

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 802 949**

51 Int. Cl.:

C12N 9/10 (2006.01)
C12N 15/54 (2006.01)
C12N 15/63 (2006.01)
C12N 15/77 (2006.01)
C12N 9/12 (2006.01)
C12P 13/08 (2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **24.06.2014 PCT/KR2014/005576**
87 Fecha y número de publicación internacional: **31.12.2014 WO14208981**
96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **24.06.2014 E 14817261 (2)**
97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **27.05.2020 EP 3015546**

54 Título: **Microorganismo con productividad de L-lisina aumentada y procedimiento para producir L-lisina utilizando el mismo**

30 Prioridad:

25.06.2013 KR 20130073309

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

22.01.2021

73 Titular/es:

**CJ CHEILJEDANG CORPORATION (100.0%)
Dongho-ro 330, Ssangnim-dong, Jung-gu
Seoul 100-400, KR**

72 Inventor/es:

**PARK, SANG HEE;
MOON, JUN OK y
LEE, KWANG HO**

74 Agente/Representante:

GONZÁLEZ PECES, Gustavo Adolfo

ES 2 802 949 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

Microorganismo con productividad de L-lisina aumentada y procedimiento para producir L-lisina utilizando el mismo

Campo técnico

5 La presente solicitud se refiere a un microorganismo con la productividad de L-lisina aumentada y a un procedimiento para producir L-lisina utilizando el mismo.

Antecedentes de la técnica

10 En todo el mundo, se han utilizado diversos procedimientos de fermentación con microorganismos para la producción en masa de productos útiles tales como aminoácidos, etc. En concreto, se han desarrollado muchas tecnologías, entre ellas el desarrollo de cepas bacterianas y el establecimiento de condiciones de fermentación, para lograr una fermentación satisfactoria utilizando microorganismos. Para desarrollar cepas bacterianas para la producción en masa de productos útiles, se utilizan adecuadamente factores genéticos que intervienen directa o indirectamente corriente abajo de la ruta glucolítica para desarrollar una cepa con una mayor eficiencia. Una técnica representativa es la ingeniería de maquinaria de transcripción global (gTME) que induce mutaciones aleatorias en el reclutamiento de proteínas de la ARN polimerasa para regular todas las expresiones genéticas en las células.

15 La ARN polimerasa utilizada en un paso de la transcripción de un microorganismo es una macromolécula que consiste en 5 subunidades; dos subunidades alfa, beta, beta prima y sigma. Su holoenzima se expresa como $\alpha_2\beta\beta'\sigma$. De ellas, se utiliza una enzima central ($\alpha_2\beta\beta'$) en todos los pasos de la transcripción, excluyendo el paso de iniciación de la transcripción. En los microorganismos, la transcripción empieza con la unión específica de la ARN polimerasa a un promotor, y la holoenzima se une con el ADN en la región aproximadamente 45 pares de bases corriente arriba y aproximadamente 10 pares de bases corriente abajo del punto de inicio de la polimerización del ARN.

20 La subunidad beta prima de la ARN polimerasa de *E. coli* tiene una región de A~H muy conservada evolutivamente. En muchos estudios se ha descrito que la inducción de mutaciones en esta región provoca diferentes cambios, tales como el debilitamiento de la unión de la ARN polimerasa con otros factores, aumento de la sensibilidad a la temperatura de crecimiento de la cepa, etc. Sin embargo, no se han realizado estudios sobre la aplicación de la gTME a una cepa bacteriana perteneciente al género *Corynebacterium* y sobre cambios en características mediante mutaciones.

25 Los genes que codifican las subunidades beta y beta prima de las subunidades que constituyen la ARN polimerasa de una cepa bacteriana del género *Corynebacterium*, concretamente, rpoB y rpoC, forman un operón, y consisten en nucleótidos de 3,5 kb y 4,0 kb, respectivamente.

30 Los presentes inventores introdujeron mutaciones aleatorias en rpoC, que deriva de la cepa bacteriana perteneciente al género *Corynebacterium*, y examinaron un mutante que contribuye a mejorar la productividad de L-lisina. Descubrieron que la introducción de mutaciones en las regiones correspondientes a G y H de la RpoC derivada de *E. coli* mejora enormemente la productividad de lisina, completando así la presente solicitud.

35 Binder y col. (Genome Biology, Biomed Central Ltd, 2012, 13; 5; R40) desvela un procedimiento para visualizar las concentraciones de metabolitos intracelulares dentro de células individuales de *E. Coli* y *C. glutamicum* que acelera el proceso de cribado de los productores.

Descripción detallada de la invención

Problema técnico

La presente invención proporciona una subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, que es capaz de aumentar la producción de L-lisina.

40 Otro aspecto proporciona un polinucleótido que tiene una secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, que es capaz de aumentar la producción de L-lisina.

Otro aspecto más proporciona un vector que incluye el polinucleótido que tiene la secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, que es capaz de aumentar la producción de L-lisina.

Otro aspecto más proporciona un microorganismo que incluye la subunidad beta prima mutante.

45 Otro aspecto más proporciona un procedimiento de producción de L-lisina mediante el cultivo del microorganismo.

Solución técnica

50 La presente invención proporciona una subunidad beta prima (subunidad- β') de la ARN polimerasa, en la que la subunidad beta prima (subunidad- β') mutante de la ARN polimerasa tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 11, 14, 15, 20, 23, 24, 25 y 26. La presente invención también proporciona un polinucleótido que tiene una secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante

de la ARN polimerasa que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 11, 14, 15, 20, 23, 24, 25 y 26. Un vector que comprende el polinucleótido que tiene una secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa que tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 11, 14, 15, 20, 23, 24, 25 y 26 ligadas operativamente a una secuencia reguladora. Un microorganismo del género *Corynebacterium* que expresa la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, en el que la subunidad beta prima (subunidad-β') mutante de la ARN polimerasa tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 11, 14, 15, 20, 23, 24, 25 y 26. El microorganismo *Corynebacterium* de expresión de la subunidad Beta prima mutante de la ARN polimerasa, en el que la subunidad beta prima (subunidad-β') mutante de la ARN polimerasa tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 11, 14, 15, 20, 23, 24, 25 y 26, en el que el microorganismo del género *Corynebacterium* es *Corynebacterium glutamicum*. Un procedimiento de producción de L-lisina, comprendiendo dicho procedimiento los pasos de: cultivar el microorganismo *Corynebacterium glutamicum* para producir L-lisina en un medio de cultivo; y recuperar la L-lisina del medio de cultivo.

La subunidad beta prima es una proteína RpoC. La proteína RpoC puede incluir una región conservada. La región conservada puede ser una región muy conservada evolutivamente. La proteína RpoC puede incluir una pluralidad de dominios. La pluralidad de dominios puede ser de la A a la H. Una subunidad beta prima puede derivar de un microorganismo perteneciente al género *Corynebacterium*. Una secuencia de aminoácidos de una subunidad beta prima derivada de un microorganismo perteneciente al género *Corynebacterium* puede estar representada por la SEQ ID NO: 1 o puede tener aproximadamente un 70 % o más, aproximadamente un 75 % o más, aproximadamente un 80 % o más, aproximadamente un 85 % o más, aproximadamente un 90 % o más, aproximadamente un 92 % o más, aproximadamente un 95 % o más, aproximadamente un 97 % o más, aproximadamente un 98 % o más, o aproximadamente un 99 % o más de homología de secuencia con la SEQ ID NO: 1. Una secuencia que tiene homología con aminoácidos en las posiciones 975 a 1284 en la secuencia de aminoácidos de una subunidad beta prima derivada del microorganismo perteneciente al género *Corynebacterium*, es decir, la secuencia de aminoácidos RpoC, puede ser una secuencia de aminoácidos RpoC derivada de *E.coli*. La secuencia de aminoácidos RpoC derivada de *E.coli* puede ser de los dominios G y H de la SEQ ID NO: 4.

En las secuencias de aminoácidos del dominio G y el dominio H de la subunidad beta prima representada por la SEQ ID NO: 1 pueden sustituirse de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos. Específicamente, pueden sustituirse de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 975 a 1284 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1. Más específicamente, pueden sustituirse de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 1014 a 1034 o en las posiciones 1230 a 1255 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1. Las SEQ ID NO: 8, 9, 11, 14, 15, 20, 23, 24, o 25 pueden ser una secuencia de aminoácidos resultante de la sustitución de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 1014 a 1034 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1. Las SEQ ID NO: 10, 12, 13, 16, 17, 18, 19, 21, 22, o 27 pueden ser una secuencia de aminoácidos resultante de la sustitución de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 1230 a 1255 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1. La SEQ ID NO: 26 puede ser una secuencia de aminoácidos resultante de la sustitución de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 1014 a 1034 y en las posiciones 1230 a 1255 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1.

Un polinucleótido que incluye una secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, en la que pueden sustituirse de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 975 a 1284 en la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO. 1.

Un vector puede incluir el polinucleótido. El polinucleótido puede estar ligado operativamente a una secuencia reguladora. La secuencia reguladora puede incluir un promotor, un terminador, o un potenciador. Además, el promotor puede estar ligado operativamente a una secuencia que codifica un gen. Como se utiliza en el presente documento, el término "ligado operativamente" puede referirse a un enlace funcional entre una secuencia de control de expresión de ácido nucleico y otra secuencia de nucleótidos, a través del cual la secuencia de control dirige la transcripción y/o traducción de la secuencia de nucleótidos que codifica el gen.

Un microorganismo que expresa una subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, en la cual pueden sustituirse de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 975 a 1284 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1.

Un microorganismo que incluye un polinucleótido que tiene una secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, en la cual pueden sustituirse de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 975 a 1284 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1. Un microorganismo que se introduce con el vector, incluido el polinucleótido que tiene la secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, en la cual pueden sustituirse de 1 a 5 aminoácidos por otros aminoácidos en las posiciones 975 a 1284 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1. El microorganismo introducido puede ser un microorganismo transformado.

La introducción del gen puede ser una introducción de cualquier tipo, por ejemplo, una introducción de un casete de expresión, una introducción de un gen en sí mismo, o una introducción de un constructo polinucleotídico. El casete de expresión puede incluir todos los elementos necesarios para la autoexpresión del gen. El casete de expresión puede

ser un constructo polinucleotídico. el casete de expresión puede incluir un promotor, una señal de terminación de la transcripción, un sitio de unión al ribosoma, y una señal de terminación de la traducción, que están ligados operativamente al gen. El casete de expresión puede tener la forma de un vector de expresión autorreplicable. El propio gen o la estructura polinucleotídica puede introducirse en una célula hospedadora para ligarse operativamente a una secuencia requerida para su expresión en la célula hospedadora.

Como se utiliza en el presente documento, el término "transformación" significa introducir un gen en una célula hospedadora para que el gen se exprese en ella. El gen transformado puede integrarse en el cromosoma hospedador y/o salir como un elemento extracromosómico. El gen puede ser un polinucleótido que codifica un polipéptido. El gen incluye ADN o ARN.

El microorganismo puede ser un microorganismo perteneciente al género *Corynebacterium*. El microorganismo perteneciente al género *Corynebacterium* puede incluir el *Corynebacterium glutamicum*, *Corynebacterium efficiens*, *Corynebacterium diphtheriae*, o *Corynebacterium ammoniagenes*, y puede ser específicamente *Corynebacterium glutamicum*. Específicamente, el microorganismo perteneciente al género *Corynebacterium* puede ser un *Corynebacterium glutamicum* con el N.º de referencia KCCM11016P, KCCM11347P (depósito internacional de KFCC10750), KCCM10770 o CJ3P.

Un procedimiento para producir L-lisina puede incluir los pasos de cultivar un microorganismo que expresa la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa, en la cual se sustituyen de 1 a 5 aminoácidos por otros en las posiciones 975 a 1284 en la secuencia de aminoácidos representada por la SEQ ID NO. 1, para producir L-lisina en un medio de cultivo; y recuperar la L-lisina del medio de cultivo. El microorganismo puede ser el mismo que se ha descrito anteriormente. El cultivo del microorganismo puede realizarse en un medio apropiado bajo condiciones de cultivo muy conocidas en la técnica. Este procedimiento de cultivo puede ajustarse fácilmente en función del microorganismo que se seleccione. El procedimiento de cultivo puede incluir uno o más seleccionados del grupo que consiste en cultivo por lote, cultivo continuo, y cultivo por lote alimentado.

El medio utilizado en el cultivo puede cumplir los requisitos de un microorganismo en particular. El medio puede seleccionarse del grupo que consiste en fuentes de carbono, fuentes de nitrógeno, oligoelementos y combinaciones de los mismos.

La fuente de carbono puede seleccionarse del grupo que consiste en carbohidratos, lípidos, ácidos grasos, alcoholes, ácidos orgánicos y combinaciones de los mismos. El carbohidrato puede ser glucosa, sacarosa, lactosa, fructosa, maltosa, almidón, celulosa, o una combinación de los mismos. El lípido puede ser aceite de soja, aceite de girasol, aceite de ricino, aceite de coco, o una combinación de los mismos. El ácido graso puede ser ácido palmítico, ácido esteárico, ácido linoleico, o una combinación de los mismos. El alcohol puede ser glicerol o etanol. El ácido orgánico puede ser ácido acético.

La fuente de nitrógeno puede incluir una fuente de nitrógeno orgánico, una fuente de nitrógeno inorgánico, o una combinación de las mismas. La fuente de nitrógeno orgánico puede seleccionarse del grupo que consiste en peptona, extracto de levadura, extracto de carne, extracto de malta, líquido de maíz fermentado (CSL), harina de soja, y combinaciones de las mismas. La fuente de nitrógeno inorgánico puede seleccionarse del grupo que consiste en urea, sulfato de amonio, cloruro de amonio, fosfato de amonio, carbonato de amonio, nitrato de amonio, y combinaciones de las mismas.

El medio puede incluir uno seleccionado del grupo que consiste en fósforo, sales metálicas, aminoácidos, vitaminas, precursores, y combinaciones de los mismos. La fuente de fósforo puede incluir el dihidrogenofosfato de potasio, fosfato dipotásico, una sal con contenido de sodio correspondiente. La sal metálica puede ser sulfato de magnesio y sulfato de hierro.

El medio o los componentes individuales pueden añadirse al medio de cultivo en forma de lote, modo continuo, o modo de cultivo por lote.

En el procedimiento de cultivo, puede ajustarse el pH del cultivo. El ajuste del pH puede realizarse añadiendo hidróxido de amonio, hidróxido potásico, amoníaco, ácido fosfórico, o ácido sulfúrico al cultivo. Además, el procedimiento de cultivo puede incluir la prevención de la generación de burbujas de aire. La prevención de la generación de burbujas de aire puede realizarse mediante el uso de un agente antiespumante. El agente antiespumante puede incluir éster de poliglicol de ácidos grasos. Además, el procedimiento de cultivo puede incluir la inyección de gas en el cultivo. El gas puede incluir cualquier gas para mantener la condición aeróbica del cultivo. El gas puede ser oxígeno o un gas que contiene oxígeno. El gas que contiene oxígeno puede incluir aire. En el cultivo, la temperatura del cultivo puede ser de 20 a 45 °C, por ejemplo, de 22 a 42 °C, o de 25 a 40 °C. El cultivo puede continuar hasta que la producción de L-lisina alcance el nivel deseado.

En el procedimiento de producción de L-lisina, la L-lisina puede incluir sales de L-lisina.

Efectos ventajosos de la solicitud

La producción de L-lisina puede aumentarse mediante el uso de una subunidad beta prima de la ARN polimerasa de

acuerdo con un aspecto, un polinucleótido que codifica a la misma, un vector que incluye el polinucleótido, y un microorganismo.

La producción de L-lisina puede aumentarse mediante un procedimiento de producción de L-lisina de acuerdo con un aspecto.

5 **Descripción de los dibujos**

La figura 1 muestra una estructura de secuencia conservada de la proteína RpoC de *E. coli*, y una estructura de secuencia conservada predicha de la proteína RpoC de *Corynebacterium*; y la figura 2 es una comparación entre las secuencias de aminoácidos predichas de las regiones conservadas de G y H de *Corynebacterium* RpoC y *E. coli* RpoC.

10 **Modo de la invención**

En adelante, la presente solicitud se describirá en más detalle con referencia a ejemplos. Sin embargo, estos ejemplos se dan a título ilustrativo únicamente, y el ámbito de la presente solicitud no pretende limitarse a

estos ejemplos.

Ejemplo 1: Construcción de una biblioteca de mutantes de rpoC mediante mutagénesis artificial

15 Para obtener un mutante del gen rpoC, se construyó una biblioteca de vectores mediante el siguiente procedimiento. Se amplificó una secuencia base (4302 pb) que incluía una secuencia base aguas arriba (300 pb) del gen rpoC derivado de *Corynebacterium* (SEQ ID NO: 5) y el gen rpoC (4002 pb) mediante PCR propensa a errores utilizando el cromosoma de KCCM11016P (Depósito internacional de KFCC10881 de la publicación de patente coreana N.º KR2007-0057093) como molde y cebadores de las SEQ ID NO: 6 y 7. Con el fin de introducir 0-4,5 mutaciones por kb
20 en el gen amplificado, se utilizó un kit de mutagénesis aleatoria GenemorphII (Stratagene). 50 uL de una solución de reacción que contenía 500 ng del cromosoma de la cepa KCCM11016P, 125 ng de cada uno de los cebadores 1 y 2, 1 × tampón de reacción Mutazyme II, mezcla de dNTP(deoxinucleótido-trifosfatos) 40 mM, y 2,5 U de la ADN polimerasa Mutazyme II se sometieron a desnaturalización a 94 °C durante 2 minutos, 25 ciclos de desnaturalización a 94 °C durante 1 minuto, anillado a 56 °C durante 1 minuto, y polimerización a 72 °C durante 4 minutos, y luego
25 polimerización a 72 °C durante 10 minutos.

El fragmento de gen amplificado se ligó a un vector pTOPO utilizando un kit de clonación pTOPO TA (Invitrogen). Después, el vector se utilizó para transformar *E. coli* DH5α y se esparció en un medio sólido LB que contenía 25 mg/l de kanamicina. Se seleccionaron 20 tipos de colonias transformadas y se obtuvieron plásmidos de las mismas, seguido de un análisis de secuenciación. Como resultado, se descubrió que las mutaciones se introducían en los diferentes
30 sitios a una frecuencia de 0,5 mutaciones/kb. Se tomaron unas 10000 colonias de *E. coli* transformadas y se extrajeron plásmidos de las mismas, que fueron designados como biblioteca de pTOPO- rpoC(M). También se preparó como grupo de control un plásmido pTOPO-rpoC(W) que tenía un gen rpoC de tipo salvaje. Un fragmento del gen rpoC se amplificó mediante PCR usando el cromosoma de KCCM11016P como molde y cebadores de las SEQ ID NO: 6 y 7, y luego se preparó un plásmido pTOPO-rpoC(W) de la misma manera.

35 **Ejemplo 2: Cribado del mutante rpoC a base de la productividad de la lisina**

La cepa KCCM11016P como cepa madre se transformó con la biblioteca de pTOPO-rpoC(M) y se esparció en una placa de medio complejo que contenía kanamicina (25 mg/1) para obtener aproximadamente 21500 colonias.

<Placa de medio complejo (pH 7,0)>

40 10 g de glucosa, 10 g de peptona, 5 g de extracto de carne, 5 g de extracto de levadura, 18,5 g de infusión cerebro-corazón, 2,5 g

de NaCl, 2 g de urea, 91 g de sorbitol, 20 g de agar (a base de 1 L de agua destilada)

<Medio de cultivo para siembra (pH 7,0)>

20 g de glucosa, 10 g de peptona, 5 g de extracto de levadura, 1,5 g de urea, 4 g de KH₂PO₄, 8 g de K₂HPO₄, 0,5 g de

45 MgSO₄ • 7H₂O, 100 µg de biotina, 1000 µg de tiamina HCl, 2000 µg de pantotenato de calcio, 2000 µg de nicotinamida (a base de 1 L de agua destilada)

Se inocularon alrededor de 21500 colonias obtenidas de esta manera en 300 uL de un medio de selección, respectivamente y se cultivaron en una placa de 96 pocillos a 32 °C, a 1000 rpm durante aproximadamente 24 horas. Para analizar una cantidad de producción de L-lisina en el cultivo, se utilizó un procedimiento de ninhidrina. Después
50 de completar el cultivo, se hicieron reaccionar 10 ul de un sobrenadante de cultivo y 190 ul de una solución de reacción de ninhidrina a 65 °C durante 30 minutos, y luego se midió la absorbancia a una longitud de onda de 570 nm utilizando

un espectrofotómetro para seleccionar aproximadamente 2000 colonias mutantes que mostraban una mayor absorbancia que un grupo de control, KCCM11016P-rpoC(W) que tiene un gen rpoC de tipo salvaje. Otras colonias mostraron una absorción similar a la de KCCM11016P o KCCM11016P-rpoC(W) utilizada como grupo de control. De las 2000 colonias seleccionadas, se seleccionaron de la misma manera, mediante la reacción de la ninhidrina, las 183 cepas de la parte superior que muestran una mayor productividad de L-lisina, en comparación con la cepa KCCM11016P-rpoC(W).

<Medio de selección (pH 8,0)>

10 g de glucosa, 5,5 g de sulfato de amonio, 1,2 g de $MgSO_4 \cdot 7H_2O$, 0,8 g de KH_2PO_4 , 16,4 g de K_2HPO_4 , 100 μg de biotina, 1000 μg de tiamina HCl, 2000 μg de pantotenato de calcio, 2000 μg de nicotinamida (a base de 1 L de agua destilada)

Ejemplo 3: Identificación de mutaciones genéticas en cepas seleccionadas de la biblioteca de mutantes artificiales de rpoC

Para determinar los caracteres de las cepas seleccionadas en el ejemplo 2, se realizó un análisis de secuenciación. Para descubrir las mutaciones, se determinó una secuencia base de la región cromosómica rpoC de KCCM11016P-rpoC(M), y se identificó a base del NIH GenBank (US).

La figura 1b muestra una estructura de secuencia conservada de la proteína RpoC de *E. coli*, y una estructura de secuencia conservada predicha de la proteína RpoC de *Corynebacterium*. De acuerdo con la figura 1b, los resultados del análisis de homología de la secuencia base de la rpoC mutante seleccionada mostraron que las mutaciones se concentran en las posiciones 975 a 1284 de la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 1 codificada por la rpoC en 166 cepas que corresponden al 91% de 183 cepas. También se descubrió que las mutaciones se concentran en una pequeña región en las posiciones 1014 a 1034 y en las posiciones 1230 a 1255 de la secuencia de aminoácidos en 116 cepas que corresponden a aproximadamente el 70% de las 166 cepas.

Para determinar los caracteres de la región en la que se concentran las mutaciones, se compararon las secuencias de aminoácidos entre el *Corynebacterium* RpoC y la subunidad beta prima de la ARN polimerasa de *E. coli* estudiada activamente. La figura 2 es una comparación entre las secuencias de aminoácidos predichas de las regiones conservadas de G y H de *E. coli* RpoC y *Corynebacterium* RpoC. De acuerdo con la figura 2, mostró un 68,4 % y un 77,8 % de homología con los dominios G y H en 8 dominios que se conocen como secuencias muy conservadas evolutivamente de la subunidad beta prima de la ARN polimerasa de *E. coli*. La figura 1 muestra una estructura de secuencia conservada de la proteína RpoC de *E. coli*, y una estructura de secuencia conservada predicha de la proteína RpoC de *Corynebacterium*. De acuerdo con la figura 1b, se descubrió que las mutaciones estaban concentradas en las posiciones 975 a 1284 de la proteína RpoC de *Corynebacterium*, esta región muestra una alta homología con los dominios G y H de rpoC, que es una subunidad beta prima de la ARN polimerasa de *E. coli*. Entre 116 cepas, las 20 primeras cepas que muestran una alta absorbancia en la reacción de la ninhidrina se designaron KCCM11016P-rpoC(M1) ~ KCCM11016P-rpoC(M20).

Ejemplo 4: Productividad de lisina y análisis de KCCM11016P-rpoC(M)

Para determinar los caracteres de 20 cepas de KCCM11016P-rpoC(M1) ~ KCCM11016P-rpoC(M20) seleccionadas en el ejemplo 3, estas se cultivaron mediante el siguiente procedimiento, se compararon sus productividades de lisina y se analizaron los componentes de los caldos de cultivo.

Las cepas individuales se inocularon en un matraz con hendiduras en las esquinas de 250 ml que contenía 25 ml de un medio de cultivo para siembra y se cultivaron en agitación a 200 rpm y 30 °C durante 20 horas. Se inoculó 1 ml del medio de cultivo para siembra en un matraz con hendiduras en las esquinas de 250 ml que contenía 24 ml de un medio de producción y se cultivó en agitación a 200 rpm y 30 °C durante 72 horas. El medio de cultivo para siembra y el medio de producción tienen las siguientes composiciones.

<Medio de cultivo para siembra (pH 7,0)>

20 g de glucosa, 10 g de peptona, 5 g de extracto de levadura, 1,5 g de urea, 4 g de KH_2PO_4 , 8 g de K_2HPO_4 , 0,5 g de $MgSO_4 \cdot 7H_2O$, 100 μg de biotina, 1000 μg de tiamina HCl, 2000 μg de pantotenato de calcio, 2000 μg de nicotinamida (a base de 1 L de agua destilada)

<Medio de producción (pH 7,0)>

100 g de glucosa, 40 g de $(NH_4)_2SO_4$, 2,5 g de proteína de soja, 5 g de sólido de maíz fermentado, 3 g de urea, 1 g de KH_2PO_4 , 0,5 g de $MgSO_4 \cdot H_2O$, 100 μg de biotina, 1000 μg de tiamina HCl, 2000 μg de pantotenato de calcio, 3000 μg de nicotinamida, 30 g de $CaCO_3$ (a base de 1 L de agua destilada)

Las concentraciones de L-lisina analizadas mediante HPLC se dan en la tabla 1.

Tabla 1

Concentraciones de L-lisina producidas por KCCM11016P-rpoC(M)					
	cepa	L-lisina (g/l)			
		Lote 1	Lote 2	Lote 3	Promedio
Grupo de control	KCCM11016P-rpoC(W)	43,2	44,1	43,2	42,8
1	KCCM11016P-rpoC(M1)	46,1	46,5	47,1	43,6
2	KCCM11016P-rpoC(M2)	47,7	46,3	46,8	46,9
3	KCCM11016P-rpoC(M3)	48,2	48,6	48,4	48,4
4	KCCM11016P-rpoC(M4)	49	48,9	48,9	48,9
5	KCCM11016P-rpoC(M5)	48,3	49,8	49,5	49,2
6	KCCM11016P-rpoC(M6)	46,2	46,9	46,7	46,6
7	KCCM11016P-rpoC(M7)	45,3	45,8	45,9	45,7
8	KCCM11016P-rpoC(M8)	46,1	46,5	45,1	45,9
9	KCCM11016P-rpoC(M9)	47,3	47,9	47,9	47,7
10	KCCM11016P-rpoC(M10)	48,3	48,5	47,9	48,2
11	KCCM11016P-rpoC(M11)	45,3	45,8	45,9	45,7
12	KCCM11016P-rpoC(M12)	48,6	48,3	48,3	48,4
13	KCCM11016P-rpoC(M13)	46,6	47	47,1	46,9
14	KCCM11016P-rpoC(M14)	47,3	48,6	48	48,0
15	KCCM11016P-rpoC(M15)	49,2	49,2	49,4	49,3
16	KCCM11016P-rpoC(M16)	46,2	46,5	46	46,2
17	KCCM11016P-rpoC(M17)	46,3	45,2	45,8	45,8
18	KCCM11016P-rpoC(M18)	48,3	48,2	48,3	48,3
19	KCCM11016P-rpoC(M19)	47,3	47,8	47,5	47,5
20	KCCM11016P-rpoC(M20)	48,3	48,7	48,5	48,5

Tal como se muestra en la tabla 1, la concentración promedio de L-lisina en KCCM11016P-rpoC(M) se incrementó en un 13%, en comparación con la de una cepa productora de L-lisina, KCCM11016P-rpoC(W). Las alteraciones en las secuencias de aminoácidos de 20 tipos de mutantes de rpoC están representadas por las SEQ ID NO: 8 a 27. El resultado del análisis de las secuencias de aminoácidos de 20 tipos de mutantes mostró que la productividad de la lisina aumenta enormemente al introducir mutaciones en la región en las posiciones 975 a 1284, esta región muestra una alta homología con los dominios G y H de rpoC, que es una subunidad beta prima de la ARN polimerasa de *E. coli*.

5

Tabla 2

mutaciones de aminoácidos rpoC en KCCM11016P-rpoC(M1)~ (M20)	
Cepa	mutaciones de aminoácidos rpoC
KCCM11016P-rpoC(M1)	Q1016G
KCCM11016P-rpoC(M2)	T1029H
KCCM 11016P-rpoC(M3)	F1247K
KCCM11016P-rpoC(M4)	W24G, G995E, I1018C
KCCM11016P-rpoC(M5)	G995H, I1231C

10

(continuación)

mutaciones de aminoácidos rpoC en KCCM11016P-rpoC(M1)~ (M20)	
Cepa	mutaciones de aminoácidos rpoC
KCCM11016P-rpoC(M6)	R1252T
KCCM11016P-rpoC(M7)	G1022R
KCCM11016P-rpoC(M8)	A1015D
KCCM11016P-rpoC(M9)	A1237P
KCCM11016P-rpoC(M10)	W1241N
KCCM11016P-rpoC(M11)	Y36F, T1255C
KCCM11016P-rpoC(M12)	E1249Y, G1282F
KCCM11016P-rpoC(M13)	G1022S
KCCM11016P-rpoC(M14)	S1243G
KCCM11016P-rpoC(M15)	E1239T
KCCM11016P-rpoC(M16)	G1034K, D1038H
KCCM11016P-rpoC(M17)	L340E, A1014D
KCCM11016P-rpoC(M18)	A1015H
KCCM11016P-rpoC(M19)	S1017R, L1236T
KCCM11016P-rpoC(M20)	G1230Y, N1260H

Ejemplo 5: Construcción de un vector para la inserción del mutante rpoC en el cromosoma de la cepa que produce alta concentración de L-lisina

5 Para examinar los efectos de las mutaciones en una región que muestra una alta homología con los dominios G y H de *E. coli* rpoC, entre las mutaciones en las cepas mutantes de rpoC con sustituciones en la secuencia que se confirmaron en el ejemplo 2, se construyeron vectores para la inserción cromosómica de las mismas.

10 Los cebadores de las SEQ ID NO: 28 y 30 que tienen un sitio de restricción EcoRI en el extremo 5'-terminal y un cebador de la SEQ ID NO: 30 que tiene un sitio de restricción Sall en el extremo 3'-terminal se sintetizaron a base de las secuencias de bases descritas. De ellas, los cebadores de las SEQ ID NO: 28 y 30, y M1, M2, M4, M7, M8, M13, M16, M17, M18, y M19 de KCCM11016P-rpoC, concretamente, se usaron 10 tipos de cromosomas como moldes para amplificar aproximadamente 2000 pb de 10 tipos de fragmentos de genes rpoC(mt) mediante PCR. Las condiciones de la PCR consistieron en desnaturalización a 94 °C durante 5 minutos, 30 ciclos de desnaturalización a 94 °C durante 30 segundos, anillado a 56 °C durante 30 segundos y polimerización a 72 °C durante 2 minutos, y luego desnaturalización a 72 °C durante 7 minutos. Además, los cebadores de las SEQ ID NO: 29 y 30, y M3, M5, M6, M9, M10, M11, M12, M14, M15, y M20 de KCCM11016P-rpoC, concretamente, se usaron 10 tipos de cromosomas como moldes para amplificar aproximadamente 600 pb de 10 tipos de fragmentos de genes rpoC(mt) mediante PCR. Los cebadores utilizados en el presente documento están representados por las SEQ ID NO: 28 a 30.

20 Se trataron 20 tipos de fragmentos de genes amplificados por PCR con enzimas de restricción, EcoRI y Sall, respectivamente para obtener fragmentos de ADN, cada uno de ellos se ligó a un vector pDZ (Patente coreana N.º 2009-0094433) para la inserción de cromosomas que tienen sitios de restricción EcoRI y Sall, y se utilizaron para transformar *E. coli* DH5 α , que se esparció en un medio sólido de LB que contenía kanamicina (25 mg/1). Las colonias transformadas con el vector insertado en el gen deseado se seleccionaron mediante PCR, y los plásmidos se obtuvieron de las mismas por un procedimiento de extracción de plásmidos generalmente conocido, y estos plásmidos se designaron pDZ-rpoC(M1)~(M20) de acuerdo con el número de la cepa utilizada como molde, respectivamente.

25 **Ejemplo 6: Introducción de un mutante rpoC en el cromosoma de la cepa KCCM 11016P que produce una alta concentración de L-lisina y comparación de la productividad de la lisina.**

30 Los vectores pDZ-rpoC(M1)~(M20) preparados en el ejemplo 5 se utilizaron para transformar una cepa productora de L-lisina, *Corynebacterium glutamicum* KCCM11016P mediante recombinación cromosómica homóloga. Después, se seleccionaron las cepas que tienen la inserción cromosómica de la mutación rpoC mediante análisis de secuenciación y se cultivaron de la misma manera que en el ejemplo 3. Se analizaron las concentraciones de L-lisina en ellas, y los resultados se dan en la tabla 3. Las cepas con las mutaciones rpoC introducidas se designaron *Corynebacterium*

glutamicum KCCM11016P::rpoC(M1) ~ (M20), respectivamente.

Tabla 3

	Cepa	L-lisina (g/l)			
		Lote 1	Lote 2	Lote 3	Promedio
Grupo de control	KCCM11016P	42,2	43,4	42,7	42,8
1	KCCM11016P::rpoC(M1)	45,2	45,2	44,9	45,1
2	KCCM11016P::rpoC(M2)	46,2	45,8	46,5	46,2
3	KCCM11016P::rpoC(M3)	47	47,9	47,5	47,5
4	KCCM11016P::rpoC(M4)	47,6	47,2	47,8	47,5
5	KCCM11016P::rpoC(M5)	48,3	49,8	49,5	49,2
6	KCCM11016P::rpoC(M6)	46,3	46,5	46	46,3
7	KCCM11016P::rpoC(M7)	45,8	44,7	45,2	45,2
8	KCCM11016P::rpoC(M8)	46,1	46,5	45,1	45,9
9	KCCM11016P::rpoC(M9)	45,9	46,8	47,1	46,6
10	KCCM11016P::rpoC(M10)	47,2	47,6	47,4	47,4
11	KCCM11016P::rpoC(M11)	45,3	45,8	45,9	45,7
12	KCCM11016P::rpoC(M12)	47,8	47,8	48,2	47,9
13	KCCM11016P::rpoC(M13)	46,3	46	46,6	46,3
14	KCCM11016P::rpoC(M14)	47,2	46,9	46,7	46,9
15	KCCM11016P::rpoC(M15)	50,1	48,7	49,2	49,3
16	KCCM11016P::rpoC(M16)	46,2	45,9	45,8	46
17	KCCM11016P::rpoC(M17)	45,3	45,8	45,9	45,7
18	KCCM11016P::rpoC(M18)	47,8	47,6	47,2	47,5
19	KCCM11016P::rpoC(M19)	46,8	46,3	45,9	46,3
20	KCCM11016P::rpoC(M20)	47,6	47,3	47,8	47,6

Tal como se muestra en la tabla 3, las concentraciones promedio de L-lisina se incrementaron hasta aproximadamente un 6~15 % en KCCM11016P::rpoC(M1) ~ (M20), a cada una se le introdujo un gen rpoC que tenía una sustitución de 1 o 2 bases, en comparación con un grupo de control, KCCM11016P que tiene un gen rpoC de tipo salvaje. Entre ellos, KCCM11016P::rpoC(M15) como un representante del 20% superior, KCCM11016P::rpoC(M10) como un representante del 40% superior, y KCCM11016P::rpoC(M19) como representante del 60% superior se denominaron CA01-2267, CA01-2268 y CA01-2266, respectivamente y se depositaron en el Centro de Cultivo de Microorganismos coreano (KCCM) el 12 de junio de 2013 con los N.º de referencia: KCCM11428P, KCCM11429P y KCCM11427P.

Ejemplo 7: Introducción del mutante rpoC en el cromosoma de la cepa KCCM11347P que produce una alta concentración de L-lisina y comparación de la productividad de lisina.

Para examinar los efectos en otras cepas pertenecientes al género *Corynebacterium glutamicum*, las cepas se prepararon introduciendo mutaciones de rpoC en una cepa productora de L-lisina, *Corynebacterium glutamicum* KCCM11347P (Patente coreana N.º 1994-0001307, microorganismo depositado internacional de KFCC10750) de la misma manera que en el ejemplo 6, y se designaron KCCM11347P::rpoC(M1) ~ (M20), respectivamente. Se cultivaron de la misma manera que en el ejemplo 3, y se analizaron las concentraciones de L-lisina en ellas, y los resultados se dan en la tabla 4.

Tabla 4

Concentraciones de L-lisina producidas por KFCC10750::rpoC(M1) - (M20)					
	Cepa	L-lisina (g/l)			
		Lote 1	Lote 2	Lote 3	Promedio
Grupo de control	KCCM11347P	38,3	38	38,5	38,3
1	KCCM11347P::rpoC(M1)	41,2	41,3	41,8	41,6
2	KCCM11347P::rpoC(M2)	42,8	42,2	42,7	42,5
3	KCCM11347P::rpoC(M3)	42,7	43,7	43,8	43,8
4	KCCM11347P::rpoC(M4)	43,6	45,5	41,9	43,7
5	KCCM11347P::rpoC(M5)	44,2	44,8	44,6	44,5
6	KCCM11347P::rpoC(M6)	42,3	42	42,8	42,4
7	KCCM11347P::rpoC(M7)	42,1	42,3	42	42,2
8	KCCM11347P::rpoC(M8)	42,2	42,6	42,8	42,5
9	KCCM11347P::rpoC(M9)	41,8	42,9	43	43
10	KCCM11347P::rpoC(M10)	43,7	43	42,8	43,2
11	KCCM11347P::rpoC(M11)	42,2	42,7	41,8	42,3
12	KCCM11347P::rpoC(M12)	43,8	43,9	44	43,9
13	KCCM11347P::rpoC(M13)	43,3	43,3	41,3	42,6
14	KCCM11347P::rpoC(M14)	42,4	42,2	43,8	43
15	KCCM11347P::rpoC(M15)	44	44,8	44,2	44,5
16	KCCM11347P::rpoC(M16)	43	42,8	42,3	42,6
17	KCCM11347P::rpoC(M17)	40,8	43,3	41,8	42,6
18	KCCM11347P::rpoC(M18)	43	42,7	43,5	43,1
19	KCCM11347P::rpoC(M19)	42,8	42,7	43	42,8
20	KCCM11347P::rpoC(M20)	44,1	44,4	44,4	44,3

Tal como se muestra en la tabla 4, se descubrió que las concentraciones promedio de L-lisina se incrementaron en un 8 ~ 16 % en los grupos experimentales 1 - 20, concretamente, en KCCM11347P::rpoC(M1) ~ (M20), a cada una se le introdujo un gen rpoC que tiene una sustitución de 1 o 2 bases, en comparación con un grupo de control, KCCM11347P que tiene un gen rpoC de tipo salvaje.

Ejemplo 8: Introducción del mutante rpoC en el cromosoma de la cepa KCCM10770P que produce una alta concentración de L-lisina y comparación de la productividad de lisina.

Para examinar los efectos en otras cepas pertenecientes al género *Corynebacterium glutamicum*, las cepas se prepararon introduciendo mutaciones de rpoC en una cepa productora de L-lisina, *Corynebacterium glutamicum* KCCM10770P (Patente coreana N.º 0924065), de la misma manera que en el ejemplo 6, y se designaron KCCM10770P::rpoC(M1) ~ (M20), respectivamente. La cepa KCCM10770P es una cepa productora de L-lisina derivada de KCCM11016P, que conserva una o más copias de 6 tipos de los genes que constituyen la ruta de biosíntesis de la lisina, concretamente, aspB (gen que codifica la aspartato aminotransferasa), lysC (gen que codifica la aspartato quinasa), asd (gen que codifica la aspartato-semialdehído deshidrogenasa), dapA (gen que codifica la dihidrodipicolinato sintasa), dapB (gen que codifica la dihidrodipicolinato reductasa) y lysA (gen que codifica la diaminopimelato descarboxilasa) en el cromosoma. Se cultivaron de la misma manera que en el ejemplo 3, y se analizaron las concentraciones de L-lisina en ellas, y los resultados se dan en la tabla 5.

Tabla 5

Concentraciones de L-lisina producidas por KCCM10770P::rpoC(M1) ~ (M20)					
	Cepa	L-lisina (g/l)			
		Lote 1	Lote 2	Lote 3	Promedio
Grupo de control	KCCM10770P	47,8	47,2	47,5	47,5
1	KCCM10770P::rpoC(M1)	50,2	50	48,9	49,7
2	KCCM10770P::rpoC(M2)	50,2	50,8	50,9	50,6
3	KCCM10770P::rpoC(M3)	51,8	51,8	51,2	51,6
4	KCCM10770P::rpoC(M4)	51,8	51,6	51,2	51,5
5	KCCM10770P::rpoC(M5)	52	52,3	52,6	52,3
6	KCCM10770P::rpoC(M6)	50,7	50,4	50,4	50,5
7	KCCM10770P::rpoC(M7)	49,2	49,8	49,5	49,5
8	KCCM10770P::rpoC(M8)	50,2	50,4	50,7	50,4
9	KCCM10770P::rpoC(M9)	51,4	51	51,4	51,3
10	KCCM10770P::rpoC(M10)	51,6	51,3	50,9	51,3
11	KCCM10770P::rpoC(M11)	49,2	49	48	48,7
12	KCCM10770P::rpoC(M12)	52	51,8	52,1	52
13	KCCM10770P::rpoC(M13)	51,2	51,8	51	51,3
14	KCCM10770P::rpoC(M14)	52,2	49,9	51,8	51,3
15	KCCM10770P::rpoC(M15)	52,6	51,8	52,3	52,2
16	KCCM10770P::rpoC(M16)	50,2	50,6	50,4	50,4
17	KCCM10770P::rpoC(M17)	49,8	49,8	49,7	49,8
18	KCCM10770P::rpoC(M18)	51	51,2	52,1	51,4
19	KCCM10770P::rpoC(M19)	50,2	51,6	50,8	50,9
20	KCCM10770P::rpoC(M20)	51,8	51,8	51,8	51,8

Tal como se muestra en la tabla 5, se descubrió que las concentraciones promedio de L-lisina se incrementaron en aproximadamente un 3 ~ 10% en los grupos experimentales 1 ~ 20, concretamente, en KCCM10770P::rpoC(M1) ~ (M20), a cada uno se le introdujo un gen rpoC que tiene una sustitución de 1 o 2 bases, en comparación con un grupo de control, KCCM10770P que tiene un gen rpoC de tipo salvaje.

Ejemplo 9: Introducción del mutante rpoC en el cromosoma de la cepa CJ3P que produce una alta concentración de L-lisina y comparación de la productividad de lisina.

Para examinar los efectos en otras cepas pertenecientes al género *Corynebacterium glutamicum*, las cepas se prepararon introduciendo mutaciones de rpoC en una cepa productora de L-lisina, CJ3P (Binder y col. Genome Biology 2012, 13:R40), de la misma manera que en el ejemplo 6, y se designaron CJ3P::rpoC(M1) ~ (M20), respectivamente. La cepa CJ3P es una cepa de *Corynebacterium glutamicum* que tiene productividad de L-lisina, que se prepara introduciendo 3 tipos de mutaciones (pyc(Pro458Ser), hom(Val59Ala), lysC(Thr311Ile)) en un tipo silvestre mediante una técnica conocida. Se cultivaron de la misma manera que en el ejemplo 3, y se analizaron las concentraciones de L-lisina en ellas, y los resultados se dan en la tabla 6.

Tabla 6

Concentración de L-lisina producida por CJ3P::rpoC(M1) ~ (M20)					
	Cepa	L-lisina (g/l)			
		Lote 1	Lote 2	Lote 3	Promedio
Grupo de control	CJ3P	8,3	8	8,4	8,2
1	CJ3P::rpoC(M1)	8,9	9,1	9,3	9,1
2	CJ3P::rpoC(M2)	10,8	10,1	9,7	10,2
3	CJ3P::rpoC(M3)	11,9	11,7	11,2	11,6
4	CJ3P::rpoC(M4)	11,8	11,9	11	11,6
5	CJ3P::rpoC(M5)	11,8	11,7	12	11,8
6	CJ3P::rpoC(M6)	10,2	10	10,3	10,2
7	CJ3P::rpoC(M7)	8,9	8,7	9,1	8,9
8	CJ3P::rpoC(M8)	9,7	9,7	9,8	9,7
9	CJ3P::rpoC(M9)	11,2	11,3	11,1	11,2
10	CJ3P::rpoC(M10)	11,2	10,9	10,8	11
11	CJ3P::rpoC(M11)	9,2	9,5	8,7	9,1
12	CJ3P::rpoC(M12)	12,9	13	12,7	12,9
13	CJ3P::rpoC(M13)	10,8	10,3	10,3	10,5
14	CJ3P::rpoC(M14)	10,7	10,5	11	10,7
15	CJ3P::rpoC(M15)	12,4	12,2	12,3	12,3
16	CJ3P::rpoC(M16)	9,6	9,9	9,7	9,7
17	CJ3P::rpoC(M17)	8,9	9,8	9,4	9,4
18	CJ3P::rpoC(M18)	10,9	10,9	10,7	10,8
19	CJ3P::rpoC(M19)	10,3	10,3	10,5	10,4
20	CJ3P::rpoC(M20)	11,2	12	11,8	11,7

Tal como se muestra en la tabla 6, se descubrió que las concentraciones promedio de L-lisina se incrementaron hasta un 57% en los grupos experimentales 1 ~ 20, concretamente, CJ3P::rpoC (M1) ~ (M20), a cada uno se le introdujo un gen rpoC que tiene una sustitución de 1 o 2 bases, en comparación con un grupo de control, CJ3P que tiene un gen rpoC de tipo salvaje. Por consiguiente, la productividad de la lisina aumenta enormemente al introducir mutaciones en las posiciones 975 a 1284, esta región muestra una alta homología con los dominios G y H de rpoC, que es una subunidad beta prima de la ARN polimerasa de *E. coli*.

5

<110> CJ Corporation

10

<120> Un microorganismo que tiene la productividad de L-lisina aumentada y un procedimiento de producción de L-lisina utilizando el mismo

<130> PX046976

<160> 30

<170> KopatentIn 2.0

15

<210> 1

<211> 1333

<212> PRT

<213> Corynebacterium

ES 2 802 949 T3

<400> 1

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

ES 2 802 949 T3

245					250					255					
Gly	Ala	Glu	Ser	Ile	Glu	Ala	Leu	Ile	Gln	Asn	Phe	Asp	Leu	Asp	Ala
			260					265					270		
Glu	Ala	Glu	Glu	Leu	Arg	Asp	Ile	Ile	Asn	Asn	Gly	Lys	Gly	Gln	Lys
		275					280					285			
Lys	Met	Arg	Ala	Leu	Lys	Arg	Leu	Lys	Val	Val	Ala	Ala	Phe	Gln	Arg
	290					295					300				
Ser	Gly	Asn	Asp	Pro	Ala	Gly	Met	Val	Leu	Asn	Ala	Ile	Pro	Val	Ile
305					310					315					320
Pro	Pro	Glu	Leu	Arg	Pro	Met	Val	Gln	Leu	Asp	Gly	Gly	Arg	Phe	Ala
				325					330					335	
Thr	Ser	Asp	Leu	Asn	Asp	Leu	Tyr	Arg	Arg	Val	Ile	Asn	Arg	Asn	Asn
			340					345					350		
Arg	Leu	Lys	Arg	Met	Ile	Glu	Leu	Gly	Ala	Pro	Glu	Ile	Ile	Val	Asn
		355					360					365			
Asn	Glu	Lys	Arg	Met	Leu	Gln	Glu	Ser	Val	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Asn
	370					375					380				
Gly	Arg	Arg	Gly	Arg	Pro	Val	Thr	Gly	Pro	Gly	Asn	Arg	Pro	Leu	Lys
385					390					395					400
Ser	Leu	Ser	Asp	Leu	Leu	Lys	Gly	Lys	Gln	Gly	Arg	Phe	Arg	Gln	Asn
				405					410					415	
Leu	Leu	Gly	Lys	Arg	Val	Asp	Tyr	Ser	Gly	Arg	Ser	Val	Ile	Ile	Val
			420					425					430		
Gly	Pro	Gln	Leu	Arg	Leu	His	Glu	Cys	Gly	Leu	Pro	Lys	Leu	Met	Ala
		435					440					445			
Leu	Glu	Leu	Phe	Lys	Pro	Phe	Val	Met	Lys	Arg	Leu	Val	Glu	Asn	Glu
	450					455					460				
Tyr	Ala	Gln	Asn	Ile	Lys	Ser	Ala	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Arg	Gln	Arg
465					470					475					480
Pro	Glu	Val	Trp	Asp	Val	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Ser	Glu	His	Pro	Val
				485					490					495	
Met	Leu	Asn	Arg	Ala	Pro	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe
			500					505					510		
Glu	Pro	Val	Leu	Val	Glu	Gly	Lys	Ala	Ile	Gln	Leu	His	Pro	Leu	Ala
		515					520					525			
Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Asp	Gly	Asp	Gln	Met	Ala	Val	His
	530					535					540				
Leu	Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Ala	Glu	Ala	Arg	Val	Leu	Met	Leu
545					550					555					560
Ala	Ser	Asn	Asn	Ile	Leu	Ser	Pro	Ala	Ser	Gly	Lys	Pro	Leu	Ala	Met
				565					570					575	
Pro	Arg	Leu	Asp	Met	Val	Thr	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Leu	Glu	Lys

ES 2 802 949 T3

915		920		925
Asp 930	Leu Ile Glu Thr Ser Val	Ser Gly Arg Val	Leu Ala Gly Asp Ala	
		935	940	
Thr 945	Asn Ala Ala Gly Glu Val Val	Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr		
		950	955	960
Glu 965	Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val	Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys		
		965	970	975
Val 980	Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr	Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys		
		985	990	
Cys 995	Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser	Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu		
		1000	1005	
Ala 1010	Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser	Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln		
		1015	1020	
Leu 1025	Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly	Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr		
		1030	1035	1040
Gly 1045	Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe	Glu Ala Arg Val Pro Lys		
		1045	1050	1055
Asn 1060	Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly	Val Ile His Leu Glu Asp		
		1065	1070	
Glu 1075	Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val	Pro Asp Asp Gly Ser Asp		
		1080	1085	
Asn 1090	Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg	Gln Gly Leu Ala Ser Thr		
		1095	1100	
Arg 1105	Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala	Phe Ile Glu Arg Thr Leu		
		1110	1115	1120
Thr 1125	Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg	Leu Leu Arg Gly Ala		
		1125	1130	1135
Ala 1140	Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu	Gly Arg Arg Gly Val Glu		
		1145	1150	
Gln 1155	His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val	Tyr Arg Ala Gln Gly Val		
		1160	1165	
Ala 1170	Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile	Ile Arg Gln Met Leu Arg		
		1175	1180	
Arg 1185	Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr	Glu Phe Leu Pro Gly Ser		
		1190	1195	1200
Leu 1205	Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala	Asn Ser Glu Ala Ile Gly		
		1205	1210	1215
Ala 1220	Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser	Glu Ile Met Gly Ile Thr		
		1225	1230	
Lys 1235	Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu	Ser Ala Ala Ser Phe Gln		
		1240	1245	
Glu 1250	Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala	Ile Asn Lys Arg Ser Asp		

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

675					680					685					
Ala	Asn	Asp	Arg	Val	Ser	Lys	Ala	Met	Met	Asp	Asn	Leu	Gln	Thr	Glu
	690					695					700				
Thr	Val	Ile	Asn	Arg	Asp	Gly	Gln	Glu	Glu	Lys	Gln	Val	Ser	Phe	Asn
	705					710					715				720
Ser	Ile	Tyr	Met	Met	Ala	Asp	Ser	Gly	Ala	Arg	Gly	Ser	Ala	Ala	Gln
				725					730					735	
Ile	Arg	Gln	Leu	Ala	Gly	Met	Arg	Gly	Leu	Met	Ala	Lys	Pro	Asp	Gly
			740						745				750		
Ser	Ile	Ile	Glu	Thr	Pro	Ile	Thr	Ala	Asn	Phe	Arg	Glu	Gly	Leu	Asn
		755					760					765			
Val	Leu	Gln	Tyr	Phe	Ile	Ser	Thr	His	Gly	Ala	Arg	Lys	Gly	Leu	Ala
	770					775					780				
Asp	Thr	Ala	Leu	Lys	Thr	Ala	Asn	Ser	Gly	Tyr	Leu	Thr	Arg	Arg	Leu
	785					790					795				800
Val	Asp	Val	Ala	Gln	Asp	Leu	Val	Val	Thr	Glu	Asp	Asp	Cys	Gly	Thr
				805					810					815	
His	Glu	Gly	Ile	Met	Met	Thr	Pro	Val	Ile	Glu	Gly	Gly	Asp	Val	Lys
			820					825					830		
Glu	Pro	Leu	Arg	Asp	Arg	Val	Leu	Gly	Arg	Val	Thr	Ala	Glu	Asp	Val
		835					840					845			
Leu	Lys	Pro	Gly	Thr	Ala	Asp	Ile	Leu	Val	Pro	Arg	Asn	Thr	Leu	Leu
	850					855					860				
His	Glu	Gln	Trp	Cys	Asp	Leu	Leu	Glu	Glu	Asn	Ser	Val	Asp	Ala	Val
	865					870					875				880
Lys	Val	Arg	Ser	Val	Val	Ser	Cys	Asp	Thr	Asp	Phe	Gly	Val	Cys	Ala
				885					890					895	
His	Cys	Tyr	Gly	Arg	Asp	Leu	Ala	Arg	Gly	His	Ile	Ile	Asn	Lys	Gly
			900					905					910		
Glu	Ala	Ile	Gly	Val	Ile	Ala	Ala	Gln	Ser	Ile	Gly	Glu	Pro	Gly	Thr
		915					920					925			
Gln	Leu	Thr	Met	Arg	Thr	Phe	His	Ile	Gly	Gly	Ala	Ala	Ser	Arg	Ala
	930					935					940				
Ala	Ala	Glu	Ser	Ser	Ile	Gln	Val	Lys	Asn	Lys	Gly	Ser	Ile	Lys	Leu
	945					950					955				960
Ser	Asn	Val	Lys	Ser	Val	Val	Asn	Ser	Ser	Gly	Lys	Leu	Val	Ile	Thr
				965					970					975	
Ser	Arg	Asn	Thr	Glu	Leu	Lys	Leu	Ile	Asp	Glu	Phe	Gly	Arg	Thr	Lys
			980					985					990		
Glu	Ser	Tyr	Lys	Val	Pro	Tyr	Gly	Ala	Val	Leu	Ala	Lys	Gly	Asp	Gly
		995					1000					1005			
Glu	Gln	Val	Ala	Gly	Gly	Glu	Thr	Val	Ala	Asn	Trp	Asp	Pro	His	Thr

ES 2 802 949 T3

1010	1015	1020
Met Pro Val Ile Thr Glu Val Ser Gly Phe Val Arg Phe Thr Asp Met		
1025	1030	1035 1040
Ile Asp Gly Gln Thr Ile Thr Arg Gln Thr Asp Glu Leu Thr Gly Leu		
	1045	1050 1055
Ser Ser Leu Val Val Leu Asp Ser Ala Glu Arg Thr Ala Gly Gly Lys		
	1060	1065 1070
Asp Leu Arg Pro Ala Leu Lys Ile Val Asp Ala Gln Gly Asn Asp Val		
	1075	1080 1085
Leu Ile Pro Gly Thr Asp Met Pro Ala Gln Tyr Phe Leu Pro Gly Lys		
	1090	1095 1100
Ala Ile Val Gln Leu Glu Asp Gly Val Gln Ile Ser Ser Gly Asp Thr		
	1105	1110 1115 1120
Leu Ala Arg Ile Pro Gln Glu Ser Gly Gly Thr Lys Asp Ile Thr Gly		
	1125	1130 1135
Gly Leu Pro Arg Val Ala Asp Leu Phe Glu Ala Arg Arg Pro Lys Glu		
	1140	1145 1150
Pro Ala Ile Leu Ala Glu Ile Ser Gly Ile Val Ser Phe Gly Lys Glu		
	1155	1160 1165
Thr Lys Gly Lys Arg Arg Leu Val Ile Thr Pro Val Asp Gly Ser Asp		
	1170	1175 1180
Pro Tyr Glu Glu Met Ile Pro Lys Trp Arg Gln Leu Asn Val Phe Glu		
	1185	1190 1195 1200
Gly Glu Arg Val Glu Arg Gly Asp Val Ile Ser Asp Gly Pro Glu Ala		
	1205	1210 1215
Pro His Asp Ile Leu Arg Leu Arg Gly Val His Ala Val Thr Arg Tyr		
	1220	1225 1230
Ile Val Asn Glu Val Gln Asp Val Tyr Arg Leu Gln Gly Val Lys Ile		
	1235	1240 1245
Asn Asp Lys His Ile Glu Val Ile Val Arg Gln Met Leu Arg Lys Ala		
	1250	1255 1260
Thr Ile Val Asn Ala Gly Ser Ser Asp Phe Leu Glu Gly Glu Gln Val		
	1265	1270 1275 1280
Glu Tyr Ser Arg Val Lys Ile Ala Asn Arg Glu Leu Glu Ala Asn Gly		
	1285	1290 1295
Lys Val Gly Ala Thr Tyr Ser Arg Asp Leu Leu Gly Ile Thr Lys Ala		
	1300	1305 1310
Ser Leu Ala Thr Glu Ser Phe Ile Ser Ala Ala Ser Phe Gln Glu Thr		
	1315	1320 1325
Thr Arg Val Leu Thr Glu Ala Ala Val Ala Gly Lys Arg Asp Glu Leu		
	1330	1335 1340
Arg Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Val Gly Arg Leu Ile Pro Ala Gly		

ES 2 802 949 T3

1345		1350		1355		1360
Thr Gly Tyr Ala Tyr His Gln Asp Arg Met Arg Arg Arg Ala Ala Gly						
		1365		1370		1375
Glu Ala Pro Ala Ala Pro Gln Val Thr Ala Glu Asp Ala Ser Ala Ser						
		1380		1385		1390
Leu Ala Glu Leu Leu Asn Ala Gly Leu Gly Gly Ser Asp Asn Glu						
		1395		1400		1405

<210> 5
 <211> 3999
 <212> ADN
 <213> Corynebacterium

5

<400> 5

gtgctcgacg taaacgtctt cgatgagctc cgcatcggcc tggccaccgc cgacgacatc	60
cgccgttggt ccaaggggtga ggtcaagaag ccggagacca tcaactaccg aacctcaag	120
cctgagaagg acggtctggt ctgcgagcgt atcttcggtc caactcgca ctgggagtg	180
gcctgcggtgta agtacaagcg tgtccgctac aagggcatca tctgtgaacg ctgtggcggt	240
gaggtcacca agtccaaggt gcgccgtgag cgcatgggac acattgagct cgctgcacca	300
gtaaccaca tttggtactt caagggcggt ccatcacgcc tcggctacct tttggacctt	360
gctccaaagg acctggacct catcatctac ttcggtgcga acatcatcac cagcgtggac	420
gaagaggctc gccacagcga ccagaccact cttgaggcag aaatgcttct ggagaagaag	480
gacgttgagg cagacgcaga gtctgacatt gctgagcgtg ctgaaaagct cgaagaggat	540
cttgctgaac ttgagggcagc tggcgctaag gccgacgctc gccgcaaggt tcaggctgct	600
gccgataagg aaatgcagca catccgtgag cgtgcacagc gcgaaatcga tcgtctcgat	660
gaggtctggc agaccttcat caagcttgct ccaaagcaga tgatccgcga tgagaagctc	720
tacgatgaac tgatcgaccg ctacgaggat tacttcaccg gtggtatggg tgcagagtcc	780
attgaggctt tgatccagaa cttcgacctt gatgctgagg ctgaagagct gcgcgacatc	840
atcaacaatg gcaagggcca gaagaagatg cgtgcaactga agcgcctgaa ggttgttgca	900
gccttcagc gttccggcaa cgatcctgcc ggcatggttt tgaacgcgat cccagtgatc	960
ccaccagagc ttogcccaat ggttcagctt gacggtggtc gcttcgctac ctccgacttg	1020
aacgacctt accgtcgtgt gatcaaccgc aacaaccgctc tgaagcgcgat gattgagctc	1080
ggtgcacctg agatcatcgt gaacaacgag aagcgcagtc tgcaggaatc tgtggacgcg	1140
ctgttcgaca acggtcgtcg tggtcgcca gttaccggac cgggtaaccg tccgctgaag	1200
tctctgtctg acttgctcaa gggcaagcaa ggccgtttcc gtcagaacct tctgggtaag	1260
cgtggtgact actctggtcg ttccgtaatt atcgttggtc ctcagctgcg cctccacgaa	1320

ES 2 802 949 T3

tgtggtctgc ctaagctgat ggctctcgag ctcttcaagc ctttctgcat gaagcgcttg	1380
gtggagaacg agtacgcaca gaacatcaag tctgcaaagc gcatggttga gcgtcagcgc	1440
cctgaggtgt gggacgtcct cgaagaggcc atctctgagc acccagtgat gctgaaccgt	1500
gcaccaaccc tgcaccgctt gggcattcag gctttcgagc ctgtccttgt tgagggttaag	1560
gctattcagc tgcacccact tgcttgtgaa gctttcaagc ccgacttcga tggtgaccag	1620
atggcagttc acctgccgct gtccgctgaa gctcaggctg aggctcgcgt gctgatgctt	1680
gcatccaaca acattttgtc ccagcttcc ggtaagcctt tggctatgcc tcgtctggat	1740
atggtgaccg gtctgtacta cctgactctg gagaagtctt ccgaggagt cgggtggacag	1800
ggcgcttacc agcctgcaga tgaaaacggc cctgaaaagg gcgtgtattc ctactggca	1860
gaagcaatca tggcttatga ccgtggtgta cttggcctgc aggccccagt tcgcatccgt	1920
ttgaaccacc tgcgcccacc agctgaggta gaagcagagc agttcccaga tggatggaac	1980
cagggcgaga cttggttggc tcacaccacc ttgggtcgcg ttatgttcaa cgagatcctg	2040
ccttgaact acccatacct tgagggcgct atggctcgta aggtggcgg ctccgacaag	2100
atcatgcttg gcgacgtagt caatgacctc gctgctaagt acccaatgat caccgtggct	2160
cagaccatgg acaagatgaa ggatgctggc ttctactggc caaccgctt cgggtgagacc	2220
atcgctatgt ctgacgtttt ggttcttcct aacaaggaag aaatgctgga ccgctacgag	2280
gaatctgcac gccagatcga agttaagtac aaccgcggtg agctcaccgg ccgtgagcgc	2340
tacgaccgtc tggctgagct gtggaaggac gcaactgacg aggttggaca ggctgtcgag	2400
gatctgtacc cagacgacaa cccaattcca atgatcgtga agtctggtgc tgccggtaac	2460
atgcgtcaga tctggaccct tgctggtatg aagggcatgg ttgtgaactc gaaggtgac	2520
tacatcaccg gcccgatcaa gacttccttc cgtgaaggct tgaccgttct cgagtacttc	2580
aacaactccc acggttcccg taagggcctg gccgataccg cgctgcgtac cgctgactcc	2640
ggttacctga cccgtcgtct tgttgacgtc gctcaggacg tcatcgtgcg tgttgaggac	2700
tgtggcaccg gccaggtgt tcgcgttcct gtcgctgctg aggttctgga tgcaactggt	2760
gctgtcaccg gctacaccgg ccatgacctg atcgagactt ctgtctccgg tcgtgttctg	2820
gctggcgatg caaccaacgc tgcaggcgag gttgtgcttg ctgctggtac cgacctgacc	2880
gagctcaaca ttgaccttct ggtcgaggct ggcacatcaag acgtcaaggt tcgttccgta	2940
cttacctgcc agaccccaac cgggtgttct gctaagtgtc acggcaagtc catggcttcc	3000
ggccagcagg ttgatatcgg agaggctgtc ggtattgttg ctgcacagtc cattggtgag	3060
cctggtaccc agctgaccat gcgtacctc caccaggtg gtgtcgggtg cgatattacc	3120
ggcggctctgc ctctgttca ggagctgtt gaggcacgtg ttcctaagaa ctgtgcacca	3180

ES 2 802 949 T3

attgcttctg ttgaaggtgt tatccacctt gaggatgaag gcaacttcta cactctgacc 3240
atcgttcctg acgatggctc cgacaacggt gtctacgaga agctgtccaa gcgacagggt 3300
cttgcaccca ctgcggtggc tatggagtcc aacgctggtg cgttcattga gcgcaccttg 3360
accgaaggtg accgcgtcac cgttggtcag cgtctgctcc gtggtgcagc tgatccacac 3420
gacgtgctcg agatcctcgg tcgccgtggt gtggagcagc acctcatcga tgaggtgcag 3480
gctgtttacc gtgcacaggg tgtggccatc cacgacaagc acatcgaaat catcattcgt 3540
cagatgctgc gtcgcggtac cgtcattgag tccggttcca ccgagttcct tcctggttct 3600
ttggttgacc tctctgaggg gaagctggct aactctgagg caatcgggtc gggcggtcag 3660
cctgcagagc tgcgttctga gatcatgggt atcaccaagg cctctctcgc aactgagtct 3720
tggctgtctg cagcgtcctt ccaggagacc actcgtgtcc tgactgatgc tgctatcaac 3780
aagcgtccg ataagctcat cggcctgaag ggaacgctca tcggtaagct gatcccagct 3840
ggtactggta tttcccgtta ccgcaacatc tccatcaagc caaccgaggc tgctcgcaac 3900
gccgcatact cgatcccaac ttatggtgag tcgatttacg gtgacgatgg attcgggtgag 3960
ttcaccggcg catccgtccc attgatgag gctttctag 3999

<210> 6
<211> 20
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

5

<220>
<223> cebador

<400> 6
aattgtgaag ggcgagaaca 20

10

<210> 7
<211> 20
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

15

<220>
<223> cebador

<400> 7
cagggcctca acttctcagc 20

20

<210> 8
<211> 1333
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M1)

<400> 8

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
245 250 255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
260 265 270

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

Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
290 295 300

Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
305 310 315 320

Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala

ES 2 802 949 T3

	660					665					670				
Arg	Val	Met	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Pro	Trp	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Glu
		675					680					685			
Gly	Val	Met	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Lys	Ile	Met	Leu	Gly
	690					695					700				
Asp	Val	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Pro	Met	Ile	Thr	Val	Ala
705					710					715					720
Gln	Thr	Met	Asp	Lys	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Phe	Tyr	Trp	Ser	Thr	Arg
				725					730					735	
Ser	Gly	Val	Thr	Ile	Ala	Met	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Lys
			740					745					750		
Glu	Glu	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Glu	Ser	Ala	Arg	Gln	Ile	Glu	Val
		755					760					765			
Lys	Tyr	Asn	Arg	Gly	Lys	Leu	Thr	Gly	Arg	Glu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Leu
	770					775						780			
Val	Glu	Leu	Trp	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Gly	Gln	Ala	Val	Glu
785					790					795					800
Asp	Leu	Tyr	Pro	Asp	Asp	Asn	Pro	Ile	Pro	Met	Ile	Val	Lys	Ser	Gly
				805					810					815	
Ala	Ala	Gly	Asn	Met	Arg	Gln	Ile	Trp	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	Lys	Gly
			820					825					830		
Met	Val	Val	Asn	Ser	Lys	Gly	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	Pro	Ile	Lys	Thr
		835					840					845			
Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Leu	Thr	Val	Leu	Glu	Tyr	Phe	Asn	Asn	Ser	His
	850					855					860				
Gly	Ser	Arg	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala	Asp	Ser
865					870					875					880
Gly	Tyr	Leu	Thr	Arg	Arg	Leu	Val	Asp	Val	Ala	Gln	Asp	Val	Ile	Val
				885					890					895	
Arg	Val	Glu	Asp	Cys	Gly	Thr	Arg	Gln	Gly	Val	Arg	Val	Pro	Val	Ala
			900					905					910		
Ala	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Gly	Tyr	Thr	Arg	His
		915					920					925			
Asp	Leu	Ile	Glu	Thr	Ser	Val	Ser	Gly	Arg	Val	Leu	Ala	Gly	Asp	Ala
	930					935					940				
Thr	Asn	Ala	Ala	Gly	Glu	Val	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Thr	Asp	Leu	Thr
945					950					955					960
Glu	Leu	Asn	Ile	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Ala	Gly	Ile	Lys	Asp	Val	Lys
				965					970					975	
Val	Arg	Ser	Val	Leu	Thr	Cys	Gln	Thr	Pro	Thr	Gly	Val	Cys	Ala	Lys
			980					985					990		
Cys	Tyr	Gly	Lys	Ser	Met	Ala	Ser	Gly	Gln	Gln	Val	Asp	Ile	Gly	Glu

ES 2 802 949 T3

995			1000			1005		
Ala Val Gly	Ile Val Ala	Ala Ala Gly	Ser Ile Gly	Glu Pro Gly	Thr Gln			
1010		1015		1020				
Leu Thr Met	Arg Thr Phe	His Gln Gly	Gly Val Gly	Gly Gly Asp	Ile Thr			
1025		1030		1035				
Gly Gly Leu	Pro Arg Val	Gln Glu Leu	Phe Glu Ala	Arg Val Pro	Lys			
	1045		1050		1055			
Asn Cys Ala	Pro Ile Ala	Ser Val Glu	Gly Val Ile	His Leu Glu	Asp			
	1060		1065		1070			
Glu Gly Asn	Phe Tyr Thr	Leu Thr Ile	Val Pro Asp	Asp Gly Ser	Asp			
	1075		1080		1085			
Asn Val Val	Tyr Glu Lys	Leu Ser Lys	Arg Gln Gly	Leu Ala Ser	Thr			
	1090		1095		1100			
Arg Val Ala	Met Glu Ser	Asn Ala Gly	Ala Phe Ile	Glu Arg Thr	Leu			
1105		1110		1115				
Thr Glu Gly	Asp Arg Val	Thr Val Gly	Gln Arg Leu	Leu Arg Gly	Ala			
	1125		1130		1135			
Ala Asp Pro	His Asp Val	Leu Glu Ile	Leu Gly Arg	Arg Gly Val	Glu			
	1140		1145		1150			
Gln His Leu	Ile Asp Glu	Val Gln Ala	Val Tyr Arg	Ala Gln Gly	Val			
	1155		1160		1165			
Ala Ile His	Asp Lys His	Ile Glu Ile	Ile Ile Arg	Gln Met Leu	Arg			
	1170		1175		1180			
Arg Gly Thr	Val Ile Glu	Ser Gly Ser	Thr Glu Phe	Leu Pro Gly	Ser			
1185		1190		1195				
Leu Val Asp	Leu Ser Glu	Ala Lys Leu	Ala Asn Ser	Glu Ala Ile	Gly			
	1205		1210		1215			
Ala Gly Gly	Gln Pro Ala	Glu Leu Arg	Ser Glu Ile	Met Gly Ile	Thr			
	1220		1225		1230			
Lys Ala Ser	Leu Ala Thr	Glu Ser Trp	Leu Ser Ala	Ala Ser Phe	Gln			
	1235		1240		1245			
Glu Thr Thr	Arg Val Leu	Thr Asp Ala	Ala Ile Asn	Lys Arg Ser	Asp			
	1250		1255		1260			
Lys Leu Ile	Gly Leu Lys	Glu Asn Val	Ile Ile Gly	Lys Leu Ile	Pro			
1265		1270		1275				
Ala Gly Thr	Gly Ile Ser	Arg Tyr Arg	Asn Ile Ser	Ile Lys Pro	Thr			
	1285		1290		1295			
Glu Ala Ala	Arg Asn Ala	Ala Tyr Ser	Ile Pro Thr	Tyr Gly Glu	Ser			
	1300		1305		1310			
Ile Tyr Gly	Asp Asp Gly	Phe Gly Glu	Phe Thr Gly	Ala Ser Val	Pro			
	1315		1320		1325			
Leu Asp Glu	Ala Phe							

ES 2 802 949 T3

1330

5 <210> 9
 <211> 1333
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M2)

<400> 9

```

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
  1                               5                               10                               15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
                35                               40                               45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
  50                               55                               60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
  65                               70                               75                               80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
  115                               120                               125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
  130                               135                               140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
  145                               150                               155                               160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
                165                               170                               175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
                180                               185                               190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
                195                               200                               205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
  210                               215                               220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
  225                               230                               235                               240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
                245                               250                               255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
                260                               265                               270
  
```

ES 2 802 949 T3

Glu Ala Glu Glu Leu Arg Asp Ile Ile Asn Asn Gly Lys Gly Gln Lys
 275 280 285
 Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
 290 295 300
 Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
 305 310 315 320
 Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala
 325 330 335
 Thr Ser Asp Leu Asn Asp Leu Tyr Arg Arg Val Ile Asn Arg Asn Asn
 340 345 350
 Arg Leu Lys Arg Met Ile Glu Leu Gly Ala Pro Glu Ile Ile Val Asn
 355 360 365
 Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
 370 375 380
 Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
 405 410 415
 Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605

ES 2 802 949 T3

Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940

ES 2 802 949 T3

Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu His Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040
 Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055
 Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070
 Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085
 Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100
 Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120
 Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135
 Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150
 Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165
 Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180
 Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200
 Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215
 Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230
 Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245
 Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260
 Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

ES 2 802 949 T3

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 10

<211> 1333

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

5

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M3)

<400> 10

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
 115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
 130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
 145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
 165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
 180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
 195 200 205

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880

ES 2 802 949 T3

Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
885 890 895

Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
900 905 910

Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
915 920 925

Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
930 935 940

Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
945 950 955 960

Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
965 970 975

Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
980 985 990

Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
995 1000 1005

Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
1010 1015 1020

Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
1025 1030 1035 1040

Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
1045 1050 1055

Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
1060 1065 1070

Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
1075 1080 1085

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
1205 1210 1215

ES 2 802 949 T3

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Lys Gln
1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
1330

<210> 11

<211> 1333

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M4)

<400> 11

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
 115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
 130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

				485						490						495
Met	Leu	Asn	Arg	Ala	Pro	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe	
			500					505					510			
Glu	Pro	Val	Leu	Val	Glu	Gly	Lys	Ala	Ile	Gln	Leu	His	Pro	Leu	Ala	
		515					520					525				
Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Asp	Gly	Asp	Gln	Met	Ala	Val	His	
	530					535					540					
Leu	Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Ala	Glu	Ala	Arg	Val	Leu	Met	Leu	
545					550					555					560	
Ala	Ser	Asn	Asn	Ile	Leu	Ser	Pro	Ala	Ser	Gly	Lys	Pro	Leu	Ala	Met	
				565					570					575		
Pro	Arg	Leu	Asp	Met	Val	Thr	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Leu	Glu	Lys	
			580					585					590			
Ser	Ser	Glu	Glu	Phe	Gly	Gly	Gln	Gly	Ala	Tyr	Gln	Pro	Ala	Asp	Glu	
		595					600					605				
Asn	Gly	Pro	Glu	Lys	Gly	Val	Tyr	Ser	Ser	Leu	Ala	Glu	Ala	Ile	Met	
	610					615					620					
Ala	Tyr	Asp	Arg	Gly	Val	Leu	Gly	Leu	Gln	Ala	Pro	Val	Arg	Ile	Arg	
625					630					635					640	
Leu	Asn	His	Leu	Arg	Pro	Pro	Ala	Glu	Val	Glu	Ala	Glu	Gln	Phe	Pro	
				645					650					655		
Asp	Gly	Trp	Asn	Gln	Gly	Glu	Thr	Trp	Leu	Ala	His	Thr	Thr	Leu	Gly	
			660					665					670			
Arg	Val	Met	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Pro	Trp	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Glu	
		675					680					685				
Gly	Val	Met	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Lys	Ile	Met	Leu	Gly	
	690					695					700					
Asp	Val	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Pro	Met	Ile	Thr	Val	Ala	
705					710					715					720	
Gln	Thr	Met	Asp	Lys	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Phe	Tyr	Trp	Ser	Thr	Arg	
				725					730					735		
Ser	Gly	Val	Thr	Ile	Ala	Met	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Lys	
			740					745					750			
Glu	Glu	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Glu	Ser	Ala	Arg	Gln	Ile	Glu	Val	
		755					760					765				
Lys	Tyr	Asn	Arg	Gly	Lys	Leu	Thr	Gly	Arg	Glu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Leu	
	770					775						780				
Val	Glu	Leu	Trp	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Gly	Gln	Ala	Val	Glu	
785					790					795					800	
Asp	Leu	Tyr	Pro	Asp	Asp	Asn	Pro	Ile	Pro	Met	Ile	Val	Lys	Ser	Gly	
				805					810					815		
Ala	Ala	Gly	Asn	Met	Arg	Gln	Ile	Trp	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	Lys	Gly	

ES 2 802 949 T3

820					825					830					
Met	Val	Val	Asn	Ser	Lys	Gly	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	Pro	Ile	Lys	Thr
		835					840					845			
Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Leu	Thr	Val	Leu	Glu	Tyr	Phe	Asn	Asn	Ser	His
	850					855					860				
Gly	Ser	Arg	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala	Asp	Ser
865					870					875					880
Gly	Tyr	Leu	Thr	Arg	Arg	Leu	Val	Asp	Val	Ala	Gln	Asp	Val	Ile	Val
				885					890					895	
Arg	Val	Glu	Asp	Cys	Gly	Thr	Arg	Gln	Gly	Val	Arg	Val	Pro	Val	Ala
			900					905					910		
Ala	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Gly	Tyr	Thr	Arg	His
		915					920					925			
Asp	Leu	Ile	Glu	Thr	Ser	Val	Ser	Gly	Arg	Val	Leu	Ala	Gly	Asp	Ala
	930					935					940				
Thr	Asn	Ala	Ala	Gly	Glu	Val	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Thr	Asp	Leu	Thr
945					950					955					960
Glu	Leu	Asn	Ile	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Ala	Gly	Ile	Lys	Asp	Val	Lys
				965					970					975	
Val	Arg	Ser	Val	Leu	Thr	Cys	Gln	Thr	Pro	Thr	Gly	Val	Cys	Ala	Lys
			980					985					990		
Cys	Tyr	Glu	Lys	Ser	Met	Ala	Ser	Gly	Gln	Gln	Val	Asp	Ile	Gly	Glu
		995					1000					1005			
Ala	Val	Gly	Ile	Val	Ala	Ala	Gln	Ser	Cys	Gly	Glu	Pro	Gly	Thr	Gln
	1010					1015					1020				
Leu	Thr	Met	Arg	Thr	Phe	His	Gln	Gly	Gly	Val	Gly	Gly	Asp	Ile	Thr
1025					1030					1035					1040
Gly	Gly	Leu	Pro	Arg	Val	Gln	Glu	Leu	Phe	Glu	Ala	Arg	Val	Pro	Lys
				1045					1050					1055	
Asn	Cys	Ala	Pro	Ile	Ala	Ser	Val	Glu	Gly	Val	Ile	His	Leu	Glu	Asp
			1060					1065					1070		
Glu	Gly	Asn	Phe	Tyr	Thr	Leu	Thr	Ile	Val	Pro	Asp	Asp	Gly	Ser	Asp
		1075					1080					1085			
Asn	Val	Val	Tyr	Glu	Lys	Leu	Ser	Lys	Arg	Gln	Gly	Leu	Ala	Ser	Thr
	1090					1095					1100				
Arg	Val	Ala	Met	Glu	Ser	Asn	Ala	Gly	Ala	Phe	Ile	Glu	Arg	Thr	Leu
1105					1110					1115					1120
Thr	Glu	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Val	Gly	Gln	Arg	Leu	Leu	Arg	Gly	Ala
				1125					1130					1135	
Ala	Asp	Pro	His	Asp	Val	Leu	Glu	Ile	Leu	Gly	Arg	Arg	Gly	Val	Glu
			1140					1145					1150		
Gln	His	Leu	Ile	Asp	Glu	Val	Gln	Ala	Val	Tyr	Arg	Ala	Gln	Gly	Val

ES 2 802 949 T3

1155	1160	1165
Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg		
1170	1175	1180
Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser		
1185	1190	1195
Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly		
1205	1210	1215
Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr		
1220	1225	1230
Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln		
1235	1240	1245
Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp		
1250	1255	1260
Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro		
1265	1270	1275
Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr		
1285	1290	1295
Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser		
1300	1305	1310
Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro		
1315	1320	1325
Leu Asp Glu Ala Phe		
1330		

<210> 12
 <211> 1333
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

5

<220>
 <223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M5)

<400> 12

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765

ES 2 802 949 T3

Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr His Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Cys Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040
 Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055
 Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070
 Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085
 Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100

ES 2 802 949 T3

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Cys Thr
 1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 13

<211> 1334

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M6)

<400> 13

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
 370 375 380
 Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
 405 410 415
 Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700

ES 2 802 949 T3

Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040

ES 2 802 949 T3

Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055

Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070

Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245

Glu Thr Thr Thr Thr Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser
 1250 1255 1260

Asp Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile
 1265 1270 1275 1280

Pro Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro
 1285 1290 1295

Thr Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu
 1300 1305 1310

Ser Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val
 1315 1320 1325

Pro Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 14
 <211> 1333
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M7)

<400> 14

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
245 250 255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
260 265 270

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

Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
290 295 300

Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile

ES 2 802 949 T3

645					650					655					
Asp	Gly	Trp	Asn	Gln	Gly	Glu	Thr	Trp	Leu	Ala	His	Thr	Thr	Leu	Gly
			660					665					670		
Arg	Val	Met	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Pro	Trp	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Glu
		675					680					685			
Gly	Val	Met	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Lys	Ile	Met	Leu	Gly
	690					695					700				
Asp	Val	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Pro	Met	Ile	Thr	Val	Ala
705					710					715					720
Gln	Thr	Met	Asp	Lys	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Phe	Tyr	Trp	Ser	Thr	Arg
				725					730					735	
Ser	Gly	Val	Thr	Ile	Ala	Met	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Lys
			740					745					750		
Glu	Glu	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Glu	Ser	Ala	Arg	Gln	Ile	Glu	Val
		755					760					765			
Lys	Tyr	Asn	Arg	Gly	Lys	Leu	Thr	Gly	Arg	Glu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Leu
	770					775						780			
Val	Glu	Leu	Trp	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Gly	Gln	Ala	Val	Glu
785					790					795					800
Asp	Leu	Tyr	Pro	Asp	Asp	Asn	Pro	Ile	Pro	Met	Ile	Val	Lys	Ser	Gly
				805					810					815	
Ala	Ala	Gly	Asn	Met	Arg	Gln	Ile	Trp	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	Lys	Gly
			820					825					830		
Met	Val	Val	Asn	Ser	Lys	Gly	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	Pro	Ile	Lys	Thr
		835					840					845			
Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Leu	Thr	Val	Leu	Glu	Tyr	Phe	Asn	Asn	Ser	His
	850					855					860				
Gly	Ser	Arg	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala	Asp	Ser
865					870					875					880
Gly	Tyr	Leu	Thr	Arg	Arg	Leu	Val	Asp	Val	Ala	Gln	Asp	Val	Ile	Val
				885					890					895	
Arg	Val	Glu	Asp	Cys	Gly	Thr	Arg	Gln	Gly	Val	Arg	Val	Pro	Val	Ala
			900					905					910		
Ala	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Gly	Tyr	Thr	Arg	His
		915					920					925			
Asp	Leu	Ile	Glu	Thr	Ser	Val	Ser	Gly	Arg	Val	Leu	Ala	Gly	Asp	Ala
	930					935					940				
Thr	Asn	Ala	Ala	Gly	Glu	Val	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Thr	Asp	Leu	Thr
945					950					955					960
Glu	Leu	Asn	Ile	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Ala	Gly	Ile	Lys	Asp	Val	Lys
				965					970					975	
Val	Arg	Ser	Val	Leu	Thr	Cys	Gln	Thr	Pro	Thr	Gly	Val	Cys	Ala	Lys

ES 2 802 949 T3

980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Arg Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040
 Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055
 Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070
 Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085
 Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100
 Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120
 Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135
 Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150
 Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165
 Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180
 Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200
 Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215
 Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230
 Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245
 Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260
 Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280
 Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295
 Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310
 Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro

1315

1320

1325

Leu Asp Glu Ala Phe
1330

5

<210> 15

<211> 1333

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M8)

<400> 15

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
245 250 255

ES 2 802 949 T3

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
 260 265 270
 Glu Ala Glu Glu Leu Arg Asp Ile Ile Asn Asn Gly Lys Gly Gln Lys
 275 280 285
 Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
 290 295 300
 Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
 305 310 315 320
 Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala
 325 330 335
 Thr Ser Asp Leu Asn Asp Leu Tyr Arg Arg Val Ile Asn Arg Asn Asn
 340 345 350
 Arg Leu Lys Arg Met Ile Glu Leu Gly Ala Pro Glu Ile Ile Val Asn
 355 360 365
 Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
 370 375 380
 Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
 405 410 415
 Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590

ES 2 802 949 T3

Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
595 600 605

Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
610 615 620

Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
625 630 635 640

Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
645 650 655

Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
660 665 670

Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
675 680 685

Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
690 695 700

Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
705 710 715 720

Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
725 730 735

Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
740 745 750

Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
755 760 765

Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
770 775 780

Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
785 790 795 800

Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
805 810 815

Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
820 825 830

Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
835 840 845

Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
850 855 860

Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
865 870 875 880

Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
885 890 895

Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
900 905 910

Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
915 920 925

ES 2 802 949 T3

Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Asp Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040
 Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055
 Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070
 Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085
 Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100
 Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120
 Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135
 Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150
 Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165
 Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180
 Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200
 Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215
 Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230
 Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245
 Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

ES 2 802 949 T3

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 16

<211> 1333

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M9)

<400> 16

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
 115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
 130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
 145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
 165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
 180 185 190

ES 2 802 949 T3

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
245 250 255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
260 265 270

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

Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
290 295 300

Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
305 310 315 320

Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala
325 330 335

Thr Ser Asp Leu Asn Asp Leu Tyr Arg Arg Val Ile Asn Arg Asn Asn
340 345 350

Arg Leu Lys Arg Met Ile Glu Leu Gly Ala Pro Glu Ile Ile Val Asn
355 360 365

Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
370 375 380

Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
385 390 395 400

Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
405 410 415

Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
420 425 430

Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
435 440 445

Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
450 455 460

Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
465 470 475 480

Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
485 490 495

Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
500 505 510

Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
515 520 525

ES 2 802 949 T3

Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860

ES 2 802 949 T3

Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040
 Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055
 Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070
 Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085
 Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100
 Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120
 Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135
 Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150
 Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165
 Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180
 Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200

ES 2 802 949 T3

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Pro Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
1330

<210> 17

<211> 1333

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M10)

<400> 17

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
 115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg

ES 2 802 949 T3

130						135						140							
His	Ser	Asp	Gln	Thr	Thr	Leu	Glu	Ala	Glu	Met	Leu	Leu	Glu	Lys	Lys				
145						150				155					160				
Asp	Val	Glu	Ala	Asp	Ala	Glu	Ser	Asp	Ile	Ala	Glu	Arg	Ala	Glu	Lys				
				165					170					175					
Leu	Glu	Glu	Asp	Leu	Ala	Glu	Leu	Glu	Ala	Ala	Gly	Ala	Lys	Ala	Asp				
			180					185					190						
Ala	Arg	Arg	Lys	Val	Gln	Ala	Ala	Ala	Asp	Lys	Glu	Met	Gln	His	Ile				
		195					200					205							
Arg	Glu	Arg	Ala	Gln	Arg	Glu	Ile	Asp	Arg	Leu	Asp	Glu	Val	Trp	Gln				
	210					215						220							
Thr	Phe	Ile	Lys	Leu	Ala	Pro	Lys	Gln	Met	Ile	Arg	Asp	Glu	Lys	Leu				
225					230					235					240				
Tyr	Asp	Glu	Leu	Ile	Asp	Arg	Tyr	Glu	Asp	Tyr	Phe	Thr	Gly	Gly	Met				
				245					250					255					
Gly	Ala	Glu	Ser	Ile	Glu	Ala	Leu	Ile	Gln	Asn	Phe	Asp	Leu	Asp	Ala				
			260					265					270						
Glu	Ala	Glu	Glu	Leu	Arg	Asp	Ile	Ile	Asn	Asn	Gly	Lys	Gly	Gln	Lys				
		275					280					285							
Lys	Met	Arg	Ala	Leu	Lys	Arg	Leu	Lys	Val	Val	Ala	Ala	Phe	Gln	Arg				
	290					295					300								
Ser	Gly	Asn	Asp	Pro	Ala	Gly	Met	Val	Leu	Asn	Ala	Ile	Pro	Val	Ile				
305					310					315					320				
Pro	Pro	Glu	Leu	Arg	Pro	Met	Val	Gln	Leu	Asp	Gly	Gly	Arg	Phe	Ala				
				325					330					335					
Thr	Ser	Asp	Leu	Asn	Asp	Leu	Tyr	Arg	Arg	Val	Ile	Asn	Arg	Asn	Asn				
			340					345					350						
Arg	Leu	Lys	Arg	Met	Ile	Glu	Leu	Gly	Ala	Pro	Glu	Ile	Ile	Val	Asn				
		355				360						365							
Asn	Glu	Lys	Arg	Met	Leu	Gln	Glu	Ser	Val	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Asn				
	370					375					380								
Gly	Arg	Arg	Gly	Arg	Pro	Val	Thr	Gly	Pro	Gly	Asn	Arg	Pro	Leu	Lys				
385					390					395					400				
Ser	Leu	Ser	Asp	Leu	Leu	Lys	Gly	Lys	Gln	Gly	Arg	Phe	Arg	Gln	Asn				
				405					410					415					
Leu	Leu	Gly	Lys	Arg	Val	Asp	Tyr	Ser	Gly	Arg	Ser	Val	Ile	Ile	Val				
			420					425					430						
Gly	Pro	Gln	Leu	Arg	Leu	His	Glu	Cys	Gly	Leu	Pro	Lys	Leu	Met	Ala				
		435					440					445							
Leu	Glu	Leu	Phe	Lys	Pro	Phe	Val	Met	Lys	Arg	Leu	Val	Glu	Asn	Glu				
	450					455					460								
Tyr	Ala	Gln	Asn	Ile	Lys	Ser	Ala	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Arg	Gln	Arg				

ES 2 802 949 T3

465					470						475				480
Pro	Glu	Val	Trp	Asp	Val	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Ser	Glu	His	Pro	Val
				485					490					495	
Met	Leu	Asn	Arg	Ala	Pro	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe
			500					505					510		
Glu	Pro	Val	Leu	Val	Glu	Gly	Lys	Ala	Ile	Gln	Leu	His	Pro	Leu	Ala
		515					520					525			
Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Asp	Gly	Asp	Gln	Met	Ala	Val	His
	530					535					540				
Leu	Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Ala	Glu	Ala	Arg	Val	Leu	Met	Leu
545					550					555					560
Ala	Ser	Asn	Asn	Ile	Leu	Ser	Pro	Ala	Ser	Gly	Lys	Pro	Leu	Ala	Met
				565					570					575	
Pro	Arg	Leu	Asp	Met	Val	Thr	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Leu	Glu	Lys
			580					585					590		
Ser	Ser	Glu	Glu	Phe	Gly	Gly	Gln	Gly	Ala	Tyr	Gln	Pro	Ala	Asp	Glu
		595					600					605			
Asn	Gly	Pro	Glu	Lys	Gly	Val	Tyr	Ser	Ser	Leu	Ala	Glu	Ala	Ile	Met
	610					615					620				
Ala	Tyr	Asp	Arg	Gly	Val	Leu	Gly	Leu	Gln	Ala	Pro	Val	Arg	Ile	Arg
625					630					635					640
Leu	Asn	His	Leu	Arg	Pro	Pro	Ala	Glu	Val	Glu	Ala	Glu	Gln	Phe	Pro
				645					650					655	
Asp	Gly	Trp	Asn	Gln	Gly	Glu	Thr	Trp	Leu	Ala	His	Thr	Thr	Leu	Gly
			660					665						670	
Arg	Val	Met	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Pro	Trp	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Glu
		675					680					685			
Gly	Val	Met	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Lys	Ile	Met	Leu	Gly
	690					695					700				
Asp	Val	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Pro	Met	Ile	Thr	Val	Ala
705					710					715					720
Gln	Thr	Met	Asp	Lys	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Phe	Tyr	Trp	Ser	Thr	Arg
				725					730					735	
Ser	Gly	Val	Thr	Ile	Ala	Met	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Lys
			740					745					750		
Glu	Glu	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Glu	Ser	Ala	Arg	Gln	Ile	Glu	Val
		755					760					765			
Lys	Tyr	Asn	Arg	Gly	Lys	Leu	Thr	Gly	Arg	Glu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Leu
	770					775					780				
Val	Glu	Leu	Trp	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Gly	Gln	Ala	Val	Glu
785					790					795					800
Asp	Leu	Tyr	Pro	Asp	Asp	Asn	Pro	Ile	Pro	Met	Ile	Val	Lys	Ser	Gly

ES 2 802 949 T3

805					810					815					
Ala	Ala	Gly	Asn	Met	Arg	Gln	Ile	Trp	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	Lys	Gly
			820					825					830		
Met	Val	Val	Asn	Ser	Lys	Gly	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	Pro	Ile	Lys	Thr
		835					840					845			
Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Leu	Thr	Val	Leu	Glu	Tyr	Phe	Asn	Asn	Ser	His
	850					855					860				
Gly	Ser	Arg	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala	Asp	Ser
865					870					875					880
Gly	Tyr	Leu	Thr	Arg	Arg	Leu	Val	Asp	Val	Ala	Gln	Asp	Val	Ile	Val
				885					890					895	
Arg	Val	Glu	Asp	Cys	Gly	Thr	Arg	Gln	Gly	Val	Arg	Val	Pro	Val	Ala
			900					905					910		
Ala	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Gly	Tyr	Thr	Arg	His
		915					920					925			
Asp	Leu	Ile	Glu	Thr	Ser	Val	Ser	Gly	Arg	Val	Leu	Ala	Gly	Asp	Ala
	930					935					940				
Thr	Asn	Ala	Ala	Gly	Glu	Val	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Thr	Asp	Leu	Thr
945					950					955					960
Glu	Leu	Asn	Ile	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Ala	Gly	Ile	Lys	Asp	Val	Lys
				965					970					975	
Val	Arg	Ser	Val	Leu	Thr	Cys	Gln	Thr	Pro	Thr	Gly	Val	Cys	Ala	Lys
			980					985					990		
Cys	Tyr	Gly	Lys	Ser	Met	Ala	Ser	Gly	Gln	Gln	Val	Asp	Ile	Gly	Glu
		995				1000						1005			
Ala	Val	Gly	Ile	Val	Ala	Ala	Gln	Ser	Ile	Gly	Glu	Pro	Gly	Thr	Gln
	1010					1015					1020				
Leu	Thr	Met	Arg	Thr	Phe	His	Gln	Gly	Gly	Val	Gly	Gly	Asp	Ile	Thr
1025					1030					1035					1040
Gly	Gly	Leu	Pro	Arg	Val	Gln	Glu	Leu	Phe	Glu	Ala	Arg	Val	Pro	Lys
				1045					1050					1055	
Asn	Cys	Ala	Pro	Ile	Ala	Ser	Val	Glu	Gly	Val	Ile	His	Leu	Glu	Asp
			1060					1065					1070		
Glu	Gly	Asn	Phe	Tyr	Thr	Leu	Thr	Ile	Val	Pro	Asp	Asp	Gly	Ser	Asp
		1075					1080					1085			
Asn	Val	Val	Tyr	Glu	Lys	Leu	Ser	Lys	Arg	Gln	Gly	Leu	Ala	Ser	Thr
	1090					1095					1100				
Arg	Val	Ala	Met	Glu	Ser	Asn	Ala	Gly	Ala	Phe	Ile	Glu	Arg	Thr	Leu
1105					1110					1115					1120
Thr	Glu	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Val	Gly	Gln	Arg	Leu	Leu	Arg	Gly	Ala
			1125						1130					1135	
Ala	Asp	Pro	His	Asp	Val	Leu	Glu	Ile	Leu	Gly	Arg	Arg	Gly	Val	Glu

ES 2 802 949 T3

1140	1145	1150
Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val		
1155	1160	1165
Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg		
1170	1175	1180
Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser		
1185	1190	1195
Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly		
1205	1210	1215
Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr		
1220	1225	1230
Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Asn Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln		
1235	1240	1245
Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp		
1250	1255	1260
Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro		
1265	1270	1275
Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr		
1285	1290	1295
Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser		
1300	1305	1310
Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro		
1315	1320	1325
Leu Asp Glu Ala Phe		
1330		

<210> 18

<211> 1333

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M11)

<400> 18

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
1 5 10 15
Ala Asp Asp Ile Arg Arg Trp Ser Lys Gly Glu Val Lys Lys Pro Glu
20 25 30
Thr Ile Asn Phe Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45
Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60
Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750

ES 2 802 949 T3

Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040
 Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055
 Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070
 Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085

ES 2 802 949 T3

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Cys Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 19
 <211> 1333
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

5

<220>
 <223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M12)

<400> 19

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

ES 2 802 949 T3

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

Thr Ile Asn Phe Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
245 250 255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
260 265 270

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

Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
290 295 300

Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
305 310 315 320

Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala
325 330 335

Thr Ser Asp Leu Asn Asp Leu Tyr Arg Arg Val Ile Asn Arg Asn Asn
340 345 350

ES 2 802 949 T3

Arg Leu Lys Arg Met Ile Glu Leu Gly Ala Pro Glu Ile Ile Val Asn
 355 360 365
 Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
 370 375 380
 Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
 405 410 415
 Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685

ES 2 802 949 T3

Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020

ES 2 802 949 T3

Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040

Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055

Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070

Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245

Tyr Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Phe Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 20
 <211> 1333

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M13)

5 <400> 20

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
245 250 255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
260 265 270

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

Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg

ES 2 802 949 T3

290						295										300
Ser	Gly	Asn	Asp	Pro	Ala	Gly	Met	Val	Leu	Asn	Ala	Ile	Pro	Val	Ile	
305					310					315					320	
Pro	Pro	Glu	Leu	Arg	Pro	Met	Val	Gln	Leu	Asp	Gly	Gly	Arg	Phe	Ala	
				325					330					335		
Thr	Ser	Asp	Leu	Asn	Asp	Leu	Tyr	Arg	Arg	Val	Ile	Asn	Arg	Asn	Asn	
			340					345					350			
Arg	Leu	Lys	Arg	Met	Ile	Glu	Leu	Gly	Ala	Pro	Glu	Ile	Ile	Val	Asn	
		355					360					365				
Asn	Glu	Lys	Arg	Met	Leu	Gln	Glu	Ser	Val	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Asn	
	370					375					380					
Gly	Arg	Arg	Gly	Arg	Pro	Val	Thr	Gly	Pro	Gly	Asn	Arg	Pro	Leu	Lys	
385					390					395					400	
Ser	Leu	Ser	Asp	Leu	Leu	Lys	Gly	Lys	Gln	Gly	Arg	Phe	Arg	Gln	Asn	
				405					410					415		
Leu	Leu	Gly	Lys	Arg	Val	Asp	Tyr	Ser	Gly	Arg	Ser	Val	Ile	Ile	Val	
			420					425					430			
Gly	Pro	Gln	Leu	Arg	Leu	His	Glu	Cys	Gly	Leu	Pro	Lys	Leu	Met	Ala	
		435					440					445				
Leu	Glu	Leu	Phe	Lys	Pro	Phe	Val	Met	Lys	Arg	Leu	Val	Glu	Asn	Glu	
	450					455					460					
Tyr	Ala	Gln	Asn	Ile	Lys	Ser	Ala	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Arg	Gln	Arg	
465					470					475					480	
Pro	Glu	Val	Trp	Asp	Val	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Ser	Glu	His	Pro	Val	
				485					490					495		
Met	Leu	Asn	Arg	Ala	Pro	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe	
			500					505					510			
Glu	Pro	Val	Leu	Val	Glu	Gly	Lys	Ala	Ile	Gln	Leu	His	Pro	Leu	Ala	
		515					520					525				
Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Asp	Gly	Asp	Gln	Met	Ala	Val	His	
	530					535					540					
Leu	Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Ala	Glu	Ala	Arg	Val	Leu	Met	Leu	
545					550						555				560	
Ala	Ser	Asn	Asn	Ile	Leu	Ser	Pro	Ala	Ser	Gly	Lys	Pro	Leu	Ala	Met	
				565					570					575		
Pro	Arg	Leu	Asp	Met	Val	Thr	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Leu	Glu	Lys	
			580					585					590			
Ser	Ser	Glu	Glu	Phe	Gly	Gly	Gln	Gly	Ala	Tyr	Gln	Pro	Ala	Asp	Glu	
		595					600					605				
Asn	Gly	Pro	Glu	Lys	Gly	Val	Tyr	Ser	Ser	Leu	Ala	Glu	Ala	Ile	Met	
	610					615					620					
Ala	Tyr	Asp	Arg	Gly	Val	Leu	Gly	Leu	Gln	Ala	Pro	Val	Arg	Ile	Arg	

ES 2 802 949 T3

625					630						635				640
Leu	Asn	His	Leu	Arg	Pro	Pro	Ala	Glu	Val	Glu	Ala	Glu	Gln	Phe	Pro
				645					650					655	
Asp	Gly	Trp	Asn	Gln	Gly	Glu	Thr	Trp	Leu	Ala	His	Thr	Thr	Leu	Gly
			660					665					670		
Arg	Val	Met	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Pro	Trp	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Glu
		675					680					685			
Gly	Val	Met	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Lys	Ile	Met	Leu	Gly
	690					695					700				
Asp	Val	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Pro	Met	Ile	Thr	Val	Ala
705					710					715					720
Gln	Thr	Met	Asp	Lys	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Phe	Tyr	Trp	Ser	Thr	Arg
				725					730						735
Ser	Gly	Val	Thr	Ile	Ala	Met	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Lys
			740					745					750		
Glu	Glu	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Glu	Ser	Ala	Arg	Gln	Ile	Glu	Val
		755					760					765			
Lys	Tyr	Asn	Arg	Gly	Lys	Leu	Thr	Gly	Arg	Glu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Leu
	770					775					780				
Val	Glu	Leu	Trp	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Gly	Gln	Ala	Val	Glu
785					790					795					800
Asp	Leu	Tyr	Pro	Asp	Asp	Asn	Pro	Ile	Pro	Met	Ile	Val	Lys	Ser	Gly
				805					810					815	
Ala	Ala	Gly	Asn	Met	Arg	Gln	Ile	Trp	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	Lys	Gly
			820					825					830		
Met	Val	Val	Asn	Ser	Lys	Gly	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	Pro	Ile	Lys	Thr
		835					840					845			
Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Leu	Thr	Val	Leu	Glu	Tyr	Phe	Asn	Asn	Ser	His
	850					855					860				
Gly	Ser	Arg	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala	Asp	Ser
865					870					875					880
Gly	Tyr	Leu	Thr	Arg	Arg	Leu	Val	Asp	Val	Ala	Gln	Asp	Val	Ile	Val
				885					890					895	
Arg	Val	Glu	Asp	Cys	Gly	Thr	Arg	Gln	Gly	Val	Arg	Val	Pro	Val	Ala
			900					905					910		
Ala	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Gly	Tyr	Thr	Arg	His
		915					920					925			
Asp	Leu	Ile	Glu	Thr	Ser	Val	Ser	Gly	Arg	Val	Leu	Ala	Gly	Asp	Ala
	930					935						940			
Thr	Asn	Ala	Ala	Gly	Glu	Val	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Thr	Asp	Leu	Thr
945					950					955					960
Glu	Leu	Asn	Ile	Asp	Leu	Leu	Val	Glu	Ala	Gly	Ile	Lys	Asp	Val	Lys

ES 2 802 949 T3

				965						970					975	
Val	Arg	Ser	Val	Leu	Thr	Cys	Gln	Thr	Pro	Thr	Gly	Val	Cys	Ala	Lys	
			980					985					990			
Cys	Tyr	Gly	Lys	Ser	Met	Ala	Ser	Gly	Gln	Gln	Val	Asp	Ile	Gly	Glu	
		995					1000					1005				
Ala	Val	Gly	Ile	Val	Ala	Ala	Gln	Ser	Ile	Gly	Glu	Pro	Ser	Thr	Gln	
	1010					1015					1020					
Leu	Thr	Met	Arg	Thr	Phe	His	Gln	Gly	Gly	Val	Gly	Gly	Asp	Ile	Thr	
1025					1030					1035					1040	
Gly	Gly	Leu	Pro	Arg	Val	Gln	Glu	Leu	Phe	Glu	Ala	Arg	Val	Pro	Lys	
				1045					1050						1055	
Asn	Cys	Ala	Pro	Ile	Ala	Ser	Val	Glu	Gly	Val	Ile	His	Leu	Glu	Asp	
			1060					1065						1070		
Glu	Gly	Asn	Phe	Tyr	Thr	Leu	Thr	Ile	Val	Pro	Asp	Asp	Gly	Ser	Asp	
		1075					1080					1085				
Asn	Val	Val	Tyr	Glu	Lys	Leu	Ser	Lys	Arg	Gln	Gly	Leu	Ala	Ser	Thr	
	1090					1095					1100					
Arg	Val	Ala	Met	Glu	Ser	Asn	Ala	Gly	Ala	Phe	Ile	Glu	Arg	Thr	Leu	
1105						1110				1115					1120	
Thr	Glu	Gly	Asp	Arg	Val	Thr	Val	Gly	Gln	Arg	Leu	Leu	Arg	Gly	Ala	
				1125					1130						1135	
Ala	Asp	Pro	His	Asp	Val	Leu	Glu	Ile	Leu	Gly	Arg	Arg	Gly	Val	Glu	
			1140					1145						1150		
Gln	His	Leu	Ile	Asp	Glu	Val	Gln	Ala	Val	Tyr	Arg	Ala	Gln	Gly	Val	
		1155					1160						1165			
Ala	Ile	His	Asp	Lys	His	Ile	Glu	Ile	Ile	Ile	Arg	Gln	Met	Leu	Arg	
	1170					1175					1180					
Arg	Gly	Thr	Val	Ile	Glu	Ser	Gly	Ser	Thr	Glu	Phe	Leu	Pro	Gly	Ser	
1185					1190					1195					1200	
Leu	Val	Asp	Leu	Ser	Glu	Ala	Lys	Leu	Ala	Asn	Ser	Glu	Ala	Ile	Gly	
			1205						1210					1215		
Ala	Gly	Gly	Gln	Pro	Ala	Glu	Leu	Arg	Ser	Glu	Ile	Met	Gly	Ile	Thr	
			1220					1225					1230			
Lys	Ala	Ser	Leu	Ala	Thr	Glu	Ser	Trp	Leu	Ser	Ala	Ala	Ser	Phe	Gln	
	1235						1240					1245				
Glu	Thr	Thr	Arg	Val	Leu	Thr	Asp	Ala	Ala	Ile	Asn	Lys	Arg	Ser	Asp	
	1250					1255					1260					
Lys	Leu	Ile	Gly	Leu	Lys	Glu	Asn	Val	Ile	Ile	Gly	Lys	Leu	Ile	Pro	
1265					1270					1275					1280	
Ala	Gly	Thr	Gly	Ile	Ser	Arg	Tyr	Arg	Asn	Ile	Ser	Ile	Lys	Pro	Thr	
			1285					1290						1295		
Glu	Ala	Ala	Arg	Asn	Ala	Ala	Tyr	Ser	Ile	Pro	Thr	Tyr	Gly	Glu	Ser	

ES 2 802 949 T3

1300 1305 1310
Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
1315 1320 1325
Leu Asp Glu Ala Phe
1330

- 5 <210> 21
<211> 1333
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M14)

<400> 21

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

ES 2 802 949 T3

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
 245 250 255
 Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
 260 265 270
 Glu Ala Glu Glu Leu Arg Asp Ile Ile Asn Asn Gly Lys Gly Gln Lys
 275 280 285
 Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
 290 295 300
 Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
 305 310 315 320
 Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala
 325 330 335
 Thr Ser Asp Leu Asn Asp Leu Tyr Arg Arg Val Ile Asn Arg Asn Asn
 340 345 350
 Arg Leu Lys Arg Met Ile Glu Leu Gly Ala Pro Glu Ile Ile Val Asn
 355 360 365
 Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
 370 375 380
 Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
 405 410 415
 Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575

ES 2 802 949 T3

Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910

ES 2 802 949 T3

Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
915 920 925

Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
930 935 940

Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
945 950 955 960

Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
965 970 975

Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
980 985 990

Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
995 1000 1005

Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
1010 1015 1020

Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
1025 1030 1035 1040

Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
1045 1050 1055

Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
1060 1065 1070

Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
1075 1080 1085

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Gly Ala Ala Ser Phe Gln
1235 1240 1245

ES 2 802 949 T3

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 22
 <211> 1333
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

5

<220>
 <223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M15)

<400> 22
 Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
 115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
 130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
 145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
 165 170 175

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670
 Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845

ES 2 802 949 T3

Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
850 855 860

Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
865 870 875 880

Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
885 890 895

Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
900 905 910

Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
915 920 925

Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
930 935 940

Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
945 950 955 960

Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
965 970 975

Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
980 985 990

Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
995 1000 1005

Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
1010 1015 1020

Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
1025 1030 1035 1040

Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
1045 1050 1055

Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
1060 1065 1070

Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
1075 1080 1085

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
1170 1175 1180

ES 2 802 949 T3

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Thr Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 23

<211> 1333

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M16)

<400> 23

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

450						455										460
Tyr	Ala	Gln	Asn	Ile	Lys	Ser	Ala	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Arg	Gln	Arg	
465					470					475						480
Pro	Glu	Val	Trp	Asp	Val	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Ser	Glu	His	Pro	Val	
				485					490					495		
Met	Leu	Asn	Arg	Ala	Pro	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe	
			500					505					510			
Glu	Pro	Val	Leu	Val	Glu	Gly	Lys	Ala	Ile	Gln	Leu	His	Pro	Leu	Ala	
		515					520					525				
Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Asp	Gly	Asp	Gln	Met	Ala	Val	His	
530						535					540					
Leu	Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Ala	Glu	Ala	Arg	Val	Leu	Met	Leu	
545					550					555					560	
Ala	Ser	Asn	Asn	Ile	Leu	Ser	Pro	Ala	Ser	Gly	Lys	Pro	Leu	Ala	Met	
				565					570					575		
Pro	Arg	Leu	Asp	Met	Val	Thr	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Leu	Glu	Lys	
			580					585						590		
Ser	Ser	Glu	Glu	Phe	Gly	Gly	Gln	Gly	Ala	Tyr	Gln	Pro	Ala	Asp	Glu	
		595					600					605				
Asn	Gly	Pro	Glu	Lys	Gly	Val	Tyr	Ser	Ser	Leu	Ala	Glu	Ala	Ile	Met	
610						615					620					
Ala	Tyr	Asp	Arg	Gly	Val	Leu	Gly	Leu	Gln	Ala	Pro	Val	Arg	Ile	Arg	
625					630					635					640	
Leu	Asn	His	Leu	Arg	Pro	Pro	Ala	Glu	Val	Glu	Ala	Glu	Gln	Phe	Pro	
				645					650					655		
Asp	Gly	Trp	Asn	Gln	Gly	Glu	Thr	Trp	Leu	Ala	His	Thr	Thr	Leu	Gly	
			660					665						670		
Arg	Val	Met	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Pro	Trp	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Glu	
		675					680					685				
Gly	Val	Met	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Lys	Ile	Met	Leu	Gly	
690						695					700					
Asp	Val	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Pro	Met	Ile	Thr	Val	Ala	
705					710					715					720	
Gln	Thr	Met	Asp	Lys	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Phe	Tyr	Trp	Ser	Thr	Arg	
				725					730					735		
Ser	Gly	Val	Thr	Ile	Ala	Met	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Lys	
			740					745					750			
Glu	Glu	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Glu	Ser	Ala	Arg	Gln	Ile	Glu	Val	
		755					760					765				
Lys	Tyr	Asn	Arg	Gly	Lys	Leu	Thr	Gly	Arg	Glu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Leu	
770						775					780					
Val	Glu	Leu	Trp	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Gly	Gln	Ala	Val	Glu	

ES 2 802 949 T3

	1125		1130		1135
Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu	1140		1145		1150
Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val	1155		1160		1165
Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg	1170		1175		1180
Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser	1185		1190		1195
Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly	1205		1210		1215
Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr	1220		1225		1230
Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln	1235		1240		1245
Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp	1250		1255		1260
Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro	1265		1270		1275
Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr	1285		1290		1295
Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser	1300		1305		1310
Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro	1315		1320		1325
Leu Asp Glu Ala Phe	1330				

<210> 24

<211> 1333

<212> PRT

5 <213> Secuencia artificial

<220>

<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M17)

<400> 24

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

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

ES 2 802 949 T3

Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
405 410 415

Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
420 425 430

Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
435 440 445

Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
450 455 460

Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
465 470 475 480

Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
485 490 495

Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
500 505 510

Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
515 520 525

Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
530 535 540

Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
545 550 555 560

Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
565 570 575

Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
580 585 590

Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
595 600 605

Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
610 615 620

Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
625 630 635 640

Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
645 650 655

Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
660 665 670

Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
675 680 685

Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
690 695 700

Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
705 710 715 720

Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
725 730 735

ES 2 802 949 T3

Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
740 745 750

Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
755 760 765

Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
770 775 780

Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
785 790 795 800

Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
805 810 815

Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
820 825 830

Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
835 840 845

Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
850 855 860

Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
865 870 875 880

Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
885 890 895

Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
900 905 910

Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
915 920 925

Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
930 935 940

Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
945 950 955 960

Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
965 970 975

Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
980 985 990

Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
995 1000 1005

Ala Val Gly Ile Val Asp Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
1010 1015 1020

Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
1025 1030 1035 1040

Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
1045 1050 1055

Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
1060 1065 1070

ES 2 802 949 T3

Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
 1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 25
 <211> 1333
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

5

<220>
 <223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M18)

<400> 25

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
210 215 220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
225 230 235 240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
245 250 255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
260 265 270

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

Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
290 295 300

Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
305 310 315 320

Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala
325 330 335

ES 2 802 949 T3

Thr Ser Asp Leu Asn Asp Leu Tyr Arg Arg Val Ile Asn Arg Asn Asn
 340 345 350
 Arg Leu Lys Arg Met Ile Glu Leu Gly Ala Pro Glu Ile Ile Val Asn
 355 360 365
 Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
 370 375 380
 Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
 405 410 415
 Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560
 Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
 565 570 575
 Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
 580 585 590
 Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
 595 600 605
 Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
 610 615 620
 Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
 625 630 635 640
 Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
 645 650 655
 Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
 660 665 670

ES 2 802 949 T3

Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
 675 680 685
 Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
 690 695 700
 Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
 705 710 715 720
 Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
 725 730 735
 Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
 740 745 750
 Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
 755 760 765
 Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
 770 775 780
 Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
 785 790 795 800
 Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
 805 810 815
 Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
 820 825 830
 Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
 835 840 845
 Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
 850 855 860
 Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
 865 870 875 880
 Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
 885 890 895
 Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005

ES 2 802 949 T3

Ala Val Gly Ile Val Ala His Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
1010 1015 1020

Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
1025 1030 1035 1040

Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
1045 1050 1055

Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
1060 1065 1070

Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
1075 1080 1085

Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
1090 1095 1100

Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
1105 1110 1115 1120

Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
1125 1130 1135

Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
1140 1145 1150

Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
1155 1160 1165

Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
1170 1175 1180

Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
1185 1190 1195 1200

Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
1205 1210 1215

Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Gly Ile Thr
1220 1225 1230

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile Asn Lys Arg Ser Asp
1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
1330

ES 2 802 949 T3

<210> 26
 <211> 1333
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

5

<220>
 <223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M19)

<400> 26

```

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1           5           10           15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
      35           40           45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
      50           55           60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65           70           75           80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
      115          120          125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
 130          135          140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
 145          150          155          160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
      165          170          175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
      180          185          190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
      195          200          205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
      210          215          220

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
 225          230          235          240

Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
      245          250          255

Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
      260          265          270

Glu Ala Glu Glu Leu Arg Asp Ile Ile Asn Asn Gly Lys Gly Gln Lys
    
```

ES 2 802 949 T3

275					280					285					
Lys	Met	Arg	Ala	Leu	Lys	Arg	Leu	Lys	Val	Val	Ala	Ala	Phe	Gln	Arg
290					295					300					
Ser	Gly	Asn	Asp	Pro	Ala	Gly	Met	Val	Leu	Asn	Ala	Ile	Pro	Val	Ile
305					310					315					320
Pro	Pro	Glu	Leu	Arg	Pro	Met	Val	Gln	Leu	Asp	Gly	Gly	Arg	Phe	Ala
				325					330					335	
Thr	Ser	Asp	Leu	Asn	Asp	Leu	Tyr	Arg	Arg	Val	Ile	Asn	Arg	Asn	Asn
			340					345					350		
Arg	Leu	Lys	Arg	Met	Ile	Glu	Leu	Gly	Ala	Pro	Glu	Ile	Ile	Val	Asn
		355					360					365			
Asn	Glu	Lys	Arg	Met	Leu	Gln	Glu	Ser	Val	Asp	Ala	Leu	Phe	Asp	Asn
	370					375					380				
Gly	Arg	Arg	Gly	Arg	Pro	Val	Thr	Gly	Pro	Gly	Asn	Arg	Pro	Leu	Lys
385					390					395					400
Ser	Leu	Ser	Asp	Leu	Leu	Lys	Gly	Lys	Gln	Gly	Arg	Phe	Arg	Gln	Asn
				405					410					415	
Leu	Leu	Gly	Lys	Arg	Val	Asp	Tyr	Ser	Gly	Arg	Ser	Val	Ile	Ile	Val
			420					425					430		
Gly	Pro	Gln	Leu	Arg	Leu	His	Glu	Cys	Gly	Leu	Pro	Lys	Leu	Met	Ala
		435					440					445			
Leu	Glu	Leu	Phe	Lys	Pro	Phe	Val	Met	Lys	Arg	Leu	Val	Glu	Asn	Glu
	450					455					460				
Tyr	Ala	Gln	Asn	Ile	Lys	Ser	Ala	Lys	Arg	Met	Val	Glu	Arg	Gln	Arg
465					470					475					480
Pro	Glu	Val	Trp	Asp	Val	Leu	Glu	Glu	Ala	Ile	Ser	Glu	His	Pro	Val
				485					490					495	
Met	Leu	Asn	Arg	Ala	Pro	Thr	Leu	His	Arg	Leu	Gly	Ile	Gln	Ala	Phe
			500					505					510		
Glu	Pro	Val	Leu	Val	Glu	Gly	Lys	Ala	Ile	Gln	Leu	His	Pro	Leu	Ala
		515					520					525			
Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ala	Asp	Phe	Asp	Gly	Asp	Gln	Met	Ala	Val	His
	530					535					540				
Leu	Pro	Leu	Ser	Ala	Glu	Ala	Gln	Ala	Glu	Ala	Arg	Val	Leu	Met	Leu
545					550					555					560
Ala	Ser	Asn	Asn	Ile	Leu	Ser	Pro	Ala	Ser	Gly	Lys	Pro	Leu	Ala	Met
				565					570					575	
Pro	Arg	Leu	Asp	Met	Val	Thr	Gly	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Thr	Leu	Glu	Lys
			580					585					590		
Ser	Ser	Glu	Glu	Phe	Gly	Gly	Gln	Gly	Ala	Tyr	Gln	Pro	Ala	Asp	Glu
		595					600					605			
Asn	Gly	Pro	Glu	Lys	Gly	Val	Tyr	Ser	Ser	Leu	Ala	Glu	Ala	Ile	Met

ES 2 802 949 T3

610				615				620							
Ala	Tyr	Asp	Arg	Gly	Val	Leu	Gly	Leu	Gln	Ala	Pro	Val	Arg	Ile	Arg
625						630				635					640
Leu	Asn	His	Leu	Arg	Pro	Pro	Ala	Glu	Val	Glu	Ala	Glu	Gln	Phe	Pro
				645						650				655	
Asp	Gly	Trp	Asn	Gln	Gly	Glu	Thr	Trp	Leu	Ala	His	Thr	Thr	Leu	Gly
			660					665						670	
Arg	Val	Met	Phe	Asn	Glu	Ile	Leu	Pro	Trp	Asn	Tyr	Pro	Tyr	Leu	Glu
		675					680					685			
Gly	Val	Met	Val	Arg	Lys	Gly	Gly	Gly	Ser	Asp	Lys	Ile	Met	Leu	Gly
		690				695					700				
Asp	Val	Val	Asn	Asp	Leu	Ala	Ala	Lys	Tyr	Pro	Met	Ile	Thr	Val	Ala
705					710					715					720
Gln	Thr	Met	Asp	Lys	Met	Lys	Asp	Ala	Gly	Phe	Tyr	Trp	Ser	Thr	Arg
				725					730						735
Ser	Gly	Val	Thr	Ile	Ala	Met	Ser	Asp	Val	Leu	Val	Leu	Pro	Asn	Lys
			740					745						750	
Glu	Glu	Met	Leu	Asp	Arg	Tyr	Glu	Glu	Ser	Ala	Arg	Gln	Ile	Glu	Val
		755					760					765			
Lys	Tyr	Asn	Arg	Gly	Lys	Leu	Thr	Gly	Arg	Glu	Arg	Tyr	Asp	Arg	Leu
	770					775						780			
Val	Glu	Leu	Trp	Lys	Asp	Ala	Thr	Asp	Glu	Val	Gly	Gln	Ala	Val	Glu
785					790					795					800
Asp	Leu	Tyr	Pro	Asp	Asp	Asn	Pro	Ile	Pro	Met	Ile	Val	Lys	Ser	Gly
				805						810				815	
Ala	Ala	Gly	Asn	Met	Arg	Gln	Ile	Trp	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	Lys	Gly
			820					825					830		
Met	Val	Val	Asn	Ser	Lys	Gly	Asp	Tyr	Ile	Thr	Arg	Pro	Ile	Lys	Thr
		835					840					845			
Ser	Phe	Arg	Glu	Gly	Leu	Thr	Val	Leu	Glu	Tyr	Phe	Asn	Asn	Ser	His
	850					855					860				
Gly	Ser	Arg	Lys	Gly	Leu	Ala	Asp	Thr	Ala	Leu	Arg	Thr	Ala	Asp	Ser
865					870					875					880
Gly	Tyr	Leu	Thr	Arg	Arg	Leu	Val	Asp	Val	Ala	Gln	Asp	Val	Ile	Val
				885					890					895	
Arg	Val	Glu	Asp	Cys	Gly	Thr	Arg	Gln	Gly	Val	Arg	Val	Pro	Val	Ala
			900					905					910		
Ala	Glu	Val	Leu	Asp	Ala	Thr	Gly	Ala	Val	Thr	Gly	Tyr	Thr	Arg	His
		915					920					925			
Asp	Leu	Ile	Glu	Thr	Ser	Val	Ser	Gly	Arg	Val	Leu	Ala	Gly	Asp	Ala
	930					935					940				
Thr	Asn	Ala	Ala	Gly	Glu	Val	Val	Leu	Ala	Ala	Gly	Thr	Asp	Leu	Thr

ES 2 802 949 T3

1285 1290 1295
Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
1300 1305 1310
Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
1315 1320 1325
Leu Asp Glu Ala Phe
1330

- 5 <210> 27
<211> 1333
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> RpoC de KCCM11016P-rpoC(M20)

<400> 27

ES 2 802 949 T3

Met Leu Asp Val Asn Val Phe Asp Glu Leu Arg Ile Gly Leu Ala Thr
 1 5 10 15

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

Thr Ile Asn Tyr Arg Thr Leu Lys Pro Glu Lys Asp Gly Leu Phe Cys
 35 40 45

Glu Arg Ile Phe Gly Pro Thr Arg Asp Trp Glu Cys Ala Cys Gly Lys
 50 55 60

Tyr Lys Arg Val Arg Tyr Lys Gly Ile Ile Cys Glu Arg Cys Gly Val
 65 70 75 80

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

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

Arg Leu Gly Tyr Leu Leu Asp Leu Ala Pro Lys Asp Leu Asp Leu Ile
 115 120 125

Ile Tyr Phe Gly Ala Asn Ile Ile Thr Ser Val Asp Glu Glu Ala Arg
 130 135 140

His Ser Asp Gln Thr Thr Leu Glu Ala Glu Met Leu Leu Glu Lys Lys
 145 150 155 160

Asp Val Glu Ala Asp Ala Glu Ser Asp Ile Ala Glu Arg Ala Glu Lys
 165 170 175

Leu Glu Glu Asp Leu Ala Glu Leu Glu Ala Ala Gly Ala Lys Ala Asp
 180 185 190

Ala Arg Arg Lys Val Gln Ala Ala Ala Asp Lys Glu Met Gln His Ile
 195 200 205

Arg Glu Arg Ala Gln Arg Glu Ile Asp Arg Leu Asp Glu Val Trp Gln
 210 215 220

ES 2 802 949 T3

Thr Phe Ile Lys Leu Ala Pro Lys Gln Met Ile Arg Asp Glu Lys Leu
 225 230 235 240
 Tyr Asp Glu Leu Ile Asp Arg Tyr Glu Asp Tyr Phe Thr Gly Gly Met
 245 250 255
 Gly Ala Glu Ser Ile Glu Ala Leu Ile Gln Asn Phe Asp Leu Asp Ala
 260 265 270
 Glu Ala Glu Glu Leu Arg Asp Ile Ile Asn Asn Gly Lys Gly Gln Lys
 275 280 285
 Lys Met Arg Ala Leu Lys Arg Leu Lys Val Val Ala Ala Phe Gln Arg
 290 295 300
 Ser Gly Asn Asp Pro Ala Gly Met Val Leu Asn Ala Ile Pro Val Ile
 305 310 315 320
 Pro Pro Glu Leu Arg Pro Met Val Gln Leu Asp Gly Gly Arg Phe Ala
 325 330 335
 Thr Ser Asp Leu Asn Asp Leu Tyr Arg Arg Val Ile Asn Arg Asn Asn
 340 345 350
 Arg Leu Lys Arg Met Ile Glu Leu Gly Ala Pro Glu Ile Ile Val Asn
 355 360 365
 Asn Glu Lys Arg Met Leu Gln Glu Ser Val Asp Ala Leu Phe Asp Asn
 370 375 380
 Gly Arg Arg Gly Arg Pro Val Thr Gly Pro Gly Asn Arg Pro Leu Lys
 385 390 395 400
 Ser Leu Ser Asp Leu Leu Lys Gly Lys Gln Gly Arg Phe Arg Gln Asn
 405 410 415
 Leu Leu Gly Lys Arg Val Asp Tyr Ser Gly Arg Ser Val Ile Ile Val
 420 425 430
 Gly Pro Gln Leu Arg Leu His Glu Cys Gly Leu Pro Lys Leu Met Ala
 435 440 445
 Leu Glu Leu Phe Lys Pro Phe Val Met Lys Arg Leu Val Glu Asn Glu
 450 455 460
 Tyr Ala Gln Asn Ile Lys Ser Ala Lys Arg Met Val Glu Arg Gln Arg
 465 470 475 480
 Pro Glu Val Trp Asp Val Leu Glu Glu Ala Ile Ser Glu His Pro Val
 485 490 495
 Met Leu Asn Arg Ala Pro Thr Leu His Arg Leu Gly Ile Gln Ala Phe
 500 505 510
 Glu Pro Val Leu Val Glu Gly Lys Ala Ile Gln Leu His Pro Leu Ala
 515 520 525
 Cys Glu Ala Phe Asn Ala Asp Phe Asp Gly Asp Gln Met Ala Val His
 530 535 540
 Leu Pro Leu Ser Ala Glu Ala Gln Ala Glu Ala Arg Val Leu Met Leu
 545 550 555 560

ES 2 802 949 T3

Ala Ser Asn Asn Ile Leu Ser Pro Ala Ser Gly Lys Pro Leu Ala Met
565 570 575

Pro Arg Leu Asp Met Val Thr Gly Leu Tyr Tyr Leu Thr Leu Glu Lys
580 585 590

Ser Ser Glu Glu Phe Gly Gly Gln Gly Ala Tyr Gln Pro Ala Asp Glu
595 600 605

Asn Gly Pro Glu Lys Gly Val Tyr Ser Ser Leu Ala Glu Ala Ile Met
610 615 620

Ala Tyr Asp Arg Gly Val Leu Gly Leu Gln Ala Pro Val Arg Ile Arg
625 630 635 640

Leu Asn His Leu Arg Pro Pro Ala Glu Val Glu Ala Glu Gln Phe Pro
645 650 655

Asp Gly Trp Asn Gln Gly Glu Thr Trp Leu Ala His Thr Thr Leu Gly
660 665 670

Arg Val Met Phe Asn Glu Ile Leu Pro Trp Asn Tyr Pro Tyr Leu Glu
675 680 685

Gly Val Met Val Arg Lys Gly Gly Gly Ser Asp Lys Ile Met Leu Gly
690 695 700

Asp Val Val Asn Asp Leu Ala Ala Lys Tyr Pro Met Ile Thr Val Ala
705 710 715 720

Gln Thr Met Asp Lys Met Lys Asp Ala Gly Phe Tyr Trp Ser Thr Arg
725 730 735

Ser Gly Val Thr Ile Ala Met Ser Asp Val Leu Val Leu Pro Asn Lys
740 745 750

Glu Glu Met Leu Asp Arg Tyr Glu Glu Ser Ala Arg Gln Ile Glu Val
755 760 765

Lys Tyr Asn Arg Gly Lys Leu Thr Gly Arg Glu Arg Tyr Asp Arg Leu
770 775 780

Val Glu Leu Trp Lys Asp Ala Thr Asp Glu Val Gly Gln Ala Val Glu
785 790 795 800

Asp Leu Tyr Pro Asp Asp Asn Pro Ile Pro Met Ile Val Lys Ser Gly
805 810 815

Ala Ala Gly Asn Met Arg Gln Ile Trp Thr Leu Ala Gly Met Lys Gly
820 825 830

Met Val Val Asn Ser Lys Gly Asp Tyr Ile Thr Arg Pro Ile Lys Thr
835 840 845

Ser Phe Arg Glu Gly Leu Thr Val Leu Glu Tyr Phe Asn Asn Ser His
850 855 860

Gly Ser Arg Lys Gly Leu Ala Asp Thr Ala Leu Arg Thr Ala Asp Ser
865 870 875 880

Gly Tyr Leu Thr Arg Arg Leu Val Asp Val Ala Gln Asp Val Ile Val
885 890 895

ES 2 802 949 T3

Arg Val Glu Asp Cys Gly Thr Arg Gln Gly Val Arg Val Pro Val Ala
 900 905 910
 Ala Glu Val Leu Asp Ala Thr Gly Ala Val Thr Gly Tyr Thr Arg His
 915 920 925
 Asp Leu Ile Glu Thr Ser Val Ser Gly Arg Val Leu Ala Gly Asp Ala
 930 935 940
 Thr Asn Ala Ala Gly Glu Val Val Leu Ala Ala Gly Thr Asp Leu Thr
 945 950 955 960
 Glu Leu Asn Ile Asp Leu Leu Val Glu Ala Gly Ile Lys Asp Val Lys
 965 970 975
 Val Arg Ser Val Leu Thr Cys Gln Thr Pro Thr Gly Val Cys Ala Lys
 980 985 990
 Cys Tyr Gly Lys Ser Met Ala Ser Gly Gln Gln Val Asp Ile Gly Glu
 995 1000 1005
 Ala Val Gly Ile Val Ala Ala Gln Ser Ile Gly Glu Pro Gly Thr Gln
 1010 1015 1020
 Leu Thr Met Arg Thr Phe His Gln Gly Gly Val Gly Gly Asp Ile Thr
 1025 1030 1035 1040
 Gly Gly Leu Pro Arg Val Gln Glu Leu Phe Glu Ala Arg Val Pro Lys
 1045 1050 1055
 Asn Cys Ala Pro Ile Ala Ser Val Glu Gly Val Ile His Leu Glu Asp
 1060 1065 1070
 Glu Gly Asn Phe Tyr Thr Leu Thr Ile Val Pro Asp Asp Gly Ser Asp
 1075 1080 1085
 Asn Val Val Tyr Glu Lys Leu Ser Lys Arg Gln Gly Leu Ala Ser Thr
 1090 1095 1100
 Arg Val Ala Met Glu Ser Asn Ala Gly Ala Phe Ile Glu Arg Thr Leu
 1105 1110 1115 1120
 Thr Glu Gly Asp Arg Val Thr Val Gly Gln Arg Leu Leu Arg Gly Ala
 1125 1130 1135
 Ala Asp Pro His Asp Val Leu Glu Ile Leu Gly Arg Arg Gly Val Glu
 1140 1145 1150
 Gln His Leu Ile Asp Glu Val Gln Ala Val Tyr Arg Ala Gln Gly Val
 1155 1160 1165
 Ala Ile His Asp Lys His Ile Glu Ile Ile Ile Arg Gln Met Leu Arg
 1170 1175 1180
 Arg Gly Thr Val Ile Glu Ser Gly Ser Thr Glu Phe Leu Pro Gly Ser
 1185 1190 1195 1200
 Leu Val Asp Leu Ser Glu Ala Lys Leu Ala Asn Ser Glu Ala Ile Gly
 1205 1210 1215
 Ala Gly Gly Gln Pro Ala Glu Leu Arg Ser Glu Ile Met Tyr Ile Thr
 1220 1225 1230

ES 2 802 949 T3

Lys Ala Ser Leu Ala Thr Glu Ser Trp Leu Ser Ala Ala Ser Phe Gln
 1235 1240 1245

Glu Thr Thr Arg Val Leu Thr Asp Ala Ala Ile His Lys Arg Ser Asp
 1250 1255 1260

Lys Leu Ile Gly Leu Lys Glu Asn Val Ile Ile Gly Lys Leu Ile Pro
 1265 1270 1275 1280

Ala Gly Thr Gly Ile Ser Arg Tyr Arg Asn Ile Ser Ile Lys Pro Thr
 1285 1290 1295

Glu Ala Ala Arg Asn Ala Ala Tyr Ser Ile Pro Thr Tyr Gly Glu Ser
 1300 1305 1310

Ile Tyr Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Phe Thr Gly Ala Ser Val Pro
 1315 1320 1325

Leu Asp Glu Ala Phe
 1330

<210> 28
 <211> 29
 <212> ADN
 5 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> cebador

<400> 28
 ttggaattct accttgaggg cgttatggt 29

10 <210> 29
 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

15 <220>
 <223> cebador

<400> 29
 ttggaattcc cgttggtcag cgctgctc 29

20 <210> 30
 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> cebador

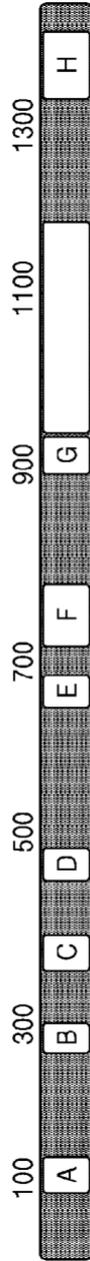
25 <400> 30
 ttgtcgacc agggcctcaa ctctcagc 29

REIVINDICACIONES

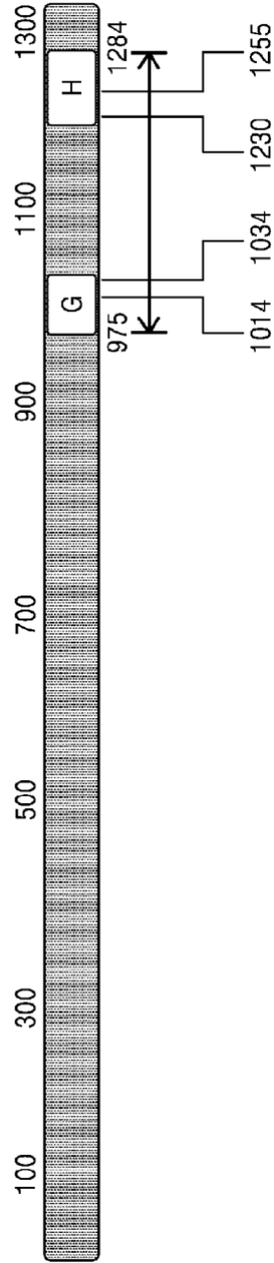
1. Una subunidad beta prima (subunidad- β') mutante de la ARN polimerasa, en la que la subunidad beta prima (subunidad- β') mutante de la ARN polimerasa tiene una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo que consiste en las SEQ ID NO: 8, 9, 11, 14, 15, 20, 23, 24, 25 y 26.
- 5 2. Un polinucleótido que tiene una secuencia de nucleótidos que codifica la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa de la reivindicación 1.
3. Un vector que comprende el polinucleótido de la reivindicación 2 ligado operativamente a una secuencia reguladora.
4. Un microorganismo del género *Corynebacterium* que expresa la subunidad beta prima mutante de la ARN polimerasa de la reivindicación 1.
- 10 5. El microorganismo de la reivindicación 4, en el que el microorganismo del género *Corynebacterium* es *Corynebacterium glutamicum*.
6. Un procedimiento de producción de L-lisina, comprendiendo dicho procedimiento los pasos de:
cultivar el microorganismo de la reivindicación 4 para producir L-lisina en un medio de cultivo; y
recuperar la L-lisina del medio de cultivo.

15

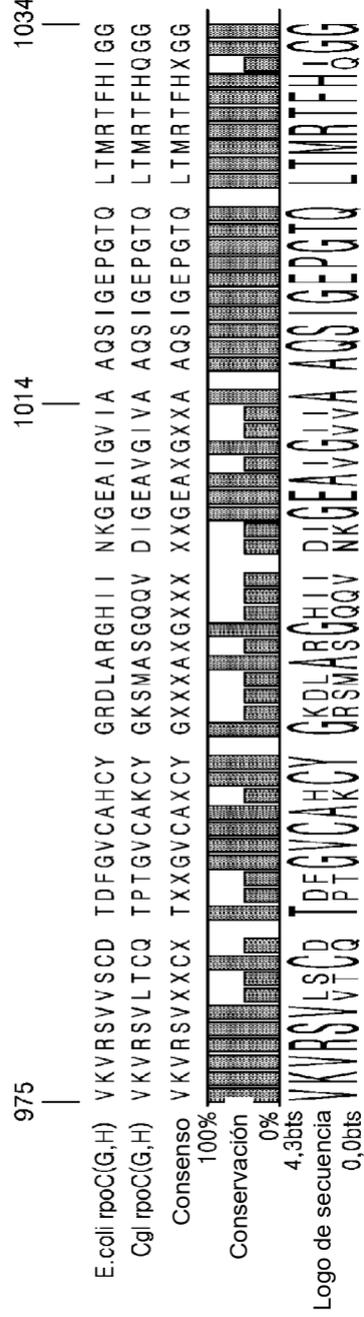
[Figura 1a]



[Figura 1b]



[Figura 2a]



[Figura 2b]

