%, mientras que el mismo análisis realizado con la cepa pX6 es de solo 9,6% frente a los resultados del tipo salvaje. Los plásmidos pS6 y pX4 no mostraron un aumento significativo. De forma similar, el ensayo de menor SWV rpm revela un aumento del 51,5% frente al tipo salvaje para el tipo pS8 frente a solo 2% para pX6. Por último, el ensayo de polietilenglicol LSRV mostró que los resultados de pS8 mostraban un exceso del 77% de aumento en la viscosidad frente a la goma de tipo salvaje, cuando se compara con menos del 16% de aumento para el diutano pX6, un aumento del 7,2% para pX4 y sin aumento significativo para el plásmido pS6. De nuevo, los resultados muy sorprendentes en estos términos demuestran las mejoras drásticas otorgadas en la producción de goma de diutano mediante la utilización de la secuencia génica necesaria ejemplificada dentro del plásmido pS8, como una manera de introducir dicha secuencia dentro de una bacteria productora de diutano diana.

Así, el diutano de la invención producido mediante la introducción de pS8 muestra unas mediciones de viscosidad sorprendentemente mayores en los tres recuentos, en particular comparado con el tipo salvaje y las variedades producidas con el plásmido pX6. Así, se espera que este nuevo diutano actúe extremadamente bien en las típicas condiciones de los campos petroleros y dentro de aplicaciones de cemento.

#### Explicación fundamental para la mejora en la reología

Los ejemplos previos demuestran que el diutano procedente de la cepa S657/pS8 muestra un aumento significativo en los parámetros reológicos. Así, este aumento sustancial en las mediciones de viscosidad en agua salada y de viscosidad de baja velocidad de cizallamiento PEG no puede atribuirse al aumento en la productividad por sí solo, puesto que la cepa pX6 también muestra unos resultados de rendimiento similares, sino mayores. En efecto, en el ejemplo previo ilustrado por la tabla 2, los rendimientos en peso seco (materia precipitable con alcohol) aumentaron en 8,0%, mientras que los parámetros reológicos aumentaron significativamente más para la cepa S657/pS8 (52-80%). Se realizó un estudio fundamental para explicar por qué se obtienen estas mejoras reológicas con la cepa S657/pS8 frente a la cepa de tipo salvaje.

La viscosidad intrínseca es una técnica muy conocida en la ciencia de los polímeros para inferir el peso molecular de macromoléculas (C. Tanford, 1961, Physical Chemistry of Macromolecules, John Wiley & Sons, Nueva York). La viscosidad intrínseca se obtiene representando gráficamente la viscosidad reducida (viscosidad normalizada para la concentración) frente a la concentración de la disolución, y extrapolando una regresión lineal de los datos hasta la concentración cero (la intersección y de la gráfica). De modo sorprendente, las gomas resultantes muestran aumentos en la viscosidad intrínseca según se comprueba en la tabla que aparece más adelante.

Cinco muestras de diutano, dos de la cepa de tipo salvaje (control 1, control 2) y tres de la cepa S657/pS8 (muestra 1, muestra 2, muestra 3) se evaluaron para analizar la viscosidad intrínseca, los azúcares neutros, y los ácidos orgánicos. Estas muestras se purificaron mediante purificación en alcohol, se rehidrataron, se trataron con hipoclorito, se trataron con glucoamilasa, se trataron con lisozima, y por último se trataron con proteasa (en este orden secuencial). Después se recuperaron a una proporción de CBM:caldo de cultivo 4:1, se secaron y se trituraron. CBM es una mezcla de alcohol isopropílico/agua azeotrópica que incluye aproximadamente 82% en peso del alcohol isopropílico.

Las muestras se ensayaron para el contenido en humedad mediante lo siguiente: en general, se ensayaron dos partes alícuotas de 0,7 gramos de la muestra empleando una balanza de humedad halógena Mettler HB 43. Los resultados de los dos ensayos después se promediaron y estos resultados se emplearon para la corrección para la humedad.

Después de obtener los datos de humedad, se preparó una disolución al 0,2% de la goma en NaCl 0,01 M sobre la base de la corrección en la humedad. Para estos ensayos se prepararon 200 gramos totales de la disolución al 0,2%. La goma se pesó sobre una balanza analítica hasta el diezmilésimo más cercano y se añadió al agua pesada hasta el milésimo más cercano. Las muestras se agitaron durante dos horas empleando un mezclador propulsor con un diámetro de 6,35 cm a aproximadamente 1000 rpm en un vaso de precipitado alto de 400 ml.

Después de la hidratación inicial, cada muestra se diluyó hasta 0,02% empleando NaCl 0,01 M. Esto se realizó pesando 20 gramos de la disolución al 0,2% en un vaso de precipitado de 400 ml, y después añadiendo de nuevo 180 ml del diluyente. Las muestras diluidas se mezclaron durante 30 minutos más. Las diluciones finales que se emplearon en último término para determinar la viscosidad intrínseca se prepararon a partir de esta muestra. Cada muestra de diutano se evaluó a las siguientes concentraciones: 0,004%, 0,08%, 0,010% y 0,012%.

Las mediciones de viscosidad se realizaron empleando el sistema Vilastic® VE. Antes de las mediciones, el Vilastic se calibró con agua hasta un error menor que 2,0%. Las muestras se midieron empleando el programa Timer a aproximadamente 2 Hz, una tensión de 1 y una velocidad de cizallamiento de aproximadamente 12 1/seg, todo a una temperatura constante de 23 °C. Se realizaron cinco mediciones para cada muestra y se promediaron. Después se emplearon los datos de la viscosidad promediada para calcular la viscosidad intrínseca. La siguiente tabla 4 proporciona los resultados finales de estos ensayos.

Tabla 4 - Comparación del diutano basada en los cálculos de la viscosidad intrínseca

Muestra de diutano	Sólidos medidos	Viscosidad intrínseca
S657 Control 1	93,76	138,3
S657 Control 2	92,42	143
S657/pS8 Muestra 1	91,7	170,7
S657/pS8 Muestra 2	91,4	162,2
S657/pS8 Muestra 3	91,94	162,8

5 Estos resultados indican que la cepa S657/pS8 produce constantemente diutano con una viscosidad intrínseca significativamente mayor; de hecho, la media de la viscosidad reducida para las cepas de la invención fue de 165,2, mientras que el control fue de 140,7, a niveles de sólidos medidos similares. Este descubrimiento indica que el diutano producido por S657/pS8 tiene mayor peso molecular que el control de tipo salvaje.

10 Para determinar si la goma de diutano de mayor viscosidad procedente de S657/pS8 tiene la misma composición que el diutano de la cepa de tipo salvaje, se determinó la composición ensayando los azúcares neutros y los ácidos orgánicos. Se empleó la muestra purificada utilizada para las mediciones de la viscosidad intrínseca para el análisis de los azúcares neutros. Una parte alícuota de cada muestra purificada se hidrolizó hasta los azúcares componentes mediante una hidrólisis con ácido trifluoroacético (100 °C/aproximadamente 18 horas). El hidrolizado de los azúcares neutros se cuantificó mediante una cromatografía de intercambio aniónico de alta resolución con detección amperométrica pulsada. El hidrolizado de ácidos orgánicos se cuantificó mediante una cromatografía de exclusión iónica de alta resolución con detección de la conductividad químicamente suprimida. La tabla 5 resume los resultados del análisis de los azúcares neutros. Tal como se muestra, el perfil de azúcares neutros para la cepa S657/pS8 es casi idéntico al perfil de azúcares neutros para la cepa de tipo salvaje S657. Aunque ambos resultados son diferentes de los valores teóricos, estos resultados indican que la estructura de la unidad repetida de la goma de diutano producida empleando pS8 es la misma que la del tipo salvaje, y que cualquier aumento en la viscosidad impartida por el material pS8 se debió a las cadenas más largas, lo cual significa un peso molecular mayor.

Tabla 5 - Análisis de azúcares neutros y ácidos orgánicos para las cepas de diutano pS8 y de tipo salvaje (control)

	Muestra	% de ramnosa	% de glucosa	% de acetato
Muestra 1	S657/pS8	32	19	8,9
Muestra 2	S657/pS8	32	19	8,2
Muestra 3	S657/pS8	32	17	8,6
Control 1	S657 de tipo salvaje	30	18	8,6
Control 1	S657 de tipo salvaje	33	20	8,7
MEDIA	S657/pS8	32	18,3	8,6
MEDIA	S657 de tipo salvaje	31,5	19	8,65
TEÓRICO	---	46	30	8

25 Así, la mayor viscosidad en agua salada y viscosidad de baja velocidad de cizallamiento PEG del diutano producido por la cepa modificada S657/pS8 puede atribuirse a un aumento en el peso molecular o a la longitud de la molécula de diutano, es decir, más unidades repetidas por molécula, y no a un cambio en su composición y, por tanto, no a cambios en la propia estructura repetida. Tampoco esta reología mejorada puede ser debida únicamente a un aumento en la cantidad de diutano producido. Aunque se evaluaron cuatro plásmidos, pS5, pS8, pX4 y pX6, con diferentes porciones clonadas del agrupamiento de genes para la síntesis de diutano, y todos mostraron algún aumento en la productividad, solo el plásmido pS8 mostró el aumento inesperado y muy alto en los parámetros reológicos del producto de diutano recuperado.

Una comparación de los genes para la biosíntesis de diutano clonados en los plásmidos ensayados sugiere que el

gen que más probablemente es el responsable del aumento en el peso molecular es el gen *dpsG*, puesto que este gen está presente en pS8 y no en el otro plásmido. El gen *dpsG* codifica una proteína de membrana hidrófoba con una fuerte homología con otras proteínas de membrana implicadas en la síntesis de polisacáridos. Una porción de la proteína tiene homología con proteínas para la polimerasa, una enzima que cataliza el enlace de las unidades repetidas para formar el polisacárido de alto peso molecular. Se ha postulado que el gen homólogo *gelG* en S60 actúa como polimerasa para la síntesis de gelano (Harding, N. E. *et al.*, 2004, "Organization of genes required for gellan polysaccharide biosynthesis in *Sphingomonas elodea* ATCC31461", J. Ind. Microbiol. Biotech., 31:70-82; Sa-Correia, I. *et al.*, 2002, "Gellan gum biosynthesis in *Sphingomonas paucimobilis* ATCC 31461: Genes, enzymes and exopolysaccharide production engineering", J. Ind. Microbiol. Biotechnol., 29:170-176). También se han aislado homólogos de *dpsG* a partir de *Sphingomonas* cepas ATCC 31554 y ATCC 21423 que producen los polisacáridos S8 y S7 (Pollock *et al.*, patentes de EEUU n.ºs 5.854.034, 5.985.623 y 6.284.516, y Pollock, T. J., patente de EEUU n.º 6.709.845). Por tanto, es muy probable que las copias adicionales del gen para la polimerasa puedan tener un efecto sobre el aumento en la longitud molecular de la molécula de diutano. No se puede descartar que puedan ser necesarios otros genes en el agrupamiento de genes biosintéticos del diutano en combinación con *dpsG* para lograr el aumento en la viscosidad observado. Probablemente, los candidatos serían los genes *dpsB*, *dpsL*, *dpsK* y *dpsQ* que codifican las azúcar transferasas I, II, III y IV, en particular el gen *dpsB* que codifica la transferasa I que añade el primer azúcar de la unidad repetida al vehículo de lípidos. Otros genes importantes pueden ser *dpsD*, *dpsC* y *dpsE*, que son homólogos a los genes *gumB* y *gumC*, que se ha demostrado que aumentan el peso molecular del xantano cuando se amplifican en un plásmido de múltiples copias. Es posible que todos los genes clonados en el plásmido pS8 puedan ser necesarios para lograr el notable aumento en la viscosidad.

Aunque la invención se describe en conexión con ciertas prácticas y realizaciones preferidas, de ninguna manera se pretende limitar la invención a estas realizaciones específicas, sino que se pretenden incluir los equivalentes estructurales y todas las modificaciones y realizaciones alternativas, según puedan ser definidos por el alcance de las reivindicaciones adjuntas y las equivalencias con estas.

#### Depósitos

La siguiente cepa bacteriana se depositó en el depósito de patentes de the American Type Culture Collection en 10801 University Boulevard, Manassas, Va. 20110, el 21 de octubre, 2005, conforme al Tratado de Budapest para el Reconocimiento Internacional del Depósito de Microorganismos:

*Sphingomonas* cepa S657 con el plásmido pS8.

**LISTADO DE SECUENCIAS**

5	<110> Harding, Nancy Patel, Yamini					
	<120> GOMAS DE DIUTANO DE ALTA VISCOSIDAD					
	<130> 05-506, 05-506A					
10	<160> 45					
	<170> FastSEQ para versión 4.0 de Windows					
15	<210> 1 <211> 26278 <212> ADN <213> Sphingomonas sp. ATCC53159					
20	<400> 1					
	gatcaacggc 60	gccttgctcg	gacggcacia	attcgctcctg	gtcaatgtgt	ccacggctcgc
	ctcttcgata 120	ctgttcacgc	tgttcccgct	tgtcgctcgcc	tggatgatcg	gcccggacct
	gcgaacgctg 180	ctgatcgccg	cgctcggttg	ccggggcggtt	ccgatgatcg	gcctgctgcc
	cgcgctgtat 240	cgaaaccttt	tgcgcggcaa	cacgcgcgt	tttcacgcca	gcgaggcgcg
	cttcctgata 300	ggctatggcg	ggtgggcctc	gtcacgacc	gtggtagcga	ccgtgctcat
	gatggcgagc 360	cgcttcctga	ttggcgact	tcttggggcc	gtcgccgtga	ccatctacac
	ggccccctg 420	caactcgac	agcgcgatc	gctgctgccc	tccgactgt	ccgccgcgt
	gttcccgcgc 480	ctgcccagcg	cgacgcggc	ggagcgcatg	gcgcttcaga	tccgctcgct
	gtcgctgatc 540	atgggcggcc	ttaccgggat	gatcggcggc	ggactattgc	tggccgcgcc
	gtttctcgat 600	ctctggatcg	gcaagtcgct	cgcccatgcg	ggaacgccgg	tcgcgctctt
	cctgttcttc 660	ggcgcatggt	ggaatgcgct	ggcgatcatt	tcgttcagcg	gcctgcaggc
	gagcggaagg 720	ccgaaagcga	gcgcgatcgt	ccagggggca	gagctgctac	ccgtgttgat
	cgcgctgtat 780	gcagggatcc	gatggggcg	cgtgaccggc	gccgcagcgg	tctttctggg
	acgctccgcc 840	ctggatttcg	tcctgttgac	ctggcaggca	ggcctgctcc	gccagacggt
	gaagcaagta 900	tcggtatgcg	gcgcggttct	caccgtcgcg	atgctcgtgg	gcgcgacct
	tcgctattcg 960	gtgcgctct	ggtgcgtact	cagcgccctgc	tgccctggtcg	cgctggcagc

# ES 2 532 831 T3

ctgctcctgg	tggacattgg	cgcgccagga	caaggcactg	ctgattggac	gattgagccg
1020					
aattctacca	aagcagcggc	aactcgacct	atagcctttc	cgcaatgcac	cgatggacca
1080					
caccaacccg	ttttaattga	cacacacaaa	tgctacaccg	acaaagacac	aggccgagag
1140					
cgatatagaa	gcgctatgcc	tagccccagc	gtcataaaga	tgaacgggtc	attgtcacct
1200					
tgcgacagga	ctgaccgcgt	attttaaaga	acagccagga	aagttgctac	ggcgagctca
1260					
agcgggtagc	catctccgct	catcttaaga	ccacgaaacg	cgagcaaaat	cattaacgta
1320					
atcatcgtgc	cgtatagcga	aacaaaaacc	agcaagccgt	aatcagccgc	tacggacagg
1380					
aaaccactgt	cgatcgatag	gaagccttgc	tgattacgcc	acccgacagc	gccagcacc
1440					
tctcccgggc	catagccgaa	gaaagggcgg	cgagcgatgg	caggcacgcc	caagcgaaac
1500					
tgctcctgcc	tgcccttgatt	gctaagttga	gaagcgcctc	caccgagaac	acggttgtgg
1560					
acggcaggca	cgaacatgac	cgccagcgac	agcgccacca	tcaaggcggg	atacgtcaac
1620					
gtcagcgaaa	tgccgacaag	cccgcccttt	gtggtccgcc	accgccgaat	tgcccaaata
1680					
agcaaataca	cggtatgcgc	caccaatccc	cccaccattg	ccagtcgaga	accgctaaga
1740					
aatccggacg	caactacaag	aaaatcgaag	aaaatccaaa	atgccaatct	ccctacgcca
1800					
cgggaattcg	ctatacggtg	cagcacgaaa	ggaatcgtca	aagccgtcaa	ctctccccag
1860					
acaagcggac	tgctgaaagt	cgtcaaaacg	cggtaagtac	cccgaaaacc	gggcgtaagc
1920					
actacggtaa	gaaactgctc	atcaacgcgc	aggaagctcg	gaatcgagta	ggcccagagg
1980					
acgtgcttca	cccggaaactc	cagcacgcca	atcgccatca	gcacgcccac	gcacaaaaac
2040					
aagcgcgtaa	cccaccactc	cggggtgcgc	gtgtcgggtcc	cgatcagcca	tagcgagatg
2100					
aatgccatcg	gcgtcacccgt	cagaacgatg	ccaatcaacc	gcggaattgt	ttgcgaggcc
2160					
gctgggggtcg	caatggaggc	gacgatctgg	accataatga	aggcaagcaa	tagtcgcgat
2220					
gggatcggcg	ccgcccgcac	aatcgccgcc	atctcggatc	gaaacttttt	cgagaccgaa
2280					
agcgagatca	tgagcgtgag	caatgcgatc	gaaccgatca	tccgcctgat	cgagatccaa
2340					
ggcaaaccac	caacgctgag	cgcaagatag	ttcgccaca	cgagcgccgc	caccatatag
2400					
gcgagggtata	gttttgccag	caggcgagta	ggcgctgcc	gcgcctcggg	tagcgcccag
2460					
atcactacga	gcgccatcag	aacgaggggc	acggccggga	tcgccagcat	ctggagcggc
2520					
agaactgcgg	cgagcaggcc	gtagactgcg	gcaagaaaca	tcacgctgac	cagcagaacg
2580					
gtacgccgcg	ccgcgatcgt	cacgcctgat	cgctcggctt	tgtagacggg	cagtaccggg
2640					

# ES 2 532 831 T3

atcgctggct 2700	ttgtcagaaa	ccgaaccagt	cgcaacctgc	gaagccgctg	catcgctccg
tgggaaggccg 2760	ggcgacgaaa	cgccgaggta	gtcgatcatct	gcaagtcccc	aacaagtccc
caagaggcgc 2820	tgccgctcgc	atgatcgaag	ggttcgcgaa	aagcaaggtc	gatacgccgc
actccctgcg 2880	atgtgccgcc	ggatcgagg	agggcacggg	ggcgccggc	gcaaggccgc
tcaccgccc 2940	ccccgctca	ggcgcggtac	aggttgtact	gatccgccgt	agcgctcagt
gtcgccgcgc 3000	tgcggtattgc	gcccacgcgc	cccgcggtca	tcattgtcgac	accgatcttg
ctgacgagcg 3060	cgatctgcga	ggacgcggca	gtacctatag	acagcgctact	gccaccgcgtg
gccaccgtcg 3120	caagcggcgt	tgccgtgcta	gcggcgccgg	caccgcgcag	cagcgcagcg
gcctgcgcgg 3180	ccgcgcgggt	gacgaggctg	tccttgaccg	tcgcccgcgc	gctggcgctc
gacgcggtca 3240	ccagcgccctg	cacctgggcg	gcgctgatcg	cgccatcgcg	gatctcgatg
tcgccgaccg 3300	ttccgctgaa	tgcggtcgag	aacgggctgc	cgacatacag	ccccaggat
tcggcgggcc 3360	gggtcgtgcc	ggtcatcgtc	gctgtgccgc	gttgcatgcc	gtctacgtac
agaatcgcg 3420	ttttccgctg	gctgtcgtag	gtcagggcga	tcttgtgtgt	ggcagcatca
agcagcttgg 3480	cgccgctcgt	caccattgtc	tggctgacgc	ccgcggcggt	gcgcatgggtg
aagctcagtt 3540	ccccattggc	ctgcagcgaa	accgaccagc	tctggaagat	gccaagaatt
tgcccgccg 3600	tggccgtagc	cgagtccgc	ttgaggtcga	agctgagcgt	gaacgccgac
aatgcgtaaa 3660	tctgccgcga	atagctccgg	tttagttcca	cccccgctgc	cgtcgagacg
tgggaaggcgc 3720	tgcccacgac	cgccgacacg	tcaccgcct	ttgtcgtctg	gccggtattc
cagtgcgaaa 3780	ggccacgac	gcgctgttg	ctgaacgaca	gatcgagcag	cagcgacgga
tttgccgct 3840	tcgcagtcga	cagttcggta	gtcacctgag	cggcagcagc	gctcgacacg
ggcggtggt 3900	accgcagcc	gggaacgatc	aaatcgctga	gccgcgccgt	agccccatcg
ttgaggccat 3960	agatcttgcg	gatcgttgcc	gagtcactcg	tcagcgtagc	attgcctgtc
tgacgatat 4020	tgctcgagga	gcttgtgacg	gtgatcaggt	ccgcaacatt	gttcttgatc
gtcgcgccat 4080	tggttttgtc	gaggcgaatc	caaatgatg	tgccatccac	ttgcgatatc
acgctatttg 4140	attcgatatt	gacattaacg	ccgttaacaa	cgttgatacc	gtggtaataa
ccattcagat 4200	agataagatt	gtttttgatg	tttacattga	cataggggaag	attaccggcc
tcgtcattca 4260	tgaaaatccc	ttgcgcgcca	gagcccgccg	cctgcatgat	gacgttattg
gagatgggtga 4320	tgttgggtatt	gcccttgacc	ttgcccgccg	tgaagaactg	aatggcgctg

# ES 2 532 831 T3

ggatgttcgg	tgcccacggg	aaacaggttc	gtgaacgaat	ttccgtcgat	gacaagattg
4380					
ttcatctcag	tgaagtctgt	atgatcgcg	cggttgtcgt	ggaagctgct	gttctggacc
4440					
accatgccat	cgacgttgta	ggcctcaagg	cccagaccga	agtggtcgat	agacgaattc
4500					
tgcacgtca	ccgacgtgct	gttgcgcacg	aacaagcccg	cccccttcga	gagcgaaggg
4560					
tcaccagtgc	cgccgctgaa	ccgcacgccg	tccaaaacga	tgttggccga	accctggatc
4620					
gtattcagtc	gattccagtc	atcggcgggc	ttgtaatcgg	tcgcagcgac	catgtttttg
4680					
acggtaacgt	tgctactgtt	cccgatcacc	agcttttgga	tattgaccgg	gttcgacgag
4740					
tcgagcgact	caattgtcac	catgctggta	aacgtcttgg	tcattacagt	gagatctgtg
4800					
tagaccccg	gggcaagctt	gatggtttcg	ccacccttcg	ccgcgcgat	tgcagcattc
4860					
aactccgtct	gattcttgac	aatgatatcc	ggcatgttga	cttaccctgt	acgcacgaac
4920					
ccgggccgat	attgaccctt	ccattgtcat	aaataccaga	acagccatga	aatttgctcg
4980					
aagggaata	gttaagaact	cccttctacg	gggcccgatg	ccggggcccat	gcacgcccga
5040					
ctttcgccgg	caccgtctcg	acggcgcaac	acagtgcagc	tactagggtg	cgatgcagat
5100					
gctcccaacg	ccgatgtca	gcatactcgt	ggtcgctttc	aactcgaccg	agtatatcga
5160					
agactgcctg	cgcgccatcg	ccgaaggagc	gggcaagacc	ccccacgaag	ttctgctgat
5220					
cgacaatggc	gacgggcaaa	ccgaagcgct	ggtccggcag	cggttccacc	acgtccgcac
5280					
cgttcccag	gagggcaata	ttggtttcgg	ggccggcaat	aatcgctggg	cagcgcaggc
5340					
tgccggccc	ctcctgctgc	tcgtcaaccc	cgatgccatt	cccagccc	gcgcaatcga
5400					
tcagttggtc	acctttgcca	aacagcatcc	cgaggcggcg	gcattggggc	gccgttccta
5460					
ctcgcccagc	ggcgatctag	aaccgcga	tttcatgtcc	ctgcgcacgc	ccgcccactt
5520					
tctgacggcg	atthtcaacg	cgcgtgcgct	acgcagcggc	gggctgcaag	aaggcgcgac
5580					
cacccccgga	gcggctcgagg	tgttgaatgg	cggcttcatg	atggtagcca	ccgatgtctg
5640					
gcaggcgatc	ggcggttttg	acgagagctt	ttttctttat	tcggaagaga	tcgatctctt
5700					
ccagcgaatc	cgcacgttgg	ggcacaaggt	gctcgtcgac	ccctcggtca	aagtgttaca
5760					
caatacgggg	agtggctcagt	cgatgtccca	gaaccgcctg	atgtatctca	cgaccggggc
5820					
catgcactat	gcgcgaaagc	atthtggcgc	actcggcacc	cttgccaccg	ggcgccgct
5880					
ttggctgatc	gccgccaat	acacgttggg	cggggcgcca	ctctggcgcc	tgtcgccgcg
5940					
gacgggcacg	cgatacaaa	agctgagcaa	cgggtggcgt	gccgtattta	gcaatcctgg
6000					



# ES 2 532 831 T3

ccgatgggtgg	agcgggtatc	cgcgctcgcta	aaagtccagc	tccccccccc	ctaaaggcgc
6060					
cgttgggagg	cggacgcatac	gttgcaacaa	cgcgcccgc	tttcagacct	tcagttcccc
6120					
gccggcggttg	cgccgctgcc	gcgaagctgc	ggcggtgcgc	tgtagccggc	ctgatatttc
6180					
acggttttccc	gcgcctttctt	caggcggtcg	ttgagctgtg	cgtcagccgc	cttgccgaag
6240					
cgctcggtag	gcagcccgc	gagcgcgatc	tcgcgcgct	ggtcggccgg	caccggcagc
6300					
accgtgggtcg	acgtgatgat	attcgcggtc	agtccctgct	gggtcggcag	gatgaacatc
6360					
tcctgtgccg	gcagcgacgc	gatcttggca	gcgatttccg	gcggcagcgc	agcgggtgctg
6420					
atctgcgacg	gcgcgcgacg	gaactggaca	ttgtccgccg	agagcttggc	ggttagctgg
6480					
tcacgcgtct	tcagcggcgc	gaattgcttg	agctttgcgg	ccgagctcgg	cggagcgaag
6540					
acgacctgat	cgatcgcgta	gatcttgcgc	tgcgcgaacc	gctccggatg	cgcggcctga
6600					
tatttctcga	tctcggcatc	ggtcggctgg	gcgatgccgc	ggcgatctt	gtcgcgcagc
6660					
atggcgggtga	ggatcagctc	gtcggcccg	cgctcctgga	tcaggaaggc	aggcgtcttg
6720					
tcacgcttct	gctcggggc	gaccttggcg	aggatcttgc	gctcgatgat	gcgctgcagc
6780					
gccagctgct	cggccagctt	gcgatcggtc	cccgggggta	cctgggaggc	ctgcagtctg
6840					
gcattcagct	cgaagacggg	gatttcttgc	ccatcgacgc	tggcgaccac	ctgccctctg
6900					
tcgagcttgc	cgcccttgcc	gccacatccg	gagacggcca	gcgcggccgc	agccaccgcc
6960					
gtaaccagg	acaatttctt	catgaagacc	tcccgcgg	cacggaattg	cgcacggcac
7020					
aaacttctac	ttgaacctat	tcggacgggc	gggcatccgc	aatagcgttg	gcagtgcagc
7080					
atggttctaa	gcggagccag	gcggcaacaa	gggggacgag	atggcagaag	cgaacgcggg
7140					
agatggaaa	gcctccaagc	cgctgaaaat	gtgccttgca	gcgtcggggc	gcggccatct
7200					
ccggcaaatac	ctcgatctgg	aatcggtgtg	gcgcgaacac	gattatttct	tcgttactga
7260					
agataccgcg	ctcgcccgga	gccttgccga	aaaacatccc	gtcgaactgg	tggagcacta
7320					
tgcgctcggc	caggccaagc	tgggccatcc	cttgcgcatg	ctgggcggcg	catggcgcaa
7380					
cctgcgccag	agcctttcga	tcctgcgccg	gcacaagccg	gatgtggtga	tttccaccgg
7440					
cgcgggcgca	gtctatttca	ccgcgctgct	cgccaaaactg	tcgggcgcga	agttcgtcca
7500					
tatcgaaagc	ttcgcgcgct	tcgaccaccc	gtctgccttc	ggcaagatgg	tgaaggggcat
7560					
cgcgacgggtg	acgatcgctc	agtcggcggc	gctgaaagaa	acctggcctg	atgccgagct
7620					
gttcgatccg	ttccgcctgc	tcgatacacc	gcgcccgc	aagcaggcgc	taatcttcgc
7680					

# ES 2 532 831 T3

gacgggtcggc	gccaccctgc	ccttcccgcg	gctggtgcag	gcagtgcctg	acctgaagcg
7740					
cgccggcggg	ctgccgggca	agctgatcct	gcaatatggc	gaccaggacc	tgcccgatcc
7800					
cggcatcccc	gacgtcgaga	tccgccgtac	catcccgttc	gacgatctgc	agctgctgct
7860					
gcgcgatgcg	gatatggtga	tatgccacgg	cggcaccgga	tcgctggtca	cggcgctgcg
7920					
cgccggctgc	cgggtcgtcg	cctttccgcg	ccgccacgat	ctgggcgagc	attatgacga
7980					
tcaccaggaa	gagatcgccc	agaccttcgc	cgaccggggc	ctgctccagg	cgggtgcgcga
8040					
cgagcgccag	ctcggcgccg	ctgtggaagc	ggccaaggca	accgagccgc	agctggcgac
8100					
caccgaccac	acggccctcg	cggcgcggtc	gcgccagctg	ctggcgcagt	ggagtgccaa
8160					
gcgatgagca	cggcccggtg	cagcgtcgtc	atcccgact	ataacgatcc	gcaatccttg
8220					
cggctctgcc	tggatgcgct	ggagcggcag	acgatcggtc	gcgacgcgtt	cgagatcatc
8280					
gtcggcgaca	acaattcgcc	ctgtgggctc	gcggcggtgg	aggcggcggt	cggcggacgt
8340					
gcgcggatcg	tgaccattct	ggaaaagggg	gcggggccccg	cgcgcaacgg	ggcggcagcc
8400					
gcagcgcgtg	gcgagatcct	cgcctttacc	gacagtgact	gcgtggtgga	gcccggctgg
8460					
ctggcggggc	gcacgaccag	ggtcgcgcct	ggccgtttca	tcggcgggca	catgtatgtg
8520					
cgcaagcccc	aagggccgcc	gaacggcgcc	gaggcgctgg	agatggcgct	ggcgcttcgac
8580					
aatgaaggct	atgtgcggcg	caccagttc	acggtcaccg	caaacctgtt	cgtgatgcgc
8640					
gccgatttcg	aacgggtcgg	cggcttccgc	gttggcgtgt	cagaggatct	ggaatggtgc
8700					
caccggggca	tcgccagcgg	cctcaccatc	aactatgcac	cggatgcata	ggtgggccaac
8760					
ccgccccggc	ccgactggtc	ggccctgctg	gtgaagacgc	ggcgcatcca	gcgcgaactc
8820					
tatctgttca	acatcgagcg	gccgaagggc	aggctgcgct	ggctggtccg	ttccgtggcg
8880					
caaccgggca	tgatcccaca	ggacgtggcc	aagatcctgc	gcacaccggg	taccaagggc
8940					
gcgcgcctcg	ctgcggtcac	cacgctggtc	cggctgcggc	tgtggcgcg	cggcgccggc
9000					
ttgttgacgt	tgctcggccg	cgacatctga	tcgaccggcg	atcggccgac	gagcgcgtcg
9060					
ccggccgatc	gcattgcata	agacgggtgg	cagcgcgtct	tccagcgtgc	cgctgtcgag
9120					
ccgcaggcgg	ccgatcatca	gccacagata	gaccggcagc	gtatcgtcgg	tgaagcggaa
9180					
gcggcaatcg	ccgtcctgcg	tttcggattc	gaggccgagt	tgaccggtga	gctcgcccag
9240					
ctcctgctcg	acctgcgcgg	ccgtgatgtg	cgcgcccggc	agcagatcca	ccacggcttg
9300					
gccgctgaac	cagccatccg	ccgagcgcg	ggcctcgccc	agcgcccgga	cgagtggatc
9360					

# ES 2 532 831 T3

gtagcgcccg	ccgacgaact	tgcgcattctc	gatcaccgcg	cgcgccggca	tgccggccctc
9420					
gatctcaagg	atcgcttggg	cgagcgcacg	acgcagatgc	ccggcgctcga	ccgtgaggcg
9480					
gccctgggtcc	agggcttcca	gcgcggaatg	gtggcacagc	agccgcgcga	aatagggcga
9540					
ccccagcgcg	agcaggtgga	tcatgtgagt	caggtccgga	tccaagcgaa	cgcccgaggc
9600					
ggtttcgccc	agcgcgatca	tctcctgcac	ctccgattcc	tccagccggg	gcatcggcag
9660					
gccgatgacg	ttgcggcgga	tcgacggcgc	ataaccgatc	agctcctgca	ggttcgaggc
9720					
gacgcccgcg	atcaccagct	ggacgcgcgc	cgaacgggtcc	gacaggttct	tgatcagctc
9780					
ggcgacctgc	tgacggaagg	cggaatcgct	gacgcgatca	tattcgctcga	ggatgatcag
9840					
cacgcgtgtg	cccgtgatgt	cggcgcacag	gtcggccagt	tcgcccggcc	cgaagctgcc
9900					
cgtcggcagg	cggtcggcca	agttgccgcc	gctctccgcc	tcgccggcgt	tgggcgccac
9960					
gccgcgatgg	aacagcagcg	gcacgtcttc	cagcacggcg	cgggaagacat	cgctgaaatt
10020					
cgcgttcgca	ccgcaggctc	catagctgac	gatatagctg	gattcgccgg	cgacatcggt
10080					
cagcacgtgg	agcagcgagg	tcttgccgat	gccgcgctcg	ccatagagca	cgacatggct
10140					
gcgctggctc	tcgatcgagg	agattaggcg	cgccagcacg	ccgaggcgcc	cggcgaagct
10200					
cgaccgatcg	gccaccggct	gggtgggtgt	gaagaaggtc	gccagcgcca	accgggcgcg
10260					
cgtgatctcg	cggcgctcgt	cgcggcggcg	atccagcggg	cgggtccagcg	cggaggcacg
10320					
gaagggttgg	aaatccgggc	gaccacggcc	gctatgggca	tcgcgatgcg	gcaccactgt
10380					
cgcagtcagc	gggaaatagc	cctcttcttc	aggttcttct	cgacggccga	acggccacaa
10440					
gaatctcagc	gcggaacctc	cagccactcg	aacacctctt	aaattcgtgc	gccatcggca
10500					
ccgacggcgc	accctgggtc	gcgccccctg	gcgccccctc	ctaacgaacc	cacgccttgc
10560					
ctggcctatc	ggcgcttgaa	gaactcgtac	ggtttgatca	ccaaggcgat	gtacgccagg
10620					
accagagcga	tcgtcaaaat	tgcaaagacg	tgataattct	cattgccccag	ataattggcg
10680					
acggcgcaac	cgactgcggg	cggcaaatag	ctgatcatcg	tgtcccggac	tgccgaatcg
10740					
gcttgggacc	gttgacaggaa	tataacgatc	aggccggcaa	atatcgcgat	ggtgacccaa
10800					
tcatagggcg	tctgcatgca	tgctctttct	attcgacacc	ggaatcgaac	catttccggc
10860					
gacgtatttg	cacgcactag	cagtgcgcgc	ggccgctcgc	taggttagcgc	cgcaccggat
10920					
aaaccgacgt	taagatggcg	cggctcgatc	gaaatggagt	caaacgggct	tgcccggccg
10980					
accgaagcat	ggcgccatgg	cgcgatgcac	gtattgtgac	cacgcaaacc	gcgaggggtca
11040					

# ES 2 532 831 T3

ttcgatgcgg	ttgcttgtag	aggaggccat	tgataatgaa	gccgagaccc	gggggaacct
11100					
ttatgcaagt	aaatttcaat	cgacaggctc	gcaagctcgg	tgccggcaat	gcgctcgcgc
11160					
ggggggggcc	cgtgcttgcg	ctgcttgcca	ccgcggcatg	gacacaacct	gcgctggcgc
11220					
agcgacaggc	atttgagtcc	cgccccctcg	gtagcgagcg	acagggtcgat	attcgcgcca
11280					
cgggggtcgct	ggaatatgac	gacaacgtcg	tgctgaacga	ccagcggatc	acggacggcg
11340					
cgcgtaggca	tgtgatcgca	tcgcccgggc	tggaacgtgac	cctagttctg	ccccgcgcca
11400					
ccgggcagct	ctacctcacc	ggcaatgtcg	gatatcgctt	ttacaagcga	tataccaact
11460					
ttaaccgcga	gcagatctcg	ctcaccggcg	gcgcagatca	gcggttcgcc	tcctgcgctg
11520					
tgcacgggga	agtcggctat	cagcgccacc	tcaccgacct	gtccagcatc	ttgatccagg
11580					
acaccacgcc	tgcgctcaac	aacaccgaag	aggcccggca	gtacaccgcg	gatatcggct
11640					
gcggcgcgac	ctacggcctg	cggcctgccg	tttcctacac	ccgcaacgaa	gtgcgcaaca
11700					
gccttgccga	gcgcccatac	gcggactcga	ataccaacac	ctttaccgca	cagcttgggc
11760					
tgacttcgcc	tgccctgggg	accgtggcgg	tatttggggc	tatgtccgac	agcagctatg
11820					
tccatcgctg	ccttcccggc	attaccggcc	aggacgggat	gaagagctac	gcggccggcg
11880					
tccagctcga	gcgctcggtg	gccaaccgac	tccatttcaa	cggctcggtg	aattacaccg
11940					
aggttgaccc	aaagctcgca	tccaccaaag	gattcaaggg	cgtaggattt	aacgtttccg
12000					
gcgattatgc	tggtgatcag	tacagcctcc	aattgctggc	ttcacgatcg	cccagcctt
12060					
cacttcttct	gttcgtgggt	tacgagattg	tgacagcggc	ttcggcgaat	gcgacgcgcc
12120					
ggctgagcga	tcgcattcag	atatacgtgc	aaggcagccg	aacctggcgc	gagctcgcgt
12180					
cttcgcggct	gctcaccaac	gtgccgattt	ccggcaacga	caacacctcg	acgttggtcg
12240					
cctccgctac	cttccggccg	aatcgccggc	tgagctttgt	gctgggtgcc	ggccttcagc
12300					
ggcgcaaccag	caacacgcag	ctatacagtt	acagctccaa	acgcatcaat	ctctcgacgt
12360					
cgctttcgct	ctgacaaggg	ccgtaatcat	gcatatcaag	aatcgcttcg	tgaatatctc
12420					
gacgttggcc	atcgccgccg	cgctggccac	gccggcggcg	gcgcagatcc	ccacgcggtc
12480					
cgtgcccgcg	ccggcccggc	cgcggcctgc	aacgcgcgcg	gcgcaacagc	agaaccaggc
12540					
gccgtcgacg	cccgacggcg	caaccccggc	gcagaccgcc	gcaaccggtg	cccctgcagc
12600					
aaccgcaccc	gcaggttaca	aaatcggcgt	ggacgacgtg	atcgaggccg	acgtgctcgg
12660					
ccagaccgac	ttcaagacgc	gcgcccgtgt	gcaggcggac	ggcacggtga	ccctgcccta
12720					

# ES 2 532 831 T3

tctgggcgcc 12780	gtgcagggtca	agggcgagac	cgcgacctcg	ctcgccgaaa	agctggccgg
gctgctgcgc 12840	gccggcggct	attatgccaa	gccgatcgtc	agcgtcgaaa	tcgtcggttt
cgtcagcaac 12900	tatgtgacgg	tgctgggcca	ggtgaacagt	tccggcctgc	agccggtcga
ccgcggttat 12960	cacgtttccg	agatcatcgc	ccgtgccggc	ggcctgcgcc	ccgaagcggc
cgatttcgtc 13020	gttctcacc	gcgccgatgg	ctccagcgcc	aagctggact	acaagaagct
cgcccaaggt 13080	ggccccaatg	acgatccgat	ggtgacgccc	ggggacaagg	tctttgtccc
ggaagtcgag 13140	catttctaca	tttatggtca	aattaacgcg	cctggcgat	acgcgattcg
atcggacatg 13200	acgctccgtc	gcgcgctggc	ccagggcgg	gggcttgccc	ccgcaggctc
cgtcaagcgt 13260	gtgaagggtca	cgcgggatgg	caatgaactc	aagttgaagc	tggacgatcc
gatttctcca 13320	ggcgacacga	tcgtcatcgg	cgaacgattg	ttctgatctt	ggcaacgatg
gcagcggacg 13380	agggccacca	gtgaatatca	ttcagttctt	ccgcattctg	tgggtgcgcc
gatggatcat 13440	cctcccgggc	tttctcgttt	gcgttaccac	tgccaccatt	gtggtccagt
ttctgcccga 13500	acgctacaag	gccactacgc	gggtgggtgct	cgacacgttt	aagcccgatc
ccgtcacccg 13560	acaggtgatg	agctcgcagt	tcatgcgcgc	ctatgtcgag	actcagaccc
agctgatoga 13620	ggactatgcg	accgcgggtc	gcgtgggtcga	cgaactgggc	tgggtgaatg
atccggcgaa 13680	catctccgcg	ttcaacaact	cgtccgcggc	tgccaccggc	gacatccgcc
gctggctcgc 13740	caagcagatc	atcgacaata	ccaaggccga	tgtgatggag	gggagcaaca
tcctcgaaat 13800	cacctattcg	gacagctcgc	ccgagcgcg	cgaacgcac	gccaacctga
tcgcacctc 13860	gttcctcgcc	cagtcgctcg	ccgccaagcg	ccaggccgcg	accaagtcgg
ccgactggta 13920	cgcccagcag	gccgaagctg	cccgcgattc	gctcgtcgcg	gcgggtccagg
ccgcacccga 13980	tttcgtgaag	aagaccggca	tcgtgctgac	cgaaacgggc	gccgacctgg
aaaccagaaa 14040	gctccagcag	atcgaggggc	agacgacgac	cgccaccgcc	ccggttgcca
tggcccccag 14100	cggcacgggc	ccggcgacga	tcgagctcgc	ccagatcgac	cagcagatcc
agcaggcagc 14160	gaccagccta	ggtccgaacc	acccaacttt	ccaggccttg	cagcggcagc
gcgaagtgtt 14220	cgccaaggca	gcggcgggcg	aacgcgcgca	ggcgaacggc	gtatccggtc
cggcacgcgg 14280	ggccatcgaa	agcgcagcca	acgccacgcg	cgcgcggtt	ctcggcaatc
gtcaggatgt 14340	cgacaagctt	acgcagctgc	agcgtgacgt	ctcgtgaag	caggatcagt
acatgaaggc 14400	ggcacagcgc	gtcgccgatc	tgcggtgga	agcaagcagc	aacgatgtcg

# ES 2 532 831 T3

gcatgtcgac	gctcagcgaa	gcatcgggcg	cggaacgcc	ctattacccc	aagggtgccgc
14460					
tcatcatcgg	tgggtgcagcc	ggcttcggcc	tcgggctcgg	tctgctggtc	gcgctgctcg
14520					
tcgagctgct	cgcccgccgc	gtccgcagcc	ccgaggatct	ggaagttgcg	atcgatgcac
14580					
cggtgctggg	cgtgatccag	agccgcgcct	cgcttgccgc	ccgccttcgc	cgcgcccaag
14640					
aaacctcgg	cgaaggtgcc	gacacgcacg	gagcttcagt	aaactgatgg	acgcgatgac
14700					
cagcgaaccg	ctgcccgaag	gcgatcgtcc	gagcgccgtg	ccgaccacgc	cggatacgat
14760					
cggcatgctc	gaataccagc	tcgtcctctc	cgatccgacc	gggatcgagg	cgggaagcgat
14820					
ccgcgcgcta	cgcacgcgca	tcatgaccca	gcacctccgc	gagggccggc	gcgcgctcgc
14880					
gatctgcgcc	gcctcggcgg	gatccggctg	cagcttcacc	gccgtcaatc	tggcgacggc
14940					
gctggcgag	atcggcggtta	agactgcgct	ggtcgatgcc	aatctgcgcg	atcccagcat
15000					
cggcgagcc	ttcggcctcg	ccgccgacaa	gccgggcctg	gccgattatc	tcgcctcggg
15060					
cgatgtcgac	ctcgccctga	tcattccatgc	gaccgcctc	gaccagctct	cgatcatccc
15120					
ggccgggcat	gtcgagcaca	gcccgagga	actgctcgcg	tccgaacagt	tccatgatct
15180					
ggcgagcag	ctgctgcgcg	agttcgacat	cacgatcttc	gacaccacgg	cgtccaacac
15240					
ctgcgccgac	gcgcagcgtg	tcgcgcatat	cgccggctat	gcgatcatcg	tggcgcgcaa
15300					
ggatgcgagc	tacatccgcg	acgtgaacac	gctcagccgc	acgctgcgtg	cagaccgcac
15360					
caacgtcatc	ggctgcgtac	tgaacggcta	ttgatttgga	ccatatggca	gcgaccgcga
15420					
tgacgcggca	gcaggagagg	aagggcggtg	gctattggct	ggccgttgcc	ggtcttgccg
15480					
cgctaaccat	cccgaccttc	atcacccctg	gtcgcgaggt	ttggagtgcg	gaaggcgggc
15540					
tgcaggggcc	gatcgtgctc	gccacgggcg	cctggatgct	ggcccgccag	tgctcgacga
15600					
tcgagggcgt	acgccgcccc	ggcagcgtgc	tgctcggcgc	gctgttcctg	ctggcgacgc
15660					
ttgccttcta	caccgttgga	cgggtgttcg	acttcatcag	tgtcgaaaacc	ttcggaactgg
15720					
tcgcgaacct	tctggctcgtc	gcctatctct	atttcgggtgc	cagggtgctc	cgtgccgcct
15780					
ggttcccggt	gctgtggctg	ttcttcctgg	tgccgccgcc	cggctggggc	gtcgaccgca
15840					
tcaccgcacc	gctcaaggag	ttcgtctcct	atgcggcaac	gggcctgctt	tcctgggtgg
15900					
attatccgat	cctgcgccag	ggcgtgacac	tgttcgtcgg	cccctatcag	ctgctcgtcg
15960					
aagatgcctg	ttcgggtctg	cgtcgtctgt	ccagcctggt	cgtcgtgacg	ctgctctaca
16020					
tctacatcaa	gaacaagccg	tcctggcgct	acgcggcggt	catcgcagcg	ctggtgatcc
16080					

# ES 2 532 831 T3

cggtggcagt 16140	ggtgaccaac	gtcctgcgga	tcatacatcct	ggtactgatac	acctatcatc
tgggcgacga 16200	ggcggcgag	agcttcctcc	acgtctccac	cggcatgggtg	atgttcgtgg
tcgccctgct 16260	ttgcatcttc	gcgatcgact	gggtggtcga	gcaacttctt	ctcctgcgtc
ggaggcatca 16320	tgttcaaccg	gcgtgacctg	ctgatcggcg	caggctgctt	cgccgccgct
ggcgccctgc 16380	tcggcctgaa	gccgcaccgg	cggatggacc	tgctggggcg	caccaagctc
gacacgctga 16440	tgcccaaggc	attcggcgca	tggaaggcag	aggataccgg	ttcgctgatac
gcgcgcggcg 16500	gcgaaggcag	cctggaggac	aagctctaca	accagggtgt	caccgcgcc
ttctcccgcg 16560	cggacgggtg	ccaagtgatg	ctgctgatac	cctatggcaa	cgccagacc
gatctactgc 16620	agctgcaccg	gccggaaata	tgctaccgt	tcttcggctt	caccgtgggtg
gaaagccatg 16680	agcagaccat	cccgtgacg	ccgcagggtga	cgatccccgg	tcgcgcgctg
accgcaccca 16740	acttcaaccg	caccgagcag	atcctctact	ggacccgcgt	cggcgaatat
ctgccgcaga 16800	acggcaatca	gcagatgctc	gcgcggctga	agagccagg	ccagggctgg
atcgtcgacg 16860	gtgtgctgg	gcgatctcg	acggtgacgc	ccgaggcgga	agatggcctg
agcgccaatc 16920	tcgatttcgc	gcgcgagctg	gtgaagacgc	tcgaccgcg	cgtgctgcgc
ccgctgctcg 16980	ggaacgggct	cacacggcag	ctcggtcacc	aggtctgaac	cgggtgcgccg
cacgcggcg 17040	ccccggcaac	aaaaaaggag	cggcgcgggc	cgccgccgct	ccctctcctt
ctcatgcggc 17100	gccctgccct	caccgctcgt	gcagcgctc	actccccgtc	tcgagcacgg
gccccaccag 17160	atagctgaac	agggttcgct	tgccggtgac	gatgtccgcg	ctcgcgagca
tcccggcgccg 17220	cagcggcacc	tgtgcgccat	gggcagcac	ataccgcgc	gccagcgca
tcgcgcctt 17280	gtagaccggc	ggctggttct	ccttcatactg	caccgcctcg	gggctgatgc
ccgccaccgt 17340	gccgggaatc	atgccgtagc	gggtataggg	aaaggcctgc	agcttcacct
ttaccggcat 17400	gccgatgtgg	acgaagccga	tgctgctgtt	gtcgaccatc	acctcgccct
cgagccgggc 17460	attgtcggga	accaggctga	ggagcggtt	ggcccccttc	accacgcgc
cttcggtgtg 17520	gacctgcagc	tgcgagacgg	taccgctcac	ggcgcgcg	agttcgcgga
acgagctgcg 17580	cagattcgcc	ttggcgacgt	cctcgccgcg	ggcacgcacc	tcgtcctgcg
ccttgaccag 17640	atcctgcagc	acctgcgccc	gcgcctctc	gcgcgtcttg	gccgacaggc
tggagacgct 17700	cagcgactgc	tggccgagtt	tggcgagcgt	agcgcgcgcc	gccgtcagg
cctgccgctc 17760	ggcgatcagc	tggcgacgca	tctccacgac	gcgcagcttc	gagacatagc

# ES 2 532 831 T3

ccttgccggc	catcgtctcg	ttcgcggcga	tctgctgttc	gagcagcggc	agcgactgtt
17820					
cgagcttccg	cacctgtgcc	tgcgccctcg	ccgcggccga	gacggcggca	ccgcgatcgg
17880					
agcggccggc	ggccagcggc	gcctcgatct	ggcccagccg	ggcgcggggc	aggccgcgat
17940					
gcgtcgccac	ttcgcccggg	ctggcggcgg	caggcgcgac	gaagcggaag	ccctcgccgt
18000					
ccagcgcgtc	gatgatcgcc	tggttgcggt	cggcgtcgag	ctgggcgctg	agcagcgcca
18060					
ccttcgcctg	tgccgcctcc	gccgacgaca	cggtcgggtc	gagcgtgatc	agcacctggc
18120					
ccttgccgac	cttctgcccc	tcgcccacca	ggatgcggcg	gacgatcccc	gattcggggc
18180					
actggacgat	cttggtctcg	ccgatcggcg	cgatccgccc	ctgcgtcggc	gcgacgactt
18240					
cgaccttgcc	gatcgccagc	caggcggcgg	tgatcgccag	cccggccagc	atcaccttgg
18300					
cggtaagccg	cgcggtgggc	gaaaccggcc	gctcgatgat	ctccagcgcg	gcaggcagga
18360					
aggcgggtgc	ataagcgtcg	acgcgggcag	gcagcacggt	atcgcgcatg	cgggcgagcg
18420					
ggccgcgcgg	gcgcatcgga	acaacggcgt	tcatgcccga	atctcccat	agccgccctg
18480					
gcggcggtgc	aggtcggcat	agcggccgcc	caggcgcaac	aattcgctgt	gtcgcccgct
18540					
ctcgacgatg	cgccctgtt	cgagcgtgat	gatccgggtc	cagctgcgca	ccgcgctcag
18600					
gcgatgcgcg	atcaccacga	gcgtgcggcc	ggccgagatg	gcgcgcaggt	tgttctggat
18660					
cagctcctcg	ctctcggcac	cgagcgccga	ggtcgcttcg	tcgaacacca	ggatgcgcgg
18720					
attgccgacg	agcgcgcggg	cgatggcgag	ccgctggcgc	tgccgcgcgg	agagattgac
18780					
gccgcgctcg	acgatctcgg	tgtcatagcc	gcgcggctgg	cgcaggatga	aatcatgcgc
18840					
gccggccagc	gtcgccgcgg	cgacgacatt	ctcgaaacggc	atggcggggg	tggagagcgc
18900					
gatgttctcg	cggatcgagc	ggctgaacag	cagattctcc	tgacgacga	cgccgatctg
18960					
gcgacgcagc	caggcgggat	cgagctgcgc	cacgtcgacc	tcgtcgacca	gcacgcggcc
19020					
gagattcggc	agggtgagcc	gctggagcag	cttgccagc	gtcgacttgc	ccgagcccga
19080					
cgaaccgacg	atgccgagcg	aggcgcccg	cggaatgtcg	agcgtgatgt	cgctcagcac
19140					
cggcggtgg	tcctcggcac	agcgggaagc	gacattctcg	aagcgaatcg	caccgcgcag
19200					
caccggcagc	gtcgccgcgg	aggccggggc	cggttccacc	ggatgggtta	gcacgtcgcc
19260					
cagccgctcg	accgagatgc	gcacctgctg	gaaatcctgc	cacagctgcg	ccatgcggat
19320					
caccggcccg	gacacgcgct	gggcgaacat	gttgaacgcc	accagcgcgc	ctacgctcat
19380					
cgcgcgcggc	atcaccgcct	tggcgcggaa	gaacaggatc	gccgcgaagc	tcagcttcga
19440					



# ES 2 532 831 T3

gatcagctcg	atcgccctggc	tgccggtggt	ggcgggtattg	atcagccgct	gcgacgcggc
19500					
ggtatgggcg	gcgagctggc	gctcccagcg	attctgccag	tgccggtcga	ccgcggtcgc
19560					
cttgatcgtg	tggatgcccg	agacgctctc	gacgagcagc	gcgttgctgg	cggagctctt
19620					
ctcgaacttg	tcctccaccc	gcgcgcggag	cggcccgggc	acgctgaacg	atacgatcgc
19680					
ataggcgatc	agcgacacga	gcacgatgcc	cgagagcatc	ggcgagtaga	acagcatcgc
19740					
ggcgagggaac	acgaaggtga	acagcgggtc	caccatcacc	gtcagcgagg	cgctggtaag
19800					
gaattcgcg	atcgtctcga	gctggcggac	gcgggtgacg	gtgtcgcca	cgcggcgctt
19860					
ctcgaaatag	gcgagcggca	gcgccagcag	gtggtggaac	agccggggcac	ccagctcgac
19920					
gtcgatcttc	tgcgctcgtct	cggatgaacag	gcgggtgcgg	atccagccga	gcgccacttc
19980					
ccacaccgaa	accgccagga	aggcgaaggc	gagcacgctc	agcgtgctca	tgctgttggtg
20040					
gatcagcacc	ttgtcgatca	cgctctggaa	caacagcggc	gcggcgaggc	cgagcaggtt
20100					
gagcgcgagg	gtgatgccga	gcacctcgag	gaacagcgtg	cgatagcgcc	ggaactgcgc
20160					
ggtgaaccag	gagaggccga	accgcagcgg	ccgtcccgcc	accgcgcggg	tggtgagcag
20220					
caccagcgcg	ccggaccaga	tcgcgtccag	cgcgccccgg	tcgacctggt	ccggggcatg
20280					
gcccgggcgc	tggtatgatca	cgccatgttc	ggtcaggccg	ccgatcacga	accagccttc
20340					
gggcccgtcg	gcgatcgcg	gcagcggctg	gcgggcgagt	ccgccgcgcg	gcacctcgac
20400					
ggccttggcg	cgcacgcctt	gctggcgctt	ggccaggagg	atcagggtcgt	cggcgcttgc
20460					
cgcctcggca	tgggccagcg	cgtggcgag	ctgttcgggc	gtgatggcga	tggtgtgcgc
20520					
gcccagcagc	agcgacaacg	ccaccagtcc	ggattcgcgc	agctccgcct	cgcgctccgc
20580					
cgcgccatgg	gcccgcgagc	cgctctgcag	ggcggcctgc	atttcgtcgc	gtgtcatcttc
20640					
cggaactctg	cctccatggc	gatactgaga	gcgccatgat	gaagaaggct	ggtaaagact
20700					
cacttaatcc	tagcttttct	ggtatttacc	cgtagctgcc	gacccgattt	gggacaggcc
20760					
tggttagca	ggtccttaaa	ctcgaccgac	tataccgcga	cgcgcgaggag	ggggaggatt
20820					
ggcgccgcat	cgcgcggcga	aacgcgggtg	cgtcgcaaca	tttcgcgcga	gtcgatccgt
20880					
cgcgaatgct	gcacccgcga	acgcaatgac	ggccgcacg	caatccggct	tgatcccggg
20940					
cggcggatcg	cgataagccg	cgccacggtc	gccaaaactc	gtcgaaataa	ccgacaaaac
21000					
cacggcatat	ggctggatat	tgacgcgttt	gccctgcgtt	tccgtcgttc	aaccgccttc
21060					
cgaatcaggc	aggcccagcg	tgacctgat	tgatcttcct	cttggaacgg	cacactttgg
21120					

# ES 2 532 831 T3

tgcacacgga	gacttccggt	cgggcaattg	tcccgttata	gtgcaatgca	acaggccgaa
21180					
tcggccgctg	tcggcgtgca	cattccgttg	agggagcccg	atgaggcaat	gaacgctttc
21240					
gaagcacagc	gcgcctttga	ggagcaactt	cgggcgcatt	cccggttac	gccatctgcc
21300					
gctcccgtgt	ggcgtcgctc	gacgctcgcg	atggtcctct	ataccgagtt	gctgctgctg
21360					
gacagtctct	cgatcctggc	cggattccac	gtcgcggcgg	gcacgcgcga	cggcaactgg
21420					
ctgtcgctgg	cgggcatcaa	cgtcggcgctc	ttcctgctgc	cgatcgctct	cggcaccgcg
21480					
ctcgcaagcg	gcacctactc	gctgaactgc	ctgcgctacc	cggtcagcgg	cgtgaagagc
21540					
atcttctcgg	cattcttctt	ctcgatcttc	gtcgtcctgc	tcggcagcta	cctgctgacg
21600					
gccgagctgc	cgctgtcccg	cgtgcagctg	gcggagggcg	cgatcctctc	gctggctcctc
21660					
ctgatgggtg	gccgcctgat	gttccgccgc	cacgtccgcg	cggttaccgg	cggcaggctg
21720					
ctcgacgaac	tggtcatcat	cgacggcgctc	tcgctcgacg	tcgcgggcaa	tcgggtcgcg
21780					
ctcgacgcgc	ggatcatcaa	tctctcgccg	aaccgcgcgc	atccgcaaat	gctgcatcgc
21840					
ctgggcacca	ccgtgatcgg	gttcgaccgg	gtgatcgctg	cctgcaccaa	ggagcatcgc
21900					
gcggtctggg	cgctgctgct	caagggcgatg	aacatcaagg	gcgagatcct	cgtccccag
21960					
ttcaatgcgc	tgggcgcgat	cggcgtggac	gcctttgacg	ggaaggatac	gctggctcgtc
22020					
tcgcagggcc	cgctcaacat	gcccacccgc	gcgaagaagc	gcgcgctcga	tctcgcgatc
22080					
accgtaccgg	ccgtgctcgc	gctggcgccg	ctgatgatcc	tggtggcgat	cctgatcaag
22140					
ctggagagcc	cgggcccggt	gttgttcgcg	caggatcgcg	tcggccgcgg	caaccggctg
22200					
ttcaagatca	tgaagtccg	ctcgatgcgc	gtaacgctgt	gcgacgcgaa	cggcaacgtc
22260					
tcggccagcc	gcgacgacga	tcgcatcacc	aaggtcggcc	gcttcatccg	caagaccagc
22320					
atcgacgaac	tgccgcagct	gctgaacgtg	ctgcgcggcg	acatgagcgt	cgtcggcccg
22380					
cggccgcatg	cgctgggctc	gcgcgccgcc	gatcacctgt	tctgggaaat	cgacgagcgc
22440					
tactggcacc	gccacacgct	caagccgggc	atgaccggtc	tgggccaggt	gcgcggtttc
22500					
cgcggggcga	ccgatcgccg	cgtcgatctg	accaaccggc	tccaggcaga	catggaatat
22560					
atcgacggat	gggatatctg	gcgcgatatc	acgatcctgt	tcaagacgct	gcgggtgatc
22620					
gtgcattoga	acgcattctg	atccgcgcac	gacgctgggc	cgcagcctcg	atccgcaaat
22680					
ggattgacag	cggcccggct	tccgttttct	cgtttgattt	tcgttgcggc	cggtcgcgcg
22740					
catgggggat	tactgaatga	agggcatcat	ccttgcgggg	ggcagcggga	cgcgcctgta
22800					

# ES 2 532 831 T3

ccccgcaacg 22860	ctatcgaatct	cgaagcagct	gcttcccgtc	tatgacaagc	cgatgatctt
ctatccgctg 22920	tcggtgctga	tgctcaccgg	catccgggac	atcctgatta	tctccacccc
gcgcgacctg 22980	ccgatgttcc	aggcgctgct	gggcgacggc	tcggccttcg	gcataaacct
cagctatgcc 23040	gagcagccct	cccccaacgg	gctggccgaa	gcgttcatca	tcggcgcgga
tttcgtcggc 23100	aacgatccca	gcgcgctgat	cctgggcgac	aacatctatc	acggcgaaaa
gatggcgag 23160	cgctgccagg	cagccgcagc	gcaggcagcg	cagggcggtg	caaacgtctt
cgcctatcat 23220	gtcgacgacc	ccgagcgcta	cggcggtggtc	gcgttcgacc	cggagacggg
cgtcgccacc 23280	agcgtcgagg	aaaagccggc	cgagcccaag	tccaactggg	cgatcacccg
cctgtatttc 23340	tacgacaagg	acgtggctga	catcgccaag	tcgatccagc	cctcggcgcg
cggcgaaactc 23400	gagatcacccg	acgtcaaccg	cgtttacatg	gagcgcgcg	acctgcacat
cacgcgcctc 23460	ggccgcggct	atgcctggct	cgacaccggc	acgcatgaca	gcctgcacga
agccggctcg 23520	ttcgttcgca	cgctcgagca	tcggacgggc	gtgaagatcg	cctgcccgga
ggaaatcgcc 23580	ttcgaaagcg	gctggctcgg	cgccgaagac	ctgctcaagc	gcgccgccgg
cctcggcaag 23640	accggctatg	ccgcctatct	ccgcaagggt	gcgaccgcag	catgaccacg
gtccatcatc 23700	acgaactgtc	cgcgctcatc	gagttcacgc	cgcccaaata	tggcgaccac
cgcggcttct 23760	tctccgaagt	gttcaagcag	tcggtgctcg	atgccgaagg	cgtcgaggca
cgctgggtgc 23820	aggacaatca	gagcttctcg	gcggccccgg	gcacgatccg	cggcctgcac
ctccaggcgc 23880	cgcccttcgc	ccaggccaag	ctggctccgcg	tggtgcgcgg	cgcgatcttc
gacgtcgcg 23940	tcgacatccg	tcgcggtcgc	cccacctatg	gcaaattgggt	cggcgctcag
ctctcggccg 24000	agaagtggaa	ccagctgctg	gtccccgccg	gctatgcgca	cggcttcatg
acgctcgttc 24060	cggattgcga	gatoctctac	aaggtcagcg	ccaaatatct	gaaggattcg
gagatggcga 24120	tccgttggga	cgatcccgat	ctcgccatcg	cctggccgga	catcgcgctc
gagccgggtcc 24180	tctccgaaaa	ggacgcggtc	gccacgccct	tcgccgaatt	caacaccccc
ttcttctatc 24240	agggctgagc	catgcagcag	accttcctcg	tcaccggcgg	cgcggcttcc
atcggtcgg 24300	cgggtggtgc	ccacctcgtc	cgcacgggcg	cgcgcgtcat	caatctcgac
aagctcacct 24360	atgccggcaa	cccgccctcg	ctgactgcga	tcgagaacgc	gcccactat
cgcttcgtcc 24420	atgccgacat	cgcgcacacc	gcgacgatcc	taccgtgct	gcgcgaggag
caggtcgatg 24480	tggtgatgca	cctcgccgcc	gagagccatg	tcgatcgctc	gatcgacggc

# ES 2 532 831 T3

```

cctggcgagt  tcatcgagac  caatgtcgtc  ggacaccttca  agctgctcca  gtcggcgctg
24540
caatattggc  gcgagctgga  gggcgagaaa  cgcgacgcgt  tccgcttcca  ccacatctcc
24600
accgacgaag  tggtcggcga  cctgccgttc  gacagcggca  tcttcaccga  agagacgccc
24660
tatgatccct  cctcgcccta  ttcggcgctg  aaggcggcga  gcgaccatct  ggtgcgcgcc
24720
tggggccaca  cctatggcct  gccggtggtg  ctgtcgaaact  gctcgaacaa  ttacggggccg
24780
ttccacttcc  ccgagaagct  gatcccgttg  accatcctca  acgcgctcga  gggcaagccg
24840
ctgccggtct  acggcaaggg  cgagaatatc  cgcgactggc  tgtatgtcga  cgatcacgcc
24900
aaggcgctgg  cgaccatcgc  caccaccggc  aaggtcggcc  agagctacaa  tgtcggcggc
24960
cgcaacgagc  ggaccaacct  gcaggtggtc  gagacgatct  gcgacctgct  cgaccagcgc
25020
attccgctgg  ccgacggctg  caagcgccgc  gaactgatca  ccttcgtcac  cgatcgcccc
25080
ggccatgacc  gccgctacgc  gatcgacgcg  accaagctcg  agaccgagct  gggctggaag
25140
gctgaggaga  atttcgacac  cggcatcgcc  gcgacgatcg  actggtatct  ggcgaacgag
25200
tggtggtggg  gcccgatccg  ctccggcaaa  tatgccggcg  agcggctggg  gcagaccgcc
25260
tgatgcgtat  cctcgtcacc  gggcatgacg  gccaggtcgc  ccagtcgctg  gccgagcagg
25320
cgggtggcca  cgagctggtc  ttcaccacct  accccgaatt  cgatctctcc  aagccggaga
25380
cgatcgaggg  cgggtgtggc  cgggtgcacc  cggacctgat  cgtctccgcc  gccgcctaca
25440
cggcggtcga  caaggcggaa  agcgaaccgc  agctggcgat  ggcgatcaac  ggcgacggtc
25500
ccggcgtgct  ggcgcgcgcg  ggcgcgaaga  tcggcgcgcc  gatcatccac  ctgtcgaccg
25560
attatgtgtt  cgacggcagt  ctcgaccgcc  cttggcgcg  ggacgatccc  accggcccg
25620
tcggcgctta  tggcgcgacc  aagctggccg  gcgagcaggc  ggtgcaggcc  tcgggtgcca
25680
ccaacgcgt  gatccggctg  gcctgggtct  acagcccgtt  cggcaacaat  ttcgtcaaga
25740
cgatgctccg  cctcgccgag  acgcgcgacg  cgctgaacgt  cgtggaggac  cagtggggct
25800
gcccagttc  ggcgctggac  atcgcgaccg  cgatcctgac  ggtggtcggg  cactggcagc
25860
aggacggcgc  gacgagcggc  ctctaccatt  tcgccggcac  cggcgagacc  aactgggccg
25920
acttcgcatc  gacgatcttc  gccgagagcg  ccaagcgcgg  tggccctcgc  gccaccgtca
25980
ccggcattcc  cagctcgggc  tatccgactc  cggccacgcg  cccggccaat  tcgcggctgg
26040
actgcacccg  cttcgcgag  accttcggct  accgggcgcc  tgcttggcag  gattcgctga
26100
acgtcgctact  ggatcgctg  ctcggtgat  ccgaaacggg  gggcctcagc  gcccccgcc
26160

atgctcccgt  tcgcgcgcgc  gcaatgcctc  tagcaccgcg  cgttttcct  taggactcag
26220
ctcgctccag  ccggcgattt  ccttgggcga  ccgccagcac  cccaggcaca  gccggatc
26278

```

5 <210> 2  
 <211> 1053  
 <212> ADN  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

10 <220>  
 <221> CDS

# ES 2 532 831 T3

<222> (1)...(1053)  
<223> dpsS (parcial)

<400> 2

5

```

atc aac ggc gcc ttg ctc gga cgg cac aaa ttc gtc ctg gtc aat gtg
48
Ile Asn Gly Ala Leu Leu Gly Arg His Lys Phe Val Leu Val Asn Val
1      5      10      15

tcc acg gtc gcc tct tcg ata ctg ttc cag ctg ttc ccg ctt gtc gtc
96
Ser Thr Val Ala Ser Ser Ile Leu Phe Gln Leu Phe Pro Leu Val Val
      20      25      30

gcc tgg atg atc ggc ccg gac ctg cga acg ctg ctg atc gcc gcg ctc
144
Ala Trp Met Ile Gly Pro Asp Leu Arg Thr Leu Leu Ile Ala Ala Leu
      35      40      45

gtt ggc cgg gcg gtt ccg atg atc ggc atg ctg ccc gcg ctg tat cga
192
Val Gly Arg Ala Val Pro Met Ile Gly Met Leu Pro Ala Leu Tyr Arg
      50      55      60

aac ctt ttg cgc ggc aac acg ccg cgt ttt cac gcc agc gag gcg cgc
240
Asn Leu Leu Arg Gly Asn Thr Pro Arg Phe His Ala Ser Glu Ala Arg
      65      70      75      80

ttc ctg ata ggc tat ggc ggg tgg gcc tcg ctc acg acc gtg gta gcg
288
Phe Leu Ile Gly Tyr Gly Gly Trp Ala Ser Leu Thr Thr Val Val Ala
      85      90      95

acc gtg ctc atg atg gcg gac cgc ttc ctg att ggc gca ctt ctt ggg
336
Thr Val Leu Met Met Ala Asp Arg Phe Leu Ile Gly Ala Leu Leu Gly
      100      105      110

ccc gtc gcc gtg acc atc tac acg gcc ccc ctg caa ctc gca cag cgc
384
Pro Val Ala Val Thr Ile Tyr Thr Ala Pro Leu Gln Leu Ala Gln Arg
      115      120      125

```

# ES 2 532 831 T3

gta tcg ctg ctg ccc tcc gca ctg tcc gcc gcg ctg ttc ccg cgc ctg  
 432  
 Val Ser Leu Leu Pro Ser Ala Leu Ser Ala Ala Leu Phe Pro Arg Leu  
 130 135 140  
 ccc agc gcg acg ccg gcg gag cgc atg gcg ctt cag atc cgc tcg ctg  
 480  
 Pro Ser Ala Thr Pro Ala Glu Arg Met Ala Leu Gln Ile Arg Ser Leu  
 145 150 155 160  
 tcg ctg atc atg ggc ggc ctt acc ggg atg atc ggc ggc gga cta ttg  
 528  
 Ser Leu Ile Met Gly Gly Leu Thr Gly Met Ile Gly Gly Gly Leu Leu  
 165 170 175  
 ctg gcc gcg ccg ttt ctc gat ctc tgg atc gcc aag tcg ctc gcc cat  
 576  
 Leu Ala Ala Pro Phe Leu Asp Leu Trp Ile Gly Lys Ser Leu Gly His  
 180 185 190  
 gcg gga acg ccg gtc gcg ctc ttc ctg ttc ttc gcc gca tgg tgg aat  
 624  
 Ala Gly Thr Pro Val Ala Leu Phe Leu Phe Phe Gly Ala Trp Trp Asn  
 195 200 205  
 gcg ctg gcg atc att tcg ttc agc gcc ctg cag gcg agc gga cgg ccg  
 672  
 Ala Leu Ala Ile Ile Ser Phe Ser Gly Leu Gln Ala Ser Gly Arg Pro  
 210 215 220  
 aaa gcg agc gcg atc gtc cag ggg gca gag ctg cta ccc gtg ttg atc  
 720  
 Lys Ala Ser Ala Ile Val Gln Gly Ala Glu Leu Leu Pro Val Leu Ile  
 225 230 235 240  
 gcg ctg tat gca ggg atc cga tgg gcc gcc gtg acc gcc gcc gca gcg  
 768  
 Ala Leu Tyr Ala Gly Ile Arg Trp Gly Gly Val Thr Gly Ala Ala Ala  
 245 250 255  
 gtc ttt ctg gga cgc tcc gcc ctg gat ttc gtc ctg ttg acc tgg cag  
 816  
 Val Phe Leu Gly Arg Ser Ala Leu Asp Phe Val Leu Leu Thr Trp Gln  
 260 265 270  
 gca gcc ctg ctc cgc cag acg gtg aag caa gta tcc gta tgc gcc gcc  
 864  
 Ala Gly Leu Leu Arg Gln Thr Val Lys Gln Val Ser Val Cys Gly Ala  
 275 280 285  
 gtt ctc acc gtc gcg atg ctc gtg gcc gcg acc tat cgc tat tcg gtg  
 912  
 Val Leu Thr Val Ala Met Leu Val Gly Ala Thr Tyr Arg Tyr Ser Val  
 290 295 300  
 ccg ctc tgg tgc gta ctc agc gcc tgc tgc ctg gtc gcg ctg gca gcc  
 960  
 Pro Leu Trp Cys Val Leu Ser Ala Cys Cys Leu Val Ala Leu Ala Ala  
 305 310 315 320  
 tgc tcc tgg tgg aca ttg gcg cgc cag gac aag gca ctg ctg att gga  
 1008  
 Cys Ser Trp Trp Thr Leu Ala Arg Gln Asp Lys Ala Leu Leu Ile Gly  
 325 330 335  
 cga ttg agc cga att cta cca aag cag cgg caa ctc gac cta tag  
 1053  
 Arg Leu Ser Arg Ile Leu Pro Lys Gln Arg Gln Leu Asp Leu \*  
 340 345 350

<210> 3  
 <211> 350  
 <212> PRT  
 5 <213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

<220>  
 <221> PÉPTIDO  
 <222> (0) ... (0)  
 10 <223> homologo a geles

<400> 3

Ile	Asn	Gly	Ala	Leu	Leu	Gly	Arg	His	Lys	Phe	Val	Leu	Val	Asn	Val
1				5					10					15	
Ser	Thr	Val	Ala	Ser	Ser	Ile	Leu	Phe	Gln	Leu	Phe	Pro	Leu	Val	Val
		20					25					30			
Ala	Trp	Met	Ile	Gly	Pro	Asp	Leu	Arg	Thr	Leu	Leu	Ile	Ala	Ala	Leu
		35					40					45			
Val	Gly	Arg	Ala	Val	Pro	Met	Ile	Gly	Met	Leu	Pro	Ala	Leu	Tyr	Arg
	50					55					60				
Asn	Leu	Leu	Arg	Gly	Asn	Thr	Pro	Arg	Phe	His	Ala	Ser	Glu	Ala	Arg
	65				70					75					80
Phe	Leu	Ile	Gly	Tyr	Gly	Gly	Trp	Ala	Ser	Leu	Thr	Thr	Val	Val	Ala
			85					90						95	
Thr	Val	Leu	Met	Met	Ala	Asp	Arg	Phe	Leu	Ile	Gly	Ala	Leu	Leu	Gly
			100					105					110		
Pro	Val	Ala	Val	Thr	Ile	Tyr	Thr	Ala	Pro	Leu	Gln	Leu	Ala	Gln	Arg
		115					120					125			
Val	Ser	Leu	Leu	Pro	Ser	Ala	Leu	Ser	Ala	Ala	Leu	Phe	Pro	Arg	Leu
		130				135					140				
Pro	Ser	Ala	Thr	Pro	Ala	Glu	Arg	Met	Ala	Leu	Gln	Ile	Arg	Ser	Leu
					150				155						160
Ser	Leu	Ile	Met	Gly	Gly	Leu	Thr	Gly	Met	Ile	Gly	Gly	Gly	Leu	Leu
			165						170					175	
Leu	Ala	Ala	Pro	Phe	Leu	Asp	Leu	Trp	Ile	Gly	Lys	Ser	Leu	Gly	His
			180					185					190		
Ala	Gly	Thr	Pro	Val	Ala	Leu	Phe	Leu	Phe	Phe	Gly	Ala	Trp	Trp	Asn
		195					200					205			
Ala	Leu	Ala	Ile	Ile	Ser	Phe	Ser	Gly	Leu	Gln	Ala	Ser	Gly	Arg	Pro
		210				215						220			
Lys	Ala	Ser	Ala	Ile	Val	Gln	Gly	Ala	Glu	Leu	Leu	Pro	Val	Leu	Ile
				230					235						240
Ala	Leu	Tyr	Ala	Gly	Ile	Arg	Trp	Gly	Gly	Val	Thr	Gly	Ala	Ala	Ala
			245						250					255	
Val	Phe	Leu	Gly	Arg	Ser	Ala	Leu	Asp	Phe	Val	Leu	Leu	Thr	Trp	Gln
			260					265					270		
Ala	Gly	Leu	Leu	Arg	Gln	Thr	Val	Lys	Gln	Val	Ser	Val	Cys	Gly	Ala
		275					280					285			
Val	Leu	Thr	Val	Ala	Met	Leu	Val	Gly	Ala	Thr	Tyr	Arg	Tyr	Ser	Val
		290				295						300			
Pro	Leu	Trp	Cys	Val	Leu	Ser	Ala	Cys	Cys	Leu	Val	Ala	Leu	Ala	Ala
				310					315						320
Cys	Ser	Trp	Trp	Thr	Leu	Ala	Arg	Gln	Asp	Lys	Ala	Leu	Leu	Ile	Gly
			325						330					335	
Arg	Leu	Ser	Arg	Ile	Leu	Pro	Lys	Gln	Arg	Gln	Leu	Asp	Leu		
			340					345					350		

<210> 4  
 <211> 1626  
 <212> ADN  
 20 <213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1) ... (1626)  
 25 <223> dpsG

# ES 2 532 831 T3

<400> 4

```

atg acg act acc tcg gcg ttt cgt cgc ccg gcc ttc cac gga gcg atg
48
Met Thr Thr Thr Ser Ala Phe Arg Arg Pro Ala Phe His Gly Ala Met
1 5 10 15

cag cgg ctt cgc agg ttg cga ctg gtt cgg ttt ctg aca aag cca gcg
96
Gln Arg Leu Arg Arg Leu Arg Leu Val Arg Phe Leu Thr Lys Pro Ala
20 25 30

atc ccg gta ctg ccc gtc tac aaa gcc gag cga tca ggc gtg acg atc
144
Ile Pro Val Leu Pro Val Tyr Lys Ala Glu Arg Ser Gly Val Thr Ile
35 40 45

gcg gcg cgg cgt acc gtt ctg ctg gtc agc gtg atg ttt ctt gcc gca
192
Ala Ala Arg Arg Thr Val Leu Leu Val Ser Val Met Phe Leu Ala Ala
50 55 60

gtc tac ggc ctg ctc gcc gca gtt ctg ccg ctc cag atg ctg gcg atc
240
Val Tyr Gly Leu Leu Ala Ala Val Leu Pro Leu Gln Met Leu Ala Ile
65 70 75 80

ccg gcc gtg ccc ctc gtt ctg atg gcg ctc gta gtg atc tgg gcg cta
288
Pro Ala Val Pro Leu Val Leu Met Ala Leu Val Val Ile Trp Ala Leu
85 90 95

```



# ES 2 532 831 T3

```

ccc gag gcg cgg cag gcg cct act cgc ctg ctg gca aaa cta tac ctc
336
Pro Glu Ala Arg Gln Ala Pro Thr Arg Leu Leu Ala Lys Leu Tyr Leu
      100                      105                      110

gcc tat atg gtg gcg gcg ctc gtg tgg ccg aac tat ctt gcg ctc agc
384
Ala Tyr Met Val Ala Ala Leu Val Trp Pro Asn Tyr Leu Ala Leu Ser
      115                      120                      125

gtt ggt ggt ttg cct tgg atc tcg atc agg cgg atg atc ggt tcg atc
432
Val Gly Gly Leu Pro Trp Ile Ser Ile Arg Arg Met Ile Gly Ser Ile
      130                      135                      140

gca ttg ctc acg ctc atg atc tcg ctt tcg gtc tcg aaa aag ttt cga
480
Ala Leu Leu Thr Leu Met Ile Ser Leu Ser Val Ser Lys Lys Phe Arg
      145                      150                      155                      160

tcc gag atg gcg gcg att atg cgg gcg gcg ccg atc cca tcg cga cta
528
Ser Glu Met Ala Ala Ile Met Arg Ala Ala Pro Ile Pro Ser Arg Leu
      165                      170                      175

ttg ctt gcc ttc att atg gtc cag atc gtc gcc tcc att gcg acc cca
576
Leu Leu Ala Phe Ile Met Val Gln Ile Val Ala Ser Ile Ala Thr Pro
      180                      185                      190

gcg gcc tcg caa aca att ccg cgg ttg att ggc atc gtt ctg acg gtg
624
Ala Ala Ser Gln Thr Ile Pro Arg Leu Ile Gly Ile Val Leu Thr Val
      195                      200                      205

acg ccg atg gca ttc atc tcg cta tgg ctg atc ggg acc gac acg cgc
672
Thr Pro Met Ala Phe Ile Ser Leu Trp Leu Ile Gly Thr Asp Thr Arg
      210                      215                      220

acc ccg gag tgg tgg gtt acg cgc ttg ttt tgg tgc gtg ggc gtg ctg
720
Thr Pro Glu Trp Trp Val Thr Arg Leu Phe Trp Cys Val Gly Val Leu
      225                      230                      235                      240

atg gcg att ggc gtg ctg gag ttc cgg gtg aag cac gtc ctc tgg gcc
768
Met Ala Ile Gly Val Leu Glu Phe Arg Val Lys His Val Leu Trp Ala
      245                      250                      255

tac tcg att ccg agc ttc ctg cgc gtt gat gag cag ttt ctt acc gta
816
Tyr Ser Ile Pro Ser Phe Leu Arg Val Asp Glu Gln Phe Leu Thr Val
      260                      265                      270

gtg ctt acg ccc ggt ttc cgg ggt act tac cgc gtt ttg acg act ttc
864

```

# ES 2 532 831 T3

Val Leu Thr Pro Gly Phe Arg Gly Thr Tyr Arg Val Leu Thr Thr Phe  
 275 280 285  
 agc agt ccg ctt gtc tgg gga gag ttg acg gct ttg acg att cct ttc  
 912  
 Ser Ser Pro Leu Val Trp Gly Glu Leu Thr Ala Leu Thr Ile Pro Phe  
 290 295 300  
 gtg ctg cac cgt ata gcg aat tcc cgt ggc gta ggg aga ttg gca ttt  
 960  
 Val Leu His Arg Ile Ala Asn Ser Arg Gly Val Gly Arg Leu Ala Phe  
 305 310 315 320  
 tgg att ttc ttc gat ttt ctt gta gtt gcg tcc gga ttt ctt agc ggt  
 1008  
 Trp Ile Phe Phe Asp Phe Leu Val Val Ala Ser Gly Phe Leu Ser Gly  
 325 330 335  
 tct cga ctg gca atg gtg ggg gga ttg gtg gcg cat acc gtg tat ttg  
 1056  
 Ser Arg Leu Ala Met Val Gly Gly Leu Val Ala His Thr Val Tyr Leu  
 340 345 350  
 ctt att tgg gca att cgg cgg tgg cgg acc aca aag ggc ggg ctt gtc  
 1104  
 Leu Ile Trp Ala Ile Arg Arg Trp Arg Thr Thr Lys Gly Gly Leu Val  
 355 360 365  
 ggc att tcg ctg acg ttg acg tat ccc gcc ttg atg gtg gcg ctg tcg  
 1152  
 Gly Ile Ser Leu Thr Leu Thr Tyr Pro Ala Leu Met Val Ala Leu Ser  
 370 375 380  
 ctg gcg gtc atg ttc gtg cct gcc gtc cac aac cgt gtt ctc ggt gga  
 1200  
 Leu Ala Val Met Phe Val Pro Ala Val His Asn Arg Val Leu Gly Gly  
 385 390 395 400  
 ggc gct tct caa ctt agc aat caa ggc agg cag gag cag ttt cgc ttg  
 1248  
 Gly Ala Ser Gln Leu Ser Asn Gln Gly Arg Gln Glu Gln Phe Arg Leu  
 405 410 415  
 ggc gtg cct gcc atc gct cgc cgc cct ttc ttc ggc tat ggc ccg gga  
 1296  
 Gly Val Pro Ala Ile Ala Arg Arg Pro Phe Phe Gly Tyr Gly Pro Gly  
 420 425 430  
 gag ggt gct ggc gct gtc ggg tgg cgt aat cag caa ggc ttc cta tcg  
 1344  
 Glu Gly Ala Gly Ala Val Gly Trp Arg Asn Gln Gln Gly Phe Leu Ser  
 435 440 445  
 atc gac agt ggt ttc ctg tcc gta gcg gct gat tac ggc ttg ctg ggt  
 1392  
 Ile Asp Ser Gly Phe Leu Ser Val Ala Ala Asp Tyr Gly Leu Leu Gly  
 450 455 460

# ES 2 532 831 T3

ttt gtt tgc cta tac ggc acg atg att acg tta atg att ttg ctc gcg  
1440  
Phe Val Ser Leu Tyr Gly Thr Met Ile Thr Leu Met Ile Leu Leu Ala  
465 470 475 480

ttt cgt ggt ctt aag atg agc gga gat ggc tac ccg ctt gag ctc gcc  
1488  
Phe Arg Gly Leu Lys Met Ser Gly Asp Gly Tyr Pro Leu Glu Leu Ala  
485 490 495

gta gca act ttc ctg gct gtt ctt tta aat acg cgg tca gtc ctg tcg  
1536  
Val Ala Thr Phe Leu Ala Val Leu Leu Asn Thr Arg Ser Val Leu Ser  
500 505 510

caa ggt gac aat gac ccg ttc atc ttt atg acg ctg ggg cta ggc ata  
1584  
Gln Gly Asp Asn Asp Pro Phe Ile Phe Met Thr Leu Gly Leu Gly Ile  
515 520 525

gcg ctt cta tat cgc tct cgg cct gtg tct ttg tcg gtg tag  
1626  
Ala Leu Leu Tyr Arg Ser Arg Pro Val Ser Leu Ser Val \*  
530 535 540

<210> 5  
<211> 541  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
10 <221> PÉPTIDO  
<222> (0)...(0)  
<223> polimerasa putativa

<400> 5

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

# ES 2 532 831 T3

145		150		155		160									
Ser	Glu	Met	Ala	Ala	Ile	Met	Arg	Ala	Ala	Pro	Ile	Pro	Ser	Arg	Leu
			165						170					175	
Leu	Leu	Ala	Phe	Ile	Met	Val	Gln	Ile	Val	Ala	Ser	Ile	Ala	Thr	Pro
			180					185					190		
Ala	Ala	Ser	Gln	Thr	Ile	Pro	Arg	Leu	Ile	Gly	Ile	Val	Leu	Thr	Val
		195					200					205			
Thr	Pro	Met	Ala	Phe	Ile	Ser	Leu	Trp	Leu	Ile	Gly	Thr	Asp	Thr	Arg
	210					215					220				
Thr	Pro	Glu	Trp	Trp	Val	Thr	Arg	Leu	Phe	Trp	Cys	Val	Gly	Val	Leu
225					230				235						240
Met	Ala	Ile	Gly	Val	Leu	Glu	Phe	Arg	Val	Lys	His	Val	Leu	Trp	Ala
			245					250					255		
Tyr	Ser	Ile	Pro	Ser	Phe	Leu	Arg	Val	Asp	Glu	Gln	Phe	Leu	Thr	Val
			260					265					270		
Val	Leu	Thr	Pro	Gly	Phe	Arg	Gly	Thr	Tyr	Arg	Val	Leu	Thr	Thr	Phe
		275					280					285			
Ser	Ser	Pro	Leu	Val	Trp	Gly	Glu	Leu	Thr	Ala	Leu	Thr	Ile	Pro	Phe
	290					295					300				
Val	Leu	His	Arg	Ile	Ala	Asn	Ser	Arg	Gly	Val	Gly	Arg	Leu	Ala	Phe
305					310				315						320
Trp	Ile	Phe	Phe	Asp	Phe	Leu	Val	Val	Ala	Ser	Gly	Phe	Leu	Ser	Gly
			325					330					335		
Ser	Arg	Leu	Ala	Met	Val	Gly	Gly	Leu	Val	Ala	His	Thr	Val	Tyr	Leu
			340					345					350		
Leu	Ile	Trp	Ala	Ile	Arg	Arg	Trp	Arg	Thr	Thr	Lys	Gly	Gly	Leu	Val
		355					360					365			
Gly	Ile	Ser	Leu	Thr	Leu	Thr	Tyr	Pro	Ala	Leu	Met	Val	Ala	Leu	Ser
	370					375					380				
Leu	Ala	Val	Met	Phe	Val	Pro	Ala	Val	His	Asn	Arg	Val	Leu	Gly	Gly
385					390				395						400
Gly	Ala	Ser	Gln	Leu	Ser	Asn	Gln	Gly	Arg	Gln	Glu	Gln	Phe	Arg	Leu
			405					410					415		
Gly	Val	Pro	Ala	Ile	Ala	Arg	Arg	Pro	Phe	Phe	Gly	Tyr	Gly	Pro	Gly
			420					425					430		
Glu	Gly	Ala	Gly	Ala	Val	Gly	Trp	Arg	Asn	Gln	Gln	Gly	Phe	Leu	Ser
		435				440					445				
Ile	Asp	Ser	Gly	Phe	Leu	Ser	Val	Ala	Ala	Asp	Tyr	Gly	Leu	Leu	Gly
	450					455					460				
Phe	Val	Ser	Leu	Tyr	Gly	Thr	Met	Ile	Thr	Leu	Met	Ile	Leu	Leu	Ala
465					470				475						480
Phe	Arg	Gly	Leu	Lys	Met	Ser	Gly	Asp	Gly	Tyr	Pro	Leu	Glu	Leu	Ala
			485					490					495		
Val	Ala	Thr	Phe	Leu	Ala	Val	Leu	Leu	Asn	Thr	Arg	Ser	Val	Leu	Ser
			500					505					510		
Gln	Gly	Asp	Asn	Asp	Pro	Phe	Ile	Phe	Met	Thr	Leu	Gly	Leu	Gly	Ile
		515				520						525			
Ala	Leu	Leu	Tyr	Arg	Ser	Arg	Pro	Val	Ser	Leu	Ser	Val			
	530					535					540				

<210> 6  
 <211> 1998  
 5 <212> ADN  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159  
  
 <220>  
 <221> CDS  
 10 <222> (1)...(1998)  
 <223> dpsR  
  
 <400> 6

# ES 2 532 831 T3

atg ccg gat atc att gtc aag aat cag acg gag ttg aat gct gca atc  
 48  
 Met Pro Asp Ile Ile Val Lys Asn Gln Thr Glu Leu Asn Ala Ala Ile  
 1 5 10 15  
 gcg gcg gcg aag ggt ggc gaa acc atc aag ctt gcc gcc ggg gtc tac  
 96  
 Ala Ala Ala Lys Gly Gly Glu Thr Ile Lys Leu Ala Ala Gly Val Tyr  
 20 25 30  
 aca gat ctc act gta atg acc aag acg ttt acc agc atg gtg aca att  
 144  
 Thr Asp Leu Thr Val Met Thr Lys Thr Phe Thr Ser Met Val Thr Ile  
 35 40 45  
 gag tcg ctc gac tcg tcg aac ccg gtc aat atc caa aag ctg gtg atc  
 192  
 Glu Ser Leu Asp Ser Ser Asn Pro Val Asn Ile Gln Lys Leu Val Ile  
 50 55 60  
 ggg aac agt agc aac gtt acc gtc aaa aac atg gtc gct gcg acc gat  
 240  
 Gly Asn Ser Ser Asn Val Thr Val Lys Asn Met Val Ala Ala Thr Asp  
 65 70 75 80  
 tac aag ccc gcc gat gac tgg aat cga ctg aat acg atc cag ggt tcg  
 288  
 Tyr Lys Pro Ala Asp Asp Trp Asn Arg Leu Asn Thr Ile Gln Gly Ser  
 85 90 95  
 gcc aac atc gtt ttg gac ggc gtg cgg ttc agc ggc ggc act ggt gac  
 336  
 Ala Asn Ile Val Leu Asp Gly Val Arg Phe Ser Gly Gly Thr Gly Asp  
 100 105 110  
 cct tcg ctc tcg aag ggg gcg ggc ttg ttc gtg cgc aac agc acg tcg  
 384  
 Pro Ser Leu Ser Lys Gly Ala Gly Leu Phe Val Arg Asn Ser Thr Ser  
 115 120 125  
 gtg acg atg cag aat tcg tct atc gac cac ttc ggt ctg ggc ctt gag  
 432  
 Val Thr Met Gln Asn Ser Ser Ile Asp His Phe Gly Leu Gly Leu Glu  
 130 135 140  
 gcc tac aac gtc gat ggc atg gtg gtc cag aac agc agc ttc cac gac  
 480  
 Ala Tyr Asn Val Asp Gly Met Val Val Gln Asn Ser Ser Phe His Asp  
 145 150 155 160  
 aac cgg cgc gat cat acg aac ttc act gag atg aac aat ctt gtc atc  
 528  
 Asn Arg Arg Asp His Thr Asn Phe Thr Glu Met Asn Asn Leu Val Ile

# ES 2 532 831 T3

165	170	175
gac gga aat tcg ttc acg aac ctg ttt ccc gtg ggc acc gaa cat ccc 576		
Asp Gly Asn Ser Phe Thr Asn Leu Phe Pro Val Gly Thr Glu His Pro 180 185 190		
gac gcc att cag ttc ttc acg gcg ggc aag gtc aag ggc aat acc aac 624		
Asp Ala Ile Gln Phe Phe Thr Ala Gly Lys Val Lys Gly Asn Thr Asn 195 200 205		
atc acc atc tcc aat aac gtc atc atg cag ggc gcg ggc tct ggc gcg 672		
Ile Thr Ile Ser Asn Asn Val Ile Met Gln Gly Ala Gly Ser Gly Ala 210 215 220		
caa ggg att ttc atg aat gac gag gcc ggt aat ctt ccc tat gtc aat 720		
Gln Gly Ile Phe Met Asn Asp Glu Ala Gly Asn Leu Pro Tyr Val Asn 225 230 235 240		
gta aac atc aaa aac aat ctt atc tat ctg aat ggt tat tac cac ggt 768		
Val Asn Ile Lys Asn Asn Leu Ile Tyr Leu Asn Gly Tyr Tyr His Gly 245 250 255		
atc aac gtt gtt aac ggc gtt aat gtc aat atc gaa tcc aat agc gtg 816		
Ile Asn Val Val Asn Gly Val Asn Val Asn Ile Glu Ser Asn Ser Val 260 265 270		
ata tcg caa gtg gat ggc aca tca ttt tgg att cgc ctc gac aaa acc 864		
Ile Ser Gln Val Asp Gly Thr Ser Phe Trp Ile Arg Leu Asp Lys Thr 275 280 285		
aat ggc gcg acg atc aag aac aat gtt gcg gac ctg atc acc gtc aca 912		
Asn Gly Ala Thr Ile Lys Asn Asn Val Ala Asp Leu Ile Thr Val Thr 290 295 300		
agc tcc tcg agc aat atc gtg cag aca ggc aat cgt acg ctg acg agt 960		
Ser Ser Ser Ser Asn Ile Val Gln Thr Gly Asn Arg Thr Leu Thr Ser 305 310 315 320		
gac tcg gca acg atc cgc aag atc tat ggc ctc aac gat ggg gct acg 1008		
Asp Ser Ala Thr Ile Arg Lys Ile Tyr Gly Leu Asn Asp Gly Ala Thr 325 330 335		
gcg cgg ctc agc gat ttg atc gtt ccc ggc gtc ggg tac cag ccg ccc 1056		
Ala Arg Leu Ser Asp Leu Ile Val Pro Gly Val Gly Tyr Gln Pro Pro 340 345 350		

# ES 2 532 831 T3

gtg tcg agc gct gct gcc gct cag gtg act acc gaa ctg tcg act gcg  
1104  
Val Ser Ser Ala Ala Ala Ala Gln Val Thr Thr Glu Leu Ser Thr Ala  
355 360 365

aag gcg gca aat ccg tcg ctg ctg ctc gat ctg tcg ttc agc aac agc  
1152  
Lys Ala Ala Asn Pro Ser Leu Leu Leu Asp Leu Ser Phe Ser Asn Ser  
370 375 380

ggc gtc gtg gac ctt tcg cac tgg aat acc ggc cag acg aca aag gcg  
1200  
Gly Val Val Asp Leu Ser His Trp Asn Thr Gly Gln Thr Thr Lys Ala  
385 390 395 400

gtg gac gtg tcg gcg gtc gtg ggc agc gcc ttc cac gtc tcg acg ggc  
1248  
Val Asp Val Ser Ala Val Val Gly Ser Ala Phe His Val Ser Thr Gly  
405 410 415

acg ggg gtg gaa cta aac cgg agc tat tcg cgg cag att tac gca ttg  
1296  
Thr Gly Val Glu Leu Asn Arg Ser Tyr Ser Arg Gln Ile Tyr Ala Leu  
420 425 430

tcg gcg ttc acg ctc agc ttc gac ctc aag cgg gac tcg gct acg gcc  
1344  
Ser Ala Phe Thr Leu Ser Phe Asp Leu Lys Arg Asp Ser Ala Thr Ala  
435 440 445

acg gcc ggg caa att ctt ggc atc ttc cag agc tgg tcg gtt tcg ctg  
1392  
Thr Ala Gly Gln Ile Leu Gly Ile Phe Gln Ser Trp Ser Val Ser Leu  
450 455 460

cag gcc aat ggg gaa ctg agc ttc acc atg cgc aac gcc gcg ggc gtc  
1440  
Gln Ala Asn Gly Glu Leu Ser Phe Thr Met Arg Asn Ala Ala Gly Val  
465 470 475 480

agc cag aca atg gtg acg agc ggc gcc aag ctg ctt gat gct gcc aca  
1488  
Ser Gln Thr Met Val Thr Ser Gly Ala Lys Leu Leu Asp Ala Ala Thr  
485 490 495

cac aag atc gcc ctg acc tac gac agc acg cgg aaa acc gcg att ctg  
1536  
His Lys Ile Ala Leu Thr Tyr Asp Ser Thr Arg Lys Thr Ala Ile Leu  
500 505 510

tac gta gac ggc atg caa cgc ggc aca gcg acg atg acc ggc acg acc  
1584  
Tyr Val Asp Gly Met Gln Arg Gly Thr Ala Thr Met Thr Gly Thr Thr  
515 520 525

cgg ccc gcc gaa tcc tgg ggg ctg tat gtc ggc agc ccg ttc tcg acc  
1632

# ES 2 532 831 T3

Arg Pro Ala Glu Ser Trp Gly Leu Tyr Val Gly Ser Pro Phe Ser Thr  
 530 535 540  
 gca ttc agc gga acg gtc ggc gac atc gag atc cgc gat ggc gcg atc  
 1680  
 Ala Phe Ser Gly Thr Val Gly Asp Ile Glu Ile Arg Asp Gly Ala Ile  
 545 550 555 560  
 agc gcc gcc cag gtg cag gcg ctg gtg acc gcg tcg agc gcc agc gcg  
 1728  
 Ser Ala Ala Gln Val Gln Ala Leu Val Thr Ala Ser Ser Ala Ser Ala  
 565 570 575  
 gcg gcg acg gtc aag gac agc ctc gtc acc ggc gcg gcc gcg cag gcc  
 1776  
 Ala Ala Thr Val Lys Asp Ser Leu Val Thr Gly Ala Ala Ala Gln Ala  
 580 585 590  
 gct gcg ctg ctg gcg ggt gcc ggc gcc gct agc acg gca acg ccg ctt  
 1824  
 Ala Ala Leu Leu Ala Gly Ala Gly Ala Ala Ser Thr Ala Thr Pro Leu  
 595 600 605  
 gcg acg gtg gcc acg gtg ggc agt acg ctg tct ata ggt act gcc gcg  
 1872  
 Ala Thr Val Ala Thr Val Gly Ser Thr Leu Ser Ile Gly Thr Ala Ala  
 610 615 620  
 tcc tcg cag atc gcg ctc gtc agc aag atc ggt gtc gac atg atg acc  
 1920  
 Ser Ser Gln Ile Ala Leu Val Ser Lys Ile Gly Val Asp Met Met Thr  
 625 630 635 640  
 gcg ggg gcg atg ggc gca atc cgc agc gcg gcg aca ctg agc gct acg  
 1968  
 Ala Gly Ala Met Gly Ala Ile Arg Ser Ala Ala Thr Leu Ser Ala Thr  
 645 650 655  
 gcg gat cag tac aac ctg tac cgc gcc tga  
 1998  
 Ala Asp Gln Tyr Asn Leu Tyr Arg Ala \*  
 660 665

<210> 7  
 <211> 665  
 <212> PRT  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
 <221> PÉPTIDO  
 <222> (0)...(0)  
 <223> liasa putativa

<400> 7

Met Pro Asp Ile Ile Val Lys Asn Gln Thr Glu Leu Asn Ala Ala Ile  
 1 5 10 15



# ES 2 532 831 T3

Ala	Ala	Ala	Lys	Gly	Gly	Glu	Thr	Ile	Lys	Leu	Ala	Ala	Gly	Val	Tyr
			20					25					30		
Thr	Asp	Leu	Thr	Val	Met	Thr	Lys	Thr	Phe	Thr	Ser	Met	Val	Thr	Ile
		35					40					45			
Glu	Ser	Leu	Asp	Ser	Ser	Asn	Pro	Val	Asn	Ile	Gln	Lys	Leu	Val	Ile
		50				55					60				
Gly	Asn	Ser	Ser	Asn	Val	Thr	Val	Lys	Asn	Met	Val	Ala	Ala	Thr	Asp
65					70					75					80
Tyr	Lys	Pro	Ala	Asp	Asp	Trp	Asn	Arg	Leu	Asn	Thr	Ile	Gln	Gly	Ser
				85					90					95	
Ala	Asn	Ile	Val	Leu	Asp	Gly	Val	Arg	Phe	Ser	Gly	Gly	Thr	Gly	Asp
			100					105					110		
Pro	Ser	Leu	Ser	Lys	Gly	Ala	Gly	Leu	Phe	Val	Arg	Asn	Ser	Thr	Ser
		115					120					125			
Val	Thr	Met	Gln	Asn	Ser	Ser	Ile	Asp	His	Phe	Gly	Leu	Gly	Leu	Glu
	130					135					140				
Ala	Tyr	Asn	Val	Asp	Gly	Met	Val	Val	Gln	Asn	Ser	Ser	Phe	His	Asp
145					150					155					160
Asn	Arg	Arg	Asp	His	Thr	Asn	Phe	Thr	Glu	Met	Asn	Asn	Leu	Val	Ile
				165					170					175	
Asp	Gly	Asn	Ser	Phe	Thr	Asn	Leu	Phe	Pro	Val	Gly	Thr	Glu	His	Pro
			180					185					190		
Asp	Ala	Ile	Gln	Phe	Phe	Thr	Ala	Gly	Lys	Val	Lys	Gly	Asn	Thr	Asn
	195						200					205			
Ile	Thr	Ile	Ser	Asn	Asn	Val	Ile	Met	Gln	Gly	Ala	Gly	Ser	Gly	Ala
	210					215					220				
Gln	Gly	Ile	Phe	Met	Asn	Asp	Glu	Ala	Gly	Asn	Leu	Pro	Tyr	Val	Asn
225				230						235					240
Val	Asn	Ile	Lys	Asn	Asn	Leu	Ile	Tyr	Leu	Asn	Gly	Tyr	Tyr	His	Gly
				245					250					255	
Ile	Asn	Val	Val	Asn	Gly	Val	Asn	Val	Asn	Ile	Glu	Ser	Asn	Ser	Val
		260					265					270			
Ile	Ser	Gln	Val	Asp	Gly	Thr	Ser	Phe	Trp	Ile	Arg	Leu	Asp	Lys	Thr
	275					280						285			
Asn	Gly	Ala	Thr	Ile	Lys	Asn	Asn	Val	Ala	Asp	Leu	Ile	Thr	Val	Thr
	290					295					300				
Ser	Ser	Ser	Ser	Asn	Ile	Val	Gln	Thr	Gly	Asn	Arg	Thr	Leu	Thr	Ser
305				310						315					320
Asp	Ser	Ala	Thr	Ile	Arg	Lys	Ile	Tyr	Gly	Leu	Asn	Asp	Gly	Ala	Thr
				325					330					335	
Ala	Arg	Leu	Ser	Asp	Leu	Ile	Val	Pro	Gly	Val	Gly	Tyr	Gln	Pro	Pro
		340						345				350			
Val	Ser	Ser	Ala	Ala	Ala	Ala	Gln	Val	Thr	Thr	Glu	Leu	Ser	Thr	Ala
		355					360					365			
Lys	Ala	Ala	Asn	Pro	Ser	Leu	Leu	Leu	Asp	Leu	Ser	Phe	Ser	Asn	Ser
	370					375					380				
Gly	Val	Val	Asp	Leu	Ser	His	Trp	Asn	Thr	Gly	Gln	Thr	Thr	Lys	Ala
385					390					395					400
Val	Asp	Val	Ser	Ala	Val	Val	Gly	Ser	Ala	Phe	His	Val	Ser	Thr	Gly
				405					410					415	
Thr	Gly	Val	Glu	Leu	Asn	Arg	Ser	Tyr	Ser	Arg	Gln	Ile	Tyr	Ala	Leu
		420						425					430		
Ser	Ala	Phe	Thr	Leu	Ser	Phe	Asp	Leu	Lys	Arg	Asp	Ser	Ala	Thr	Ala
		435					440					445			
Thr	Ala	Gly	Gln	Ile	Leu	Gly	Ile	Phe	Gln	Ser	Trp	Ser	Val	Ser	Leu
	450					455					460				
Gln	Ala	Asn	Gly	Glu	Leu	Ser	Phe	Thr	Met	Arg	Asn	Ala	Ala	Gly	Val

# ES 2 532 831 T3

465                      470                      475                      480  
 Ser Gln Thr Met Val Thr Ser Gly Ala Lys Leu Leu Asp Ala Ala Thr  
                                  485                      490                      495  
 His Lys Ile Ala Leu Thr Tyr Asp Ser Thr Arg Lys Thr Ala Ile Leu  
                                  500                      505                      510  
 Tyr Val Asp Gly Met Gln Arg Gly Thr Ala Thr Met Thr Gly Thr Thr  
                                  515                      520                      525  
 Arg Pro Ala Glu Ser Trp Gly Leu Tyr Val Gly Ser Pro Phe Ser Thr  
                                  530                      535                      540  
 Ala Phe Ser Gly Thr Val Gly Asp Ile Glu Ile Arg Asp Gly Ala Ile  
 545                      550                      555                      560  
 Ser Ala Ala Gln Val Gln Ala Leu Val Thr Ala Ser Ser Ala Ser Ala  
                                  565                      570                      575  
 Ala Ala Thr Val Lys Asp Ser Leu Val Thr Gly Ala Ala Ala Gln Ala  
                                  580                      585                      590  
 Ala Ala Leu Leu Ala Gly Ala Gly Ala Ala Ser Thr Ala Thr Pro Leu  
                                  595                      600                      605  
 Ala Thr Val Ala Thr Val Gly Ser Thr Leu Ser Ile Gly Thr Ala Ala  
                                  610                      615                      620  
 Ser Ser Gln Ile Ala Leu Val Ser Lys Ile Gly Val Asp Met Met Thr  
 625                      630                      635                      640  
 Ala Gly Ala Met Gly Ala Ile Arg Ser Ala Ala Thr Leu Ser Ala Thr  
                                  645                      650                      655  
 Ala Asp Gln Tyr Asn Leu Tyr Arg Ala  
                                  660                      665

<210> 8  
 <211> 939  
 5 <212> ADN  
 <213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

<220>  
 <221> CDS  
 10 <222> (1)...(939)  
 <223> dpsQ

<400> 8

atg cag atg ctc cca acg ccc gat gtc agc ata ctc gtg gtc gct ttc  
 48  
 Met Gln Met Leu Pro Thr Pro Asp Val Ser Ile Leu Val Val Ala Phe  
   1                                  5                                  10                                  15  
  
 aac tcg acc gag tat atc gaa gac tgc ctg cgc ggc atc gcc gaa gga  
 96  
 Asn Ser Thr Glu Tyr Ile Glu Asp Cys Leu Arg Gly Ile Ala Glu Gly  
                                   20                                  25                                  30  
  
 gcg ggc aag acc ccc cac gaa gtt ctg ctg atc gac aat ggc gac ggg  
 144  
 Ala Gly Lys Thr Pro His Glu Val Leu Leu Ile Asp Asn Gly Asp Gly  
                                   35                                  40                                  45  
  
 cga acc gaa gcg ctg gtc cgg cag cgg ttc cac cac gtc cgc atc gtt  
 192  
 Arg Thr Glu Ala Leu Val Arg Gln Arg Phe His His Val Arg Ile Val  
                                   50                                  55                                  60

15

# ES 2 532 831 T3

```

ccc agt gag ggc aat att ggt ttc ggg gcc ggc aat aat cgc ctg gca
240
Pro Ser Glu Gly Asn Ile Gly Phe Gly Ala Gly Asn Asn Arg Leu Ala
65 70 75 80

gcg cag gct gcc ggc ccg ctc ctg ctg ctc gtc aac ccc gat gcc att
288
Ala Gln Ala Ala Gly Pro Leu Leu Leu Leu Val Asn Pro Asp Ala Ile
85 90 95

ccc cag ccc ggc gca atc gat cag ttg gtc acc ttt gcc aaa cag cat
336
Pro Gln Pro Gly Ala Ile Asp Gln Leu Val Thr Phe Ala Lys Gln His
100 105 110

ccc gag gcg gcg gca tgg ggc ggc cgt tcc tac tcg ccc agc ggc gat
384
Pro Glu Ala Ala Ala Trp Gly Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Gly Asp
115 120 125

cta gaa ccc gca aat ttc atg tcc ctg ccg acg ccc gcc gac ttt ctg
432
Leu Glu Pro Ala Asn Phe Met Ser Leu Pro Thr Pro Ala Asp Phe Leu
130 135 140

acg gcg att ttc aac gcg cgt gcg cta cgc agc ggc ggg ctg caa gaa
480
Thr Ala Ile Phe Asn Ala Arg Ala Leu Arg Ser Gly Gly Leu Gln Glu
145 150 155 160

ggc gcg acc acc ccc gga gcg gtc gag gtg ttg aat ggc ggc ttc atg
528
Gly Ala Thr Thr Pro Gly Ala Val Glu Val Leu Asn Gly Gly Phe Met
165 170 175

atg gta cgc acc gat gtc tgg cag gcg atc ggc ggt ttt gac gag agc
576
Met Val Arg Thr Asp Val Trp Gln Ala Ile Gly Gly Phe Asp Glu Ser
180 185 190

ttt ttt ctt tat tcg gaa gag atc gat ctc ttc cag cga atc cgc acg
624
Phe Phe Leu Tyr Ser Glu Glu Ile Asp Leu Phe Gln Arg Ile Arg Thr
195 200 205

ttg ggg cac aag gtg ctc gtc gac ccc tcg gtc aaa gtg gta cac aat
672
Leu Gly His Lys Val Leu Val Asp Pro Ser Val Lys Val Val His Asn
210 215 220

acg ggg agt ggt cag tcg atg tcc cag aac cgc ctg atg tat ctc acg
720
Thr Gly Ser Gly Gln Ser Met Ser Gln Asn Arg Leu Met Tyr Leu Thr
225 230 235 240

acc ggg cgc atg cac tat gcg cga aag cat ttt ggc gca ctc ggc acc
768

```

# ES 2 532 831 T3

Thr Gly Arg Met His Tyr Ala Arg Lys His Phe Gly Ala Leu Gly Thr  
245 250 255

ctt gcc acc ggg tgc gcg ctt tgg ctg atc gcc gcc aaa tac acg ttg  
816

Leu Ala Thr Gly Cys Ala Leu Trp Leu Ile Ala Ala Lys Tyr Thr Leu  
260 265 270

gtc ggg gcg gca ctc tgg cgc ctg tcg ccg cgg acg ggc acg cga tac  
864

Val Gly Ala Ala Leu Trp Arg Leu Ser Pro Arg Thr Gly Thr Arg Tyr  
275 280 285

aaa gag ctg agc aac ggg tgg cgt gcc gta ttt agc aat cct ggc cga  
912

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

tgg tgg agc ggc tat ccg cgt cgc taa  
939

Trp Trp Ser Gly Tyr Pro Arg Arg \*  
305 310

<210> 9

<211> 312

5 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> PÉPTIDO

10 <222> (0)...(0)

<223> ramnosil transferasa IV putativa

<400> 9

Met Gln Met Leu Pro Thr Pro Asp Val Ser Ile Leu Val Val Ala Phe  
1 5 10 15

Asn Ser Thr Glu Tyr Ile Glu Asp Cys Leu Arg Gly Ile Ala Glu Gly  
20 25 30

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

Arg Thr Glu Ala Leu Val Arg Gln Arg Phe His His Val Arg Ile Val  
50 55 60

Pro Ser Glu Gly Asn Ile Gly Phe Gly Ala Gly Asn Asn Arg Leu Ala  
65 70 75 80

Ala Gln Ala Ala Gly Pro Leu Leu Leu Leu Val Asn Pro Asp Ala Ile  
85 90 95

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

Pro Glu Ala Ala Ala Trp Gly Gly Arg Ser Tyr Ser Pro Ser Gly Asp  
115 120 125

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

Thr Ala Ile Phe Asn Ala Arg Ala Leu Arg Ser Gly Gly Leu Gln Glu  
145 150 155 160

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

15

# ES 2 532 831 T3

Met Val Arg Thr Asp Val Trp Gln Ala Ile Gly Gly Phe Asp Glu Ser  
 180 185 190  
 Phe Phe Leu Tyr Ser Glu Glu Ile Asp Leu Phe Gln Arg Ile Arg Thr  
 195 200 205  
 Leu Gly His Lys Val Leu Val Asp Pro Ser Val Lys Val Val His Asn  
 210 215 220  
 Thr Gly Ser Gly Gln Ser Met Ser Gln Asn Arg Leu Met Tyr Leu Thr  
 225 230 235 240  
 Thr Gly Arg Met His Tyr Ala Arg Lys His Phe Gly Ala Leu Gly Thr  
 245 250 255  
 Leu Ala Thr Gly Cys Ala Leu Trp Leu Ile Ala Ala Lys Tyr Thr Leu  
 260 265 270  
 Val Gly Ala Ala Leu Trp Arg Leu Ser Pro Arg Thr Gly Thr Arg Tyr  
 275 280 285  
 Lys Glu Leu Ser Asn Gly Trp Arg Ala Val Phe Ser Asn Pro Gly Arg  
 290 295 300  
 Trp Trp Ser Gly Tyr Pro Arg Arg  
 305 310

<210> 10

<211> 972

5 <212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)...(972)

<223> dpsl

<400> 10

atg ctg cac tgc caa cgc tat tgc gga tgc ccg ccc gtc cga ata ggt  
 48  
 Met Leu His Cys Gln Arg Tyr Cys Gly Cys Pro Pro Val Arg Ile Gly  
 1 5 10 15  
 tca agt aga agt ttg tgc cgt gcg caa ttc cgt gcc ggc ggg gag gtc  
 96  
 Ser Ser Arg Ser Leu Cys Arg Ala Gln Phe Arg Ala Gly Gly Glu Val  
 20 25 30  
 ttc atg aag aaa ttg tac ctg gtt acg gcg gtg gct gcg gcc gcg ctg  
 144  
 Phe Met Lys Lys Leu Tyr Leu Val Thr Ala Val Ala Ala Ala Leu  
 35 40 45  
 gcc gtc tcc gga tgt ggc ggc aag ggc ggc aag ctc gac aag ggg cag  
 192  
 Ala Val Ser Gly Cys Gly Gly Lys Gly Gly Lys Leu Asp Lys Gly Gln  
 50 55 60  
 gtg gtc gcc agc gtc gat ggc gaa gaa atc acc gtc ttc gag ctg aat  
 240  
 Val Val Ala Ser Val Asp Gly Glu Glu Ile Thr Val Phe Glu Leu Asn  
 65 70 75 80  
 gcc gaa ctg cag gcc tcc cag gta ccc ccg ggg acc gat cgc aag ctg  
 288

15

# ES 2 532 831 T3

Ala Glu Leu Gln Ala Ser Gln Val Pro Pro Gly Thr Asp Arg Lys Leu  
85 90 95

gcc gag cag ctg gcg ctg cag cgc atc atc gag cgc aag atc ctc gcc  
336

Ala Glu Gln Leu Ala Leu Gln Arg Ile Ile Glu Arg Lys Ile Leu Ala  
100 105 110

aag gtc gcc cgc gag cag aag ctg gac aag acg cct gcc ttc ctg atc  
384

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

cag gag cgc cgg gcc gac gag ctg atc ctc acc gcc atg ctg cgc gac  
432

Gln Glu Arg Arg Ala Asp Glu Leu Ile Leu Thr Ala Met Leu Arg Asp  
130 135 140

aag atc gcc ggc ggc atc gcc cag ccg acc gat gcc gag atc gag aaa  
480

Lys Ile Ala Gly Gly Ile Ala Gln Pro Thr Asp Ala Glu Ile Glu Lys  
145 150 155 160

tat cag gcc gcg cat ccg gag cgg ttc gcg cag cgc aag atc tac gcg  
528

Tyr Gln Ala Ala His Pro Glu Arg Phe Ala Gln Arg Lys Ile Tyr Ala  
165 170 175

atc gat cag gtc gtc ttc gct ccg ccg agc tcg gcc gca aag ctc aag  
576

Ile Asp Gln Val Val Phe Ala Pro Pro Ser Ser Ala Ala Lys Leu Lys  
180 185 190

caa ttc gcg ccg ctg aag acg ctg gac cag cta acc gcc aag ctc tcg  
624

Gln Phe Ala Pro Leu Lys Thr Leu Asp Gln Leu Thr Ala Lys Leu Ser  
195 200 205

gcg gac aat gtc cag ttc cgt cgc gcg ccg tcg cag atc gac acc gct  
672

Ala Asp Asn Val Gln Phe Arg Arg Ala Pro Ser Gln Ile Asp Thr Ala  
210 215 220

gcg ctg ccg ccg gaa atc gct gcc aag atc gcg tcg ctg ccg gca cag  
720

Ala Leu Pro Pro Glu Ile Ala Ala Lys Ile Ala Ser Leu Pro Ala Gln  
225 230 235 240

gag atg ttc atc ctg ccg acc cag cag gga ctg acc gcg aat atc atc  
768

Glu Met Phe Ile Leu Pro Thr Gln Gln Gly Leu Thr Ala Asn Ile Ile  
245 250 255

acg tcg acc acg gtg ctg ccg gtg ccg gcc gac cag gcg cgc gag atc  
816

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

# ES 2 532 831 T3

gcg ctc agc ggg ctg cgt acc gag cgc ttc ggc aag gcg gct gac gca  
864

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

cag ctc aac gac cgc ctg aag aag gcg cgg gaa acc gtg aaa tat cag  
912

Gln Leu Asn Asp Arg Leu Lys Lys Ala Arg Glu Thr Val Lys Tyr Gln  
290 295 300

gcc ggc tac agc gca ccg ccg cag ctt cgc ggc agc ggc gca acg ccg  
960

Ala Gly Tyr Ser Ala Pro Pro Gln Leu Arg Gly Ser Gly Ala Thr Pro  
305 310 315 320

gcg ggg aac tga  
972

Ala Gly Asn \*

<210> 11

<211> 323

5 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> PÉPTIDO

10 <222> (0) ... (0)

<223> desconocido

<400> 11

Met Leu His Cys Gln Arg Tyr Cys Gly Cys Pro Pro Val Arg Ile Gly  
1 5 10 15

Ser Ser Arg Ser Leu Cys Arg Ala Gln Phe Arg Ala Gly Gly Glu Val  
20 25 30

Phe Met Lys Lys Leu Tyr Leu Val Thr Ala Val Ala Ala Ala Leu  
35 40 45

Ala Val Ser Gly Cys Gly Gly Lys Gly Gly Lys Leu Asp Lys Gly Gln  
50 55 60

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

Ala Glu Leu Gln Ala Ser Gln Val Pro Pro Gly Thr Asp Arg Lys Leu  
85 90 95

Ala Glu Gln Leu Ala Leu Gln Arg Ile Ile Glu Arg Lys Ile Leu Ala  
100 105 110

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

Gln Glu Arg Arg Ala Asp Glu Leu Ile Leu Thr Ala Met Leu Arg Asp  
130 135 140

Lys Ile Ala Gly Gly Ile Ala Gln Pro Thr Asp Ala Glu Ile Glu Lys  
145 150 155 160

Tyr Gln Ala Ala His Pro Glu Arg Phe Ala Gln Arg Lys Ile Tyr Ala  
165 170 175

15 Ile Asp Gln Val Val Phe Ala Pro Pro Ser Ser Ala Ala Lys Leu Lys  
180 185 190

# ES 2 532 831 T3

Gln Phe Ala Pro Leu Lys Thr Leu Asp Gln Leu Thr Ala Lys Leu Ser  
 195 200 205  
 Ala Asp Asn Val Gln Phe Arg Arg Ala Pro Ser Gln Ile Asp Thr Ala  
 210 215 220  
 Ala Leu Pro Pro Glu Ile Ala Ala Lys Ile Ala Ser Leu Pro Ala Gln  
 225 230 235 240  
 Glu Met Phe Ile Leu Pro Thr Gln Gln Gly Leu Thr Ala Asn Ile Ile  
 245 250 255  
 Thr Ser Thr Thr Val Leu Pro Val Pro Ala Asp Gln Ala Arg Glu Ile  
 260 265 270  
 Ala Leu Ser Gly Leu Arg Thr Glu Arg Phe Gly Lys Ala Ala Asp Ala  
 275 280 285  
 Gln Leu Asn Asp Arg Leu Lys Lys Ala Arg Glu Thr Val Lys Tyr Gln  
 290 295 300  
 Ala Gly Tyr Ser Ala Pro Pro Gln Leu Arg Gly Ser Gly Ala Thr Pro  
 305 310 315 320  
 Ala Gly Asn

<210> 12

<211> 1047

<212> ADN

<213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

<222> (1)...(1047)

<223> dpsK

<400> 12

atg gca gaa gcg aac gcg gta gat gga aag gcc tcc aag ccg ctg aaa  
 48  
 Met Ala Glu Ala Asn Ala Val Asp Gly Lys Ala Ser Lys Pro Leu Lys  
 1 5 10 15  
 atg tgc ctt gca gcg tcg ggc ggc ggc cat ctc cgg caa atc ctc gat  
 96  
 Met Cys Leu Ala Ala Ser Gly Gly Gly His Leu Arg Gln Ile Leu Asp  
 20 25 30  
 ctg gaa tcg gtg tgg cgc gaa cac gat tat ttc ttc gtt act gaa gat  
 144  
 Leu Glu Ser Val Trp Arg Glu His Asp Tyr Phe Phe Val Thr Glu Asp  
 35 40 45  
 acc gcg ctc ggc cgg agc ctt gcc gaa aaa cat ccc gtc gaa ctg gtg  
 192  
 Thr Ala Leu Gly Arg Ser Leu Ala Glu Lys His Pro Val Glu Leu Val  
 50 55 60  
 gag cac tat gcg ctc ggc cag gcc aag ctg ggc cat ccc ttg cgc atg  
 240  
 Glu His Tyr Ala Leu Gly Gln Ala Lys Leu Gly His Pro Leu Arg Met  
 65 70 75 80  
 ctg ggc ggc gca tgg cgc aac ctg cgc cag agc ctt tcg atc ctg cgc  
 288



# ES 2 532 831 T3

Leu Gly Gly Ala Trp Arg Asn Leu Arg Gln Ser Leu Ser Ile Leu Arg  
 85 90 95  
 cgg cac aag ccg gat gtg gtg att tcc acc ggc gcg ggc gca gtc tat  
 336  
 Arg His Lys Pro Asp Val Val Ile Ser Thr Gly Ala Gly Ala Val Tyr  
 100 105 110  
 ttc acc gcg ctg ctc gcc aaa ctg tcg ggc gcc aag ttc gtc cat atc  
 384  
 Phe Thr Ala Leu Leu Ala Lys Leu Ser Gly Ala Lys Phe Val His Ile  
 115 120 125  
 gaa agc ttc gcg cgc ttc gac cac ccg tct gcc ttc ggc aag atg gtg  
 432  
 Glu Ser Phe Ala Arg Phe Asp His Pro Ser Ala Phe Gly Lys Met Val  
 130 135 140  
 aag ggc atc gcg acg gtg acg atc gtc cag tcg gcg gcg ctg aaa gaa  
 480  
 Lys Gly Ile Ala Thr Val Thr Ile Val Gln Ser Ala Ala Leu Lys Glu  
 145 150 155 160  
 acc tgg cct gat gcc gag ctg ttc gat ccg ttc cgc ctg ctc gat aca  
 528  
 Thr Trp Pro Asp Ala Glu Leu Phe Asp Pro Phe Arg Leu Leu Asp Thr  
 165 170 175  
 ccg cgc ccg ccc aag cag gcg cta atc ttc gcg acg gtc ggc gcc acc  
 576  
 Pro Arg Pro Pro Lys Gln Ala Leu Ile Phe Ala Thr Val Gly Ala Thr  
 180 185 190  
 ctg ccc ttc ccg cgg ctg gtg cag gca gtg ctc gac ctg aag cgc gcc  
 624  
 Leu Pro Phe Pro Arg Leu Val Gln Ala Val Leu Asp Leu Lys Arg Ala  
 195 200 205  
 ggc ggg ctg ccg ggc aag ctg atc ctg caa tat ggc gac cag gac ctg  
 672  
 Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ile Leu Gln Tyr Gly Asp Gln Asp Leu  
 210 215 220  
 ccc gat ccc ggc atc ccc gac gtc gag atc cgc cgt acc atc ccg ttc  
 720  
 Pro Asp Pro Gly Ile Pro Asp Val Glu Ile Arg Arg Thr Ile Pro Phe  
 225 230 235 240  
 gac gat ctg cag ctg ctg ctg cgc gat gcg gat atg gtg ata tgc cac  
 768  
 Asp Asp Leu Gln Leu Leu Leu Arg Asp Ala Asp Met Val Ile Cys His  
 245 250 255  
 ggc ggc acc gga tcg ctg gtc acg gcg ctg cgc gcc ggc tgc cgg gtc  
 816  
 Gly Gly Thr Gly Ser Leu Val Thr Ala Leu Arg Ala Gly Cys Arg Val  
 260 265 270

# ES 2 532 831 T3

gtc gcc ttt ccg cgc cgc cac gat ctg ggc gag cat tat gac gat cac  
864  
Val Ala Phe Pro Arg Arg His Asp Leu Gly Glu His Tyr Asp Asp His  
275 280 285

cag gaa gag atc gcc cag acc ttc gcc gac cgg ggc ctg ctc cag gcg  
912  
Gln Glu Glu Ile Ala Gln Thr Phe Ala Asp Arg Gly Leu Leu Gln Ala  
290 295 300

gtg cgc gac gag cgc cag ctc ggc gcc gct gtg gaa gcg gcc aag gca  
960  
Val Arg Asp Glu Arg Gln Leu Gly Ala Ala Val Glu Ala Ala Lys Ala  
305 310 315 320

acc gag ccg cag ctg gcg acc acc gac cac acg gcc ctc gcg gcg cgg  
1008  
Thr Glu Pro Gln Leu Ala Thr Thr Asp His Thr Ala Leu Ala Ala Arg  
325 330 335

ctg cgc cag ctg ctg gcg cag tgg agt gcc aag cga tga  
1047  
Leu Arg Gln Leu Leu Ala Gln Trp Ser Ala Lys Arg \*  
340 345

<210> 13  
<211> 348  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
<221> PÉPTIDO  
10 <222> (0) ... (0)  
<223> beta-1,4-glucuronosil transferasa II

<400> 13

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

# ES 2 532 831 T3

```

145          150          155          160
Thr Trp Pro Asp Ala Glu Leu Phe Asp Pro Phe Arg Leu Leu Asp Thr
          165          170          175
Pro Arg Pro Pro Lys Gln Ala Leu Ile Phe Ala Thr Val Gly Ala Thr
          180          185          190
Leu Pro Phe Pro Arg Leu Val Gln Ala Val Leu Asp Leu Lys Arg Ala
          195          200          205
Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ile Leu Gln Tyr Gly Asp Gln Asp Leu
          210          215          220
Pro Asp Pro Gly Ile Pro Asp Val Glu Ile Arg Arg Thr Ile Pro Phe
225          230          235          240
Asp Asp Leu Gln Leu Leu Leu Arg Asp Ala Asp Met Val Ile Cys His
          245          250          255
Gly Gly Thr Gly Ser Leu Val Thr Ala Leu Arg Ala Gly Cys Arg Val
          260          265          270
Val Ala Phe Pro Arg Arg His Asp Leu Gly Glu His Tyr Asp Asp His
          275          280          285
Gln Glu Glu Ile Ala Gln Thr Phe Ala Asp Arg Gly Leu Leu Gln Ala
          290          295          300
Val Arg Asp Glu Arg Gln Leu Gly Ala Ala Val Glu Ala Ala Lys Ala
305          310          315          320
Thr Glu Pro Gln Leu Ala Thr Thr Asp His Thr Ala Leu Ala Ala Arg
          325          330          335
Leu Arg Gln Leu Leu Ala Gln Trp Ser Ala Lys Arg
          340          345

```

<210> 14  
 <211> 867  
 5 <212> ADN  
 <213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

<220>  
 <221> CDS  
 10 <222> (1)...(867)  
 <223> dpsL

<400> 14

```

atg agc acg ccc cgg atc agc gtc gtc atc ccg cac tat aac gat ccg
48
Met Ser Thr Pro Arg Ile Ser Val Val Ile Pro His Tyr Asn Asp Pro
 1          5          10          15

caa tcc ttg cgg ctc tgc ctg gat gcg ctg gag cgg cag acg atc ggt
96
Gln Ser Leu Arg Leu Cys Leu Asp Ala Leu Glu Arg Gln Thr Ile Gly
 20          25          30

cgc gac gcg ttc gag atc atc gtc ggc gac aac aat tcg ccc tgt ggg
144
Arg Asp Ala Phe Glu Ile Ile Val Gly Asp Asn Asn Ser Pro Cys Gly
 35          40          45

ctc gcg gcg gtg gag gcg gcg gtc gcc gga cgt gcg cgg atc gtg acc
192
Leu Ala Ala Val Glu Ala Ala Val Ala Gly Arg Ala Arg Ile Val Thr
 50          55          60

```

15

# ES 2 532 831 T3

att ctg gaa aag ggg gcg ggc ccc gcg cgc aac ggg gcg gca gcc gca  
 240  
 Ile Leu Glu Lys Gly Ala Gly Pro Ala Arg Asn Gly Ala Ala Ala Ala  
 65 70 75 80  
 gcg cgt ggc gag atc ctc gcc ttt acc gac agt gac tgc gtg gtg gag  
 288  
 Ala Arg Gly Glu Ile Leu Ala Phe Thr Asp Ser Asp Cys Val Val Glu  
 85 90 95  
 ccc ggc tgg ctg gcg ggc ggc acg acc agg gtc gcg cct ggc cgt ttc  
 336  
 Pro Gly Trp Leu Ala Gly Gly Thr Thr Arg Val Ala Pro Gly Arg Phe  
 100 105 110  
 atc ggc ggg cac atg tat gtg cgc aag ccc gaa ggg ccg ccg aac ggc  
 384  
 Ile Gly Gly His Met Tyr Val Arg Lys Pro Glu Gly Pro Pro Asn Gly  
 115 120 125  
 gcc gag gcg ctg gag atg gcg ctg gcg ttc gac aat gaa ggc tat gtg  
 432  
 Ala Glu Ala Leu Glu Met Ala Leu Ala Phe Asp Asn Glu Gly Tyr Val  
 130 135 140  
 cgg cgc acc cag ttc acg gtc acc gca aac ctg ttc gtg atg cgc gcc  
 480  
 Arg Arg Thr Gln Phe Thr Val Thr Ala Asn Leu Phe Val Met Arg Ala  
 145 150 155 160  
 gat ttc gaa cgg gtc ggc ggc ttc cgc gtt ggc gtg tcc gag gat ctg  
 528  
 Asp Phe Glu Arg Val Gly Gly Phe Arg Val Gly Val Ser Glu Asp Leu  
 165 170 175  
 gaa tgg tgc cac cgg gcg atc gcc agc ggc ctc acc atc aac tat gca  
 576  
 Glu Trp Cys His Arg Ala Ile Ala Ser Gly Leu Thr Ile Asn Tyr Ala  
 180 185 190  
 ccg gat gca tcg gtg ggc cac ccg ccc cgg ccc gac tgg tcg gcc ctg  
 624  
 Pro Asp Ala Ser Val Gly His Pro Pro Arg Pro Asp Trp Ser Ala Leu  
 195 200 205  
 ctg gtg aag acg cgg cgc atc cag cgc gaa ctc tat ctg ttc aac atc  
 672  
 Leu Val Lys Thr Arg Arg Ile Gln Arg Glu Leu Tyr Leu Phe Asn Ile  
 210 215 220  
 gag cgg ccg aag ggc agg ctg cgc tgg ctg gtc cgt tcc gtg gcg caa  
 720  
 Glu Arg Pro Lys Gly Arg Leu Arg Trp Leu Val Arg Ser Val Ala Gln  
 225 230 235 240  
 ccg gcg atg atc cca cag gac gtg gcc aag atc ctg cgc aca ccg ggt  
 768

# ES 2 532 831 T3

Pro Ala Met Ile Pro Gln Asp Val Ala Lys Ile Leu Arg Thr Pro Gly  
245 250 255

acc aag ggc gcg cgc ctc gct gcg gtc acc acg ctg gtc cgg ctg cgg  
816

Thr Lys Gly Ala Arg Leu Ala Ala Val Thr Thr Leu Val Arg Leu Arg  
260 265 270

ctg tgg cgc ggc ggc gcc ggc ttg ttg cag ttg ctc ggc cgc gac atc  
864

Leu Trp Arg Gly Gly Ala Gly Leu Leu Gln Leu Leu Gly Arg Asp Ile  
275 280 285

tga  
867  
\*

<210> 15

<211> 288

5 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> PÉPTIDO

10 <222> (0) ... (0)

<223> glucosil transferasa III

<400> 15

Met Ser Thr Pro Arg Ile Ser Val Val Ile Pro His Tyr Asn Asp Pro  
1 5 10 15

Gln Ser Leu Arg Leu Cys Leu Asp Ala Leu Glu Arg Gln Thr Ile Gly  
20 25 30

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

Leu Ala Ala Val Glu Ala Ala Val Ala Gly Arg Ala Arg Ile Val Thr  
50 55 60

Ile Leu Glu Lys Gly Ala Gly Pro Ala Arg Asn Gly Ala Ala Ala Ala  
65 70 75 80

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

Pro Gly Trp Leu Ala Gly Gly Thr Thr Arg Val Ala Pro Gly Arg Phe  
100 105 110

Ile Gly Gly His Met Tyr Val Arg Lys Pro Glu Gly Pro Pro Asn Gly  
115 120 125

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

Arg Arg Thr Gln Phe Thr Val Thr Ala Asn Leu Phe Val Met Arg Ala  
145 150 155 160

Asp Phe Glu Arg Val Gly Gly Phe Arg Val Gly Val Ser Glu Asp Leu  
165 170 175

Glu Trp Cys His Arg Ala Ile Ala Ser Gly Leu Thr Ile Asn Tyr Ala  
180 185 190

Pro Asp Ala Ser Val Gly His Pro Pro Arg Pro Asp Trp Ser Ala Leu  
195 200 205

15 Leu Val Lys Thr Arg Arg Ile Gln Arg Glu Leu Tyr Leu Phe Asn Ile

210

215

220

Glu Arg Pro Lys Gly Arg Leu Arg Trp Leu Val Arg Ser Val Ala Gln  
225 230 235 240

Pro Ala Met Ile Pro Gln Asp Val Ala Lys Ile Leu Arg Thr Pro Gly  
245 250 255

Thr Lys Gly Ala Arg Leu Ala Ala Val Thr Thr Leu Val Arg Leu Arg  
260 265 270

Leu Trp Arg Gly Gly Ala Gly Leu Leu Gln Leu Leu Gly Arg Asp Ile  
275 280 285

<210> 16

20 <211> 1389

<212> ADN  
<213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)...(1389)  
<223> dpsJ

<400> 16

10  
gtg gct gta ggt tcc gcg ctg aga ttc ttg tgg ccg ttc ggc cgt cga  
48  
Val Ala Val Gly Ser Ala Leu Arg Phe Leu Trp Pro Phe Gly Arg Arg  
1 5 10 15  
gaa gaa cct gaa gaa gag ggc tat ttc ccg ctg act gcg aca gtg gtg  
96  
Glu Glu Pro Glu Glu Glu Gly Tyr Phe Pro Leu Thr Ala Thr Val Val  
20 25 30  
ccg cat cgc gat gcc cat agc ggc cgt ggt cgc ccg gat ttc cca acc  
144  
Pro His Arg Asp Ala His Ser Gly Arg Gly Arg Pro Asp Phe Pro Thr  
35 40 45  
ttc cgt gcc tcc gcg ctg gac cgc ccg ctg gat cgc cgc cgc gac gag  
192  
Phe Arg Ala Ser Ala Leu Asp Arg Pro Leu Asp Arg Arg Arg Asp Glu  
50 55 60  
cgc cgc gag atc acg cgc gcc cgg ttc gcg ctg gcg acc ttc ttc aca  
240  
Arg Arg Glu Ile Thr Arg Ala Arg Phe Ala Leu Ala Thr Phe Phe Thr  
65 70 75 80  
ccc acc cag ccg gtg gcc gat cgg tcg agc ttc gcc ggg cgc ctc ggc  
288  
Pro Thr Gln Pro Val Ala Asp Arg Ser Ser Phe Ala Gly Arg Leu Gly  
85 90 95  
gtg ctg gcg cgc cta atc tcc tcg atc gag agc cag cgc agc cat gtc  
336  
Val Leu Ala Arg Leu Ile Ser Ser Ile Glu Ser Gln Arg Ser His Val  
100 105 110

# ES 2 532 831 T3

gtg ctc tat ggc gag cgc ggc atc ggc aag acc tcg ctg ctc cac gtg  
 384  
 Val Leu Tyr Gly Glu Arg Gly Ile Gly Lys Thr Ser Leu Leu His Val  
 115 120 125  
  
 ctg acc gat gtc gcc cgc gaa tcc agc tat atc gtc agc tat gcg acc  
 432  
 Leu Thr Asp Val Ala Arg Glu Ser Ser Tyr Ile Val Ser Tyr Ala Thr  
 130 135 140  
  
 tgc ggt gcg aac gcg aat ttc agc gat gtc ttc cgc gcc gtg ctg gaa  
 480  
 Cys Gly Ala Asn Ala Asn Phe Ser Asp Val Phe Arg Ala Val Leu Glu  
 145 150 155 160  
  
 gac gtg ccg ctg ctg ttc cat cgc ggc gtg gcg ccc aac gcc ggc gag  
 528  
 Asp Val Pro Leu Leu Phe His Arg Gly Val Ala Pro Asn Ala Gly Glu  
 165 170 175  
  
 gcg gag agc ggc ggc aac ttg gcc gac cgc ctg ccg acg ggc agc ttc  
 576  
 Ala Glu Ser Gly Gly Asn Leu Ala Asp Arg Leu Pro Thr Gly Ser Phe  
 180 185 190  
  
 ggg ccc ggc gaa ctg gcc gac ctg tgc gcc gac atc acg ggc aca cgc  
 624  
 Gly Pro Gly Glu Leu Ala Asp Leu Cys Ala Asp Ile Thr Gly Thr Arg  
 195 200 205  
  
 gtg ctg atc atc ctc gac gaa tat gat cgc gtc agc gat tcc gcc ttc  
 672  
 Val Leu Ile Ile Leu Asp Glu Tyr Asp Arg Val Ser Asp Ser Ala Phe  
 210 215 220  
  
 cgt cag cag gtc gcc gag ctg atc aag aac ctg tcg gac cgt tcg gcg  
 720  
 Arg Gln Gln Val Ala Glu Leu Ile Lys Asn Leu Ser Asp Arg Ser Ala  
 225 230 235 240  
  
 cgc gtc cag ctg gtg atc gcg ggc gtc gcc tcg aac ctg cag gag ctg  
 768  
 Arg Val Gln Leu Val Ile Ala Gly Val Ala Ser Asn Leu Gln Glu Leu  
 245 250 255  
  
 atc ggt tat gcg ccg tcg atc cgc cgc aac gtc atc ggc ctg ccg atg  
 816  
 Ile Gly Tyr Ala Pro Ser Ile Arg Arg Asn Val Ile Gly Leu Pro Met  
 260 265 270  
  
 ccc cgg ctg gag gaa tcg gag gtg cag gag atg atc gcg ctc ggc gaa  
 864  
 Pro Arg Leu Glu Glu Ser Glu Val Gln Glu Met Ile Ala Leu Gly Glu  
 275 280 285  
  
 acc gcc tcg ggc gtt cgc ttc gat ccg gac ctg act cac atg atc cac  
 912

# ES 2 532 831 T3

```

Thr Ala Ser Gly Val Arg Phe Asp Pro Asp Leu Thr His Met Ile His
290                               295                               300

ctg ctc gcg ctg ggg tcg ccc tat ttc gcg cgg ctg ctg tgc cac cat
960
Leu Leu Ala Leu Gly Ser Pro Tyr Phe Ala Arg Leu Leu Cys His His
305                               310                               315                               320

tcc gcg ctg gaa gcc ctg gac cag ggc cgc ctc acg gtc gac gcc ggg
1008
Ser Ala Leu Glu Ala Leu Asp Gln Gly Arg Leu Thr Val Asp Ala Gly
325                               330                               335

cat ctg cgt cgt gcg ctc gac cag gcg atc ctt gag atc gag ggc cgc
1056
His Leu Arg Arg Ala Leu Asp Gln Ala Ile Leu Glu Ile Glu Gly Arg
340                               345                               350

atg ccg ccg cgc gcg gtg atc gag atg cgc aag ttc gtc ggc ggc cgc
1104
Met Pro Pro Arg Ala Val Ile Glu Met Arg Lys Phe Val Gly Gly Arg
355                               360                               365

tac gat cca ctc gtc gcg gcg ctg ggc gag gcc tcg cgc tcg gcg gat
1152
Tyr Asp Pro Leu Val Ala Ala Leu Gly Glu Ala Ser Arg Ser Ala Asp
370                               375                               380

ggc tgg ttc agc ggc caa gcc gtg gtg gat ctg ctg ccg ggc gcg cac
1200
Gly Trp Phe Ser Gly Gln Ala Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Ala His
385                               390                               395                               400

atc acg gcg gcg cag gtc gag cag gag ctg ggc gag ctc acc ggt caa
1248
Ile Thr Ala Ala Gln Val Glu Gln Glu Leu Gly Glu Leu Thr Gly Gln
405                               410                               415

ctc ggc ctc gaa tcc gaa acg cag gac ggc gat tgc cgc ttc cgc ttc
1296
Leu Gly Leu Glu Ser Glu Thr Gln Asp Gly Asp Cys Arg Phe Arg Phe
420                               425                               430

acc gac gat acg ctg ccg gtc tat ctg tgg ctg atg atc ggc cgc ctg
1344
Thr Asp Asp Thr Leu Pro Val Tyr Leu Trp Leu Met Ile Gly Arg Leu
435                               440                               445

cgg ctc gac agc ggc acg ctg gaa gac gcg ctg gcc acc gtc tga
1389
Arg Leu Asp Ser Gly Thr Leu Glu Asp Ala Leu Ala Thr Val *
450                               455                               460

```

<210> 17

<211> 462

5 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> PÉPTIDO

10 <222> (0)...(0)

<223> desconocido

<400> 17



# ES 2 532 831 T3

```

Val Ala Val Gly Ser Ala Leu Arg Phe Leu Trp Pro Phe Gly Arg Arg
 1      5      10      15
Glu Glu Pro Glu Glu Glu Gly Tyr Phe Pro Leu Thr Ala Thr Val Val
      20      25      30
Pro His Arg Asp Ala His Ser Gly Arg Gly Arg Pro Asp Phe Pro Thr
      35      40      45
Phe Arg Ala Ser Ala Leu Asp Arg Pro Leu Asp Arg Arg Arg Asp Glu
      50      55      60
Arg Arg Glu Ile Thr Arg Ala Arg Phe Ala Leu Ala Thr Phe Phe Thr
      65      70      75      80
Pro Thr Gln Pro Val Ala Asp Arg Ser Ser Phe Ala Gly Arg Leu Gly
      85      90      95
Val Leu Ala Arg Leu Ile Ser Ser Ile Glu Ser Gln Arg Ser His Val
      100      105      110
Val Leu Tyr Gly Glu Arg Gly Ile Gly Lys Thr Ser Leu Leu His Val
      115      120      125
Leu Thr Asp Val Ala Arg Glu Ser Ser Tyr Ile Val Ser Tyr Ala Thr
      130      135      140
Cys Gly Ala Asn Ala Asn Phe Ser Asp Val Phe Arg Ala Val Leu Glu
      145      150      155      160
Asp Val Pro Leu Leu Phe His Arg Gly Val Ala Pro Asn Ala Gly Glu
      165      170      175
Ala Glu Ser Gly Gly Asn Leu Ala Asp Arg Leu Pro Thr Gly Ser Phe
      180      185      190
Gly Pro Gly Glu Leu Ala Asp Leu Cys Ala Asp Ile Thr Gly Thr Arg
      195      200      205
Val Leu Ile Ile Leu Asp Glu Tyr Asp Arg Val Ser Asp Ser Ala Phe
      210      215      220
Arg Gln Gln Val Ala Glu Leu Ile Lys Asn Leu Ser Asp Arg Ser Ala
      225      230      235      240
Arg Val Gln Leu Val Ile Ala Gly Val Ala Ser Asn Leu Gln Glu Leu
      245      250      255
Ile Gly Tyr Ala Pro Ser Ile Arg Arg Asn Val Ile Gly Leu Pro Met
      260      265      270
Pro Arg Leu Glu Glu Ser Glu Val Gln Glu Met Ile Ala Leu Gly Glu
      275      280      285
Thr Ala Ser Gly Val Arg Phe Asp Pro Asp Leu Thr His Met Ile His
      290      295      300
Leu Leu Ala Leu Gly Ser Pro Tyr Phe Ala Arg Leu Leu Cys His His
      305      310      315      320
Ser Ala Leu Glu Ala Leu Asp Gln Gly Arg Leu Thr Val Asp Ala Gly
      325      330      335
His Leu Arg Arg Ala Leu Asp Gln Ala Ile Leu Glu Ile Glu Gly Arg
      340      345      350
Met Pro Pro Arg Ala Val Ile Glu Met Arg Lys Phe Val Gly Gly Arg
      355      360      365
Tyr Asp Pro Leu Val Ala Ala Leu Gly Glu Ala Ser Arg Ser Ala Asp
      370      375      380
Gly Trp Phe Ser Gly Gln Ala Val Val Asp Leu Leu Pro Gly Ala His
      385      390      395      400
Ile Thr Ala Ala Gln Val Glu Gln Glu Leu Gly Glu Leu Thr Gly Gln
      405      410      415
Leu Gly Leu Glu Ser Glu Thr Gln Asp Gly Asp Cys Arg Phe Arg Phe
      420      425      430
Thr Asp Asp Thr Leu Pro Val Tyr Leu Trp Leu Met Ile Gly Arg Leu
      435      440      445
Arg Leu Asp Ser Gly Thr Leu Glu Asp Ala Leu Ala Thr Val
      450      455      460

```

5 <210> 18  
 <211> 1299  
 <212> ADN  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

10 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)...(1299)  
 <223> dpsF

# ES 2 532 831 T3

<400> 18

```

atg aag ccg aga ccc ggg gga acc ttt atg caa gta aat ttc aat cga
48
Met Lys Pro Arg Pro Gly Gly Thr Phe Met Gln Val Asn Phe Asn Arg
1      5      10      15

cag gct cgc aag ctc ggt gcc ggc aat gcg ctc gcg cgg ggg ggg ccc
96
Gln Ala Arg Lys Leu Gly Ala Gly Asn Ala Leu Ala Arg Gly Gly Pro
20      25      30

gtg ctt gcg ctg ctt gcg acc gcg gca tgg aca caa cct gcg ctg gcg
144
Val Leu Ala Leu Leu Ala Thr Ala Ala Trp Thr Gln Pro Ala Leu Ala
35      40      45

cag cga cag gca ttt gag tcc cgc ccc tcc ggt agc gag cga cag gtc
192
Gln Arg Gln Ala Phe Glu Ser Arg Pro Ser Gly Ser Glu Arg Gln Val
50      55      60

gat att cgc gcg acg ggg tcg ctg gaa tat gac gac aac gtc gtg ctg
240
Asp Ile Arg Ala Thr Gly Ser Leu Glu Tyr Asp Asp Asn Val Val Leu
65      70      75      80

aac gac cag cgg atc acg gac ggc gcg cgt ggc gat gtg atc gca tcg
288
Asn Asp Gln Arg Ile Thr Asp Gly Ala Arg Gly Asp Val Ile Ala Ser
85      90      95

ccc ggg ctg gac gtg acc cta gtt ctg ccc cgc gcc acc ggg cag ctc
336
Pro Gly Leu Asp Val Thr Leu Val Leu Pro Arg Ala Thr Gly Gln Leu
100      105      110

```

5

# ES 2 532 831 T3

tac ctc acc ggc aat gtc gga tat cgc ttt tac aag cga tat acc aac  
 384  
 Tyr Leu Thr Gly Asn Val Gly Tyr Arg Phe Tyr Lys Arg Tyr Thr Asn  
 115 120 125  
 ttt aac cgc gag cag atc tcg ctc acc ggc ggc gca gat cag cgg ttc  
 432  
 Phe Asn Arg Glu Gln Ile Ser Leu Thr Gly Gly Ala Asp Gln Arg Phe  
 130 135 140  
 gcc tcc tgc gtc gtg cac ggg gaa gtc ggc tat cag cgc cac ctc acc  
 480  
 Ala Ser Cys Val Val His Gly Glu Val Gly Tyr Gln Arg His Leu Thr  
 145 150 155 160  
 gac ctg tcc agc atc ttg atc cag gac acc acg cct gcg ctc aac aac  
 528  
 Asp Leu Ser Ser Ile Leu Ile Gln Asp Thr Thr Pro Ala Leu Asn Asn  
 165 170 175  
 acc gaa gag gcc cgg cag tac acc gcg gat atc ggc tgc ggc gcg acc  
 576  
 Thr Glu Glu Ala Arg Gln Tyr Thr Ala Asp Ile Gly Cys Gly Ala Thr  
 180 185 190  
 tac ggc ctg cgg cct gcc gtt tcc tac acc cgc aac gaa gtg cgc aac  
 624  
 Tyr Gly Leu Arg Pro Ala Val Ser Tyr Thr Arg Asn Glu Val Arg Asn  
 195 200 205  
 agc ctt gcc gag cgc cga tac gcg gac tcg aat acc aac acc ttt acc  
 672  
 Ser Leu Ala Glu Arg Arg Tyr Ala Asp Ser Asn Thr Asn Thr Phe Thr  
 210 215 220  
 gca cag ctt ggc ctg act tcg cct gcc ctg ggg acc gtg gcg gta ttt  
 720  
 Ala Gln Leu Gly Leu Thr Ser Pro Ala Leu Gly Thr Val Ala Val Phe  
 225 230 235 240  
 ggg cgt atg tcc gac agc agc tat gtc cat cgc gtc ctt ccc ggc att  
 768  
 Gly Arg Met Ser Asp Ser Ser Tyr Val His Arg Val Leu Pro Gly Ile  
 245 250 255  
 acc ggc cag gac ggg atg aag agc tac gcg gcc ggc gtc cag ctc gag  
 816  
 Thr Gly Gln Asp Gly Met Lys Ser Tyr Ala Ala Gly Val Gln Leu Glu  
 260 265 270  
 cgc tcg gtg gcc aac cga ctc cat ttc aac ggc tcg gtg aat tac acc  
 864  
 Arg Ser Val Ala Asn Arg Leu His Phe Asn Gly Ser Val Asn Tyr Thr  
 275 280 285  
 gag gtt gac cca aag ctc gca tcc acc aaa gga ttc aag ggc gta gga  
 912

# ES 2 532 831 T3

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

ttt aac gtt tcc ggc gat tat gct ggt gat cag tac agc ctc caa ttg  
 960

Phe Asn Val Ser Gly Asp Tyr Ala Gly Asp Gln Tyr Ser Leu Gln Leu  
 305 310 315 320

ctg gct tca cga tgc ccc cag cct tca ctt ctt ctg ttc gtg ggt tac  
 1008

Leu Ala Ser Arg Ser Pro Gln Pro Ser Leu Leu Leu Phe Val Gly Tyr  
 325 330 335

gag att gtg aca ggc gtt tcg gcg aat gcg acg cgc cgg ctg agc gat  
 1056

Glu Ile Val Thr Ala Val Ser Ala Asn Ala Thr Arg Arg Leu Ser Asp  
 340 345 350

cgc att cag ata tcg ctg caa ggc agc cga acc tgg cgc gag ctc gcg  
 1104

Arg Ile Gln Ile Ser Leu Gln Gly Ser Arg Thr Trp Arg Glu Leu Ala  
 355 360 365

tct tcg cgg ctg ctc acc aac gtg ccg att tcc ggc aac gac aac acc  
 1152

Ser Ser Arg Leu Leu Thr Asn Val Pro Ile Ser Gly Asn Asp Asn Thr  
 370 375 380

tcg acg ttg ttc gcc tcc gct acc ttc cgg ccg aat cgc cgg ctg agc  
 1200

Ser Thr Leu Phe Ala Ser Ala Thr Phe Arg Pro Asn Arg Arg Leu Ser  
 385 390 395 400

ttt gtg ctg ggt gcc ggc ctt cag cgg cgc acc agc aac acg cag cta  
 1248

Phe Val Leu Gly Ala Gly Leu Gln Arg Arg Thr Ser Asn Thr Gln Leu  
 405 410 415

tac agt tac agc tcc aaa cgc atc aat ctc tcg acg tcg ctt tcg ctc  
 1296

Tyr Ser Tyr Ser Ser Lys Arg Ile Asn Leu Ser Thr Ser Leu Ser Leu  
 420 425 430

tga  
 1299  
 \*

<210> 19  
 <211> 432  
 5 <212> PRT  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
 <221> PÉPTIDO  
 10 <222> (0) ... (0)  
 <223> desconocido

<400> 19

# ES 2 532 831 T3

Met	Lys	Pro	Arg	Pro	Gly	Gly	Thr	Phe	Met	Gln	Val	Asn	Phe	Asn	Arg
1				5					10					15	
Gln	Ala	Arg	Lys	Leu	Gly	Ala	Gly	Asn	Ala	Leu	Ala	Arg	Gly	Gly	Pro
			20					25					30		
Val	Leu	Ala	Leu	Leu	Ala	Thr	Ala	Ala	Trp	Thr	Gln	Pro	Ala	Leu	Ala
			35					40					45		
Gln	Arg	Gln	Ala	Phe	Glu	Ser	Arg	Pro	Ser	Gly	Ser	Glu	Arg	Gln	Val
			50					55				60			
Asp	Ile	Arg	Ala	Thr	Gly	Ser	Leu	Glu	Tyr	Asp	Asp	Asn	Val	Val	Leu
65					70					75					80
Asn	Asp	Gln	Arg	Ile	Thr	Asp	Gly	Ala	Arg	Gly	Asp	Val	Ile	Ala	Ser
				85					90					95	
Pro	Gly	Leu	Asp	Val	Thr	Leu	Val	Leu	Pro	Arg	Ala	Thr	Gly	Gln	Leu
			100						105				110		
Tyr	Leu	Thr	Gly	Asn	Val	Gly	Tyr	Arg	Phe	Tyr	Lys	Arg	Tyr	Thr	Asn
			115					120					125		
Phe	Asn	Arg	Glu	Gln	Ile	Ser	Leu	Thr	Gly	Gly	Ala	Asp	Gln	Arg	Phe
			130				135					140			
Ala	Ser	Cys	Val	Val	His	Gly	Glu	Val	Gly	Tyr	Gln	Arg	His	Leu	Thr
145					150					155					160
Asp	Leu	Ser	Ser	Ile	Leu	Ile	Gln	Asp	Thr	Thr	Pro	Ala	Leu	Asn	Asn
				165					170					175	
Thr	Glu	Glu	Ala	Arg	Gln	Tyr	Thr	Ala	Asp	Ile	Gly	Cys	Gly	Ala	Thr
			180					185					190		
Tyr	Gly	Leu	Arg	Pro	Ala	Val	Ser	Tyr	Thr	Arg	Asn	Glu	Val	Arg	Asn
			195				200					205			
Ser	Leu	Ala	Glu	Arg	Arg	Tyr	Ala	Asp	Ser	Asn	Thr	Asn	Thr	Phe	Thr
			210			215					220				
Ala	Gln	Leu	Gly	Leu	Thr	Ser	Pro	Ala	Leu	Gly	Thr	Val	Ala	Val	Phe
225					230					235					240
Gly	Arg	Met	Ser	Asp	Ser	Ser	Tyr	Val	His	Arg	Val	Leu	Pro	Gly	Ile
				245					250					255	
Thr	Gly	Gln	Asp	Gly	Met	Lys	Ser	Tyr	Ala	Ala	Gly	Val	Gln	Leu	Glu
			260					265					270		
Arg	Ser	Val	Ala	Asn	Arg	Leu	His	Phe	Asn	Gly	Ser	Val	Asn	Tyr	Thr
			275				280					285			
Glu	Val	Asp	Pro	Lys	Leu	Ala	Ser	Thr	Lys	Gly	Phe	Lys	Gly	Val	Gly
			290			295					300				
Phe	Asn	Val	Ser	Gly	Asp	Tyr	Ala	Gly	Asp	Gln	Tyr	Ser	Leu	Gln	Leu
305					310					315					320
Leu	Ala	Ser	Arg	Ser	Pro	Gln	Pro	Ser	Leu	Leu	Leu	Phe	Val	Gly	Tyr
				325					330					335	
Glu	Ile	Val	Thr	Ala	Val	Ser	Ala	Asn	Ala	Thr	Arg	Arg	Leu	Ser	Asp
			340					345					350		
Arg	Ile	Gln	Ile	Ser	Leu	Gln	Gly	Ser	Arg	Thr	Trp	Arg	Glu	Leu	Ala
			355				360					365			
Ser	Ser	Arg	Leu	Leu	Thr	Asn	Val	Pro	Ile	Ser	Gly	Asn	Asp	Asn	Thr
			370			375					380				
Ser	Thr	Leu	Phe	Ala	Ser	Ala	Thr	Phe	Arg	Pro	Asn	Arg	Arg	Leu	Ser
385					390					395					400
Phe	Val	Leu	Gly	Ala	Gly	Leu	Gln	Arg	Arg	Thr	Ser	Asn	Thr	Gln	Leu
				405					410					415	
Tyr	Ser	Tyr	Ser	Ser	Lys	Arg	Ile	Asn	Leu	Ser	Thr	Ser	Leu	Ser	Leu
			420					425					430		

<210> 20

<211> 918

5 <212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)...(918)

<223> dpsD

<400> 20

# ES 2 532 831 T3

atg cat atc aag aat cgc ttc gtg aat atc tcg acg ttg gcc atc gcc  
 48  
 Met His Ile Lys Asn Arg Phe Val Asn Ile Ser Thr Leu Ala Ile Ala  
 1 5 10 15  
 gcc gcg ctg gcc acg ccg gcg gcg gcg cag atc ccc acg cgg tcc gtg  
 96  
 Ala Ala Leu Ala Thr Pro Ala Ala Ala Gln Ile Pro Thr Arg Ser Val  
 20 25 30  
 ccc gcg ccg gcc cgc ccg cgg cct gca acg ccg ccg gcg caa cag cag  
 144  
 Pro Ala Pro Ala Arg Pro Arg Pro Ala Thr Pro Pro Ala Gln Gln Gln  
 35 40 45  
 aac cag gcg ccg tcg acg ccc gca gcg gca acc ccg gcg cag acc gcc  
 192  
 Asn Gln Ala Pro Ser Thr Pro Ala Ala Ala Thr Pro Ala Gln Thr Ala  
 50 55 60  
 gca acc gtt gcc cct gca gca acc gca ccc gca ggt tac aaa atc ggc  
 240  
 Ala Thr Val Ala Pro Ala Ala Thr Ala Pro Ala Gly Tyr Lys Ile Gly  
 65 70 75 80  
 gtg gac gac gtg atc gag gcc gac gtg ctc ggc cag acc gac ttc aag  
 288  
 Val Asp Asp Val Ile Glu Ala Asp Val Leu Gly Gln Thr Asp Phe Lys  
 85 90 95  
 acg cgc gcc cgt gtg cag gcg gac ggc acg gtg acc ctg ccc tat ctg  
 336  
 Thr Arg Ala Arg Val Gln Ala Asp Gly Thr Val Thr Leu Pro Tyr Leu  
 100 105 110  
 ggc gcc gtg cag gtc aag ggc gag acc gcg acc tcg ctc gcc gaa aag  
 384  
 Gly Ala Val Gln Val Lys Gly Glu Thr Ala Thr Ser Leu Ala Glu Lys  
 115 120 125  
 ctg gcc ggg ctg ctg cgc gcc ggc ggc tat tat gcc aag ccg atc gtc  
 432  
 Leu Ala Gly Leu Leu Arg Ala Gly Gly Tyr Tyr Ala Lys Pro Ile Val  
 130 135 140

# ES 2 532 831 T3

```

agc gtc gaa atc gtc ggt ttc gtc agc aac tat gtg acg gtg ctg ggc
480
Ser Val Glu Ile Val Gly Phe Val Ser Asn Tyr Val Thr Val Leu Gly
145          150          155          160

cag gtg aac agt tcc ggc ctg cag ccg gtc gac cgc ggc tat cac gtt
528
Gln Val Asn Ser Ser Gly Leu Gln Pro Val Asp Arg Gly Tyr His Val
          165          170          175

tcc gag atc atc gcc cgt gcc ggc ggc ctg cgc ccc gaa gcg gcc gat
576
Ser Glu Ile Ile Ala Arg Ala Gly Gly Leu Arg Pro Glu Ala Ala Asp
          180          185          190

ttc gtc gtt ctc acc cgc gcc gat ggc tcc agc gcc aag ctg gac tac
624
Phe Val Val Leu Thr Arg Ala Asp Gly Ser Ser Ala Lys Leu Asp Tyr
          195          200          205

aag aag ctc gcc caa ggt ggc ccc aat gac gat ccg atg gtg acg ccc
672
Lys Lys Leu Ala Gln Gly Gly Pro Asn Asp Asp Pro Met Val Thr Pro
210          215          220

ggg gac aag gtc ttt gtc ccg gaa gtc gag cat ttc tac att tat ggt
720
Gly Asp Lys Val Phe Val Pro Glu Val Glu His Phe Tyr Ile Tyr Gly
225          230          235          240

caa att aac gcg cct ggc gta tac gcg att cga tcg gac atg acg ctc
768
Gln Ile Asn Ala Pro Gly Val Tyr Ala Ile Arg Ser Asp Met Thr Leu
          245          250          255

cgt cgc gcg ctg gcc cag ggc ggt ggg ctt gcc ccc gca ggc tcc gtc
816
Arg Arg Ala Leu Ala Gln Gly Gly Gly Leu Ala Pro Ala Gly Ser Val
          260          265          270

aag cgt gtg aag gtc acg cgg gat ggc aat gaa ctc aag ttg aag ctg
864
Lys Arg Val Lys Val Thr Arg Asp Gly Asn Glu Leu Lys Leu Lys Leu
          275          280          285

gac gat ccg att ctc cca ggc gac acg atc gtc atc ggc gaa cga ttg
912
Asp Asp Pro Ile Leu Pro Gly Asp Thr Ile Val Ile Gly Glu Arg Leu
          290          295          300

ttc tga
918
Phe *
305

```

```

<210> 21
<211> 305
5 <212> PRT
  <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

```

```

<220>
<221> PÉPTIDO
10 <222> (0) ... (0)
  <223> proteína exportadora de polisacáridos putativa

```

```

<400> 21

```

# ES 2 532 831 T3

```

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

```

<210> 22

<211> 1347

5 <212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)...(1347)

<223> dpsC

<400> 22



# ES 2 532 831 T3

gtg aat atc att cag ttc ttc cgc att ctg tgg gtg cgc cga tgg atc  
 48  
 Val Asn Ile Ile Gln Phe Phe Arg Ile Leu Trp Val Arg Arg Trp Ile  
 1 5 10 15  
 atc ctc ccg gcg ttt ctc gtt tgc gtt acc act gcc acc att gtg gtc  
 96  
 Ile Leu Pro Ala Phe Leu Val Cys Val Thr Thr Ala Thr Ile Val Val  
 20 25 30  
 cag ttt ctg ccc gaa cgc tac aag gcc act acg cgg gtg gtg ctc gac  
 144  
 Gln Phe Leu Pro Glu Arg Tyr Lys Ala Thr Thr Arg Val Val Leu Asp  
 35 40 45  
 acg ttt aag ccc gat ccc gtc acc gga cag gtg atg agc tcg cag ttc  
 192  
 Thr Phe Lys Pro Asp Pro Val Thr Gly Gln Val Met Ser Ser Gln Phe  
 50 55 60  
 atg cgc gcc tat gtc gag act cag acc cag ctg atc gag gac tat gcg  
 240  
 Met Arg Ala Tyr Val Glu Thr Gln Thr Gln Leu Ile Glu Asp Tyr Ala  
 65 70 75 80  
 acc gcc ggt cgc gtg gtc gac gaa ctg ggc tgg gtg aat gat ccg gcg  
 288  
 Thr Ala Gly Arg Val Val Asp Glu Leu Gly Trp Val Asn Asp Pro Ala  
 85 90 95  
 aac atc tcc gcg ttc aac aac tcg tcc gcg gct gcc acc ggc gac atc  
 336  
 Asn Ile Ser Ala Phe Asn Asn Ser Ser Ala Ala Ala Thr Gly Asp Ile  
 100 105 110  
 cgc cgc tgg ctc gcc aag cag atc atc gac aat acc aag gcc gat gtg  
 384  
 Arg Arg Trp Leu Ala Lys Gln Ile Ile Asp Asn Thr Lys Ala Asp Val  
 115 120 125  
 atg gag ggg agc aac atc ctc gaa atc acc tat tcg gac agc tcg ccc  
 432  
 Met Glu Gly Ser Asn Ile Leu Glu Ile Thr Tyr Ser Asp Ser Ser Pro  
 130 135 140  
 gag cgc gcc gaa cgc atc gcc aac ctg atc cgc acc tcg ttc ctc gcc  
 480  
 Glu Arg Ala Glu Arg Ile Ala Asn Leu Ile Arg Thr Ser Phe Leu Ala  
 145 150 155 160  
 cag tcg ctc gcc gcc aag cgc cag gcc gcg acc aag tcg gcc gac tgg  
 528

# ES 2 532 831 T3

Gln Ser Leu Ala Ala Lys Arg Gln Ala Ala Thr Lys Ser Ala Asp Trp  
 165 170 175  
 tac gcc cag cag gcc gaa gct gcc cgc gat tcg ctc gct gcg gcg gtc  
 576  
 Tyr Ala Gln Gln Ala Glu Ala Ala Arg Asp Ser Leu Ala Ala Ala Val  
 180 185 190  
 cag gcc cgc acc gat ttc gtg aag aag acc ggc atc gtg ctg acc gaa  
 624  
 Gln Ala Arg Thr Asp Phe Val Lys Lys Thr Gly Ile Val Leu Thr Glu  
 195 200 205  
 acc ggc gcc gac ctg gaa acc cag aag ctc cag cag atc gag ggg cag  
 672  
 Thr Gly Ala Asp Leu Glu Thr Gln Lys Leu Gln Gln Ile Glu Gly Gln  
 210 215 220  
 acg acg acc gcc acc gcc ccg gtt gcc atg gcc ccc agc ggc atg ggc  
 720  
 Thr Thr Thr Ala Thr Ala Pro Val Ala Met Ala Pro Ser Gly Met Gly  
 225 230 235 240  
 ccg gcg cag atg cag ctc gcc cag atc gac cag cag atc cag cag gca  
 768  
 Pro Ala Gln Met Gln Leu Ala Gln Ile Asp Gln Gln Ile Gln Gln Ala  
 245 250 255  
 gcg acc agc cta ggt ccg aac cac cca act ttc cag gcc ttg cag cgg  
 816  
 Ala Thr Ser Leu Gly Pro Asn His Pro Thr Phe Gln Ala Leu Gln Arg  
 260 265 270  
 cag cgc gaa gtg ttc gcc aag gca gcg gcg gcg gaa cgc gcg cag gcg  
 864  
 Gln Arg Glu Val Phe Ala Lys Ala Ala Ala Ala Glu Arg Ala Gln Ala  
 275 280 285  
 aac ggc gta tcc ggt ccg gca cgc ggg gcc atc gaa agc gca gcc aac  
 912  
 Asn Gly Val Ser Gly Pro Ala Arg Gly Ala Ile Glu Ser Ala Ala Asn  
 290 295 300  
 gcc cag cgc gcg cgg gtt ctc ggc aat cgt cag gat gtc gac aag ctt  
 960  
 Ala Gln Arg Ala Arg Val Leu Gly Asn Arg Gln Asp Val Asp Lys Leu  
 305 310 315 320  
 acg cag ctg cag cgt gac gtc tcg ctg aag cag gat cag tac atg aag  
 1008  
 Thr Gln Leu Gln Arg Asp Val Ser Leu Lys Gln Asp Gln Tyr Met Lys  
 325 330 335  
 gcg gca cag cgc gtc gcc gat ctg cgg ctg gaa gca agc agc aac gat  
 1056  
 Ala Ala Gln Arg Val Ala Asp Leu Arg Leu Glu Ala Ser Ser Asn Asp  
 340 345 350

# ES 2 532 831 T3

gtc ggc atg tcg acg ctc agc gaa gca tcg gcg ccg gaa acg ccc tat  
1104  
Val Gly Met Ser Thr Leu Ser Glu Ala Ser Ala Pro Glu Thr Pro Tyr  
355 360 365

tac ccc aag gtg ccg ctc atc atc ggt ggt gca gcc ggc ttc ggc ctc  
1152  
Tyr Pro Lys Val Pro Leu Ile Ile Gly Gly Ala Ala Gly Phe Gly Leu  
370 375 380

ggg ctc ggt ctg ctg gtc gcg ctg ctc gtc gag ctg ctc ggc cgc cgc  
1200  
Gly Leu Gly Leu Leu Val Ala Leu Leu Val Glu Leu Leu Gly Arg Arg  
385 390 395 400

gtc cgc agc ccc gag gat ctg gaa gtt gcg atc gat gca ccg gtg ctg  
1248  
Val Arg Ser Pro Glu Asp Leu Glu Val Ala Ile Asp Ala Pro Val Leu  
405 410 415

ggc gtg atc cag agc cgc gcc tcg ctt gcc gcc cgc ctt cgc cgc gcc  
1296  
Gly Val Ile Gln Ser Arg Ala Ser Leu Ala Ala Arg Leu Arg Arg Ala  
420 425 430

caa gaa acc ctc ggc gaa ggt gcc gac acg cac gga gct tca gta aac  
1344  
Gln Glu Thr Leu Gly Glu Gly Ala Asp Thr His Gly Ala Ser Val Asn  
435 440 445

tga  
1347  
\*

<210> 23  
<211> 448  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
<221> PÉPTIDO  
10 <222> (0)...(0)  
<223> proteína exportadora de polisacáridos putativa

<400> 23

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

# ES 2 532 831 T3

```

65          70          75          80
Thr Ala Gly Arg Val Val Asp Glu Leu Gly Trp Val Asn Asp Pro Ala
      85          90          95
Asn Ile Ser Ala Phe Asn Asn Ser Ser Ala Ala Ala Thr Gly Asp Ile
      100          105          110
Arg Arg Trp Leu Ala Lys Gln Ile Ile Asp Asn Thr Lys Ala Asp Val
      115          120          125
Met Glu Gly Ser Asn Ile Leu Glu Ile Thr Tyr Ser Asp Ser Ser Pro
      130          135          140
Glu Arg Ala Glu Arg Ile Ala Asn Leu Ile Arg Thr Ser Phe Leu Ala
145          150          155          160
Gln Ser Leu Ala Ala Lys Arg Gln Ala Ala Thr Lys Ser Ala Asp Trp
      165          170          175
Tyr Ala Gln Gln Ala Glu Ala Ala Arg Asp Ser Leu Ala Ala Ala Val
      180          185          190
Gln Ala Arg Thr Asp Phe Val Lys Thr Gly Ile Val Leu Thr Glu
      195          200          205
Thr Gly Ala Asp Leu Glu Thr Gln Lys Leu Gln Gln Ile Glu Gly Gln
      210          215          220
Thr Thr Thr Ala Thr Ala Pro Val Ala Met Ala Pro Ser Gly Met Gly
225          230          235          240
Pro Ala Gln Met Gln Leu Ala Gln Ile Asp Gln Gln Ile Gln Gln Ala
      245          250          255
Ala Thr Ser Leu Gly Pro Asn His Pro Thr Phe Gln Ala Leu Gln Arg
      260          265          270
Gln Arg Glu Val Phe Ala Lys Ala Ala Ala Glu Arg Ala Gln Ala
      275          280          285
Asn Gly Val Ser Gly Pro Ala Arg Gly Ala Ile Glu Ser Ala Ala Asn
      290          295          300
Ala Gln Arg Ala Arg Val Leu Gly Asn Arg Gln Asp Val Asp Lys Leu
305          310          315          320
Thr Gln Leu Gln Arg Asp Val Ser Leu Lys Gln Asp Gln Tyr Met Lys
      325          330          335
Ala Ala Gln Arg Val Ala Asp Leu Arg Leu Glu Ala Ser Ser Asn Asp
      340          345          350
Val Gly Met Ser Thr Leu Ser Glu Ala Ser Ala Pro Glu Thr Pro Tyr
      355          360          365
Tyr Pro Lys Val Pro Leu Ile Ile Gly Gly Ala Ala Gly Phe Gly Leu
      370          375          380
Gly Leu Gly Leu Leu Val Ala Leu Leu Val Glu Leu Leu Gly Arg Arg
385          390          395          400
Val Arg Ser Pro Glu Asp Leu Glu Val Ala Ile Asp Ala Pro Val Leu
      405          410          415
Gly Val Ile Gln Ser Arg Ala Ser Leu Ala Ala Arg Leu Arg Arg Ala
      420          425          430
Gln Glu Thr Leu Gly Glu Gly Ala Asp Thr His Gly Ala Ser Val Asn
      435          440          445

```

<210> 24

<211> 708

5 <212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)...(708)

<223> dpsE

<400> 24

# ES 2 532 831 T3

atg gac gcg atg acc agc gaa ccg ctg ccc gaa ggc gat cgt ccg agc  
 48  
 Met Asp Ala Met Thr Ser Glu Pro Leu Pro Glu Gly Asp Arg Pro Ser  
 1 5 10 15  
 gcc gtg ccg acc acg ccg gat acg atc ggc atg ctc gaa tac cag ctc  
 96  
 Ala Val Pro Thr Thr Pro Asp Thr Ile Gly Met Leu Glu Tyr Gln Leu  
 20 25 30  
 gtc ctc tcc gat ccg acc ggg atc gag gcg gaa gcg atc cgc gcg cta  
 144  
 Val Leu Ser Asp Pro Thr Gly Ile Glu Ala Glu Ala Ile Arg Ala Leu  
 35 40 45  
 cgc acg cgc atc atg acc cag cac ctc cgc gag ggc cgg cgc gcg ctc  
 192  
 Arg Thr Arg Ile Met Thr Gln His Leu Arg Glu Gly Arg Arg Ala Leu  
 50 55 60  
 gcg atc tgc gcc gcc tcg gcg gga tcc ggc tgc agc ttc acc gcc gtc  
 240  
 Ala Ile Cys Ala Ala Ser Ala Gly Ser Gly Cys Ser Phe Thr Ala Val  
 65 70 75 80  
 aat ctg gcg acg gcg ctg gcg cag atc ggc gtt aag act gcg ctg gtc  
 288  
 Asn Leu Ala Thr Ala Leu Ala Gln Ile Gly Val Lys Thr Ala Leu Val  
 85 90 95  
 gat gcc aat ctg cgc gat ccc agc atc ggc gca gcc ttc ggc ctc gcc  
 336  
 Asp Ala Asn Leu Arg Asp Pro Ser Ile Gly Ala Ala Phe Gly Leu Ala  
 100 105 110  
 gcc gac aag ccc ggc ctg gcc gat tat ctc gcc tcg ggc gat gtc gac  
 384  
 Ala Asp Lys Pro Gly Leu Ala Asp Tyr Leu Ala Ser Gly Asp Val Asp  
 115 120 125  
 ctc gcc tcg atc atc cat gcg acc cgc ctc gac cag ctc tcg atc atc  
 432  
 Leu Ala Ser Ile Ile His Ala Thr Arg Leu Asp Gln Leu Ser Ile Ile  
 130 135 140  
 ccg gcc ggg cat gtc gag cac agc ccg cag gaa ctg ctc gcg tcc gaa  
 480  
 Pro Ala Gly His Val Glu His Ser Pro Gln Glu Leu Leu Ala Ser Glu  
 145 150 155 160  
 cag ttc cat gat ctg gcg acg cag ctg ctg cgc gag ttc gac atc acg  
 528  
 Gln Phe His Asp Leu Ala Thr Gln Leu Leu Arg Glu Phe Asp Ile Thr  
 165 170 175

# ES 2 532 831 T3

```

atc ttc gac acc acg gcg tcc aac acc tgc gcc gac gcg cag cgt gtc
576
Ile Phe Asp Thr Thr Ala Ser Asn Thr Cys Ala Asp Ala Gln Arg Val
      180      185      190

gcg cat atc gcc ggc tat gcg atc atc gtg gcg cgc aag gat gcg agc
624
Ala His Ile Ala Gly Tyr Ala Ile Ile Val Ala Arg Lys Asp Ala Ser
      195      200      205

tac atc cgc gac gtg aac acg ctc agc cgc acg ctg cgt gca gac cgc
672
Tyr Ile Arg Asp Val Asn Thr Leu Ser Arg Thr Leu Arg Ala Asp Arg
      210      215      220

acc aac gtc atc ggc tgc gta ctg aac ggc tat tga
708
Thr Asn Val Ile Gly Cys Val Leu Asn Gly Tyr *
      225      230      235

```

<210> 25  
 <211> 235  
 5 <212> PRT  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
 <221> PÉPTIDO  
 10 <222> (0) ... (0)  
 <223> proteína exportadora de polisacáridos putativa

<400> 25

```

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

```

<210> 26  
 <211> 882  
 20 <212> ADN  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

# ES 2 532 831 T3

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)...(882)  
 <223> dpsM

5

<400> 26

```

atg gca gcg acc gcg atg acg cgg cag cag gag agg aag ggc ggt ggc
48
Met Ala Ala Thr Ala Met Thr Arg Gln Gln Glu Arg Lys Gly Gly Gly
1      5      10      15

tat tgg ctg gcc gtt gcc ggt ctt gcc gcg cta acc atc ccg acc ttc
96
Tyr Trp Leu Ala Val Ala Gly Leu Ala Ala Leu Thr Ile Pro Thr Phe
      20      25      30

atc acc ctg ggt cgc gag gtt tgg agt gcg gaa ggc ggc gtg cag ggt
144
Ile Thr Leu Gly Arg Glu Val Trp Ser Ala Glu Gly Gly Val Gln Gly
      35      40      45

ccg atc gtg ctc gcc acg ggc gcc tgg atg ctg gcc cgc cag tgc tcg
192
Pro Ile Val Leu Ala Thr Gly Ala Trp Met Leu Ala Arg Gln Cys Ser
      50      55      60

acg atc gag gcg cta cgc cgc ccc ggc agc gtg ctg ctc ggc gcg ctg
240
Thr Ile Glu Ala Leu Arg Arg Pro Gly Ser Val Leu Leu Gly Ala Leu
65      70      75      80

ttc ctg ctg gcg acg ctt gcc ttc tac acc gtt gga cgg gtg ttc gac
288
Phe Leu Leu Ala Thr Leu Ala Phe Tyr Thr Val Gly Arg Val Phe Asp
      85      90      95

ttc atc agt gtc gaa acc ttc gga ctg gtc gcg acc tat ctg gtc gtc
336
Phe Ile Ser Val Glu Thr Phe Gly Leu Val Ala Thr Tyr Leu Val Val
      100      105      110

gcc tat ctc tat ttc ggt gcc agg gtg ctc cgt gcc gcc tgg ttc ccg
384
Ala Tyr Leu Tyr Phe Gly Ala Arg Val Leu Arg Ala Ala Trp Phe Pro
      115      120      125

```

# ES 2 532 831 T3

```

gtg ctg tgg ctg ttc ttc ctg gtg ccg ccg ccc ggc tgg gcc gtc gac
432
Val Leu Trp Leu Phe Phe Leu Val Pro Pro Pro Gly Trp Ala Val Asp
130 135 140

cgc atc acc gca ccg ctc aag gag ttc gtc tcc tat gcg gca acg ggc
480
Arg Ile Thr Ala Pro Leu Lys Glu Phe Val Ser Tyr Ala Ala Thr Gly
145 150 155 160

ctg ctt tcc tgg gtg gat tat ccg atc ctg cgc cag ggc gtg aca ctg
528
Leu Leu Ser Trp Val Asp Tyr Pro Ile Leu Arg Gln Gly Val Thr Leu
165 170 175

ttc gtc ggc ccc tat cag ctg ctc gtc gaa gat gcc tgt tcg ggt ctg
576
Phe Val Gly Pro Tyr Gln Leu Leu Val Glu Asp Ala Cys Ser Gly Leu
180 185 190

cgc tcg ctg tcc agc ctg gtc gtc gtg acg ctg ctc tac atc tac atc
624
Arg Ser Leu Ser Ser Leu Val Val Val Thr Leu Leu Tyr Ile Tyr Ile
195 200 205

aag aac aag ccg tcc tgg cgc tac gcg gcg ttc atc gca gcg ctg gtg
672
Lys Asn Lys Pro Ser Trp Arg Tyr Ala Ala Phe Ile Ala Ala Leu Val
210 215 220

atc ccg gtg gca gtg gtg acc aac gtc ctg cgg atc atc atc ctg gta
720
Ile Pro Val Ala Val Val Thr Asn Val Leu Arg Ile Ile Ile Leu Val
225 230 235 240

ctg atc acc tat cat ctg ggc gac gag gcg gcg cag agc ttc ctc cac
768
Leu Ile Thr Tyr His Leu Gly Asp Glu Ala Ala Gln Ser Phe Leu His
245 250 255

gtc tcc acc ggc atg gtg atg ttc gtg gtc gcc ctg ctt tgc atc ttc
816
Val Ser Thr Gly Met Val Met Phe Val Val Ala Leu Leu Cys Ile Phe
260 265 270

gcg atc gac tgg gtg gtc gag caa ctt ctt ctc ctg cgt cgg agg cat
864
Ala Ile Asp Trp Val Val Glu Gln Leu Leu Leu Leu Arg Arg Arg His
275 280 285

cat gtt caa ccg gcg tga
882
His Val Gln Pro Ala *
290

```

<210> 27

<211> 293

5 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> PÉPTIDP

10 <222> (0)...(0)

<223> proteína exportadora de polisacáridos putativa

<400> 27



# ES 2 532 831 T3

```

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

```

<210> 28

<211> 699

5 <212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

10 <222> (1) ... (699)

<223> dpsN

<400> 28

# ES 2 532 831 T3

atg ttc aac cgg cgt gac ctg ctg atc ggc gca ggc tgc ttc gcc gcc  
 48  
 Met Phe Asn Arg Arg Asp Leu Leu Ile Gly Ala Gly Cys Phe Ala Ala  
 1 5 10 15  
 gct ggc gcc tcg ctc ggc ctg aag ccg cac cgg cgg atg gac ctg ctg  
 96  
 Ala Gly Ala Ser Leu Gly Leu Lys Pro His Arg Arg Met Asp Leu Leu  
 20 25 30  
 ggc ggc acc aag ctc gac acg ctg atg ccc aag gca ttc ggc gca tgg  
 144  
 Gly Gly Thr Lys Leu Asp Thr Leu Met Pro Lys Ala Phe Gly Ala Trp  
 35 40 45  
 aag gca gag gat acc ggt tcg ctg atc gcg ccg gcg cgc gaa ggc agc  
 192  
 Lys Ala Glu Asp Thr Gly Ser Leu Ile Ala Pro Ala Arg Glu Gly Ser  
 50 55 60  
 ctg gag gac aag ctc tac aac cag gtg gtc acc cgc gcc ttc tcc cgc  
 240  
 Leu Glu Asp Lys Leu Tyr Asn Gln Val Val Thr Arg Ala Phe Ser Arg  
 65 70 75 80  
 gcg gac ggt gcc caa gtg atg ctg ctg atc gcc tat ggc aac gcc cag  
 288  
 Ala Asp Gly Ala Gln Val Met Leu Leu Ile Ala Tyr Gly Asn Ala Gln  
 85 90 95  
 acc gat cta ctg cag ctg cac cgg ccg gaa ata tgc tac ccg ttc ttc  
 336  
 Thr Asp Leu Leu Gln Leu His Arg Pro Glu Ile Cys Tyr Pro Phe Phe  
 100 105 110  
 ggc ttc acc gtg gtg gaa agc cat gag cag acc atc ccg gtg acg ccg  
 384  
 Gly Phe Thr Val Val Glu Ser His Glu Gln Thr Ile Pro Val Thr Pro  
 115 120 125  
 cag gtg acg atc ccc ggt cgc gcg ctg acc gcc acc aac ttc aac cgc  
 432  
 Gln Val Thr Ile Pro Gly Arg Ala Leu Thr Ala Thr Asn Phe Asn Arg  
 130 135 140  
 acc gag cag atc ctc tac tgg acc cgc gtc ggc gaa tat ctg ccg cag  
 480  
 Thr Glu Gln Ile Leu Tyr Trp Thr Arg Val Gly Glu Tyr Leu Pro Gln  
 145 150 155 160  
 aac ggc aat cag cag atg ctc gcg cgg ctg aag agc cag gtc cag ggc  
 528  
 Asn Gly Asn Gln Gln Met Leu Ala Arg Leu Lys Ser Gln Val Gln Gly  
 165 170 175

# ES 2 532 831 T3

tgg atc gtc gac ggt gtg ctg gtg cgc atc tcg acg gtg acg ccc gag  
576  
Trp Ile Val Asp Gly Val Leu Val Arg Ile Ser Thr Val Thr Pro Glu  
180 185 190

gcg gaa gat ggc ctg agc gcc aat ctc gat ttc gcg cgc gag ctg gtg  
624  
Ala Glu Asp Gly Leu Ser Ala Asn Leu Asp Phe Ala Arg Glu Leu Val  
195 200 205

aag acg ctc gac ccg cgc gtg ctg cgc ccg ctg ctc ggg aac ggg ctc  
672  
Lys Thr Leu Asp Pro Arg Val Leu Arg Pro Leu Leu Gly Asn Gly Leu  
210 215 220

aca cgg cag ctc ggt cac cag gtc tga  
699  
Thr Arg Gln Leu Gly His Gln Val \*  
225 230

<210> 29  
<211> 232  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
10 <221> PÉPTIDO  
<222> (0)...(0)  
<223> proteína exportadora de polisacáridos putativa

<400> 29

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

Ala Glu Asp Gly Leu Ser Ala Asn Leu Asp Phe Ala Arg Glu Leu Val  
195 200 205  
Lys Thr Leu Asp Pro Arg Val Leu Arg Pro Leu Leu Gly Asn Gly Leu  
210 215 220  
Thr Arg Gln Leu Gly His Gln Val  
225 230

<210> 30  
20 <211> 1395  
<212> ADN  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)...(1395)  
 <223> atrD

5

<400> 30

```

atg aac gcc gtt gtt ccg atg cgc cgc ggc ggc ccg ctc gcc cgc atg
48
Met Asn Ala Val Val Pro Met Arg Arg Gly Gly Pro Leu Ala Arg Met
1 5 10 15

cgc gat acc gtg ctg cct gcc cgc gtc gac gct tat gac acc gcc ttc
96
Arg Asp Thr Val Leu Pro Ala Arg Val Asp Ala Tyr Asp Thr Ala Phe
20 25 30

ctg cct gcc gcg ctg gag atc atc gag cgg ccg gtt tcg ccc acc gcg
144
Leu Pro Ala Ala Leu Glu Ile Ile Glu Arg Pro Val Ser Pro Thr Ala
35 40 45

cgg ctt acc gcc aag gtg atg ctg gcc ggg ctg gcg atc acc gcc gcc
192
Arg Leu Thr Ala Lys Val Met Leu Ala Gly Leu Ala Ile Thr Ala Ala
50 55 60

tgg ctg gcg atc ggc aag gtc gaa gtc gtc gcg ccg acg cag ggg cgg
240
Trp Leu Ala Ile Gly Lys Val Glu Val Val Ala Pro Thr Gln Gly Arg
65 70 75 80

atc gcg ccg atc ggc gag acc aag atc gtc cag tcg ccc gaa tcg ggg
288
Ile Ala Pro Ile Gly Glu Thr Lys Ile Val Gln Ser Pro Glu Ser Gly
85 90 95

atc gtc cgc cgc atc ctg gtg ggc gag ggg cag aag gtc gcc aag ggc
336
Ile Val Arg Arg Ile Leu Val Gly Glu Gly Gln Lys Val Ala Lys Gly
100 105 110

cag gtg ctg atc acg ctc gac ccg acc gtg tcg tcg gcg gag gcg gca
384
Gln Val Leu Ile Thr Leu Asp Pro Thr Val Ser Ser Ala Glu Ala Ala
115 120 125
    
```

10

# ES 2 532 831 T3

cag gcg aag gtg gcg ctg ctc agc gcc cag ctc gac gcc gca cgc aac  
 432  
 Gln Ala Lys Val Ala Leu Leu Ser Ala Gln Leu Asp Ala Ala Arg Asn  
 130 135 140  
  
 cag gcg atc atc gac gcg ctg gac ggc agg ggc ttc cgc ttc gtc gcg  
 480  
 Gln Ala Ile Ile Asp Ala Leu Asp Gly Arg Gly Phe Arg Phe Val Ala  
 145 150 155 160  
  
 cct gcc gcc gcc agc ccg ggc gaa gtg gcg acg cat cgc ggc ctc gcc  
 528  
 Pro Ala Ala Ala Ser Pro Gly Glu Val Ala Thr His Arg Gly Leu Ala  
 165 170 175  
  
 cgc gcc cgg ctg ggc cag atc gag gcg gcg ctg gcc ggc ggc cgc tcc  
 576  
 Arg Ala Arg Leu Gly Gln Ile Glu Ala Ala Leu Ala Gly Gly Arg Ser  
 180 185 190  
  
 gat cgc ggt gcc gcc gtc tcg gcc gcg gcc gag gcg cag gca cag gtg  
 624  
 Asp Arg Gly Ala Ala Val Ser Ala Ala Ala Glu Ala Gln Ala Gln Val  
 195 200 205  
  
 cgg aag ctc gaa cag tcg ctg ccg ctg ctc gaa cag cag atc gcc gcg  
 672  
 Arg Lys Leu Glu Gln Ser Leu Pro Leu Leu Glu Gln Gln Ile Ala Ala  
 210 215 220  
  
 aac gag acg atg gcc gcc aag ggc tat gtc tcg aag ctg cgc gtc gtg  
 720  
 Asn Glu Thr Met Ala Ala Lys Gly Tyr Val Ser Lys Leu Arg Val Val  
 225 230 235 240  
  
 gag atg cgt cgc cag ctg atc gcc gag cgg cag gac ctg acg gcg gcg  
 768  
 Glu Met Arg Arg Gln Leu Ile Ala Glu Arg Gln Asp Leu Thr Ala Ala  
 245 250 255  
  
 cgc gct acg ctc gcc aaa ctc ggc cag cag tcg ctg agc gtc tcc agc  
 816  
 Arg Ala Thr Leu Ala Lys Leu Gly Gln Gln Ser Leu Ser Val Ser Ser  
 260 265 270  
  
 ctg tcg gcc aag acg cgc gag gag gcg cgg gcg cag gtg ctg cag gat  
 864  
 Leu Ser Ala Lys Thr Arg Glu Glu Ala Arg Ala Gln Val Leu Gln Asp  
 275 280 285  
  
 ctg gtc aag gcg cag gac gag gtg cgt gcc cgc ggc gag gac gtc gcc  
 912  
 Leu Val Lys Ala Gln Asp Glu Val Arg Ala Arg Gly Glu Asp Val Ala  
 290 295 300

# ES 2 532 831 T3

aag gcg aat ctg cgc agc tcg ttc cgc gaa ctg cgc gcg ccg gtg agc  
960  
Lys Ala Asn Leu Arg Ser Ser Phe Arg Glu Leu Arg Ala Pro Val Ser  
305 310 315 320

ggg acc gtc tcg cag ctg cag gtc cac acc gaa ggc ggc gtg gtg gaa  
1008  
Gly Thr Val Ser Gln Leu Gln Val His Thr Glu Gly Gly Val Val Glu  
325 330 335

ggg gcc aag ccg ctc ctc agc ctg gtt ccc gac aat gcc cgg ctc gag  
1056  
Gly Ala Lys Pro Leu Leu Ser Leu Val Pro Asp Asn Ala Arg Leu Glu  
340 345 350

gcc gag gtg atg gtc gac aac agc gac atc ggc ttc gtc cac atc ggc  
1104  
Ala Glu Val Met Val Asp Asn Ser Asp Ile Gly Phe Val His Ile Gly  
355 360 365

atg ccg gta aag gtg aag ctg cag gcc ttt ccc tat acc cgc tac ggc  
1152  
Met Pro Val Lys Val Lys Leu Gln Ala Phe Pro Tyr Thr Arg Tyr Gly  
370 375 380

atg att ccc ggc acg gtg gcg ggc atc agc ccc gag gcg gtg cag atg  
1200  
Met Ile Pro Gly Thr Val Ala Gly Ile Ser Pro Glu Ala Val Gln Met  
385 390 395 400

aag gag aac cag ccg ccg gtc tac aag gcg cgg atc gcg ctg gcg cgc  
1248  
Lys Glu Asn Gln Pro Pro Val Tyr Lys Ala Arg Ile Ala Leu Ala Arg  
405 410 415

ggg tat gtg ctg gcc cat ggc gca cag gtg ccg ctg cgg ccg ggg atg  
1296  
Gly Tyr Val Leu Ala His Gly Ala Gln Val Pro Leu Arg Pro Gly Met  
420 425 430

ctc gcg agc gcg gac atc gtc acc ggc aag cga acc ctg ttc agc tat  
1344  
Leu Ala Ser Ala Asp Ile Val Thr Gly Lys Arg Thr Leu Phe Ser Tyr  
435 440 445

ctg gtg ggg ccc gtg ctc gag acg ggg agt gac gcg ctg cac gag cgg  
1392  
Leu Val Gly Pro Val Leu Glu Thr Gly Ser Asp Ala Leu His Glu Arg  
450 455 460

tga  
1395  
\*

<210> 31  
<211> 464  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
<221> PÉPTIDO  
10 <222> (0) ... (0)  
<223> Proteína de secreción putativa

<400> 31

# ES 2 532 831 T3

```

Met Asn Ala Val Val Pro Met Arg Arg Gly Gly Pro Leu Ala Arg Met
 1          5          10          15
Arg Asp Thr Val Leu Pro Ala Arg Val Asp Ala Tyr Asp Thr Ala Phe
          20          25          30
Leu Pro Ala Ala Leu Glu Ile Ile Glu Arg Pro Val Ser Pro Thr Ala
          35          40          45
Arg Leu Thr Ala Lys Val Met Leu Ala Gly Leu Ala Ile Thr Ala Ala
          50          55          60
Trp Leu Ala Ile Gly Lys Val Glu Val Val Ala Pro Thr Gln Gly Arg
65          70          75          80
Ile Ala Pro Ile Gly Glu Thr Lys Ile Val Gln Ser Pro Glu Ser Gly
          85          90          95
Ile Val Arg Arg Ile Leu Val Gly Glu Gly Gln Lys Val Ala Lys Gly
          100          105          110
Gln Val Leu Ile Thr Leu Asp Pro Thr Val Ser Ser Ala Glu Ala Ala
          115          120          125
Gln Ala Lys Val Ala Leu Leu Ser Ala Gln Leu Asp Ala Ala Arg Asn
          130          135          140
Gln Ala Ile Ile Asp Ala Leu Asp Gly Arg Gly Phe Arg Phe Val Ala
145          150          155          160
Pro Ala Ala Ala Ser Pro Gly Glu Val Ala Thr His Arg Gly Leu Ala
          165          170          175
Arg Ala Arg Leu Gly Gln Ile Glu Ala Ala Leu Ala Gly Gly Arg Ser
          180          185          190
Asp Arg Gly Ala Ala Val Ser Ala Ala Ala Glu Ala Gln Ala Gln Val
          195          200          205
Arg Lys Leu Glu Gln Ser Leu Pro Leu Leu Glu Gln Gln Ile Ala Ala
          210          215          220
Asn Glu Thr Met Ala Ala Lys Gly Tyr Val Ser Lys Leu Arg Val Val
225          230          235          240
Glu Met Arg Arg Gln Leu Ile Ala Glu Arg Gln Asp Leu Thr Ala Ala
          245          250          255
Arg Ala Thr Leu Ala Lys Leu Gly Gln Gln Ser Leu Ser Val Ser Ser
          260          265          270
Leu Ser Ala Lys Thr Arg Glu Glu Ala Arg Ala Gln Val Leu Gln Asp
          275          280          285
Leu Val Lys Ala Gln Asp Glu Val Arg Ala Arg Gly Glu Asp Val Ala
          290          295          300
Lys Ala Asn Leu Arg Ser Ser Phe Arg Glu Leu Arg Ala Pro Val Ser
305          310          315          320
Gly Thr Val Ser Gln Leu Gln Val His Thr Glu Gly Gly Val Val Glu
          325          330          335
Gly Ala Lys Pro Leu Leu Ser Leu Val Pro Asp Asn Ala Arg Leu Glu
          340          345          350
Ala Glu Val Met Val Asp Asn Ser Asp Ile Gly Phe Val His Ile Gly
          355          360          365
Met Pro Val Lys Val Lys Leu Gln Ala Phe Pro Tyr Thr Arg Tyr Gly
          370          375          380
Met Ile Pro Gly Thr Val Ala Gly Ile Ser Pro Glu Ala Val Gln Met
385          390          395          400
Lys Glu Asn Gln Pro Pro Val Tyr Lys Ala Arg Ile Ala Leu Ala Arg
          405          410          415
Gly Tyr Val Leu Ala His Gly Ala Gln Val Pro Leu Arg Pro Gly Met
          420          425          430
Leu Ala Ser Ala Asp Ile Val Thr Gly Lys Arg Thr Leu Phe Ser Tyr
          435          440          445
Leu Val Gly Pro Val Leu Glu Thr Gly Ser Asp Ala Leu His Glu Arg
          450          455          460

```

5 <210> 32  
 <211> 2187  
 <212> ADN  
 <213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

10 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1) ... (2187)  
 <223> atrB

# ES 2 532 831 T3

<400> 32

```

atg aca cgc gac gaa atg cag gcc acc ctg cag agc gcg ctc gcg gcc
48
Met Thr Arg Asp Glu Met Gln Ala Thr Leu Gln Ser Ala Leu Ala Ala
1      5      10      15

cat ggg gcg gcg gag cgc gag gcg gag ctg cgc gaa tcc gga ctg gtg
96
His Gly Ala Ala Glu Arg Glu Ala Glu Leu Arg Glu Ser Gly Leu Val
20     25     30

gcg ttg tcg ctg ctg ctc ggc gcg cac aac atc gcc atc acg ccc gaa
144
Ala Leu Ser Leu Leu Leu Gly Ala His Asn Ile Ala Ile Thr Pro Glu
35     40     45

cag ctg cgc cac gcg ctg ggc cat gcc gag gcg gca agc gcc gac gac
192
Gln Leu Arg His Ala Leu Gly His Ala Glu Ala Ala Ser Ala Asp Asp
50     55     60

ctg atc ctc ctg gcc aag cgc cag cag ggc gtg cgc gcc aag gcc gtc
240
Leu Ile Leu Leu Ala Lys Arg Gln Gln Gly Val Arg Ala Lys Ala Val
65     70     75     80

gag gtg ccg cgc ggc gga ctc gcc cgc cag ccg ctg ccc gcg atc gcc
288
Glu Val Pro Arg Gly Gly Leu Ala Arg Gln Pro Leu Pro Ala Ile Ala
85     90     95

gac ggg ccc gaa ggc tgg ttc gtg atc ggc ggc ctg acc gaa cat ggc
336
Asp Gly Pro Glu Gly Trp Phe Val Ile Gly Gly Leu Thr Glu His Gly
100    105    110

```



# ES 2 532 831 T3

```

gtg atc atc cag cgc ccg ggc cat gcc ccg gaa cag gtc gac cgg gac
384
Val Ile Ile Gln Arg Pro Gly His Ala Pro Glu Gln Val Asp Arg Asp
      115                120                125

gcg ctg gac gcg atc tgg tcc ggc gcg ctg gtg ctg ctc acc acc cgc
432
Ala Leu Asp Ala Ile Trp Ser Gly Ala Leu Val Leu Leu Thr Thr Arg
      130                135                140

gcg gtg gcg gga cgg ccg ctg cgg ttc ggc ctc tcc tgg ttc acc gcg
480
Ala Val Ala Gly Arg Pro Leu Arg Phe Gly Leu Ser Trp Phe Thr Ala
      145                150                155                160

cag ttc cgg cgc tat cgc acg ctg ttc ctc gag gtg ctc ggc atc acc
528
Gln Phe Arg Arg Tyr Arg Thr Leu Phe Leu Glu Val Leu Gly Ile Thr
      165                170                175

ctc gcg ctc aac ctg ctc ggc ctc gcc gcg ccg ctg ttg ttc cag agc
576
Leu Ala Leu Asn Leu Leu Gly Leu Ala Ala Pro Leu Leu Phe Gln Ser
      180                185                190

gtg atc gac aag gtg ctg atc cac aac agc atg agc acg ctg agc gtg
624
Val Ile Asp Lys Val Leu Ile His Asn Ser Met Ser Thr Leu Ser Val
      195                200                205

ctc gcc ttc gcc ttc ctg gcg gtt tcg gtg tgg gaa gtg gcg ctc ggc
672
Leu Ala Phe Ala Phe Leu Ala Val Ser Val Trp Glu Val Ala Leu Gly
      210                215                220

tgg atc cgc acc cgc ctg ttc acc gag acg acg cag aag atc gac gtc
720
Trp Ile Arg Thr Arg Leu Phe Thr Glu Thr Thr Gln Lys Ile Asp Val
      225                230                235                240

gag ctg ggt gcc cgg ctg ttc cac cac ctg ctg gcg ctg ccg ctc gcc
768
Glu Leu Gly Ala Arg Leu Phe His His Leu Leu Ala Leu Pro Leu Ala
      245                250                255

tat ttc gag aag cgc cgc gtg ggc gac acc gtc acc cgc gtc cgc cag
816
Tyr Phe Glu Lys Arg Arg Val Gly Asp Thr Val Thr Arg Val Arg Gln
      260                265                270

ctc gag acg atc cgc gaa ttc ctt acc agc gcc tcg ctg acg gtg atg
864
Leu Glu Thr Ile Arg Glu Phe Leu Thr Ser Ala Ser Leu Thr Val Met
      275                280                285

```

# ES 2 532 831 T3

gtg gac ccg ctg ttc acc ttc gtg ttc ctc gcc gcg atg ctg ttc tac  
912  
Val Asp Pro Leu Phe Thr Phe Val Phe Leu Ala Ala Met Leu Phe Tyr  
290 295 300

tcg ccg atg ctc tcg ggc atc gtg ctc gtg tcg ctg atc gcc tat gcg  
960  
Ser Pro Met Leu Ser Gly Ile Val Leu Val Ser Leu Ile Ala Tyr Ala  
305 310 315 320

atc gta tcg ttc agc gtc gcc ggg ccg ctc cgc gcg cgg gtg gag gac  
1008  
Ile Val Ser Phe Ser Val Ala Gly Pro Leu Arg Ala Arg Val Glu Asp  
325 330 335

aag ttc gag aag agc tcc gcc agc aac gcg ctg ctc gtc gag agc gtc  
1056  
Lys Phe Glu Lys Ser Ser Ala Ser Asn Ala Leu Leu Val Glu Ser Val  
340 345 350

tcg ggc atc cac acg atc aag gcg acc gcg gtc gag ccg cac tgg cag  
1104  
Ser Gly Ile His Thr Ile Lys Ala Thr Ala Val Glu Pro His Trp Gln  
355 360 365

aat cgc tgg gag cgc cag ctc gcc gcc cat acc gcc gcg tcg cag cgg  
1152  
Asn Arg Trp Glu Arg Gln Leu Ala Ala His Thr Ala Ala Ser Gln Arg  
370 375 380

ctg atc aat acc gcc aac acc ggc agc cag gcg atc gag ctg atc tcg  
1200  
Leu Ile Asn Thr Ala Asn Thr Gly Ser Gln Ala Ile Glu Leu Ile Ser  
385 390 395 400

aag ctg agc ttc gcg gcg atc ctg ttc ttc ggc gcc aag gcg gtg atc  
1248  
Lys Leu Ser Phe Ala Ala Ile Leu Phe Phe Gly Ala Lys Ala Val Ile  
405 410 415

ggc gcc gcg atg agc gta ggc gcg ctg gtg gcg ttc aac atg ttc gcc  
1296  
Gly Gly Ala Met Ser Val Gly Ala Leu Val Ala Phe Asn Met Phe Ala  
420 425 430

cag cgc gtg tcc ggg ccg gtg atc cgc atg gcg cag ctg tgg cag gat  
1344  
Gln Arg Val Ser Gly Pro Val Ile Arg Met Ala Gln Leu Trp Gln Asp  
435 440 445

ttc cag cag gtg cgc atc tcg gtc gag cgg ctg ggc gac gtg ctc aac  
1392  
Phe Gln Gln Val Arg Ile Ser Val Glu Arg Leu Gly Asp Val Leu Asn  
450 455 460

cat ccg gtg gaa ccg cgc ccg gcc tcg gcg gcg acg ctg ccg gtg ctg  
1440

# ES 2 532 831 T3

His Pro Val Glu Pro Arg Pro Ala Ser Ala Ala Thr Leu Pro Val Leu  
 465 470 475 480  
 cgc ggt gcg att cgc ttc gag aat gtc agc ttc cgc tat gcc gag gac  
 1488  
 Arg Gly Ala Ile Arg Phe Glu Asn Val Ser Phe Arg Tyr Ala Glu Asp  
 485 490 495  
 cag ccg ccg gtg ctg agc gac atc acg ctc gac att ccg gcg ggc acc  
 1536  
 Gln Pro Pro Val Leu Ser Asp Ile Thr Leu Asp Ile Pro Ala Gly Thr  
 500 505 510  
 tcg ctc ggc atc gtc ggt tcg tcg ggc tcg ggc aag tcg acg ctg gcc  
 1584  
 Ser Leu Gly Ile Val Gly Ser Ser Gly Ser Gly Lys Ser Thr Leu Ala  
 515 520 525  
 aag ctg ctc cag cgg ctc aac ctg ccg aat ctc ggc cgc gtg ctg gtc  
 1632  
 Lys Leu Leu Gln Arg Leu Asn Leu Pro Asn Leu Gly Arg Val Leu Val  
 530 535 540  
 gac gag gtc gac gtg gcg cag ctc gat ccc gcc tgg ctg cgt cgc cag  
 1680  
 Asp Glu Val Asp Val Ala Gln Leu Asp Pro Ala Trp Leu Arg Arg Gln  
 545 550 555 560  
 atc ggc gtc gtg ctg cag gag aat ctg ctg ttc agc cgc tcg atc cgc  
 1728  
 Ile Gly Val Val Leu Gln Glu Asn Leu Leu Phe Ser Arg Ser Ile Arg  
 565 570 575  
 gag aac atc gcg ctc tcc aac ccc gcc atg ccg ttc gag aat gtc gtc  
 1776  
 Glu Asn Ile Ala Leu Ser Asn Pro Ala Met Pro Phe Glu Asn Val Val  
 580 585 590  
 gcg gcg gcg acg ctg gcc ggc gcg cat gat ttc atc ctg cgc cag ccg  
 1824  
 Ala Ala Ala Thr Leu Ala Gly Ala His Asp Phe Ile Leu Arg Gln Pro  
 595 600 605  
 cgc ggc tat gac acc gag atc gtc gag cgc ggc gtc aat ctc tcc ggc  
 1872  
 Arg Gly Tyr Asp Thr Glu Ile Val Glu Arg Gly Val Asn Leu Ser Gly  
 610 615 620  
 ggc cag cgc cag cgg ctc gcc atc gcc cgc gcg ctc gtc ggc aat ccg  
 1920  
 Gly Gln Arg Gln Arg Leu Ala Ile Ala Arg Ala Leu Val Gly Asn Pro  
 625 630 635 640  
 cgc atc ctg gtg ttc gac gaa gcg acc tcg gcg ctc gat gcc gag agc  
 1968  
 Arg Ile Leu Val Phe Asp Glu Ala Thr Ser Ala Leu Asp Ala Glu Ser  
 645 650 655

gag gag ctg atc cag aac aac ctg cgc gcc atc tcg gcc ggc cgc acg  
2016  
Glu Glu Leu Ile Gln Asn Asn Leu Arg Ala Ile Ser Ala Gly Arg Thr  
660 665 670

ctc gtg gtg atc gcg cat cgc ctg agc gcg gtg cgc agc tgc gac cgg  
2064  
Leu Val Val Ile Ala His Arg Leu Ser Ala Val Arg Ser Cys Asp Arg  
675 680 685

atc atc acg ctc gaa cag ggc cgc atc gtc gag agc ggc cga cac gac  
2112  
Ile Ile Thr Leu Glu Gln Gly Arg Ile Val Glu Ser Gly Arg His Asp  
690 695 700

gaa ttg ttg cgc ctg ggc ggc cgc tat gcc gac ctg cac cgc cgc cag  
2160  
Glu Leu Leu Arg Leu Gly Gly Arg Tyr Ala Asp Leu His Arg Arg Gln  
705 710 715 720

ggc ggc tat ggg gag att gcc gca tga  
2187  
Gly Gly Tyr Gly Glu Ile Ala Ala \*  
725

<210> 33  
<211> 728  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
<221> PÉPTIDO  
10 <222> (0) ... (0)  
<223> Proteína de secreción putativa

<400> 33

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

# ES 2 532 831 T3

145					150				155				160
Gln	Phe	Arg	Arg	Tyr	Arg	Thr	Leu	Phe	Leu	Glu	Val	Leu	Gly
				165					170				175
Leu	Ala	Leu	Asn	Leu	Leu	Gly	Leu	Ala	Ala	Pro	Leu	Leu	Phe
			180					185					190
Val	Ile	Asp	Lys	Val	Leu	Ile	His	Asn	Ser	Met	Ser	Thr	Leu
		195					200					205	Val
Leu	Ala	Phe	Ala	Phe	Leu	Ala	Val	Ser	Val	Trp	Glu	Val	Ala
	210					215					220		Leu
Trp	Ile	Arg	Thr	Arg	Leu	Phe	Thr	Glu	Thr	Thr	Gln	Lys	Ile
					230					235			Asp
225													Val
Glu	Leu	Gly	Ala	Arg	Leu	Phe	His	His	Leu	Leu	Ala	Leu	Pro
				245				250					Leu
													Ala
Tyr	Phe	Glu	Lys	Arg	Arg	Val	Gly	Asp	Thr	Val	Thr	Arg	Val
			260					265					Arg
													Gln
Leu	Glu	Thr	Ile	Arg	Glu	Phe	Leu	Thr	Ser	Ala	Ser	Leu	Thr
		275					280					285	Val
Val	Asp	Pro	Leu	Phe	Thr	Phe	Val	Phe	Leu	Ala	Ala	Met	Leu
	290					295					300		Phe
													Tyr
Ser	Pro	Met	Leu	Ser	Gly	Ile	Val	Leu	Val	Ser	Leu	Ile	Ala
					310					315			Tyr
305													Ala
Ile	Val	Ser	Phe	Ser	Val	Ala	Gly	Pro	Leu	Arg	Ala	Arg	Val
				325				330					Glu
													Asp
Lys	Phe	Glu	Lys	Ser	Ser	Ala	Ser	Asn	Ala	Leu	Leu	Val	Glu
			340					345					Ser
													Val
Ser	Gly	Ile	His	Thr	Ile	Lys	Ala	Thr	Ala	Val	Glu	Pro	His
		355					360					365	Trp
													Gln
Asn	Arg	Trp	Glu	Arg	Gln	Leu	Ala	Ala	His	Thr	Ala	Ala	Ser
	370					375					380		Gln
													Arg
Leu	Ile	Asn	Thr	Ala	Asn	Thr	Gly	Ser	Gln	Ala	Ile	Glu	Leu
					390					395			Ile
385													Ser
Lys	Leu	Ser	Phe	Ala	Ala	Ile	Leu	Phe	Phe	Gly	Ala	Lys	Ala
			405						410				Val
													Ile
Gly	Gly	Ala	Met	Ser	Val	Gly	Ala	Leu	Val	Ala	Phe	Asn	Met
		420						425					Phe
													Ala
Gln	Arg	Val	Ser	Gly	Pro	Val	Ile	Arg	Met	Ala	Gln	Leu	Trp
		435					440					445	Gln
													Asp
Phe	Gln	Gln	Val	Arg	Ile	Ser	Val	Glu	Arg	Leu	Gly	Asp	Val
	450					455				460			Leu
													Asn
His	Pro	Val	Glu	Pro	Arg	Pro	Ala	Ser	Ala	Ala	Thr	Leu	Pro
				470					475				Val
465													Leu
Arg	Gly	Ala	Ile	Arg	Phe	Glu	Asn	Val	Ser	Phe	Arg	Tyr	Ala
				485					490				Glu
													Asp
Gln	Pro	Pro	Val	Leu	Ser	Asp	Ile	Thr	Leu	Asp	Ile	Pro	Ala
			500					505					Gly
													Thr
Ser	Leu	Gly	Ile	Val	Gly	Ser	Ser	Gly	Ser	Gly	Lys	Ser	Thr
		515					520					525	Leu
													Ala
Lys	Leu	Leu	Gln	Arg	Leu	Asn	Leu	Pro	Asn	Leu	Gly	Arg	Val
	530					535					540		Leu
													Val
Asp	Glu	Val	Asp	Val	Ala	Gln	Leu	Asp	Pro	Ala	Trp	Leu	Arg
					550					555			Arg
545													Gln
Ile	Gly	Val	Val	Leu	Gln	Glu	Asn	Leu	Leu	Phe	Ser	Arg	Ser
				565					570				Ile
													Arg
Glu	Asn	Ile	Ala	Leu	Ser	Asn	Pro	Ala	Met	Pro	Phe	Glu	Asn
			580					585					Val
													Val
Ala	Ala	Ala	Thr	Leu	Ala	Gly	Ala	His	Asp	Phe	Ile	Leu	Arg
			595				600						Gln
													Pro

Arg Gly Tyr Asp Thr Glu Ile Val Glu Arg Gly Val Asn Leu Ser Gly  
610 615 620  
Gly Gln Arg Gln Arg Leu Ala Ile Ala Arg Ala Leu Val Gly Asn Pro  
625 630 635 640  
Arg Ile Leu Val Phe Asp Glu Ala Thr Ser Ala Leu Asp Ala Glu Ser  
645 650 655  
Glu Glu Leu Ile Gln Asn Asn Leu Arg Ala Ile Ser Ala Gly Arg Thr  
660 665 670  
Leu Val Val Ile Ala His Arg Leu Ser Ala Val Arg Ser Cys Asp Arg  
675 680 685  
Ile Ile Thr Leu Glu Gln Gly Arg Ile Val Glu Ser Gly Arg His Asp  
690 695 700  
Glu Leu Leu Arg Leu Gly Gly Arg Tyr Ala Asp Leu His Arg Arg Gln  
705 710 715 720  
Gly Gly Tyr Gly Glu Ile Ala Ala  
725

<210> 34  
<211> 1413  
5 <212> ADN  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
<221> CDS  
10 <222> (1)...(1413)  
<223> dpsB

<400> 34

atg aac gct ttc gaa gca cag cgc gcc ttt gag gag caa ctt cgg gcg  
48  
Met Asn Ala Phe Glu Ala Gln Arg Ala Phe Glu Glu Gln Leu Arg Ala  
1 5 10 15  
cat tcc cgg gtt acg cca tct gcc gct ccc gtg tgg cgt cgc tcg acg  
96  
His Ser Arg Val Thr Pro Ser Ala Ala Pro Val Trp Arg Arg Ser Thr  
20 25 30  
ctg cgg atg gtc ctc tat acc gag ttg ctg ctg ctg gac agt ctc tcg  
144  
Leu Arg Met Val Leu Tyr Thr Glu Leu Leu Leu Leu Asp Ser Leu Ser  
35 40 45  
atc ctg gcc gga ttc cac gtc gcg gcg ggc acg cgc gac ggc aac tgg  
192  
Ile Leu Ala Gly Phe His Val Ala Ala Gly Thr Arg Asp Gly Asn Trp  
50 55 60  
ctg tcg ctg gcg ggc atc aac gtc ggc gtc ttc ctg ctg ccg atc gct  
240  
Leu Ser Leu Ala Gly Ile Asn Val Gly Val Phe Leu Leu Pro Ile Ala  
65 70 75 80  
ctc ggc acc gcg ctc gca agc ggc acc tac tcg ctg aac tgc ctg cgc  
288  
Leu Gly Thr Ala Leu Ala Ser Gly Thr Tyr Ser Leu Asn Cys Leu Arg  
85 90 95

15

# ES 2 532 831 T3

tac ccg gtc agc ggc gtg aag agc atc ttc tcg gca ttc ttc ttc tcg  
 336  
 Tyr Pro Val Ser Gly Val Lys Ser Ile Phe Ser Ala Phe Phe Phe Ser  
 100 105 110

atc ttc gtc gtc ctg ctc ggc agc tac ctg ctg acg gcc gag ctg ccg  
 384  
 Ile Phe Val Val Leu Leu Gly Ser Tyr Leu Leu Thr Ala Glu Leu Pro  
 115 120 125

ctg tcc cgc gtg cag ctg gcg gag ggc gcg atc ctc tcg ctg gtc ctc  
 432  
 Leu Ser Arg Val Gln Leu Ala Glu Gly Ala Ile Leu Ser Leu Val Leu  
 130 135 140

ctg atg gtg ggc cgc ctg atg ttc cgc cgc cac gtc cgc gcg gtt acc  
 480  
 Leu Met Val Gly Arg Leu Met Phe Arg Arg His Val Arg Ala Val Thr  
 145 150 155 160

ggc ggc agg ctg ctc gac gaa ctg gtc atc atc gac ggc gtc tcg ctc  
 528  
 Gly Gly Arg Leu Leu Asp Glu Leu Val Ile Ile Asp Gly Val Ser Leu  
 165 170 175

gac gtc gcg ggc aat gcg gtc gcg ctc gac gcg cgg atc atc aat ctc  
 576  
 Asp Val Ala Gly Asn Ala Val Ala Leu Asp Ala Arg Ile Ile Asn Leu  
 180 185 190

tcg ccg aac ccg cgc gat ccg caa atg ctg cat cgc ctg ggc acc acc  
 624  
 Ser Pro Asn Pro Arg Asp Pro Gln Met Leu His Arg Leu Gly Thr Thr  
 195 200 205

gtg atc ggg ttc gac cgg gtg atc gtc gcc tgc acc aag gag cat cgc  
 672  
 Val Ile Gly Phe Asp Arg Val Ile Val Ala Cys Thr Lys Glu His Arg  
 210 215 220

gcg gtc tgg gcg ctg ctg ctc aag ggc atg aac atc aag ggc gag atc  
 720  
 Ala Val Trp Ala Leu Leu Leu Lys Gly Met Asn Ile Lys Gly Glu Ile  
 225 230 235 240

ctc gtc ccc cag ttc aat gcg ctg ggc gcg atc ggc gtg gac gcc ttt  
 768  
 Leu Val Pro Gln Phe Asn Ala Leu Gly Ala Ile Gly Val Asp Ala Phe  
 245 250 255

gac ggg aag gat acg ctg gtc gtc tcg cag ggc ccg ctc aac atg ccc  
 816  
 Asp Gly Lys Asp Thr Leu Val Val Ser Gln Gly Pro Leu Asn Met Pro  
 260 265 270

# ES 2 532 831 T3

```

aac cgc gcg aag aag cgc gcg ctc gat ctc gcg atc acc gta ccg gcc
864
Asn Arg Ala Lys Lys Arg Ala Leu Asp Leu Ala Ile Thr Val Pro Ala
275 280 285

gtg ctc gcg ctg gcg ccg ctg atg atc ctg gtg gcg atc ctg atc aag
912
Val Leu Ala Leu Ala Pro Leu Met Ile Leu Val Ala Ile Leu Ile Lys
290 295 300

ctg gag agc ccg ggc ccg gtg ttg ttc gcg cag gat cgc gtc ggc cgc
960
Leu Glu Ser Pro Gly Pro Val Leu Phe Ala Gln Asp Arg Val Gly Arg
305 310 315 320

ggc aac cgg ctg ttc aag atc atg aag ttc cgc tcg atg cgc gta acg
1008
Gly Asn Arg Leu Phe Lys Ile Met Lys Phe Arg Ser Met Arg Val Thr
325 330 335

ctg tgc gac gcg aac ggc aac gtc tcg gcc agc cgc gac gac gat cgc
1056
Leu Cys Asp Ala Asn Gly Asn Val Ser Ala Ser Arg Asp Asp Asp Arg
340 345 350

atc acc aag gtc ggc cgc ttc atc cgc aag acc agc atc gac gaa ctg
1104
Ile Thr Lys Val Gly Arg Phe Ile Arg Lys Thr Ser Ile Asp Glu Leu
355 360 365

ccg cag ctg ctg aac gtg ctg cgc ggc gac atg agc gtc gtc ggc ccg
1152
Pro Gln Leu Leu Asn Val Leu Arg Gly Asp Met Ser Val Val Gly Pro
370 375 380

cgg ccg cat gcg ctg ggc tcg cgc gcc gcc gat cac ctg ttc tgg gaa
1200
Arg Pro His Ala Leu Gly Ser Arg Ala Ala Asp His Leu Phe Trp Glu
385 390 395 400

atc gac gag cgc tac tgg cac cgc cac acg ctc aag ccg ggc atg acc
1248
Ile Asp Glu Arg Tyr Trp His Arg His Thr Leu Lys Pro Gly Met Thr
405 410 415

ggt ctg gcc cag gtg cgc ggt ttc cgc ggg gcg acc gat cgc cgc gtc
1296
Gly Leu Ala Gln Val Arg Gly Phe Arg Gly Ala Thr Asp Arg Arg Val
420 425 430

gat ctg acc aac cgg ctc cag gca gac atg gaa tat atc gac gga tgg
1344
Asp Leu Thr Asn Arg Leu Gln Ala Asp Met Glu Tyr Ile Asp Gly Trp
435 440 445

gat atc tgg cgc gat atc acg atc ctg ttc aag acg ctg cgg gtg atc
1392
Asp Ile Trp Arg Asp Ile Thr Ile Leu Phe Lys Thr Leu Arg Val Ile
450 455 460

gtg cat tcg aac gca ttc tga
1413
Val His Ser Asn Ala Phe *
465 470

```



&lt;210&gt; 35

&lt;211&gt; 470

&lt;212&gt; PRT

5 &lt;213&gt; Sphingomonas sp. ATCC53159

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; PÉPTIDO

&lt;222&gt; (0)...(0)

10 &lt;223&gt; glucosil-isoprenilfosfato transferasa I

&lt;400&gt; 35

```

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

```

15

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

<210> 36

<211> 879

5 <212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

10 <222> (1)...(879)

<223> rmlA

<400> 36

atg aag ggc atc atc ctt gcg ggg ggc agc ggg acg cgc ctg tac ccc  
48

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

gca acg cta tcg atc tcg aag cag ctg ctt ccc gtc tat gac aag ccg  
96

Ala Thr Leu Ser Ile Ser Lys Gln Leu Leu Pro Val Tyr Asp Lys Pro  
20 25 30

atg atc ttc tat ccg ctg tcg gtg ctg atg ctc acc ggc atc cgg gac  
144

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

atc ctg att atc tcc acc ccg cgc gac ctg ccg atg ttc cag gcg ctg  
192

Ile Leu Ile Ile Ser Thr Pro Arg Asp Leu Pro Met Phe Gln Ala Leu  
50 55 60

ctg ggc gac ggc tcg gcc ttc ggc atc aac ctc agc tat gcc gag cag  
240

15

# ES 2 532 831 T3

Leu Gly Asp Gly Ser Ala Phe Gly Ile Asn Leu Ser Tyr Ala Glu Gln  
 65 70 75 80  
 ccc tcc ccc aac ggg ctg gcc gaa gcg ttc atc atc ggc gcg gat ttc  
 288  
 Pro Ser Pro Asn Gly Leu Ala Glu Ala Phe Ile Ile Gly Ala Asp Phe  
 85 90 95  
 gtc ggc aac gat ccc agc gcg ctg atc ctg ggc gac aac atc tat cac  
 336  
 Val Gly Asn Asp Pro Ser Ala Leu Ile Leu Gly Asp Asn Ile Tyr His  
 100 105 110  
 ggc gaa aag atg ggc gag cgc tgc cag gca gcc gca gcg cag gca gcg  
 384  
 Gly Glu Lys Met Gly Glu Arg Cys Gln Ala Ala Ala Gln Ala Ala  
 115 120 125  
 cag ggc ggt gca aac gtc ttc gcc tat cat gtc gac gac ccc gag cgc  
 432  
 Gln Gly Gly Ala Asn Val Phe Ala Tyr His Val Asp Asp Pro Glu Arg  
 130 135 140  
 tac ggc gtg gtc gcg ttc gac ccg gag acg ggc gtc gcc acc agc gtc  
 480  
 Tyr Gly Val Val Ala Phe Asp Pro Glu Thr Gly Val Ala Thr Ser Val  
 145 150 155 160  
 gag gaa aag ccg gcc gag ccc aag tcc aac tgg gcg atc acc ggc ctg  
 528  
 Glu Glu Lys Pro Ala Glu Pro Lys Ser Asn Trp Ala Ile Thr Gly Leu  
 165 170 175  
 tat ttc tac gac aag gac gtg gtc gac atc gcc aag tcg atc cag ccc  
 576  
 Tyr Phe Tyr Asp Lys Asp Val Val Asp Ile Ala Lys Ser Ile Gln Pro  
 180 185 190  
 tcg gcg cgc ggc gaa ctc gag atc acc gac gtc aac cgc gtt tac atg  
 624  
 Ser Ala Arg Gly Glu Leu Glu Ile Thr Asp Val Asn Arg Val Tyr Met  
 195 200 205  
 gag cgc ggc gac ctg cac atc acg cgc ctc ggc cgc ggc tat gcc tgg  
 672  
 Glu Arg Gly Asp Leu His Ile Thr Arg Leu Gly Arg Gly Tyr Ala Trp  
 210 215 220  
 ctc gac acc ggc acg cat gac agc ctg cac gaa gcc ggc tcg ttc gtt  
 720  
 Leu Asp Thr Gly Thr His Asp Ser Leu His Glu Ala Gly Ser Phe Val  
 225 230 235 240  
 cgc acg ctc gag cat cgg acg ggc gtg aag atc gcc tgc ccg gag gaa  
 768  
 Arg Thr Leu Glu His Arg Thr Gly Val Lys Ile Ala Cys Pro Glu Glu  
 245 250 255

atc gcc ttc gaa agc ggc tgg ctc ggc gcc gaa gac ctg ctc aag cgc  
816

Ile Ala Phe Glu Ser Gly Trp Leu Gly Ala Glu Asp Leu Leu Lys Arg  
260 265 270

gcc gcc ggc ctc ggc aag acc ggc tat gcc gcc tat ctc cgc aag gtt  
864

Ala Ala Gly Leu Gly Lys Thr Gly Tyr Ala Ala Tyr Leu Arg Lys Val  
275 280 285

gcg acc gca gca tga  
879

Ala Thr Ala Ala \*  
290

<210> 37

<211> 292

5 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> PÉPTIDO

10 <222> (0)...(0)

<223> glucosa-1-fosfato timidililtransferasa

<400> 37

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

Ala Thr Leu Ser Ile Ser Lys Gln Leu Leu Pro Val Tyr Asp Lys Pro  
20 25 30

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

Ile Leu Ile Ile Ser Thr Pro Arg Asp Leu Pro Met Phe Gln Ala Leu  
50 55 60

Leu Gly Asp Gly Ser Ala Phe Gly Ile Asn Leu Ser Tyr Ala Glu Gln  
65 70 75 80

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

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

Gly Glu Lys Met Gly Glu Arg Cys Gln Ala Ala Ala Ala Gln Ala Ala  
115 120 125

Gln Gly Gly Ala Asn Val Phe Ala Tyr His Val Asp Asp Pro Glu Arg  
130 135 140

Tyr Gly Val Val Ala Phe Asp Pro Glu Thr Gly Val Ala Thr Ser Val  
145 150 155 160

Glu Glu Lys Pro Ala Glu Pro Lys Ser Asn Trp Ala Ile Thr Gly Leu  
165 170 175

Tyr Phe Tyr Asp Lys Asp Val Val Asp Ile Ala Lys Ser Ile Gln Pro  
180 185 190

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

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

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

# ES 2 532 831 T3

225                      230                      235                      240  
 Arg Thr Leu Glu His Arg Thr Gly Val Lys Ile Ala Cys Pro Glu Glu  
                                  245                      250                      255  
 Ile Ala Phe Glu Ser Gly Trp Leu Gly Ala Glu Asp Leu Leu Lys Arg  
                                  260                      265                      270  
 Ala Ala Gly Leu Gly Lys Thr Gly Tyr Ala Ala Tyr Leu Arg Lys Val  
                                  275                      280                      285  
 Ala Thr Ala Ala  
                                  290

<210> 38  
 <211> 567  
 5 <212> ADN  
 <213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

<220>  
 <221> CDS  
 10 <222> (1)...(567)  
 <223> rmlC

<400> 38

atg acc cag gtc cat cat cac gaa ctg tcc ggc gtc atc gag ttc acg  
 48  
 Met Thr Gln Val His His His Glu Leu Ser Gly Val Ile Glu Phe Thr  
   1                                  5                                  10                                  15  
  
 ccg ccc aaa tat ggc gac cac cgc ggc ttc ttc tcc gaa gtg ttc aag  
 96  
 Pro Pro Lys Tyr Gly Asp His Arg Gly Phe Phe Ser Glu Val Phe Lys  
                                   20                                  25                                  30  
  
 cag tcg gtg ctc gat gcc gaa ggc gtc gag gca cgc tgg gtg cag gac  
 144  
 Gln Ser Val Leu Asp Ala Glu Gly Val Glu Ala Arg Trp Val Gln Asp  
                                   35                                  40                                  45  
  
 aat cag agc ttc tcg gcg gcc ccg ggc acg atc cgc ggc ctg cat ctc  
 192  
 Asn Gln Ser Phe Ser Ala Ala Pro Gly Thr Ile Arg Gly Leu His Leu  
   50                                  55                                  60  
  
 cag gcg ccg ccc ttc gcc cag gcc aag ctg gtc cgc gtg ttg cgc ggc  
 240  
 Gln Ala Pro Pro Phe Ala Gln Ala Lys Leu Val Arg Val Leu Arg Gly  
   65                                  70                                  75                                  80  
  
 gcg atc ttc gac gtc gcg gtc gac atc cgt cgc ggc tcg ccc acc tat  
 288  
 Ala Ile Phe Asp Val Ala Val Asp Ile Arg Arg Gly Ser Pro Thr Tyr  
                                   85                                  90                                  95  
  
 ggc aaa tgg gtc ggc gtc gag ctc tcg gcc gag aag tgg aac cag ctg  
 336  
 Gly Lys Trp Val Gly Val Glu Leu Ser Ala Glu Lys Trp Asn Gln Leu  
                                   100                                  105                                  110

15

# ES 2 532 831 T3

ctg gtc ccc gcc ggc tat gcg cac ggc ttc atg acg ctc gtt ccg gat  
384

Leu Val Pro Ala Gly Tyr Ala His Gly Phe Met Thr Leu Val Pro Asp  
115 120 125

tgc gag atc ctc tac aag gtc agc gcc aaa tat tcg aag gat tcg gag  
432

Cys Glu Ile Leu Tyr Lys Val Ser Ala Lys Tyr Ser Lys Asp Ser Glu  
130 135 140

atg gcg atc cgt tgg gac gat ccc gat ctc gcc atc gcc tgg ccg gac  
480

Met Ala Ile Arg Trp Asp Asp Pro Asp Leu Ala Ile Ala Trp Pro Asp  
145 150 155 160

atc ggc gtc gag ccg gtc ctc tcc gaa aag gac gcg gtc gcc acg ccc  
528

Ile Gly Val Glu Pro Val Leu Ser Glu Lys Asp Ala Val Ala Thr Pro  
165 170 175

ttc gcc gaa ttc aac acc ccc ttc ttc tat cag ggc tga  
567

Phe Ala Glu Phe Asn Thr Pro Phe Phe Tyr Gln Gly \*  
180 185

<210> 39

<211> 188

5 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> PÉPTIDO

10 <222> (0) ... (0)

<223> dTDP-6-deoxi-D-glucosa-3-5-epimerasa

<400> 39

Met Thr Gln Val His His His Glu Leu Ser Gly Val Ile Glu Phe Thr  
1 5 10 15

Pro Pro Lys Tyr Gly Asp His Arg Gly Phe Phe Ser Glu Val Phe Lys  
20 25 30

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

Asn Gln Ser Phe Ser Ala Ala Pro Gly Thr Ile Arg Gly Leu His Leu  
50 55 60

Gln Ala Pro Pro Phe Ala Gln Ala Lys Leu Val Arg Val Leu Arg Gly  
65 70 75 80

Ala Ile Phe Asp Val Ala Val Asp Ile Arg Arg Gly Ser Pro Thr Tyr  
85 90 95

Gly Lys Trp Val Gly Val Glu Leu Ser Ala Glu Lys Trp Asn Gln Leu  
100 105 110

Leu Val Pro Ala Gly Tyr Ala His Gly Phe Met Thr Leu Val Pro Asp  
115 120 125

Cys Glu Ile Leu Tyr Lys Val Ser Ala Lys Tyr Ser Lys Asp Ser Glu  
130 135 140

15 Met Ala Ile Arg Trp Asp Asp Pro Asp Leu Ala Ile Ala Trp Pro Asp  
145 150 155 160

Ile Gly Val Glu Pro Val Leu Ser Glu Lys Asp Ala Val Ala Thr Pro  
165 170 175

Phe Ala Glu Phe Asn Thr Pro Phe Phe Tyr Gln Gly  
180 185

<210> 40

# ES 2 532 831 T3

<211> 1062  
 <212> ADN  
 <213> *Sphingomonas* sp. ATCC53159

5 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)...(1062)  
 <223> rmlB

10 <400> 40

```

atg cag cag acc ttc ctc gtc acc ggc ggc gcc ggc ttc atc ggc tcg
48
Met Gln Gln Thr Phe Leu Val Thr Gly Gly Ala Gly Phe Ile Gly Ser
1      5      10      15

gcg gtg gtg cgc cac ctc gtc cgc cag ggc gcg cgc gtc atc aat ctc
96
Ala Val Val Arg His Leu Val Arg Gln Gly Ala Arg Val Ile Asn Leu
20      25      30

gac aag ctc acc tat gcc ggc aac ccg gcc tcg ctg act gcg atc gag
144
Asp Lys Leu Thr Tyr Ala Gly Asn Pro Ala Ser Leu Thr Ala Ile Glu
35      40      45

aac gcg ccc aac tat cgc ttc gtc cat gcc gac atc gcc gac acc gcg
192
Asn Ala Pro Asn Tyr Arg Phe Val His Ala Asp Ile Ala Asp Thr Ala
50      55      60

acg atc cta ccg ctg ctg cgc gag gag cag gtc gat gtg gtg atg cac
240
Thr Ile Leu Pro Leu Leu Arg Glu Glu Gln Val Asp Val Val Met His
65      70      75      80

ctc gcc gcc gag agc cat gtc gat cgc tcg atc gac ggc cct ggc gag
288
Leu Ala Ala Glu Ser His Val Asp Arg Ser Ile Asp Gly Pro Gly Glu
85      90      95

ttc atc gag acc aat gtc gtc ggc acc ttc aag ctg ctc cag tcg gcg
336
Phe Ile Glu Thr Asn Val Val Gly Thr Phe Lys Leu Leu Gln Ser Ala
100      105      110

ctg caa tat tgg cgc gag ctg gag ggc gag aaa cgc gac gcg ttc cgc
384
Leu Gln Tyr Trp Arg Glu Leu Glu Gly Glu Lys Arg Asp Ala Phe Arg
115      120      125
  
```

# ES 2 532 831 T3

ttc cac cac atc tcc acc gac gaa gtg ttc ggc gac ctg ccg ttc gac  
 432  
 Phe His His Ile Ser Thr Asp Glu Val Phe Gly Asp Leu Pro Phe Asp  
 130 135 140  
 agc ggc atc ttc acc gaa gag acg ccc tat gat ccc tcc tcg ccc tat  
 480  
 Ser Gly Ile Phe Thr Glu Glu Thr Pro Tyr Asp Pro Ser Ser Pro Tyr  
 145 150 155 160  
 tcg gcg tcg aag gcg gcg agc gac cat ctg gtg cgc gcc tgg ggc cac  
 528  
 Ser Ala Ser Lys Ala Ala Ser Asp His Leu Val Arg Ala Trp Gly His  
 165 170 175  
 acc tat ggc ctg ccg gtg gtg ctg tcg aac tgc tcg aac aat tac ggg  
 576  
 Thr Tyr Gly Leu Pro Val Val Leu Ser Asn Cys Ser Asn Asn Tyr Gly  
 180 185 190  
 ccg ttc cac ttc ccc gag aag ctg atc ccg ttg acc atc ctc aac gcg  
 624  
 Pro Phe His Phe Pro Glu Lys Leu Ile Pro Leu Thr Ile Leu Asn Ala  
 195 200 205  
 ctc gag ggc aag ccg ctg ccg gtc tac ggc aag ggc gag aat atc cgc  
 672  
 Leu Glu Gly Lys Pro Leu Pro Val Tyr Gly Lys Gly Glu Asn Ile Arg  
 210 215 220  
 gac tgg ctg tat gtc gac gat cac gcc aag gcg ctg gcg acc atc gcc  
 720  
 Asp Trp Leu Tyr Val Asp Asp His Ala Lys Ala Leu Ala Thr Ile Ala  
 225 230 235 240  
 acc acc ggc aag gtc ggc cag agc tac aat gtc ggc ggc cgc aac gag  
 768  
 Thr Thr Gly Lys Val Gly Gln Ser Tyr Asn Val Gly Gly Arg Asn Glu  
 245 250 255  
 cgg acc aac ctg cag gtg gtc gag acg atc tgc gac ctg ctc gac cag  
 816  
 Arg Thr Asn Leu Gln Val Val Glu Thr Ile Cys Asp Leu Leu Asp Gln  
 260 265 270  
 cgc att ccg ctg gcc gac ggt cgc aag cgc cgc gaa ctg atc acc ttc  
 864  
 Arg Ile Pro Leu Ala Asp Gly Arg Lys Arg Arg Glu Leu Ile Thr Phe  
 275 280 285  
 gtc acc gat cgc ccc ggc cat gac cgc cgc tac gcg atc gac gcg acc  
 912  
 Val Thr Asp Arg Pro Gly His Asp Arg Arg Tyr Ala Ile Asp Ala Thr  
 290 295 300  
 aag ctc gag acc gag ctg ggc tgg aag gct gag gag aat ttc gac acc  
 960



# ES 2 532 831 T3

Lys Leu Glu Thr Glu Leu Gly Trp Lys Ala Glu Glu Asn Phe Asp Thr  
305 310 315 320

ggc atc gcc gcg acg atc gac tgg tat ctg gcg aac gag tgg tgg tgg  
1008

Gly Ile Ala Ala Thr Ile Asp Trp Tyr Leu Ala Asn Glu Trp Trp Trp  
325 330 335

ggc ccg atc cgc tcc ggc aaa tat gcc ggc gag cgg ctg ggg cag acc  
1056

Gly Pro Ile Arg Ser Gly Lys Tyr Ala Gly Glu Arg Leu Gly Gln Thr  
340 345 350

gcc tga  
1062  
Ala \*

<210> 41  
<211> 353  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
10 <221> PÉPTIDO  
<222> (0) ... (0)  
<223> dTDP-D-glucosa-4,6-dehidratasa

<400> 41

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

# ES 2 532 831 T3

210	215	220
Asp Trp Leu Tyr Val	Asp Asp His Ala Lys	Ala Leu Ala Thr Ile Ala
225	230	235
Thr Thr Gly Lys Val	Gly Gln Ser Tyr Asn	Val Gly Gly Arg Asn Glu
245	250	255
Arg Thr Asn Leu Gln Val	Val Glu Thr Ile Cys Asp	Leu Leu Asp Gln
260	265	270
Arg Ile Pro Leu Ala Asp	Gly Arg Lys Arg Arg	Glu Leu Ile Thr Phe
275	280	285
Val Thr Asp Arg Pro Gly	His Asp Arg Arg Tyr	Ala Ile Asp Ala Thr
290	295	300
Lys Leu Glu Thr Glu Leu	Gly Trp Lys Ala Glu	Glu Asn Phe Asp Thr
305	310	315
Gly Ile Ala Ala Thr Ile	Asp Trp Tyr Leu Ala	Asn Glu Trp Trp Trp
325	330	335
Gly Pro Ile Arg Ser Gly	Lys Tyr Ala Gly Glu	Arg Leu Gly Gln Thr
340	345	350
Ala		

<210> 42  
 <211> 867  
 5 <212> ADN  
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
 <221> CDS  
 10 <222> (1)...(867)  
 <223> rmlD

<400> 42

atg cgt atc ctc gtc acc ggg cat gac ggc cag gtc gcc cag tcg ctg
48
Met Arg Ile Leu Val Thr Gly His Asp Gly Gln Val Ala Gln Ser Leu
1 5 10 15
gcc gag cag gcg gtg ggc cac gag ctg gtc ttc acc acc tac ccc gaa
96
Ala Glu Gln Ala Val Gly His Glu Leu Val Phe Thr Thr Tyr Pro Glu
20 25 30
ttc gat ctc tcc aag ccg gag acg atc gag gcc ggt gtg gcg cgg gtg
144
Phe Asp Leu Ser Lys Pro Glu Thr Ile Glu Ala Gly Val Ala Arg Val
35 40 45
cac ccg gac ctg atc gtc tcc gcc gcc gcc tac acg gcg gtc gac aag
192
His Pro Asp Leu Ile Val Ser Ala Ala Ala Tyr Thr Ala Val Asp Lys
50 55 60
gcg gaa agc gaa ccc gag ctg gcg atg gcg atc aac ggc gac ggt ccc
240
Ala Glu Ser Glu Pro Glu Leu Ala Met Ala Ile Asn Gly Asp Gly Pro
15 65 70 75 80

# ES 2 532 831 T3

ggc gtg ctg gcg cgc gcg ggc gcg aag atc ggc gcg ccg atc atc cac  
 288  
 Gly Val Leu Ala Arg Ala Gly Ala Lys Ile Gly Ala Pro Ile Ile His  
 85 90 95

ctg tcg acc gat tat gtg ttc gac ggc agt ctc gac cgc cct tgg cgc  
 336  
 Leu Ser Thr Asp Tyr Val Phe Asp Gly Ser Leu Asp Arg Pro Trp Arg  
 100 105 110

gag gac gat ccc acc ggc ccg ctc ggc gtc tat ggc gcg acc aag ctg  
 384  
 Glu Asp Asp Pro Thr Gly Pro Leu Gly Val Tyr Gly Ala Thr Lys Leu  
 115 120 125

gcc ggc gag cag gcg gtg cag gcc tcg ggt gcc acc aac gcc gtg atc  
 432  
 Ala Gly Glu Gln Ala Val Gln Ala Ser Gly Ala Thr Asn Ala Val Ile  
 130 135 140

cgg ctg gcc tgg gtc tac agc ccg ttc ggc aac aat ttc gtc aag acg  
 480  
 Arg Leu Ala Trp Val Tyr Ser Pro Phe Gly Asn Asn Phe Val Lys Thr  
 145 150 155 160

atg ctc cgc ctc gcc gag acg cgc gac gcg ctg aac gtc gtg gag gac  
 528  
 Met Leu Arg Leu Ala Glu Thr Arg Asp Ala Leu Asn Val Val Glu Asp  
 165 170 175

cag tgg ggc tgc ccc agt tcg gcg ctg gac atc gcg acc gcg atc ctg  
 576  
 Gln Trp Gly Cys Pro Ser Ser Ala Leu Asp Ile Ala Thr Ala Ile Leu  
 180 185 190

acg gtg gtc ggg cac tgg cag cag gac ggc gcg acg agc ggc ctc tac  
 624  
 Thr Val Val Gly His Trp Gln Gln Asp Gly Ala Thr Ser Gly Leu Tyr  
 195 200 205

cat ttc gcc ggc acc ggc gag acc aac tgg gcc gac ttc gca tcg acg  
 672  
 His Phe Ala Gly Thr Gly Glu Thr Asn Trp Ala Asp Phe Ala Ser Thr  
 210 215 220

atc ttc gcc gag agc gcc aag cgc ggt ggc ccc tcg gcc acc gtc acc  
 720  
 Ile Phe Ala Glu Ser Ala Lys Arg Gly Gly Pro Ser Ala Thr Val Thr  
 225 230 235 240

ggc att ccc agc tcg ggc tat ccg act ccg gcc acg cgc ccg gcc aat  
 768  
 Gly Ile Pro Ser Ser Gly Tyr Pro Thr Pro Ala Thr Arg Pro Ala Asn  
 245 250 255

tcg cgg ctg gac tgc acc cgc ttc gcg gag acc ttc ggc tac cgg gcg  
 816

# ES 2 532 831 T3

Ser Arg Leu Asp Cys Thr Arg Phe Ala Glu Thr Phe Gly Tyr Arg Ala  
260 265 270

cct gcc tgg cag gat tcg ctg aac gtc gta ctg gat cgc ctg ctc ggc  
864

Pro Ala Trp Gln Asp Ser Leu Asn Val Val Leu Asp Arg Leu Leu Gly  
275 280 285

tga  
867  
\*

<210> 43  
<211> 288  
5 <212> PRT  
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>  
<221> PÉPTIDO  
10 <222> (0)...(0)  
<223> dTDP-6-deoxi-L-manosa-dehidrogenasa

<400> 43

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

Ser Arg Leu Asp Cys Thr Arg Phe Ala Glu Thr Phe Gly Tyr Arg Ala  
260 265 270  
Pro Ala Trp Gln Asp Ser Leu Asn Val Val Leu Asp Arg Leu Leu Gly  
275 280 285

<210> 44  
20 <211> 132

<212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

5 <221> CDS

<222> (1)...(132)

<223> orf7 (parcial); función desconocida

<400> 2

10

atc	cgg	ctg	tgc	ctg	ggg	tgc	tgg	cgg	tgc	ccc	aag	gaa	atc	gcc	ggc	48
Ile	Arg	Leu	Cys	Leu	Gly	Cys	Trp	Arg	Ser	Pro	Lys	Glu	Ile	Ala	Gly	
1				5				10						15		

tgg	agc	gag	ctg	agt	cct	aag	gga	aag	cgc	gcg	gtg	cta	gag	gca	ttg	96
Trp	Ser	Glu	Leu	Ser	Pro	Lys	Gly	Lys	Arg	Ala	Val	Leu	Glu	Ala	Leu	
			20					25					30			

ccg	gcg	cgc	gaa	cgg	gag	cat	ggc	ggg	ggg	cgc	tga	132
Pro	Ala	Arg	Glu	Arg	Glu	His	Gly	Gly	Gly	Arg	*	
		35					40					

<210> 45

<211> 43

15 <212> PRT

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<400> 3

Ile	Arg	Leu	Cys	Leu	Gly	Cys	Trp	Arg	Ser	Pro	Lys	Glu	Ile	Ala	Gly
1				5				10					15		
Trp	Ser	Glu	Leu	Ser	Pro	Lys	Gly	Lys	Arg	Ala	Val	Leu	Glu	Ala	Leu
			20					25					30		
Pro	Ala	Arg	Glu	Arg	Glu	His	Gly	Gly	Gly	Arg					
		35					40								

20

# REIVINDICACIONES

- 1.- Una goma de diutano que muestra una viscosidad intrínseca mayor que 150 decilitros/gramo cuando la viscosidad intrínseca se obtiene representando gráficamente la viscosidad reducida frente a la concentración de la disolución, y extrapolando una regresión lineal de los datos hasta la concentración cero,
- 5 y que muestra una viscosidad en agua salada 3 rpm mayor o igual a 42 de la lectura del dial, cuando la lectura se toma combinando la goma de muestra con agua salada sintética y mezclando, después enfriando la disolución hasta aproximadamente 26 °C y colocándola en una plataforma de muestras Fann, en donde la velocidad se ajusta a 3 rpm y se realiza la lectura del dial; y
- 10 en la que la goma de diutano se fabrica empleando *Sphingomonas* cepa ATCC n.º 53159 que comprende un plásmido que comprende una secuencia de ácido nucleico según SEQ ID NO:1.
- 2.- La goma de diutano de la reivindicación 1 que muestra una viscosidad en agua salada 0,3 rpm mayor que 35.000 cp cuando la lectura se toma empleando un viscosímetro Brookfield con un huso LV-2C para medir la viscosidad, ajustándose la velocidad del huso a 0,3 rpm, y dejando rotar el huso durante al menos 6 minutos antes de registrar la viscosidad.
- 15 3.- La goma de diutano de cualquiera de las reivindicaciones 1 o 2, que muestra una viscosidad de baja velocidad de cizallamiento en presencia del dispersante polietilenglicol que es mayor que 3500 cp cuando la medición de la viscosidad se toma midiendo la viscosidad de una disolución al 0,25% de la biogoma en agua de grifo convencional ("Standard Tap Water", STW) empleando un viscosímetro Brookfield LV equipado con un muelle de par de torsión 2,5+ a 3 rpm utilizando el huso LV 1 después de dejar que el huso rote durante 3 minutos.
- 20 4.- Un método para producir la goma de diutano de la reivindicación 1, que comprende introducir un plásmido que comprende una secuencia de ácido nucleico según SEQ ID NO:1 en un organismo hospedante productor de diutano de *Sphingomonas* de la cepa ATCC n.º 53159, y cultivar el organismo hospedante bajo condiciones de fermentación.
- 5.- Una molécula de ácido nucleico aislada que comprende la secuencia de ácido nucleico según SEQ ID NO:1.