

(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 20 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 25 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 30 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 35 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 40 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 45 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 rhamnosa 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 50 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.

55 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

10 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.

15

20 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.

25

30

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

35 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.

40

45

50

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.

55 Tal como se indicó anteriormente, la presente invención es la culminación del desarrollo y la compresión 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.

60

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 5 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. 10 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.

15 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 20 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.

25 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 30 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 35 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 40 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.

45 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.

50 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.

55 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.

5 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.

10 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.

15 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.

20 25 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.

30 35 40 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.

45 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

50 55 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 *BamHI* 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 λ (empleando el extracto

5 de encapsulación Gigapack III Gold, de Stratagene, La Jolla, CA) y se transfecaron en células *E. coli* DH5 α 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.

10 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 glicosil 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).

20 El banco de genes del ADN cromosómico de ATCC 53159 en *E. coli* se transfirió a un mutante no mucoide (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 mobilizar 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 $[\rightarrow 4]\text{-}\alpha\text{-L-ramnosa-(1\rightarrow 3)\text{-}\beta\text{-D-glucosa-(1\rightarrow 4)\text{-}\beta\text{-D-ácido glucurónico-(1\rightarrow 4)\text{-}\beta\text{-D-glucosa-(1\rightarrow 1)}}$. Sin embargo, el diutano también incluye una cadena lateral formada por dos moléculas de rhamnosa 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 bactroprenil fosfato por la enzima glucosil transferasa I. A partir de las placas de selección de tetraciclina se aislaron las colonias productoras de polisacáridos (mucoideas) de un entorno de colonias no mucoideas. 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 mucoideas y se transfirió a *E. coli* cepa DH5 α (Life Technologies) mediante electroporación. Los plásmidos se aislaron de *E. coli* para obtener el ADN suficiente para la digestión doble con la endonucleasas de restricción *Hind*III/*Eco*RI (que cortan a ambos lados del sitio de endonucleasa de restricción *Bam*HI 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 *Bam*HI 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 mucoide 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 bactroprenil 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 mucoideas y se determinaron las secuencias finales como se describió anteriormente. Dos de estos plásmidos, pX6 y pX4, se presentan en la figura 1.

55 El ADN de S657 clonado en los plásmidos pS8 y pX6 fue completamente secuenciado mediante secuenciación de disparo bicitánera 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*.

10 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*.

20 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.

10 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).

15 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 enfriá 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 (dP). 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 CaCl₂·2H₂O 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 ± 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).

40 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

45 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 5 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 10 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, 20 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.

25 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 30 aumentos en la viscosidad intrínseca según se comprueba en la tabla que aparece más adelante.

35 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 trajeron con hipoclorito, se trajeron con glucoamilasa, se trajeron con lisozima, y por último se trajeron 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.

40 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.

45 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 impulsor con un diámetro de 6,35 cm a aproximadamente 1000 rpm en un vaso de precipitado alto de 400 ml.

50 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%.

55 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 debido 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.

30 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.

25 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

10 <120> GOMAS DE DIUTANO DE ALTA VISCOSIDAD

15 <130> 05-506, 05-506A

20 <160> 45

25 <170> FastSEQ para versión 4.0 de Windows

30 <210> 1

35 <211> 26278

40 <212> ADN

45 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

50 <400> 1

gatcaacggc	gcattgtctcg	gacggcacaa	attcgtcctg	gtcaatgtgt	ccacggtcgc
60					
ctcttcgata	ctgttccagc	tgttcccgt	tgtcgtcgcc	tggatgatecg	gcccgaccc
120					
gccaacgctg	ctgatcgccg	cgctcggtgg	ccgggcggtt	ccgatgatcg	gcatgctgcc
180					
cgcgctgtat	cgaaaccttt	tgcgcggcaa	cacgcgcgt	tttacgcaca	gcgaggcgcg
240					
cttcctgata	ggctatggcg	ggtgggcctc	gctcacgacc	gtggtagcga	ccgtgctcat
300					
gatggcggac	cgatccatgt	ttggcgcact	tcttggggcc	gtcgccgtga	ccatctacac
360					
ggccccccctg	caactcgcac	agcgcgtatc	gctgctgccc	tccgcactgt	ccgcccgcct
420					
gttcccgcgc	ctgcccagcg	cgacgcggc	ggagcgcgt	gctgttcaga	tccgctcgat
480					
gtcgctgatc	atggggcgcc	ttaccggat	gatcgccggc	ggactattgc	tggccgcgc
540					
gtttctcgat	ctctggatcg	gcaagtcgt	cggccatgcg	ggaacgcgg	tgcgcgtctt
600					
cctgttcttc	ggcgcatgg	ggaatgcgt	ggcgatcatt	tgcgtcagcg	gcctgcaggc
660					
gagcggacgg	ccgaaagcga	gcgcgatgt	ccagggggca	gagctgctac	ccgtgttgat
720					
cgcgctgtat	gcagggatcc	gatggggcg	cgtgaccggc	gccgcagcgg	tctttctggg
780					
acgctccgcc	ctggatttcg	tccgttgac	ctggcaggca	ggcctgctcc	gccagacgg
840					
gaagcaagta	tccgtatgcg	gcccgcgttct	caccgtcg	atgctgtgg	gcgcgaccta
900					
tcgctattcg	gtgcccgtct	ggtgcgta	cagcgcctgc	tgcctggtcg	cgctggcagc
960					

ctgctcctgg	tggacattgg	cgcgccagga	caaggcactg	ctgattggac	gattgagccg
1020					
aattctacca	aagcagcggc	aactcgacct	atagccttc	cgcaatgcac	cgatggacca
1080					
caccaacccg	ttttaattga	cacacacaaa	tgctacacccg	acaaagacac	aggccgagag
1140					
cgatataagaa	gcgctatgcc	tagccccagc	gtcataaaga	tgaacgggtc	attgtcacct
1200					
tgcgacagga	ctgaccgcgt	atttaaaaga	acagccagga	aagttgctac	ggcgagctca
1260					
agcgggttagc	catctccgct	catcttaaga	ccacgaaacg	cgagcaaaat	cattaacgta
1320					
atcatcgtgc	cgtatagcga	aacaaaaccc	agcaagccgt	aatcagccgc	tacggacagg
1380					
aaaccactgt	cgatcgatag	gaagccttgc	tgattacgcc	acccgacagc	gccagcaccc
1440					
tctcccgggc	catagccgaa	gaaagggcgg	cgagcgatgg	caggcacgcc	caagcgaaac
1500					
tgctcctgcc	tgccttgatt	gctaagttga	gaagcgcctc	caccgagaac	acggttgtgg
1560					
acggcaggca	cgaacatgac	cgccagcgcac	agcgccacca	tcaaggcggg	atacgtaac
1620					
gtcagcggaaa	tgccgacaag	cccgccctt	gtggtccgcc	accgcccgaat	tgcccaaata
1680					
agcaaataca	cggtatgcgc	caccaatccc	cccaccattg	ccagtcgaga	accgctaaga
1740					
aatccggacg	caactacaag	aaaatcgaag	aaaatccaaa	atgccaatct	ccctacgcca
1800					
cggaaattcg	ctatacggtg	cagcacgaaa	ggaatcgtca	aagccgtcaa	ctctccccag
1860					
acaagcggac	tgctgaaagt	cgtaaaaacg	cggtaagtac	cccggaaacc	gggcgtaagc
1920					
actacggtaa	gaaactgctc	atcaacgcgc	aggaagctcg	gaatcgagta	ggcccagagg
1980					
acgtgcttca	cccgaaactc	cagcacgcca	atcgccatca	gcacgcccac	gcaccaaaac
2040					
aagcgcgtaa	cccaccactc	cggggtgccgc	gtgtcggtcc	cgatcagcca	tagcgagatg
2100					
aatgccatcg	gctcaccgt	cagaacgatg	ccaatcaacc	gcggaattgt	ttgcgaggcc
2160					
gctggggtgcg	caatggaggc	gacgatctgg	accataatga	aggcaagcaa	tagtcgcgt
2220					
gggatcggcg	ccgcccccat	aatcgccgcc	atctcgatc	gaaacttttt	cgagaccgaa
2280					
agcgagatca	tgagcgtgag	caatgcgatc	gaaccgatca	tccgcctgat	cgagatccaa
2340					
ggcaaaccac	caacgctgag	cgcaagatag	ttcggccaca	cgagcgcgc	caccatata
2400					
gcgaggtata	gttttgcag	caggcgagta	ggcgctgcc	gacgcctcgaa	tagcgcggc
2460					
atcaactacga	gcccacatcg	aacgaggggc	acggccggga	tccgcctgat	ctggagcggc
2520					
agaactgcgg	cgagcaggcc	gtagactgctg	gcaagaaaca	tcacgctgac	cagcagaacg
2580					
gtacgcccgcg	cogcgcgt	cacgcctgat	cgctcggtt	tgttagacggg	cagtaccggg
2640					

ES 2 532 831 T3

atcgctggct 2700	ttgtcagaaa	ccgaaccagt	cgcaacctgc	gaagccgctg	catcgctccg
tggaaggccg 2760	ggcgacgaaa	cgccgaggtt	gtcgcatct	qcaagtcccc	aacaagtccc
caagaggcgc 2820	tgccgctcg	atgatcgaag	ggttcgcgaa	aagcaaggtc	gatacgccgc
actccctgct 2880	atgtgcccgc	ggatcgcagg	agggcacggg	cggcgccggc	gcaaggccgc
taaccgccccg 2940	cccccgctca	ggcgcggtac	aggttgtact	gatccgcccgt	agcgctcagt
gtcgccgcgc 3000	tgcggattgc	gccccatcgcc	cccgcggtca	tcatgtcgac	accgatcttg
ctgacgagcg 3060	cgcacgtcg	ggacgcggca	gtacctata	acagcgtact	gcccaccgtg
gccaccgtcg 3120	caagcgccgt	tgccgtgcta	gcggcgccgg	cacccgcccag	cagcgagcgc
gcctgcgcgg 3180	ccgcgcgggt	gacgaggctg	tccttgaccg	tcgcgcgcgc	gctggcgctc
gacgcggtca 3240	ccagcgcctg	cacctggcg	gcgctgatcg	cgccatcgcg	gatctcgatg
tcgcccggaccg 3300	ttcccgctgaa	tgcggtcgag	aacgggctgc	cgacatacag	cccccaggat
tcggcgccgc 3360	gggtcggtgcc	ggtcatcgtc	gctgtgcgc	gttgcattgc	gtctacgtac
agaatcgccg 3420	ttttcccgctgt	gctgtcgtag	gtcaggcgca	tcttgtgtgt	ggcagcatca
agcagcttgg 3480	cgcgcgtcg	caccattgtc	tggctgacgc	ccgcggcggt	gcgcatggtg
aagctcagtt 3540	ccccattggc	ctgcagcgaa	accgaccagc	tctgaaagat	gccaagaatt
tgcccggccg 3600	tggcccgtagc	cgagtcccgc	ttgaggtcga	agctgagcgt	gaacgcgcac
aatgcgtaaa 3660	tctgcccgcga	atagctccgg	tttagttcca	cccccggtgcc	cgtcgagacg
tggaaggcgc 3720	tgcccacgac	cgccgacacg	tccaccgcct	ttgtcgctcg	gccggatttc
cagtgcgaaa 3780	ggtccacgac	ggcgctgttg	ctgaacgaca	gatcgagcag	cagcgacgga
tttgcgcct 3840	tcgcagtcga	cagttcggtt	gtcaccttag	cgccagcagc	gtcgacacg
ggcggctgg 3900	acccgacgccc	gggaacgatc	aaatcgctga	gccgcgcgcgt	agccccatcg
ttgaggccat 3960	agatcttcgc	gatcggtgcc	gagtcactcg	tcagcgtacg	attgcctgtc
tgcacgatata 4020	tgctcgagga	gcttgcgtac	gtgatcaggt	ccgcaacatt	gttcttgatc
gtcgccat 4080	tggtttgc	gaggcgaatc	caaaatgtat	tgccatccac	ttgcgatatac
acgctattgg 4140	attcgatatt	gacattaacg	ccgttaacaa	cgttgataacc	gtggtaataa
ccattcagat 4200	agataagatt	gtttttgtat	tttacattga	catagggaaag	attaccggcc
tcgtcattca 4260	tgaaaatccc	ttgcgcgcac	gagcccgcgc	cctgcatgat	gacgttattg
gagatggtga 4320	tgttggtatt	gccccttgacc	ttgcccgcgc	tgaagaactg	aatggcgctcg

ggatgttcgg	tgcccacggg	aaacaggttc	gtgaacgaat	ttccgtcgat	gacaagattg
4380					
ttcatctcag	tgaagttcgt	atgatcgcc	cggttgtcg	ggaagctgct	gttctggacc
4440					
accatgccat	cgacgttga	ggcctaagg	cccagaccga	agtggtcgat	agacgaattc
4500					
tgcacatcgta	ccgacgtgct	gttgcgcacg	aacaagcccg	cccccttcga	gagcgaaggg
4560					
tcaccaggcgc	cgccgctgaa	ccgcacgccc	tccaaaacga	tgttggccga	accctggatc
4620					
gtattcagtc	gattccagtc	atcgccgggc	ttgtaatcg	tgcagcgcac	catgttttg
4680					
acggtaaacgt	tgctactgtt	cccgcgcacc	agcttttgg	tattgaccgg	gttcgacgag
4740					
tcgagcgcact	caattgtcac	catgctggta	aacgtcttgg	tcattacagt	gagatctgtg
4800					
tagaccccg	cggaagctt	gatggtttcg	ccaccctcg	ccgcccgcgt	tgcagcattc
4860					
aactccgtct	gattcttgac	aatgatatcc	ggcatgttga	cttaccccg	acgcacgaac
4920					
ccggggccgat	attgaccctt	ccattgtcat	aaataccaga	acagccatga	aatttgctcg
4980					
aagggataca	gttaagaact	cccttctacg	gggcccgcgt	ccggggccat	gcacgcccga
5040					
cttcgcccgg	caccgtctcg	acggcgcaac	acagtgcagc	tactagggtg	cgatgcagat
5100					
gctcccaacg	cccgatgtca	gcatactcg	ggtcgccttc	aactcgaccg	agtatatcga
5160					
agactgcctg	cgcggcatcg	ccgaaggagc	ggcaagacc	ccccacgaag	ttctgctgat
5220					
cgacaatggc	gacgggcgaa	ccgaagcgct	ggtccggcag	cggttccacc	acgtccgcac
5280					
cgttcccagt	gagggcaata	ttggtttcgg	ggccggcaat	aatgcctgg	cagcgcaggc
5340					
tgccggcccg	ctcctgctgc	tcgtcaaccc	cgatgccatt	ccccagcccg	gcgcaatcga
5400					
tcagttggtc	acctttgcca	aacagcatcc	cgaggcggcg	gcatggggcg	gccgttccta
5460					
ctcgccccagc	ggcgatctag	aacccgc当地	tttcatgtcc	ctgcccgcacgc	ccgcccactt
5520					
tctgacggcg	attttcaacg	cgcgtgcgc	acgcagcggc	gggctgcaag	aaggcgcgac
5580					
caccccccgg	gggggtcgagg	tgttgaatgg	cggcttcatg	atggtacgca	ccgatgtctg
5640					
gcaggcgcata	ggcggttttgc	acgagagctt	ttttctttat	tcggaagaga	tcgatctctt
5700					
ccagcgaatc	cgcacgttgg	ggcacaagg	gctcgtcgac	ccctcggtca	aagtggata
5760					
caatacgggg	agtggtcagt	cgatgtccca	gaaccgcctg	atgtatctca	cgaccggcg
5820					
catgcactat	gogcgaaaagc	attttggcgc	actcgccacc	cttgcacccg	ggtgccgcgt
5880					
ttggctgatc	gcccgc当地	acacgttgg	cggggcggca	ctctggcgcc	tgtcgccgcg
5940					
gacgggcacg	cgatacaaag	agctgagcaa	cgggtggcg	gccgtatata	gcaatcctgg
6000					

ES 2 532 831 T3

ccgatggtgg 6060	agcggctatc	cgcgtcgcta	aaagtccagc	tcccccccc	ctaaaggcgc
cgttggagg 6120	cggacgcatc	gttgcaccaa	cgcgcccgc	tttcagacct	tcagttcccc
gccggcggt 6180	cgcgcgtcc	gcgaagctgc	ggcggtgcgc	tgtagccgc	ctgatatttc
acggtttccc 6240	gcgccttctt	caggcggctcg	ttgagctgtg	cgtcagccgc	cttgcgaaag
cgctcggtac 6300	gcagccccgt	gagcgcgatc	tcgcgcgcct	ggtcggccgg	caccggcagc
accgtggtcg 6360	acgtgatgat	attcgcggtc	agtccctgct	gggtcggcag	gatgaacatc
tcctgtgccg 6420	gcagcgcacgc	gatcttggca	gcgatttccg	gcggcagcgc	agcggtgtcg
atctgcgacg 6480	gcgcgcgcacg	gaactggaca	ttgtccgcgg	agagcttggc	ggttagctgg
tccagcgtct 6540	tcagcggcgc	gaattgttgc	agctttgcgg	ccgagctcgg	cgagcgaag
acgacctgat 6600	cgatcgcgt	gatcttgcgc	tgcgcgaaacc	gtccggatg	cgcggcctga
tatttctcga 6660	tctcggcatac	ggtcggctgg	gcatgcgcgc	cggcgatctt	gtcgcgcagc
atggcggta 6720	ggatcagctc	gtcggcccg	cgctcctgg	tcaggaaggc	aggcgtcttg
tccagcttct 6780	gctcgcgggc	gaccttggcg	aggatcttgc	gctcgatgat	gcgctgcagc
gccagctgct 6840	cggccagctt	gcgatcggtc	cccgggggta	cctgggaggc	ctgcagttcg
gcattcagct 6900	cgaagacggt	gatttcttcg	ccatcgacgc	tggcgaccac	ctgccccttg
tcgagcttgc 6960	cgccttgc	gccacatccg	gagacggcca	gcgcggccgc	agccacccgc
gtAACCCAGGT 7020	acaatttctt	catgaagacc	tccccgcccgg	cacggaattg	cgcacggcac
aaacttctac 7080	ttgaacctat	tcggacgggc	gggcatccgc	aatagcgttg	gcagtgcagc
atggttctaa 7140	gcggagccag	gcccacacaa	gggggacgag	atggcagaag	cgaacgcgggt
agatggaaag 7200	gcctccaagc	cgctgaaaat	gtgccttgc	gcgtcgccgc	gcggccatct
ccggcaaatac 7260	ctcgatctgg	aatcggtgt	gcgcgaacac	gattatttct	tcgttactga
agataccgcg 7320	ctcggccgga	gccttgcgcga	aaaacatccc	gtcgaactgg	tggagcacta
tcgcgtcgcc 7380	caggccaagc	tggccatcc	cttgcgcatg	ctggcggcg	catggcgcaa
cctgcgcag 7440	agccttgc	tcctgcgcgc	gcacaagccg	gatgtggtga	tttccaccgg
cgccccgcga 7500	gtctatttca	ccgcgcgtct	cgccaaactg	tcggcgcaca	agttcgatcca
tatcgaaagc 7560	ttcgcgcgt	tcgaccaccc	gtctgccttc	ggcaagatgg	tgaagggcat
cgcgcacgg 7620	acgatcgtcc	agtcggccgc	gctgaaagaa	acctggcctg	atgcccagct
gttcgatccg 7680	ttccgcctgc	tcgatacacc	gcgcggcccc	aagcaggcgc	taatcttcgc

ES 2 532 831 T3

gacggtcggc 7740	gccaccctgc	cttcccgcg	gctggtgcag	gcagtgcctcg	acctgaagcg
ccgggggggg 7800	ctgccccggca	agctgatcct	gcaatatggc	gaccaggacc	tgcccgatcc
cgccatcccc 7860	gacgtcgaga	tccggcgta	catcccggtc	gacgatctgc	agctgctgct
gcgcgatgct 7920	gatatggtga	tatgccacgg	cggcacccgga	tgcgtggtca	cggcgctgct
cgccggctgc 7980	cgggtcgctcg	ccttcccgcg	ccgcccacgat	ctgggcgagc	attatgacga
tcaccaggaa 8040	gagatcgccc	agacccctcgc	cgaccggggc	ctgctccagg	cggtgcgcg
cgagcgccag 8100	ctcgccgccc	ctgtggaagc	ggccaaggca	accgagccgc	agctggcgac
caccgaccac 8160	acggccctcg	cggcgccggct	gcgcacgctg	ctggcgca	ggagtgc
gcgatgagca 8220	cgcggcgat	cagcgtcgct	atcccgact	ataacgatcc	gcaatcc
cggtctgct 8280	tggatgcgt	ggagcggcag	acgatcggtc	gcgacgcgtt	cgagatcatc
gtcggcgcaca 8340	acaattcgcc	ctgtgggctc	gcggcggtgg	aggcggcggt	cgccggacgt
gcgcggatcg 8400	tgaccattct	ggaaaagggg	gcggggcccg	cgcgcaacgg	ggcggcagcc
gcagcgcgtg 8460	gcgagatct	cgccttacc	gacagtgact	gcgtggtgg	gcccggctgg
ctggcggcg 8520	gcacgaccag	ggtcgcgcct	ggccgttca	tcggcggca	catgtatgt
cgcaggcccg 8580	aaggggccgc	gaacggcgcc	gaggcgctgg	agatggcgct	ggcggtcgac
aatgaaggct 8640	atgtgcggcg	cacccagttc	acggtcaccg	caaaccgtt	cgtgtatgcgc
gccgatttcg 8700	aacgggtcgg	cggcttccgc	gttggcgtgt	ccgaggatct	ggaatgggt
caccgggcga 8760	tcgcccagcgg	cctcaccatc	aactatgcac	cggatgcac	ggtgggcccac
ccgccccggc 8820	cgcactggtc	ggccctgctg	gtgaagacgc	ggcgcatcca	gcgcgaactc
tatctgttca 8880	acatcgagcg	gccgaagggc	aggctgcgt	ggctggtccg	ttccgtggcg
caaccggcga 8940	tgcgtccaca	ggacgtggcc	aagatcctgc	gcacaccggg	taccaaggc
gcgcgcctcg 9000	ctgcggtcac	cacgctggtc	cggctgcggc	tgtggcgcgg	cggcgccggc
ttgttgcagt 9060	tgctcgcccg	cgacatctga	tgcaccggcg	atcggccgac	gagcgcgtcg
ccggccgatc 9120	gcattgcac	agacgggtgc	cagcgcgtct	tccagcgtgc	cgctgtcgag
ccgcaggcgg 9180	ccgatcatca	gccacagata	gaccggcagc	gtatcgtcgg	tgaagcggaa
gcggcaatcg 9240	ccgtcctgcg	tttcggattc	gaggccgagt	tgaccggtga	gctcgcccag
ctcctgcctcg 9300	acctgcgcgc	ccgtgatgt	cgcgcggcgc	agcagatcca	ccacggcttg
gcgcgtgaac 9360	cagccatccg	ccgagcgcga	ggcctcgccc	agcgcggcga	cgagtggatc

ES 2 532 831 T3

gtagcggccg	ccgacgaact	tgcgcacatctc	gatcaccgcg	cgcggcggca	tgcggccctc
9420					
gatctcaagg	atcgccctgg	cgagcgcacg	acgcagatgc	ccggcgtcga	ccgtgaggcg
9480					
gccctggtcc	agggcttcca	gcgcggaatg	gtggcacagc	agccgcgcga	aatagggcga
9540					
ccccagcgcg	agcaggtgga	tcatgtgagt	caggtccgga	tcgaagcgaa	cgcggaggc
9600					
ggtttcgccg	agcgcgatca	tctcctgcac	ctccgattcc	tccagccggg	gcacatggcag
9660					
gccgatgacg	ttgcggcgga	tgcacggcgc	ataaccgatc	agtcctgca	ggttcgaggc
9720					
gacgcccgcg	atcaccagct	ggacgcgcgc	cgaacggtcc	gacaggttct	tgatcagctc
9780					
ggcgacctgc	tgacggaagg	cggaaatcgct	gacgcgatca	tattcgtcga	ggatgatcag
9840					
cacgcgtgtg	cccgtgtatgt	cggcgcacag	gtcggccagt	tgcgggggcc	cgaagctgcc
9900					
cgtcggcagg	cggtcggcca	agttccgccc	gctctccgccc	tgcggggcgt	tgggcgcccac
9960					
gccgcgatgg	aacagcagcg	gcacgtcttc	cagcacggcg	cggaagacat	cgctgaaatt
10020					
cgcgttcgca	ccgcaggtcg	catagctgac	gatatacgctg	gattcgcggg	cgacatcggt
10080					
cagcacgtgg	agcagcgagg	tcttgccgat	gccgcgctcg	ccatagagca	cgacatggct
10140					
gcccgtggctc	tcgatcgagg	agattaggcg	cggcagcacg	ccgaggcgcc	cggcgaagct
10200					
cgaccgatcg	gccaccggct	gggtgggtgt	gaagaaggtc	gccagcgcga	accggggcgcg
10260					
cgtgatctcg	cggcgctcgt	cggggcgccg	atccagcggg	cggtccagcg	cggaggcacg
10320					
gaagggttggg	aaatccgggc	gaccacggcc	gctatggca	tgcgcgatgcg	gcaccactgt
10380					
cgcagtcagc	gggaaatagc	cctttttttc	aggtttttct	cgacggccga	acggccacaa
10440					
gaatctcagc	gcggaaaccta	cagccactcg	aacacccttt	aaattcgtgc	gccatcgca
10500					
ccgacggcgc	accctggttc	gcgcgcgcgc	gcgcgcgcgc	ctaacgaacc	cacgccttgc
10560					
ctggcctatac	ggcgcttgaa	gaactcgatc	ggtttgcata	ccaaggcgat	gtacgccagg
10620					
accagagcga	tcgtcaaaat	tgcaaaagacg	tgataattct	cattgcccag	ataattggcg
10680					
acggcgcaac	cgactgcggg	cggcaaatacg	ctgatcatcg	tgtcccgac	tgccgaatcg
10740					
gcttgggacc	gttgcagggaa	tataacgatc	aggccggcaa	atatcgatc	ggtgacccaa
10800					
tcatagggcg	tctgcacatgc	tgtcccttct	attcgacacc	ggaatcgac	catttccggc
10860					
gacgctattg	cacgcactag	cagtgcgcgc	ggccgcgcgc	taggtgcgc	cgcacccgat
10920					
aaaccgacgt	taagatggcg	cggctcgatc	gaaatggagt	caaacgggct	tgccggcccg
10980					
accgaagcat	ggcgccatgg	cgcacatgcacc	gtattgtac	cacgcaaacc	gcgagggtca
11040					

ES 2 532 831 T3

ttcgatgcgg	ttgcttgtac	aggaggccat	tgataatgaa	gccgagaccc	gggggaacct
11100					
ttatgcaagt	aaatttcaat	cgacaggctc	gcaagctcg	tgccggcaat	gcgctcgcg
11160					
ggggggggcc	cgtgcttgcg	ctgcttgcg	ccgcggcatg	gacacaacct	gcgctggcg
11220					
agcgacaggg	atttgagtcc	cgccccctcg	gtagcgagcg	acaggtcgat	attcgcgcga
11280					
cgggggtcgct	ggaatatgac	gacaacgtcg	tgctgaacga	ccagcggatc	acggacggcg
11340					
cgcgtggcg	tgtgatcgca	tcgcccggc	tggacgtgac	cctagttctg	cccccgcgca
11400					
ccgggcagct	ctacctcacc	ggcaatgtcg	gatatcgctt	ttacaagcga	tataccaact
11460					
ttaaccgcga	gcagatctcg	ctcaccggcg	gcmcagatca	gcggttcgcc	tcctgcgtcg
11520					
tgcacgggga	agtcggctat	cagcgccacc	tcaccgacct	gtccagcattc	ttgatccagg
11580					
acaccacgccc	tgcgctcaac	aacaccgaag	aggcccgca	gtacaccgcg	gatatcggt
11640					
goggcgcgac	ctacggcctg	cggcctgccc	tttcctacac	ccgcaacgaa	gtgcgcaaca
11700					
gccttgcgca	gcggccgatac	gcggactcga	ataccaacac	ctttaccgca	cagcttggcc
11760					
tgacttcgccc	tgccctgggg	accgtggcg	tatttggcg	tatgtccgac	agcagctatg
11820					
tccatcgcgt	cttcccccgc	attaccggcc	aggacggat	gaagagctac	gcggccggcg
11880					
tccagctcga	gcgctcggtg	gccaaccgac	tccattcaa	cggctcggtg	aattacaccg
11940					
agttgaccc	aaagctcgca	tccaccaaag	gattcaaggg	cgtaggatt	aacgtttccg
12000					
gcgatttatgc	tggtgatcg	tacagcctcc	aattgctggc	ttcacgatcg	ccccagcctt
12060					
cacttcttct	gttcgtgggt	tacgagattt	tgacagcggt	ttcggcgaat	gcgacgcgccc
12120					
ggctgagcga	tcgcattcag	atatcgctgc	aaggcagccg	aacctggcg	gagctcgcg
12180					
cttcggcgct	gctcaccaac	gtgccgattt	ccggcaacga	caacacctcg	acgttggcg
12240					
cctccgctac	cttccggccg	aatcgccggc	tgagctttgt	gctgggtgcc	ggccttcagc
12300					
ggccgaccag	caacacgcag	ctatacagtt	acagctccaa	acgcatcaat	ctctcgacgt
12360					
cgtttcgct	ctgacaagg	ccgtaatcat	gcatatcaag	aatcgcttcg	tgaatatctc
12420					
gacgttggcc	atcgccgccc	cgctggccac	gccggcggcg	gcfgcagatcc	ccacgcggtc
12480					
cgtcccccg	ccggcccccc	cgccccctgc	aacgcggccg	gcfgcaacagc	agaaccaggc
12540					
gccgtcgacg	cccgcaagcgg	caaccccccgc	gcagaccgccc	gcaaccgttg	ccctgcagc
12600					
aaccgcaccc	gcaggttaca	aaatcgccgt	ggacgacgtg	atcgaggccg	acgtgctcg
12660					
ccagaccgac	ttcaagacgc	gcccgtgt	gcaggcggac	ggcacgggtga	ccctgcccata
12720					

ES 2 532 831 T3

tctgggcgcc	gtgcaggta	agggcgagac	cgcgacactcg	ctcgccgaaa	agctggccgg
12780					
gctgctgcgc	gccccggct	attatgccaa	gccgatcgta	agcgtcgaaa	tcgtcggtt
12840					
cgtcagcaac	tatgtgacgg	tgctggccca	ggtgaacagt	tccggcctgc	agccggtcga
12900					
ccgcggctat	cacgttccg	agatcatcgc	ccgtgccggc	ggcctgcgcc	ccgaagcggc
12960					
cgatttcgtc	gttctcaccc	gcccgcgtgg	ctccagcgcc	aagctggact	acaagaagct
13020					
cgcggcaaggt	ggccccaaatg	acgatccgat	ggtgcacgccc	ggggacaagg	tctttgtccc
13080					
ggaagtcgag	catttctaca	tttatggtca	aattaacgcg	cctggcgtat	acgcgattcg
13140					
atcggacatg	acgctccgtc	gcccgcgtggc	ccagggcggt	gggcttgccc	ccgcaggctc
13200					
cgtcaagcgt	gtgaaggta	cgcggatgg	caatgaactc	aagttgaagc	tggacgatcc
13260					
gattctccca	ggcgacacga	tcgtcatcg	cgaacgattg	ttctgatctt	ggcaacgatg
13320					
gcagcggacg	aggcccacca	gtgaatatca	ttcagttctt	ccgcattctg	tgggtgcgcc
13380					
gatggatcat	cctcccccgc	tttctcggtt	gcgttaccac	tgccaccatt	gtggtccagt
13440					
ttctgcccga	acgctacaag	gccactacgc	gggtgggtct	cgacacgttt	aagcccgatc
13500					
ccgtcaccgg	acaggtgatg	agctcgca	tcatgcgcgc	ctatgtcgag	actcagaccc
13560					
agctgatcga	ggactatgcg	accgcggc	gcgtggtcga	cgaactggc	tgggtgaatg
13620					
atccggcgaa	catctccgcg	ttcaacaact	cgtccgcggc	tgccaccggc	gacatccgcc
13680					
gctggctcgc	caagcagatc	atcgacaata	ccaaggccga	tgtgatggag	gggagcaaca
13740					
tcctcgaaat	cacctattcg	gacagctcg	ccgagcgcgc	cgaacgcac	gccaacctga
13800					
tcgcacactc	gttcctcgcc	cagtcgctcg	ccgccaagcg	ccaggcccg	accaagtcgg
13860					
ccgactggta	cgcggcagcag	gccgaagctg	cccgcgattc	gctcgctgcg	gcgggtccagg
13920					
cccgccaccga	tttcgtgaag	aagaccggca	tcgtgctgac	cggaaaccggc	gcccacactgg
13980					
aaacccagaa	gctccagcag	atcgaggggc	agacgacgc	cgcacccgc	ccgggttgc
14040					
tggcccccag	cggcatggc	ccggcgcaga	tgcagctcg	ccagatcgac	cagcagatcc
14100					
agcaggcagc	gaccagccta	ggtccgaacc	acccaacttt	ccaggccttgc	cagcggcagc
14160					
gctaagggtt	cgcacaggca	gccccggcgg	aacgcgcgc	ggcgaacggc	gtatccggtc
14220					
cggcacgcgg	ggccatcgaa	agcgcagcca	acgcccagcg	cgcgcgggtt	ctcgcaatc
14280					
gtcaggatgt	cgacaagctt	acgcagctgc	agcgtgacgt	ctcgctgaag	caggatcgt
14340					
acatgaaggc	ggcacagcgc	gtcgccgatc	tgccggctgga	agcaaggcgc	aacgatgtcg
14400					

ES 2 532 831 T3

gcatgtcgac	gctcagcgaa	gcatcgccgc	cggaaacgcc	ctattacccc	aagggtgccgc
14460					
tcatcatcg	tgggtcgagcc	ggcttcggcc	tcgggctcg	tctgtggtc	gcgcgtcg
14520					
tcgagctgct	cggccgcccgc	gtccgcagcc	ccgaggatct	ggaagttgcg	atcgatgcac
14580					
cgtgtctggg	cgtgatccag	agccgcgcct	cgcttgcgc	ccgccttcgc	cgcgcacaag
14640					
aaaccctcg	cgaagggtgcc	gacacgcacg	gagcttcagt	aaactgtatgg	acgcgatgac
14700					
cagcgaaccg	ctgcccgaag	gcgatcggtcc	gagcggcgtg	ccgaccacgc	cggatacgat
14760					
cggcatgctc	gaataccagc	tcgtcctctc	cgatccgacc	gggatcgagg	cggaaagcgat
14820					
ccgcgcgcta	cgcacgcgca	tcatgaccca	gcacccgcgc	gagggccggc	gcgcgctcgc
14880					
gatctgcg	gcctcgccgg	gatccggctg	cagttcacc	gccgtcaatc	tggcgacggc
14940					
gctggcgcag	atcggcgta	agactgcgt	ggtcgatgcc	aatctgcgcg	atcccagcat
15000					
cggcgcagcc	ttcggcctcg	ccgcccacaa	gccccgcctg	gcccattatc	tcgcctcg
15060					
cgtatgtcgac	ctcgcctcga	tcatccatgc	gaccggcctc	gaccagctct	cgatcatccc
15120					
ggccgggcat	gtcgagcaca	gccccgcagga	actgctcg	tccgaacagt	tccatgatct
15180					
ggcgacgcag	ctgctgcgcg	agttcgacat	cacgatcttc	gacaccacgg	cgtccaaacac
15240					
ctgcgcgcac	gcccgcgcgt	tccgcgcata	cgccggctat	gcgatcatcg	tggcgccaa
15300					
ggatgcgagc	tacatccgcg	acgtgaacac	gctcagccgc	acgctgcgtg	cagaccgcac
15360					
caacgtcatc	ggctgcgtac	tgaacggcta	ttgatttgg	ccatatggca	gcgaccgcga
15420					
tgacgcggca	gcaggagagg	aagggcggtg	gctattggct	ggccgttgcc	ggtcttgccg
15480					
cgttaaccat	cccgacccctc	atcaccctgg	gtcgcgaggt	ttggagtgcg	gaaggcggcg
15540					
tcaggggtcc	gatcgtgctc	gccacgggcg	cctggatgct	ggcccgccag	tgctcgacga
15600					
tcgaggcgct	acgcccgc	ggcagcgtgc	tgctcggcgc	gctgttcc	ctggcgacgc
15660					
ttgccttcta	caccgttgg	cgggtgttgc	acttcatcag	tgtcgaaacc	ttcggactgg
15720					
tcgcgaccta	tctggtcgtc	gcctatctct	atttcggtgc	cagggtgc	cgtgcgcact
15780					
ggttcccggt	gctgtggctg	tttttcctgg	tgccggcc	cggctggcc	gtcgaccgc
15840					
tcacccgacc	gctcaaggag	ttegtctct	atgcggcaac	gggcctgctt	tcctgggtgg
15900					
attatccgat	cctgcgcac	ggcgtgacac	tgttgcgtgg	cccctatcag	ctgctcgatc
15960					
aagatgcctg	ttcgggtctg	cgctcgatgt	ccagcctggt	cgtcgatgc	ctgctctaca
16020					
tctacatcaa	gaacaagccg	ttctggcgct	acgcggcg	catcgacgc	ctgggtatcc
16080					

cgggtggcagt	ggtgaccaac	gtcctgcgga	tcatcatcct	ggtactgatc	acctatcatc
16140					
tggggcgacga	ggcgccgcag	agcttcctcc	acgtctccac	cggcatggtg	atgttcgtgg
16200					
tcgcctcgct	ttgcatcttc	gcgatcgact	gggtggtcga	gcaacttctt	ctcctgcgtc
16260					
ggaggcatca	tgttcaaccg	gcgtgacctg	ctgatcggcg	caggctgctt	cgccgcccgt
16320					
ggcgccctcg	tcggccctgaa	gccgcaccgg	cggatggacc	tgctggcg	caccaagctc
16380					
gacacgctga	tgcggcaaggc	attcggcgca	tggaaggcag	aggataccgg	ttcgctgatc
16440					
gogccggcgc	gcgaaggcag	cctggaggac	aagctctaca	accaggtggt	cacccgcgcc
16500					
ttctcccgcg	cggacggtgc	ccaagtgtat	ctgctgatcg	cctatggcaa	cgcccagacc
16560					
gatctactgc	agctgcaccg	gccggaaata	tgctaccctgt	tcttcggctt	caccgtggtg
16620					
gaaagccatg	agcagaccat	cccggtgacg	ccgcaggta	cgatccccgg	tcgcgcgtg
16680					
accggccacca	acttcaaccg	caccgagcag	atcctctact	ggacccgcgt	cggcgaatat
16740					
ctgcccgcaga	acggcaatca	gcagatgctc	gcgcggctga	agagccaggt	ccagggctgg
16800					
atcgtcgacg	gtgtgctgg	gcfgatctcg	acggtgacgc	ccgaggcgga	agatggcctg
16860					
agcgccaatc	tcgatttcgc	gcgcgagctg	gtgaagacgc	tcgacccgcg	cgtgctgcgc
16920					
ccgctgctcg	ggaacgggct	cacacggcag	ctcggtcacc	aggctgtaa	cggtgcgcgg
16980					
cacgcggcgc	ccccggcaac	aaaaaaaggag	cggcgcgggc	cgccgcgcgt	ccctctcctt
17040					
ctcatgcggc	gcccgtccct	caccgctcgt	gcagcgcgtc	actccccgtc	tcgagcacgg
17100					
gccccaccag	atagctgaac	agggttcgt	tgccggtgac	gatgtccgcg	ctcgcgagca
17160					
tccccggccg	cagcggcacc	tgtgcgccat	gggcacgcac	atacccgcgc	gccagcgcga
17220					
tccgcgcctt	gtagaccggc	ggctggttct	ccttcatctg	caccgcctcg	gggctgatgc
17280					
ccgcccaccgt	gcccggaaatc	atgcccgtac	gggtataggg	aaaggcctgc	agcttcacct
17340					
ttaccggcat	gcccgtgtgg	acgaagccga	tgtcgctgtt	gtcgaccatc	acctcgccct
17400					
cgagccgggc	attgtcggga	accaggctga	ggagcggctt	ggccccttac	accacgcgc
17460					
cttcgggtgt	gacctgcagc	tgcgagacgg	taccgctcac	cggcgcgcgc	agttcgccga
17520					
acgagctgcg	cagattcgcc	ttggcgacgt	cctcggccgc	ggcacgcacc	tcgtcctgcg
17580					
ccttgaccag	atcctgcagc	acctgcgcgc	gcgcctcctc	gcccgttgc	gccgacaggc
17640					
tggagacgct	cagcgactgc	tggccgagtt	tggcgagcgt	agcgcgcgc	gccgtcagg
17700					
cctgcccgtc	ggcgatcgc	tggcgacgca	tctccacgac	gcccgcgttc	gagacatagc
17760					

ccttggcggc	catcgctcg	ttcgccggcga	tctgtgttc	gagcagcggc	agcgactgtt
17820					
cgagcttccg	cacctgtgcc	tgccgcctcg	ccgcggccga	gacggcggca	ccgcgatcg
17880					
agcggcccgcc	ggccagcgcc	gcctcgatct	ggcccagccg	ggcgccggcg	aggccgatcg
17940					
gcgtcgccac	ttcgccccgg	ctggccggcgg	caggcgcgac	gaagcggaa	cccctgcgt
18000					
ccagcgcgtc	gatgatecgcc	tggttgcgtg	cggcgtcgag	ctgggcgt	agcagcgcca
18060					
ccttcgcctg	tgccgcctcc	gccgacgaca	cggtcgggtc	gagcgtgatc	agcacctggc
18120					
ccttggcgac	cttctgcccc	tcgcccacca	ggatgcggcg	gacgatcccc	gattcggcg
18180					
actggacgat	cttggtctcg	ccgatcggcg	cgatccgccc	ctgcgtcggc	gacgactt
18240					
cgaccttggc	gatcgccagc	caggcggcgg	tgatcgccag	cccgccagc	atcaccttgg
18300					
cggtaagccg	cgcgggtggc	gaaaccggcc	gctcgatgat	ctccagcg	gcaggcagga
18360					
aggcgggtgc	ataagcgtcg	acgcgggcag	gcagcacggt	atcgcgcatg	cgggcgagcg
18420					
ggccgcggcg	gcgcacatcg	acaacggcg	tcatgcggca	atctccccat	agccgcctg
18480					
gcggcggtgc	aggtcggcat	agcggccg	caggcgcaac	aattcgtcg	gtcgccgct
18540					
ctcgacgatg	cggccctgtt	cgagcgtgat	gatccggtcg	cagctgcgca	ccgcgcctcag
18600					
gcgatgcgcg	atcaccacga	gcgtgcggcc	ggccgagatg	gctcgaggt	tgttctggat
18660					
cagctcctcg	ctctcggcat	cgagcgccga	ggtcgcttcg	tcaaacacca	ggatgcgcgg
18720					
attgccgacg	agcgcgcggg	cgatggcgag	ccgctggcgc	tggccgcgg	agagattgac
18780					
gccgcgcgtcg	acgatctcg	tgtcatagcc	gcgcggctgg	cgcaggatga	aatcatgcgc
18840					
gcggccgcagc	gtcgccgcg	cgacgacatt	ctcgaacggc	atggcggggt	tggagagcgc
18900					
gatgttctcg	cggatcgagc	ggctgaacag	cagattctcc	tgcagcacga	cgcgcgt
18960					
gcgacgcagc	caggcggat	cgagctgcgc	cacgtcgacc	tgcgtcgacca	gcacgcggcc
19020					
gagattcgcc	agggtgagcc	gctggagcag	cttggccagc	gtcgacttgc	ccgagcccga
19080					
cgaaccgacg	atgccgagcg	aggtgcccgc	cggaaatgtcg	agcgtgatgt	cgctcagcac
19140					
cggcggctgg	tcctcggcat	agcggaaagct	gacattctcg	aagcgaatcg	caccgcgcag
19200					
caccggcagc	gtcgccgcg	aggccggcg	cggttccacc	ggatgggtga	gcacgtcgcc
19260					
cagccgcctcg	accgagatgc	gcacctgtcg	gaaatcctgc	cacagctgcg	ccatgcggat
19320					
caccggcccg	gacacgcgct	gggcgaaacat	gttgaacgcc	accagcgccg	ctacgctcat
19380					
cgcgcgcggc	atcaccgcct	tggcgccgaa	gaacaggatc	gccgcgaagc	tcagcttcga
19440					

gatcagctcg	atcgccctggc	tgccgggtgtt	ggcggttattg	atcagccgct	gcgacgcggc
19500					
ggtatgggcg	gcgagctggc	gctcccagcg	attctgcacag	tgcggctcg	ccgcggctcg
19560					
cttgatctgt	tggatgccc	agacgctctc	gacgagcagc	cggttgcgtt	cggagctctt
19620					
ctcgaacttg	tcctccaccc	gcgcgcggag	cggcccgccg	acgctgaacg	atacgatcgc
19680					
ataggcgtac	agcgacacga	gcacgatgcc	cgagagcatc	ggcgagtaga	acagcatcgc
19740					
ggcgaggaac	acgaaggtga	acagcgggtc	caccatcacc	gtcagcgagg	cgctggtaag
19800					
gaattcgcgg	atcgctcga	gctggcggac	gcgggtgacg	gtgtcgccca	cgcggcgctt
19860					
ctcgaaatag	gcgagcggca	gcgcgcagcag	gtggtggaaac	agccgggcac	ccagctcgac
19920					
gtcgatcttc	tgcgtcgtct	cggtaacag	gcgggtgcgg	atccagccga	gcgcacttc
19980					
ccacaccgaa	accgcccagga	aggcgaaggc	gagcacgctc	agcgtgctca	tgctgttgt
20040					
gatcagcacc	ttgtcgatca	cgctctggaa	caacagcggc	gcggcgaggc	cgagcaggtt
20100					
gagcgcgagg	gtgatgccga	gcacctcgag	gaacagcgtg	cgatagcgcc	ggaactgcgc
20160					
ggtaaccag	gagaggccga	accgcagcgg	ccgtcccgcc	accgcgcggg	tggtgagcag
20220					
caccagcgcg	ccggaccaga	tgcgtccag	cgcgtcccg	tgcacctgtt	ccggggcatg
20280					
gcccgccgcg	tggatgatca	cgccatgttc	ggtcaggccg	ccgatcacga	accagcttc
20340					
gggcccgtcg	gcatcgccgg	gcagcggctg	gcgggcgagt	ccgcccgcgc	gcaccccgac
20400					
ggccttggcg	cgcacgcct	gctggcgctt	ggccaggagg	atcaggtcgt	cggcgcttgc
20460					
cgcctcgca	tggcccagcg	cgtggcgca	ctgttcggc	gtgatggcga	tgttgtgcgc
20520					
gcccgcgc	agcgacaacg	ccaccagtc	ggattcgcgc	agctccgcct	cgcgcctccgc
20580					
cgcggccatgg	gcccgcgc	cgtctgcag	ggtggcctgc	atttcgctgc	gtgtcatttc
20640					
cgaactctg	cctccatggc	gatactgaga	gcgcgcgtat	gaagaaggct	ggtaaaagact
20700					
cacttaatcc	tagctttct	ggtatttacc	cgtagctgcc	gacccgattt	gggacaggcc
20760					
tggcttagca	ggtccttaaa	ctcgaccgac	tataccgcga	cgccgaggag	ggggaggatt
20820					
ggcgccgc	cgcgcggcga	aacgcgggtg	cgtcgcaaca	tttcgcgg	gtcgatccgt
20880					
cgcgaatgct	gcaccccgca	acgcaatgac	ggccgcac	caatccggct	tgtccccgg
20940					
cggcggatcg	cgataagccg	cgcacggc	gccaaaactc	gtcgaaataa	ccgacaaaac
21000					
cacggcatat	ggctggat	tgcagcgttt	gccctgcgtt	tccgtcgctc	aaccgcctt
21060					
cgaatcaggc	aggcccagcg	tgaccatgat	tgatcttc	cttggAACGG	cacactttgg
21120					

tcgacacgg	gacttccgt	cggcaattg	tcccgttata	gtgcaatgca	acaggccgaa
21180					
tcggccgctg	tcggcgtgca	cattccgttg	agggagcccg	atgaggcaat	gaacgcttcc
21240					
gaagcacagc	gcgccttga	ggagcaactt	cgggcgcatt	cccgggttac	gccatctgcc
21300					
gctcccgtgt	ggcgtcgctc	gacgctgcgg	atggtcctct	ataccgagtt	gctgctgctg
21360					
gacagtctct	cgatcctggc	cggattccac	gtcgccggcgg	gcacgcgcga	cggcaactgg
21420					
ctgtcgctgg	cgggcatcaa	cgtccggcgtc	ttcctgctgc	cgatcgctct	cggcaccgcg
21480					
ctcgcaagcg	gcacctactc	gctgaactgc	ctgcgctacc	cggtcagcgg	cgtgaagagc
21540					
atcttctcg	cattttctt	ctcgatcttc	gtcgccctgc	tcggcagcta	cctgctgacg
21600					
gccgagctgc	cgctgtcccg	cgtcagcgtg	gcggagggcg	cgatcctctc	gctggtcctc
21660					
ctgatggtgg	gcccgcgtat	gttccgcccgc	cacgtccgcg	cggttaccgg	cggcaggctg
21720					
ctcgacgaac	tggtcatcat	cgacggcgtc	tcgctcgacg	tcgcgggcaa	tgcggtcgctg
21780					
ctcgacgcgc	ggatcatcaa	tctctcgccg	aaccgcgcg	atccgcaaat	gctgcatcg
21840					
ctgggcacca	ccgtgatcg	gttcgaccgg	gtgatcgtcg	cctgcaccaa	ggagcatcg
21900					
gcgggtctggg	cgctgctgct	caagggcatg	aacatcaagg	gcgagatcct	cgtccccag
21960					
ttaaatgcgc	tgggcgcgat	cggcgtggac	gccttgacg	ggaaggatac	gctggtcgtc
22020					
tcgcagggcc	cgctcaacat	gccaaccgc	gcgaagaagc	gcgcgctcg	tctcgcgatc
22080					
accgtaccgg	ccgtgctcgc	gctggcgccg	ctgatgatcc	tggtggcgat	cctgatcaag
22140					
ctggagagcc	cgggcccgt	gttggtcg	caggatcg	tggcccg	caaccggctg
22200					
ttaaagatca	tgaagttccg	ctcgatgcgc	gtaacgtgt	gcgacgcgaa	cggcaacgtc
22260					
tcggccagcc	gcgacgacga	tcgcatcacc	aaggtcggcc	gttcatccg	caagaccagc
22320					
atcgacgaac	tgccgcagct	gctgaacgtg	ctgcgcggcg	acatgagcgt	cgtcgccccg
22380					
cggccgcatg	cgctgggctc	gcccgcgcgc	gatcacctgt	tctggaaat	cgacgagcgc
22440					
tactggcacc	gccacacgct	caagccgggc	atgaccggc	tggcccaggt	gcgcggttc
22500					
cgcggggcga	ccgatcgccg	cgtcgatctg	accaaccggc	tccaggcaga	catgaaat
22560					
atcgacggat	gggatatctg	gcgcgatatc	acgatcctgt	tcaagacgct	gcgggtgatc
22620					
gtgcattcga	acgcattctg	atccgcgcac	gacgctggc	cgcagcctcg	atccgcaaat
22680					
ggattgacag	cggcccggt	tccgtttct	cgtttgattt	tctgtgcggc	cggtccgcgc
22740					
catggggat	tactgaatga	agggcatcat	ccttgccggg	ggcagcggga	cgcgcctgt
22800					

ES 2 532 831 T3

ccccgcaacg	ctatcgatct	cgaaggcagct	gcttcccgtc	tatgacaagc	cgatgatctt
22860					
ctatccgctg	tcgggtgctga	tgctcaccgg	catccgggac	atcctgatta	tctccacccc
22920					
gcgcgacctg	ccgatgttcc	aggcgctgct	gggcgacggc	tcggccttgc	gcatcaacct
22980					
cagctatgcc	gagcagccct	cccccaacgg	gctggccgaa	gcgttcatca	tcggcgcgga
23040					
tttcgtcggc	aacgatccca	gcgcgctgat	cctggcgcac	aacatctatc	acggcgaaaa
23100					
gatgggcgag	cgctgccagg	cagccgcagc	gcagggcagcg	cagggcggtg	caaacgtctt
23160					
cgcctatcat	gtcgacgacc	ccgagcgcta	cggcgtggtc	gcgttcgacc	cggagacggg
23220					
cgtcgccacc	agcgtcgagg	aaaagccggc	cgagcccaag	tccaaactggg	cgatcaccgg
23280					
cctgtatssc	tacgacaagg	acgtggtcga	catcggcaag	tcgatccagc	cctcgccg
23340					
cggcgaactc	gagatcaccg	acgtcaaccg	cgtttacatg	gagcgcggcg	acctgcacat
23400					
caacgcgcctc	ggccgcggct	atgcctggct	cgacaccggc	acgcatgaca	gcctgcacga
23460					
agccggctcg	ttcggtcgca	cgctcgagca	tcggacgggc	gtgaagatcg	cctgcccgg
23520					
ggaaatcgcc	ttcgaaagcg	gctggctcg	cgccgaagac	ctgctcaagc	gcgcgcgg
23580					
cctcggcaag	accggctatg	ccgcctatct	ccgcaaggtt	gcgaccgcag	catgaccag
23640					
gtccatcatc	acgaactgtc	cggcgtcatc	gagttcacgc	cgcccaaata	tggcgaccac
23700					
cgcggcttct	tctccgaagt	gttcaagcag	tcggtgctcg	atgcccgaagg	cgtcgaggca
23760					
cgcgtgggtgc	aggacaatca	gagttctcg	gcggccccgg	gcacgatccg	cggcctgcat
23820					
ctccaggcgc	cgccttcgc	ccaggccaag	ctggtccgcg	tgttgcgcgg	cgcgatcttc
23880					
gacgtcgccg	tcgacatccg	tcgeggctcg	cccacctatg	gcaaatgggt	cggcgatcgag
23940					
ctctcgcccg	agaagtggaa	ccagctgtcg	gtccccgcgg	gctatgcgc	cggcttcatg
24000					
acgctcgatc	cggattgcga	gatcctctac	aaggtcagcg	ccaaatattc	gaaggattcg
24060					
gagatggcga	tccgttggga	cgatcccgat	ctcgccatcg	cctggccgga	catcgccgtc
24120					
gagccgggtcc	tctccgaaaa	ggacgcggtc	gccacggcc	tccggcaatt	caacaccccc
24180					
ttcttctatc	agggtctgagc	catgcagcag	actttcctcg	tcaccggcgg	cgccggcttc
24240					
atcggctcg	cggtggtgcg	ccacctcg	cgccaggcg	cgcgatcgat	caatctcgac
24300					
aagctcacct	atgccggcaa	cccgccctcg	ctgactgcga	tcgagaacgc	gccccactat
24360					
cgcgtcgatc	atgccgacat	cgccgacacc	gcgacgatcc	taccgctgct	gcgcgaggag
24420					
cagggtcgatc	tggtgatgca	cctcgccgccc	gagagccatg	tcgatcgctc	gatcgacggc
24480					

ES 2 532 831 T3

cctggcgagt	tcatcgagac	caatgtcgtc	ggcaccttca	agctgctcca	gtcggcgctg
24540					
caaatattggc	gcgagctgga	gggcgagaaaa	cgcgacgcgt	tccgcttcca	ccacatctcc
24600					
accgacgaag	tgttcggcga	cctgcccgttc	gacagcggca	tcttcaccga	agagacgccc
24660					
tatgatccct	cctcgcccta	ttcggcgctcg	aaggcggcga	gcgaccatct	ggtgccgcgc
24720					
tggggccaca	cctatggcct	gccggtggtg	ctgtcgaact	gctcgaacaa	ttacggcccg
24780					
ttccacttcc	ccgagaagct	gatcccgttg	accatcctca	acgcgctcga	gggcaagccg
24840					
ctgccggctct	acggcaaggg	cgagaatatc	cgcgactggc	tgtatgtcga	cgatcacgccc
24900					
aaggcgctgg	cgaccatcgc	caccaccggc	aaggtcggcc	agagctacaa	tgtcggcggc
24960					
cgcAACGAGC	ggaccaacct	gcaggtggtc	gagacgatct	gcgacctgct	cgaccagcgc
25020					
attccgctgg	ccgacggctcg	caagcgccgc	gaactgatca	cttcgtcacc	cgatcgcccc
25080					
ggccatgacc	gcccgtacgc	gatcgacgcg	accaagctcg	agacccgagct	gggcttggaaag
25140					
gctgaggaga	atttcgacac	cggcacgcgc	gcgacgatcg	actggtatct	ggcgaacgag
25200					
tgttggtggg	gcccgtatccg	ctccggcaaa	tatgcggcgc	agcggctggg	gcagaccggcc
25260					
tgatgcgtat	cctcgtcacc	gggcatgacg	gccaggtcgc	ccagtcgtcg	gccgagcagg
25320					
cgtggggcca	cgagctggtc	ttcaccacct	acccccaatt	cgatctctcc	aagccggaga
25380					
cgatcgaggc	cggtgtggcg	cgggtgcacc	cggacctgat	cgtctccgc	gccgcctaca
25440					
cggcggtcga	caaggcggaa	agcgaaccccg	agctggcgat	ggcgatcaac	ggcgacggtc
25500					
ccggcgtgct	ggcgccgcgc	ggcgcaaga	tcggcgcgc	gatcatccac	ctgtcgaccg
25560					
attatgtgtt	cgacggcagt	ctcgacccgc	cttggcgcga	ggacgatccc	accggccccgc
25620					
tcggcgtcta	tggcgcgacc	aagctggccg	gcgagcaggc	ggtgcaggcc	tcgggtgcca
25680					
ccaaacgcccgt	gatccggctg	gcctgggtct	acagcccgtt	cggcaacaat	tgcgtcaaga
25740					
cgtatgcgtccg	cctcggcgag	acgcgcgacg	cgctgaacgt	cgtggaggac	cagtggggct
25800					
gcggcggatcc	ggcgctggac	atcgcgaccg	cgatcctgac	ggtggtcggg	cactggcagc
25860					
aggacggcgc	gacgagcggc	ctctaccatt	tcggccgcac	cggcgagacc	aactggggccg
25920					
acttcgcata	gacgatcttc	gccgagagcg	ccaagcgcgg	tggccctctcg	gccaccgtca
25980					
ccggcattcc	cagctcgcc	tatccgactc	cggccacgcg	cccgcccaat	tcgcggctgg
26040					
actgcacccg	cttcggcgag	accttcggct	accggcgcc	tgcctggcag	gattcgctga
26100					
acgtcgta	ggatcgccctg	ctcggctgat	ccgaaacggg	gggcctcagc	gccccccggcc
26160					
atgctccgt	tcgcgcgcgc	gcaatgcctc	tagcaccgcg	cgcttccct	taggactcag
26220					
ctcgctccag	ccggcgattt	ccttggcgca	ccgcccgcac	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 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 Leu Leu
 165 170 175

 ctg gcc gcg ccg ttt ctc gat ctc tgg atc ggc aag tcg ctc ggc 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 ggc 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 ggc 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 ggc ggc gtg acc ggc 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 ggc ctg ctc cgc cag acg gtg aag caa gta tcc gta tgc ggc 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 ggc 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

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

10 <220>
 <221> PÉPTIDO
 <222> (0) ... (0)
 <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 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
 145         150         155         160
Ser Leu Ile Met Gly Gly Leu Thr Gly Met Ile 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 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
 225         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
 305         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

```

15 <210> 4
 <211> 1626
 <212> ADN
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

20 <220>
 <221> CDS
 <222> (1) ... (1626)
 <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 cg_g cag gc_g cct act cg_c 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 gc_g gc_g ctc gtg tgg cc_g aac tat ctt gc_c 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 tc_g atc agg cg_g atg atc ggt tc_g atc
 432
 Val Gly Gly Leu Pro Trp Ile Ser Ile Arg Arg Met Ile Gly Ser Ile
 130 135 140

gca ttg ctc ac_g ctc atg atc tc_g ctt tc_g gtc tc_g 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 gc_g gc_g att atg cg_g gc_g cc_g atc cca tc_g cg_a 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 gc_g acc cca
 576
 Leu Leu Ala Phe Ile Met Val Gln Ile Val Ala Ser Ile Ala Thr Pro
 180 185 190

gc_g gcc tc_g caa aca att cc_g cg_g ttg att gc_g atc gtt ctg ac_g gt_g
 624
 Ala Ala Ser Gln Thr Ile Pro Arg Leu Ile Gly Ile Val Leu Thr Val
 195 200 205

ac_g cc_g atg gca ttc atc tc_g cta tgg ctg atc ggg acc gac ac_g cg_c
 672
 Thr Pro Met Ala Phe Ile Ser Leu Trp Leu Ile Gly Thr Asp Thr Arg
 210 215 220

acc cc_g gag tgg tgg gtt ac_g cg_c ttg ttt tgg tgc gt_g gc_g gt_g ct_g
 720
 Thr Pro Glu Trp Trp Val Thr Arg Leu Phe Trp Cys Val Gly Val Leu
 225 230 235 240

atg gc_g att gc_g gt_g ct_g gag ttc cg_g gt_g aag cac gtc ctc tgg gc_c
 768
 Met Ala Ile Gly Val Leu Glu Phe Arg Val Lys His Val Leu Trp Ala
 245 250 255

tac tc_g att cc_g agc ttc ctg cg_c 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

gt_g ctt ac_g cc_c ggt ttc cg_g ggt act tac cg_c gtt ttg ac_g 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 gtc 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

ttt gtt tcg 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>

<221> PÉPTIDO

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

<223> polimerasa putativa

<400> 5

Met 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 Lys Lys Phe Arg

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						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						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						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						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
<222> (1)...(1998)
<223> dnsR

<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 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 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 Gln Ala
 580 585 590
 gct gcg ctg ctg gcg ggt gcc ggc 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
 5 <210> 7
 <211> 665
 <212> PRT
 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159
 <220>
 <221> PÉPTIDO
 10 <222> (0)...(0)
 <223> liasa putativa
 <400> 7
 Met Pro Asp Ile Ile Val Lys Asn Gln Thr Glu Leu Asn Ala Ala Ile
 15 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 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 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

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 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 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 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

15 165 170 175

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 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

gct ctc agc ggg ctg cgt acc gag cgc ttc ggc aag 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 gct cgg gaa acc gtc 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 Leu Tyr Leu Val Thr Ala Val Ala Ala Ala Leu
 35 40 45
 Ala Val Ser Gly Cys Gly Lys Gly Lys Leu Asp Lys Gly Gln
 50 55 60
 Val Val Ala Ser Val Asp Gly 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
 Ile Asp Gln Val Val Phe Ala Pro Pro Ser Ser Ala Ala Lys Leu Lys
 180 185 190

15

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

5 <212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

<221> CDS

10 <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 cat ctc cgg caa atc ctc gat
96
Met Cys Leu Ala Ala Ser 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

15 ctg 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

 cg^g cac aag cc^g gat gt^g gt^g att tcc acc gg^c gg^c gg^c gca gtc tat
 336
 Arg His Lys Pro Asp Val Val Ile Ser Thr Gly Ala Gly Ala Val Tyr
 100 105 110

 tt^c acc gg^c ct^g ct^c gg^c aaa ct^g tc^g gg^c gg^c aag tt^c gtc cat at^c
 384
 Phe Thr Ala Leu Leu Ala Lys Leu Ser Gly Ala Lys Phe Val His Ile
 115 120 125

 gaa agc tt^c gg^c cg^c tt^c gac cac cc^g tct gg^c tt^c gg^c aag at^g gt^g
 432
 Glu Ser Phe Ala Arg Phe Asp His Pro Ser Ala Phe Gly Lys Met Val
 130 135 140

 aag gg^c at^c gg^c ac^g gt^g ac^g at^c gtc ca^g tc^g gg^c gg^c ct^g 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 gg^c gag ct^g tt^c gat cc^g tt^c cg^c ct^g ct^c gat aca
 528
 Thr Trp Pro Asp Ala Glu Leu Phe Asp Pro Phe Arg Leu Leu Asp Thr
 165 170 175

 cc^g cg^c cc^c aag ca^g gg^c ct^a at^c tt^c gg^c ac^g gtc gg^c gg^c acc
 576
 Pro Arg Pro Pro Lys Gln Ala Leu Ile Phe Ala Thr Val Gly Ala Thr
 180 185 190

 ct^g cc^c tt^c cc^g cg^g ct^g gg^c at^c gca gt^g ct^c gac ct^g aag cg^c gg^c
 624
 Leu Pro Phe Pro Arg Leu Val Gln Ala Val Leu Asp Leu Lys Arg Ala
 195 200 205

 gg^c ggg ct^g cc^g gg^c aag ct^g at^c ct^g caa tat gg^c gac ca^g gac ct^g
 672
 Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ile Leu Gln Tyr Gly Asp Gln Asp Leu
 210 215 220

 ccc gat cc^c gg^c at^c cc^c gac gtc gag at^c cg^c cgt acc at^c cc^c tt^c
 720
 Pro Asp Pro Gly Ile Pro Asp Val Glu Ile Arg Arg Thr Ile Pro Phe
 225 230 235 240

 gac gat ct^g ca^g ct^g ct^g gg^c gat gg^c gat at^g gt^g ata tg^c ca^c
 768
 Asp Asp Leu Gln Leu Leu Arg Asp Ala Asp Met Val Ile Cys His
 245 250 255

 gg^c gg^c acc gg^a tc^g ct^g gtc ac^g gg^c ct^g gg^c gg^c tg^c cg^g 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 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 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															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
															30

cgc	gac	gac	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
															45

ctc	gcg	gct	gag	gct	gac	gcc	gga	cgt	gct	cg	atc	gtg	acc		
192															

Leu	Ala	Ala	Val	Glu	Ala	Ala	Val	Ala	Gly	Arg	Ala	Arg	Ile	Val	Thr
															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 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 cg^g ctg cg^g
 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 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

ES 2 532 831 T3

<212> ADN
<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

5 <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 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

tcc 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 ccg 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 ccg 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 ctc 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 gtc 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 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 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

ggc 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 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 ggc 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 ccc 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
 cg^g ctc gac agc ggc acg ctg gaa gac ggc 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 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 Asp Glu
 50 55 60
 Arg Arg Glu Ile Thr Arg Ala Arg Phe Ala Leu Ala Thr 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 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

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 tag cct gcc ctg ggg acc gtg cgc gta ttt
720
Ala Gln Leu Gly Ile 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 tcg 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 gcg 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 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 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 ctc 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 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 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

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 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 ccg 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 ctc ctc cgc cgc
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

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 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 ggc 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 ctc gcg 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

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 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 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

<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 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 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

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 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 ccg ccg 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 ccg 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 ccg 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 ccg 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

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>

<221> PÉPTIDO

10 <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

15

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

5 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)...(1395)
 <223> atrD
 <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 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 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 ggc 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 ggc gag gca cag gca cag gtg
 624
 Asp Arg Gly Ala Ala Val Ser 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 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 ggc 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

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

 ggt 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

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 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 ctc ggc gcg cac aac atc gcc atc acg ccc gaa
144
Ala Leu Ser 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

gag 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 gcc ctc aac ctg ctc ggc ctc gcc gcg 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 ccc 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 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 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 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 ggc 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 ccg ctc aac ctg ccg aat ctc ggc ccg 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 ccg tcg atc ccg
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 ccg 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 ccg 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 ccg cag ccg ctc gcc atc gcc ccg 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 ccg 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

ES 2 532 831 T3

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 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

ES 2 532 831 T3

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 gac agt ctc tcg
 144
 Leu Arg Met Val Leu Tyr Thr Glu Leu Leu Leu Asp Ser Leu Ser
 35 40 45

atc ctg gcc gga ttc cac gtc 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 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 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 tcg cag ggc cgg 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 ccc
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

ggc 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

<210> 35
 <211> 470
 <212> PRT
 5 <213> Sphingomonas sp. ATCC53159

 <220>
 <221> PÉPTIDO
 <222> (0)...(0)
 10 <223> glucosil-isoprenilfosfato transferasa I

 <400> 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 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 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 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

ES 2 532 831 T3

290	295	300
Leu Glu Ser Pro Gly Pro Val Leu Phe Ala Gln Asp Arg Val Gly Arg		
305	310	315
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 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
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

210-33

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

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 aac gac 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 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 gac gtc ccc 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 timidiltransferasa

<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 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 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 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 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

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 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>

<221> PÉPTIDO

10 <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 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	65	70
	75	80

15

ES 2 532 831 T3

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

15 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

ES 2 532 831 T3

<212> ADN

<213> Sphingomonas sp. ATCC53159

<220>

5 <221> CDS

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

<223> orf7 (parcial); función ddesconocida

<400> 2

10 atc cgg ctg tgc ctg ggg tgc tgg cgg tcg 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 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 Arg
20 35 40

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 polietenglícil 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.