



República Federativa do Brasil
Ministério do Desenvolvimento, Indústria
e Comércio Exterior
Instituto Nacional de Propriedade Industrial

(21) **PI0708082-4 A2**

(22) Data de Depósito: 21/02/2007
(43) Data da Publicação: 17/05/2011
(RPI 2106)



(51) *Int.Cl.:*
C12N 15/82

(54) Título: **PROCESSO PARA PRODUIR ÁCIDO EICOSAPENTAENÓICO, ÁCIDO DOCOSAPENTAENÓICO E/OU ÁCIDO DOCOSAHEXAENÓICO EM UMA PLANTA TRANSGÊNICA, MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLÉICO, PLANTA TRANSGÊNICA, E USO DE ÓLEOS, LIPÍDEOS OU ÁCIDOS GRAXOS LIVRES**

(30) Prioridade Unionista: 07/09/2006 EP 06120309.7,
21/02/2006 DE 10 2006 008 030.0

(73) Titular(es): Basf Plant Science Gmbh

(72) Inventor(es): Bifang Cheng, Guohai Wu, Jörg Bauer, Martin Truksa, Petra Cirpus, Tom Wetjen, Xiao Qiu

(74) Procurador(es): Momsen, Leonardos & CIA.

(86) Pedido Internacional: PCT EP2007051675 de 21/02/2007

(87) Publicação Internacional: WO 2007/096387 de 30/08/2007

(57) Resumo: PROCESSO PARA PRODUIR ÁCIDO EICOSAPENTAENÓICO, ÁCIDO DOCOSAPENTAENÓICO E/OU ÁCIDO DOCOSAHEXAENÓICO EM UMA PLANTA TRANSGÊNICA, MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLÉICO, PLANTA TRANSGÊNICA, E, USO DE ÓLEOS, LIPÍDEOS OU ÁCIDOS GRAXOS LIVRES. A invenção refere-se a um processo para produzir ácido eicosapentanóico, ácido docosapentanóico e/ou ácido docohexanóico em plantas transgênicas. De acordo com o citado processo, a planta é proporcionada com pelo menos uma sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 6$ dessaturase, pelo menos uma sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 6$ alongase, pelo menos uma sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 5$ dessaturase, e pelo menos uma sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 5$ alongase, a sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 5$ alongase sendo modificada em relação à sequência de ácido nucleico no organismo do qual a sequência se origina, de tal modo que está adaptada para uso de códon em pelo menos um tipo de planta. Para a produção de ácido ácido docosahexanóico, pelo menos uma sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 4$ dessaturase também é introduzida na planta.

“PROCESSO PARA PRODUZIR ÁCIDO EICOSAPENTAENÓICO, ÁCIDO DOCOSAPENTAENÓICO E/OU ÁCIDO DOCOSAHEXAENÓICO EM UMA PLANTA TRANSGÊNICA, MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLÉICO, PLANTA TRANSGÊNICA, E, USO
5 DE ÓLEOS, LIPÍDEOS OU ÁCIDOS GRAXOS LIVRES”

A presente invenção refere-se a um processo para a produção de ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosahexaenóico em plantas transgênicas, proporcionando na planta pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo
10 possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -dessaturase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase; e pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma
15 atividade de $\Delta 5$ -alongase, onde a seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase está modificada por comparação com a seqüência de ácido nucleico no organismo do qual a seqüência é derivada pelo fato de que está adaptada para uso de códon em uma ou mais espécies de planta.

20 Em uma modalidade preferida há adicionalmente a provisão de outras seqüências de ácido nucleico que codificam um polipeptídeo possuindo a atividade de uma $\omega 3$ -dessaturase e/ou de uma $\Delta 4$ -dessaturase na planta.

Em uma outra modalidade preferida há a provisão de outras seqüências de ácido nucleico que codificam acil-CoA desidrogenase(s), acil-
25 ACP (proteína carreadora) dessaturase(s), acil-ACP tioesterase(s), ácido graxo acil transferase(s), acil-CoA:lisofosfolípídeo acil transferase(s), ácido graxo sintase(s), ácido graxo hidroxilase(s), acetil-coenzima A carboxilase(s), acilcoenzima A oxidase(s), ácido graxo dessaturase(s), ácido graxo acetilenases, lipoxigenases, triacilglicerol lipases, aleno óxido sintases,

hidroperóxido liases ou ácido graxo alongase(s) na planta.

A invenção adicionalmente se refere às moléculas de ácido graxo recombinantes compreendendo pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -dessaturase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase; e pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase e que está modificada por comparação com a seqüência de ácido nucleico no organismo do qual a seqüência se origina pelo fato de que está adaptada para uso de códon em uma ou mais espécies de planta.

Uma outra parte da invenção refere-se aos óleos, lipídeos e/ou ácido graxos que tem sido produzidos pelo processo de acordo com a invenção, e ao uso deles.

Finalmente, a invenção também se refere às plantas transgênicas que têm sido produzidas pelo processo da invenção ou que compreendem uma molécula de ácido nucleico recombinante da invenção, e ao uso delas como gêneros alimentícios ou rações.

Síntese de lipídeo pode ser dividida em duas seções: a síntese de ácido graxos e sua ligação em sn-glicerol-3-fosfato, e a adição ou modificação de um grupo cabeça polar. Lipídeos úteis que são usados em membranas compreendem fosfolipídeos, glicolipídeos, esfingolipídeos e fosfoglicerídeos. Síntese de ácido graxo inicia com a conversão de acetil-CoA em malonil-CoA por acetil-CoA carboxilase ou em acetil-ACP por acetil transacilase. Após reação de condensação, estas duas moléculas produto juntas formam acetoacetil-ACP, que é convertido via uma série de reações de condensação, redução e desidratação de modo que seja obtida uma molécula de ácido graxo saturada com o comprimento de cadeia desejado. A produção

de ácidos graxos insaturados a partir destas moléculas é catalisada por dessaturases específicas, quer aerobicamente por meio de oxigênio molecular quer anaerobicamente (em relação à síntese de ácido graxo em microorganismos, veja F.C. Neidhardt et al. (1996) *E. coli* and *Salmonella*. ASM Press: Washington, D.C., p. 612-636 e referências lá citadas; Lengeler et al. (Ed.) (1999) *Biology of Prokaryotes*. Thieme: Stuttgart, New York, e as referências lá citadas, e Magnuson, K., et al. (1993) *Microbiological Reviews* 57:522-542 e as referências lá citadas) . Para sofrerem outras etapas de alongamento, os ácidos graxos ligados em fosfolípídeo resultantes têm que ser retornados para a coleção de ácido graxo CoA éster. Isto é tornado possível pelas acil-CoA:lisofosfolípídeo aciltransferases. Além disso, estas enzimas são capazes de transferirem os ácidos graxos alongados dos CoA ésteres de volta para os fosfolípídeos. Se apropriado, esta seqüência de reações pode ser seguida repetidamente.

Ademais, ácido graxos têm que ser subseqüentemente transportados para vários sítios de modificação e incorporados no lipídeo de armazenagem triacilglicerol. Uma outra etapa importante durante a síntese de lipídeo é a transferência de ácido graxos para os grupos cabeça polares, por exemplo por glicerol ácido graxo aciltransferase (veja Frentzen, 1998, *Lipid*, 100(4-5) :161-166) .

Uma visão geral da biossíntese de ácido graxos em plantas, dessaturação, o metabolismo de lipídeo e o transporte de membrana de compostos lipídicos, beta-oxidação, a modificação de ácido graxos, co-fatores e a armazenagem e a montagem de triacilglicerol, incluindo as referências dadas pelos seguintes jornais: Kinney (1997) *Genetic Engineering*, Ed.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge e Browse (1995) *Plant Cell* 7:957-970; Shanklin e Cahoon (1998) *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 49:611-641; Voelker (1996) *Genetic Engineering*, Ed.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt (1992) *Prog. Lipid R.* 31:397-417; Gühnemann-Schäfer & Kindl

(1995) *Biochim. Biophys Acta* 1256:181-186; Kunau et al. (1995) *Prog. Lipid Res.* 34:267-342; Stymne et al. (1993) em *Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants*, Ed.: Murata e Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158; Murphy & Ross (1998) *Plant Journal*. 13(1) :1-16.

Dependendo do padrão de dessaturação, podem ser distinguidas duas classes grandes de ácidos graxos poliinsaturados, os ácidos graxos $\omega 6$ e $\omega 3$, que diferem com relação ao metabolismo deles e à função deles.

No texto que segue, ácidos graxos poliinsaturados são referidos como PUFA, PUFAs, LCPUFA ou LCPUFAs (ácidos graxos poliinsaturados, PUFA, ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa, LCPUFA).

O ácido graxo ácido linoleico (18:2 $\Delta 9,12$) atua como um material inicial para a rota metabólica $\omega 6$, enquanto que a rota $\omega 3$ processa-se via ácido linolênico (18:3 $\Delta 9,12,15$). Ácido linolênico é formado de ácido linoleico pela atividade de uma $\omega 3$ -dessaturase (Tocher et al. (1998) *Prog. Lipid Res.* 37: 73-117; Domergue et al. (2002) *Eur. J. Biochem.* 269: 4105-4113).

Mamíferos, e portanto também humanos, não possuem atividade de dessaturase correspondente ($\Delta 12$ - e $\omega 3$ -dessaturase) para a formação dos materiais iniciais e portanto têm que adquirir estes ácidos graxos (ácido graxos essenciais) via o alimento. Partindo-se destes precursores, os ácidos graxos poliinsaturados fisiologicamente importantes ácido araquidônico (= ARA, 20:4 $\Delta 5,8,11,14$), e um ácido graxo $\omega 6$ e os dois ácidos graxos $\omega 3$ - ácido eicosapentaenóico (= EPA, 20:5 $\Delta 5,8,11,14,17$) e ácido docosahexaenóico (DHA, 22:6 $\Delta 4,7,10,13,17,19$) são sintetizados via uma sequência de reações de dessaturase e alongase.

O alongamento dos ácidos graxos, por alongases, pelos átomos

2 ou 4 C, é de importância crucial para a produção de C₂₀- e C₂₂-PUFAs, respectivamente. Este processo processa-se via 4 etapas. A primeira etapa é a condensação de malonil-CoA em ácido graxo acil-CoA por cetoacil-CoA sintase (KCS, aqui abaixo referida como alongase) . Esta é seguida por uma
 5 etapa de redução (cetoacil-CoA redutase, KCR), uma etapa de desidratação (desidratase) e uma etapa de redução final (enoil-CoA redutase) . Tem sido postulado que a atividade de alongase afeta a especificidade e a velocidade do processo inteiro (Millar e Kunst (1997) Plant Journal 12:121-131) .

Ácidos graxos e triacilglicerídeos possuem uma multiplicidade
 10 de aplicações na indústria de alimentos, em nutrição animal, em cosméticos e no setor farmacológico. Dependendo de ser são ácidos graxos livres saturados ou insaturados se não triacilglicerídeos com um conteúdo elevado de ácidos graxos saturados ou insaturados, são adequados para aplicações muito diferentes. Assim, por exemplo, lipídeos com ácidos graxos insaturados,
 15 especificamente com ácidos graxos poliinsaturados, são preferidos em nutrição humana. Os ácidos graxos poliinsaturados ω 3 são supostos em possuírem um efeito positivo sobre o nível de colesterol no sangue e assim sobre a prevenção de doença cardíaca. O risco de doença cardíaca, derrames cerebrais ou hipertensão pode ser reduzido marcadamente pela adição destes
 20 ácidos graxos ω 3 no alimento (Shimikawa (2001) World Rev. Nutr. Diet. 88: 100-198) .

Ácidos graxos ω 3 também possuem um efeito positivo sobre processos inflamatórios, especificamente sobre processos inflamatórios crônicos, em associação com doenças imunológicas tal como artrite
 25 reumatóide (Calder (2002) Proc. Nutr. Soc. 61: 345-358; Cleland e James (2000) J. Rheumatol. 27: 2305-2307) . Portanto são adicionados em gêneros alimentícios, especialmente em gêneros alimentícios dietéticos, ou são empregados em medicamentos. Ácidos graxos ω 6 tal como ácido araquidônico tendem a possuir um efeito negativo em conexão com estas

doenças reumatológicas.

Ácidos graxos $\omega 3$ e $\omega 6$ são precursores de hormônios de tecido, conhecidos como eicosanóides, tais como as prostaglandinas, que são derivadas de ácido di-homo- γ -linolênico, ácido araquidônico e ácido eicosapentaenóico, e dos tromboxanos e leucotrienos, que são derivados de ácido araquidônico e ácido eicosapentaenóico. Eicosanóides (conhecidos como a série PG2) que são formados a partir de ácidos graxos $\omega 6$, geralmente promovem reações inflamatórias, enquanto que eicosanóides (conhecidos como a série PG3) de ácidos graxos $\omega 3$ possuem pouco ou nenhum efeito pró-inflamatório.

Ácidos graxos poliinsaturados $\omega 3$ de cadeia longa tais como ácido eicosapentaenóico (= EPA, C20:5 ^{$\Delta 5,8,11,14,17$}) ou ácido docosahexaenóico (= DHA, C22:6 ^{$\Delta 4,7,10,13,16,19$}) são componentes importantes da nutrição humana devido aos seus vários papéis em aspectos de saúde, incluindo o desenvolvimento de cérebro de criança, a funcionalidade dos olhos, e a síntese de hormônios e outras substâncias de sinal, e a prevenção de distúrbios cardiovasculares, câncer e diabetes (Poulos, A (1995) Lipids 30:1-14; Horrocks, LA e Yeo YK (1999) Pharmacol Res 40:211-225).

Devido à composição de alimento de humano dos dias atuais, é particularmente importante uma adição de ácidos graxos poliinsaturados $\omega 3$. Assim, por exemplo, ácidos graxos poliinsaturados tais como ácido docosahexaenóico (= DHA, C22:6 ^{$\Delta 4,7,10,13,16,19$}) ou ácido eicosapentaenóico (= EPA, C20:5 ^{$\Delta 5,8,11,14,17$}) são adicionados em fórmula infantil para melhorar o valor nutricional. Portanto há uma demanda para a produção de ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa.

Os vários ácidos graxos e triglicerídeos são principalmente obtidos de microorganismos tais como *Mortierella* ou *Schizochytrium* ou de plantas produtoras de óleo tais como feijões-soja, colza, e algas tais como *Cryptocodinium* ou *Phaeodactylum* e outras, sendo obtidos, como uma regra,

na forma de seus triacilglicerídeo (= triglicerídeos = trigliceróis) . Contudo, também podem ser obtidos de animais, por exemplo, peixe. Os ácidos graxos livres são vantajosamente preparados por hidrólise dos triacilglicerídeos. Ácidos graxos poliinsaturados de cadeia muito longa tais como DHA, EPA, ácido araquidônico (ARA, C20:4^{Δ5,8,11,14}), ácido di-homo-γ-linolênico (DHGL, C20:3^{Δ8,11,14}) ou ácido docosapentaenóico (DPA, C22:5^{Δ7,10,13,16,19}) contudo, não são sintetizados em colheitas oleosas tais como colza, feijões-soja, girassóis e açafrão. Fontes naturais convencionais destes ácidos graxos são peixe tais como arenque, salmão, sardinha, peixe vermelho, enguia, carpa, truta, halibut, cavala, zander ou tuna, ou algas.

Devido às características positivas dos ácidos graxos poliinsaturados, não tem havido falta de tentativas no passado para tornar disponíveis genes que estão envolvidos na síntese destes ácidos graxos ou triglicerídeos para a produção de óleos em vários organismos com um conteúdo modificado de ácidos graxos insaturados. Assim, WO 91/13972 e seu equivalente US descrevem Δ9-dessaturase. WO 93/11245 reivindica uma Δ15-dessaturase e WO 94/11516 uma Δ12-dessaturase. Outras dessaturases são descritas, por exemplo, em EP-A-0.550.162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0.794.250, Stukey et al. (1990) J. Biol. Chem., 265: 20144-20149, Wada et al. (1990) Nature 347: 200-203 ou Huang et al (1999) Lipids 34: 649-659. Contudo, a caracterização bioquímica das várias dessaturases tem sido insuficiente até o presente porque as enzimas, sendo proteínas ligadas à membrana, apresentam uma grande dificuldade em isolamento e caracterização delas (McKeon et al. (1981) Methods in Enzymol. 71: 12141-12147, Wang et al (1988) Plant Physiol. Biochem., 26: 777-792) .

Como uma regra, dessaturases ligadas à membrana são caracterizadas pelo fato de serem introduzidas em um organismo adequado que é subsequentemente analisado para atividade de enzima pela análise dos

materiais iniciais e dos produtos. $\Delta 6$ -Dessaturases são descritas em WO 93/06712, US 5.614.393, WO 96/21022, WO 00/21557 e WO 99/27111. A aplicação desta enzima para a produção de ácidos graxos em organismos transgênicos é descrita em WO 98/46763, WO 98/46764 e WO 98/46765. A expressão de várias dessaturases e a formação de ácidos graxos poliinsaturados também são descritas e reivindicadas em WO 99/64616 ou WO 98/46776. Com relação à eficácia de expressão de dessaturases e seu efeito sobre a formação de ácidos graxos poliinsaturados, tem que ser notado que a expressão de uma única dessaturase como descrito até o presente apenas tem resultado em conteúdos baixos de lipídeos / ácidos graxos insaturados tais como, por exemplo, ácido γ -linolênico e ácido estearidônico.

Têm havido numerosas tentativas no passado para se obterem genes de alongase. Millar e Kunst (1997) Plant Journal 12:121-131 e Millar et al. (1999) Plant Cell 11:825-838 descrevem a caracterização de alongases de planta para a síntese de ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa (C₂₂:1) e para a síntese de ácidos graxos de cadeia muito longa para a formação de ceras em plantas (C₂₈-C₃₂) . A síntese de ácido araquidônico e EPA é descrita, por exemplo, em WO 01/59128, WO 00/12720, WO 02/077213 e WO 02/08401. A síntese de ácidos graxos poliinsaturados C₂₄ é descrita, por exemplo, em Tvrdik et al. (2000) J. Cell Biol. 149:707-718 ou em WO 02/44320.

Microorganismos especialmente adequados para a produção de PUFAs são microalgas tais como *Phaeodactylum tricornutum*, espécie *Porphiridium*, espécie *Thraustochytrium*, espécie *Schizochytrium* ou espécie *Cryptocodinium*, ciliados tais como *Stilonychia* ou *Colpidium*, fungos tais como *Mortierella*, *Entomophthora* ou *Mucor* e/ou musgos tais como *Physcomitrella*, *Ceratodon* e *Marchantia* (R. Vazhappilly & F. Chen (1998) Botanica Marina 41: 553-558; K. Totani & K. Oba (1987) Lipids 22: 1060-1062; M. Akimoto et al. (1998) Appl. Biochemistry and Biotechnology 73:

269-278) . Seleção de cepa tem resultado no desenvolvimento de numerosas cepas mutantes dos microorganismos em questão que produzem uma série de compostos desejáveis incluindo PUFA's. Contudo, a mutação e a seleção de cepas com uma produção melhorada de uma molécula particular tal como os ácidos graxos poliinsaturados é um processo difícil e consumidor de tempo. Além disso, apenas quantidades limitadas dos ácidos graxos poliinsaturados desejados tais como DPA, EPA ou ARA podem ser produzidas com o auxílio dos microorganismos acima mencionados; em adição, são geralmente obtidos como misturas de ácidos graxos. Isto é o motivo de processos recombinantes serem preferido sempre que possível.

Plantas superiores compreendem ácidos graxos poliinsaturados tais como ácido linoleico (C18:2) e ácido linolênico (C18:3) . ARA, EPA e DHA não são formados no óleo de semente de plantas superiores, ou apenas em quantidades minúsculas. (E. Ucciani: Nouveau Dictionnaire des Huiles Végétales [Novo Dicionário de Óleos Vegetais]. Technique & Documentation - Lavoisier, 1995. ISBN: 27430-0009-0) . Contudo, a produção de LCPUFAs em plantas superiores, preferivelmente em colheitas oleosas tais como colza, linhaça, girassóis e feijões-soja, seria vantajosa porque quantidades grandes de LCPUFAs de qualidade alta para a indústria de alimento, nutrição animal e propósitos farmacêuticos poderiam ser obtida economicamente. Para este fim, é vantajoso introduzir, em sementes oleosas, genes que codificam as enzimas da biossíntese de LCPUFA via processos recombinante e expressá-los nas mesmas. Estes genes codificam por exemplo $\Delta 6$ -dessaturases, $\Delta 6$ -alongases, $\Delta 5$ -dessaturases ou $\Delta 4$ -dessaturases. Estes genes podem ser vantajosamente isolados de microorganismos e plantas inferiores que produzem LCPUFAs e incorporá-los em membranas ou triacilglicerídeos. Assim, já tem sido possível isolar genes de $\Delta 6$ -dessaturase do musgo *Physcomitrella patens* e genes de $\Delta 6$ -alongase de *P. patens* e do nematódeo *C. elegans*.

Plantas transgênicas que compreendem e expressam genes

codificadores de enzimas da biossíntese de LCPUFA e que, como uma consequência, produzem LCPUFAs têm sido descritas, por exemplo, em DE-A-102 19 203 (processo para a produção de ácidos graxos poliinsaturados em plantas) . Contudo, estas plantas produzem LCPUFAs em quantidades que
5 requerem otimização adicional para processamento dos óleos que estão presentes nas plantas. Assim, o conteúdo de ARA nas plantas descritas em DE-A-102 19 203 é de apenas 0,4 a 2% e o conteúdo de EPA é de apenas 0,5 a 1%, em cada caso baseado no conteúdo de lipídeo total da planta.

Para tornar possível a fortificação de alimento e de ração com
10 ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa, portanto há uma necessidade grande de um processo simples, barato para a produção de ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa, especificamente em sistemas de planta.

Um objetivo da invenção é portanto a provisão de um processo com o qual ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa, especialmente
15 ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosahexaenóico podem ser produzidos em quantidades grandes e de modo barato em plantas transgênicas.

Agora tem sido verificado de modo surpreendente que o rendimento de ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa, especialmente
20 ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosahexaenóico, pode ser aumentado pela expressão de uma sequência de $\Delta 5$ -alongase otimizada em plantas transgênicas.

Os PUFAs produzidos pelos processo da invenção compreendem um grupo de moléculas que animais superiores não são mais
25 capazes de sintetizar e assim têm que consumir, ou que os próprios animais superiores não são mais capazes de produzir em quantidades suficientes e assim têm que consumir quantidades adicionais dos mesmos, embora possam facilmente ser sintetizados por outros organismos tais como bactérias.

Conseqüentemente, o objetivo desta invenção é alcançado pelo

processo da invenção para produzir ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosahexaenóico em uma planta transgênica, compreendendo a provisão na planta de pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -
5 dessaturase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase; e pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase, onde
10 a seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase está modificada por comparação com a seqüência de ácido nucleico no organismo do qual a seqüência é derivada pelo fato de que está adaptada para uso de códon em uma ou mais espécies de planta. Para produzir DHA é adicionalmente necessário proporcionar pelo menos uma
15 seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 4$ -dessaturase na planta.

A “provisão na planta” significa no contexto da presente invenção que medidas são tomadas de modo que a seqüências de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo a possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -
20 dessaturase, um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase, um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase e um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase estão presentes juntos em uma planta. A provisão na planta” assim compreende a introdução de seqüências de ácido nucleico na planta tanto por transformação de uma planta com uma
25 ou mais moléculas de ácido graxo recombinantes que compreendem as citadas seqüências de ácido nucleico, quanto pelo cruzamento de plantas parentais adequadas que compreendem uma ou mais seqüências de ácido nucleico.

A seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase é modificada de acordo com a

invenção por comparação com a seqüência de ácido nucleico no organismo do qual a seqüência se origina pelo fato de que está adaptada para uso de códon em uma ou mais espécies de planta. Isto significa que a seqüência de ácido nucleico tem sido especificamente otimizada para o propósito da invenção sem a seqüência de aminoácidos codificada pela seqüência de ácido nucleico tendo sido já alterada pela mesma.

O código genético é redundante porque utiliza 61 códons com o objetivo de especificar 20 aminoácidos. Portanto, os 20 aminoácidos proteinogênicos são em sua maioria codificados por uma pluralidade de triplete (códon) . Os códons sinônimos que especificam um aminoácido individual, contudo, não são usados com a mesma freqüência em um organismo particular; ao contrário há códons preferidos que são freqüentemente usados, e códons que são usados mais raramente. Estas diferenças em uso de códon são atribuídas às pressões evolucionárias seletivas e especialmente à eficiência de tradução. Uma razão para a eficiência de tradução menor de códons raramente ocorrentes poderia ser que as coleções de amino-acil-tRNA correspondentes estão exauridas e assim não mais disponíveis para a síntese de proteína.

Em adição, organismos diferentes preferem códons diferentes. Por esta razão, a expressão de um DNA recombinante derivado de uma célula de mamífero freqüentemente processa-se apenas subotimamente em células de E. coli. Portanto é possível em alguns casos aumentar a expressão por substituição dos códons raramente usados por códons freqüentemente utilizados. Sem o desejo de se ligar a uma teoria, é assumido que as seqüências de DNA códon-otimizadas tornam possível a tradução mais eficiente, e os mRNAs formados dos mesmos possivelmente possuem uma meia-vida maior na célula e portanto estão mais freqüentemente para tradução. Do que tem sido citado acima, segue que a otimização de códon é necessária apenas se o organismo no qual a seqüência de ácido nucleico é

para ser expressada difere dado organismo do qual a seqüência de ácido nucleico é originalmente derivada.

Para muitos organismos dos quais a seqüência de DNA de um número relativamente grande de genes é conhecida há tabelas das quais as frequências de uso de códons particulares no respectivo organismo podem ser obtidas. É possível com o auxílio destas tabelas traduzir seqüências de proteína com acuraria relativamente alta de volta para uma seqüência de DNA que compreende os códons preferidos no respectivo organismo para os vários aminoácidos da proteína. Tabelas sobre o uso de códon podem ser encontradas inter alia no seguinte endereço da Internet: <http://www.kazusa.or.jp/Kodon/E.html>. Em adição, várias companhias proporcionam programa de computador para otimização de gene, tal como, por exemplo, Entelechon (Software Leto) ou Geneart (Software GeneOptimizer).

Adaptação das seqüências ao uso de códon em um organismo particular pode ser feita com o auxílio de vários critérios. Por um lado, é possível usar para um aminoácido particular sempre o códon que ocorre mais freqüentemente no organismo selecionado mas, por outro lado, a freqüência natural dos vários códons também pode ser levada em consideração, de modo que todos os códons para um aminoácido particular são incorporados na seqüência otimizada de acordo com sua freqüência natural. Seleção da posição na qual um triplete de bases particular é usado pode ocorrer aleatoriamente neste caso. A seqüência de DNA foi adaptada de acordo com a invenção levando em consideração a freqüência natural de códons individuais, também sendo adequado o uso de códons ocorrendo mais freqüentemente no organismo selecionado.

É particularmente preferido que uma seqüência de ácido nucleico de *Ostreococcus tauri* que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase, tal como, por exemplo, o polipeptídeo descrito em

SEQ ID No. 110, seja adaptada pelo menos ao uso de códon em colza, feijão-soja e/ou linho. A seqüência de ácido nucleico originalmente derivada de *Ostreococcus tauri* é preferivelmente a seqüência mostrada em SEQ ID No. 109. A seqüência de DNA codificadora de $\Delta 5$ -alongase é adaptada em pelo menos 20% das posições, preferivelmente em pelo menos 30% das posições, particularmente preferivelmente em pelo menos 40% das posições e mais preferivelmente em pelo menos 50% das posições ao uso de códon em colza, feijão-soja e/ou linho.

A seqüência de ácido nucleico usada é mais preferivelmente a seqüência indicada em SEQ ID No. 64.

Será reconhecido que a invenção também inclui aquelas seqüências de DNA códon-otimizadas que codificam um polipeptídeo possuindo a atividade de a $\Delta 5$ -alongase e cuja seqüência de aminoácidos está modificada em uma ou mais posições por comparação com a seqüência de tipo selvagem mas que ainda possui substancialmente a mesma atividade que a da proteína de tipo selvagem.

A seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -dessaturase é preferivelmente selecionada do grupo consistindo de:

a) seqüências de ácido nucleico possuindo a seqüência mostrada em SEQ ID No. 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39 ou 41, preferivelmente possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 1,

b) seqüências de ácido nucleico que codificam a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No. 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40 ou 42, preferivelmente em SEQ ID No 2,

c) seqüências de ácido nucleico que hibridizam com a fita complementar das seqüências de ácido nucleico a) ou b) acima indicadas, em particular da seqüência de ácido nucleico indicada em SEQ ID No 1, sob

condições estridentes,

d) seqüências de ácido nucleico que são pelo menos 60%, 65%, 70%, 75% ou 80%, preferivelmente pelo menos 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% ou 90%, particularmente preferivelmente pelo menos 91%, 92%, 93%, 94% ou 95% e especialmente pelo menos 96%, 97%, 98% ou 99%, idênticas às seqüências de ácido nucleico indicadas em a) ou b) acima, especialmente à seqüência indicada em SEQ ID No. 1, e

e) seqüências de ácido nucleico que codificam uma seqüência de aminoácido e que possuem pelo menos um, por exemplo 2, 3, 4, 5, 6, 7 ou 8, preferivelmente todos os padrões de aminoácidos indicados em SEQ ID No. 43, 44, 45, 46, 47, 48, 49 ou 50.

Padrão de aminoácido significa seqüências de aminoácidos curtas que preferivelmente compreendem pelo menos 50, particularmente preferivelmente menos do que 40 e especialmente de 10 a 40 e até mais preferivelmente de 10 a 30 aminoácidos.

Para a presente invenção, a identidade é verificada preferivelmente sobre o comprimento total das seqüências de nucleotídeos ou de aminoácidos da invenção, por exemplo para a seqüência de ácido nucleico indicada em SEQ ID NO: 64 sobre o comprimento total de 903 nucleotídeos.

A seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase é preferivelmente selecionada do grupo consistindo de:

a) seqüências de ácido nucleico possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 171, 173, 175, 177, 179, 181 ou 183, especialmente possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 171,

b) seqüências de ácido nucleico que codificam a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No. 172, 174, 176, 178, 180, 182 ou 184, especialmente a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No. 172,

c) seqüências de ácido nucleico que hibridizam com a fita

complementar das seqüências de ácido nucleico a) ou b) acima indicadas, especialmente da seqüência de ácido nucleico indicada em SEQ ID No. 1, sob condições estridentes,

5 d) seqüências de ácido nucleico que são pelo menos 60%, 65%, 70%, 75% ou 80%, preferivelmente pelo menos 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% ou 90%, particularmente preferivelmente pelo menos 91%, 92%, 93%, 94% ou 95% e especialmente pelo menos 96%, 97%, 98% ou 99%, idênticas às seqüências de ácido nucleico indicadas em a) ou b) acima, especialmente à seqüência indicada em SEQ ID No. 171, e

10 e) seqüências de ácido nucleico que codificam uma seqüência de aminoácido e que possuem pelo menos um, por exemplo 2, 3, 4, 5, 6, 7 ou 8, preferivelmente todos os padrões de aminoácidos indicados em SEQ ID No. 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191 ou 192.

15 A seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase é em particular igualmente uma seqüência códon-otimizada de acordo com a presente invenção, preferivelmente a seqüência de ácido nucleico mostrada em SEQ ID NO: 122.

20 A seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase é preferivelmente selecionada do grupo consistindo de:

a) seqüências de ácido nucleico possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 51, 53 ou 55, preferivelmente possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 51,

25 b) seqüências de ácido nucleico que codificam a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No. 52, 54 ou 56, preferivelmente a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No. 52,

c) seqüências de ácido nucleico que hibridizam com a fita complementar das seqüências de ácido nucleico indicadas em a) ou b) acima, especialmente da seqüência de ácido nucleico indicada em SEQ ID No. 51,

sob condições estringentes,

d) seqüências de ácido nucleico que são pelo menos 60%, 65%, 70%, 75% ou 80%, preferivelmente pelo menos 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% ou 90%, particularmente preferivelmente pelo menos 91%, 92%, 93%, 94% ou 95% e especialmente pelo menos 96%, 97%, 98% ou 99%, idênticas às seqüências de ácido nucleico indicadas em a) ou b) acima, especialmente ao ácido nucleico indicado sob SEQ ID No. 51, e

e) seqüências de ácido nucleico que codificam uma seqüência de aminoácido que possui pelo menos um, por exemplo 2, 3, 4, 5, 6 ou 7, preferivelmente todos os padrões de aminoácidos indicados em SEQ ID No. 57, 58, 59, 60, 61, 62 ou 63.

Seqüências de ácido nucleico adicionalmente adequadas podem ser encontradas pelo técnico experiente na literatura ou nas bibliotecas de gene bem conhecidas tal como, por exemplo, <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>.

Em uma outra modalidade preferida do processo, adicionalmente uma ou mais seqüências de ácido nucleico que codificam um polipeptídeo possuindo a atividade de uma ω -3-dessaturase e/ou da Δ 4-dessaturase são introduzidas na planta.

A seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de ω -3-dessaturase é preferivelmente selecionada do grupo consistindo de:

a) seqüências de ácido nucleico possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 193 ou 195, preferivelmente a seqüência descrita em SEQ ID No. 193,

b) seqüências de ácido nucleico que codificam a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No. 194,

c) seqüências de ácido nucleico que hibridizam com a fita complementar das seqüência de ácido nucleico indicada em SEQ ID No. 193 ou 195 sob condições estringentes, e

d) seqüências de ácido nucleico que são pelo menos 60%, 65%, 70%, 75% ou 80%, preferivelmente pelo menos 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% ou 90%, particularmente preferivelmente pelo menos 91%, 92%, 93%, 94% ou 95%, e especialmente pelo menos 96%, 97%, 98% ou 99%, idênticas à seqüência indicada em SEQ ID No. 193 ou 195.

A ω -3-dessaturase vantajosamente usada no processo da invenção torna possível mudar da rota biossintética ω -6 para a rota biossintética ω -3, acarretando uma mudança de ácidos graxos C18:2 para C18:3. É adicionalmente vantajoso que a ω -3-dessaturase converta uma ampla variedade de fosfolipídeos tais como as fosfatidilcolina (= PC), fosfatidilinositol(= PIS) ou fosfatidil-etanol-amina (= PE) . Finalmente, produtos de dessaturação também podem ser encontrados nos lipídeos naturais (= NL), isto é nos triglicerídeos.

A seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de Δ 4-dessaturase é preferivelmente selecionada do grupo consistindo de:

a) seqüências de ácido nucleico possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91 ou 93, preferivelmente possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 77,

b) seqüências de ácido nucleico que codificam a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No. 78, 80, 82, 84, 86, 88, 90, 92 ou 94, preferivelmente a seqüência de aminoácidos indicada em SEQ ID No 78,

c) seqüências de ácido nucleico que hibridizam com a fita complementar das seqüências de ácido nucleico indicadas em a) ou b) acima, especialmente da seqüência de ácido nucleico indicada em SEQ ID No. 77, sob condições estridentes,

d) seqüências de ácido nucleico que são pelo menos 60%, 65%, 70%, 75% ou 80%, preferivelmente pelo menos 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89% ou 90%, particularmente preferivelmente pelo

menos 91%, 92%, 93%, 94% ou 95% e especialmente pelo menos 96%, 97%, 98% ou 99%, idênticas à sequência indicada em SEQ ID No. 77, e

e) seqüências de ácido nucleico que codificam uma seqüência de aminoácido que possui pelo menos um, por exemplo 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 ou 14, preferivelmente todos os padrões de aminoácidos indicados em SEQ ID No. 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105;106, 107 ou 108.

A $\Delta 4$ -dessaturase que é vantajosamente usada no processo da invenção catalisa a introdução de ligação dupla no ácido graxo ácido docosapentaenóico, acarretando a formação de docosahexaenóico.

É vantajoso para o processo descrito da invenção a introdução adicional de outros ácidos nucleicos que codificam as enzimas de metabolismos de ácido graxo ou lipídeo nas plantas em adição às seqüências de ácido nucleico que codificam os polipeptídeos possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -dessaturase, uma atividade de $\Delta 6$ -alongase, uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase e uma atividade de $\Delta 5$ -alongase, e às seqüências de ácido nucleico que são introduzidas se apropriadas e que codificam um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\omega 3$ -dessaturase e/ou uma atividade de $\Delta 4$ -dessaturase.

É possível em princípio usar todos os genes do metabolismo de ácido graxo ou lipídeo em combinação com as seqüências de ácido nucleico usadas no processo da invenção; genes de metabolismo de ácido graxo ou lipídeo selecionados do grupo de acil-CoA desidrogenase(s), acil-ACP (proteína carreadora) dessaturase(s), acil-ACP tioesterase(s), ácido graxo aciltransferase(s), acilCoA:lisofosfolipídeo aciltransferases, ácido graxo sintase(s), ácido graxo hidroxilase(s), acetil-coenzima A carboxilase(s), acilcoenzima A oxidase(s), ácido graxo dessaturase(s), ácido graxo acetilenases, lipoxigenases, triacilglicerol lipases, aleno óxido sintases, hidroperóxido liases ou ácido graxo alongase(s) são preferivelmente usadas

de acordo com as Δ -6-alongase, Δ -6-dessaturase, Δ -5-dessaturase e a Δ -5-alongase, e se apropriadas a ω 3-dessaturase e/ou a Δ 4-dessaturase, sendo possível o uso de genes individuais ou de uma pluralidade de genes em combinação.

5 Os ácidos nucleicos usados no processo da invenção são vantajosamente expressados em tecidos vegetativos (tecido somático) . Tecido vegetativo significa no contexto desta invenção um tecido que é propagado através de divisões mitóticas. Tecido deste tipo também ocorre através de reprodução assexuada (apomixia) e propagação. Propagação é o
10 termo usado quando o número de indivíduos aumenta em gerações consecutivas. Estes indivíduos que ocorrem através de propagação assexuada são muito substancialmente idênticos aos seus pais. Exemplos de tais tecidos são folha, flor, raiz, caule, brotos acima ou abaixo do solo (rebentos laterais, estolhos), rizomas, botões, tubérculos tais como tubérculos-raiz ou
15 tubérculos-caule, bulbo, corpos de geração, botões de geração, búbulos ou turion. Tais tecidos também podem ocorrer através de pseudo-viviparidade, viviparidade verdadeira ou viviparidade causada por humanos. Contudo, sementes que ocorrem através de agamospermia, como são típicas de Asteraceae, Poaceae ou Rosaceae, também estão incluídas entre os tecidos
20 vegetativos nos quais expressão ocorre de modo vantajoso. Os ácidos nucleicos usados no processo da invenção são expressados em uma extensão pequena ou não são expressados em tecido germinativo (tecido de linhagem germinativa) . Exemplos de tais tecidos são tecidos que ocorrem através de reprodução sexual, i.e. divisões meióticas de célula, tais como, por exemplo,
25 sementes que ocorrem através de processos sexuais.

Uma extensão pequena significa que, comparado com o tecido vegetativo, a expressão medida em nível de RNA e/ou de proteína é menor do que 5%, vantajosamente menor do que 3%, particularmente vantajosamente menor do que 2%, mais preferivelmente menor do que 1; 0,5; 0,25 ou

0,125%.

As seqüências de ácido nucleico são particularmente preferivelmente expressadas nas folhas das plantas transgênicas. Isto tem a vantagem de que os LCPUFAs produzidos de acordo com a invenção podem ser ingeridos por animais e humanos diretamente pelo consumo das folhas, e não é necessário processamento prévio do material de planta.

Expressão da seqüências de ácido nucleico da invenção na folha pode ser conseguida pelo uso de promotores constitutivos ou específicos de folha.

“Promotores constitutivos” são promotores que tornam possível a expressão em um número grande de, preferivelmente em todos os, tecidos durante um período substancial de desenvolvimento da planta, preferivelmente através de desenvolvimento da planta. Um promotor de uma planta ou de um vírus de planta é preferivelmente usado. O promotor do transcrito 35S de CaMV (vírus do mosaico da couve-flor) (Franck et al. (1980) Cell 21: 285-294), o promotor 19S CaMV (US 5.352.605), o promotor de actina de arroz (McElroy et al. (1990) Plant Cell 2: 163-171), o promotor de legumina B (GenBank Acc. No X03677), o promotor de agrobacterium nopalina sintase, o promotor dual TR, o promotor de agrobacterium octopina sintase, o promotor de ubiquitina (Holtorf et al. (1995) Plant Mol. Biol. 29: 637-649), o promotor Smas, o promotor de cinamoil álcool desidrogenase (US 5.683.439), os promotores das subunidades de ATPase vacuolar, o promotor pEMU (Last et al. (1991) Theor. Appl. Genet. 81: 581-588), o promotor MAS (Velten et al. (1984) EMBO J. 3(12) : 2723-2730), o promotor de histona H3 de milho (Lepetit et al. (1992) Mol. Gen. Genet. 231: 276-285), o promotor de gene de nitrilase 1 de arabidopsis (GenBank Acc. No. U38846, nucleotídeos 3862-5325) e o promotor da proteína rica em prolina de trigo (WO 91/13991) e outros promotores constitutivos que medeiam expressão de gene constitutivo. O promotor de transcrito 35S de CaMV 35S é

particularmente preferido.

Em princípio é possível usar todos os promotores constitutivos naturalmente ocorrentes com suas seqüências regulatórias como aqueles mencionados acima para o processo novo. Contudo, é igualmente possível o uso de promotores sintéticos com adição ou sozinhos.

“Promotores específicos de folha” são promotores que mostram uma atividade alta na folha e nenhuma atividade ou atividade baixa em outros tecidos. “Atividade baixa” significa no contexto da invenção que a atividade em outros tecidos é menor do que 20%, preferivelmente menor do que 10%, particularmente preferivelmente menor do que 5% e mais preferivelmente menor do que 3, 2 ou 1% da atividade na folha. Exemplos de promotores específicos de folha adequados são os promotores da subunidade pequena de rubisco (Timko et al. (1985) Nature 318: 579-582) e da proteína ligante a/b de clorofila (Simpson et al. (1985) EMBO J. 4: 2723-2729).

O técnico experiente está ciente de outros promotores específicos de folha, ou pode isolar outros promotores adequados com processos conhecidos. Assim, o técnico experiente é capaz de identificar elementos de ácido nucleico regulatórios específicos de folha com o auxílio de processos convencionais de biologia molecular, e.g. experimentos de hibridização ou estudos de ligação de DNA-proteína. Isto exige por exemplo em uma primeira etapa o isolamento do poli(A) + RNA total do tecido foliar do organismo desejado do qual as seqüências regulatórias são para serem isoladas, e montagem de uma biblioteca de cDNA. Em uma segunda etapa, clones de cDNA que são baseados em moléculas de poli(A) + RNA de um tecido não-foliar são usados para identificar, por meio de hibridização, aqueles clones da primeira biblioteca cujas moléculas de poli(A) + RNA correspondentes se acumulam apenas em tecido foliar. Subseqüentemente, estes cDNAs identificados neste modo são usados para isolar promotores que possuem elementos regulatórios específicos de folha. Outros processos

baseados em PCR para isolamento de promotores específicos de folha adequados estão adicionalmente disponíveis para o técnico experiente.

Claro que também é possível que as seqüências de ácido nucleico da presente invenção sejam expressadas nas sementes das plantas transgênicas pelo uso de promotores específicos de semente que são ativos no embrião e/ou no endosperma. Promotores específicos de semente podem em princípio serem isolados de ambas as plantas dicotiledôneas e monocotiledôneas. Promotores preferidos são citados aqui adiante: USP (promotor de proteína desconhecida) e vicilina (*Vicia faba*) (Bäumlein et al. (1991) Mol. Gen Genet. 225(3) : 459-467), napina (colza) (US 5,608,152), conlinina (linho) (WO 02/102970), proteína carreadora de acila (colza) (US 5.315.001 e WO 92/18634), oleosina (*Arabidopsis thaliana*) (WO 98/45461 e WO 93/20216), faseolina (*Phaseolus vulgaris*) (US 5.504.200), Bce4 (WO 91/13980), legume 134 (promotor LegB4) (Bäumlein et al. (1992) Plant J. 2(2) : 233-239), Lpt2 e lpt1 (cevada) (WO 95/15389 e WO 95/23230), promotores específicos de semente de arroz, milho e trigo (WO 99/16890), Amy32b, Amy 6-6 e aleuraina (US 5.677.474), Bce4 (colza) (US 5,530,149), glicinina (feijão-soja) (EP 571.741), fosfoenolpiruvato carboxilase (feijão-soja) (JP 06/62870), ADR 12-2 (feijão-soja) (WO 98/08962), isocitrato liase (colza) (US 5,689,040) ou α -amilase (cevada) (EP 781.849) .

Em uma modalidade particularmente preferida da presente invenção, as seqüências de ácido nucleico usadas, especialmente a seqüência de ácido nucleico que codifica uma $\Delta 5$ -alongase e que está modificada por comparação com a seqüência de ácido nucleico no organismo do qual a seqüência se origina ao ser adaptada ao uso de códon em uma ou mais espécies de planta, preferivelmente a seqüência de ácido nucleico descrita em SEQ ID NO 64, são expressadas em tecido generativo, especialmente na semente. Expressão específica na semente vantajosamente ocorre pelo uso de um dos promotores específicos de semente acima mencionados,

especialmente pelo uso de promotor napina. Nesta modalidade particularmente preferida, o conteúdo de LCPUFAs produzidos, especialmente de ácidos graxos C₂₂ no óleo de semente é de pelo menos 5% em peso, vantajosamente pelo menos 6, 7, 8, 9 ou 10% em peso, 5 preferivelmente pelo menos 11, 12, 13, 14 ou 15% em peso, particularmente preferivelmente pelo menos 16, 17, 18, 19 ou 20% em peso, muito particularmente preferivelmente pelo menos 25, 30, 35 ou 40% em peso, do conteúdo de óleo de semente. Em uma outra modalidade particularmente preferida com a sequência de ácido nucleico descrita em SEQ ID NO: 63, o 10 conteúdo de ácidos graxos C₂₂ no óleo de semente é pelo menos 8% em peso do conteúdo de óleo de semente.

Em uma outra modalidade particularmente preferida da presente invenção, as sequências de ácido nucleico usadas, especialmente a sequência de ácido nucleico que codifica uma $\Delta 5$ -alongase e que está 15 modificada por comparação com a sequência de ácido nucleico no organismo do qual a sequência se origina ao ser adaptada ao uso de códon em uma ou mais espécies de planta, preferivelmente a sequência de ácido nucleico descrita em SEQ ID NO: 64, são expressadas em tecido generativo, especialmente na semente. Expressão específica na semente vantajosamente 20 ocorre pelo uso de promotores específicos de semente acima mencionados, especialmente usando o promotor napina. Nesta modalidade particularmente preferida, o conteúdo de ácido docosahexaenóico no óleo de semente é pelo menos 1% em peso, preferivelmente pelo menos 1,1, 1,2, 1,3, 1,4 ou 1,5% em peso, particularmente preferivelmente pelo menos 1,6, 1,7, 1,8 ou 1,9% em 25 peso, especialmente pelo menos 2, 2,1, 2,2, 2,3, 2,4, 2,5, 2,6, 2,7, 2,8 ou 2,9% em peso, adicionalmente preferivelmente pelo menos 3, 3,5 ou 4% em peso do conteúdo de óleo de semente. Em uma outra modalidade particularmente preferida com a sequência de ácido nucleico descrita em SEQ ID NO: 63, o conteúdo de ácido docosahexaenóico no óleo de semente é pelo menos 1,9%

em peso do conteúdo de óleo de semente. É sabido pelo técnico experiente em conexão com isto que para produzir ácido docosahexaenóico são requeridas adicionalmente uma ou mais seqüências de ácido nucleico que codificam um polipeptídeo possuindo a atividade de uma atividade de $\Delta 4$ -dessaturase. Uma

5 seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo a atividade de uma atividade de $\Delta 4$ -dessaturase é vantajosamente selecionada do grupo consistindo de seqüências de ácido nucleico possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91 ou 93, preferivelmente possuindo a seqüência descrita em SEQ ID No. 77.

10 Em uma outra modalidade particularmente preferida da presente invenção, as seqüências de ácido nucleico usadas, especialmente a seqüência de ácido nucleico que codifica uma $\Delta 5$ -alongase e que está modificada por comparação com a seqüência de ácido nucleico no organismo do qual a seqüência se origina ao ser adaptada ao uso de códon em uma ou

15 mais espécies de planta, preferivelmente a seqüência de ácido nucleico descrita em SEQ ID NO: 64, são expressadas em tecido generativo, especialmente na semente. Expressão específica na semente vantajosamente ocorre pelo uso de um dos promotores específicos de semente mencionados acima, especialmente usando o promotor napina. Nesta modalidade

20 particularmente preferida, o conteúdo de ácido docosahexaenóico no óleo de semente é pelo menos 1% em peso, preferivelmente pelo menos 1,1, 1,2, 1,3, 1,4 ou 1,5% em peso, particularmente preferivelmente pelo menos 1,6, 1,7, 1,8 ou 1,9% em peso, especialmente pelo menos 2, 2,1, 2,2, 2,5, 2,6, 2,7, 2,8 ou 2,9% em peso, adicionalmente preferivelmente pelo menos 3, 3,5 ou 4%

25 em peso do conteúdo de óleo de semente. Neste caso, o conteúdo de LCPUFAs produzidos, especialmente de ácidos graxos C_{22} , no óleo de semente é pelo menos 5% em peso, vantajosamente pelo menos 6, 7, 8, 9 ou 10% em peso, preferivelmente pelo menos 11, 12, 13, 14 ou 15% em peso, particularmente preferivelmente pelo menos 16, 17, 18, 19 ou 20% em peso,

muito particularmente preferivelmente pelo menos 25, 30, 35 ou 40% em peso do conteúdo de óleo de semente. Em uma outra modalidade particularmente preferida com a seqüência de ácido nucleico descrita em SEQ ID NO 63, o conteúdo de ácido docosahexaenóico no óleo de semente é pelo menos 1,9% em peso do conteúdo de óleo de semente, com o conteúdo de ácidos graxos C₂₂ no óleo de semente sendo pelo menos 8% em peso do conteúdo de óleo de semente. Expressão de gene de planta também pode ser realizada via um promotor quimicamente induzível (veja uma revisão em Gatz (1997) *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.*, 48:89-108) .

10 Promotores quimicamente induzíveis são particularmente adequados quando é desejado que a expressão de gene ocorra em uma maneira tempo-específica. Exemplos de tais promotores são um promotor induzível por ácido salicílico (WO 95/19443), um promotor induzível por tetraciclina (Gatz et al. (1992) *Plant J.* 2, 397-404) e um promotor induzível por etanol.

15 Promotores que respondem às condições de estresse biótico ou abiótico também são adequados, por exemplo o promotor de gene PRP1 induzido por patógeno (Ward et al., *Plant. Mol. Biol.* 22 (1993) 361-366), o promotor hsp8 de tomate induzível por calor (US 5.187.267), o promotor de alfa-amilase de batata induzível por frio (WO 96/12814) ou o promotor pinII

20 induzível por fermento (EP-A-0 375 091) .

Outros promotores que também são particularmente adequados são aqueles que ocasionam a expressão específica em plastídeo, porque plastídeos constituem o compartimento nos quais precursores e alguns produtos finais da biossíntese de lipídeo são sintetizados. Promotores

25 adequados, tal como o promotor de RNA viral polimerase, são descritos em WO 95/16783 e WO 97/06250, e o promotor *Arabidopsis* clpP, descrito em WO 99/46394.

Será reconhecido que os ácidos graxos poliinsaturados produzidos de acordo com a invenção podem ser produzidos não apenas em

plantas transgênicas intactas mas também em culturas de célula de planta ou em culturas de calo.

Os ácidos graxos poliinsaturados produzidos no processo estão vantajosamente ligados em fosfolipídeos e/ou triacilglicerídeos, mas também
5 podem ocorrer como ácidos graxos livres se não ligados na forma de outros ésteres de ácido graxo nos organismos. Podem nesta conexão estar presentes como “produtos puros” se não vantajosamente na forma de misturas de vários ácidos graxos ou misturas de diferentes fosfolipídeos tais como fosfatidilglicerol, fosfatidilcolina, fosfatidil-etanol-amina e/ou fosfatidilserina
10 e/ou triacilglicerídeos, monoacilglicerídeos e/ou diacilglicerídeos. Os LCPUFAs EPA, DPA e DHA produzidos no processo estão vantajosamente presentes em fosfatidilcolina e/ou fosfatidil-etanol-amina e/ou nos triacilglicerídeos. Os triacilglicerídeos também podem adicionalmente compreender outros ácidos graxos tais como ácidos graxos de cadeia curta
15 possuindo 4 a 6 átomos de C, ácidos graxos de cadeia média possuindo 8 a 12 átomos de C ou ácidos graxos de cadeia longa possuindo 14 a 24 átomos de C. Preferivelmente compreendem ácidos graxos de cadeia longa, particularmente preferivelmente ácidos C₂₀- ou C₂₂-graxos.

O termo “glicerídeo” é entendido com o significado de glicerol
20 esterificado com um, dois ou três radicais carboxila (mono-, di- ou triglicerídeo) . “Glicerídeo” também é entendido com o significado de uma mistura de vários glicerídeos. O glicerídeo é preferivelmente um triglicerídeo. O glicerídeo ou mistura de glicerídeos pode compreender outras adições, por exemplo ácidos graxos livres, antioxidantes, proteínas, carboidratos,
25 vitaminas e/ou outras substâncias.

Um “glicerídeo” para o propósito do processo de acordo com a invenção é adicionalmente entendido com o significado de derivados que são derivados de glicerol. Em adição aos triglicerídeos de ácido graxo acima descritos, estes também incluem glicerofosfolipídeos e gliceroglicolipídeos.

Exemplos preferidos que podem ser mencionados aqui são os glicerofosfolipídeos tais como lecitina(fosfatidilcolina), cardiolipina, fosfatidilglicerol, fosfatidilserina e alquilacilglicerofosfolipídeos.

5 Fosfolipídeos são para serem entendidos com o significado de, para os propósitos da invenção, de fosfatidilcolina, fosfatidil-etanol-amina, fosfatidilserina, fosfatidilglicerol e/ou fosfatidilinositol.

Os ésteres de ácido graxo com moléculas de ácido C₁₈-, C₂₀- e/ou C₂₂- graxo poliinsaturado podem ser isolados na forma de um óleo ou lipídeo, por exemplo na forma de compostos tais como esfingolipídeos, 10 fosfoglicerídeos, lipídeos, glicolipídeos tais como glicoesfingolipídeos, fosfolipídeos tais como fosfatidil-etanol-amina, fosfatidilcolina, fosfatidilserina, fosfatidilglicerol, fosfatidilinositol ou difosfatidilglicerol, monoacilglicerídeos, diacilglicerídeos, triacilglicerídeos ou outros ésteres de ácido graxo tais como os ésteres de acetil-coenzima A que compreendem os 15 ácidos graxos poliinsaturados com pelo menos duas, três ou quatro, preferivelmente quatro, cinco ou seis ligações duplas, das plantas úteis que têm sido usadas para a preparação de ésteres de ácido graxo; vantajosamente, são isolados na forma de seus diacilglicerídeos, triacilglicerídeos e/ou na forma de fosfatidil-éster, especialmente preferivelmente na forma de 20 triacilglicerídeos, fosfatidilcolina e/ou fosfatidil-etanol-amina. Em adição a estes ésteres, os ácidos graxos poliinsaturados também estão presentes nas plantas como ácidos graxos livres ou ligados em outros compostos. Como uma regra, os vários compostos acima mencionados (ésteres de graxo e ácidos graxos livres) estão presentes nos organismos com uma distribuição 25 aproximada de 80 a 90% em peso de triglicerídeos, 2 a 5% em peso de diglicerídeos, 5 a 10% em peso de monoglicerídeos, 1 a 5% em peso de ácidos graxos livres, 2 a 8% em peso de fosfolipídeos, o total dos vários compostos totalizando 100% em peso.

Os LCPUFAs produzidos no processo da invenção são

produzidos com um conteúdo de pelo menos 4% em peso, vantajosamente de pelo menos 5, 6, 7, 8, 9 ou 10% em peso, preferivelmente de pelo menos 11, 12, 13, 14 ou 15% em peso, particularmente preferivelmente de pelo menos 16, 17, 18, 19, ou 20% em peso, muito particularmente preferivelmente de
5 pelo menos 25, 30, 35 ou 40% em peso baseado nos ácidos graxos totais na planta transgênica. Os ácidos graxos EPA, DPA e/ou DHA produzidos no processo da invenção estão em adição presentes com um conteúdo em cada caso de pelo menos 5% em peso, preferivelmente em cada caso de pelo menos 6, 7, 8 ou 9% em peso, particularmente preferivelmente em cada caso de pelo
10 menos 10, 11 ou 12% em peso, mais preferivelmente em cada caso de pelo menos 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19 ou 20% em peso baseado nos ácidos graxos totais na planta transgênica.

Os ácidos graxos são vantajosamente produzidos na forma ligada. É possível com o auxílio dos ácidos nucleicos usados no processo da
15 invenção que estes ácidos graxos insaturados sejam postos na posição sn1, sn2 e/ou sn3 dos triacilglicerídeos vantajosamente produzidos. Vantajosamente, pelo menos 11% dos triacilglicerídeos estão duplamente substituídos (significando nas posições sn1 e sn2 ou sn2 e sn3) . Triacilglicerídeos triplamente substituídos também são detectáveis. Visto que
20 uma pluralidade de etapas de reação ocorre a partir dos compostos iniciais ácido linoleico (C18:2) e ácido linolênico (C18:3), os produtos finais do processo, tais como, por exemplo, ácido araquidônico (ARA) ou ácido eicosapentaenóico (EPA), não resultam como produtos puros absolutos; traços ou quantidades maiores dos precursores também estão sempre
25 presentes no produto final. Se, por exemplo, ambos ácido linoleico e ácido linolênico estão presentes na planta inicial, os produtos finais tais como ARA ou EPA e/ou DPA e/ou DHA também estão presentes como misturas. Os precursores devem vantajosamente totalizar não mais do que 20% em peso, preferivelmente não mais do que 15% em peso, particularmente

preferivelmente tão tanto 10% em peso, muito particularmente preferivelmente não mais do que 5% em peso baseado na quantidade de produto final respectivo. Vantajosamente, apenas ARA ou EPA e/ou DPA e/ou DHA são produzidos no processo da invenção, ligados ou como ácidos
 5 livres, como produtos finais em uma planta transgênica.

Ésteres de ácido graxo ou misturas de ácidos graxos produzidos pelo processo da invenção vantajosamente compreendem de 6 a 15% de ácido palmítico, 1 a 6% de ácido esteárico; 7-85% de ácido oleico; 0,5 a 8% de ácido vacânico, 0,1 a 1% de ácido aráquico, 7 a 25% de ácidos
 10 graxos saturados, 8 a 85% de ácidos graxos monoinsaturados e 60 a 85% ácidos graxos poliinsaturados, em cada caso baseado em 100% e no conteúdo de ácido graxo total dos organismos. Preferivelmente pelo menos 0:1; 0,2; 0,3; 0,4; 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 ou 1% de ácido araquidônico no conteúdo de ácido graxo total, estão presentes como ácido graxo poliinsaturado vantajoso
 15 no éster de ácido graxo ou em misturas de ácidos graxos. Os ésteres de ácido graxo ou as misturas de ácidos graxos produzidos pelo processo da invenção adicionalmente vantajosamente compreendem ácidos graxos selecionados do grupo de ácidos graxos ácido erúcico (ácido 13-docosaenóico), ácido estercúlico (ácido 9,10-metileno-octadec-9-enóico), ácido malvático (ácido
 20 8,9-metileno-heptadec-8-enóico), ácido chaulmoógrico (ácido ciclo-penteno-dodecanóico), ácido furano-graxo (ácido 9,12-epóxi-octadeca-9,11-dienônico), ácido vernônico (9,10-epóxi-octadec-12-enônico), ácido tárico (ácido 6-octadecinônico), ácido 6-nonadecinônico, ácido santálbico (ácido t11-octadecen-9-inóico), ácido 6,9-octadeceninônico, ácido pirúlico (ácido
 25 t10-heptadecen- 8-inônico), ácido crepenínico (ácido 9-octadecen-12-inônico), ácido 13,14-diidro-orofeico, ácido octadecen-13-eno-9,11-diiônico, ácido petroselênico (ácido cis-6-octadecenônico), ácido 9c12t-octadecadienóico, ácido calendúlico (ácido 8t10t12c-octadecatrienóico), ácido catálpico (ácido 9t11t13-coctadecatrienóico), ácido eleostérico (ácido

9c11t13t-octadecatrienóico), ácido jacárico (ácido 8c10t12c-octadecatrienóico), ácido punícico (ácido 9c11t13c-octadecatrienóico, ácido parinárico (ácido 9c11t13t15c-octadecatetraenóico), ácido pinolênico (ácido todo-cis-5,9,12-octadecatrienóico), ácido labalênico (ácido 5,6-octadecadienalênico); ácido ricinoleico (ácido 12-hidróxi-oleico) e/ou ácido coriólico (ácido 13-hidróxi-9c11t-octadecadienônico) . Em geral, os ácidos graxos acima mencionados estão vantajosamente presentes apenas em traços nos ésteres de ácido graxo ou nas misturas de ácidos graxos produzidos pelo processo da invenção, significando que sua ocorrência, baseada no conteúdo de ácido graxo total, é menor do que 30%, preferivelmente menor do que 25%, 24%, 23%, 22% ou 21%, particularmente preferivelmente menor do que 20%; 15%, 10%, 9%, 8%, 7%; 6% ou 5%, muito particularmente preferivelmente menor do que 4%, 3%, 2% ou 1%. Em uma forma adicionalmente preferida da invenção a ocorrência destes ácidos graxos acima mencionados, baseado nos ácidos graxos totais, é menor do que 0,9%; 0,8%; 0,7%; 0,6% ou 0,5%, particularmente preferivelmente menor do que 0,4%; 0,3%; 0,2%; 0,1%. Os ésteres de ácido graxo ou as misturas de ácidos graxos produzidos pelo processo da invenção vantajosamente compreendem menos do que 0,1% baseado nos ácidos graxos totais e/ou não compreendem ácido butírico, nem colesterol e nem ácido nisínico (ácido tetracosa-hexaenóico, C23:6 Δ 3,8,12,15,18,21) .

É possível por meio da seqüências de ácido nucleico usadas no processo da invenção alcançar um aumento de rendimento de LCPUFAs nas plantas transgênicas de pelo menos 50%, vantajosamente de pelo menos 80%, particularmente vantajosamente de pelo menos 100%, muito particularmente vantajosamente de pelo menos 150%, comparado com as plantas não-transgênicas.

Ácidos graxos poliinsaturados quimicamente puros ou composições de ácido graxo também podem ser sintetizados pelos processos

descritos acima. Para este fim, os ácidos graxos ou as composições de ácido graxo são isolados das plantas na maneira conhecida, por exemplo via extração, destilação, cristalização, cromatografia ou uma combinação destes processos. Estes ácidos graxos quimicamente puros ou composições de ácido graxo são vantajosos para aplicações no setor de indústria de alimentos, no
 5 setor cosmético e especialmente no setor de indústria farmacológica.

Em princípio, todas as plantas dicotiledôneas ou monocotiledôneas úteis são adequadas para o processo da invenção. Plantas úteis significam plantas que servem para produzir alimentos para humanos e
 10 animais, para produzir outros artigos consumíveis, fibras e fármacos, tais como cereais,, e.g. milho, arroz, trigo, cevada, painço, aveia, centeio, trigo-mouro; tais como tubérculos, e.g. batata, mandioca, batata doce, inhame etc.;tais como plantas de açúcar, e.g. cana-de-açúcar ou beterraba; tais como legumes, e.g. feijões, ervilha, feijão-fava etc.: tais como colheitas oleosas e
 15 gordurosas, e.g. feijão-soja, colza, girassol, açafrão, linho, camolina etc., para mencionar umas poucas. Plantas vantajosas são selecionadas do grupo de famílias de planta consistindo das famílias de Aceraceae, Actinidiaceae, Anacardiaceae, Apiaceae, Arecaceae, Asteraceae, Arecaceae, Betulaceae, Boraginaceae, Brassicaceae, Bromeliaceae, Cannabaceae, Cannaceae,
 20 Caprifoliaceae, Chenopodiaceae, Convolvulaceae, Cucurbitaceae, Dioscoreaceae, Elaeagnaceae, Ericaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae, Fagaceae, Grossulariaceae, Juglandaceae, Lauraceae, Liliaceae, Linaceae, Malvaceae, Moraceae, Musaceae, Oleaceae, Oxalidaceae, Papaveraceae, Poaceae, Polygonaceae, Punicaceae, Rosaceae, Rubiaceae,
 25 Rutaceae, Scrophulariaceae, Solanaceae, Sterculiaceae e Valerianaceae.

Exemplos que podem ser mencionados são as seguintes plantas: Anacardiaceae tais como os gêneros Pistacia, Mangifera, Anacardium, por exemplo o gênero e espécie Pistacia vera [pistache], Mangifer indica (manga) ou Anacardium occidentale (cajuero), Asteraceae

tais como os gêneros *Calendula*, *Carthamus*, *Centaurea*, *Cichorium*, *Cynara*, *Helianthus*, *Lactuca*, *Locusta*, *Tagetes*, *Valeriana*, e.g. o gênero e espécie *Calendula officinalis* (cravo-de-defunto comum), *Carthamus tinctorius* (açafroa), *Centaurea cyanus* (espinheiro azul), *Cichorium intybus* (chicória),

5 *Cynara scolymus* (alcachofra), *Helianthus annuus* (girassol), *Lactuca sativa*, *Lactuca crispa*, *Lactuca esculenta*, *Lactuca scariola* L. ssp. *sativa*, *Lactuca scariola* L. var. *integrata*, *Lactuca scariola* L. var. *integrifolia*, *Lactuca sativa* subsp. *romana*, *Locusta communis*, *Valeriana locusta* (alface), *Tagetes lucida*, *Tagetes erecta* ou *Tagetes tenuifolia* (Cravo-de-defunto francês), *Apiaceae* tal

10 como o gênero *Daucus*, e.g. o gênero e espécie *Daucus carota* (cenoura), *Betulaceae* tal como o gênero *Corilus*, e.g. os gêneros e espécies *Corilus avellana* ou *Corilus colurna* (avelã), *Boraginaceae* tal como o gênero *Borago*, e.g. o gênero e espécie *Borago officinalis* (borragem), *Brassicaceae* tais como os gêneros *Brassica*; *Camelina*, *Melanosinapis*, *Sinapis*, *Arabadopsis*, e.g. os

15 gêneros e espécies *Brassica napus*, *Brassica rapa* ssp. (colza), *Sinapis arvensis*, *Brassica juncea*, *Brassica juncea* var. *juncea*, *Brassica juncea* var. *crispifolia*, *Brassica juncea* var. *foliosa*, *Brassica nigra*, *Brassica sinapioides*, *Camelina sativa*, *Melanosinapis communis* (mostarda), *Brassica oleracea* (beterraba de ração) ou *Arabidopsis thaliana*, *Bromeliaceae* tais como os gêneros *Anana*,

20 *Bromelia* (abacaxi), e.g. os gêneros e espécies *Anana comosus*, *Ananas ananas* ou *Bromelia comosa* (abacaxi), *Caricaceae* tal como o gênero *Carica* such as o gênero e espécie *Carica papaya* (papaia), *Cannabaceae* tal como o gênero *Cannabis* tal como o gênero e espécie *Cannabis sativa* (cânhamo), *Convolvulaceae* tais como os gêneros *Ipomoea*, *Convolvulus*, e.g. os gêneros

25 e espécies *Ipomoea batatas*, *Ipomoea pandurata*, *Convolvulus batatas*, *Convolvulus tiliaceus*, *Ipomoea fastigiata*, *Ipomoea tiliacea*, *Ipomoea triloba* ou *Convolvulus panduratus* (batata doce, batata), *Chenopodiaceae* tal como o gênero *Beta* tais como os gêneros e species *Beta vulgaris*, *Beta vulgaris* var. *altissima*, *Beta vulgaris* var. *vulgaris*, *Beta maritima*, *Beta vulgaris* var.

perennis, *Beta vulgaris* var. *conditiva* ou *Beta vulgaris* var. *esculenta* (beterraba), Cucurbitaceae tal como o gênero *Cucubita*, e.g. os gêneros e espécies *Cucurbita maxima*, *Cucurbita mixta*, *Cucurbita pepo* ou *Cucurbita moschata* (abóbora), Elaeagnaceae tal como o gênero *Elaeagnus*, e.g. o gênero e espécie *Olea europaea* (oliva), Ericaceae tal como o gênero *Kalmia*, e.g. os gêneros e espécies *Kalmia fatifolia*, *Kalmia angustifolia*, *Kalmia microphilla*, *Kalmia polifolia*, *Kalmia occidentalis*, *Cistus chamaerhodendros* ou *Kalmia lucida* (loureiro de monhanha), Euphorbiaceae tais como os gêneros *Manihot*, *Janipha*, *Jatropha*, *Ricinus*, e.g. os gêneros e espécies *Manihot utilissima*, *Janipha manihot*, *Jatropha manihot*, *Manihot aipil*, *Manihot dulcis*, *Manihot manihot*, *Manihot melanobasis*, *Manihot esculenta* (mandioca) ou *Ricinus communis* (plantas de rícino), Fabaceae tais como os gêneros *Pisum*, *Albizia*, *Cathormion*, *Feuillea*, *Inga*, *Pithecolobium*, *Acacia*, *Mimosa*, *Medicago*, *Glycine*, *Dolichos*, *Phaseolus*, *Soja*, e.g. os gêneros e espécies *Pisum sativum*, *Pisum arvense*, *Pisum humile* (ervilha), *Albizia berteriana*, *Albizia julibrissin*, *Albizia lebbeck*, *Acacia berteriana*, *Acacia littoralis*, *Albizia berteriana*, *Albizia berteriana*, *Cathormion berteriana*, *Feuillea berteriana*, *Inga fragrans*, *Pithecellobium berterianum*, *Pithecellobium fragrans*, *Pithecolobium berterianum*, *Pseudalbizzia berteriana*, *Acacia julibrissin*, *Acacia nemu*, *Albizia nemu*, *Feuillea julibrissin*, *Mimosa julibrissin*, *Mimosa speciosa*, *Sericanrda julibrissin*, *Acacia lebbeck*, *Acacia macrophilla*, *Albizia lebbek*, *Feuillea lebbeck*, *Mimosa lebbeck*, *Mimosa speciosa* (acácia), *Medicago sativa*, *Medicago falcata*, *Medicago varia* (alfafa) *Glycine max* *Dolichos soja*, *Glycine gracilis*, *Glycine hispida*, *Phaseolus max*, *Soja hispida* ou *Soja max* (feijão-soja), Geraniaceae tais como os gêneros *Pelargonium*, *Cocos*, *Oleum*, e.g. os gêneros e espécies *Cocos nucifera*, *Pelargonium grossularioides* ou *Oleum cocois* (coqueiro), Gramineae tal como o gênero *Saccharum*, e.g. o gênero e espécie *Saccharum officinarum*, Juglandaceae tais como os gêneros *Juglans*, *Wallia*, e.g. os gêneros e espécies *Juglans regia*, *Juglans ailanthifolia*,

Juglans sieboldiana, *Juglans cinerea*, *Wallia cinerea*, *Juglans bixbyi*, *Juglans californica*, *Juglans hindsii*, *Juglans intermedia*, *Juglans jamaicensis*, *Juglans major*, *Juglans icrocarpa*, *Juglans nigra* ou *Wallia nigra* (nogueira), Lauraceae tais como os gêneros *Persea*, *Laurus*, e.g. os gêneros e espécies *Laurus nobilis* (loureiro), *Persea americana*, *Persea gratissima* ou *Persea persea* (abacate), Leguminosae tal como o gênero *Arachis*. e.g. o gênero e espécie *Arachis hypogaea* (amendoim), Linaceae tais como os gêneros *Linum*, *Adenolinum*, e.g. os gêneros e espécies *Linum usitatissimum*, *Linum humile*, *Linum austriacum*, *Linum bienne*, *Linum angustifolium*, *Linum catharticum*, *Linum flavum*, *Linum grandiflorum*, *Adenolinum grandiflorum*, *Linum lewisii*, *Linum narbonense*, *Linum perenne*, *Linum perenne* var. *lewisii*, *Linum pratense* ou *Linum trigynum* (linho), Lythrarieae tal como o gênero *Punica*, e.g. o gênero e espécie *Punica granatum* (romã), Malvaceae tal como o gênero *Gossypium*, e.g. os gêneros e espécies *Gossypium hirsutum*, *Gossypium arboreum*, *Gossypium barbadense*, *Gossypium herbaceum* ou *Gossypium thurberi* (algodão), Musaceae tal como o gênero *Musa*, e.g. os gêneros e espécies *Musa nana*, *Musa acuminata*, *Musa paradisiaca*, *Musa* spp. (banana), Onagraceae tais como os gêneros *Camissonia*, *Oenothera*, e.g. os gêneros e espécies *Oenothera biennis* ou *Camissonia brevipes* (prímula da noite), Palmae tal como o gênero *Elaeis*, e.g. o gênero e espécie *Elaeis guineensis* (palmeira oleosa), Papaveraceae tal como o gênero *Papaver*, e.g. os gêneros e espécies *Papaver orientale*, *Papaver rhoeas*, *Papaver dubium* (papoula), Pedaliaceae tal como o gênero *Sesamum* e.g. o gênero e espécie *Sesamum indicum* (gergelim), Piperaceae tais como os gêneros *Piper*, *Artanthe*, *Peperomia*, *Steffensia*, e.g. os gêneros e espécies *Piper aduncum*, *Piper amalago*, *Piper angustifolium*, *Piper auritum*, *Piper betel*, *Piper cubeba*, *Piper longum*, *Piper nigrum*, *Piper retrofractum*, *Artanthe adunca*, *Artanthe elongata*, *Peperomia elongata*, *Piper elongatum*, *Steffensia elongata* (pimenta malagueta), Poaceae tais como os gêneros *Hordeum*, *Secale*, *Avena*,

- Sorghum, Andropogon, Holcus, Panicum, Oryza, Zea (milho), triticum, e.g. os gêneros e espécies Hordeum vulgare, Hordeum jubatum, Hordeum murinum, Hordeum secalinum, Hordeum distichon, Hordeum aegiceras, Hordeum hexastichon, Hordeumhexastichum, Hordeum irregulare, Hordeum
- 5 sativum, Hordeum secalinum (cevada), Secale cereale (centeio), Avena sativa, Avena fatua, Avena byzantina, Avena fatua var. sativa, Avena hybrida (aveia), Sorghum bicolor, Sorghum halepense, Sorghum saccharatum, Sorghum vulgare, Andropogon drummondii, Holcus bicolor, Holcus sorghum, Sorghum aetiopicum, Sorghum arundinaceum, Sorghum caffrorum,
- 10 Sorghum cernuum, Sorghum dochna, Sorghum drummondii, Sorghum durra, Sorghum guineense, Sorghum lanceolatum, Sorghum nervosum, Sorghum saccharatum, Sorghum subglabrescens, Sorghum verticilliflorum, Sorghum vulgare, Holcus halepensis, Sorghum miliaceum, Panicum militaceum (painço), Oryza sativa, Oryza latifolia (arroz), Zea mays (milho), Triticum
- 15 aestivum, Triticum durum, Triticum turgidum, Triticum hybernum, Triticum macha, Triticum sativum ou Triticum vulgare (trigo), Porphyridiaceae tais como os gêneros Chrootheca, Flintiella, Petrovanella, Porphyridium, Rhodella, Rhodosorus, Vanhoeffenia, e.g. o gênero e espécie Porphyridium cruentum, Proteaceae tal como o gênero Macadamia, e.g. o gênero e espécie
- 20 Macadamia intergrifolia (macadâmia), Rubiaceae tal como o gênero Coffea, e.g. os gêneros e espécies Coffea spp., Coffea arabica, Coffea canephora ou Coffea liberica (café), Scrophulariaceae tal como o gênero Verbascum, e.g. os gêneros e espécies Verbascum blattaria, Verbascum chaixii, Verbascum densiflorum, Verbascum lagurus, Verbascum longifolium, Verbascum
- 25 lychnitis, Verbascum nigrum, Verbascum olympicum, Verbascum phlomoides, Verbascum phoenicum, Verbascum pulverulentum ou Verbascum thapsus (verbasco), Solanaceae tais como os gêneros Capsicum, Nicotiana, Solanum, Lycopersicon, e.g. os gêneros e espécies Capsicum annum, Capsicum annum var. glabriusculum, Capsicum frutescens

(pimenta), *Capsicum annuum* (páprica), *Nicotiana tabacum*, *Nicotiana alata*, *Nicotiana attenuata*, *Nicotiana glauca*, *Nicotiana langsdorffii*, *Nicotiana obtusifolia*, *Nicotiana quadrivalvis*, *Nicotiana repanda*, *Nicotiana rustica*, *Nicotiana silvestris* (tabaco), *Solanum tuberosum* (batata), *Solanum melongena* (beringela), *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*, *Solanum integrifolium* ou *Solanum lycopersicum* (tomate), *Sterculiaceae* tal como o gênero *Theobroma*, e.g. o gênero e espécie *Theobroma cacao* (cacau), ou *Theaceae* tal como o gênero *Camellia*, e.g. o gênero e espécie *Camellia sinensis* (chá) .

10 Em uma modalidade vantajosa do processo, as plantas úteis são plantas de fruta oleosa que compreendem quantidades grandes de compostos lipídicos, tais como amendoim, colza, canola, girassol, açafoa (*Carthamus tinctoria*), papoula, mostarda, cânhamo, planta de óleo de rícino, oliva, gergelim, *Calendula*, *Punica*, *prímula da noite*, *verbascuni*, cardo, rosas
15 selvagens, avelã, amêndoa, macadâmia, abacate, loureiro, abóbora/aboboreira, linho, feijão-soja, pistache, borragem, árvores (palmeira oleosa, coqueiro ou nogueira) ou colheitas aráveis tais como milho, trigo, centeio, aveia, tritcale, arroz, cevada, algodão, mandioca, pimenta, *Tagetes*, plantas *Solanaceae* tais como batata, tabaco, beringela e tomate, espécie *Vicia*, ervilha, alfafa ou
20 plantas de arbusto (café, cacau, chá), espécie *Salix*, e gramíneas perenes e colheita de forragem. Plantas vantajosas de acordo com a invenção são plantas de fruta oleosa tais como amendoim, colza, canola, girassol, açafoa, papoula, mostarda, cânhamo, planta de óleo de rícino, oliva, *Calendula*, *Punica*, *prímula da noite*, abóbora/aboboreira, linho, feijão-soja, borragem,
25 árvores (palmeira oleosa, coqueiro) . Plantas especialmente preferidas são plantas que são altas em ácidos C18:2- e/ou C18:3-graxos, tais como girassol, açafoa, tabaco, *verbascum*, gergelim, algodão, abóbora/aboboreira, papoula, *prímula da noite*, nogueira, linho, cânhamo ou cardo. Plantas muito especialmente preferidas são as plantas tais como açafoa, girassol, papoula,

prímula da noite, noqueira, linho, ou cânhamo.

Também é vantajosa a expressão das seqüências de ácido nucleico da invenção nas folhas de plantas de ração ou de alimento e assim o aumento do conteúdo de ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosaheptaenóico nas folhas. Plantas de ração preferidas são, por exemplo, espécies trifoliales, tais como trevo vermelho (*Trifolium pratense*), trevo branco (*Trifolium repens*), trevo híbrido (*Trifolium hybridum*), sanfeno (*Onobrychis viciifolia*), trevo egípcio (*Trifolium alexandrinum*) e trevo pérsico (*Trifolium resupinatum*). Plantas de alimento preferidas são por exemplo espécie de alface tais como *Lactuca sativa*, *Lactuca crisper*, *Lactuca esculenta*, *Lactuca scariola* L. ssp. *sativa*, *Lactuca scariola* L. var. *integrata*, *Lactuca scariola* L. var. *integrifolia*, *Lactuca sativa* subsp. *romana*, *Locusta communis* e *Valeriana locusta*.

É possível através de atividade enzimática das seqüências de ácido nucleico que são usadas no processo da invenção e que codificam polipeptídeos possuindo atividade de Δ^{-6} -alongase, Δ^{-6} -dessaturase, Δ^{-5} -dessaturase e/ou Δ^{-5} -alongase, vantajosamente em combinação com seqüências de ácido nucleico que codificam polipeptídeos possuindo atividade de ω^{-3} -dessaturase e/ou Δ^4 -dessaturase, e outras seqüências de ácido nucleico que codificam polipeptídeos de metabolismo de ácido graxo ou lipídeo, tais como outros polipeptídeos possuindo atividade de Δ^{-5} -, Δ^{-6} -, Δ^{-8} -, Δ^{-12} -dessaturase ou (Δ^{-5} -, ou Δ^{-9} -alongase, produzir uma ampla variedade de ácidos graxos poliinsaturados no processo da invenção. Dependendo das plantas úteis escolhidas para uso no processo da invenção, misturas de vários ácidos graxos poliinsaturados ou ácidos graxos poliinsaturados individuais tais como EPA, DPA ou DHA podem ser produzidos na forma livre ou ligada. Dependendo da composição de ácido graxo prevalecente na planta inicial (ácidos graxos C18:2 ou C18:3), os ácidos graxos resultantes são derivados de ácidos graxos C18:2, tais como GLA, DGLA ou ARA ou são derivados de

ácidos graxos C18:3, tais como EPA, DPA ou DHA. Se o único ácido graxo insaturado presente na planta usada para o processo é ácido linoleico (LA, C18:2^{Δ9,12}), os únicos produtos possíveis do processo são GLA, DGLA e ARA, que podem estar presentes como ácidos graxos livres ou ligados. Se o

5 único ácido graxo insaturado presente na planta usada no processo é ácido γ -linolênico (ALA, C18:3^{Δ9,12,15}), por exemplo como em linho, os únicos produtos possíveis do processo são SDA, ETA, EPA, DPA e/ou DHA, que podem estar presentes como descrito acima como ácidos graxos livres ou ligados. É possível produzir em uma maneira selecionada apenas produtos

10 individuais na planta pela modificação da atividade das enzimas usadas no processo e envolvidas na síntese de Δ -6-alongase, Δ -6-dessaturase, Δ -5-dessaturase e/ou Δ -6-alongase, vantajosamente em combinação com outros genes do metabolismo de lipídeo ou ácido graxo. Vantajosamente, apenas EPA, DPA ou DHA ou misturas dos mesmos são sintetizados. Visto que os

15 ácidos graxos são sintetizados em cadeias de biossíntese, os produtos finais respectivos não estão presentes como substâncias puras nos organismos. Quantidades pequenas dos compostos precursores estão sempre presentes no produto final. Estas quantidades pequenas são menores do que 20% em peso, vantajosamente menores do que 15% em peso, particularmente

20 vantajosamente menores do que 10% em peso, muito particularmente vantajosamente menores do que 5, 4, 3, 2 ou 1% em peso baseado nos produtos finais EPA, DPA ou DHA ou misturas dos mesmos.

Para aumentar o rendimento no processo de acordo com a invenção para a produção de óleos e/ou triglicerídeos com um conteúdo de

25 ácido graxo poliinsaturado que está vantajosamente aumentado, é vantajoso o aumento de quantidade de produto inicial para a síntese de ácidos graxos. Isto pode ser obtido por exemplo pela introdução de um ácido nucleico que codifica um polipeptídeo com Δ 12-dessaturase no organismo. Isto é particularmente vantajoso em plantas úteis, tais como plantas produtoras de

óleo tais como plantas da família Brassicaceae, tal como do gênero Brassica, por exemplo colza; a família Elaeagnaceae, tal como o gênero Elaeagnus, por exemplo o gênero e espécie Olea europaea ou a família Fabaceae, tal como o gênero Glycine, por exemplo o gênero e espécie Glycine max, que são altas
 5 em ácido oleico. Visto que estes organismos possuem um conteúdo de ácido linoleico apenas baixo (Mikoklajczak et al. (1961) Journal of the American Oil Chemical Society 38: 678 - 681) é vantajoso usar as citadas $\Delta 12$ -dessaturases para produzir o material inicial material ácido linolênico a partir de ácido oleico. Também é possível em adição que os ácidos graxos iniciais
 10 sejam proporcionados de fora, mas isto é menos preferido por razões de custo.

Musgos e algas são os únicos sistemas de planta conhecidos que produzem quantidades consideráveis de ácidos graxos poliinsaturados tais como ácido araquidônico (ARA) e/ou ácido eicosapentaenóico (EPA) e/ou ácido docosahexaenóico (DHA) . Musgos compreendem PUFAs em lipídeos
 15 de membrana, enquanto que algas, organismos relacionados com algas, e alguns fungos também acumulam quantidades substanciais de PUFAs na fração de triacilglicerol. Moléculas de ácido nucleico isoladas de cepas que acumulam PUFAs também na fração de triacilglicerol são portanto particularmente vantajosas para o processo da invenção e assim para
 20 modificar o sistema de produção de lipídeo e PUFA em uma planta tal como uma planta útil tal como planta de colheita oleosa, por exemplo colza, canola, linho, cânhamo, feijão-soja, girassol, borragem. Portanto podem ser vantajosamente usadas no processo da invenção.

Ácidos nucleicos usados no processo da invenção são
 25 vantajosamente derivados de plantas tais como algas, por exemplo algas da família de Prasinophyceae tais como dos gêneros Heteromastix, Mammella, Mantoniella, Micromonas, Nephroselmis, Ostreococcus, Prasinocladus, Prasinococcus, Pseudoscourfielda, Pycnoocus, Pyramimonas, Scherffelia ou Tetraselmis tais como os gêneros e espécies Heteromastix longifillis,

Mamiella gilva, Mantoielliella squamata, Micromonas pusilla, Nephroselmis olivacea, Nephroselmis pyriformis, Neproselmis rotunda, Ostreococcus tauri, Ostreococcus sp. Prasinocladus ascus, Prasinocladus lubricus, Pycnacoccus provasolii, Pyramimonas amilifera, Pyramimonas disomata, Pyramimonas obovata, Pyramimonas orientalis, Pyramimonas parkae, Pyramimonas spinefera, Pyramimonas sp., Tetraselmis apiculta, Tetraselmis carteriaformis, Tetraselmis chuff, Tetraselmis convolutae, Tetraselmis desikacharyi, Tetraselmis gracilis, Tetraselmis harem, Tetraselmis impellucida, Tetraselmis inconspicua, Tetraselmis levis, Tetraselmis maculata, Tetraselmis marina; Tetraselmis striata, Tetraselmis subcordiformis, Tetraselmis suecica, Tetraselmis tetrabrachia, Tetraselmis tetrathele, Tetraselmis verrucosa, Tetraselmis verrucosa fo. rubens ou Tetraselmis sp. ou algae from the family Euglenaceae such as from the genera Ascoglena, Astasia, Colacium, Cyclidiopsis, Euglena, Euglenopsis, Hyalophacus, Khawkinia, Lepocircus, Phacus, Strombomonas ou Trachelomonas tais como os gêneros e espécies Euglena acus, Euglena geniculata, Euglena gracilis, Euglena mixocilindracea, Euglena rostrifera, Euglena viridis, Colacium stentorium, Trachelomonas cilindrica ou Trachelomonas volvocina.

Outras plantas vantajosas são algas tais como Isochrysis ou Cryptothecodinium, algas/diatomáceas tais como Thalassiosira ou Phaeodactylum, musgos tais como Physcomitrella ou Ceratodon ou plantas superiores tais como as Primulaceae tais como Aleuritia, Calendula stellata, Osteospermum spinescens ou Osteospermum hyoseroides, microorganismos tais como fungos tais como Aspergillus, Thraustochytrium, Phytophthora, Entomophthora, Mucor ou Mortierella, bactérias tais como shewanella, leveduras ou animais tais como nematódeos, tais como Caenorhabditis, insetos, rãs, holotúrias ou peixes. As seqüências de ácido nucleico isoladas de acordo com a invenção são vantajosamente derivadas de um animal da ordem dos vertebrados. As seqüências de ácido nucleico são preferivelmente

derivadas da classe de Vertebrata, Euteleostomi, Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei, Protacanthopterygii, Salmoniformes; Salmonidae ou Oncorhynchus ou Vertebrata, Amphibia, Anura, Pipidae, Xenopus ou Evertebrata tais como Protochordata, Tunicata, Holothuroidea, Cionidae such
 5 as *Amaroucium constellatum*, *Botrillus schlosseri*, *Ciona intestinalis*, *Molgula citrina*, *Molgula manhattensis*, *Perophora viridis* ou *Styela partita*. Os ácidos nucleicos são particularmente vantajosamente derivados de fungos, animais ou de plantas tais como algas ou musgos, preferivelmente da ordem de Salmoniformes tais como da família de Salmonidae tal como do gênero
 10 *Salmo*, por exemplo dos gêneros e espécies *Oncorhynchus mykiss*, *Trutta trutta* ou *Salmo trutta fario*, de algas tais como os gêneros *Mantoniella* ou *Ostreococcus* ou de diatomáceas tais como os gêneros *Thalassiosira* ou *Phaeodactylum* ou de algas tais como *Cryptocodinium*.

Em uma modalidade preferida, o processo adicionalmente
 15 compreende a etapa de obter uma célula ou uma planta inteira que compreende as seqüências de ácido nucleico que são usadas no processo e que codificam uma Δ -6-dessaturase, Δ -6-alongase, Δ -5-dessaturase e/ou Δ -57alongase e, se apropriadas, seqüências de ácido nucleico que codificam uma ω -3-dessaturase e/ou uma Δ -4-dessaturase, sendo possível que a célula
 20 e/ou a planta útil também compreenda outras seqüências de ácido nucleico de metabolismo de lipídeo ou ácido graxo. As seqüências de ácido nucleico preferivelmente usadas no processo são para a expressão vantajosamente incorporadas em pelo menos um construto de gene e/ou um vetor como descrito adiante, sozinha ou em combinação com outras seqüências de ácido
 25 nucleico que codificam proteínas de metabolismo de ácido graxo ou lipídeo, e finalmente transformadas na célula ou planta. Em uma outra modalidade preferida, este processo adicionalmente compreende a etapa de obter os óleos, lipídeos ou ácidos graxos livres das plantas úteis. A célula produzida nesta maneira ou a planta útil produzida nesta maneira é vantajosamente uma célula

de uma planta produtora de óleo, planta vegetal, planta erva, ou planta ornamental ou a própria planta como enunciado acima.

Crescimento significa o cultivo no caso de órgãos, tecido ou células de planta sobre ou em um meio nutriente ou da planta inteira sobre ou em um substrato, por exemplo em hidroculutura, solo de pote de flor ou sobre um campo arável.

Para os propósitos da invenção, “transgênico” ou “recombinante” significa com relação a, por exemplo, uma seqüência de ácido nucleico, um cassete de expressão (= construto de gene) ou um vetor compreendendo as seqüências de ácido nucleico usadas no processo de acordo com a invenção ou uma planta transformada com as seqüências de ácido nucleico, vetor ou cassete de expressão usado no processo de acordo com a invenção, todas aquelas construções produzidas por processos recombinantes nos quais qualquer uma de

a) a seqüência de ácido nucleico, ou
b) uma seqüência de controle genético que está operacionalmente ligada com a seqüência de ácido nucleico, por exemplo um promotor, ou

c) (a) e (b) não estão localizadas em seu ambiente genético natural ou têm sido modificadas por processos recombinantes, sendo possível que a modificação seja, por exemplo, uma substituição, adição, deleção, inversão ou inserção de um ou mais resíduos de nucleotídeo. Ambiente genético natural significa o locus cromossômico ou genômico natural no organismo original ou a presença em uma biblioteca genômica. No caso da biblioteca genômica, o ambiente genético natural da seqüência de ácido nucleico é preferivelmente retido, pelo menos em parte. O ambiente flanqueia a seqüência de ácido nucleico pelo menos sobre um lado e possui um comprimento de seqüência de pelo menos 50 pb, preferivelmente pelo menos 500 pb, especialmente preferivelmente pelo menos 1000 pb, muito

especialmente preferivelmente pelo menos 5000 pb. Um cassete de expressão naturalmente ocorrente - por exemplo a combinação naturalmente ocorrente do promotor da seqüência de ácido nucleico usada no processo de acordo com a invenção com a seqüência de ácido nucleico que codifica proteínas com correspondente atividade de $\Delta 6$ -dessaturase, $\Delta 6$ -alongase, $\Delta 5$ -dessaturase e $\Delta 5$ -alongase, vantajosamente em combinação com seqüências de ácido nucleico que codificam proteínas possuindo atividade de $\omega 3$ -dessaturase e/ou $\Delta 4$ -dessaturase - torna-se um cassete de expressão transgênico quando este cassete de expressão é modificado por processos não-naturais, sintéticos (“artificiais”) tais como, por exemplo, tratamento transgênico. Processos adequados são descritos, por exemplo, em US 5.565.350 ou WO 00/15815.

Uma “planta transgênica” para os propósitos da invenção é entendida como mencionado acima com significado de que os ácidos nucleicos usados no processo não estão em seu locus natural no genoma da planta. Neste caso, é possível que as seqüências de ácido nucleico sejam expressadas homóloga ou heterologamente. Contudo, transgênico também significa que, embora os ácidos nucleicos de acordo com a invenção estejam em sua posição natural no genoma da planta, a seqüência tem sido modificada com relação à seqüência natural, e/ou que as seqüências regulatórias das seqüências naturais têm sido modificadas. Transgênico é preferivelmente entendido com o significado de que ocorre a expressão dos ácidos nucleicos usados no processo de acordo com a invenção em um locus não natural no genoma, i.e. expressão homóloga ou, preferivelmente, heteróloga das seqüências de ácido nucleico.

Organismos transgênicos preferidos são plantas úteis tais como plantas produtoras de óleo, plantas hortaliça, plantas alface ou plantas ornamentais que são vantajosamente selecionadas do grupo de famílias de planta consistindo das famílias de Aceraceae, Actinidiaceae, Anacardiaceae, Apiaceae, Arecaceae, Asteraceae, Arecaceae, Betulaceae, Boraginaceae,

Brassicaceae, Bromeliaceae, Cannabaceae, Cannaceae, Caprifoliaceae, Chenopodiaceae, Convolvulaceae, Cucurbitaceae, Dioscoreaceae, Elaeagnaceae, Ericaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae, Fagaceae, Grossulariaceae, Juglandaceae, Lauraceae, Liliaceae, Linaceae, Malvaceae, 5 Moraceae, Musaceae, Oleaceae, Oxalidaceae, Papaveraceae, Poaceae, Polygonaceae, Punicaceae, Rosaceae, Rubiaceae, Rutaceae, Scrophulariaceae, Solanaceae, Sterculiaceae e Valerianaceae.

Plantas hospedeiras que são adequadas para os ácidos nucleicos, o cassete de expressão ou o vetor usado no processo de acordo com a invenção são, em princípio vantajosamente todas plantas úteis que são 10 capazes de sintetizar ácidos graxos, especificamente ácidos graxos insaturados, e que são adequadas para a expressão de genes recombinantes. Exemplos que devem ser mencionados neste ponto são plantas tais como Arabidopsis, Asteraceae tal como Calendula ou plantas úteis tais como feijão- 15 soja, amendoim, planta de óleo de rícino, girassol, milho, algodão, linho, colza, coqueiro, palmeira oleosa, açafrão (*Carthamus tinctorius*) ou cacaueteiro. Outras plantas vantajosas são mencionadas em outros pontos neste pedido.

Microorganismos são geralmente usados como hospedeiros intermediários para a produção de plantas transgênicas úteis. Células 20 hospedeiras intermediárias utilizáveis são detalhadas em: Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990) .

Cepas de expressão que podem ser vantajosamente ser usadas para este propósito são, por exemplo, aquelas com uma atividade de protease 25 menor. São descritas, por exemplo, em Gottesman, S., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128.

Plantas transgênicas que compreendem os ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa sintetizados no processo de acordo com a

invenção podem ser vantajosamente comercializadas diretamente sem qualquer necessidade de os óleos, lipídeos ou ácidos graxos sintetizados serem isolados. Esta forma de comercialização é particularmente vantajosa.

“Plantas” para os propósitos da presente invenção são plantas intactas e todas as partes de planta, órgãos de planta ou partes de planta tais como folha, caule, sementes, raiz, tubérculos, anteras, fibras, pêlos de raiz, pedúnculos, embriões, colos, cotilédones, pecíolos, material colhido, tecido de planta, tecido reprodutivo e culturas de célula que são derivadas da planta transgênica real e/ou podem ser usadas para produzir a planta transgênica.

5 Neste contexto, a semente compreende todas as partes de planta tais como as capazes de semente, células epidermais, células de semente, endosperma ou tecido embriônico.

Os compostos produzidos no processo da invenção, contudo, também podem ser isolados das plantas na forma de seus óleos, gordura, lipídeos e/ou ácidos graxos livres. Ácidos graxos poliinsaturados produzidos pelo processo da invenção podem ser obtidos pela colheita das plantas ou células de planta quer da cultura na qual crescem quer do campo. Isto ocorre por prensagem ou extração das partes de planta, preferivelmente das sementes de planta. É possível nesta conexão que os óleos, gorduras, lipídeos e/ou ácidos graxos livres sejam obtidos por prensagem pelo denominada extração

15 fria ou prensagem fria sem entrada de calor. Para tornar mais fácil a quebra das partes da planta, especificamente das sementes, elas são previamente trituradas, vaporizadas ou torradas. As sementes pré-tratadas nesta maneira podem ser então prensadas ou extraídas com solvente tal como hexano. O

20 solvente é depois removido de novo. É possível neste modo isolar mais do que 96% dos compostos produzidos no processo da invenção. Os produtos obtidos neste modo são então adicionalmente processados, isto é, refinados. Isto exige inicialmente por exemplo que a mucilagem de planta e a matéria suspensa sejam removidas. A denominada despectinização pode ocorrer

enzimaticamente ou, por exemplo, química/fisicamente pela adição de ácido tal como ácido fosfórico. Os ácidos graxos livres são então removidos por tratamento com uma base, por exemplo solução de hidróxido de sódio. O produto resultante é intensamente lavado com água para remover o álcali
 5 restante no produto. e é seco. Com o objetivo de remover as matérias coloridas ainda presentes no produto, os produtos são submetidos a um alvejamento com, por exemplo terra alvejante ou carbono ativado. Finalmente, o produto também é desodorizado por exemplo com vapor.

Os PUFAs ou LCPUFAs produzidos por este processo são
 10 preferivelmente moléculas de ácido C_{20} e/ou C_{22} graxo possuindo pelo menos quatro ligações duplas na molécula de ácido graxo, preferivelmente cinco ou seis ligações duplas. Estas moléculas de ácido C_{20} e/ou C_{22} graxo podem ser isoladas da planta na forma de um lipídeo ou um ácido graxo livre. Plantas transgênicas adequadas são por exemplo aquelas mencionadas acima.

15 Estes óleos, lipídeos ou ácidos graxos da invenção compreendem, como descrito acima, vantajosamente 6 a 15% de ácido palmítico, 1 a 6% de ácido esteárico; 7 - 85% de ácido oleico; 0,5 a 8% de ácido vacânico, 0,1 a 1% de ácido aráquico, 7 a 25% de ácidos graxos saturados, 8 a 85% de ácidos graxos monoinsaturados e 60 a 85% ácidos
 20 graxos poliinsaturados, em cada caso baseado em 100% e no conteúdo de ácido graxo total das plantas.

Ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa vantajosos presentes nos ésteres de ácido graxo ou misturas de ácidos graxos tais como ésteres de ácido fosfatidil-graxo ou ésteres de triacilglicerídeo são
 25 preferivelmente pelo menos 10; 11; 12; 13; 14; 15; 16; 17; 18; 19 ou 20% em peso baseado no conteúdo de ácido graxo total de ácido eicosapentaenóico, baseado no conteúdo de ácido graxo total, e/ou pelo menos 1; 2; 3; 4; 5 ou 6% em peso de ácido docosapentaenóico, baseado no conteúdo de ácido graxo total, e/ou pelo menos 1; 2; 3; preferivelmente pelo menos 4; 5; 6;

particularmente preferivelmente pelo menos 7 ou 8 e mais preferivelmente pelo menos 9 ou 10% em peso de ácido docosaheptaenóico, baseado no conteúdo de ácido graxo total.

Os ésteres de ácido graxo ou as misturas de ácidos graxos que

5 têm sido produzidos pelo processo da invenção adicionalmente compreendem ácidos graxos selecionados do grupo de ácidos graxos ácido erúcico (ácido 13-docosaenóico), ácido estercúlico (ácido 9,10-metileno-octadec-9-enóico), ácido malvático (ácido 8,9-metileno-heptadec-8-enóico), ácido chaulmoógrico (ácido ciclo-penteno-dodecanóico), ácido furano-graxo (ácido

10 9,12-epóxi-octadeca-9,11-dienônico), ácido vernônico (ácido 9,10-epóxi-octadec-12-enônico), ácido tárico (ácido 6-octadecinônico), ácido 6-nonadecinônico, ácido santálbico (ácido 11-octadecen-9-inóico), ácido 6,9-octadeceninônico, ácido pirúlico (ácido 10-heptadecen-8-inônico), ácido crepenínico (ácido 9-octadecen-12-inônico), ácido 13,14-diidro-orofeico,

15 ácido octadecen-13-eno-9,11-diiônico, ácido petroselênico (ácido cis-6-octadecenônico), ácido 9c12t-octadecadienóico, ácido calendúlico (ácido 8t10t12c-octadecatrienóico), ácido catálpico (ácido 9t11t13-coctadecatrienóico), ácido eleostérico (ácido 9c11t13t-octadecatrienóico), ácido jacárico (ácido 8c10t12c-octadecatrienóico), ácido punílico (ácido

20 9c11t13c-octadecatrienóico, ácido parinárico (ácido 9c11t13t15c-octadecatetraenóico), ácido pinolênico (ácido todo-cis-5,9,12-octadecatrienóico), ácido labalênico (ácido 5,6-octadecadienalênico) ; ácido ricinoleico (ácido 12-hidróxi-oleico) e/ou ácido coriólico (ácido 13-hidróxi-9c11t-octadecadienônico) . Em geral, os ácidos graxos acima mencionados

25 estão vantajosamente presentes apenas em traços nos ésteres de ácido graxo ou nas misturas de ácidos graxos produzidos pelo processo da invenção, significando que sua ocorrência, baseada no conteúdo de ácido graxo total, é menor do que 30%, preferivelmente menor do que 25%, 24%, 23%, 22% ou 21%, particularmente preferivelmente menor do que 20%; 15%, 10%, 9%,

8%, 7%; 6% ou 5%, muito particularmente preferivelmente menor do que 4%, 3%, 2% ou 1%. Em uma forma adicionalmente preferida da invenção a ocorrência destes ácidos graxos acima mencionados, baseado nos ácidos graxos totais, é menor do que 0,9%; 0,8%; 0,7%; 0,6% ou 0,5%, particularmente preferivelmente menor do que 0,4%; 0,3%; 0,2%; 0,1%. Os ésteres de ácido graxo ou as misturas de ácidos graxos produzidos pelo processo da invenção vantajosamente compreendem menos do que 0,1% baseado nos ácidos graxos totais e/ou não compreendem ácido butírico, nem colesterol e nem ácido nisínico (ácido tetracosa-hexaenóico, C23:6 Δ 3,8,12,15,18,21).

Uma outra modalidade de acordo com a invenção o uso dos óleos, lipídeos, ácidos graxos e/ou da composição de ácido graxo, que são produzidos pelo processo da invenção, em gêneros de ração, em gêneros alimentícios, cosméticos ou fármacos. Os óleos, lipídeos, ácidos graxos ou misturas de ácido graxo obtidos no processo de acordo com a invenção podem ser usados para misturar com outros óleos, lipídeos, ácidos graxos ou misturas de ácidos graxos de origem animal, tais como, por exemplo, óleos de peixe, na maneira com que o técnico experiente está familiarizado. Estes óleos, lipídeos, ácidos graxos ou misturas de ácidos graxos que são produzidos neste modo e consistem de componentes vegetais e animais também podem ser usados para a preparação de gêneros de ração, gêneros alimentícios, cosmetics ou fármacos.

O termo “óleo”, “lipídeo” ou “gordura” é entendido com o significado de uma mistura de ácidos graxos compreendendo ácido(s) graxo(s) insaturado(s) e/ou saturado(s), preferivelmente esterificado(s). É preferido que o óleo, a gordura ou o lipídeo seja alto em ácido(s) graxo(s) poliinsaturado(s) livre ou esterificado(s), em particular ácido linoleico, ácido γ -linolênico, ácido di-homo- γ -linolênico, ácido araquidônico, ácido α -linolênico, ácido estearidônico, ácido eicosatetraenóico, ácido

eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico ou ácido docosaheptaenóico. Preferivelmente, a quantidade de ácidos graxos insaturados esterificados é de aproximadamente 30%, com uma quantidade de 50% sendo especialmente preferida e uma quantidade de 60%, 70%, 80% ou maior sendo mais preferida. A quantidade de ácido graxo pode ser determinada por cromatografia gasosa após conversão dos ácidos graxos em metil-ésteres por transesterificação. O óleo, o lipídeo ou a gordura pode compreender vários outros ácidos graxos saturados ou insaturados, por exemplo ácido calendúlico, ácido palmítico, ácido palmitoleico, ácido esteárico, ácido oleico e semelhante. Em particular, a quantidade dos vários ácidos graxos pode variar, dependendo da planta inicial.

Como descrito acima, os ésteres de ácido graxo poliinsaturado vantajosamente possuindo três, quatro, cinco ou seis, particularmente vantajosamente possuindo cinco ou seis ligações duplas e que têm sido preparados no processo vantajosamente tomam a forma de ésteres de ácido graxo, por exemplo, ésteres de esfingolipídeo, ésteres de fosfoglicerídeo, ésteres de lipídeo, ésteres de glicolipídeo, ésteres de fosfolipídeo, ésteres de monoacilglicerol, ou outros ésteres de ácido graxo, preferência sendo dada aos ésteres de fosfolipídeo e/ou ésteres de triacilglicerol.

Partindo com os ésteres de ácido graxo poliinsaturado produzidos assim no processo de acordo com a invenção e vantajosamente possuindo pelo menos três, quatro, cinco ou seis ligações duplas, os ácidos graxos poliinsaturados que estão presentes podem ser liberados por exemplo via tratamento com álcali, por exemplo NaOH ou KOH aquosos, ou por hidrólise ácida, vantajosamente na presença de um álcool tal como metanol ou etanol, ou via clivagem enzimática, e isolados via, por exemplo, separação de fases e subsequente acidulação com, por exemplo, H_2SO_4 . Contudo, os ácidos graxos também podem ser liberados diretamente sem as etapas de processamento descritas acima.

Substratos das seqüências de ácido nucleico usadas no processo que codificam polipeptídeos com atividade de $\Delta 6$ -dessaturase, $\Delta 6$ -alongase, $\Delta 5$ -dessaturase e/ou $\Delta 5$ -alongase e opcionalmente seqüências de ácido nucleico que codificam polipeptídeos possuindo atividade de $\omega 3$ -
 5 dessaturase e/ou $\Delta 4$ -dessaturase, e/ou de outros ácidos nucleicos são usados, tais como as seqüências de ácido nucleico que codificam polipeptídeos do metabolismo de ácido graxo ou lipídeo selecionados do grupo consistindo de acil-CoA desidrogenase(s), acil-ACP [= proteína carreadora] dessaturase(s), acil-ACP tioesterase(s), ácido graxo acil transferase(s), acil-
 10 CoA:lisofosfolipídeo aciltransferases, ácido graxo sintase(s), ácido graxo hidroxilase(s), acetil-coenzima A carboxilase(s), acil-coenzima A oxidase(s), ácido graxo dessaturase(s), ácido graxo acetilenases, lipoxigenases, triacilglicerol lipases, alenoxido sintases, hidroperóxido liases ou ácido graxo alongase(s) são vantajosamente ácidos C_{16} -, C_{18} - ou C_{20} - graxos.
 15 Preferivelmente, os ácidos graxos convertidos no processo como substratos são convertidos na forma de seus ésteres de acil-CoA e/ou na forma de seus ésteres de fosfolipídeo.

Para produzir os PUFAs de cadeia longa de acordo com a invenção, os ácidos C_{16} -graxos saturados, monoinsaturados e/ou os ácidos
 20 C_{18} -graxos poliinsaturados têm que ser primeiro, dependendo do substrato, ser dessaturados e/ou alongados ou apenas dessaturados por atividade enzimática da dessaturase e/ou alongase e subseqüentemente alongados em pelo menos dois átomos de carbono por uma alongase. Após um ciclo de alongamento, esta atividade de enzima leva quer partindo de ácidos C_{16} -graxos aos ácidos
 25 C_{18} -graxos quer partindo de ácidos C_{18} -graxos aos ácidos C_{20} -graxos, e após dois ciclos de alongamento partindo de ácidos C_{16} -graxos leva aos ácidos C_{20} -graxos. A atividade das dessaturases ou alongases usadas no processo de acordo com a invenção preferivelmente leva aos ácidos C_{20} - e/ou C_{22} -graxos, vantajosamente com pelo menos duas ou três ligações duplas na molécula de

ácido graxo, preferivelmente com quatro, cinco ou seis ligações duplas, especialmente preferivelmente aos ácidos C₂₂-graxos com pelo menos cinco ligações duplas na molécula de ácido graxo. Produtos especialmente preferidos do processo de acordo com a invenção são ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosaheptaenóico. Os ácidos C₁₈-graxos com pelo menos duas ligações duplas no ácido graxo podem ser alongados pela atividade enzimática de acordo com a invenção na forma de ácido graxo livre ou na forma de ésteres, tais como fosfolipídeos, glicolipídeos, esfingolipídeos, fosfoglicerídeos, monoacilglicerol, diacilglicerol ou triacilglicerol.

O sítio de biossíntese preferido de ácidos graxos, óleos, lipídeos ou gorduras nas plantas que são vantajosamente usadas é, por exemplo, geralmente a semente ou as camadas celulares da semente, de modo que tenha sentido a expressão específica de semente dos ácidos nucleicos usados no processo. Contudo, é óbvio que a biossíntese de ácidos graxos, óleos ou lipídeos não necessita ser limitada ao tecido de semente, mas também pode ocorrer em uma maneira específica de tecido em todas as partes restantes da planta, por exemplo em células epidermais ou nos tubérculos. A síntese vantajosamente ocorre de acordo com o processo da invenção no tecido vegetativo (somático).

Devido ao processo de acordo com a invenção, os ácidos graxos poliinsaturados que são produzidos podem, em princípio, serem aumentados em duas maneiras nas plantas usadas no processo. Vantajosamente a coleção de ácidos graxos livres poliinsaturados e/ou a quantidade de ácidos graxos poliinsaturados esterificados produzidos pelo processo pode ser aumentada. Vantajosamente, a coleção de ácidos graxos poliinsaturados esterificados nas plantas transgênicas é aumentada pelo processo de acordo com a invenção, vantajosamente na forma de fosfatidil-ésteres e/ou triacil-ésteres.

As seqüências usadas no processo da invenção são clonadas individualmente nos construtos de expressão ou proporcionadas em uma molécula de ácido nucleico recombinante de junção e usadas para introdução e expressão em organismos. Estes construtos de expressão possibilitam que os ácidos graxos poliinsaturados produzidos no processo da invenção sejam sintetizados de modo ótimo.

Os ácidos nucleicos usados no processo podem, após introdução em uma planta ou célula de planta, quer estejam localizados em um plasmídeo separado quer vantajosamente estejam integrados no genoma da célula hospedeira. No caso de integração no genoma, a integração pode ser aleatória ou ocorrer por recombinação de tal modo que o gene nativo é substituído pela cópia introduzida, modelando assim a produção do composto desejado pela célula, ou através do uso de gene em trans, de modo que o gene é funcionalmente conectado em uma unidade de expressão funcional que compreende pelo menos uma seqüência garantindo a expressão de um gene e pelo menos uma seqüência garantindo a poliadenilação de um gene funcionalmente transcrito. As seqüências de ácido nucleico são vantajosamente introduzidas nas plantas via cassetes de multiexpressão ou construtos para expressão multiparalela, i.e. as seqüências de ácido nucleico estão presentes em uma unidade de expressão de junção.

O construto de ácido nucleico pode compreender mais do que uma seqüência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo possuindo a atividade enzimática da Δ -12-dessaturase, Δ 4-dessaturase, Δ 5-dessaturase, Δ 6-dessaturase, Δ 5-alongase, Δ 6- alongase, e/ou ω -3- dessaturase. Também é possível que esteja presente uma pluralidade de cópias de uma seqüência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo possuindo a atividade enzimática da Δ -12-dessaturase, Δ -4-dessaturase, Δ 5-dessaturase, Δ 6-dessaturase, Δ 5-alongase, Δ 6-alongase, e/ou ω 3-dessaturase.

Para a introdução, os ácidos nucleicos usados no processo são

vantajosamente amplificados e ligados na maneira conhecida. Preferivelmente, um procedimento seguindo o protocolo para Pfu DNA polimerase ou uma mistura de Pfu/Taq DNA polimerases é seguido. Os iniciadores são selecionados dependendo da seqüência a ser amplificada. Os

5 iniciadores devem ser expedientemente escolhidos em um tal modo que o amplicon compreenda a seqüência codogênica inteira desde o códon de iniciação até o códon de terminação. Após a amplificação, o amplicon é expedientemente analisado. Por exemplo, a análise pode ser realizada por separação eletroforética em gel com respeito à qualidade e à quantidade.

10 Depois, o amplicon pode ser purificado seguindo um protocolo padrão (por exemplo Qiagen) . Uma alíquota do amplicon purificado está então disponível para a etapa de clonagem subsequente. Vetores de clonagem adequados são geralmente conhecidos pelo técnico experiente. Estes incluem, em particular, vetores que são capazes de replicação em sistemas microbianos, isto é

15 principalmente vetores que garantem clonagem eficiente em leveduras ou fungos e que tornam possível a transformação estável de plantas. Aqueles que têm que ser mencionados em particular são sistemas de vetores binários e co-integrados que são adequados para a transformação mediada por T-DNA. Tais sistemas de vetor são, como uma regra, caracterizados pelo fato de que

20 compreendem pelo menos os genes *vir* requeridos para a transformação mediada por *Agrobacterium* e as seqüências T-DNA-delimitantes (borda T-DNA) . Estes sistemas de vetor preferivelmente também compreendem outras regiões cis-regulatórias tais como promotores e terminadores e/ou marcadores de seleção, por meio das quais organismos adequadamente transformados

25 podem ser identificados. Embora no caso de sistemas de vetor cointegrados genes *vir* e seqüências de T-DNA estão arranjados no mesmo vetor, sistemas binários são baseados em pelo menos dois vetores, um dos quais possui genes *vir*, mas não T-DNA, enquanto que um segundo possui T-DNA, mas não genes *vir*. Devido a este fato, os últimos vetores mencionados são

relativamente pequenos, fáceis de manipular e capazes de replicação tanto em *E. coli* quanto em *Agrobacterium*. Estes vetores binários incluem vetores das séries pBIB-HYG, pPZP, pBecks, pGreen. De acordo com a invenção, pBin19, pBI101, pBinAR, pGPTV e pCAMBIA são usados de modo preferido. Uma visão geral de vetores binários e de seu uso é encontrada em Hellens et al. (2000) Trends in Plant Science 5: 446-451.

Com o objetivo de preparar os vetores, os vetores podem ser primeiro linearizados com endonuclease(s) de restrição e então enzimaticamente modificados em uma maneira adequada. Depois, o vetor é purificado, e uma alíquota é empregada na etapa de clonagem. Na etapa de clonagem, o amplificado enzimaticamente clivado e, se apropriado, purificado é clonado com fragmentos de vetor que têm sido preparados em uma maneira similar, usando ligase. Neste contexto, um construto de ácido nucleico particular, ou vetor ou construto de plasmídeo, pode possuir um ou mais do que um segmentos de gene codogênico. Os segmentos de gene codogênico nestes construtos são preferivelmente ligados operacionalmente com seqüências regulatórias. As seqüências regulatórias incluem, em particular, seqüências de planta tais como os promotores e terminadores descritos acima. Os construtos podem vantajosamente serem estavelmente propagados em microorganismos, em particular *Escherichia coli* e *Agrobacterium tumefaciens*, sob condições seletivas e assim tornar possível a transferência de DNA heterólogo em plantas.

As seqüências de ácido nucleico e os construtos de ácido nucleico usados no processo da invenção podem ser introduzidos em microorganismos e então em plantas, vantajosamente usando vetores de clonagem, e assim serem usados na transformação de plantas tais como aqueles que são publicados em e citados nos mesmo: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Capítulo 6/7, p. 71-119 (1993) ; F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher. Plants; em:

Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, Ed.: Kung e R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38; B. Jené et al., Techniques for Gene Transfer; em: Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, Ed.: Kung e R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. (1991) 42: 205-225. Assim, os ácidos nucleicos, construídos de ácido nucleico e/ou vetores usados no processo podem ser utilizados para a modificação recombinante de um amplo espectro de plantas de modo que as últimas se tornam melhores e/ou produtoras de LCPUFA mais eficientes.

Devido à introdução do gene de $\Delta 6$ -dessaturase, $\Delta 6$ -alongase, $\Delta 5$ -dessaturase e $\Delta 5$ -alongase em uma planta, sozinho ou em combinação com outros genes, não é apenas possível aumentar o fluxo de biossíntese na direção do produto final, mas também aumentar, ou criar de novo a composição de triacilglicerol e/ou fosfatidil-éster correspondente. Igualmente, o número ou atividade de outros genes que estão envolvidos na importação de nutrientes que são requeridos para a biossíntese de um ou mais ácidos graxos, óleos, lipídeos polares e/ou neutros, pode ser aumentado, de modo que a concentração destes precursores, co-fatores ou intermediários dentro das células ou dentro do compartimento de armazenagem é aumentada, deste modo a capacidade das células para produzirem PUFAs, como descrito abaixo, é ainda mais aumentada. Pela otimização da atividade ou pelo aumento do número de um ou mais genes de $\Delta 6$ -dessaturase, $\Delta 6$ -alongase, $\Delta 5$ -dessaturase e/ou $\Delta 5$ -alongase que estão envolvidos na biossíntese destes compostos, ou pela destruição da atividade de um ou mais genes que estão envolvidos na degradação destes compostos, pode ser possível aumentar o rendimento, a produção e/ou a eficiência de produção em moléculas de ácido graxo e lipídeo de organismos e vantajosamente de plantas.

As moléculas de ácido nucleico usadas no processo da invenção codificam proteínas ou suas partes, enquanto que as proteínas ou a proteína individual ou suas partes compreende(m) uma sequência de

aminoácidos que possui homologia suficiente em relação a uma seqüência de aminoácidos que é mostrada nas seqüências SEQ ID NO 65, SEQ ID NO 2, SEQ ID NO 172 ou SEQ ID NO 52 e, se apropriado, SEQ ID NO 194 ou SEQ ID NO 78, de modo que as proteínas ou suas partes ainda possuam uma

5 atividade de Δ -6-dessaturase, Δ -6-alongase, Δ -5-dessaturase e/ou Δ -5-alongase e se apropriado, uma atividade de Δ -4-dessaturase e/ou ω -3-dessaturase. As proteínas ou suas partes que é/são codificada(s) pela molécula de ácido nucleico / moléculas de ácido nucleico preferivelmente ainda possuem sua atividade enzimática essencial e a capacidade para participarem

10 no metabolismo de compostos necessários para construção de membranas celulares ou de corpos lipídicos em organismos, vantajosamente em plantas, ou no transporte de moléculas através destas membranas. As proteínas codificadas pelas moléculas de ácido nucleico são pelo menos cerca de 70%, 80% ou 90%, e particularmente preferivelmente pelo menos cerca de 85%,

15 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais idênticas às seqüências de aminoácidos mostradas em SEQ ID NO. 65, SEQ ID NO 2, SEQ ID NO 172, SEQ ID NO 52, SEQ ID NO 194 ou SEQ ID NO 78. Homologia ou homólogo significa no contexto da invenção identidade ou idêntico.

20 A homologia foi calculada sobre a região de seqüência de ácido nucleico ou de aminoácido inteira. Para comparar várias seqüências, o técnico experiente tem disponível uma série de programas que são baseados em vários algoritmos. Os algoritmos de Needleman e Wunsch ou Smith e Waterman dão resultados particularmente confiáveis. O programa Pileup (J.

25 Mol. Evolution (1987) 25: 351-360; Higgins et al. (1989) CABIOS 5: 151-153) ou os programas Gap e BestFit (Needleman e Wunsch (1970) J. Mol. Biol: 48: 443-453 e Smith e Waterman (1981) Adv. Appl. Math. 2: 482-489), que são parte do pacote de programas de computador GCG [Genetic Computer Group, 575 Science, Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)], foram

usados para realizar as comparações de seqüências. Os dados de homologia de seqüência fornecidos acima em % foram determinados sobre a região de seqüência inteira usando o programa GAP com os seguintes ajustes: Peso de Lacuna: 50, Peso de Comprimento 3, Combinação Média: 10,000 e Má Combinação Média: 0,000. A não ser que seja especificado de outro modo, estes ajustes foram sempre usados como ajustes padrão para comparações de seqüências.

Atividade enzimática essencial das ω -3-dessaturase, Δ -6-dessaturase, Δ -6-alongase, Δ 5-alongase, Δ 4-dessaturase e/ou Δ 5-dessaturase usadas no processo da invenção significa que, comparadas com as proteína/enzimas codificadas pela seqüência possuindo SEQ ID NO. 64, SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO. 171, SEQ ID NO. 51, SEQ ID NO. 193 ou SEQ ID NO. 77, ainda possuem uma atividade enzimática de pelo menos 10%, preferivelmente de pelo menos 20%, particularmente preferivelmente de pelo menos 30% e mais preferivelmente de pelo menos 40, 50 ou 60%, e assim são capazes de participarem no metabolismo de compostos necessários para a síntese de ácidos graxos, vantajosamente ésteres de ácido graxo tais como fosfatidil-ésteres e/ou ésteres de triacilglicerídeo, em uma planta ou célula de planta, ou no transporte de moléculas através de membranas.

Ácidos nucleicos que podem ser vantajosamente usados no processo são derivados de bactérias, fungos, diatomáceas, animais tais como *Caenorhabditis* ou *Oncorhynchus* ou plantas tais como algas ou musgo tais como os gêneros *Shewanella*, *Physcomitrella*, *Thraustochytrium*, *Fusarium*, *Phytophthora*, *Ceratodon*, *Pytium irregulare*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Isochrysis*, *Aleurita*, muscarioides, *Mortierella*, *Borago*, *Phaeodactylum*, *Cryptocodinium*, specifically from os gêneros e espécies *Pytium irregulare*, *Oncorhynchus mykiss*, *Xenopus laevis*, *Ciona intestinalis*, *Thalassiosira pseudonana*, *Mantoniella squamata*, *Ostreococcus* sp., *Ostreococcus tauri*, *Euglena gracilis*, *Physcomitrella patens*, *Phytophthora infestans*, *Fusarium*

graminaeum, *Cryptocodinium cohnii*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Thraustochytrium* sp., *Muscarioides viallii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Caenorhabditis elegans* ou particularmente vantajosamente de *Pytium irregulare*, *Thraustochytrium* sp. e/ou *Ostreococcus tauri*.

É possível adicionalmente usar no processo da invenção seqüências de nucleotídeos que codificam uma Δ -12- dessaturase, Δ 9- alongase ou Δ -8- dessaturase. As seqüências de ácido nucleico usadas no processo are vantajosamente introduzidas em um corrente de querosene que torna possível a expressão dos ácidos nucleicos em plantas.

As seqüências de ácido nucleico que codificam as Δ 12- dessaturase, ω -3- dessaturase, Δ -9- alongase, Δ 6- dessaturase, Δ -8- dessaturase, Δ -6- alongase, Δ -5- dessaturase, Δ -5- alongase ou Δ -4- dessaturase são funcionalmente ligadas em um ou mais sinais regulatórios para aumentar a expressão de gene. Estas seqüências regulatórias são intencionadas para tornar possível a expressão selecionada dos genes. Isto pode significar por exemplo, dependendo da planta, que o gene é expressado e/ou sobreexpressado apenas após indução, ou que ele é expressado e/ou sobreexpressado imediatamente. Seqüências vantajosamente usadas para a expressão tornam possível a expressão constitutiva, tal como os promotores CaMV35S, CaMV36S, CaMV35Smas, nos, mas, ubi, stpt, lea ou Super. Expressão preferivelmente ocorre em tecido vegetativo como descrito acima. Em outra modalidade preferida, a expressão ocorre em sementes.

Estas seqüências regulatórias são por exemplo seqüências nas quais indutores ou repressores se ligam e assim regulam a expressão do ácido nucleico. Em adição às seqüências regulatórias que não estão ligadas em seu locus natural nas seqüências de ácido nucleico, ou em vez destas seqüências, a regulação natural destas seqüências ainda pode estar presente antes que os genes estruturais reais e se apropriado, tenham sido geneticamente

modificados de modo que regulação natural seja desligada e expressão dos genes seja aumentada. O construto de gene também pode adicionalmente vantajosamente compreender uma ou mais denominadas “seqüências intensificadoras” funcionalmente ligadas no promotor, que torna possível a expressão aumentada da seqüência de ácido nucleico. Seqüências vantajosas adicionais também podem ser inseridas na extremidade 3' das seqüências de DNA, tais como outros elementos regulatórios ou terminadores. Terminadores vantajosos são por exemplo terminadores virais tais como terminadores 35S ou outros. As seqüências de ácido nucleico usadas no processo de acordo com a invenção podem estar presentes em uma ou mais cópias do cassete de expressão (= construto de gene) . Preferivelmente, apenas uma cópia dos genes está presente em cada cassete de expressão. Este construto de gene, ou os construtos de gene, podem ser introduzidos na planta simultânea ou sucessivamente e expressados juntos no organismo hospedeiro. Neste contexto, o(s) construto(s) de gene pode(m) ser inserido(s) em um ou mais vetores e estar(em) presente(s) na célula na forma livre, se não ser(em) inserido(s) no genoma. É vantajoso para a inserção de outros genes na planta quando os genes a serem expressados estão presentes juntos em um construto de gene. Contudo, também é possível introduzir em cada caso um construto de gene contendo uma seqüência de ácido nucleico dentro de uma planta e cruzar as plantas resultantes umas com as outras com o objetivo de obter progênie que contém todos os construtos de gene juntos.

Neste contexto, as seqüências regulatórias ou fatores podem, como descrito acima, preferivelmente ter um efeito positivo sobre a expressão de gene dos genes introduzidos, intensificando-a assim. Deste modo, uma intensificação dos elementos regulatórios, vantajosamente em nível de transcrição, pode ocorrer pelo uso de sinais de transcrição fortes tais como promotores e/ou intensificadores. Em adição, contudo, tradução intensificada também é possível, por exemplo pela melhoria da estabilidade do mRNA.

Para garantir a integração estável dos genes de biossíntese na planta transgênica sobre uma pluralidade de gerações, cada um dos ácidos nucleicos que codifica $\Delta 6$ -dessaturase, $\Delta 6$ -alongase, $\Delta 5$ -dessaturase ou $\Delta 5$ -alongase e se apropriada a $\omega 3$ -dessaturase ou $\Delta 4$ -dessaturase e que são usados no processo deve ser expressado sob o controle de um promotor separado. Isto pode ser idêntico ou diferente para cada uma das seqüências. Neste contexto, o cassete de expressão é vantajosamente construído em um tal modo que um promotor é seguido por um sítio de clivagem adequado para inserção do ácido nucleico a ser expressado, o sítio de clivagem é vantajosamente em um poliligador. Se apropriado, um terminador pode estar posicionado atrás do poliligador. Esta seqüência é repetida várias vezes, preferivelmente três, quatro, cinco ou seis vezes, de forma que até seus genes podem ser combinados em um construto e assim introduzidos na planta transgênica a ser expressada. Para expressar as seqüências de ácido nucleico, as últimas são inseridas atrás do promotor via o sítio de clivagem adequado, por exemplo no poliligador. Vantajosamente, cada seqüência de ácido nucleico possui seu próprio promotor e, se apropriado, seu próprio terminador. Contudo, também é possível inserir uma pluralidade de seqüências de ácido nucleico atrás de um promotor e, se apropriado, antes de um terminador. Aqui, o sítio de inserção, ou a seqüência, dos ácidos nucleicos inseridos no cassete de expressão não é de importância crítica, isto é uma seqüência de ácido nucleico pode ser inserida na primeira ou última posição no cassete sem a expressão ser substancialmente influenciada pela posição. Em um USP, LegB4 ou DC3, e terminadores diferentes podem ser usados no cassete de expressão. Em uma outra modalidade vantajosa, promotores idênticos tal como o promotor CaMV35S também podem ser usados.

Como descrito acima, a transcrição dos genes que têm sido introduzidos deve ser vantajosamente terminada por terminadores adequados na extremidade 3' dos genes de biossíntese que têm sido introduzidos (atrás

do códon de terminação) . Um exemplo da sequência que pode ser usada neste contexto é o terminador OCS 1 ou o terminador 35SCaMV. Como é o caso com os promotores, seqüências de terminador diferentes devem ser aqui usadas para cada gene.

5 Como descrito acima, o construto de gene também pode compreender outros genes a serem introduzidos nos organismos. É possível e vantajosa a introdução nas plantas hospedeiras, e a expressão nelas, de genes regulatórios tais como genes para indutores, repressores ou enzimas que, devido à sua atividade de enzima, participam na regulação de um ou mais

10 genes da rota de biossíntese. Estes genes podem ser de origem heteróloga ou homólogo. Além disso, outros genes de biossíntese do metabolismo de ácido graxo ou lipídeo podem estar vantajosamente presentes no construto de ácido nucleico, ou no construto de gene ou alternativamente, estes genes também podem estar presentes em um outro ou adicionalmente outros construtos de

15 ácido nucleico. O gene de biossíntese do metabolismo de ácido graxo ou lipídeo que é preferivelmente escolhido é um ou mais genes selecionados do grupo de acil-CoA desidrogenase(s), acil-ACP [= proteína carreadora] dessaturase(s), acil-ACP tioesterase(s), ácido graxo acil- transferase(s), acil-CoA:lisofosfolipídeo aciltransferases, ácido graxo sintase(s), ácido graxo

20 hidroxilase(s), acetil-coenzima A carboxilase(s), acilcoenzima A oxidase(s), ácido graxo dessaturase(s), ácido graxo acetilenases, lipoxigenases, triacilglicerol lipases, alenoxido sintases, hidroperóxido liases ou ácido graxo alongase(s) ou combinações dos mesmos. Seqüências de ácido nucleico especialmente vantajosas são genes de biossíntese do metabolismo de ácido

25 graxo ou lipídeo selecionados do grupo de acil-CoA:lisofosfolipídeo aciltransferase, $\Delta 8$ -dessaturase, $\Delta 9$ -dessaturase, $\Delta 12$ -dessaturase e/ou $\Delta 9$ -alongase.

Neste contexto, os genes ou ácidos nucleicos acima mencionados podem ser clonados nos cassetes de expressão, como aqueles

mencionados, em combinação com outras alongases e dessaturases e usadas para transformar plantas com o auxílio de *Agrobacterium*.

O termo “vetor” usado nesta descrição refere-se a uma molécula de ácido nucleico que é capaz de transportar outro ácido nucleico no qual está ligado. Um tipo de vetor é um “plasmídeo”, uma alça de DNA de fita dupla circular na qual segmentos de DNA adicionais podem ser ligados. Um outro tipo de vetor é um vetor viral, sendo possível que segmentos de DNA adicionais sejam ligados no genoma viral. Certos vetores são capazes de replicação autônoma em uma célula hospedeira na qual têm sido introduzidos (por exemplo vetores bacterianos com origem de replicação bacteriana) . Outros vetores são vantajosamente integrados no genoma da célula hospedeira quando são introduzidos na célula hospedeira, e assim replicam juntos com o genoma hospedeiro. Além disso, certos vetores podem governar a expressão de genes com os quais estão em ligação operável. Estes vetores são referidos no presente contexto como “vetores de expressão”. Normalmente, vetores de expressão que são adequados para técnicas de recombinação de DNA tomam a forma de plasmídeos. Na presente descrição, “plasmídeo” e “vetor” podem ser usados intercambiavelmente porque o plasmídeo está na forma do vetor que é mais freqüentemente usado. Contudo, também é intencionado que a invenção cubra outras formas de vetores de expressão, tais como vetores virais, que exercem funções similares. Ademais, o termo vetor também é intencionado para incluir outros vetores com os quais o técnico experiente está familiarizado, tais como fagos, vírus tais como SV40, CMV, TMV, transposons, elementos IS, fasmídeos, fagomídeos, cosmídeos, DNA linear ou circular.

Os vetores de expressão recombinantes vantajosamente usados no processo compreendem as seqüências de ácido nucleico ou o construto de gene acima citado usando no processo em uma forma que é adequada para expressar os ácidos nucleicos usados em uma célula hospedeira, o que

significa que os vetores de expressão recombinantes compreendem uma ou mais seqüências regulatórias, que são selecionadas tendo por base as células hospedeiras a serem utilizadas para a expressão, cuja(s) seqüência(s) regulatória(s) é/estão ligada(s) operacionalmente com a seqüência de ácido nucleico a ser expressada. Em um vetor de expressão recombinante, “operacionalmente ligado” significa que a seqüência de nucleotídeos de interesse está ligada na(s) seqüência(s) regulatória(s) em um tal modo que a expressão da seqüência de nucleotídeos é tornada possível e são ligadas umas nas outras em uma tal maneira que ambas as seqüências trazem a função predita que é atribuída à seqüência (por exemplo em um sistema de transcrição/tradução in vitro, ou em uma célula hospedeira se o vetor é introduzido na célula hospedeira) . O termo “seqüência regulatória” é intencionada para compreender promotores, intensificadores e outros elementos de controle de expressão (por exemplo sinais de poliadenilação) .

Estas seqüências regulatórias são descritas, por exemplo, em Goeddel Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), ou veja: Gruber e Crosby, em Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Ed.: Glick e Thompson, Capítulo 7, 89-108, incluindo as referências lá citadas. Seqüências regulatórias compreendem aquelas que governam a expressão constitutiva da seqüência de nucleotídeos em muitos tipos de célula hospedeira e aquelas que governam a expressão direta da seqüência de nucleotídeos apenas nas células hospedeiras específicas sob condições específicas. O técnico experiente sabe que o projeto de vetor de expressão pode depender de fatores tais como a escolha da célula hospedeira a ser transformada, o grau desejado de expressão da proteína e semelhante.

Os vetores de expressão usados podem ser projetados para a expressão das seqüências de ácido nucleico usadas no processo em um tal modo que podem ser transformados em hospedeiros intermediários

procarióticos e finalmente, após introdução nas plantas, tornam possível a expressão dos genes nelas. Isto é vantajoso por causa de simplicidade, etapas intermediárias em construção de vetor são freqüentemente realizadas em microorganismos. Por exemplo, os genes de $\Delta 6$ -desaturases, $\Delta 6$ -alongase, $\Delta 5$ -desaturase e/ou $\Delta 5$ -alongase podem ser expressados em células bacterianas, células de inseto (usando vetores de expressão de baculovírus), células de levedura e outras células fúngicas (veja Romanos, M.A., et al. (1992) *Yeast* 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", em *More Gene Manipulations in Fungi*, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Editors, pp. 396-428: Academic Press: San Diego; e van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1992) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi", em *Applied Molecular Genetics of Fungi*, Peberdy, J.F., et al., Editors, pp. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), Algae (Falciatore et al. (1999) *Marine Biotechnology*. 1: (3) :239-251), ciliados, com vetores após um processo de transformação como descrito em WO 98/01572, e preferivelmente em células de plantas multicelulares (veja Schmidt, R. e Willmitzer, L. (1988) "High efficiency *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* leaf and cotyledon explants" *Plant Cell Rep.*:538-586; *Plant Molecular Biology and Biotechnology*, C Press, Boca Raton, Florida, capítulo 6/7, pp. 71-119 (1993) ; F.F. White, B. Jenes et al., "Techniques for Gene Transfer" em: *Transgenic Plants*, vol. 1, Engineering and Utilization, Editors.: Kung e R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus (1991) *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol.* 42: 205-225 (e referências citadas nas mesmas)). Hospedeiros adequados são o que são adicionalmente discutidos em Goeddel, *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, CA (1990) . O vetor de expressão recombinante pode alternativamente ser transcrito e traduzido in vitro por exemplo usando seqüências regulatórias de promotor T7

e T7 polimerase.

Expressão de proteínas em procariotos normalmente ocorre com vetores que compreendem promotores constitutivos ou induzíveis que controlam a expressão de proteínas de fusão ou de não-fusão. Vetores de
 5 expressão de fusão típicos são inter alia pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., e Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) e pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ) dos quais glutathione S-transferase (GST), proteína ligadora E de maltose e proteína A, respectivamente, são fusionados na proteína alvo recombinante.

10 Exemplos de vetores de expressão em *E. coli* de não-fusão induzíveis adequados são inter alia pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69:301-315) e pET11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic, Press, San Diego, California (1990) 60-89) . Expressão de gene alvo pelo vetor pTrc é baseada em transcrição pela RNA
 15 polimerase de hospedeiro a partir de um promotor de fusão híbrido trp-lac. A expressão de gene alvo do vetor pET 11d é baseada na transcrição de um promotor de fusão T7-gn10-lac que é mediada por uma RNA polimerase viral co-expressada (T7 gn1) . Esta polimerase viral é proporcionada pelas cepas hospedeiras BL21 (DE3) ou HMS174 (DE3) de um profago λ residente que
 20 hospeda um gene T7 gn1 sob controle de transcrição do promotor lacUV 5.

Outros vetores adequados em organismos procarióticos são conhecidos pelo técnico experiente, estes vetores são por exemplo em *E. coli* pLG338, pACYC₁₈₄, e série pBR tal como pBR322, a série pUC tal como pUC₁₈ ou pUC19, a série M113mp, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236,
 25 pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III113-B1, λ gt11 ou pBdCI, em streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 ou pIJ361, em bacillus pUB110, pC194 ou pBD214, em corynebacterium pSA77 ou pAJ667.

Em uma outra modalidade, o vetor de expressão é um vetor de expressão de levedura. Exemplos de vetores para expressão na levedura *S.*

cerevisiae incluem pYeDessaturasec1 (Baldari et al. (1987) *Embo J.* 6:229-234), pMFa (Kurjan e Herskowitz (1982) *Cell* 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) *Gene* 54:113-123) e pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA) . Vetores e processos para construir vetores adequados para uso em
5 outros fungos, tais como os fungos filamentosos, são, descritos em detalhe em van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) “Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi”, em: *Applied Molecular Genetics of fungi*, J.F. Peberdy et al., editores, pp. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, ou em *More Gene Manipulations in Fungi* (J.W. Bennet & L.L. Lasure, Editors, pp. 396-428: Academic Press: San Diego) . Outros vetores de
10 levedura adequados são por exemplo pAG-1, YEpl6, YEpl3 ou pEMBLYe23.

Alternativamente, as seqüências de ácido nucleico usadas no processo da invenção podem ser expressadas em células de inseto usando vetores de expressão de baculovírus. Vetores de baculovírus disponíveis para
15 expressar proteínas em células de inseto cultivadas (e.g. células Sf9) incluem a série pAc (Smith et al. (1983) *Mol. Cell. Biol.* 3:2156-2165) e a série pVL (Lucklow e Summers (1989) *Virology* 170:31-39) .

Os vetores acima mencionados proporcionam apenas uma visão pequena dos possíveis vetores adequados. Outros plasmídeos são
20 conhecidos pelo técnico experiente e são descritos por exemplo em *Cloning Vectors* (Editors Pouwels, P.H. et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018) . Para outros sistemas de expressão adequados para células procarióticas e eucarióticas veja em capítulos 16 e 17 de Sambrook, J., Fritsch, E.F., e Maniatis, T., *Molecular Cloning: A
25 Laboratory Manual*, 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

Os genes usados no processo também podem ser expressados em células de planta de célula única (tais como algas), veja Falciatore et al. (1999) *Marine Biotechnology* 1 (3) :239-251 e referências citadas na mesma,

e em células de planta de plantas superiores (por exemplo espermatófitos tais como colheitas aráveis) . Exemplos de vetores de expressão de planta compreendem aqueles que são descritos em detalhe em: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., e Masterson, R. (1992) *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; e Bevan, M.W. (1984) *Nucl. Acids Res.* 12:8711-8721; “Vectors for Gene Transfer in Higher Plants”; em *Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization*, Ed: Kung e R. Wu, Academic Press, 1993, p. 15-38.

Um cassete de expressão de planta preferivelmente compreende seqüências regulatórias que são capazes de governar a expressão de genes em células de planta e são operacionalmente ligadas de modo que cada seqüência possa realizar sua função, tal como terminação de transcrição, por exemplo sinais de poliadenilação. Os sinais de poliadenilação preferidos são aqueles que são derivados de *Agrobacterium tumefaciens* T-DNA, tal como o gene 3 do plasmídeo Ti, pTiACH5 (Gielen et al., (1984) *EMBO J.* 3 835 et seq.), que é conhecido como octopina sintase, ou seus equivalentes funcionais, mas todos os outros terminadores que são funcionalmente ativos em plantas também estão disponíveis.

Visto que a regulação da expressão de gene de planta é muitas vezes limitada ao nível de transcrição, um cassete de expressão de planta preferivelmente compreende outras seqüências que estão operacionalmente ligadas, tais como intensificadores de tradução, por exemplo a seqüência *overdrive*, que intensifica a seqüência líder não-traduzida 5' do vírus do mosaico de tabaco, que aumenta a razão de proteína/RNA (Gallie et al. (1987) *Nucl. Acids Research* 15:8693-8711) .

Como descrito acima, a expressão de gene de planta tem que estar operacionalmente ligada com um promotor adequado que controla a expressão de gene. Promotores vantajosamente utilizáveis são promotores constitutivos (Benfey et al., *EMBO J.* (1989) 8: 2195-2202), tais como aqueles que são derivados de vírus de planta, tais como 35S CaMV (Franck et

al. (1980) Cell 21: 285-294), 19S CaMV (veja também US 5352605 e WO 84/02913), ou promotores de planta, tal como o promotor de subunidade pequena Rubisco, que é descrito em US 4.962.028.

5 Outras seqüências preferidas para uso para conexão funcional nos cassetes de expressão de gene de planta são seqüências de seleção que são necessárias para guiar o produto de gene para dentro de seu compartimento celular, por exemplo para dentro de vacúolos, o núcleo de célula, todos os tipos de plastídeos tais como amiloplastos, cloroplastos, cromoplastos, o espaço extracelular, a mitocôndria, o retículo endoplásmico, corpos oleosos, 10 peroxissomos e outros compartimentos de células de planta; (veja uma revisão em Kermode (1996) Crit. Rev. Plant Sci. 15(4) : 284-423 e literatura citada (na mesma) .

DNA vetor pode ser introduzido em células procarióticas ou eucarióticas via técnicas de transfecção ou transformação tradicionais. Os 15 termos “transformação”, e “transfecção”, conjugação e transdução como usados no presente contexto são intencionados para incluírem a multiplicidade de processos da arte anterior para introduzir ácidos nucleicos heterólogos (por exemplo DNA) em uma célula hospedeira, incluindo coprecipitação por fosfato de cálcio ou cloreto de cálcio, transfecção mediada 20 por DEAE-dextrano, lipofecção, competência natural, transferência quimicamente mediada, eletroporação ou bombardeio de partícula. Processos adequados para a transformação ou transfecção de células hospedeiras, incluindo células de planta, podem ser encontrados em Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 25 1989) e em outros manuais de laboratório tal como Methods in Molecular Biology, 1995, Vol. 44, Agrobacterium protocols, Ed: Gartland e Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

O termo “(molécula de) ácido nucleico” como aqui usado

compreende em uma modalidade vantajosa adicionalmente a seqüência não-traduzida localizada na extremidade 3' e na extremidade 5' da região de gene codificador: pelo menos 500, preferivelmente 200, particularmente preferivelmente 100 nucleotídeos da seqüência a montante da extremidade 5' da região de codificação e pelo menos 100, preferivelmente 50, particularmente preferivelmente 20 nucleotídeos da seqüência a jusante da extremidade 3' da região de gene codificador. Uma molécula de ácido nucleico "isolada" está separada de outras moléculas de ácido nucleico que estão presentes na fonte natural do ácido nucleico. Uma molécula de ácido nucleico "isolada" preferivelmente não possui seqüências que naturalmente flanqueiam o ácido nucleico no DNA genômico o ácido nucleico no DNA genômico do organismo do qual o ácido nucleico é derivado (e.g. seqüências localizadas nas extremidades 5' e 3' do ácido nucleico) . Em várias modalidades, a molécula isolada de Δ -6-dessaturase, Δ -6-alongase ou Δ -5-dessaturase e, se apropriada, a molécula de ω -3-dessaturase ou Δ 4-dessaturase usada no processo pode por exemplo compreender menos do que cerca de 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb ou 0,1 kb de seqüências de nucleotídeos que naturalmente flanqueiam a molécula de ácido nucleico no DNA genômico da célula da qual o ácido nucleico é derivado.

As moléculas de ácido nucleico usadas no processo podem se isoladas pelo uso de técnicas padrão de biologia molecular e a informação de seqüência aqui proporcionadas. Também é possível por exemplo com o auxílio de algoritmos comparativos identificar uma seqüência homóloga ou regiões de seqüência conservadas, homólogas em nível de DNA ou aminoácido. Estas podem ser usadas como sonda de hibridização em técnicas de hibridização padrão (como descrito por exemplo em Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual, 2nd edition, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) para isolamento de outras seqüências de ácido nucleico úteis no

processo. A molécula de ácido nucleico no processo, ou suas partes, podem além disso serem isoladas por reação em cadeia de polimerase, em cujo caso iniciadores oligonucleotídeo baseados nesta seqüência ou em suas partes são usados (e.g. uma molécula de ácido nucleico compreendendo a seqüência completa ou uma sua parte pode ser isolado por reação em cadeia de polimerase usando iniciadores oligonucleotídeo que têm sido construídos tendo por base esta seqüência idêntica) . Por exemplo, mRNA pode ser isolado de células (e.g. pelo processo de extração com tiocianato de guanidínio de Chirgwin et al. (1979) *Biochemistry* 18:5294- 5299) e cDNA pode ser preparado com o auxílio de transcriptase reversa (e.g. transcriptase reversa de MLV Moloney obtenível de GibcoBRL, Bethesda, transcriptase reversa de MD ou AMV, obtenível de Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL) . Iniciadores oligonucleotídeo sintéticos para amplificação por meio de reação em cadeia de polimerase podem ser construídos baseando-se em uma ou mais das seqüências mostradas em SEQ ID NO. 64, SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO 171, SEQ ID NO 51, SEQ ID NO 193 ou SEQ ID NO 77 ou com o auxílio das seqüências de aminoácidos mostradas em SEQ ID NO. 65, SEQ ID NO,2, SEQ ID NO. 172, SEQ ID NO 52, SEQ ID NO,194 ou SEQ ID NO 78. Um ácido nucleico da invenção pode ser amplificado por técnicas de amplificação por PCR padrão usando cDNA ou alternativamente DNA genômico como modelo e iniciadores oligonucleotídeo padrão. O ácido nucleico amplificado nesta maneira pode ser clonado em um vetor adequado e caracterizado por análise de seqüência de DNA. Oligonucleotídeos podem ser preparados por processos de síntese padrão, por exemplo usando um sintetizador de DNA automático.

Homólogos das seqüências de ácido nucleico de $\Delta 5$ -alongase, ω -3-dessaturase, Δ -6-dessaturase, Δ -6-alongase, Δ -4-dessaturase ou $\Delta 5$ -dessaturase usadas, possuindo a seqüência SEQ ID NO 64, SEQ ID NO 1, SEQ ID NO 171, SEQ ID NO 51, SEQ ID NO 193 ou SEQ ID NO 77,

significam por exemplo variantes alélicas possuindo pelo menos cerca de 40,
 50 ou 60%, preferivelmente pelo menos cerca de 60 ou 70%, mais
 preferivelmente pelo menos cerca de 70 ou 80%, 90% ou 95% e ainda mais
 preferivelmente pelo menos 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%,
 5 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% ou mais de identidade ou homologia
 em relação a uma das seqüências de nucleotídeos mostradas em SEQ ID NO
 64, 66, 68 ou 70, em relação a uma das seqüências de nucleotídeos mostradas
 em SEQ ID NO 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35,
 37, 39 ou 41, em relação a uma das seqüências de nucleotídeos mostradas em
 10 SEQ ID NO. 171, 173, 175, 177, 179, 181 ou 183, em relação a uma das
 seqüências de nucleotídeos mostradas em SEQ ID NO 51, 53 ou 55, em
 relação a uma das seqüências de nucleotídeos mostradas em SEQ ID NO 193
 ou 195 ou em relação a uma das seqüências de nucleotídeos mostradas em ou
 SEQ ID NO 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91 ou 93, especialmente as seqüências
 15 de nucleotídeos mostradas em SEQ ID NO 64, SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO.
 171, SEQ ID NO. 51, SEQ ID NO. 193 ou SEQ ID NO. 77, ou seus
 homólogos, derivados ou análogos ou partes das mesmas. Também estão
 incluídas moléculas de ácido nucleico isoladas da seqüência de nucleotídeos
 que hibridizam por exemplo sob condições estridentes com uma das
 20 seqüências de nucleotídeos mostradas em SEQ ID NO 64, SEQ ID NO 1,
 SEQ ID NO 171, SEQ ID NO 51, SEQ ID NO 193 ou SEQ ID NO. 77 com
 uma parte das mesmas. Uma parte significa nesta conexão de acordo com a
 invenção que pelo menos 25 pares de base (=pb), 50 pb, 75 pb, 100 pb, 125
 pb ou 150 pb, preferivelmente pelo menos 175 pb, 200 pb, 225 pb, 250 pb,
 25 275 pb ou 300 pb, particularmente preferível 350 pb, 400 pb, 450 pb, 500 pb
 ou mais pares de base são usados para a hibridização. Também é possível
 vantajosamente usar a seqüência completa. Variantes alélicas compreendem
 em particular variantes funcionais que podem ser obtidas por deleção,
 inserção ou substituição de nucleotídeos da seqüência descrita em SEQ ID

NO. 64, SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO. 171, SEQ ID NO. 51, SEQ ID NO. 193 ou SEQ ID NO. 77, mas onde a atividade de enzima das proteínas codificadas pelas mesmas é substancialmente retida para a inserção.

5 Moléculas de ácido nucleico vantajosas para o processo da invenção podem ser isoladas tendo por base sua homologia em relação com as seqüências de ácido nucleico de ω -3-dessaturase, Δ 6-dessaturase, Δ -5-dessaturase, Δ 5-alongase, Δ 4-dessaturase e/ou Δ 6-alongase aqui descritas pelo uso de seqüências ou de uma parte das mesmas como sonda de hibridização em técnicas de hibridização padrão sob condições de
10 hibridização estridentes. É possível nesta conexão por exemplo usar moléculas de ácido nucleico que são pelo menos 15 nucleotídeos de comprimento e hibridizam sob condições estridentes com as moléculas de ácido nucleico que compreendem uma seqüência de nucleotídeos de SEQ ID NO. 64, SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO. 171, SEQ ID NO. 51, SEQ ID NO. 193
15 ou SEQ ID NO. 77. Também é possível usar moléculas de ácido nucleico possuindo pelo menos 25, 50, 100, 250 ou mais nucleotídeos.

O termo “hibridiza sob condições estridentes,” como aqui usado é intencionado para descrever condições de hibridização e lavagem sob as quais as seqüências de ácido nucleico que são pelo menos 60%
20 mutuamente homólogas normalmente permanecem hibridizadas juntas. As condições são preferivelmente tais que as seqüências que são pelo menos cerca de 65%, preferivelmente pelo menos cerca de 70% e particularmente preferivelmente pelo menos cerca de 75% ou mais mutuamente homólogas normalmente permanecem hibridizadas juntas. Estas condições estridentes
25 são conhecidas pelo técnico experiente e podem ser encontradas em Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, NX. (1989), 6,3,1-6,3,6. Um exemplo preferido, não-restritivo de condições de hibridização estridentes são hibridizações em 6 x cloreto de sódio / citrato de sódio (= SSC) a cerca de 45°C, seguido por uma ou mais etapas de lavagem e, 0,2 x

SSC, SDS 0,1% a de 50 a 65°C. O técnico experiente está ciente de que estas condições de hibridização diferem dependendo do tipo de ácido nucleico e, por exemplo dos solventes orgânicos presentes, em relação à temperatura e à concentração do tampão. A temperatura por exemplo sob “condições de hibridização padrão” está, dependendo do tipo de ácido nucleico, entre 42°C e 58°C em tampão aquoso com uma concentração de 0,1 a 5 x SSC (pH 7,2) . Se solvente orgânico, por exemplo, formamida 50%, estiver presente no tampão acima mencionado, a temperatura sob condições padrão é cerca de 42°C. As condições de hibridização para híbridos de DNA:DNA são preferivelmente por exemplo 0,1 x SSC e 20°C a 45°C, preferivelmente 30°C a 45°C. As condições de hibridização para híbridos de DNA:RNA são preferivelmente por exemplo 0,1 x SSC e 30°C a 55°C, preferivelmente 45°C a 55°C. As temperaturas de hibridização acima mencionadas são determinadas por exemplo para um ácido nucleico com um comprimento de cerca de 100 pb (= pares de base) e um conteúdo de G + C de 50% na ausência de formamida. O técnico experiente conhece como as condições de hibridização necessárias podem ser determinadas tendo por base livros-texto tais como aqueles mencionados acima ou a partir dos seguintes livros-texto Sambrook et al., “Molecular Cloning”, Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames e Higgins (editors) 1985, “Nucleic Acids Hybridization. A Practical Approach”, IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (editor) 1991, “Essential Molecular Biology: A Practical Approach”, IRL Press at Oxford University Press, Oxford.

Com o objetivo de determinar a percentagem de homologia (= identidade) de duas seqüências de aminoácidos (por exemplo uma das seqüências de SEQ TD NO. 65, SEQ ID NO. 2, SEQ ID NO. 172, SEQ ID NO 52, SEQ ID NO,194 ou SEQ ID NO 78) ou dois ácidos nucleicos (por exemplo SEQ ID NO 64, SEQ ID NO 1, SEQ ID NO 171, SEQ ID NO 51, SEQ ID NO 193 ou SEQ ID NO 77), as seqüências são escritas uma sob a

outra em ordem capaz de compará-las otimamente (por exemplo, lacunas podem ser introduzidas na seqüência da proteína ou do ácido nucleico com o propósito de gerar alinhamento ótimo com a outra proteína ou o outro ácido nucleico) . Então, os radicais de aminoácido ou nucleotídeos nas

5 correspondentes posições de aminoácido ou posições de nucleotídeo são comparados. Se uma posição em uma seqüência está ocupada pelo mesmo radical de aminoácido ou o mesmo nucleotídeo que o da posição correspondente em outra seqüência, então as moléculas são homólogas nesta posição (i.e. “homologia” de aminoácido ou de ácido nucleico como usada no

10 presente contexto corresponde à “identidade” de aminoácido ou ácido nucleico) . A percentagem de homologia entre as duas seqüências é uma função do número de posições idênticas que as seqüências compartilham (i.e. $\text{homologia \%} = \text{número de posições idênticas} / \text{número total de posições} \times 100$) . Os programas e algoritmos usados para determinar a homologia são

15 descritos acima.

Uma molécula de ácido nucleico isolada que codifica uma ω -3-dessaturase, Δ 6-dessaturase, Δ -5-dessaturase, Δ 5-alongase, Δ 4-dessaturase e/ou Δ -6-alongase que é usada no processo e que é homóloga a uma seqüência de proteína de SEQ ID NO. 65, SEQ ID NO. 2, SEQ ID NO. 172, SEQ ID

20 NO. 52, SEQ ID NO. 194 ou SEQ ID NO. 78 pode ser gerada pela introdução de uma ou mais substituições, adições ou deleções de nucleotídeo em uma seqüência de nucleotídeos de SEQ ID NO. 64, SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO. 171, SEQ ID NO. 51, SEQ ID NO. 193 ou SEQ ID NO. 77, de modo que uma ou mais substituições, adições ou deleções sejam introduzidas na proteína

25 codificada. Mutações podem ser introduzidas em relação a uma das seqüências de SEQ ID NO. 64, SEQ ID NO. 1, SEQ ID NO. 171, SEQ ID NO. 51, SEQ ID NO. 193 ou SEQ ID NO. 77 por técnicas padrão tais como mutagênese sítio-específica e mutagênese mediada por PCR. Substituições conservativas de aminoácido são preferivelmente produzidas em um ou mais

dos resíduos de aminoácido não-essenciais preditos. Em uma “substituição conservativa de aminoácido” o resíduo de aminoácido é substituído por um resíduo de aminoácido possuindo uma cadeia lateral similar. Famílias de resíduos de aminoácido possuindo cadeias laterais similares têm sido

5 definidas na arte. Estas famílias incluem aminoácidos com cadeias laterais básicas (e.g. lisina, arginina, histidina), cadeias laterais ácidas (e.g. ácido aspártico, ácido glutâmico), cadeias laterais polares não carregadas (e.g. glicina, asparagina, glutamina, serina, treonina, tirosina, cisteína), cadeias laterais não-polares (e.g. alanina, valina, leucina, isoleucina, prolina, fenil-

10 alanina, metionina, triptofano), cadeias laterais beta-ramificadas (e.g. treonina, valina, isoleucina) e cadeias laterais aromáticas (e.g. tirosina, fenilalanina, triptofano, histidina) . Um resíduo de aminoácido predito não-essencial em uma ω -3-dessaturase, Δ -6-dessaturase, Δ 5-dessaturase, Δ 5-alongase, Δ 4-dessaturase ou Δ -6-alongase é portanto preferivelmente

15 substituído por outro resíduo de aminoácido de mesma família de cadeia lateral. Uma possibilidade alternativa em outra modalidade é a introdução de mutações aleatoriamente sobre o todo ou uma parte da seqüência codificadora de ω -3-dessaturase, Δ 6-dessaturase, Δ 5-dessaturase, 5-alongase, Δ 4-

20 dessaturase ou Δ 6-alongase, e.g. por mutagênese de saturação, e os mutantes resultantes podem ser selecionados para a atividade de ω -3-dessaturase, Δ 6-

dessaturase, Δ -5-dessaturase, Δ -5-alongase, Δ -4-dessaturase ou Δ -6-alongase aqui descrita com o objetivo de identificar mutantes que têm retido a atividade de ω -3-dessaturase, Δ 6-dessaturase, Δ 5-dessaturase, Δ 5-alongase, Δ 4-

25 dessaturase ou Δ 6-alongase. A proteína codificada pode ser recombinantemente expressada após a mutagênese, e a atividade da proteína pode ser determinada por exemplo pelo uso de ensaios aqui descritos.

A invenção é ilustrada com mais detalhe pelos exemplos que seguem, que não são para serem entendidos como limitantes. O conteúdo de todas as referências, pedidos de patente, patentes e pedidos de patente

publicados citados no presente pedido de patente é com este aqui incorporado como referência.

A seguinte tabela mostra os identificadores de seqüência como usados no pedido de prioridade de 21 de fevereiro de 2006, com o número de pedido alemão de 102006008030.0, e os correspondentes identificadores de seqüência neste pedido de subsequente. A seqüência de ácido nucleico identificada por SEQ ID NO: 1 do pedido de prioridade corresponde por exemplo à seqüência de ácido nucleico identificada por SEQ ID NO: 64 do pedido subsequente.

Tabela de concordância de identificadores de seqüência do pedido de prioridade e dos identificadores de seqüência no pedido subsequente:

SEQ ID NO: Pedido de prioridade número de pedido alemão 102006008030.0	SEQ ID NO: este pedido subsequente	Organismo
1	64	Ostreococcus tauri
2	65	Ostreococcus tauri
3	1	Phytium irregulare
4	2	Phytium irregulare
5	171	Traustochytrium sp.
6	172	Traustochytrium sp.
7	51	Thraustochytrium ssp.
8	52	Thraustochytrium ssp.
9	193	Phytophthora infestans
10	194	Phytophthora infestans
11	77	Traustochytrium sp.
12	78	Traustochytrium sp.
13	109	Ostreococcus tauri
n.a.	110	Ostreococcus tauri
14	122	Ostreococcus tauri
n.a.	123	Ostreococcus tauri
15	143	Ostreococcus tauri
16	144	Ostreococcus tauri
17	161	Vírus do mosaico da couve-flor
18	162	Vírus do mosaico da couve-flor
19	163	Thalassiosira pseudonana
20	1,64	Thalassiosira pseudonana

Exemplos

Exemplo 1: Processos de clonagem geral

Os processos de clonagem tais como, por exemplo, clivagens de restrição, eletroforese em gel de agarose, purificação de fragmentos de DNA, transferência de ácidos nucleicos para membranas de nitrocelulose e de náilon, ligação de fragmentos de DNA, transformação de células de

Escherichia coli, culturas bacterianas e as análises subsequentes de DNA recombinante foram realizados como descrito por Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6).

Exemplo 2: Análise de sequência de DNA recombinante

5 Moléculas de DNA recombinantes foram seqüenciadas com um seqüenciador de DNA de fluorescência de laser ABI pelo processo de Sanger (Sanger et al. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74: 5463-5467). Fragmentos resultantes de uma reação em cadeia de polimerase foram seqüenciados e verificados que evitam erros de polimerase em construtos a serem expressados.

Exemplo 3: Clonagem de genes de *Ostreococcus tauri*

Foi possível por pesquisa de regiões conservadas em um banco de dados de sequência de *Ostreococcus tauri* (seqüências genômicas) em cada caso uma seqüência codificadora de uma proteína possuindo atividade de Δ -5-alongase ou atividade de Δ -6-alongase. Estas são as seguintes seqüências:

Nome do gene	SEQ ID	Aminoácidos
OtELO1.1, (Δ -6-Alongase)	SEQ ID NO 143	292
OtELO2.1, (Δ 5-Alongase)	SEQ ID NO 109	300

OtElo2.1 mostra similaridade maior a uma alongase de *Danio rerio* (GenBank AAN77156; aproximadamente de 26% de identidade), enquanto que OtElo1.1 mostra similaridade maior à alongase de *Physcomitrella* (PSE) (aproximadamente 36% de identidade) (alinhamentos foram realizados com o algoritmo tBLASTn (Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215:403 - 410)).

A clonagem das alongases foi realizada como segue:

40 ml de uma cultura de *Ostreococcus tauri* na fase estacionária foram centrifugados e ressuspensos em 100 μ l de água duplamente destilada e armazenados a -20°C. Os DNA genômicos correspondentes foram amplificados pelo processo de PCR. Os pares de iniciadores correspondentes foram selecionados de modo que hospedassem a

seqüência de consenso de levedura para tradução de eficiência alta (Kozak (1986) Cell 44: 283-292) além do códon de iniciação. Amplificação dos OtElo DNAs foi realizada em cada caso com 1 µl de células descongeladas, dNTPs 200 µM, 2,5 U de Taq polimerase e 100 pmol de cada iniciador em um volume total de 50 µl. As condições para a PCR foram como segue: primeira desnaturação a 95°C por 5 minutos, seguido por 30 ciclos a 94°C por 30 segundos, 55°C por 1 minuto e 72°C por 2 minutos, e uma etapa de alongamento final a 72°C por 10 minutos.

Exemplo 4: Otimização de genes de alongase de *Ostreococcus tauri*

Alongases do organismo *Ostreococcus tauri* foram isoladas como descrito em exemplo 3. Com o objetivo de aumentar o conteúdo de ácidos graxos C₂₂, as seqüências SEQ ID No. 143 (Δ6-alongase) e SEQ ID No. 109 (codificadora de uma proteína identificada por SEQ ID No. 110) (Δ5-alongase) foram adaptadas ao uso de códon em colza, linho e feijão-soja. Para este propósito, a seqüência de aminoácidos de Δ6-alongase e de Δ5-alongase (SEQ ID NO. 144 para Δ6-alongase; SEQ ID NO. 65 para a Δ5-alongase) foi traduzida de volta para obter seqüências de DNA degeneradas. Estas seqüências de DNA foram adaptadas por meio do programa GeneOptimizer (de Geneart, Regensburg) ao uso de códon em colza, feijão-soja e linho, levando-se em consideração a freqüência natural de códons individuais. As seqüências otimizadas obtidas neste modo, que são indicadas em SEQ ID NO. 64 (Δ5-alongase) e SEQ ID NO. 122 (codificadora de uma proteína identificada por SEQ ID NO. 123) (Δ6-alongase) foram sintetizadas in vitro.

Exemplo 5: Clonagem de plasmídeos de expressão para expressão heteróloga em leveduras

Para caracterizar a função das seqüências de ácido nucleico otimizadas, as matrizes de leitura abertas dos respectivos DNAs foram clonadas a jusante do promotor GAL1 induzível por galactose de pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen), resultando nos plasmídeos pOTE1.2

(compreendendo à sequência de $\Delta 6$ -alongase) e pOTE2.2 (compreendendo a sequência de $\Delta 5$ -alongase) .

Visão geral das seqüências de alongase clonadas no vetor de levedura pYES2.1/V5-His-TOPO:

Nome do gene	SEQ ID	Aminoácidos
pOTE1.1, ($\Delta 6$ -alongase)	SEQ ID NO. 143	292
pOTE1.2, ($\Delta 6$ -alongase)	SEQ ID NO 122	292, códon-otimizado
pOTE2.1, ($\Delta 5$ -alongase)	SEQ ID NO. 109	300
pOTE2.2, ($\Delta 5$ -alongase)	SEQ ID NO 64	300, códon-otimizado

5 A cepa 334 de *Saccharomyces cerevisiae* foi transformada por eletroporação (1500 V) com os vetores pOTE1.2 e pOTE2.2 e com os construtos comparativos pOTE1.1 e pOTE2.1 que compreendem a sequência de ácido nucleico natural codificadora de $\Delta 6$ -alongase e $\Delta 5$ -alongase, respectivamente. Uma levedura transformada com o vetor vazio pYES2 foi
10 usada como um controle. As leveduras transformadas foram selecionadas sobre placas de ágar de meio mínimo completo (CMdum) com glicose 2% mas sem uracil. Após a seleção, três transformantes em cada caso foram selecionados para expressão funcional adicional.

15 Para expressar as alongases Ot, inicialmente pré-culturas compostas em cada caso de 5 ml de meio líquido CMdum com rafinose 2% (p/v) mas sem uracil foram inoculadas com os transformantes selecionados e incubadas a 30°C, 200 rpm por 2 dias. 5 ml de meio líquido CMdum (sem uracila) com rafinose 2% foram então inoculadas com as pré-culturas para uma OD600 de 0,05. Além disso, ácido γ -linolênico (GLA) 0,2 mM foi
20 adicionado em cada caso na cultura de levedura transformada com pOTE1.1 e pOTE1.2. Baseado na atividade de OtELO1.1, é para ser esperado um alongamento do ácido γ -linolênico para ácido graxo 20:3. Ácido araquidônico e ácido eicosapentaenóico respectivamente 0,2 mM foram adicionados em cada caso na cultura de levedura transformada com pOTE2.1 e pOTE2.2.
25 Correspondendo a uma atividade de OtELO2.1, é para ser esperado que os ácidos graxos ARA e EPA serão alongados respectivamente para os ácidos

graxos 22:4 e 22:5. Expressão foi induzida pela adição de galactose 2% (p/v) . As culturas foram incubadas a 20°C por mais 96 h.

Exemplo 6: Expressão de OtELO2.2 (como mostrado em SEQ ID NO: 64) e OtELO1.2 (como em SEQ ID NO: 122) em leveduras

5 Leveduras transformadas como em exemplo 5 com os plasmídeos pYES2, pOTE1.2 e pOTE2.1, foram analisadas na seguinte maneira:

As células de levedura das culturas principais foram colhidas por centrifugação (100, x g, 5 min, 20°C) e lavadas com NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, com o objetivo de remover o meio restante e os ácidos graxos. Metil-
 10 ésteres de ácido graxo (FAMES) foram preparados dos sedimentos de célula de levedura por metanólise ácida. Para este propósito, os sedimentos de célula foram incubados com 2 mL de ácido sulfúrico metanólico 1 N e dimetóxi-
 propano 2% (v/v) a 80°C por 1 h. Os FAMES foram extraídos por extração
 15 duas vezes com éter de petróleo (PE) . Para remover ácidos graxos não derivados, as fases orgânicas foram lavadas uma vez com 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0 e com 2 ml de água destilada. As fases PE foram então secas com Na₂SO₄, evaporadas sob argônio e recolhidas em 100 µl de PE. As amostras foram separadas em uma coluna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm,
 20 0,25 µm, Agilent) em um cromatógrafo a gás Hewlett-Packard 6850 com detector de ionização de chama. As condições para a análise por GLC foram as seguintes: a temperatura de forno foi programada de 50°C a 250°C em uma velocidade de 5°C/min e finalmente 10 min a 250°C (manutenção) .

Os sinais foram identificados por comparação dos tempos de
 25 retenção com padrões de ácido graxo apropriados (Sigma) . A metodologia é descrita por exemplo em Napier e Michaelson (2001) Lipids 36(8) : 761-766; Sayanova et al. (2001) Journal of Experimental Botany 52(360) : 1581-1585, Sperling et al. (2001) Arch. Biochem. Biophys. 388(2) : 293-298 e Michaelson et al. (1998) FEBS Letters 439(3) : 215-218. Os resultados das

análises são mostrados em tabela 1.

Foi possível confirmar as atividades apropriadas de ambos para pOTE 1.1 /pOTE 1.2 e para pOTE2.1/2.2. A seqüência otimizada (respectivamente pOTE1.2 e pOTE2.2) mostrou atividade em ambos os casos.

5 Síntese de ácido γ -linolênico pôde ser aumentada apenas ligeiramente por pOTE1.2 comparado com a seqüência de tipo selvagem. Em contraste, foi possível observar para pOTE2.2 surpreendentemente tanto um aumento na atividade quanto uma alteração na especificidade (tabela 1) . Nesta conexão, a atividade para alongamento de EPA havia virtualmente dobrado, enquanto

10 que o alongamento de ARA havia mais do que quadruplicado. Assim foi possível com a otimização da seqüência da $\Delta 5$ -alongase de *Ostreococcus tauri* aumentar o rendimento dos precursores de DHA 6-vezes em levedura com a mesma quantidade de substrato.

Exemplo 7: Clonagem de plasmídeos de expressão para a expressão

15 específica de semente em plantas

As seguintes condições gerais descritas aplicam-se a todos os experimentos subseqüentes a não ser que seja descrito de outro modo.

pBin19, pBI101, pBinAR, pGPTV, pCAMBIA ou pSUN são preferivelmente usados para os seguintes experimentos de acordo com a

20 invenção. Uma visão geral dos vetores binários e de seu uso pode ser encontrada em Hellens et al., Trends in Plant Science (2000) 5: 446-451. Um derivado de pGPTV como descrito em DE10205607 foi usado. Este vetor difere de pGPTV por um sítio de clivagem de restrição AscI adicionalmente inserido.

25 Ponto de partida do procedimento de clonagem do vetor de clonagem pUC 19 (Maniatis et al.) . Na primeira etapa, o fragmento de promotor de conlinina foi amplificado usando os seguintes iniciadores:

Cnl1 C 5': gaattcggcgcgccgagctcctcgagcaacggttcggcggtatagagttgggtaattcga

Cnl1 C 3': cccgggatcgatgccggcagatctccaccatttttggtggtgat

Composição da mistura de PCR (50 µl) :

5,00 µl de cDNA modelo

5,00 µl de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

5 1,25 µl de cada iniciador (10 pmol/µl)

0,50 µl de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

10 Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição EcoRI e então por 12 horas a 25°C com a enzima de restrição SmaI. O vetor de clonagem pUC19 foi incubado na mesma maneira. Depois, o produto de PCR e o vetor clivado de 2668 pb foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1-C foi verificado por seqüenciamento.

Na etapa seguinte, o terminador OCS (Genbank Accession V00088; De Greve, H., et al. (1982) J. Mol. Appl. Genet. 1 (6) : 499-511) foi amplificado do vetor pGPVT-USP/OCS (DE 102.05.607) usando os seguintes iniciadores:

OCS_C 5': aggcctccatggcctgctttaatgagatatgcgagacgcc

OCS_C 3': cccgggccggacaatcagtaaattgaacggag

Composição da mistura de PCR (50 µl) :

5,00 µl de cDNA modelo

5,00 µl de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

1,25 µl de cada iniciador (10 pmol/µl)

0,50 µl de Advantage polimerase (Clontech)

5 Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

10 O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição StuI e então por 12 horas a 25°C com a enzima de restrição SmaI. O vetor pUC 19-Cnl1-C foi incubado por 12 horas a 25°C com a enzima de restrição SmaI. Depois, o produto de PCR e o vetor clivado
15 fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1-C_OCS foi verificado por seqüenciamento.

20 Na etapa seguinte, o promotor Cnl1-B foi amplificado por PCR por meio dos seguintes iniciadores:

Cnl1B 5': aggcctcaacggttcggtcggtatag

Cnl1B 3': cccgggggtaacgctagcgggcccgatatcggtatcccatttttggtggtgattggttct

Composição da mistura de PCR (50 µl) :

25 5,00 µl de cDNA modelo

5,00 µl de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

1,25 µl de cada iniciador (10 pmol/µl)

0,50 de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

5 Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição *StuI* e então por 12 horas a 25°C com a enzima de restrição *SmaI*. O vetor pUC19-Cnl1-C foi incubado por 12 horas a 25°C com a enzima de restrição *SmaI*. Depois, o produto de PCR e o vetor clivado
 10 foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1-
 15 C_Cnl1_BOCS foi verificado por seqüenciamento.

Em uma outra etapa, o terminador OCS para Cnl1B foi inserido. Para este fim, a PCR foi realizada usando os seguintes iniciadores:

OCS2 5': aggcctcctgetttaatgagatatgcgagac

OCS2 3': cccgggcggacaatcagtaaattgaacggag

20 Composição da mistura de PCR (50 µl) :

5,00 µl de cDNA modelo

5,00 µl de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

1,25 µl de cada iniciador (10 pmol/µl)

25 0,50 µl de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição *StuI* e então por 12 horas a 25°C com a enzima de restrição *SmaI*. O vetor pUC 19-Cnl1C_Cnl1B_OCS foi incubado por 12
 5 horas a 25°C com a enzima de restrição *SmaI*. Depois, o produto de PCR e vetor clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os fragmentos de DNA correspondentes foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da
 10 Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1-C_Cnl1B_OCS2 foi verificado por seqüenciamento.

Na etapa seguinte, o promotor Cnl1-A é amplificado por PCR usando os seguintes iniciadores:

Cnl1-B 5': aggcctcaacggttccggcgggtatagag

15 Cnl1-B 3': aggccttctagactgcaggcggccgcccgcatttttggtggtgattggt

Composição da mistura de PCR (50µl) :

5,00 µl de cDNA modelo

5,00 µl de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

20 1,25 µl de cada iniciador (10 pmol/µl)

0,50 µl de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

25 Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição *StuI*. O vetor pUC19-Cnl1-C foi incubado por 12 horas a 25°C com a enzima de restrição *SmaI*. Depois, o produto de PCR e vetor

clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19Cnl1C_Cnl1BCnl1A_OCS2 foi verificado por seqüenciamento.

Em uma outra etapa, o terminador OCS para Cnl1A foi inserido. Para este fim, a PCR foi realizada com os seguintes iniciadores:

OCS2 5': ggcctcctgctttaatgagatatgcga

10 OCS2 3': aagcttggcgcgccgagctcgtcgacggacaatcagtaaattgaacggaga

Composição da mistura de PCR (50 µl) :

5,00 µl de cDNA modelo

5,00 µl de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

15 1,25 µl de cada iniciador (10 pmol/µl)

0,50 µl de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

20 Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição StuI e então por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição HindIII. O vetor pUC19-Cnl1-C_Cnl1B_Cnl1A_OCS2 foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição StuI e for 2 horas a 37°C com a enzima de restrição HindIII. Depois, o produto de PCR e vetor clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto

de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19Cnl1-C_Cnl1B_Cnl1A_OCS3 foi verificado por seqüenciamento.

Na etapa seguinte, o plasmídeo pUC19Cnl1C_Cnl1B_Cnl1A_OC S3 foi usado para clonar as $\Delta 6$ -, $\Delta 5$ -dessaturase e $\Delta 6$ -alongase. Para este fim, a $\Delta 6$ -dessaturase de *Phytium irregulare* (W002/26946) foi amplificada usando os seguintes iniciadores de PCR:

D6Des(Pir) 5': agatctatggtggacctcaagcctggagtg

10 D6Des(Pir) 3': ccatggcccgggttacatcgctgggaactcggtgat

Composição da mistura de PCR (50 μ l) :

5,00 μ l de cDNA modelo

5,00 μ l de tampão 10x (Advantage polimerase) + $MgCl_2$ 25mM

5,00 μ l de dNTP 2 mM

15 1,25 μ l de cada iniciador (10 pmol/ μ l)

0,50 μ l de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

20 Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição BglII e então por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição NcoI. O vetor pUC19-Cnl1C_Cnl1B_Cnl1A_OCS3 foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição BglII e for 2 horas a 37°C com a enzima de restrição NcoI. Depois, o produto de PCR e vetor clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto

de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19Cnl1_d6Des(Pir) foi verificado por seqüenciamento.

Na etapa seguinte, o plasmídeo pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) foi usado para clonar a $\Delta 5$ -deaturase de *Thraustochytrium* ssp. (WO02/26946). Para este fim, a $\Delta 5$ -dessaturase de *Thraustochytrium* ssp. foi amplificada usando os seguintes iniciadores de PCR:

D5Des(Tc) 5': gggatccatgggcaagggcagcgagggccg

D5Des(Tc) 3': ggcgccgacaccaagaagcaggactgagatatc

10 Composição da mistura de PCR. (50 μ l) :

5,00 μ l de cDNA modelo

5,00 μ l de tampão 10x (Advantage polimerase) + $MgCl_2$ 25mM

5,00 μ l de dNTP 2 mM

1,25 μ l de cada iniciador (10 pmol/ μ l)

15 0,50 μ l de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

20 Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição BamHI e então por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição EcoRV. O vetor pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição BamHI e for 2 horas a 37°C com a
25 enzima de restrição EcoRV. Depois, o produto de PCR e vetor clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este

propósito. O plasmídeo resultante pUC19Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) foi verificado por seqüenciamento.

Na etapa seguinte, o plasmídeo pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) foi usado para clonar a $\Delta 6$ -alongase de *Physcomitrella patens* (W001/59128), para cujo propósito a última foi amplificada usando os seguintes iniciadores de PCR:

D6Elo(Pp) 5': gcggccgcatggaggtcgtggagagattctacggtg

D6Elo(Pp) 3': gcaaaaggagctaaaactgagtgatctaga

Composição da mistura de PCR (50 μ l) :

- 10 5,00 μ l de cDNA modelo
- 5,00 μ l de tampão 10x (Advantage polimerase) + $MgCl_2$ 25mM
- 5,00 μ l de dNTP 2 mM
- 1,25 μ l de cada iniciador (10 pmol/ μ l)
- 0,50 μ l de Advantage polimerase (Clontech)

15 Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

- 20 O produto de PCR foi primeiro incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição NotI e então por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição XbaI. O vetor pUC 19Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição NotI e por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição XbaI. Depois, o produto de PCR e vetor clivado foram
- 25 separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio do Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1_ d6Des(Pir) _dsDes(Tc)

_D6Elo(Pp) foi verificado por seqüenciamento.

O vetor binário para a transformação de plantas foi preparado partindo de pUC19Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) . Para este fim, pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) _dsDes(Tc) _D6Elo(Pp) foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição AscI. O vetor pGPTV foi tratado na mesma maneira. Depois, o fragmento de pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) e vetor pGPTV clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio de Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pGPTV-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) foi verificado por seqüenciamento.

Um outro construto, pGPTV- Cnl1 d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) _D12Des(Co), foi usado. Para este fim, a amplificação foi realizada com os seguintes iniciadores, partindo de PUC19-Cnl1C_OCS:

Cnl1 OCS 5': gtcgatcaacggttccggcggtatagagttg

Cnl1_OCS 3,: gtcgatcggacaatcagtaaattgaacggaga

Composição da mistura de PCR (50µl) :

5,00 µl de cDNA modelo

5,00 µl de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

1,25 µl de cada iniciador (10 pmol/µl)

0,50 µl de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição SalI. O vetor pUC19 foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição SalI. Depois, o produto de PCR e o vetor clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio de Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1_OCS foi verificado por seqüenciamento.

10 Em uma outra etapa, o gene de $\Delta 12$ -dessaturase de *Calendula officinalis* (WO01/85968) foi clonado em pUC19-Cnl1_OCS. Para este fim, d12Des(Co) foi amplificado com os seguintes iniciadores:

D12Des(Co) 5': agatctatgggtgcaggcggtcgaatgc

D12Des(Co) 3' : ccatggttaaatcttattacgatacc

15 Composição da mistura de PCR (50 μ l) :

5,00 μ l de cDNA modelo

5,00 μ l de tampão 10x (Advantage polimerase) + MgCl₂ 25mM

5,00 μ l de dNTP 2 mM

1,25 μ l de cada iniciador (10 pmol/ μ l)

20 0,50 μ l de Advantage polimerase (Clontech)

Condições da reação PCR:

Temperatura de anelamento: 1 min 55°C

Temperatura de desnaturação: 1 min 94°C

Temperatura de alongamento: 2 min 72°C

25 Número de ciclos: 35

O produto de PCR foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição Bg/II e depois por 2 horas na mesma temperatura com NcoI. O vetor pUC19-Cnl1_OCS foi incubado na mesma maneira. Depois, O fragmento de PCR e o vetor clivado foram separados por eletroforese em gel

de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio de Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1_D12Des(Co) foi verificado por seqüenciamento.

O plasmídeo pUC19-Cnl1_D12Des(Co) e o plasmídeo pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) foram incubados por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição Sall. Depois, o fragmento de vetor e o vetor clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio de Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e fragmentos de vetor foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) _D12Des(Co) foi verificado por seqüenciamento.

O vetor binário para a transformação de plantas foi preparado partindo de pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) _D12Des(Co). Para este fim, pUC19-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) _D12Des(Co) foi incubado por 2 horas a 37°C com a enzima de restrição AscI. O vetor pGPTV foi tratado na mesma maneira. Depois, o fragmento de pUC19Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) _D12Des(Cq) e o vetor pGPTV clivado foram separados por eletroforese em gel de agarose e os correspondentes fragmentos de DNA foram excisados. O DNA foi purificado por meio de Qiagen Gel Purification Kit seguindo as instruções do fabricante. Depois, vetor e produto de PCR foram ligados. O Rapid Ligation Kit da Roche foi usado para este propósito. O plasmídeo resultante pGPTV-Cnl1_d6Des(Pir) _d5Des(Tc) _D6Elo(Pp) _D12Des(Co) foi verificado por seqüenciamento.

Um outro exemplo de uso dos construtos de expressão

específica de semente é o promotor Napin. Preparação destes construtos de expressão nos vetores pGPTV ou pSUN é descrita em Wu et al. (2005) Nat. Biotech. 23:1013-1017.

Um outro vetor adequado para transformação de planta é pSUN2. Este vetor foi usado em combinação com o sistema Gateway (Invitrogen, Karlsruhe) com o objetivo de aumentar o número de cassetes de expressão presentes no vetor para mais do quatro. Para este propósito, o cassete A Gateway foi inserido no vetor pSUN2 de acordo com as instruções do fabricante, como descrito abaixo:

10 O vetor pSUN2 (1 µg) foi incubado com a enzima de restrição EcoRV a 37°C por 1 h. O cassete A Gateway (Invitrogen, Karlsruhe) foi então ligado no vetor cortado usando o Rapid Ligation kit da Roche, Mannheim. O plasmídeo resultante foi transformado em células E. coli DB3.1 (Invitrogen). O plasmídeo pSUN-GW isolado foi então verificado por
15 seqüenciamento.

Na segunda etapa, o cassete de expressão foi cortado de pUC19- Cnl1_d6Des(Pir)_d5Des(Tc)_D6Elo(Pp)_Dl2Des(Co) usando AscI e ligado em vetor pSUN-GW igualmente tratado. O plasmídeo obtido nesta maneira pSUN-4G foi usado para outros construtos de gene.

20 Para este propósito, primeiramente um clone pENTR foi modificado de acordo com as instruções do fabricante (Invitrogen). O plasmídeo pENTR1A (Invitrogen) foi incubado com a enzima de restrição EcoRI a 37°C por 1 h e então tratado com enzima Klenow e com uma mistura de dNTP 1 µM por 30 min, e subsequentemente o adaptador AscI (5'-
25 ggcgcgcc; fosforilado na extremidade 5', de fita dupla) foi ligado no vetor pENTR1A. Os genes foram inseridos como descrito acima em etapas no cassete Cnl e estes foram modificados e transferidos via AscI no vetor pENTR, resultando no vetor pENTR-Cnl.

Em uma outra etapa, o construto pSUN-8G foi preparado. Para

este propósito, iniciadores 5' e 3' para os genes com as SEQ ID NOs: 1, 3, 5 e 7 com os sítios de clivagem de restrição descritos acima e com os primeiros e em cada caso últimos 20 nucleotídeos da matriz de leitura aberta foram produzidos e amplificados com as condições padrão (veja acima) e ligados no
5 vetor pENTRCnl, que foi subsequenteiramente submetido a uma reação de recombinação com o vetor pSUN-4G de acordo com as instruções do fabricante.

O construto pSUN-8G foi preparado nesta maneira e foi transformado em *Brassica juncea* e *Brassica napus*. As sementes das plantas
10 transgênicas foram analisadas por cromatografia gasosa.

Um outro construto que foi usado para transformação de *B. juncea* e *B. napus* foi o construto pSUN-9G. Este construto foi preparado de acordo com Wu et al. (2005) Nat. Biotech. 23:1013-1017 com o promotor napina. Em uma modificação de Wu et al. 2005, a seqüência codificadora de
15 OtELO2.2 foi inserida na maneira descrita em vez de o gene OmELO. O construto resultante pSUN-9G foi então transformado em *B. juncea* e *B. napus*.

Exemplo 8: Extração de lipídeo do material de planta

O efeito da modificação genética em plantas sobre a produção
20 de composto desejado (tal como um ácido graxo) pode ser determinado pelo crescimento da planta modificada sob condições adequadas (tais como aquelas descritas acima) e análise do meio e/ou dos componentes celulares para a produção elevada do produto desejado (i.e. de lipídeos ou um ácido graxo) . As técnicas analíticas são conhecidas pelo técnico experiente e
25 compreendem espectroscopia, cromatografia em camada fina, vários tipos de processos de coloração, processos enzimáticos e microbiológicos e cromatografia analítica tal como cromatografia líquida de desempenho alto (veja, por exemplo, Ullman's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Vol. A2, p. 89-90 e p. 443-613, VCH: Weinheim (1985) ; Fallon A. et al. (1987)

“Applications of HPLC in Biochemistry” em: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Vol. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Vol. 3, Capítulo III: “Product recovery and purification”, p. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A. et al. (1988) Bioseparation: downstream processing for Biotechnology, John Wiley e Sons; Kennedy, J.F., e Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological Materials, John Wiley e Sons; Shaeiwitz, J.A., e Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, em: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Vol. B3; Capítulo 11, p. 1-27, VCH: Weinheim; e Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications) .

Em adição aos processos acima mencionados, os lipídeos de planta são extraídos do material de planta como descrito por Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22) :12935-12940 e Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152:141-145. A análise qualitativa e quantitativa de lipídeos ou ácidos graxos é descrita por Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr, Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2) ; Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 pp. (Oily Press Lipid Library; 1) ; “Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) sob o título: “Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN”.

Em adição a medição de produto final da fermentação, também é possível analisar outros componentes das rotas metabólicas que são usados para a produção do composto desejado, tais como intermediários e subprodutos, com o objetivo de determinar a eficiência de produção total do composto. Os processos analíticos compreendem medição da quantidade de nutrientes no meio (por exemplo açúcares, hidrocarbonetos, fontes de nitrogênio, fosfato e outros íons), medição da composição e do crescimento da biomassa, análise da produção de metabólitos convencionais de rotas de

biossíntese e medição de gases que são gerados durante a fermentação. Processos padrão para estas medições são descritas em *Applied Microbial Physiology; A Practical Approach*, P.M. Rhodes e P.F. Stanbury, Ed., IRL Press, p. 103-129; 131-163 e 165-192 (ISBN: 0199635773) e referências citadas nos memos.

Um exemplo é a análise de ácidos graxos (abreviações: FAME, metil-éster de ácido graxo; GC-MS, cromatografia gás-líquido / espectrometria de massa; TAG, triacil-glicerol; TLC, cromatografia em camada fina) .

A detecção não-ambígua de produtos de ácido graxo pode ser obtida por análise de organismos recombinantes usando processos analíticos padrão: GC, GC-MS ou TLC, como descrito em várias ocasiões por Christie e as referências lá citadas (1997, em *Advances on Lipid Methodology*, Fourth Edition: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, *Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren* [Processos de Cromatografia Gasosa / Espectrometria de Massa], *Lipide* 33:343-353) .

O material a ser analisado pode ser rompido por sonicação, moagem em um moinho de vidro, nitrogênio líquido e moagem ou via outros processos aplicáveis. Após rompimento, o material tem que ser centrifugado.

O sedimento é ressuspenso em água destilada, aquecido por 10 minutos a 100°C, esfriado sobre gelo e recentrifugado, seguido por extração por uma hora a 90°C em ácido sulfúrico 0,5 M em metanol com dimetóxi-propano 2%, que acarreta compostos de lipídeo e de óleo hidrolisados, que dá lipídeos transmetilados. Estes metil-ésteres de ácido graxo são extraídos em éter de petróleo e finalmente submetidos a uma análise de GC usando uma coluna capilar (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 m, 0,32 mm) em um gradiente de temperatura de entre 170°C e 240°C por 20 minutos e 5 minutos a 240°C. A identidade dos metil-ésteres de ácido graxo resultantes pode ser definida usando padrões que estão disponíveis em fontes comerciais

(i.e. Sigma) .

Material de planta é inicialmente mecanicamente homogeneizado por cominuição em um almofariz e pilão para torná-lo mais tratável para extração.

5 Isto é seguido por aquecimento a 100°C por 10 minutos e, após esfriamento sobre gelo, por ressedimentação. O sedimento de célula é hidrolisado por uma hora a 90°C com ácido sulfúrico metanólico 1 M e dimetóxi-propano 2%, e os lipídeos são transmetilados. Os metil-ésteres de ácido graxo (FAMES) resultantes são extraídos em éter de petróleo. Os
10 FAMES extraídos são analisados por cromatografia de gás-líquido usando uma coluna capilar (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 m, 0,32 mm) e em um gradiente de temperatura de 170°C a 240°C em 20 minutos e 5 minutos a 240°C. A identidade dos metil-ésteres de ácido graxo é confirmada por comparação com padrões de FAME correspondentes (Sigma)
15 . A identidade e a posição da ligação dupla podem ser analisadas adicionalmente por derivação química adequada das misturas de FAME, por exemplo para dar derivados de 4,4-dimetóxi-azolina (Christie, 1998) por meio de GC-MS.

Exemplo 9: Uso de $\Delta 5$ -alongase otimizada (como mostrada em SEQ ID NO: 64) de *Ostreococcus tauri* para construtos para expressão constitutiva
20

Vetores de transformação baseados em pGPTV-35S, um plasmídeo baseado em pBIN19-35S (Bevan M. (1984) Nucl. Acids Res. 18:203), foram produzidos para a transformação de plantas. Para este propósito, primeiramente um cassete de expressão consistindo de elemento
25 promotor CaMV35S (SEQ D No. 161) e do terminador 35S (SEQ ID NO. 162; Franck, A. et al. (1980) Cell 21 (1) : 285294) foi montado em um vetor pUC. Isto exigiu que o promotor fosse inserido via os sítios de clivagem de restrição SalI/XbaI e o terminador via os sítios de clivagem de restrição BamHI/SmaI. Em adição, um poliligador com o sítio de clivagem XhoI foi

ligado no terminador ('ligação tripla') . O plasmídeo resultante pUC19-35S foi então empregado para clonar genes PUFA. Em paralelo, as matrizes de leitura aberta das seqüências de $\Delta 6$ -dessaturase (SEQ ID NO. 1), $\Delta 5$ -dessaturase (SEQ ID NO,51) e $\Delta 6$ -alongase (SEQ ID NO. 171) foram inseridas via o sítio de clivagem EcoRV em vetores pUC19-35S. Os plasmídeos resultantes pUC-D6, pUC-D5, pUC-E6(Tc) foram usados para construir o vetor binário pGPTV-35S D6D5E6(Tc) . Para este propósito, o vetor pGPTV foi digerido com a enzima SalI, o plasmídeo pUC-D6 foi digerido com SalI/XhoI, e os fragmentos corretos foram ligados. O plasmídeo resultante pGPTV-D6 foi então digerido com SalI, o plasmídeo pUC-D5 foi digerido com SalI/XhoI, e os fragmentos corretos foram ligados. O plasmídeo resultante pGPTV-D6-D5 foi então ligado uma vez mais com SalI, o plasmídeo pUC-E6(Tc) com SalI/XhoI, e os fragmentos corretos foram ligados. Estas etapas de clonagem seqüencial resultaram no vetor binário pGPTV-D6D5E6(Tc), que foi empregado para a transformação.

Em um outro procedimento, a seqüência de d6Elo(Tp) (SEQ ID NO. 163) foi inserida no vetor pUC19-35S em vez de a seqüência d6Elo(Tc) . O plasmídeo resultante pUC-E6(Tp) foi usado para preparar o vetor binário pGPTV-35S_D6D5E6(Tp) .

Em um outro procedimento, a matriz de leitura aberta de $\omega 3$ Des (SEQ ID NO. 193) foi clonada em pUC19-35S. O plasmídeo resultante pUC- $\omega 3$ Pi foi transferido via SalI/XhoI para dentro do vetores binários pGPTV-D6D5E6(Tc) e pGPTV-D6D5E6(Tp) . Os vetores resultantes pGPTVD6D5E6(Tc) $\omega 3$ Pi e pGPTV-D6D5E6(Tp) $\omega 3$ Pi foram empregados para a transformação de planta.

Em um outro procedimento, a matriz de leitura aberta da $\Delta 5$ -alongase otimizada de *Ostreococcus tauri* (SEQ ID No. 64) e a matriz de leitura aberta da $\Delta 4$ -dessaturase de *Thraustochytrium* sp. (SEQ ID No. 77) foram clonadas em pUC19-35S. Os plasmídeos resultantes pUC-E5 e pUC-

D4 foram então transferidos via Sall/XhoI de acordo com as informações acima para dentro do vetor pGPTV-D6D5E6(Tp) ω 3Pi. O vetor resultante pGPTVD6D5E6(Tp) ω 3PiE5D4 foi empregado para a transformação de planta.

- 5 Todos os vetores binários foram transformados em células E. coli DH5a (Invitrogen) de acordo com as instruções do fabricante. Clones positivos foram identificados por PCR, e DNA plasmídeo foi isolado (Qiagen Dneasy) .

Exemplo 10: Transformação de vetores binários constitutivos em plantas

- 10 a) Geração de plantas transgênicas Brassica napus e Brassica juncea. O protocolo para a transformação de planta colza foi usado (modificação de Moloney et al. (1992) Plant Cell Reports 8:238-242)

- O vetor binário pGPTV-D6D5E6(Tp) ω 3PiE5D4 foi transformado em Agrobacterium tumefaciens C58C1:pGV2260 (Deblaere et al. (1984) Nucl Acids. Res. 13: 4777-4788) . Uma diluição de 1:50 de uma cultura noturba da colônia agrobacteriana positivamente transformada em meio Murashige-Skoog (Mur ashige e Skoog (1962) Physiol. Plant. 15: 473) suplementada com sacarose 3% (meio 3MS) foi usada para a transformação de Orychophragmus violaceus. Pecíolos ou hipocótilos de plantas estéreis recentemente germinadas (em cada caso aproximadamente de 1 cm²) foram incubados com uma diluição de agrobactérias de 1:50 por 5-10 minutos em uma placa de Petri. Isto é seguido por 3 dias de coincubação no escuro a 25°C sobre meio 3MS suplementado com ágar Bacto 0,8%. Depois, o cultivo foi continuado com 16 horas de luz/8 horas de escuro e um ritmo semanal sobre meio MS suplementado com Claforan (cefotaxima-sódio) 500 mg/l, canamicina 50 mg/l, benzil-amino-purina (BAP) 20 μ M e glicose 1,6 g/l. Brotos crescendo foram transferidos para meio MS suplementado com sacarose 2%, Claforan 250 mg/l e ágar Bacto 0,8%. Se brotos não se desenvolveram após três semanas, ácido 2-indol-butírico foi adicionado no

meio como hormônio de crescimento para enraizamento.

Brotos regenerados foram obtidos sobre meio 2MS com canamicina e Claforan, então, após enraizamento, transferidos para dentro de solo e, após cultivo, crescidos por duas semanas em uma cabine de ambiente controlado ou na estufa, permitidos florirem, as sementes maturadas foram colhidas e analisadas para expressão de alongase tal como atividade de $\Delta 6$ -alongase ou para atividade de $\Delta 5$ - ou $\Delta 6$ -dessaturase por meio de análise de lipídeo. Nesta maneira, foram identificadas linhagens com conteúdos elevados de ácidos C_{20} - e C_{22} -graxos poliinsaturados.

10 b) Geração de plantas transgênicas de *Orychophragmus violaceus*

O protocolo para a transformação de plantas colza foi usado (modificação de Moloney et al. (1992) Plant Cell Reports 8:238-242) como descrito sob a) .

Para gerar plantas transgênicas, o vetor binário pGPTV-D6D5E6(Tp) $\omega 3$ PiE5D4 foi transformado em *Agrobacterium tumefaciens* C58C1:pGV2260 (Deblaere et al. (1984) Nucl. Acids. Res. 13: 4777-4788) . Uma diluição 1:50 de uma cultura noturna de colônia de *Agrobacterium* positivamente transformada em meio Murashige-Skoog (Murashige e Skoog (1962) Physiol Plant, 15: 473) com sacarose 3% (meio 3MS) foi usada para transformar *Orychophragmus violaceus*. Pecíolos ou hipocótilos de plantas estéreis recentemente germinadas (em cada caso aproximadamente de 1 cm²) foram incubados com uma diluição de agrobactérias de 1:50 em uma placa de Petri por 5-10 minutos. Isto é seguido por coincubação sobre meio 3MS com ágar Bacto 0,8% por 3 dias no escuro a 25°C. O cultivo foi então continuado com 16 horas de luz/8 horas de escuro e um ritmo semanal sobre meio MS com Claforan (cefotaxima-sódio) 500 mg/l, canamicina 10 mg/l, benzil-amino-purina (BAP) 20 μ M e glicose 1,6 g/l. Brotos crescendo foram transferidos para meio MS com sacarose 2%, Claforan 250 mg/l e ágar Bacto 0,8%. Se brotos não se desenvolveram após três semanas, ácido 2-indol-

butírico foi adicionado no meio como hormônio de crescimento para enraizamento.

Broto regenerados foram obtidos sobre meio 2MS com canamicina e Claforan, então, após enraizamento, transferidos para dentro de solo e, após cultivo, crescidos por duas semanas em uma cabine de ambiente controlado ou na estufa, permitidos florirem, as sementes maturadas foram colhidas e analisadas para expressão de alongase tal como atividade de $\Delta 6$ -alongase ou para atividade de $\Delta 5$ - ou $\Delta 6$ -dessaturase por meio de análise de lipídeo. Nesta maneira, foram identificadas linhagens com conteúdos elevados de ácidos C_{20} - e C_{22} -graxos poliinsaturados.

c) Transformação de plantas *Arabidopsis thaliana*

Foi usado o protocolo de Bechthold et al. (1993) C.R. Acad. Sci. Ser. III Sci. Vie. 316:1194-1199.

Para gerar plantas transgênicas, o vetor binário gerado pGPTV-D6D5E6(Tp) $\omega 3PiE5D4$ foi transformado em *Agrobacterium tumefaciens* C58C1:pMP90 (Deblaere et al. (1984) Nucl. Acids. Res. 13: 4777-4788) e, de acordo com o protocolo de Bechthold et al. (1993), flores de *Arabidopsis thaliana* cv. Columbia 0 foram imersas em uma solução agrobacteriana com OD₆₀₀=1,0. O procedimento foi repetido de novo dois dias mais tarde. Sementes destas flores foram então posicionadas sobre placas de ágar com 1/2 MS, sacarose 2% e canamicina 50 mg/l. Mudas verdes foram então transferidas para solo.

Exemplo 11: Análise de material de planta de plantas transgênicas *Orychophragmus* ou *Arabidopsis*

Extração de material foliar de plantas transgênicas *Orychophragmus violaceus* e *Arabidopsis thaliana* transformadas com pGPTV-D6D5E6(Tp) $\omega 3PiE5D4$ e a análise por cromatografia a gás foi realizada como descrita em exemplo 8. Tabela 2 mostra os resultados das análises. Os vários ácidos graxos são indicados em percentagem em peso. Foi

possível mostrar que os ácidos graxos de cadeia longa poliinsaturados foram sintetizados por ambas as espécies de planta diferentes. Foi surpreendentemente possível com a sequência otimizada de $\Delta 5$ -alongase (como mostrada em SEQ ID NO 64) de *Ostreococcus tauri* obter um rendimento distintamente mais alto de DHA do que o relatado por exemplo por Robert et al. (2005) *Functional Plant Biology* 32: 473-479 para *Arabidopsis thaliana* com 1,5% de DHA. Foi possível pela primeira vez realizar uma síntese de ácidos graxos de cadeia longa poliinsaturados para *Orychophragnus violaceus*.

10 Exemplo 12: Análise de sementes de linhagens transgênicas de Brassicajuncea

Extração de sementes de plantas transgênicas de *Brassica juncea* transformadas com pSUN-9G, e a análise por cromatografia a gás foi realizada como descrita em exemplo 8. Tabela 6 mostra os resultados das análises. Os vários ácidos graxos são indicados em área percentual. Como em Wu et al. 2005 foi possível mostrar a síntese de ácidos graxos de cadeia longa poliinsaturados (PUFA) . Surpreendentemente, o uso de sequência de alongase modificada OtELO2.2 tal como a sequência de ácido nucleico descrita por SEQ ID NO: 64 resultou em um aumento drástico no conteúdo de ácidos graxos C₂₂. No total, o óleo de semente continha cerca de 8% em peso % de ácidos graxos C₂₂ poliinsaturados. Especificamente, o conteúdo de ácido graxo ácido docosaheptaenóico (DHA) no óleo de semente foi 1,9% em peso %, representando um aumento por um fator de 10 comparado com Wu et al. 2005.

25 Exemplo 13: Análise detalhada das classes de lipídeo e a análise de posição do material foliar de O. violaceus

Cerca de 1 g de tecido foliar foi aquecido em 4 mL de isopropanol a 95°C por 10 minutos, homogeneizado por Polytron e agitado após adição de 1,5 ml de clorofórmio. As amostras foram centrifugadas, o

sobrenadante foi coletado, e a pelota foi extraída de novo com isopropanol:clorofórmio 1:1 (v/v) . Os dois extratos foram combinados, secos e dissolvidos em clorofórmio. O extrato de lipídeo foi pré-fracionado em uma coluna prepsep de sílica (Fisher Scientific, Nepean, Canada) em lipídeos neutros, glicolipídeos e fosfolipídeos, eluindo com clorofórmio:ácido acético 100:1 (v/v), acetona: ácido acético 100:1 (v/v) e metanol:clorofórmio:água 100:50:40 (v/v/v), respectivamente. Estas frações foram adicionalmente fracionadas sobre placas de cromatografia de camada fina de sílica G-25 (TLC; Macherey-Nagel, Düren, Alemanha) . Lipídeos neutros foram desenvolvidos com hexana:dietil-éter:ácido acético (70:30:1), glicolipídeos com clorofórmio:metanol:amônia (65:25:4 v/v/v) e fosfolipídeos com clorofórmio: metanol: amônia: água (70:30:4:1 v/v/v/v) . As classes de lipídeo individuais foram identificadas após borramento com primulina sob luz UV; removidas por raspagem das placas e quer usadas para transmetilação direta quer extraídas por um solvente adequado para análise adicional.

Foi possível pelos processos descritos que as várias classes de lipídeo (lipídeos neutros, fosfolipídeos e galactolipídeos) fossem fracionadas e analisadas separadamente. Os glicolipídeos foram adicionalmente examinados para a posição dos ácidos graxos individuais.

20 a) Análise regioespecífica dos triacilglicerídeos (TAG)

Três a cinco mg de TAG purificado por TLC foram secos sob nitrogênio em um tubo de vidro, ressuspensos em tampão aquoso por breve tratamento com ultra-som (Tris 1 M pH 8; CaCl_2 2,2% (w/v) ; sais biliares 0,05% (w/v)) e incubados a 40°C por 4 minutos. Após adição de 0,1 ml da solução de lipase pancreática (10 mg/ml em água), as amostras foram vigorosamente agitadas por 3 minutos, e a digestão foi interrompida pela adição de 1 mL de etanol e 1,5 ml de HCl 4 M. Os TAGs parcialmente digeridos foram extraídos com dietil-éter, lavados com água, secos e dissolvidos em um volume pequeno de clorofórmio. Monoacilgliceróis

(MAG) foram separados dos ácidos graxos livres e TAGs não digeridos sobre uma placa de TLC como descrito acima para os lipídeos neutros. O ponto correspondente para os MAGs foi analisado por GC e representou a posição sn-2 dos TAGs. A distribuição dos ácidos graxos nas posições sn-1 e sn-3 restantes foi calculada pela seguinte fórmula: $sn-1 + sn-3 = (TAG \times 3 - MAG) / 2$.

Esta análise de posição dos triacilglicerídeos revelou neste caso que EPA e DHA estão presentes em concentrações similares nas posições sn-2 e sn-1/3, enquanto que ARA é para ser encontrado apenas em quantidades pequenas nos triacilglicerídeos, e aqui principalmente na posição sn-2 (Tab. 3) .

b) Análise estereoespecífica de fosfolipídeos

Fosfatidilglicol (PG), fosfatidil-etanol-amina (PE) e fosfatidilcolina (PC) extraídos e fracionados foram secos sob N_2 e ressuspensos em 0,5 ml de tampão borato (0,5M, pH 7,5, contendo $CaCl_2$ 0,4 mM) . Após um breve tratamento de ultra-som, 5 U de fosfolipase A2 do veneno de Naja mossambica (Sigma P-7778) e 2 ml de dietil-éter foram adicionados e as amostras foram agitadas na temperatura ambiente por 2 horas. A fase de éter foi seca, a digestão foi interrompida com 0,3 ml de HCl 1 M, e a mistura reacional foi extraída com clorofórmio:metanol (2:1 v/v) . Os fosfolipídeos digeridos foram separados por TLC em clorofórmio:metanol:amônia:água (70:30:4:2 v/v/v/v) e pontos que corresponderam aos ácidos graxos livres e lisofosfolipídeos liberados foram removidos por raspagem e diretamente transmetilados.

Análise de posição dos fosfolipídeos mostrou um acúmulo de EPA e DHA na posição sn-2 de fosfatidilcolina (PC), enquanto que DHA foi similarmente distribuído em posições sn-1 e sn-2 em fosfatidiletanolamina (PE) . Apenas traços de, ou nenhum, ARA era para ser encontrado em ambos os fosfolipídeos (Tab. 4) . As concentrações de EPA e DHA em

fosfatidilglicerol foram menores do que nos outros fosfolipídeos investigados, com acúmulo na posição sn-2 também sendo observado nesta classe de lipídeo (Tab. 4, PG) .

c) Análise estereoespecífica de glicolipídeos

5 Os galactolipídeos foram investigados como uma outra classe de lipídeo polar. Galactolipídeos são encontrados nas membranas de plasídeos e formam os componentes principais de lá.

Monogalactosildiacilglicerol (MGDG) e digalactosildiacilglicerol (DGDG) purificados por TLC foram secos sob
10 nitrogênio e dissolvidos em 0,5 mL de dietil-éter. Então 25 unidades da lipase de *Rhizopus arrhizus* (Sigma 62305), ressuspensos em 2 ml de tampão borato (50 mM, pH 7,5 contendo CaCl_2 2 mM), foram adicionados, e as amostras foram agitadas na temperatura ambiente por 2 horas. A fase de éter foi seca e a digestão foi interrompida pela adição de 0,3 ml de HCl 1 M, e os lipídeos
15 foram extraídos com 4 ml de clorofórmio:metanol (2:1 v/v) . Após secagem, os galactolipídeos digeridos estavam em um volume pequeno de clorofórmio:metanol (2:1 v/v) e desenvolveram duas vezes sobre uma placa de TLC de sílica pré-revestida, primeiramente com clorofórmio:metanol:amônia:água (70:30:4:1 v/v/v/v) para cerca de dois terços da altura da placa,
20 seguido pelo desenvolvimento completo em hexano:dietil-éter:ácido acético (70:30:1) . Os pontos que correspondem aos ácidos graxos livres e lisogalactolipídeos liberados foram identificados após borribo com primulina, raspados e diretamente transmetilados por análise por GC.

Foi possível também verificar VLCPUFA nestes lipídeos, com
25 um acúmulo de EPA na posição sn-2 sendo observada. DHA era para ser encontrado apenas nos digalactodiacilgliceróis (DGDG) e foi indetectável nos monogalactodiacilgliceróis (MGDG) (Tabela 5). A distribuição de VLCPUFA em galactolipídeos, um compartimento no qual estes ácidos graxos não eram esperados, mostra a dinâmica da síntese e a transformação tardia. VLCPUFA

em lipídeos polares são de valor nutricional particular porque podem ser absorvidos melhor nos intestinos de mamíferos do que os lipídeo neutros.

Tabela 1: Teste de seqüências otimizadas de pOTE1.1 e pOTE2.1 em levedura. As taxas de conversão foram determinadas de acordo com as conversões de substrato. Uma elevação distinta em atividade foi alcançável com a seqüência otimizada em plasmídeo pOTE2.2.

Taxas de conversão de <i>Ostreococcus tauri</i> elongases					
	Genes	Produto de substrato	GLA 20:3	ARA 22:4	EPA 22:5
pOTE1.1	d6Elongase(Ot) 21,1				
pOTE1.2	d6Elongase(Ot) _opt 25,6				
pOTE2.1	d5Elongase(Ot)			7,3	35,9
pOTE2.2	d5Elongase(Ot) _opt			32,7	63,1

Tabela 2: Análise de cromatografia a gás de material foliar de *Orychophragmus violaceus* e *Arabidopsis thaliana*. Os ácidos graxos individuais são indicados em área percentual.

Composição de ácido graxo de material foliar de <i>Orychophragmus violaceus</i>											
Ácidos graxos	16:0	16:3	18:1	18:2	GLA	18:3	18:4	ARA	EPA	DPA	DHA
Controle	20,9	8,5	3,3	16,0	0,0	47,4	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Transgene	21,3	8,2	5,2	5,2	4,2	23,1	5,0	0,6	13,5	2,7	4,5

10

Composição de ácido graxo de material foliar de <i>Arabidopsis thaliana</i>											
Ácidos graxos	16:0	16:3	18:1	18:2	GLA	18:3	18:4	ARA	EPA	DPA	DHA
Controle	12,8	10,0	3,5	14,2	0,0	54,6	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Transgene	19,3	8,5	5,0	4,6	6,4	31,0	4,4	0,0	6,3	1,5	6,3

Tabela 3: Análise regioespecífica dos triacilglicerídeos de material foliar de plantas transgênicas de *O. violaceus*

TAG	16:0	18:0	18:1n-7	18:2n-6	18:3n-6	18:3n-3	18:4n-3	20:3n-6	20:4n-6	20:5n-3	22:5n-3
tipo selv.	25.12	3.03	5.06	18.53	44.72	62.03					
sn-2	1.42	0.76	6.79	27.62		36.07					
sn-1+3	36.97	4.17	4.19	13.98		6.37					
Transgene	22.63	3.12	3.46	2.35	9.51	6.37	13.03	0.74	0.83	3.87	2.22
sn-2	1.62	0.64	8.33	6.16	16.21	10.88	19.84	0.17	1.38	1.99	3.27
sn-1+3	33.13	4.36	1.02	0.96	6.16	4.11	9.63	1.02	0.55	4.80	1.68

Tabela 4: Análise estereoespecífica de fosfolipídeos de material foliar de plantas transgênicas de O₂ violaceus,

PG	16:0	16:1	18:0	18:1n-9	18:1n-7	18:2n-9	18:2n-6	18:3n-6	18:3n-3	18:4n-3	20:3n-6	20:4n-6	20:4n-3	20:5n-3	22:5n-3	2
Tipo selv.	27,96	20,04	4,11	2,89	0,90	21,82	0,00	21,56								
sn-1	17,26	0,53	2,61	3,82	1,91	39,01	0,00	34,44								
sn-2	38,68	39,55	5,82	1,96	0,00	4,62	0,00	8,69								
Transgêna	27,15	24,70	3,08	4,62	1,20	0,00	15,15	1,53	17,94	1,40	0,00	0,00	0,45	2,18	0,10	
sn-1	21,16	3,61	4,23	7,52	2,14	27,40	0,50	31,57	0,81				0,38	1,24	0,00	
sn-2	33,15	45,79	1,94	1,71	0,27	2,90	2,57	4,30	2,00				0,51	3,13	0,27	
PE	16:0	16:1	18:0	18:1n-9	18:1n-7	18:2n-9	18:2n-6	18:3n-6	18:3n-3	18:4n-3	20:3n-6	20:4n-6	20:4n-3	20:5n-3	22:5n-3	2
Tipo selv.	37,49	0,00	5,62	4,35	1,37	19,28		29,95								
sn-1	54,22	0,00	7,74	3,39	3,42	12,64		13,71								
sn-2	20,77	0,00	5,51	5,31	0,00	25,93		46,18								
Transgêna	31,78	0,81	5,84	3,08	2,20	0,85	11,25	11,34	7,38	0,00	0,00	2,88	9,41	1,90		
sn-1	50,17	0,33	10,86	3,22	4,94	0,35	3,27	3,59	2,31	0,56		4,42	6,18	0,38		
sn-2	13,40	1,29	0,83	2,95	0,00	1,35	19,23	19,10	12,45	0,00		1,34	12,64	3,41		
PC	16:0	16:1	18:0	18:1n-9	18:1n-7	18:2n-9	18:2n-6	18:3n-6	18:3n-3	18:4n-3	20:3n-6	20:4n-6	20:4n-3	20:5n-3	22:5n-3	2
Tipo selv.	27,67	0,84	6,38	8,56	1,80	21,75		33,01								
sn-1	48,05	0,44	8,65	5,05	3,41	14,52		16,04								
sn-2	7,28	1,24	4,11	12,05	0,18	28,97		47,98								
Transgêna	21,00	0,00	8,01	10,02	2,86	1,25	11,63	5,60	12,11	0,50	0,00	4,34	11,16	3,76		
sn-1	45,35	0,00	14,71	5,08	5,70	0,31	3,09	4,53	2,65	0,61	0,08	4,01	8,32	0,41		
sn-2	3,36	0,00	1,30	14,96	0,02	2,20	20,18	6,62	21,56	0,38	0,00	4,65	13,99	7,12		

Tabela 5: Análise estereoespecífica de galactolipídeos de material foliar de plantas transgênicas de O, violaceus,

MEDG	160	161	162	163	180	181n-9	181n-7	182n-9	182n-6	183n-6	183n-3	184n-3	203n-6	204n-6	204n-3	205n-3
tipo selv.	264	013	123	3172	033	035	025	381		6152						
sn-1	000	005	000	711	035	031	041	460		8730						
sn-2	534	021	255	5434	031	039	012	301		3374						
t	416	020	108	3381	093	073	052	003	188	4482	273	004	030	050	508	
sn-1	122	029	054	479	151	115	093	000	014	5019	000	008	017	087	385	
sn-2	711	011	161	6282	034	031	011	011	362	946	548	000	043	014	631	

DEEG	160	161	162	163	180	181n-9	181n-7	182n-9	182n-6	183n-6	183n-3	184n-3	203n-6	204n-6	204n-3	205n-3
tipo selv.	1767	019	038	215	161	051	094	555		7071						
sn-1	1684	025	050	252	221	055	175	607	000	6874						
sn-2	1850	012	027	178	101	046	013	505		7288						
t	1850	000	000	262	284	135	139	000	355	5486	000	000	000	000	218	536
sn-1	2274	017	023	048	455	171	232	024	023	5505	027	000	000	000	036	123
sn-2	1427	000	000	477	112	100	046	000	688	5326	000	000	000	000	401	949

Tabela 6: Determinação cromatográfica a gás de ácidos graxos de sementes de plantas transgênicas de *Brassica juncea* transformadas com o construto pSUN-9G em por cento em peso, WT descreve o controle de tipo selvagem não modificado,

Perfil de lipídeo (%)

Perfil do Lipídeo (%)										
	16:0	18:0	18:1	18:2	γ 18:3	α 18:3	18:4	20:0		
BJ 223 PUFA184 MKP71 581 ^A	4,4	3,0	22,5	16,9	27,0	4,9	3,2	0,6		
BJ223 PUFA184 MKP71 581A	4,7	3,9	17,9	10,6	29,5	4,2	4,0	0,9		
BJ223 PUFA184 MKP71 581 ^A	4,4	3,0	18,9	13,8	30,5	4,1	3,2	0,7		
BJ223 PUFA184 MKP71 581A	4,6	3,3	20,5	13,2	29,8	4,2	3,3	0,8		

20:3 (8,11,14)	20:3 (11,14,17)	20:4 (ARA) (5,0,11,14)	20:4 (ETeA) (8,11,14,17)	20:5 (EPA) (5,8,11,14,17)	22:1	22:4	22:5	22:6
1,1	0,5	3,1	0,6	4,6	0,0	1,5	2,0	1,5
2,0	0,9	4,2	1,0	4,1	0,0	3,1	3,5	1,9
1,3	0,7	4,1	0,5	4,5	0,0	2,7	2,8	1,6
1,4	0,8	3,6	0,6	4,4	0,0	2,4	2,5	1,6

LISTAGEM DE SEQUÊNCIAS

```

<110> BASF Plant Science GmbH
<120> Processo para produzir ácidos gaxos poliinsaturados
<130> B 8172
<150> DE 10 2006 008 030.0
<151> 2006 02 21
<150> EP 06120309.7
<151> 2006 09 07
<160> 199
<170> Biomax PatentTool de acordo com PatentIN formato 3.1
<210> 1
<211> 1380
<212> DNA
<213> Phytium irregulare
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1380)
<400> 1
atg gtg gac ctc aag cct gga gtg aag cgc ctg gtg agc tgg aag gag      48
Met Val Asp Leu Lys Pro Gly Val Lys Arg Leu Val Ser Trp Lys Glu
1 5 10 15
atc cgc gag cac gcg acg ccc gcg acc gcg tgg atc gtg att cac cac      96
Ile Arg Glu His Ala Thr Pro Ala Thr Ala Trp Ile Val Ile His His
20 25 30
aag gtc tac gac atc tcc aag tgg gac tcg cac ccg ggt ggc tcc gtg      144
Lys Val Tyr Asp Ile Ser Lys Trp Asp Ser His Pro Gly Gly Ser Val
35 40 45
atg ctc acg cag gcc ggc gag gac gcc acg gac gcc ttc gcg gtc ttc      192
Met Leu Thr Gln Ala Gly Glu Asp Ala Thr Asp Ala Phe Ala Val Phe
50 55 60
cac ccg tcc tcg gcg ctc aag ctg ctc gag cag ttc tac gtc ggc gac      240
His Pro Ser Ser Ala Leu Lys Leu Leu Glu Gln Phe Tyr Val Gly Asp
65 70 75 80
gtg gac gaa acc tcc aag gcc gag atc gag ggg gag ccg gcg agc gac      288
Val Asp Glu Thr Ser Lys Ala Glu Ile Glu Gly Glu Pro Ala Ser Asp
85 90 95
gag gag cgc gcg cgc cgc gag cgc atc aac gag ttc atc gcg tcc tac      336
Glu Glu Arg Ala Arg Arg Glu Arg Ile Asn Glu Phe Ile Ala Ser Tyr
100 105 110
cgc cgt ctg cgc gtc aag gtc aag ggc atg ggg ctc tac gac gcc agc      384
Arg Arg Leu Arg Val Lys Val Lys Gly Met Gly Leu Tyr Asp Ala Ser
115 120 125
gcg ctc tac tac gcg tgg aag ctc gtg agc acg ttc ggc atc gcg gtg      432
Ala Leu Tyr Tyr Ala Trp Lys Leu Val Ser Thr Phe Gly Ile Ala Val
130 135 140
ctc tcg atg gcg atc tgc ttc ttc aac agt ttc gcc atg tac atg      480
Leu Ser Met Ala Ile Cys Phe Phe Phe Asn Ser Phe Ala Met Tyr Met
145 150 155 160
gtc gcc ggc gtg att atg ggg ctc ttc tac cag cag tcc gga tgg ctg      528
Val Ala Gly Val Ile Met Gly Leu Phe Tyr Gln Gln Ser Gly Trp Leu
165 170 175
gcg cac gac ttc ttg cac aac cag gtg tgc gag aac cgc acg ctc ggc      576
Ala His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Cys Glu Asn Arg Thr Leu Gly
180 185 190
aac ctt atc ggc tgc ctc gtg ggc aac gcc tgg cag ggc ttc agc atg      624
Asn Leu Ile Gly Cys Leu Val Gly Asn Ala Trp Gln Gly Phe Ser Met
195 200 205
cag tgg tgg aag aac aag cac aac ctg cac cac gcg gtg ccg aac ctg      672
Gln Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Leu His His Ala Val Pro Asn Leu
210 215 220
cac agc gcc aag gac gag ggc ttc atc ggc gac ccg gac atc gac acc      720

```

His	Ser	Ala	Lys	Asp	Glu	Gly	Phe	Ile	Gly	Asp	Pro	Asp	Ile	Asp	Thr	
225					230					235					240	
atg	ccg	ctg	ctg	gcg	tgg	tct	aag	gag	atg	gcg	cgc	aag	gcg	ttc	gag	768
Met	Pro	Leu	Leu	Ala	Trp	Ser	Lys	Glu	Met	Ala	Arg	Lys	Ala	Phe	Glu	
				245					250					255		
tcg	gcg	cac	ggc	ccg	ttc	ttc	atc	cgc	aac	cag	gcg	ttc	cta	tac	ttc	816
Ser	Ala	His	Gly	Pro	Phe	Phe	Ile	Arg	Asn	Gln	Ala	Phe	Leu	Tyr	Phe	
			260					265					270			
ccg	ctg	ctg	ctg	ctc	gcg	cgc	ctg	agc	tgg	ctc	gcg	cag	tcg	ttc	ttc	864
Pro	Leu	Leu	Leu	Leu	Ala	Arg	Leu	Ser	Trp	Leu	Ala	Gln	Ser	Phe	Phe	
			275				280					285				
tac	gtg	ttc	acc	gag	ttc	tcg	ttc	ggc	atc	ttc	gac	aag	gtc	gag	ttc	912
Tyr	Val	Phe	Thr	Glu	Phe	Ser	Phe	Gly	Ile	Phe	Asp	Lys	Val	Glu	Phe	
	290					295				300						
gac	gga	ccg	gag	aag	gcg	ggt	ctg	atc	gtg	cac	tac	atc	tgg	cag	ctc	960
Asp	Gly	Pro	Glu	Lys	Ala	Gly	Leu	Ile	Val	His	Tyr	Ile	Trp	Gln	Leu	
305				310						315					320	
gcg	atc	ccg	tac	ttc	tgc	aac	atg	agc	ctg	ttt	gag	ggc	gtg	gca	tac	
1008																
Ala	Ile	Pro	Tyr	Phe	Cys	Asn	Met	Ser	Leu	Phe	Glu	Gly	Val	Ala	Tyr	
				325					330					335		
ttc	ctc	atg	ggc	cag	gcg	tcc	tgc	ggc	ttg	ctc	ctg	gcg	ctg	gtg	ttc	
1056																
Phe	Leu	Met	Gly	Gln	Ala	Ser	Cys	Gly	Leu	Leu	Leu	Ala	Leu	Val	Phe	
			340					345					350			
agt	att	ggc	cac	aac	ggc	atg	tcg	gtg	tac	gag	cgc	gaa	acc	aag	ccg	
1104																
Ser	Ile	Gly	His	Asn	Gly	Met	Ser	Val	Tyr	Glu	Arg	Glu	Thr	Lys	Pro	
		355				360						365				
gac	ttc	tgg	cag	ctg	cag	gtg	acc	acg	acg	cgc	aac	atc	cgc	gcg	tcg	
1152																
Asp	Phe	Trp	Gln	Leu	Gln	Val	Thr	Thr	Thr	Arg	Asn	Ile	Arg	Ala	Ser	
	370					375					380					
gta	ttc	atg	gac	tgg	ttc	acc	ggt	ggc	ttg	aac	tac	cag	atc	gac	cat	
1200																
Val	Phe	Met	Asp	Trp	Phe	Thr	Gly	Gly	Leu	Asn	Tyr	Gln	Ile	Asp	His	
385					390					395					400	
cac	ctg	ttc	ccg	ctc	gtg	ccg	cgc	cac	aac	ttg	cca	aag	gtc	aac	gtg	
1248																
His	Leu	Phe	Pro	Leu	Val	Pro	Arg	His	Asn	Leu	Pro	Lys	Val	Asn	Val	
				405					410					415		
ctc	atc	aag	tcg	cta	tgc	aag	gag	ttc	gac	atc	ccg	ttc	cac	gag	acc	
1296																
Leu	Ile	Lys	Ser	Leu	Cys	Lys	Glu	Phe	Asp	Ile	Pro	Phe	His	Glu	Thr	
			420					425					430			
ggc	ttc	tgg	gag	ggc	atc	tac	gag	gtc	gtg	gac	cac	ctg	gcg	gac	atc	
1344																
Gly	Phe	Trp	Glu	Gly	Ile	Tyr	Glu	Val	Val	Asp	His	Leu	Ala	Asp	Ile	
		435					440					445				
agc	aag	gaa	ttt	atc	acc	gag	ttc	cca	gcg	atg	taa					
1380																
Ser	Lys	Glu	Phe	Ile	Thr	Glu	Phe	Pro	Ala	Met						
	450					455				460						
<210>	2															
<211>	459															
<212>	PRT															
<213>	Phytium irregulare															
<400>	2															
Met	Val	Asp	Leu	Lys	Pro	Gly	Val	Lys	Arg	Leu	Val	Ser	Trp	Lys	Glu	
1			5					10						15		
Ile	Arg	Glu	His	Ala	Thr	Pro	Ala	Thr	Ala	Trp	Ile	Val	Ile	His	His	
			20					25					30			
Lys	Val	Tyr	Asp	Ile	Ser	Lys	Trp	Asp	Ser	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	

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

1	5	10	15	
tcg atc agt caa cgt att cat gat gga gat gaa gag gct atg aag ttc				96
Ser Ile Ser Gln Arg Ile His Asp Gly Asp Glu Glu Ala Met Lys Phe				
20	25	30		
att att atc gac aag aag gtg tac gat gtt act gaa ttt att gaa gac				144
Ile Ile Ile Asp Lys Lys Val Tyr Asp Val Thr Glu Phe Ile Glu Asp				
35	40	45		
cac cct ggt ggt gct caa gtt ttg ttg act cat gtt ggg aaa gat gca				192
His Pro Gly Gly Ala Gln Val Leu Leu Thr His Val Gly Lys Asp Ala				
50	55	60		
tct gac gta ttt cat gcc atg cat ccc gaa tct gct tac gaa gtc ttg				240
Ser Asp Val Phe His Ala Met His Pro Glu Ser Ala Tyr Glu Val Leu				
65	70	75	80	
aac aat tac ttc gta ggc gat gtt caa gaa aca gta gtc act gaa aaa				288
Asn Asn Tyr Phe Val Gly Asp Val Gln Glu Thr Val Val Thr Glu Lys				
85	90	95		
tct tct tct gcc caa ttc gct gta gaa atg cgt cag ctt cgg gat caa				336
Ser Ser Ser Ala Gln Phe Ala Val Glu Met Arg Gln Leu Arg Asp Gln				
100	105	110		
ttg aaa aag gaa ggt tat ttc cac tcc agc aaa ctc ttt tat gct tac				384
Leu Lys Lys Glu Gly Tyr Phe His Ser Ser Lys Leu Phe Tyr Ala Tyr				
115	120	125		
aaa gtt ctt tct act ttg gct atc tgc ata gct ggt ctc tct cct ttg				432
Lys Val Leu Ser Thr Leu Ala Ile Cys Ile Ala Gly Leu Ser Pro Leu				
130	135	140		
tat gct tat ggt cgt act tcc act ttg gct gtc gtc gca tct gct att				480
Tyr Ala Tyr Gly Arg Thr Ser Thr Leu Ala Val Val Ala Ser Ala Ile				
145	150	155	160	
act gtt ggt atc ttt tgg caa cag tgt ggt tgg ctg gct cac gat ttc				528
Thr Val Gly Ile Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe				
165	170	175		
gga cat cat caa tgc ttc gaa gac cgc act tgg aac gat gtt ctc gtc				576
Gly His His Gln Cys Phe Glu Asp Arg Thr Trp Asn Asp Val Leu Val				
180	185	190		
gta ttt ctc gga aac ttt tgt caa gga ttt tca tta tca tgg tgg aag				624
Val Phe Leu Gly Asn Phe Cys Gln Gly Phe Ser Leu Ser Trp Trp Lys				
195	200	205		
aac aag cac aac aca cat cac gca agt aca aat gtt cat gga cag gat				672
Asn Lys His Asn Thr His His Ala Ser Thr Asn Val His Gly Gln Asp				
210	215	220		
ccc gac att gac aca gcc cct gtt ttg ttg tgg gat gaa tat gct tct				720
Pro Asp Ile Asp Thr Ala Pro Val Leu Leu Trp Asp Glu Tyr Ala Ser				
225	230	235	240	
gca gct tac tat gct tct ctc gat caa gaa ccc aca atg gta tct cga				768
Ala Ala Tyr Tyr Ala Ser Leu Asp Gln Glu Pro Thr Met Val Ser Arg				
245	250	255		
ttc ctt gct gaa caa gtc ttg ccc cac caa acc cgt tat ttt ttc ttt				816
Phe Leu Ala Glu Gln Val Leu Pro His Gln Thr Arg Tyr Phe Phe Phe				
260	265	270		
atc ctc gct ttt gct cgt ttg tct tgg gct ctt caa tct ttg agc tac				864
Ile Leu Ala Phe Ala Arg Leu Ser Trp Ala Leu Gln Ser Leu Ser Tyr				
275	280	285		
tct ttc aag aag gag tca att aac aag tcc cgt caa ctt aac ctt ttt				912
Ser Phe Lys Lys Glu Ser Ile Asn Lys Ser Arg Gln Leu Asn Leu Phe				
290	295	300		
gaa cgt gtt tgt att gtt ggt cac tgg gct ctc tct gct ttt tgt atc				960
Glu Arg Val Cys Ile Val Gly His Trp Ala Leu Ser Ala Phe Cys Ile				
305	310	315	320	
tac tct tgg tgt agc aac gtc tat cac atg gtt ttg ttt ttc ttg gtt				
1008				
Tyr Ser Trp Cys Ser Asn Val Tyr His Met Val Leu Phe Phe Leu Val				
325	330	335		

agt cag gct acc aca ggc tac act tta gct ctt gtc ttt gct ttg aac
 1056
 Ser Gln Ala Thr Thr Gly Tyr Thr Leu Ala Leu Val Phe Ala Leu Asn
 340 345 350
 cac aat ggt atg cct gtt atc act gaa gaa aag gct gaa tcg atg gaa
 1104
 His Asn Gly Met Pro Val Ile Thr Glu Glu Lys Ala Glu Ser Met Glu
 355 360 365
 ttt ttt gag att caa gtt atc act ggt cgc gat gtt act ctt tcc ccc
 1152
 Phe Phe Glu Ile Gln Val Ile Thr Gly Arg Asp Val Thr Leu Ser Pro
 370 375 380
 ttg ggt gat tgg ttc atg ggt ggt ttg aac tat caa atc gaa cat cat
 1200
 Leu Gly Asp Trp Phe Met Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His
 385 390 395 400
 gtt ttc ccc aac atg cct cgt cac aac ttg cct aca gtt aag ccc atg
 1248
 Val Phe Pro Asn Met Pro Arg His Asn Leu Pro Thr Val Lys Pro Met
 405 410 415
 gtg aaa tcg ctt tgt cag aaa tat gac att aac tat cac gat act gga
 1296
 Val Lys Ser Leu Cys Gln Lys Tyr Asp Ile Asn Tyr His Asp Thr Gly
 420 425 430
 ttc tta aag gga aca tta gaa gta tta caa aca ctg gat att aca tcc
 1344
 Phe Leu Lys Gly Thr Leu Glu Val Leu Gln Thr Leu Asp Ile Thr Ser
 435 440 445
 aag ctc tct ttg caa tta agc aaa aag tcg ttt taa
 1380
 Lys Leu Ser Leu Gln Leu Ser Lys Lys Ser Phe
 450 455
 <210> 4
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> *Rhizopus stolonifer*
 <400> 4
 Met Ser Thr Leu Asp Arg Gln Ser Ile Phe Thr Ile Lys Glu Leu Glu
 1 5 10 15
 Ser Ile Ser Gln Arg Ile His Asp Gly Asp Glu Glu Ala Met Lys Phe
 20 25 30
 Ile Ile Ile Asp Lys Lys Val Tyr Asp Val Thr Glu Phe Ile Glu Asp
 35 40 45
 His Pro Gly Gly Ala Gln Val Leu Leu Thr His Val Gly Lys Asp Ala
 50 55 60
 Ser Asp Val Phe His Ala Met His Pro Glu Ser Ala Tyr Glu Val Leu
 65 70 75 80
 Asn Asn Tyr Phe Val Gly Asp Val Gln Glu Thr Val Val Thr Glu Lys
 85 90 95
 Ser Ser Ser Ala Gln Phe Ala Val Glu Met Arg Gln Leu Arg Asp Gln
 100 105 110
 Leu Lys Lys Glu Gly Tyr Phe His Ser Ser Lys Leu Phe Tyr Ala Tyr
 115 120 125
 Lys Val Leu Ser Thr Leu Ala Ile Cys Ile Ala Gly Leu Ser Pro Leu
 130 135 140
 Tyr Ala Tyr Gly Arg Thr Ser Thr Leu Ala Val Val Ala Ser Ala Ile
 145 150 155 160
 Thr Val Gly Ile Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe
 165 170 175
 Gly His His Gln Cys Phe Glu Asp Arg Thr Trp Asn Asp Val Leu Val
 180 185 190
 Val Phe Leu Gly Asn Phe Cys Gln Gly Phe Ser Leu Ser Trp Trp Lys
 195 200 205

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

<210> 5

<211> 1380

<212> DNA

<213> *Rhizopus stolonifer*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1380)

<400> 5

atg agt aca tta gat cgt caa tct att ttc aca ata aag gaa tta gag	48
Met Ser Thr Leu Asp Arg Gln Ser Ile Phe Thr Ile Lys Glu Leu Glu	
1 5 10 15	
tcg atc agt caa cgt att cat gat gga gat gaa gag gct atg aag ttc	96
Ser Ile Ser Gln Arg Ile His Asp Gly Asp Glu Glu Ala Met Lys Phe	
20 25 30	
att att atc gac aag aag gtg tac gat gtt act gaa ttt att gaa gac	144
Ile Ile Ile Asp Lys Lys Val Tyr Asp Val Thr Glu Phe Ile Glu Asp	
35 40 45	
cac cct ggt ggt gct caa gtt ttg ttg act cat gtt ggg aaa gat gca	192
His Pro Gly Gly Ala Gln Val Leu Leu Thr His Val Gly Lys Asp Ala	
50 55 60	
tct gac gta ttt cat gcc atg cat ccc gaa tct gct tac gaa gtc ttg	240
Ser Asp Val Phe His Ala Met His Pro Glu Ser Ala Tyr Glu Val Leu	
65 70 75 80	
aac aat tac ttc gta ggc gat gtt caa gaa aca gta gtc act gaa aaa	288
Asn Asn Tyr Phe Val Gly Asp Val Gln Glu Thr Val Val Thr Glu Lys	
85 90 95	
tct tct tct gcc caa ttc gct gta gaa atg cgt cag ctt cgg gat caa	336
Ser Ser Ser Ala Gln Phe Ala Val Glu Met Arg Gln Leu Arg Asp Gln	
100 105 110	
ttg aaa aag gaa ggt tat ttc cac tcc agc aaa ctc ttt tat gct tac	384
Leu Lys Lys Glu Gly Tyr Phe His Ser Ser Lys Leu Phe Tyr Ala Tyr	

aaa gtt ctt tct act ttg gct atc tgc ata gct ggt ctc tct ctt ttg	115	120	125	432
Lys Val Leu Ser Thr Leu Ala Ile Cys Ile Ala Gly Leu Ser Leu Leu				
tat gct tat ggt cgt act tcc act ttg gct gtc gtc gca tct gct att	130	135	140	480
Tyr Ala Tyr Gly Arg Thr Ser Thr Leu Ala Val Val Ala Ser Ala Ile				
act gtt ggt atc ttt tgg caa cag tgt ggt tgg ctg gct cac gat ttc	145	150	155	528
Thr Val Gly Ile Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe				
gga cat cat caa tgc ttc gaa gac cgc act tgg aac gat gtt ctc gtc	165	170	175	576
Gly His His Gln Cys Phe Glu Asp Arg Thr Trp Asn Asp Val Leu Val				
gta ttt ctc gga aac ttt tgt caa gga ttt tca tta tca tgg tgg aag	180	185	190	624
Val Phe Leu Gly Asn Phe Cys Gln Gly Phe Ser Leu Ser Trp Trp Lys				
aac aag cac aac aca cat cac gca agt aca aat gtt cat gga cag gat	195	200	205	672
Asn Lys His Asn Thr His His Ala Ser Thr Asn Val His Gly Gln Asp				
ccc gac att gac aca gcc cct gtt ttg ttg tgg gat gaa tat gct tct	210	215	220	720
Pro Asp Ile Asp Thr Ala Pro Val Leu Leu Trp Asp Glu Tyr Ala Ser				
gca gct tac tat gct tct ctc gat caa gaa ccc aca atg gta tct cga	225	230	235	768
Ala Ala Tyr Tyr Ala Ser Leu Asp Gln Glu Pro Thr Met Val Ser Arg				
ttc ctt gct gaa caa gtc ttg ccc cac caa acc cgt tat ttt ttc ttt	245	250	255	816
Phe Leu Ala Glu Gln Val Leu Pro His Gln Thr Arg Tyr Phe Phe Phe				
atc ctc gct ttt gct cgt ttg tct tgg gct ctt caa tct ttg agc tac	260	265	270	864
Ile Leu Ala Phe Ala Arg Leu Ser Trp Ala Leu Gln Ser Leu Ser Tyr				
tct ttc aag aag gag tca att aac aag tcc cgt caa ctt aac ctt ttt	275	280	285	912
Ser Phe Lys Lys Glu Ser Ile Asn Lys Ser Arg Gln Leu Asn Leu Phe				
gaa cgt gtt tgt att gtt ggt cac tgg gct ctc ttt gct ttt tgt atc	290	295	300	960
Glu Arg Val Cys Ile Val Gly His Trp Ala Leu Phe Ala Phe Cys Ile				
tac tct tgg tgt agc aac gtc tat cac atg gtt ttg ttt ttc ttg gtt	305	310	315	
Tyr Ser Trp Cys Ser Asn Val Tyr His Met Val Leu Phe Phe Leu Val				
agt cag gct acc aca ggc tac act tta gct ctt gtc ttt gct ttg aac	325	330	335	
Ser Gln Ala Thr Thr Gly Tyr Thr Leu Ala Leu Val Phe Ala Leu Asn				
cac aat ggt atg cct gtt atc act gaa gaa aag gct gaa tcg atg gaa	340	345	350	
His Asn Gly Met Pro Val Ile Thr Glu Glu Lys Ala Glu Ser Met Glu				
ttt ttt gag att caa gtt atc act ggt cgt gat gtt act ctt tcc ccc	355	360	365	
Phe Phe Glu Ile Gln Val Ile Thr Gly Arg Asp Val Thr Leu Ser Pro				
ttg ggt gat tgg ttc atg ggt ggt ttg aac tat caa atc gaa cat cat	370	375	380	
Leu Gly Asp Trp Phe Met Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His				
gtt ttc ccc aac atg cct cgt cac aac ttg cct aca gtt aag ccc atg	385	390	395	400
Val Phe Pro Asn Met Pro Arg His Asn Leu Pro Thr Val Lys Pro Met				
gtg aaa tcg ctt tgt cag aaa tat gac att aac tat cac gat act gga	405	410	415	
				1296

Val Lys Ser Leu Cys Gln Lys Tyr Asp Ile Asn Tyr His Asp Thr Gly
 420 425 430
 ttc tta aag gga aca tta gaa gta tta caa aca ctg gat att aca tcc
 1344
 Phe Leu Lys Gly Thr Leu Glu Val Leu Gln Thr Leu Asp Ile Thr Ser
 435 440 445
 aag ctc tct ttg caa tta agc aaa aag tcg ttt taa
 1380
 Lys Leu Ser Leu Gln Leu Ser Lys Lys Ser Phe
 450 455
 <210> 6
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> *Rhizopus stolonifer*
 <400> 6
 Met Ser Thr Leu Asp Arg Gln Ser Ile Phe Thr Ile Lys Glu Leu Glu
 1 5 10 15
 Ser Ile Ser Gln Arg Ile His Asp Gly Asp Glu Glu Ala Met Lys Phe
 20 25 30
 Ile Ile Ile Asp Lys Lys Val Tyr Asp Val Thr Glu Phe Ile Glu Asp
 35 40 45
 His Pro Gly Gly Ala Gln Val Leu Leu Thr His Val Gly Lys Asp Ala
 50 55 60
 Ser Asp Val Phe His Ala Met His Pro Glu Ser Ala Tyr Glu Val Leu
 65 70 75 80
 Asn Asn Tyr Phe Val Gly Asp Val Gln Glu Thr Val Val Thr Glu Lys
 85 90 95
 Ser Ser Ser Ala Gln Phe Ala Val Glu Met Arg Gln Leu Arg Asp Gln
 100 105 110
 Leu Lys Lys Glu Gly Tyr Phe His Ser Ser Lys Leu Phe Tyr Ala Tyr
 115 120 125
 Lys Val Leu Ser Thr Leu Ala Ile Cys Ile Ala Gly Leu Ser Leu Leu
 130 135 140
 Tyr Ala Tyr Gly Arg Thr Ser Thr Leu Ala Val Val Ala Ser Ala Ile
 145 150 155 160
 Thr Val Gly Ile Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe
 165 170 175
 Gly His His Gln Cys Phe Glu Asp Arg Thr Trp Asn Asp Val Leu Val
 180 185 190
 Val Phe Leu Gly Asn Phe Cys Gln Gly Phe Ser Leu Ser Trp Trp Lys
 195 200 205
 Asn Lys His Asn Thr His His Ala Ser Thr Asn Val His Gly Gln Asp
 210 215 220
 Pro Asp Ile Asp Thr Ala Pro Val Leu Leu Trp Asp Glu Tyr Ala Ser
 225 230 235 240
 Ala Ala Tyr Tyr Ala Ser Leu Asp Gln Glu Pro Thr Met Val Ser Arg
 245 250 255
 Phe Leu Ala Glu Gln Val Leu Pro His Gln Thr Arg Tyr Phe Phe Phe
 260 265 270
 Ile Leu Ala Phe Ala Arg Leu Ser Trp Ala Leu Gln Ser Leu Ser Tyr
 275 280 285
 Ser Phe Lys Lys Glu Ser Ile Asn Lys Ser Arg Gln Leu Asn Leu Phe
 290 295 300
 Glu Arg Val Cys Ile Val Gly His Trp Ala Leu Phe Ala Phe Cys Ile
 305 310 315 320
 Tyr Ser Trp Cys Ser Asn Val Tyr His Met Val Leu Phe Phe Leu Val
 325 330 335
 Ser Gln Ala Thr Thr Gly Tyr Thr Leu Ala Leu Val Phe Ala Leu Asn
 340 345 350
 His Asn Gly Met Pro Val Ile Thr Glu Glu Lys Ala Glu Ser Met Glu
 355 360 365
 Phe Phe Glu Ile Gln Val Ile Thr Gly Arg Asp Val Thr Leu Ser Pro
 370 375 380

Leu Gly Asp Trp Phe Met Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His
 385 390 395 400
 Val Phe Pro Asn Met Pro Arg His Asn Leu Pro Thr Val Lys Pro Met
 405 410 415
 Val Lys Ser Leu Cys Gln Lys Tyr Asp Ile Asn Tyr His Asp Thr Gly
 420 425 430
 Phe Leu Lys Gly Thr Leu Glu Val Leu Gln Thr Leu Asp Ile Thr Ser
 435 440 445
 Lys Leu Ser Leu Gln Leu Ser Lys Lys Ser Phe
 450 455
 <210> 7
 <211> 1401
 <212> DNA
 <213> Cunninghamella echinulata
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1401)
 <400> 7
 atg tca ggg caa act cga gtt ttt aag cga tcc gaa gtg tcc gat tcg 48
 Met Ser Gly Gln Thr Arg Val Phe Lys Arg Ser Glu Val Ser Asp Ser
 1 5 10 15
 ctc aag gcg tac caa gcg ggc gac aag aac gcc gac aag ttc ctg att 96
 Leu Lys Ala Tyr Gln Ala Gly Asp Lys Asn Ala Asp Lys Phe Leu Ile
 20 25 30
 gtc gac aac aag gtg tac gac atc acg gat ttc att gct gat cat cct 144
 Val Asp Asn Lys Val Tyr Asp Ile Thr Asp Phe Ile Ala Asp His Pro
 35 40 45
 ggc ggt gct cag gtc atc tct acg cac att ggc aag gat gcc tct gat 192
 Gly Gly Ala Gln Val Ile Ser Thr His Ile Gly Lys Asp Ala Ser Asp
 50 55 60
 gtg ttt cat gcg atg cat ccc gag tct gcg tac gaa ttg ctt gcg aat 240
 Val Phe His Ala Met His Pro Glu Ser Ala Tyr Glu Leu Leu Ala Asn
 65 70 75 80
 tgc tac gtt ggc gat ctt gct gcg gac cat gct ggt gtg cag ggc gaa 288
 Cys Tyr Val Gly Asp Leu Ala Ala Asp His Ala Gly Val Gln Gly Glu
 85 90 95
 ttg gtg aat ggt gta cac aaa aag tcc aag gca ttt gcg gac gag atg 336
 Leu Val Asn Gly Val His Lys Lys Ser Lys Ala Phe Ala Asp Glu Met
 100 105 110
 cga tcg ttg cgc gag cgt ctt gag acg gag ggt gcc ttt aat ggc agt 384
 Arg Ser Leu Arg Glu Arg Leu Glu Thr Glu Gly Ala Phe Asn Gly Ser
 115 120 125
 gtt ccg ttt tac att tac aag gtg gtg tcg acg ttg gcc att ggt gcg 432
 Val Pro Phe Tyr Ile Tyr Lys Val Val Ser Thr Leu Ala Ile Gly Ala
 130 135 140
 acg ggt ctg gcc atg ctg tac tat ggc ggc cat tcg acg tcg gtc gtg 480
 Thr Gly Leu Ala Met Leu Tyr Tyr Gly Gly His Ser Thr Ser Val Val
 145 150 155 160
 ctt gcg gcg gcg gtg gtt gtc ggt ctg ttt tgg caa cag tgc ggc tgg 528
 Leu Ala Ala Ala Val Val Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp
 165 170 175
 ctc gcc cac gac ttt ggc cac cac cag gcg ttt gcg gac cat acg gtc 576
 Leu Ala His Asp Phe Gly His His Gln Ala Phe Ala Asp His Thr Val
 180 185 190
 aat gac gtg atg att gcg ttt ttg ggt gga ttc tgc caa ggt ttc tcg 624
 Asn Asp Val Met Ile Ala Phe Leu Gly Gly Phe Cys Gln Gly Phe Ser
 195 200 205
 ctg tcg tgg tgg aag aac aag cac aac act cac cac gcc tcc acc aac 672
 Leu Ser Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Thr His His Ala Ser Thr Asn
 210 215 220
 gtc cac ggc cac gat ccc gat atc gat acg gcc cct gtc ctc ctc tgg 720
 Val His Gly His Asp Pro Asp Ile Asp Thr Ala Pro Val Leu Leu Trp
 225 230 235 240

gac gaa ttt gcc acc gcc aat ttc tat gga aac ctc gag ggt caa aag 768
 Asp Glu Phe Ala Thr Ala Asn Phe Tyr Gly Asn Leu Glu Gly Gln Lys
 245 250 255
 gat tcg gcg ttc tcg cgc ttc att gcc gaa cac gtg ctc ccc tac cag 816
 Asp Ser Ala Phe Ser Arg Phe Ile Ala Glu His Val Leu Pro Tyr Gln
 260 265 270
 acg cgc tat tac ttt ttt gtc ctc ggc ttt gcg cgt ctc tcg tgg gcc 864
 Thr Arg Tyr Tyr Phe Phe Val Leu Gly Phe Ala Arg Leu Ser Trp Ala
 275 280 285
 atc caa tcg ctc caa tac tcg ttc act gtc ggc aca ctc aac aag tca 912
 Ile Gln Ser Leu Gln Tyr Ser Phe Thr Val Gly Thr Leu Asn Lys Ser
 290 295 300
 aag acc ctc aat ctg ttt gag cgc acc atg ctt gtc agc cat tgg atc 960
 Lys Thr Leu Asn Leu Phe Glu Arg Thr Met Leu Val Ser His Trp Ile
 305 310 315 320
 ttg ttc acc act tgg acg ctc ctc ttc atc aat tca tgg acc aac atg
 1008
 Leu Phe Thr Thr Trp Thr Leu Leu Phe Ile Asn Ser Trp Thr Asn Met
 325 330 335
 gtc atg ttc ttt gtc gtc agc cag gcc acc acc ggc tac gcg ctt gcc
 1056
 Val Met Phe Phe Val Val Ser Gln Ala Thr Thr Gly Tyr Ala Leu Ala
 340 345 350
 ctc gtt ttc gcc atg aac cac tcg ggc atg ccc gtc ctc acc caa gaa
 1104
 Leu Val Phe Ala Met Asn His Ser Gly Met Pro Val Leu Thr Gln Glu
 355 360 365
 cag gcc caa aag atg gag ttc tac gag atc cag gtc gtc acc gcc cgc
 1152
 Gln Ala Gln Lys Met Glu Phe Tyr Glu Ile Gln Val Val Thr Ala Arg
 370 375 380
 gac gtc acc ctc ggt gcc ctt ggc gac tgg ttc tgc ggc ggc ctc aac
 1200
 Asp Val Thr Leu Gly Ala Leu Gly Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Asn
 385 390 395 400
 tat caa atc gag cac cat gta ttc cct gat atg ccc cgc cac tac ctg
 1248
 Tyr Gln Ile Glu His His Val Phe Pro Asp Met Pro Arg His Tyr Leu
 405 410 415
 ccc aag gtc aag cct caa gtc aag gct ctc tgc aaa aaa cac aac att
 1296
 Pro Lys Val Lys Pro Gln Val Lys Ala Leu Cys Lys Lys His Asn Ile
 420 425 430
 ttg tac cat gat acc tct gct ttg cgc ggc acc ttg gaa gtg ctg caa
 1344
 Leu Tyr His Asp Thr Ser Ala Leu Arg Gly Thr Leu Glu Val Leu Gln
 435 440 445
 acc ttg gat gtt gtc caa aag ctc tgc gca agt tct ctc aaa aga tgt
 1392
 Thr Leu Asp Val Val Gln Lys Leu Cys Ala Ser Ser Leu Lys Arg Cys
 450 455 460
 ttt aga tga
 1401
 Phe Arg
 465
 <210> 8
 <211> 466
 <212> PRT
 <213> Cunninghamella echinulata
 <400> 8
 Met Ser Gly Gln Thr Arg Val Phe Lys Arg Ser Glu Val Ser Asp Ser
 1 5 10 15
 Leu Lys Ala Tyr Gln Ala Gly Asp Lys Asn Ala Asp Lys Phe Leu Ile

```
<210> 9
<211> 1398
<212> DNA
<213> Glossomastix chrysoplasta
<220>
<221> CDS
```

<222> (1)..(1398)

<400> 9

atg ggt aaa gga ggc cgg gac gcc ggc gct gtc ggc ggc gaa gcg gag	48
Met Gly Lys Gly Gly Arg Asp Ala Gly Ala Val Gly Gly Glu Ala Glu	
1 5 10 15	
aag acg ctg ccc aag ttt acg ttg gag gag atc cag aag cat cgc acg	96
Lys Thr Leu Pro Lys Phe Thr Leu Glu Glu Ile Gln Lys His Arg Thr	
20 25 30	
ccg cag gat gcg tgg atg gtg cac cac aac aag gtg tac gat gtg tcc	144
Pro Gln Asp Ala Trp Met Val His His Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser	
35 40 45	
aac tat atg gac cac ccc ggc ggt ctg gtg atc ttt agc cac gcg ggc	192
Asn Tyr Met Asp His Pro Gly Gly Leu Val Ile Phe Ser His Ala Gly	
50 55 60	
gat gac atg acc gac gtc ttc gcg gcg ttc cac ccg ccc tcg gcg ttc	240
Asp Asp Met Thr Asp Val Phe Ala Ala Phe His Pro Pro Ser Ala Phe	
65 70 75 80	
aac ttc atg gac aag ttc ttg att ggc gtg gtg gac agc aag ggc tcg	288
Asn Phe Met Asp Lys Phe Leu Ile Gly Val Val Asp Ser Lys Gly Ser	
85 90 95	
tcg ccg cag ctc cag aag gac gcg tcc cag gcc agc ttc gag aag gca	336
Ser Pro Gln Leu Gln Lys Asp Ala Ser Gln Ala Ser Phe Glu Lys Ala	
100 105 110	
tac cgc aat ctg cga gtc cag ctc aag aag gcc ggc atg ttc aag gcc	384
Tyr Arg Asn Leu Arg Val Gln Leu Lys Lys Ala Gly Met Phe Lys Ala	
115 120 125	
tcg agc ctc ttc tac acc tac aag gtg ctc tcg acc ctg gcg ctg tgc	432
Ser Ser Leu Phe Tyr Thr Tyr Lys Val Leu Ser Thr Leu Ala Leu Cys	
130 135 140	
ctc gtg tcc tgg ggc ctc gtg ctg ggg tcg gac cac ttc ggt gtg cac	480
Leu Val Ser Trp Gly Leu Val Leu Gly Ser Asp His Phe Gly Val His	
145 150 155 160	
ctc gtg ggc gct ctc ttc ctc gcg ctc ttc tgg cag cag tgc ggc tgg	528
Leu Val Gly Ala Leu Phe Leu Ala Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp	
165 170 175	
ttg gcc cac gac ttc ctg cac cac cag gtc ttc cag aac cgg gct cac	576
Leu Ala His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Gln Asn Arg Ala His	
180 185 190	
ggc gac ctc gcc ggt atc atg atc ggc aac gtg tgg cag ggc ttc tcc	624
Gly Asp Leu Ala Gly Ile Met Ile Gly Asn Val Trp Gln Gly Phe Ser	
195 200 205	
gtg gcc tgg tgg aag aac aag cac aac acc cac cac tcg gtg ccg aac	672
Val Ala Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Thr His His Ser Val Pro Asn	
210 215 220	
ctc tac gag tcg cag ccc gac gcc gcc gac ggc gat ccg gac atc gac	720
Leu Tyr Glu Ser Gln Pro Asp Ala Ala Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp	
225 230 235 240	
acc atg ccc ctc ctc gcc tgg tcg ctg cgc atg gcc aag aac gcg gac	768
Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp Ser Leu Arg Met Ala Lys Asn Ala Asp	
245 250 255	
aac gcg cta tcc cgg tgg ttc gtg tcc cac cag gcc ttc tgc tac ttc	816
Asn Ala Leu Ser Arg Trp Phe Val Ser His Gln Ala Phe Cys Tyr Phe	
260 265 270	
ccc atc ctt ggc ctc gcg cgg ctc tcg tgg ctc gag ggg tcc ttc tcc	864
Pro Ile Leu Gly Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Glu Gly Ser Phe Ser	
275 280 285	
ttc gtg ttc tcc aac ccg ttg gca tgg aag acg aag aac ctt gat gta	912
Phe Val Phe Ser Asn Pro Leu Ala Trp Lys Thr Lys Asn Leu Asp Val	
290 295 300	
gcc aag cag ctc gtg acc aac ccc ctg ttg gag cag gcc ggc ctc ctg	960
Ala Lys Gln Leu Val Thr Asn Pro Leu Leu Glu Gln Ala Gly Leu Leu	
305 310 315 320	

gtc cac tac gcc tgg gtc ttc gcc ctc tgc gcg tgc acg ggc tcc ctg
 1008
 Val His Tyr Ala Trp Val Phe Ala Leu Cys Ala Cys Thr Gly Ser Leu
 325 330 335
 gtg cgc gcc ctg gcg ttc ttc ttc gtg gcc acc tgc acc agc ggc ctt
 1056
 Val Arg Ala Leu Ala Phe Phe Phe Val Ala Thr Cys Thr Ser Gly Leu
 340 345 350
 ctc ctc gcc atc gtc ttc ggc ctc ggc cac aac ggc atg gcg ctc tac
 1104
 Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met Ala Leu Tyr
 355 360 365
 gag gcc aat gcc cgg ccg gac ttc tgg aag ctc cag gtg acc acc acg
 1152
 Glu Ala Asn Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val Thr Thr Thr
 370 375 380
 cgg aac atc acc ggc agc ccc ttt gtg cac tgg ttc tgc ggc ggc ctc
 1200
 Arg Asn Ile Thr Gly Ser Pro Phe Val His Trp Phe Cys Gly Gly Leu
 385 390 395 400
 cag ttc cag gtg gag cac cac ctc ttc ccc tcg ctg ccc cgg cac aac
 1248
 Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn
 405 410 415
 ctc ccc cgg gcc cac gag atc gtg acg gcc ttc tgc aag gag cag ggc
 1296
 Leu Pro Arg Ala His Glu Ile Val Thr Ala Phe Cys Lys Glu Gln Gly
 420 425 430
 gtc aag tac cac gag gcc gac ctc ctt acc ggg acc aag gag att ctt
 1344
 Val Lys Tyr His Glu Ala Asp Leu Leu Thr Gly Thr Lys Glu Ile Leu
 435 440 445
 tcg tgc ttg tcg gag gta acg acg gag ttc ctc gac gag ttc cca gcc
 1392
 Ser Cys Leu Ser Glu Val Thr Thr Glu Phe Leu Asp Glu Phe Pro Ala
 450 455 460
 atg taa
 1398
 Met
 465
 <210> 10
 <211> 465
 <212> PRT
 <213> *Glossomastix chrysoplata*
 <400> 10
 Met Gly Lys Gly Gly Arg Asp Ala Gly Ala Val Gly Gly Glu Ala Glu
 1 5 10 15
 Lys Thr Leu Pro Lys Phe Thr Leu Glu Glu Ile Gln Lys His Arg Thr
 20 25 30
 Pro Gln Asp Ala Trp Met Val His His Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser
 35 40 45
 Asn Tyr Met Asp His Pro Gly Gly Leu Val Ile Phe Ser His Ala Gly
 50 55 60
 Asp Asp Met Thr Asp Val Phe Ala Ala Phe His Pro Pro Ser Ala Phe
 65 70 75 80
 Asn Phe Met Asp Lys Phe Leu Ile Gly Val Val Asp Ser Lys Gly Ser
 85 90 95
 Ser Pro Gln Leu Gln Lys Asp Ala Ser Gln Ala Ser Phe Glu Lys Ala
 100 105 110
 Tyr Arg Asn Leu Arg Val Gln Leu Lys Lys Ala Gly Met Phe Lys Ala
 115 120 125
 Ser Ser Leu Phe Tyr Thr Tyr Lys Val Leu Ser Thr Leu Ala Leu Cys
 130 135 140

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

Met

465

<210> 11

<211> 1455

<212> DNA

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1455)

<400> 11

atg gga aaa gga gga gac gca gcc gca gct acc aag cgt agt gga gca	48
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Ala Ala Ala Thr Lys Arg Ser Gly Ala	
1 5 10 15	
ttg aaa ttg gcg gag aag ccg cag aag tac act tgg cag gag gtg aag	96
Leu Lys Leu Ala Glu Lys Pro Gln Lys Tyr Thr Trp Gln Glu Val Lys	
20 25 30	
aag cac atc acc ccc gac gat gcc tgg gta gtc cac caa aac aaa gtc	144
Lys His Ile Thr Pro Asp Asp Ala Trp Val Val His Gln Asn Lys Val	
35 40 45	
tac gac gtc tcc aac tgg tac gac cac ccc ggt gga gcc gtg gtg ttc	192
Tyr Asp Val Ser Asn Trp Tyr Asp His Pro Gly Gly Ala Val Val Phe	
50 55 60	
acc cac gcc gga gac gac atg acg gac atc ttc gcc gcc ttc cac gcc	240

Thr 65	His	Ala	Gly	Asp 70	Asp	Met	Thr	Asp	Ile 75	Phe	Ala	Ala	Phe	His	Ala 80	
caa	ggc	tct	cag	gcc	atg	atg	aag	aag	ttt	tac	att	gga	gat	ttg	att	288
Gln	Gly	Ser	Gln	Ala	Met	Met	Lys	Lys	Phe	Tyr	Ile	Gly	Asp	Leu	Ile	
				85					90					95		
ccg	gag	agt	gtg	gag	cat	aag	gat	caa	aga	cag	ttg	gat	ttc	gag	aag	336
Pro	Glu	Ser	Val	Glu	His	Lys	Asp	Gln	Arg	Gln	Leu	Asp	Phe	Glu	Lys	
			100					105					110			
gga	tat	cgt	gat	tta	cgg	gcc	aag	ctt	gtc	atg	atg	ggg	atg	ttc	aag	384
Gly	Tyr	Arg	Asp	Leu	Arg	Ala	Lys	Leu	Val	Met	Met	Gly	Met	Phe	Lys	
		115					120					125				
tcg	agt	aag	atg	tat	tat	gca	tac	aag	tgc	tcg	ttc	aat	atg	tgc	atg	432
Ser	Ser	Lys	Met	Tyr	Tyr	Ala	Tyr	Lys	Cys	Ser	Phe	Asn	Met	Cys	Met	
		130				135					140					
tgg	ttg	gtg	gcg	gtg	gcc	atg	gtg	tac	tac	tcg	gac	agt	ttg	gca	atg	480
Trp	Leu	Val	Ala	Val	Ala	Met	Val	Tyr	Tyr	Ser	Asp	Ser	Leu	Ala	Met	
145					150					155					160	
cac	att	gga	tcg	gct	ctc	ttg	ttg	gga	ttg	ttc	tgg	cag	cag	tgt	gga	528
His	Ile	Gly	Ser	Ala	Leu	Leu	Leu	Gly	Leu	Phe	Trp	Gln	Gln	Cys	Gly	
				165				170						175		
tgg	ctt	gcg	cac	gac	ttt	ctt	cac	caa	gtc	ttt	aag	caa	cga	aag		576
Trp	Leu	Ala	His	Asp	Phe	Leu	His	His	Gln	Val	Phe	Lys	Gln	Arg	Lys	
			180					185					190			
tac	gga	gat	ctc	gtt	ggc	atc	ttt	tgg	gga	gat	ctc	atg	cag	ggg	ttc	624
Tyr	Gly	Asp	Leu	Val	Gly	Ile	Phe	Trp	Gly	Asp	Leu	Met	Gln	Gly	Phe	
		195					200					205				
tcg	atg	cag	tgg	tgg	aag	aac	aag	cac	aat	ggc	cac	cat	gct	gtt	ccc	672
Ser	Met	Gln	Trp	Trp	Lys	Asn	Lys	His	Asn	Gly	His	His	Ala	Val	Pro	
		210				215					220					
aac	ttg	cac	aac	tct	tcc	ttg	gac	agt	cag	gat	ggg	gat	ccc	gat	att	720
Asn	Leu	His	Asn	Ser	Ser	Leu	Asp	Ser	Gln	Asp	Gly	Asp	Pro	Asp	Ile	
225					230					235					240	
gat	acc	atg	cca	ctc	ctt	gct	tgg	agt	ctc	aag	cag	gct	cag	agt	ttc	768
Asp	Thr	Met	Pro	Leu	Leu	Ala	Trp	Ser	Leu	Lys	Gln	Ala	Gln	Ser	Phe	
				245					250					255		
aga	gag	atc	aat	aag	gga	aag	gac	agt	acc	ttc	gtc	aag	tac	gct	atc	816
Arg	Glu	Ile	Asn	Lys	Gly	Lys	Asp	Ser	Thr	Phe	Val	Lys	Tyr	Ala	Ile	
			260					265					270			
aaa	ttc	cag	gca	ttc	aca	tac	ttc	ccc	atc	ctc	ctc	ttg	gct	cgc	atc	864
Lys	Phe	Gln	Ala	Phe	Thr	Tyr	Phe	Pro	Ile	Leu	Leu	Leu	Ala	Arg	Ile	
		275					280						285			
tct	tgg	ttg	aat	gaa	tcc	ttc	aaa	act	gca	ttc	gga	ctc	gga	gct	gcc	912
Ser	Trp	Leu	Asn	Glu	Ser	Phe	Lys	Thr	Ala	Phe	Gly	Leu	Gly	Ala	Ala	
		290				295					300					
tcg	gag	aat	gcc	aag	ttg	gag	ttg	gag	aag	cgt	gga	ctt	cag	tac	cca	960
Ser	Glu	Asn	Ala	Lys	Leu	Glu	Leu	Glu	Lys	Arg	Gly	Leu	Gln	Tyr	Pro	
305					310					315					320	
ctt	ttg	gag	aag	ctt	gga	atc	acc	ctt	cac	tac	act	tgg	atg	ttc	gtc	
1008																
Leu	Leu	Glu	Lys	Leu	Gly	Ile	Thr	Leu	His	Tyr	Thr	Trp	Met	Phe	Val	
				325					330					335		
ctc	tct	tcc	gga	ttt	gga	agg	tgg	tct	ctt	cca	tat	tcc	atc	atg	tat	
1056																
Leu	Ser	Ser	Gly	Phe	Gly	Arg	Trp	Ser	Leu	Pro	Tyr	Ser	Ile	Met	Tyr	
			340					345					350			
ttc	ttc	act	gcc	aca	tgc	tcc	tcg	gga	ctt	ttc	ctc	gca	ttg	gtc	ttt	
1104																
Phe	Phe	Thr	Ala	Thr	Cys	Ser	Ser	Gly	Leu	Phe	Leu	Ala	Leu	Val	Phe	
			355				360					365				
gga	ttg	gga	cac	aac	ggg	atg	tca	gtg	tac	gat	gcc	acc	acc	cga	cct	
1152																
Gly	Leu	Gly	His	Asn	Gly	Met	Ser	Val	Tyr	Asp	Ala	Thr	Thr	Arg	Pro	
			370			375					380					

gac ttc tgg caa ctc caa gtc acc act aca cgt aac atc att ggt gga
 1200
 Asp Phe Trp Gln Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Ile Ile Gly Gly
 385 390 395 400
 cac ggc att ccc caa ttc ttt gtg gat tgg ttc tgc ggt gga ttg caa
 1248
 His Gly Ile Pro Gln Phe Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln
 405 410 415
 tac caa gtg gat cac cac ctc ttc ccc atg atg cct aga aac aat atc
 1296
 Tyr Gln Val Asp His His Leu Phe Pro Met Met Pro Arg Asn Asn Ile
 420 425 430
 gcg aag tgc cac aag ctt gtg gag tca ttc tgt aag gag tgg ggt gtg
 1344
 Ala Lys Cys His Lys Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val
 435 440 445
 aag tac cat gag gct gat atg tgg gat ggt acc gtg gaa gtg ttg caa
 1392
 Lys Tyr His Glu Ala Asp Met Trp Asp Gly Thr Val Glu Val Leu Gln
 450 455 460
 cat ctc tcc aag gtg tgc gat gat ttc ctt gtg gag atg gtg aag gat
 1440
 His Leu Ser Lys Val Ser Asp Asp Phe Leu Val Glu Met Val Lys Asp
 465 470 475 480
 ttc cct gcc atg taa
 1455
 Phe Pro Ala Met
 <210> 12
 <211> 484
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*
 <400> 12
 Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Ala Ala Ala Thr Lys Arg Ser Gly Ala
 1 5 10 15
 Leu Lys Leu Ala Glu Lys Pro Gln Lys Tyr Thr Trp Gln Glu Val Lys
 20 25 30
 Lys His Ile Thr Pro Asp Asp Ala Trp Val Val His Gln Asn Lys Val
 35 40 45
 Tyr Asp Val Ser Asn Trp Tyr Asp His Pro Gly Gly Ala Val Val Phe
 50 55 60
 Thr His Ala Gly Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala
 65 70 75 80
 Gln Gly Ser Gln Ala Met Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Leu Ile
 85 90 95
 Pro Glu Ser Val Glu His Lys Asp Gln Arg Gln Leu Asp Phe Glu Lys
 100 105 110
 Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ala Lys Leu Val Met Met Gly Met Phe Lys
 115 120 125
 Ser Ser Lys Met Tyr Tyr Ala Tyr Lys Cys Ser Phe Asn Met Cys Met
 130 135 140
 Trp Leu Val Ala Val Ala Met Val Tyr Tyr Ser Asp Ser Leu Ala Met
 145 150 155 160
 His Ile Gly Ser Ala Leu Leu Leu Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly
 165 170 175
 Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Lys Gln Arg Lys
 180 185 190
 Tyr Gly Asp Leu Val Gly Ile Phe Trp Gly Asp Leu Met Gln Gly Phe
 195 200 205
 Ser Met Gln Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro
 210 215 220
 Asn Leu His Asn Ser Ser Leu Asp Ser Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile
 225 230 235 240
 Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp Ser Leu Lys Gln Ala Gln Ser Phe

[illegible]

```
<210>      13
<211>      1446
<212>      DNA
<213>      Marchantia polymorpha
<220>
<221>      CDS
<222>      (1)..(1446)
<400>      13
```

[illegible]

cag gac ctg tac atc gga gat ctg tac aat gcc gag cca gtg tcg gag	432
Gln Asp Leu Tyr Ile Gly Asp Leu Tyr Asn Ala Glu Pro Val Ser Glu	
130 135 140	
ctg gtg aag gat tac cga gac ctg agg acg gcg ttc atg cgt tct cag	480
Leu Val Lys Asp Tyr Arg Asp Leu Arg Thr Ala Phe Met Arg Ser Gln	
145 150 155 160	
cta ttc aag agc agt aaa atg tac tac gtg acc aag tgc gtc aca aat	528
Leu Phe Lys Ser Ser Lys Met Tyr Tyr Val Thr Lys Cys Val Thr Asn	
165 170 175	
ttt gca att ctt gcc gcc agt ctc gca gtc atc gcg tgg agc cag acg	576
Phe Ala Ile Leu Ala Ala Ser Leu Ala Val Ile Ala Trp Ser Gln Thr	
180 185 190	
tat ctg gcg gtt ttg tgc tcc agt ttc ctg ttg gct ctc ttc tgg cag	624
Tyr Leu Ala Val Leu Cys Ser Ser Phe Leu Leu Ala Leu Phe Trp Gln	
195 200 205	
caa tgt gga tgg tta tcg cac gat ttt ctc cac cac cag gtg acc gag	672
Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val Thr Glu	
210 215 220	
aac cga tcg ctc aac acg tac ttc ggc ggc ctg ttc tgg ggt aac ttc	720
Asn Arg Ser Leu Asn Thr Tyr Phe Gly Gly Leu Phe Trp Gly Asn Phe	
225 230 235 240	
gcc cag ggc tac agc gtg gga tgg tgg aag acc aag cac aat gtg cac	768
Ala Gln Gly Tyr Ser Val Gly Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Val His	
245 250 255	
cac gcg gcc acg aac gaa tgc gac gac aag tat cag ccc atc gat ccc	816
His Ala Ala Thr Asn Glu Cys Asp Asp Lys Tyr Gln Pro Ile Asp Pro	
260 265 270	
gac atc gac acc gtg ccc ctg ctc gcc tgg agc aag gaa atc ttg gcc	864
Asp Ile Asp Thr Val Pro Leu Leu Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala	
275 280 285	
acc gtc gac gac caa ttc ttc cga tcg atc atc agc gtg cag cac ctt	912
Thr Val Asp Asp Gln Phe Phe Arg Ser Ile Ile Ser Val Gln His Leu	
290 295 300	
ctg ttc ttc ccg ctc ctc ttc ttg gca aga ttc agc tgg ctg cat tcg	960
Leu Phe Phe Pro Leu Leu Phe Leu Ala Arg Phe Ser Trp Leu His Ser	
305 310 315 320	
agt tgg gcc cac gcc agc aac ttc gag atg cct cgg tac atg aga tgg	
1008	
Ser Trp Ala His Ala Ser Asn Phe Glu Met Pro Arg Tyr Met Arg Trp	
325 330 335	
gcg gag aag gcc tcg ctc ctc ggg cac tac ggc gcc tca atc ggc gcc	
1056	
Ala Glu Lys Ala Ser Leu Leu Gly His Tyr Gly Ala Ser Ile Gly Ala	
340 345 350	
gcc ttc tac att ttg ccc atc ccc cag gcc atc tgc tgg ctc ttc ttg	
1104	
Ala Phe Tyr Ile Leu Pro Ile Pro Gln Ala Ile Cys Trp Leu Phe Leu	
355 360 365	
tcg caa ctg ttt tgc ggc gct ctg ctc agc att gtc ttc gtg atc agc	
1152	
Ser Gln Leu Phe Cys Gly Ala Leu Leu Ser Ile Val Phe Val Ile Ser	
370 375 380	
cac aat ggc atg gat gtg tac aac gac ccc cgg gac ttc gtg acg gcc	
1200	
His Asn Gly Met Asp Val Tyr Asn Asp Pro Arg Asp Phe Val Thr Ala	
385 390 395 400	
caa gtc acc tcg acc aga aac atc gaa ggc aac ttc ttc aac gac tgg	
1248	
Gln Val Thr Ser Thr Arg Asn Ile Glu Gly Asn Phe Phe Asn Asp Trp	
405 410 415	
ttc acc gga ggc ctg aac agg cag att gag cac cat ctg ttt ccg tct	
1296	
Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Ser	

420 425 430
 ctt ccg agg cac aac ctc gcc aag gtc gcg cca cac gtc aag gcg ctc
 1344
 Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Val Ala Pro His Val Lys Ala Leu
 435 440 445
 tgc gcc aag cac ggt ttg cat tac gaa gaa ttg agt ctg ggc acg gga
 1392
 Cys Ala Lys His Gly Leu His Tyr Glu Glu Leu Ser Leu Gly Thr Gly
 450 455 460
 gtc tgt cgt gtc ttc aat cgg cta gta gag gta gca tac gct gcg aaa
 1440
 Val Cys Arg Val Phe Asn Arg Leu Val Glu Val Ala Tyr Ala Ala Lys
 465 470 475 480
 gta tag
 1446
 Val
 <210> 14
 <211> 481
 <212> PRT
 <213> Marchantia polymorpha
 <400> 14
 Met Ala Ser Ser Thr Thr Thr Ala Val Lys Gln Ser Ser Gly Gly Leu
 1 5 10 15
 Trp Ser Lys Trp Gly Thr Gly Ser Asn Leu Ser Phe Val Ser Arg Lys
 20 25 30
 Glu Gln Gln Gln Gln Gln Gln Ser Ser Pro Glu Ala Ser Thr Pro
 35 40 45
 Ala Ala Gln Gln Glu Lys Ser Ile Ser Arg Glu Ser Ile Pro Glu Gly
 50 55 60
 Phe Leu Thr Val Glu Glu Val Ser Lys His Asp Asn Pro Ser Asp Cys
 65 70 75 80
 Trp Ile Val Ile Asn Asp Lys Val Tyr Asp Val Ser Ala Phe Gly Lys
 85 90 95
 Thr His Pro Gly Gly Pro Val Ile Phe Thr Gln Ala Gly Arg Asp Ala
 100 105 110
 Thr Asp Ser Phe Lys Val Phe His Ser Ala Lys Ala Trp Gln Phe Leu
 115 120 125
 Gln Asp Leu Tyr Ile Gly Asp Leu Tyr Asn Ala Glu Pro Val Ser Glu
 130 135 140
 Leu Val Lys Asp Tyr Arg Asp Leu Arg Thr Ala Phe Met Arg Ser Gln
 145 150 155 160
 Leu Phe Lys Ser Ser Lys Met Tyr Tyr Val Thr Lys Cys Val Thr Asn
 165 170 175
 Phe Ala Ile Leu Ala Ala Ser Leu Ala Val Ile Ala Trp Ser Gln Thr
 180 185 190
 Tyr Leu Ala Val Leu Cys Ser Ser Phe Leu Leu Ala Leu Phe Trp Gln
 195 200 205
 Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val Thr Glu
 210 215 220
 Asn Arg Ser Leu Asn Thr Tyr Phe Gly Gly Leu Phe Trp Gly Asn Phe
 225 230 235 240
 Ala Gln Gly Tyr Ser Val Gly Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Val His
 245 250 255
 His Ala Ala Thr Asn Glu Cys Asp Asp Lys Tyr Gln Pro Ile Asp Pro
 260 265 270
 Asp Ile Asp Thr Val Pro Leu Leu Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala
 275 280 285
 Thr Val Asp Asp Gln Phe Phe Arg Ser Ile Ile Ser Val Gln His Leu
 290 295 300
 Leu Phe Phe Pro Leu Leu Phe Leu Ala Arg Phe Ser Trp Leu His Ser
 305 310 315 320
 Ser Trp Ala His Ala Ser Asn Phe Glu Met Pro Arg Tyr Met Arg Trp
 325 330 335

Ala Glu Lys Ala Ser Leu Leu Gly His Tyr Gly Ala Ser Ile Gly Ala
 340 345 350
 Ala Phe Tyr Ile Leu Pro Ile Pro Gln Ala Ile Cys Trp Leu Phe Leu
 355 360 365
 Ser Gln Leu Phe Cys Gly Ala Leu Leu Ser Ile Val Phe Val Ile Ser
 370 375 380
 His Asn Gly Met Asp Val Tyr Asn Asp Pro Arg Asp Phe Val Thr Ala
 385 390 395 400
 Gln Val Thr Ser Thr Arg Asn Ile Glu Gly Asn Phe Phe Asn Asp Trp
 405 410 415
 Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Ser
 420 425 430
 Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Val Ala Pro His Val Lys Ala Leu
 435 440 445
 Cys Ala Lys His Gly Leu His Tyr Glu Glu Leu Ser Leu Gly Thr Gly
 450 455 460
 Val Cys Arg Val Phe Asn Arg Leu Val Glu Val Ala Tyr Ala Ala Lys
 465 470 475 480
 Val

<210> 15
 <211> 1377
 <212> DNA
 <213> *Rhizopus oryzae*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1377)
 <400> 15

atg agt aca tca gat cgt caa tca gtt ttc aca tta aaa gag ttg gaa	48
Met Ser Thr Ser Asp Arg Gln Ser Val Phe Thr Leu Lys Glu Leu Glu	
1 5 10 15	
ctg att aat caa aaa cat cga gat gga gat aaa agt gcg atg aag ttc	96
Leu Ile Asn Gln Lys His Arg Asp Gly Asp Lys Ser Ala Met Lys Phe	
20 25 30	
att atc att gat cgt aag gtg tac gat gtg act gaa ttc ttg gaa gat	144
Ile Ile Ile Asp Arg Lys Val Tyr Asp Val Thr Glu Phe Leu Glu Asp	
35 40 45	
cat cct ggt ggt gca caa gta tta ctg aca cac gtt gga aaa gat gca	192
His Pro Gly Gly Ala Gln Val Leu Leu Thr His Val Gly Lys Asp Ala	
50 55 60	
tct gat gta ttt cat gcc atg cat ccc gag tca gca tat gaa atc ttg	240
Ser Asp Val Phe His Ala Met His Pro Glu Ser Ala Tyr Glu Ile Leu	
65 70 75 80	
aac aat tat ttt gta gga gat gta aaa gat gca cat gta aag gag acc	288
Asn Asn Tyr Phe Val Gly Asp Val Lys Asp Ala His Val Lys Glu Thr	
85 90 95	
cct tct gct caa ttt gct tca gaa atg cgt caa ctt cgg gat caa ttg	336
Pro Ser Ala Gln Phe Ala Ser Glu Met Arg Gln Leu Arg Asp Gln Leu	
100 105 110	
aaa aaa gaa ggt tat ttt cat tct agt aaa gct tat tat gtt tac aag	384
Lys Lys Glu Gly Tyr Phe His Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Val Tyr Lys	
115 120 125	
gtc ctc tct act ctt gct ctt tgt gca gct ggt ctt act ctt ttg tat	432
Val Leu Ser Thr Leu Ala Leu Cys Ala Ala Gly Leu Thr Leu Leu Tyr	
130 135 140	
gct tat gga cat aca tct act tta gct gtt gtt gca tct gct att att	480
Ala Tyr Gly His Thr Ser Thr Leu Ala Val Val Ala Ser Ala Ile Ile	
145 150 155 160	
gtt ggt atc ttt tgg caa caa tgt ggt tgg ttg gct cat gat ttt gga	528
Val Gly Ile Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Gly	
165 170 175	
cat cat caa tgc ttt gaa gat cgc tct tgg aat gat gtt ctt gtt gtt	576
His His Gln Cys Phe Glu Asp Arg Ser Trp Asn Asp Val Leu Val Val	

	180		185		190		
ttc ctt gga aac ttt tgt caa ggt ttt tca ttg tca tgg tgg aag aat						624	
Phe Leu Gly Asn Phe Cys Gln Gly Phe Ser Leu Ser Trp Trp Lys Asn							
195		200		205			
aaa cat aac act cac cac gct agt acg aat gtt cat gga cat gat ccc						672	
Lys His Asn Thr His His Ala Ser Thr Asn Val His Gly His Asp Pro							
210		215		220			
gat att gac act gct cct gtc tta tta tgg gat gaa tat gca tct gca						720	
Asp Ile Asp Thr Ala Pro Val Leu Leu Trp Asp Glu Tyr Ala Ser Ala							
225		230		235		240	
gct tat tat gcc tca ctg gat gaa gaa ccc aca atg att tct cga ttc						768	
Ala Tyr Tyr Ala Ser Leu Asp Glu Glu Pro Thr Met Ile Ser Arg Phe							
	245		250		255		
ctt gct gaa agt gtc ttg cct cat caa act cgt tat tac ttc ttt gtt						816	
Leu Ala Glu Ser Val Leu Pro His Gln Thr Arg Tyr Tyr Phe Phe Val							
	260		265		270		
ctc ggc ttt gct cgt tta tca tgg gcc atc caa tcc tta ctc tac tca						864	
Leu Gly Phe Ala Arg Leu Ser Trp Ala Ile Gln Ser Leu Leu Tyr Ser							
	275		280		285		
ttc aaa caa ggt gct att aac aag tct cat caa ctc aac ctc ttt gaa						912	
Phe Lys Gln Gly Ala Ile Asn Lys Ser His Gln Leu Asn Leu Phe Glu							
	290		295		300		
cgc ttt tgt ctt gtt agt cac tgg act tta ttc tac tgt aca ctt						960	
Arg Phe Cys Leu Val Ser His Trp Thr Leu Phe Thr Tyr Cys Thr Leu							
	305	310		315		320	
gcc tgg tgt agc aac gtc tat cac atg att ttg ttc ttt ttg gtt agt							
1008							
Ala Trp Cys Ser Asn Val Tyr His Met Ile Leu Phe Phe Leu Val Ser							
	325		330		335		
caa gca act acc ggt tac aca ttg gcc ctt gta ttt gct ttg aat cac							
1056							
Gln Ala Thr Thr Gly Tyr Thr Leu Ala Leu Val Phe Ala Leu Asn His							
	340		345		350		
aat ggt atg cct gtg att act gaa gaa aag gcc gag tca atg gaa ttt							
1104							
Asn Gly Met Pro Val Ile Thr Glu Glu Lys Ala Glu Ser Met Glu Phe							
	355		360		365		
ttc gaa att caa gtg att aca ggt cgt gat gta aca ctc tct cct tta							
1152							
Phe Glu Ile Gln Val Ile Thr Gly Arg Asp Val Thr Leu Ser Pro Leu							
	370		375		380		
ggt gat tgg ttc atg ggt gga ttg aac tat caa atc gag cat cat gtt							
1200							
Gly Asp Trp Phe Met Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Val							
	385	390		395		400	
ttc cct aat atg cct cgt cat aat tta cct aaa gta aag cca atg gtc							
1248							
Phe Pro Asn Met Pro Arg His Asn Leu Pro Lys Val Lys Pro Met Val							
	405		410		415		
aag tca ctt tgt aag aaa tat gat att aat tat cac gat act gga ttc							
1296							
Lys Ser Leu Cys Lys Lys Tyr Asp Ile Asn Tyr His Asp Thr Gly Phe							
	420		425		430		
ttg aaa gga aca ttg gaa gta cta aag aca tta gat att act tcc aag							
1344							
Leu Lys Gly Thr Leu Glu Val Leu Lys Thr Leu Asp Ile Thr Ser Lys							
	435		440		445		
ttg tct ttg caa ttg agc aaa aag tca ttt taa							
1377							
Leu Ser Leu Gln Leu Ser Lys Lys Ser Phe							
	450		455				
<210> 16							
<211> 458							

```

<212>  PRT
<213>  Rhizopus oryzae
<400>  16
Met Ser Thr Ser Asp Arg Gln Ser Val Phe Thr Leu Lys Glu Leu Glu
1      5      10      15
Leu Ile Asn Gln Lys His Arg Asp Gly Asp Lys Ser Ala Met Lys Phe
20      25      30
Ile Ile Ile Asp Arg Lys Val Tyr Asp Val Thr Glu Phe Leu Glu Asp
35      40      45
His Pro Gly Gly Ala Gln Val Leu Leu Thr His Val Gly Lys Asp Ala
50      55      60
Ser Asp Val Phe His Ala Met His Pro Glu Ser Ala Tyr Glu Ile Leu
65      70      75      80
Asn Asn Tyr Phe Val Gly Asp Val Lys Asp Ala His Val Lys Glu Thr
85      90      95
Pro Ser Ala Gln Phe Ala Ser Glu Met Arg Gln Leu Arg Asp Gln Leu
100     105     110
Lys Lys Glu Gly Tyr Phe His Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Val Tyr Lys
115     120     125
Val Leu Ser Thr Leu Ala Leu Cys Ala Ala Gly Leu Thr Leu Leu Tyr
130     135     140
Ala Tyr Gly His Thr Ser Thr Leu Ala Val Val Ala Ser Ala Ile Ile
145     150     155     160
Val Gly Ile Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Gly
165     170     175
His His Gln Cys Phe Glu Asp Arg Ser Trp Asn Asp Val Leu Val Val
180     185     190
Phe Leu Gly Asn Phe Cys Gln Gly Phe Ser Leu Ser Trp Trp Lys Asn
195     200     205
Lys His Asn Thr His His Ala Ser Thr Asn Val His Gly His Asp Pro
210     215     220
Asp Ile Asp Thr Ala Pro Val Leu Leu Trp Asp Glu Tyr Ala Ser Ala
225     230     235     240
Ala Tyr Tyr Ala Ser Leu Asp Glu Glu Pro Thr Met Ile Ser Arg Phe
245     250     255
Leu Ala Glu Ser Val Leu Pro His Gln Thr Arg Tyr Tyr Phe Phe Val
260     265     270
Leu Gly Phe Ala Arg Leu Ser Trp Ala Ile Gln Ser Leu Leu Tyr Ser
275     280     285
Phe Lys Gln Gly Ala Ile Asn Lys Ser His Gln Leu Asn Leu Phe Glu
290     295     300
Arg Phe Cys Leu Val Ser His Trp Thr Leu Phe Thr Tyr Cys Thr Leu
305     310     315     320
Ala Trp Cys Ser Asn Val Tyr His Met Ile Leu Phe Phe Leu Val Ser
325     330     335
Gln Ala Thr Thr Gly Tyr Thr Leu Ala Leu Val Phe Ala Leu Asn His
340     345     350
Asn Gly Met Pro Val Ile Thr Glu Glu Lys Ala Glu Ser Met Glu Phe
355     360     365
Phe Glu Ile Gln Val Ile Thr Gly Arg Asp Val Thr Leu Ser Pro Leu
370     375     380
Gly Asp Trp Phe Met Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Val
385     390     395     400
Phe Pro Asn Met Pro Arg His Asn Leu Pro Lys Val Lys Pro Met Val
405     410     415
Lys Ser Leu Cys Lys Lys Tyr Asp Ile Asn Tyr His Asp Thr Gly Phe
420     425     430
Leu Lys Gly Thr Leu Glu Val Leu Lys Thr Leu Asp Ile Thr Ser Lys
435     440     445
Leu Ser Leu Gln Leu Ser Lys Lys Ser Phe
450     455
<210>  17
<211>  1404

```

<212> DNA
 <213> Mucor rouxii
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1404)
 <400> 17

atg agc agc gac gta gga gca aca gta ccc cat ttt tat act cgt gct	48
Met Ser Ser Asp Val Gly Ala Thr Val Pro His Phe Tyr Thr Arg Ala	
1 5 10 15	
gaa ttg gct gat atc cat caa gat gtt ctg gac aag aaa cct gaa gct	96
Glu Leu Ala Asp Ile His Gln Asp Val Leu Asp Lys Lys Pro Glu Ala	
20 25 30	
aga aaa cta att gtc gtc gag aat aag gta tac gat atc aca gat ttc	144
Arg Lys Leu Ile Val Val Glu Asn Lys Val Tyr Asp Ile Thr Asp Phe	
35 40 45	
gta ttt gat cac cct ggc ggt gag cga gta ctt ttg act caa gag ggc	192
Val Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Arg Val Leu Leu Thr Gln Glu Gly	
50 55 60	
aga gac gct aca gat gtc ttt cat gaa atg cat cct ccc tct gct tac	240
Arg Asp Ala Thr Asp Val Phe His Glu Met His Pro Pro Ser Ala Tyr	
65 70 75 80	
gaa ttg ctg gcg aat tgc tat gtt ggc gat tgt gag ccc aag ctg cct	288
Glu Leu Leu Ala Asn Cys Tyr Val Gly Asp Cys Glu Pro Lys Leu Pro	
85 90 95	
atc gat tca acc gat aag aag gca ttg aat tct gct gct ttt gct caa	336
Ile Asp Ser Thr Asp Lys Lys Ala Leu Asn Ser Ala Ala Phe Ala Gln	
100 105 110	
gaa att cgt gat ctc cga gat aaa tta gaa aaa caa ggc tat ttc gac	384
Glu Ile Arg Asp Leu Arg Asp Lys Leu Glu Lys Gln Gly Tyr Phe Asp	
115 120 125	
gct agt act ggt ttc tac atc tat aaa gtt tcc act acc cta ctt gtc	432
Ala Ser Thr Gly Phe Tyr Ile Tyr Lys Val Ser Thr Thr Leu Leu Val	
130 135 140	
tgt att gta ggt tta gct atc ctc aaa gct tgg ggt aga gag tct act	480
Cys Ile Val Gly Leu Ala Ile Leu Lys Ala Trp Gly Arg Glu Ser Thr	
145 150 155 160	
ttg gct gtg ttt att gct gct tct tta gtt ggt ctt ttt tgg cag cag	528
Leu Ala Val Phe Ile Ala Ala Ser Leu Val Gly Leu Phe Trp Gln Gln	
165 170 175	
tgc ggt tgg ctt gcc cat gat tat gct cac tat caa gtc atc aaa gac	576
Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Tyr Ala His Tyr Gln Val Ile Lys Asp	
180 185 190	
ccc aat gtc aat aat ctc ttt tta gtt act ttt ggc aac ctg gtt caa	624
Pro Asn Val Asn Asn Leu Phe Leu Val Thr Phe Gly Asn Leu Val Gln	
195 200 205	
ggt ttc tct ctt tca tgg tgg aaa aac aag cac aat acc cac cac gct	672
Gly Phe Ser Leu Ser Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Thr His His Ala	
210 215 220	
agc acc aat gtc tct ggc gaa gat ccc gat atc gat act gcc ccc att	720
Ser Thr Asn Val Ser Gly Glu Asp Pro Asp Ile Asp Thr Ala Pro Ile	
225 230 235 240	
ttg cta tgg gac gag ttt gca gtc gct aat ttc tat gga tcc ttg aag	768
Leu Leu Trp Asp Glu Phe Ala Val Ala Asn Phe Tyr Gly Ser Leu Lys	
245 250 255	
gac aat gcc agt gga ttt gac aga ttc att gct gaa cac att ttg ccc	816
Asp Asn Ala Ser Gly Phe Asp Arg Phe Ile Ala Glu His Ile Leu Pro	
260 265 270	
tat caa act cgt tac tac ttc ttc att ctt ggt ttc gct cgt acc tct	864
Tyr Gln Thr Arg Tyr Tyr Phe Phe Ile Leu Gly Phe Ala Arg Thr Ser	
275 280 285	
tgg gct atc caa tct att atc tat tcc ttc aag aac gaa aca ttg aat	912
Trp Ala Ile Gln Ser Ile Ile Tyr Ser Phe Lys Asn Glu Thr Leu Asn	
290 295 300	

```

aaa tca aag ctc ttg tcc tgg tgt gag cgc atc ttt ttg att gtt cat
Lys Ser Lys Leu Leu Ser Trp Cys Glu Arg Ile Phe Leu Ile Val His
305          310          315          320
tgg gtc ttt ttc act tac tgc act att gcc tgg atc agc tct atc aga
1008
Trp Val Phe Phe Thr Tyr Cys Thr Ile Ala Trp Ile Ser Ser Ile Arg
          325          330          335
aac atc gcc atg ttc ttt gtt gtt agc caa atc act act ggt tac ttg
1056
Asn Ile Ala Met Phe Phe Val Val Ser Gln Ile Thr Thr Gly Tyr Leu
          340          345          350
ctc gcc atc gtc ttt gct atg aac cat aat ggc atg cct gtt tac agc
1104
Leu Ala Ile Val Phe Ala Met Asn His Asn Gly Met Pro Val Tyr Ser
          355          360          365
ccc gaa gaa gca aac cat acc gag ttt tat gaa ttg cag tgt atc act
1152
Pro Glu Glu Ala Asn His Thr Glu Phe Tyr Glu Leu Gln Cys Ile Thr
          370          375          380
ggg cgc gat gtc aac tgc act gta ttt ggc gat tgg ctc atg ggt gga
1200
Gly Arg Asp Val Asn Cys Thr Val Phe Gly Asp Trp Leu Met Gly Gly
385          390          395          400
ttg aat tat caa att gag cac cat ctt ttc ccc gaa atg cct cga cat
1248
Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Glu Met Pro Arg His
          405          410          415
cat tta tcc aag gtg aaa tcc atg gtc aaa ccc att gct caa aag tat
1296
His Leu Ser Lys Val Lys Ser Met Val Lys Pro Ile Ala Gln Lys Tyr
          420          425          430
aat atc cct tac cat gat acc aca gtc att ggt ggt acc att gaa gtc
1344
Asn Ile Pro Tyr His Asp Thr Thr Val Ile Gly Gly Thr Ile Glu Val
          435          440          445
ttg caa acc ttg gat ttt gtt caa aag att tcg cag aaa ttc agc aaa
1392
Leu Gln Thr Leu Asp Phe Val Gln Lys Ile Ser Gln Lys Phe Ser Lys
          450          455          460
aaa atg ctc taa
1404
Lys Met Leu
465
<210> 18
<211> 467
<212> PRT
<213> Mucor rouxii
<400> 18
Met Ser Ser Asp Val Gly Ala Thr Val Pro His Phe Tyr Thr Arg Ala
1          5          10          15
Glu Leu Ala Asp Ile His Gln Asp Val Leu Asp Lys Lys Pro Glu Ala
          20          25          30
Arg Lys Leu Ile Val Val Glu Asn Lys Val Tyr Asp Ile Thr Asp Phe
          35          40          45
Val Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Arg Val Leu Leu Thr Gln Glu Gly
          50          55          60
Arg Asp Ala Thr Asp Val Phe His Glu Met His Pro Pro Ser Ala Tyr
65          70          75          80
Glu Leu Leu Ala Asn Cys Tyr Val Gly Asp Cys Glu Pro Lys Leu Pro
          85          90          95
Ile Asp Ser Thr Asp Lys Lys Ala Leu Asn Ser Ala Ala Phe Ala Gln
          100          105          110
Glu Ile Arg Asp Leu Arg Asp Lys Leu Glu Lys Gln Gly Tyr Phe Asp

```

[illegible]

Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Leu	Thr	His	Val	Gly	Lys	Asp	Gly	
50						55					60					
act	gac	gtc	ttt	gac	act	ttt	cac	ccc	gag	gct	gct	tgg	gag	act	ctt	240
Thr	Asp	Val	Phe	Asp	Thr	Phe	His	Pro	Glu	Ala	Ala	Trp	Glu	Thr	Leu	
65					70				75						80	
gcc	aac	ttt	tac	gtt	ggt	gat	att	gac	gag	agc	gac	cgc	gat	atc	aag	288
Ala	Asn	Phe	Tyr	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Glu	Ser	Asp	Arg	Asp	Ile	Lys	
				85					90					95		
aat	gat	gac	ttt	gcg	gcc	gag	gtc	cgc	aag	ctg	cgt	acc	ttg	ttc	cag	336
Asn	Asp	Asp	Phe	Ala	Ala	Glu	Val	Arg	Lys	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Gln	
			100					105					110			
tct	ctt	ggt	tac	tac	gat	tct	tcc	aag	gca	tac	tac	gcc	ttc	aag	gtc	384
Ser	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Ser	Lys	Ala	Tyr	Tyr	Ala	Phe	Lys	Val	
		115					120					125				
tcg	ttc	aac	ctc	tgc	atc	tgg	ggt	ttg	tcg	acg	gtc	att	gtg	gcc	aag	432
Ser	Phe	Asn	Leu	Cys	Ile	Trp	Gly	Leu	Ser	Thr	Val	Ile	Val	Ala	Lys	
	130					135					140					
tgg	ggc	cag	acc	tcg	acc	ctc	gcc	aac	gtg	ctc	tcg	gct	gcg	ctt	ttg	480
Trp	Gly	Gln	Thr	Ser	Thr	Leu	Ala	Asn	Val	Leu	Ser	Ala	Ala	Leu	Leu	
	145				150				155						160	
ggt	ctg	ttc	tgg	cag	cag	tgc	gga	tgg	ttg	gct	cac	gac	ttt	ttg	cat	528
Gly	Leu	Phe	Trp	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ala	His	Asp	Phe	Leu	His	
				165				170						175		
cac	cag	gtc	ttc	cag	gac	cgt	ttc	tgg	ggt	gat	ctt	ttc	ggc	gcc	ttc	576
His	Gln	Val	Phe	Gln	Asp	Arg	Phe	Trp	Gly	Asp	Leu	Phe	Gly	Ala	Phe	
		180						185					190			
ttg	gga	ggt	gtc	tgc	cag	ggc	ttc	tcg	tcc	tcg	tgg	tgg	aag	gac	aag	624
Leu	Gly	Gly	Val	Cys	Gln	Gly	Phe	Ser	Ser	Ser	Trp	Trp	Lys	Asp	Lys	
		195				200						205				
cac	aac	act	cac	cac	gcc	gcc	ccc	aac	gtc	cac	ggc	gaa	gat	ccc	gac	672
His	Asn	Thr	His	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Val	His	Gly	Glu	Asp	Pro	Asp	
	210				215						220					
att	gac	acc	cac	cct	ctg	ttg	acc	tgg	agt	gag	cat	gcg	ttg	gag	atg	720
Ile	Asp	Thr	His	Pro	Leu	Leu	Thr	Trp	Ser	Glu	His	Ala	Leu	Glu	Met	
	225			230					235					240		
ttc	tcg	gat	gtc	cca	gat	gag	gag	ctg	acc	cgc	atg	tgg	tcg	cgt	ttc	768
Phe	Ser	Asp	Val	Pro	Asp	Glu	Glu	Leu	Thr	Arg	Met	Trp	Ser	Arg	Phe	
				245				250					255			
atg	gtc	ctg	aac	cag	acc	tgg	ttt	tac	ttc	ccc	att	ctc	tcg	ttt	gcc	816
Met	Val	Leu	Asn	Gln	Thr	Trp	Phe	Tyr	Phe	Pro	Ile	Leu	Ser	Phe	Ala	
		260				265						270				
cgt	ctc	tcc	tgg	tgc	ctc	cag	tcc	att	ctc	ttt	gtg	ctg	cct	aac	ggt	864
Arg	Leu	Ser	Trp	Cys	Leu	Gln	Ser	Ile	Leu	Phe	Val	Leu	Pro	Asn	Gly	
		275				280						285				
cag	gcc	cac	aag	ccc	tcg	ggc	gcg	cgt	gtg	ccc	atc	tcg	ttg	gtc	gag	912
Gln	Ala	His	Lys	Pro	Ser	Gly	Ala	Arg	Val	Pro	Ile	Ser	Leu	Val	Glu	
	290				295					300						
cag	ctg	tcg	ctt	gcg	atg	cac	tgg	acc	tgg	tac	ctc	gcc	acc	atg	ttc	960
Gln	Leu	Ser	Leu	Ala	Met	His	Trp	Thr	Trp	Tyr	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	
	305			310					315					320		
ctg	ttc	atc	aag	gat	ccc	gtc	aac	atg	ctg	gtg	tac	ttt	ttg	gtg	tcg	
1008																
Leu	Phe	Ile	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Met	Leu	Val	Tyr	Phe	Leu	Val	Ser	
			325					330					335			
cag	ccg	gtg	tgc	gga	aac	ttg	ttg	gcg	atc	gtg	ttc	tcg	ctc	aac	cac	
1056																
Gln	Pro	Val	Cys	Gly	Asn	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Ser	Leu	Asn	His	
		340				345						350				
aac	ggt	atg	cct	gtg	atc	tcg	aag	gag	gag	gcg	gtc	gat	atg	gat	ttc	
1104																
Asn	Gly	Met	Pro	Val	Ile	Ser	Lys	Glu	Glu	Ala	Val	Asp	Met	Asp	Phe	
		355					360					365				

```

ttc acg aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtc cac ccg ggt cta ttt
1152
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
370 375 380
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tat cag atc gag cac cac ttg
1200
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
385 390 395 400
ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc
1248
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
405 410 415
gag acc ctg tgc aaa aag tac aat gtc cga tac cac acc acc ggt atg
1296
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
420 425 430
atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ctg aac gag gtc tcc aag
1344
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
435 440 445
gct gcc tcc aag atg ggc aag gca cag taa
1374
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
450 455
<210> 20
<211> 457
<212> PRT
<213> Mortierella alpina
<400> 20
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Ile Leu
1 5 10 15
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
20 25 30
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
35 40 45
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
50 55 60
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Trp Glu Thr Leu
65 70 75 80
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys
85 90 95
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
100 105 110
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
115 120 125
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys
130 135 140
Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
145 150 155 160
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
165 170 175
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
180 185 190
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
195 200 205
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
210 215 220
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
225 230 235 240
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
245 250 255
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala
260 265 270

```

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

<210> 21

<211> 1377

<212> DNA

<213> *Mortierella alpina*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1377)

<400> 21

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

1377

Gln Ala Ala Ser Lys Leu Gly Lys Ser Ala
450 455

<210> 22

<211> 458

<212> PRT

<213> Mortierella alpina

<400> 22

Met Thr Thr Ser Asp Pro Ser Val Arg Ala Phe Thr Arg Ser Glu Val
1 5 10 15

Leu His Ala Asp Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asn Ala Glu Ala Pro
20 25 30

Phe Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Ile
35 40 45

Pro Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp
50 55 60

Gly Thr Asp Val Phe Glu Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr
65 70 75 80

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

Glu Asn Asp Glu Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe
100 105 110

Tyr Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Val Tyr Tyr Ala Phe Lys
115 120 125

Val Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Ala Phe Ile Val Ala
130 135 140

Lys Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Ile Ser Ala Ser Leu
145 150 155 160

Leu Gly Val Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu

His His Gln Val Phe His Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala

Phe Leu Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp

Lys His 199 Asn Thr His His Ala 200 Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro
210 215 220

Asp Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu

Met Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Gln Met Trp Ser Arg

Phe Met Val Leu Asn Gln Ala Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe

Ala Arg Leu Ser Trp Cys Ile Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn

Gly Gln Ala His Lys Pro Ala Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val

Glu Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met

Phe Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Met Val Tyr Phe Leu Val

Ser Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn

His Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Gln Glu Glu Ala Val Glu Met Asp

Phe Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val Tyr Pro Gly Trp

Phe Ala Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His

Leu Phe Pro Ser Met Pro Arg His His Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala

Val Glu Ser Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly

Met Ile Ala Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser

435 440 445

Gln Ala Ala Ser Lys Leu Gly Lys Ser Ala
 450 455

<210> 23

<211> 1434

<212> DNA

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1434)

<400> 23

atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct	48
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala	
1 5 10 15	
cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac	96
Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp	
20 25 30	
gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac	144
Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His	
35 40 45	
gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg	192
Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met	
50 55 60	
acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg	240
Thr Asp Ile Phe Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met	
65 70 75 80	
aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag	288
Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu	
85 90 95	
ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa	336
Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys	
100 105 110	
ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac	384
Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr	
115 120 125	
aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct ctc gtc	432
Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val	
130 135 140	
ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg	480
Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu	
145 150 155 160	
gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac	528
Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His	
165 170 175	
cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt	576
His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe	
180 185 190	
tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag	624
Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys	
195 200 205	
cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc	672
His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val	
210 215 220	
gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg	720
Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp	
225 230 235 240	
tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag	768
Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys	
245 250 255	
gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac	816
Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr	
260 265 270	
ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc	864
Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe	

275 280 285
 aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct ctc gaa 912
 Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
 290 295 300
 ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc 960
 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
 305 310 315 320
 ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt gga cgc
 1008
 Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
 325 330 335
 ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc
 1056
 Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
 340 345 350
 tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg
 1104
 Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
 355 360 365
 gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc
 1152
 Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
 370 375 380
 acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt
 1200
 Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
 385 390 395 400
 gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta
 1248
 Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
 405 410 415
 ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc
 1296
 Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
 420 425 430
 gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt
 1344
 Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
 435 440 445
 gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc
 1392
 Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
 450 455 460
 gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa
 1434
 Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
 465 470 475
 <210> 24
 <211> 477
 <212> PRT
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*
 <400> 24
 Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
 1 5 10 15
 Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
 20 25 30
 Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
 35 40 45
 Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
 50 55 60
 Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
 65 70 75 80
 Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu

96

ttg atg atc atc gac aac aag gtg tat gat gtc cgc gag ttt gtc cct	144
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro	
35 40 45	
gat cat ccc ggt gga agt gtt att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc	192
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly	
50 55 60	
act gac gtc ttt gac act ttc cac ccc gag gct gct tgg gag aca ctt	240
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu	
65 70 75 80	
gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gat gag agc gac cgt gcc atc aag	288
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Ala Ile Lys	
85 90 95	
aac gat gac ttt gcg gcc gag gtc cgc aag ctg cgt act ttg ttc cag	336
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln	
100 105 110	
tct ctg ggt tac tac gat tcc tcc aag gca tac tac gcc ttc aag gtc	384
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val	
115 120 125	
tca ttc aac ctc tgc atc tgg ggc ctg tcg acg ttc att gtt gcc aag	432
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Phe Ile Val Ala Lys	
130 135 140	
tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gtg ctc tcg gct gcg ctc ttg	480
Trp Gly Gln Thr Ser Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu	
145 150 155 160	
ggt ctc ttc tgg cag cag tgt gga tgg ttg gcg cac gac ttt ttg cac	528
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His	
165 170 175	
cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc	576
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe	
180 185 190	
ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tca tgg tgg aag gac aag	624
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys	
195 200 205	
cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac	672
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp	
210 215 220	
att gac act cac cct ctg ttg acg tgg agt gag cat gct ttg gag atg	720
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met	
225 230 235 240	
ttc tcg gac gtc cct gac gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgc ttc	768
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe	
245 250 255	
atg gtc ctt aac cag acc tgg ttc tac ttt ccc att ctc tcg ttt gcc	816
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala	
260 265 270	
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc atc ctc ttt gtt ctg cct aac ggt	864
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly	
275 280 285	
cag gcc cac aag ccc tct gga gcc cgt gtg ccc att tcc ttg gtc gag	912
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu	
290 295 300	
cag ctg tot ctt gcc gtg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc	960
Gln Leu Ser Leu Ala Val His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe	
305 310 315 320	
ttg ttc att aag gac ccc gtc aac atg atg gtg tac ttt ttg gtg tct	
1008	
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Met Val Tyr Phe Leu Val Ser	
325 330 335	
cag gct gtt tgc ggt aac ctg ttg gcg att gtg ttc tcg ctc aac cac	
1056	
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His	
340 345 350	

```

aac ggt atg cct gtg atc tcc aag gag gaa gcc gtc gac atg gat ttc
1104
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe
      355                      360                      365
ttc acc aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtt cac cct ggt ctg ttc
1152
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
      370                      375                      380
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tac cag att gag cac cac ttg
1200
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
385                      390                      395                      400
ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc
1248
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
      405                      410                      415
gag acc ttg tgc aaa aag tat ggt gtc cga tac cac acc act ggc atg
1296
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
      420                      425                      430
atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ttg aac gag gtc tcc aag
1344
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
      435                      440                      445
gcc gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa
1374
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
      450                      455
<210> 26
<211> 457
<212> PRT
<213> Mortierella isabellina
<400> 26
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Ile Leu
1      5      10      15
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
      20      25      30
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
      35      40      45
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
      50      55      60
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu
      65      70      75      80
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Ala Ile Lys
      85      90      95
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
      100     105     110
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
      115     120     125
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Phe Ile Val Ala Lys
      130     135     140
Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
      145     150     155     160
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
      165     170     175
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
      180     185     190
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
      195     200     205
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
      210     215     220
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
      225     230     235     240

```

Phe	Ser	Asp	Val	Pro	Asp	Glu	Glu	Leu	Thr	Arg	Met	Trp	Ser	Arg	Phe
				245					250					255	
Met	Val	Leu	Asn	Gln	Thr	Trp	Phe	Tyr	Phe	Pro	Ile	Leu	Ser	Phe	Ala
			260					265					270		
Arg	Leu	Ser	Trp	Cys	Leu	Gln	Ser	Ile	Leu	Phe	Val	Leu	Pro	Asn	Gly
		275					280					285			
Gln	Ala	His	Lys	Pro	Ser	Gly	Ala	Arg	Val	Pro	Ile	Ser	Leu	Val	Glu
	290					295					300				
Gln	Leu	Ser	Leu	Ala	Val	His	Trp	Thr	Trp	Tyr	Leu	Ala	Thr	Met	Phe
305					310					315					320
Leu	Phe	Ile	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Met	Met	Val	Tyr	Phe	Leu	Val	Ser
				325					330					335	
Gln	Ala	Val	Cys	Gly	Asn	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Ser	Leu	Asn	His
			340					345					350		
Asn	Gly	Met	Pro	Val	Ile	Ser	Lys	Glu	Glu	Ala	Val	Asp	Met	Asp	Phe
		355					360					365			
Phe	Thr	Lys	Gln	Ile	Ile	Thr	Gly	Arg	Asp	Val	His	Pro	Gly	Leu	Phe
	370					375					380				
Ala	Asn	Trp	Phe	Thr	Gly	Gly	Leu	Asn	Tyr	Gln	Ile	Glu	His	His	Leu
385					390				395						400
Phe	Pro	Ser	Met	Pro	Arg	His	Asn	Phe	Ser	Lys	Ile	Gln	Pro	Ala	Val
				405					410					415	
Glu	Thr	Leu	Cys	Lys	Lys	Tyr	Gly	Val	Arg	Tyr	His	Thr	Thr	Gly	Met
			420					425					430		
Ile	Glu	Gly	Thr	Ala	Glu	Val	Phe	Ser	Arg	Leu	Asn	Glu	Val	Ser	Lys
		435					440					445			
Ala	Ala	Ser	Lys	Met	Gly	Lys	Ala	Gln							
	450					455									

```
<210>      27
<211>      1374
<212>      DNA
<213>      Mortierella alpina
<220>
<221>      CDS
<222>      (1)..(1374)
<400>      27
```

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

tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gag ctc tcg gct gcg ctc ttg	480
Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Glu Leu Ser Ala Ala Leu Leu	
145 150 155 160	
ggt ctc ttc tgg cag cag aga gga tgg ttg gcg cac gac ttt ttg cac	528
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Arg Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His	
165 170 175	
cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg gga gat ctt ttc ggc gcc ttc	576
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe	
180 185 190	
ttg gga gga gac tgc cag ggc ttc tcg tcc tca tgg tgg aag gac aag	624
Leu Gly Gly Asp Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys	
195 200 205	
cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac	672
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp	
210 215 220	
att gac act cac cct ctg ttg acg tgg agt gag cat gct ttg gag atg	720
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met	
225 230 235 240	
ttc tcg gac gtc cct gac gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgc ttc	768
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe	
245 250 255	
atg gtc ctt aac cag acc tgg ttc tac ttt ccc att ctc tcg ttt gcc	816
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala	
260 265 270	
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc atc ctc ttt gtt ctg cct aac ggt	864
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly	
275 280 285	
cag gcc cac aag ccc tct gga gcc cgt gtg ccc att tcc ttg gtc gag	912
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu	
290 295 300	
cag ctg tct ctt gcc atg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc	960
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe	
305 310 315 320	
ttg ttc att aag gac ccc gtc aac atg atg gtg tac ttt ttg gtg tct	
1008	
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Met Val Tyr Phe Leu Val Ser	
325 330 335	
cag gct gtt tgc ggt aac ctg ttg gcg att gtg ttc tcg ctc aac cac	
1056	
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His	
340 345 350	
aac ggt atg cct gtg atc tcc aag gag gaa gcc gtc gac atg gat ttc	
1104	
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe	
355 360 365	
ttc acc aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtt cac cct ggt ctg ttc	
1152	
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe	
370 375 380	
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tac cag att gag cac cac ttg	
1200	
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu	
385 390 395 400	
ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc	
1248	
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val	
405 410 415	
gag acc ttg tgc aaa aag tat ggt gtc cga tac cac acc act ggc atg	
1296	
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met	
420 425 430	
atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ttg aac gag gtc tcc aag	
1344	

Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
 435 440 445
 gcc gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa
 1374
 Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
 450 455
 <210> 28
 <211> 457
 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina
 <400> 28
 Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Ile Leu
 1 5 10 15
 Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
 20 25 30
 Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
 35 40 45
 Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
 50 55 60
 Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu
 65 70 75 80
 Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Ala Ile Lys
 85 90 95
 Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
 100 105 110
 Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
 115 120 125
 Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Phe Ile Val Ala Lys
 130 135 140
 Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Glu Leu Ser Ala Ala Leu Leu
 145 150 155 160
 Gly Leu Phe Trp Gln Gln Arg Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175
 His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
 180 185 190
 Leu Gly Gly Asp Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
 195 200 205
 His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
 210 215 220
 Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
 225 230 235 240
 Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
 245 250 255
 Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala
 260 265 270
 Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Phe Val Leu Pro Asn Gly
 275 280 285
 Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu
 290 295 300
 Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe
 305 310 315 320
 Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Met Val Tyr Phe Leu Val Ser
 325 330 335
 Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His
 340 345 350
 Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe
 355 360 365
 Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
 370 375 380
 Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
 385 390 395 400
 Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
 405 410 415

Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met	
420 425 430	
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys	
435 440 445	
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln	
450 455	
<210> 29	
<211> 1380	
<212> DNA	
<213> Pythium irregulare	
<220>	
<221> CDS	
<222> (1)..(1380)	
<400> 29	
atg gtg gac ctc aag cct gga gtg aag cgc ctg gtg agc tgg aag gag	48
Met Val Asp Leu Lys Pro Gly Val Lys Arg Leu Val Ser Trp Lys Glu	
1 5 10 15	
atc cgc gag cac gcg acg ccc gcg acc gcg tgg atc gtg att cac cac	96
Ile Arg Glu His Ala Thr Pro Ala Thr Ala Trp Ile Val Ile His His	
20 25 30	
aag gtc tac gac atc tcc aag tgg gac tcg cac ccg ggt ggc tcc gtg	144
Lys Val Tyr Asp Ile Ser Lys Trp Asp Ser His Pro Gly Gly Ser Val	
35 40 45	
atg ctc acg cag gcc ggc gag gac gcc acg gac gcc ttc gcg gtc ttc	192
Met Leu Thr Gln Ala Gly Glu Asp Ala Thr Asp Ala Phe Ala Val Phe	
50 55 60	
cac ccg tcc tcg gcg ctc aag ctg ctc gag cag ttc tac gtc ggc gac	240
His Pro Ser Ser Ala Leu Lys Leu Leu Glu Gln Phe Tyr Val Gly Asp	
65 70 75 80	
gtg gac gaa acc tcc aag gcc gag atc gag ggg gag ccg gcg agc gac	288
Val Asp Glu Thr Ser Lys Ala Glu Ile Glu Gly Glu Pro Ala Ser Asp	
85 90 95	
gag gag cgc gcg cgc cgc gag cgc atc aac gag ttc atc gcg tcc tac	336
Glu Glu Arg Ala Arg Arg Glu Arg Ile Asn Glu Phe Ile Ala Ser Tyr	
100 105 110	
cgt cgt ctg cgc gtc aag gtc aag ggc atg ggg ctc tac gac gcc agc	384
Arg Arg Leu Arg Val Lys Val Lys Gly Met Gly Leu Tyr Asp Ala Ser	
115 120 125	
gcg ctc tac tac gcg tgg aag ctc gtg agc acg ttc ggc atc gcg gtg	432
Ala Leu Tyr Tyr Ala Trp Lys Leu Val Ser Thr Phe Gly Ile Ala Val	
130 135 140	
ctc tcg atg gcg atc tgc ttc ttc ttc aac agt ttc gcc atg tac atg	480
Leu Ser Met Ala Ile Cys Phe Phe Phe Asn Ser Phe Ala Met Tyr Met	
145 150 155 160	
gtc gcc ggc gtg att atg ggg ctc ttc tac cag cag tcc gga tgg ctg	528
Val Ala Gly Val Ile Met Gly Leu Phe Tyr Gln Gln Ser Gly Trp Leu	
165 170 175	
gcg cac gac ttc ttg cac aac cag gtg tgc gag aac cgc acg ctc ggc	576
Ala His Asp Phe Leu His Asn Gln Val Cys Glu Asn Arg Thr Leu Gly	
180 185 190	
aac ctt atc ggc tgc ctc gtg ggc aac gcc tgg cag ggc ttc agc gtg	624
Asn Leu Ile Gly Cys Leu Val Gly Asn Ala Trp Gln Gly Phe Ser Val	
195 200 205	
cag tgg tgg aag aac aag cac aac ctg cac cac gcg gtg ccg aac ctg	672
Gln Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Leu His His Ala Val Pro Asn Leu	
210 215 220	
cac agc gcc aag gac gag ggc ttc atc ggc gac ccg gac atc gac acc	720
His Ser Ala Lys Asp Glu Gly Phe Ile Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr	
225 230 235 240	
atg ccg ctg ctg gcg tgg tct aag gag atg gcg cgc aag gcg ttc gag	768
Met Pro Leu Leu Ala Trp Ser Lys Glu Met Ala Arg Lys Ala Phe Glu	
245 250 255	
tcg gcg cac ggc ccg ttc ttc atc cgc aac cag gcg ttc cta tac ttc	816

Ser Ala His Gly Pro Phe Phe Ile Arg Asn Gln Ala Phe Leu Tyr Phe
 260 265 270
 ccg ctg ctg ctg ctc gcg cgc ctg agc tgg ctc gcg cag tcg ttc ttc 864
 Pro Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Ala Gln Ser Phe Phe
 275 280 285
 tac gtg ttc acc gag ttc tcg ttc ggc atc ttc gac aag gtc gag ttc 912
 Tyr Val Phe Thr Glu Phe Ser Phe Gly Ile Phe Asp Lys Val Glu Phe
 290 295 300
 gac gga ccg gag aag gcg ggt ctg atc gtg cac tac atc tgg cag ctc 960
 Asp Gly Pro Glu Lys Ala Gly Leu Ile Val His Tyr Ile Trp Gln Leu
 305 310 315 320
 gcg atc ccg tac ttc tgc aac atg agc ctg ttt gag ggc gtg gca tac
 1008
 Ala Ile Pro Tyr Phe Cys Asn Met Ser Leu Phe Glu Gly Val Ala Tyr
 325 330 335
 ttc ctc atg ggc cag gcg tcc tgc ggc ttg ctc ctg gcg ctg gtg ttc
 1056
 Phe Leu Met Gly Gln Ala Ser Cys Gly Leu Leu Leu Ala Leu Val Phe
 340 345 350
 agt att ggc cac aac ggc atg tcg gtg tac gag cgc gaa acc aag ccg
 1104
 Ser Ile Gly His Asn Gly Met Ser Val Tyr Glu Arg Glu Thr Lys Pro
 355 360 365
 gac ttc tgg cag ctg cag gtg acc acg acg cgc aac atc cgc gcg tcg
 1152
 Asp Phe Trp Gln Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Ile Arg Ala Ser
 370 375 380
 gta ttc atg gac tgg ttc acc ggt ggc ttg aac tac cag atc gac cat
 1200
 Val Phe Met Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Asp His
 385 390 395 400
 cac ctg ttc ccg ctc gtg ccg cgc cac aac ttg cca aag gtc aac gtg
 1248
 His Leu Phe Pro Leu Val Pro Arg His Asn Leu Pro Lys Val Asn Val
 405 410 415
 ctc atc aag tcg cta tgc aag gag ttc gac atc ccg ttc cac gag acc
 1296
 Leu Ile Lys Ser Leu Cys Lys Glu Phe Asp Ile Pro Phe His Glu Thr
 420 425 430
 ggc ttc tgg gag ggc atc tac gag gtc gtg gac cac ctg gcg gac atc
 1344
 Gly Phe Trp Glu Gly Ile Tyr Glu Val Val Asp His Leu Ala Asp Ile
 435 440 445
 agc aag gaa ttc atc acc gag ttc cca gcg atg taa
 1380
 Ser Lys Glu Phe Ile Thr Glu Phe Pro Ala Met
 450 455
 <210> 30
 <211> 459
 <212> PRT
 <213> Pythium irregulare
 <400> 30
 Met Val Asp Leu Lys Pro Gly Val Lys Arg Leu Val Ser Trp Lys Glu
 1 5 10 15
 Ile Arg Glu His Ala Thr Pro Ala Thr Ala Trp Ile Val Ile His His
 20 25 30
 Lys Val Tyr Asp Ile Ser Lys Trp Asp Ser His Pro Gly Gly Ser Val
 35 40 45
 Met Leu Thr Gln Ala Gly Glu Asp Ala Thr Asp Ala Phe Ala Val Phe
 50 55 60
 His Pro Ser Ser Ala Leu Lys Leu Leu Glu Gln Phe Tyr Val Gly Asp
 65 70 75 80
 Val Asp Glu Thr Ser Lys Ala Glu Ile Glu Gly Glu Pro Ala Ser Asp

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

```
<210>      31
<211>      1374
<212>      DNA
<213>      Mortierella alpina
<220>
<221>      CDS
<222>      (1)..(1374)
<400>      31
```

atg	gct	gct	gct	ccc	agt	gtg	agg	acg	ttt	act	cgg	gcc	gag	att	ctg
Met	Ala	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Arg	Thr	Phe	Thr	Arg	Ala	Glu	Ile	Leu
1				5					10					15	
aat	gcc	gag	gcc	ctg	aat	gag	ggc	aag	aag	gat	gcc	gag	gca	cct	ttc
Asn	Ala	Glu	Ala	Leu	Asn	Glu	Gly	Lys	Lys	Asp	Ala	Glu	Ala	Pro	Phe
			20					25					30		
ttg	atg	atc	atc	gac	aac	aag	gtg	tat	gat	gtc	cgc	gag	ttt	gtc	cct
Leu	Met	Ile	Ile	Asp	Asn	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Arg	Glu	Phe	Val	Pro

48

96

144

		35				40				45							
gat	cat	ccc	ggt	gga	agt	gtt	att	ctc	acg	cac	gtt	ggc	aag	gac	ggc		192
Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Leu	Thr	His	Val	Gly	Lys	Asp	Gly		
	50					55					60						
act	gac	gtc	ttt	gac	act	ttc	cac	ccc	gag	gct	gct	tgg	gag	aca	ctt		240
Thr	Asp	Val	Phe	Asp	Thr	Phe	His	Pro	Glu	Ala	Ala	Trp	Glu	Thr	Leu		
65					70				75						80		
gcc	aac	ttt	tac	gtt	gga	gat	att	gat	gag	agc	gac	cgt	gcc	atc	aag		288
Ala	Asn	Phe	Tyr	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Glu	Ser	Asp	Arg	Ala	Ile	Lys		
			85						90					95			
aac	gat	gac	ttt	gcg	gcc	gag	gtc	cgc	aag	ctg	cgt	act	ttg	ttc	cag		336
Asn	Asp	Asp	Phe	Ala	Ala	Glu	Val	Arg	Lys	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Gln		
			100					105					110				
tct	ctg	ggt	tac	tac	gat	tcc	tcc	aag	gca	tac	tac	gcc	ttc	aag	gtc		384
Ser	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Ser	Lys	Ala	Tyr	Tyr	Ala	Phe	Lys	Val		
		115				120						125					
tca	ttc	aac	ctc	tgc	atc	tgg	ggc	ctg	tcg	acg	ttc	att	gtt	gcc	aag		432
Ser	Phe	Asn	Leu	Cys	Ile	Trp	Gly	Leu	Ser	Thr	Phe	Ile	Val	Ala	Lys		
	130				135						140						
agg	ggc	cag	acc	tcg	acc	ctc	gcc	aac	gag	ctc	tcg	gct	gcg	ctc	ttg		480
Arg	Gly	Gln	Thr	Ser	Thr	Leu	Ala	Asn	Glu	Leu	Ser	Ala	Ala	Leu	Leu		
145					150				155						160		
ggt	ctc	ttc	tgg	cag	cag	aga	gga	tgg	ttg	gcg	cac	gac	ttt	ttg	cac		528
Gly	Leu	Phe	Trp	Gln	Gln	Arg	Gly	Trp	Leu	Ala	His	Asp	Phe	Leu	His		
			165					170					175				
cac	cag	gtc	ttc	cag	gac	cgt	ttc	tgg	gga	gat	ctt	ttc	ggc	gcc	ttc		576
His	Gln	Val	Phe	Gln	Asp	Arg	Phe	Trp	Gly	Asp	Leu	Phe	Gly	Ala	Phe		
		180						185				190					
ttg	gga	gga	gac	tgc	cag	ggc	ttc	tcg	tcc	tca	tgg	tgg	aag	gac	aag		624
Leu	Gly	Gly	Asp	Cys	Gln	Gly	Phe	Ser	Ser	Ser	Trp	Trp	Lys	Asp	Lys		
	195					200					205						
cac	aac	act	cac	cac	gcc	gcc	ccc	aac	gtc	cac	ggc	gag	gat	ccc	gac		672
His	Asn	Thr	His	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Val	His	Gly	Glu	Asp	Pro	Asp		
	210				215						220						
att	gac	act	cac	cct	ctg	ttg	acg	tgg	agt	gag	cat	gct	ttg	gag	atg		720
Ile	Asp	Thr	His	Pro	Leu	Leu	Thr	Trp	Ser	Glu	His	Ala	Leu	Glu	Met		
225					230					235					240		
ttc	tcg	gac	gtc	cct	gac	gag	gag	ctg	acc	cgc	atg	tgg	tcg	cgc	ttc		768
Phe	Ser	Asp	Val	Pro	Asp	Glu	Glu	Leu	Thr	Arg	Met	Trp	Ser	Arg	Phe		
			245					250					255				
atg	gtc	ctt	aac	cag	acc	tgg	ttc	tac	ttt	ccc	att	ctc	tcg	ttt	gcc		816
Met	Val	Leu	Asn	Gln	Thr	Trp	Phe	Tyr	Phe	Pro	Ile	Leu	Ser	Phe	Ala		
		260				265						270					
cgt	ctc	tcc	tgg	tgc	ctc	cag	tcc	atc	ctc	ttt	gtt	ctg	cct	aac	ggt		864
Arg	Leu	Ser	Trp	Cys	Leu	Gln	Ser	Ile	Leu	Phe	Val	Leu	Pro	Asn	Gly		
		275				280						285					
cag	gcc	cac	aag	ccc	tct	gga	gcc	cgt	gtg	ccc	att	tcc	ttg	gtc	gag		912
Gln	Ala	His	Lys	Pro	Ser	Gly	Ala	Arg	Val	Pro	Ile	Ser	Leu	Val	Glu		
	290					295					300						
cag	ctg	tct	ctt	gcc	atg	cac	tgg	acc	tgg	tac	ctc	gcc	acc	atg	ttc		960
Gln	Leu	Ser	Leu	Ala	Met	His	Trp	Thr	Trp	Tyr	Leu	Ala	Thr	Met	Phe		
305					310					315					320		
ttg	ttc	att	aag	gac	ccc	gtc	aac	atg	atg	gtg	tac	ttt	ttg	gtg	tct		
1008																	
Leu	Phe	Ile	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Met	Met	Val	Tyr	Phe	Leu	Val	Ser		
			325					330					335				
cag	gct	gtt	tgc	ggt	aac	ctg	ttg	gcg	att	gtg	ttc	tcg	ctc	aac	cac		
1056																	
Gln	Ala	Val	Cys	Gly	Asn	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Ser	Leu	Asn	His		
			340					345					350				
aac	ggt	atg	cct	gtg	atc	tcc	aag	gag	gaa	gcc	gtc	gac	atg	gat	ttc		
1104																	
Asn	Gly	Met	Pro	Val	Ile	Ser	Lys	Glu	Glu	Ala	Val	Asp	Met	Asp	Phe		

```

      355              360              365
ttc acc aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtt cac cct ggt ctg ttc
1152
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
      370              375              380
gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tac cag att gag cac cac ttg
1200
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
385              390              395              400
ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc
1248
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
      405              410              415
gag acc ttg tgc aaa aag tat ggt gtc cga tac cac acc act ggc atg
1296
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
      420              425              430
atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ttg aac gag gtc tcc aag
1344
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
      435              440              445
gcc gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa
1374
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
      450              455
<210> 32
<211> 457
<212> PRT
<213> Mortierella alpina
<400> 32
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Ile Leu
1      5      10      15
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
      20      25      30
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
      35      40      45
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
      50      55      60
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu
      65      70      75      80
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Ala Ile Lys
      85      90      95
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
      100      105      110
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
      115      120      125
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Phe Ile Val Ala Lys
      130      135      140
Arg Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Glu Leu Ser Ala Ala Leu Leu
      145      150      155      160
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Arg Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
      165      170      175
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
      180      185      190
Leu Gly Gly Asp Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
      195      200      205
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
      210      215      220
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
      225      230      235      240
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
      245      250      255
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala

```

260				265				270								
Arg	Leu	Ser	Trp	Cys	Leu	Gln	Ser	Ile	Leu	Phe	Val	Leu	Pro	Asn	Gly	
275				280				285								
Gln	Ala	His	Lys	Pro	Ser	Gly	Ala	Arg	Val	Pro	Ile	Ser	Leu	Val	Glu	
290				295				300								
Gln	Leu	Ser	Leu	Ala	Met	His	Trp	Thr	Trp	Tyr	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	
305				310				315				320				
Leu	Phe	Ile	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Met	Met	Val	Tyr	Phe	Leu	Val	Ser	
				325				330				335				
Gln	Ala	Val	Cys	Gly	Asn	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Ser	Leu	Asn	His	
				340				345				350				
Asn	Gly	Met	Pro	Val	Ile	Ser	Lys	Glu	Glu	Ala	Val	Asp	Met	Asp	Phe	
				355				360				365				
Phe	Thr	Lys	Gln	Ile	Ile	Thr	Gly	Arg	Asp	Val	His	Pro	Gly	Leu	Phe	
				370				375				380				
Ala	Asn	Trp	Phe	Thr	Gly	Gly	Leu	Asn	Tyr	Gln	Ile	Glu	His	His	Leu	
385				390				395				400				
Phe	Pro	Ser	Met	Pro	Arg	His	Asn	Phe	Ser	Lys	Ile	Gln	Pro	Ala	Val	
				405				410				415				
Glu	Thr	Leu	Cys	Lys	Lys	Tyr	Gly	Val	Arg	Tyr	His	Thr	Thr	Gly	Met	
				420				425				430				
Ile	Glu	Gly	Thr	Ala	Glu	Val	Phe	Ser	Arg	Leu	Asn	Glu	Val	Ser	Lys	
				435				440				445				
Ala	Ala	Ser	Lys	Met	Gly	Lys	Ala	Gln								
450				455												
<210> 33																
<211> 1374																
<212> DNA																
<213> Mortierella isabellina																
<220>																
<221> CDS																
<222> (1)..(1374)																
<400> 33																
atg	gct	gct	gct	ccc	agt	gtg	agg	acg	ttt	act	cgg	gcc	gag	att	ctg	
Met	Ala	Ala	Ala	Pro	Ser	Val	Arg	Thr	Phe	Thr	Arg	Ala	Glu	Ile	Leu	
1				5				10				15				
aat	gcc	gag	gcc	ctg	aat	gag	ggc	aag	aag	gat	gcc	gag	gca	cct	ttc	
Asn	Ala	Glu	Ala	Leu	Asn	Glu	Gly	Lys	Lys	Asp	Ala	Glu	Ala	Pro	Phe	
				20				25				30				
ttg	atg	atc	atc	gac	aac	aag	gtg	tat	gat	gtc	cgc	gag	ttt	gtc	cct	
Leu	Met	Ile	Ile	Asp	Asn	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Arg	Glu	Phe	Val	Pro	
				35				40				45				
gat	cat	ccc	ggg	gga	agt	gtt	att	ctc	acg	cac	gtt	ggc	aag	gac	ggc	
Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ser	Val	Ile	Leu	Thr	His	Val	Gly	Lys	Asp	Gly	
				50				55				60				
act	gac	gtc	ttt	gac	act	ttc	cac	ccc	gag	gct	gct	tgg	gag	aca	ctt	
Thr	Asp	Val	Phe	Asp	Thr	Phe	His	Pro	Glu	Ala	Ala	Trp	Glu	Thr	Leu	
65				70				75				80				
gcc	aac	ttt	tat	gtt	ggg	gat	att	gat	gag	agc	gac	cgt	gcc	atc	aaa	
Ala	Asn	Phe	Tyr	Val	Gly	Asp	Ile	Asp	Glu	Ser	Asp	Arg	Ala	Ile	Lys	
				85				90				95				
aac	gat	gac	ttt	gcg	gcc	gag	gtc	cgc	aag	ctg	cgt	act	ttg	ttc	cag	
Asn	Asp	Asp	Phe	Ala	Ala	Glu	Val	Arg	Lys	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Gln	
				100				105				110				
tct	ctg	ggg	tac	tac	gat	tcc	tcc	aag	gca	tac	tac	gcc	ttc	aag	gtc	
Ser	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Ser	Lys	Ala	Tyr	Tyr	Ala	Phe	Lys	Val	
				115				120				125				
tca	ttc	aac	ctc	tgc	atc	tgg	ggc	ctg	tcg	acg	ttc	att	gtt	gcc	aag	
Ser	Phe	Asn	Leu	Cys	Ile	Trp	Gly	Leu	Ser	Thr	Phe	Ile	Val	Ala	Lys	
130				135				140								
tgg	ggc	cag	acc	tcg	acc	ctc	gcc	aac	gta	ctc	tcg	gct	gcg	ctc	ttg	
Trp	Gly	Gln	Thr	Ser	Thr	Leu	Ala	Asn	Val	Leu	Ser	Ala	Ala	Leu	Leu	
145				150				155				160				

ggt ctc ttc tgg cag cag tgt gga tgg ttg gcg cac gac ttt ttg cac	528
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His	
165 170 175	
cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc	576
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe	
180 185 190	
ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tca tgg tgg aag gac aag	624
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys	
195 200 205	
cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac	672
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp	
210 215 220	
att gac act cac cct ctg ttg acg tgg agt gag cat gct ttg gag atg	720
Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met	
225 230 235 240	
ttc tcg gac gtc cct gac gag gag ctg acc cgc atg tgg tcg cgc ttc	768
Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe	
245 250 255	
atg gtc ctt aac cag acc tgg ttc tac ttt ccc att ctc tcg ttt gcc	816
Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala	
260 265 270	
cgt ctc tcc tgg tgc ctc cag tcc atc ctc ctt gtt ctg cct aac ggt	864
Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Leu Leu Val Leu Pro Asn Gly	
275 280 285	
cag gcc cac aag ccc tct gga gcc cgt gtg tcc att tcc ttg gtc gag	912
Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Ser Ile Ser Leu Val Glu	
290 295 300	
cag ctg tct ctt gcc atg cac tgg acc tgg tac ctc gcc acc atg ttc	960
Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe	
305 310 315 320	
ttg ttc att aag gac ccc gtc aac atg atg gtg tac ttt ttg gtg tct	
1008	
Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Met Val Tyr Phe Leu Val Ser	
325 330 335	
cag gct gtt tgc ggt aac ctg ttg gcg att gtg ttc tcg ctc aac cac	
1056	
Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His	
340 345 350	
aac ggt atg cct gtg atc tcc aag gag gaa gcc gtc gac atg gat ttc	
1104	
Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe	
355 360 365	
ttc acc aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtt cac cct ggt ctg ttc	
1152	
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe	
370 375 380	
gcc aat tgg ttc acg ggt gga ttg aac tac cag att gag cac cac ttg	
1200	
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu	
385 390 395 400	
ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc	
1248	
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val	
405 410 415	
gag acc ttg tgc aaa aag tat ggt gtc cga tac cac acc act ggc atg	
1296	
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met	
420 425 430	
atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ttg aac gag gtc tcc aag	
1344	
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys	
435 440 445	

gcc gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa
1374

Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
450 455

<210> 34

<211> 457

<212> PRT

<213> Mortierella isabellina

<400> 34

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

Ile	Glu	Gly	Thr	Ala	Glu	Val	Phe	Ser	Arg	Leu	Asn	Glu	Val	Ser	Lys		
		435					440					445					
Ala	Ala	Ser	Lys	Met	Gly	Lys	Ala	Gln									
		450				455											
<210> 35																	
<211> 1563																	
<212> DNA																	
<213> Ceratodon purpureus																	
<220>																	
<221> CDS																	
<222> (1)..(1563)																	
<400> 35																	
atg	gtg	tcc	cag	ggc	ggc	ggt	ctc	tcg	cag	ggt	tcc	att	gaa	gaa	aac		48
Met	Val	Ser	Gln	Gly	Gly	Gly	Leu	Ser	Gln	Gly	Ser	Ile	Glu	Glu	Asn		
1				5					10					15			
att	gac	ggt	gag	cac	ttg	gca	acg	atg	ccc	ctc	gtc	agt	gac	ttc	cta		96
Ile	Asp	Val	Glu	His	Leu	Ala	Thr	Met	Pro	Leu	Val	Ser	Asp	Phe	Leu		
			20					25					30				
aat	gtc	ctg	gga	acg	act	ttg	ggc	cag	tgg	agt	ctt	tcc	act	aca	ttc		144
Asn	Val	Leu	Gly	Thr	Thr	Leu	Gly	Gln	Trp	Ser	Leu	Ser	Thr	Thr	Phe		
		35				40					45						
gct	ttc	aag	agg	ctc	acg	act	aag	aaa	cac	agt	tcg	gac	atc	tcg	gtg		192
Ala	Phe	Lys	Arg	Leu	Thr	Thr	Lys	Lys	His	Ser	Ser	Asp	Ile	Ser	Val		
	50					55					60						
gag	gca	caa	aaa	gaa	tcg	gtt	gcg	cgg	ggg	cca	gtt	gag	aat	att	tct		240
Glu	Ala	Gln	Lys	Glu	Ser	Val	Ala	Arg	Gly	Pro	Val	Glu	Asn	Ile	Ser		
65					70				75					80			
caa	tcg	gtt	gcg	cag	ccc	atc	agg	cgg	agg	tgg	gtg	cag	gat	aaa	aag		288
Gln	Ser	Val	Ala	Gln	Pro	Ile	Arg	Arg	Arg	Trp	Val	Gln	Asp	Lys	Lys		
			85					90					95				
ccg	gtt	act	tac	agc	ctg	aag	gat	gta	gct	tcg	cac	gat	atg	ccc	cag		336
Pro	Val	Thr	Tyr	Ser	Leu	Lys	Asp	Val	Ala	Ser	His	Asp	Met	Pro	Gln		
			100					105					110				
gac	tgc	tgg	att	ata	atc	aaa	gag	aag	gtg	tat	gat	gtg	agc	acc	ttc		384
Asp	Cys	Trp	Ile	Ile	Ile	Lys	Glu	Lys	Val	Tyr	Asp	Val	Ser	Thr	Phe		
		115				120						125					
gct	gag	cag	cac	cct	gga	ggc	acg	gtt	atc	aac	acc	tac	ttc	gga	cga		432
Ala	Glu	Gln	His	Pro	Gly	Gly	Thr	Val	Ile	Asn	Thr	Tyr	Phe	Gly	Arg		
	130				135					140							
gac	gcc	aca	gat	gtt	ttc	tct	act	ttc	cac	gca	tcc	acc	tca	tgg	aag		480
Asp	Ala	Thr	Asp	Val	Phe	Ser	Thr	Phe	His	Ala	Ser	Thr	Ser	Trp	Lys		
	145				150				155					160			
att	ctt	cag	aat	ttc	tac	atc	ggg	aac	ctt	gtt	agg	gag	gag	ccg	act		528
Ile	Leu	Gln	Asn	Phe	Tyr	Ile	Gly	Asn	Leu	Val	Arg	Glu	Glu	Pro	Thr		
			165					170						175			
ttg	gag	ctg	ctg	aag	gag	tac	aga	gag	ttg	aga	gcc	ctt	ttc	ttg	aga		576
Leu	Glu	Leu	Leu	Lys	Glu	Tyr	Arg	Glu	Leu	Arg	Ala	Leu	Phe	Leu	Arg		
			180					185					190				
gaa	cag	ctt	ttc	aag	agt	tcc	aaa	tcc	tac	tac	ctt	ttc	aag	act	ctc		624
Glu	Gln	Leu	Phe	Lys	Ser	Ser	Lys	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Phe	Lys	Thr	Leu		
		195					200					205					
ata	aat	gtt	tcc	att	gtt	gcc	aca	agc	att	gcg	ata	atc	agt	ctg	tac		672
Ile	Asn	Val	Ser	Ile	Val	Ala	Thr	Ser	Ile	Ala	Ile	Ile	Ser	Leu	Tyr		
	210					215						220					
aag	tct	tac	cgg	gcg	gtt	ctg	tta	tca	gcc	agt	ttg	atg	ggc	ttg	ttt		720
Lys	Ser	Tyr	Arg	Ala	Val	Leu	Leu	Ser	Ala	Ser	Leu	Met	Gly	Leu	Phe		
	225				230				235					240			
att	caa	cag	tgc	gga	tgg	ttg	tct	cac	gat	ttt	cta	cac	cat	cag	gta		768
Ile	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ser	His	Asp	Phe	Leu	His	His	Gln	Val		
			245					250					255				
ttt	gag	aca	cgc	tgg	ctc	aat	gac	gtt	gtt	ggc	tat	gtg	gtc	ggc	aac		816
Phe	Glu	Thr	Arg	Trp	Leu	Asn	Asp	Val	Val	Gly	Tyr	Val	Val	Gly	Asn		
			260					265					270				

ggt ggt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg	864
Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu	
275 280 285	
cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat	912
His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp	
290 295 300	
gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg	960
Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu	
305 310 315 320	
gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac	
1008	
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His	
325 330 335	
cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt	
1056	
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe	
340 345 350	
tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag	
1104	
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys	
355 360 365	
ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt	
1152	
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser	
370 375 380	
ggt gcg ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg	
1200	
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val	
385 390 395 400	
gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc	
1248	
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu	
405 410 415	
agt cac aat gga atg gag gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat	
1296	
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn	
420 425 430	
gcc cag att gca tcg act cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat	
1344	
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp	
435 440 445	
tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca	
1392	
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro	
450 455 460	
acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act	
1440	
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr	
465 470 475 480	
ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg	
1488	
Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser	
485 490 495	
ggc act tac ccg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct	
1536	
Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala	
500 505 510	
tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga	
1563	
Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser	
515 520	
<210> 36	
<211> 520	

```

<212>  PRT
<213>  Ceratodon purpureus
<400>  36
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
1          5          10          15
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
20          25          30
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
35          40          45
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
50          55          60
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
65          70          75          80
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
85          90          95
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
100         105         110
Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115         120         125
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130         135         140
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145         150         155         160
Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165         170         175
Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180         185         190
Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195         200         205
Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210         215         220
Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225         230         235         240
Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245         250         255
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
260         265         270
Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
275         280         285
His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
290         295         300
Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
305         310         315         320
Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His
325         330         335
Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe
340         345         350
Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys
355         360         365
Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser
370         375         380
Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val
385         390         395         400
Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu
405         410         415
Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn
420         425         430
Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp
435         440         445
Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro
450         455         460
Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr
465         470         475         480

```

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
 485 490 495
 Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
 500 505 510
 Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
 515 520
 <210> 37
 <211> 1452
 <212> DNA
 <213> Ceratodon purpureus
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1452)
 <400> 37
 atg gcc ctc gtt acc gac ttt ctg aac ttt ctg ggc acg aca tgg agc 48
 Met Ala Leu Val Thr Asp Phe Leu Asn Phe Leu Gly Thr Thr Trp Ser
 1 5 10 15
 aag tac agc gtg tac acc cat agc tat gct gga aac tat ggg cct act 96
 Lys Tyr Ser Val Tyr Thr His Ser Tyr Ala Gly Asn Tyr Gly Pro Thr
 20 25 30
 ttg aag cac gcc aaa aag gtt tct gct caa ggt aaa act gcg gga cag 144
 Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln
 35 40 45
 aca ctg aga cag aga tcg gtg cag gac aaa aag cca ggc act tac tct 192
 Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser
 50 55 60
 ctg gcc gat gtt gct tct cac gac agg cct gga gac tgc tgg atg atc 240
 Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile
 65 70 75 80
 gtc aaa gag aag gtg tat gat att agc cgt ttt gcg gac gac cac cct 288
 Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro
 85 90 95
 gga ggg acg gta att agc acc tac ttt ggg cgg gat ggc aca gac gtt 336
 Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val
 100 105 110
 ttc gca aca ttc cat cca cct gcc gca tgg aag caa ctc aat gac tac 384
 Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr
 115 120 125
 tac att gga gac ctt gct agg gaa gag ccc ctt gat gaa ttg ctt aaa 432
 Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys
 130 135 140
 gac tac aga gat atg aga gcc gag ttt gtt aga gaa ggg ctt ttc aag 480
 Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys
 145 150 155 160
 agt tcc aag gcc tgg ttc ctg ctt cag act ctg att aat gca gct ctc 528
 Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu
 165 170 175
 ttt gct gcg agc att gcg act atc tgt tac gac aag agt tac tgg gct 576
 Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala
 180 185 190
 att gtg ctg tca gcc agt ttg atg ggt ctc ttc gtc caa cag tgt gga 624
 Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly
 195 200 205
 tgg ctt gcc cat gat ttc ctt cat caa cag gtc ttt gag aac cgt acc 672
 Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr
 210 215 220
 gcg aac tcc ttc ttt ggc tat ttg ttc ggc aat tgc gtg ctt ggc ttt 720
 Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe
 225 230 235 240
 agt gta tca tgg tgg agg acg aag cac aac att cat cat act gct ccg 768
 Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro
 245 250 255
 aat gag tgc gac gaa cag tac aca cct cta gac gaa gac att gat act 816

Asn	Glu	Cys	Asp	Glu	Gln	Tyr	Thr	Pro	Leu	Asp	Glu	Asp	Ile	Asp	Thr		
			260					265					270				
ctc	ccc	atc	att	gcc	tgg	agc	aag	gaa	att	ttg	gcc	acc	gtt	gag	agc		864
Leu	Pro	Ile	Ile	Ala	Trp	Ser	Lys	Glu	Ile	Leu	Ala	Thr	Val	Glu	Ser		
			275					280					285				
aag	aga	att	ttg	cga	gtg	ctt	caa	tat	cag	cac	tac	atg	att	ctg	cct		912
Lys	Arg	Ile	Leu	Arg	Val	Leu	Gln	Tyr	Gln	His	Tyr	Met	Ile	Leu	Pro		
			290				295					300					
cta	ttg	ttc	atg	gcc	cgg	tac	agt	tgg	act	ttt	gga	agt	ttg	ctc	ttc		960
Leu	Leu	Phe	Met	Ala	Arg	Tyr	Ser	Trp	Thr	Phe	Gly	Ser	Leu	Leu	Phe		
305					310					315					320		
aca	ttc	aat	cct	gat	ttg	agc	acg	acc	aag	gga	ttg	ata	gag	aag	gga		
1008																	
Thr	Phe	Asn	Pro	Asp	Leu	Ser	Thr	Thr	Lys	Gly	Leu	Ile	Glu	Lys	Gly		
				325					330					335			
aca	gtt	gct	ttt	cac	tac	gcc	tgg	ttc	agt	tgg	gct	gcg	ttc	cat	att		
1056																	
Thr	Val	Ala	Phe	His	Tyr	Ala	Trp	Phe	Ser	Trp	Ala	Ala	Phe	His	Ile		
			340					345					350				
ttg	ccg	ggg	gtc	gct	aag	cct	ctt	gcg	tgg	atg	gta	gca	act	gag	ctt		
1104																	
Leu	Pro	Gly	Val	Ala	Lys	Pro	Leu	Ala	Trp	Met	Val	Ala	Thr	Glu	Leu		
		355					360					365					
gtg	gcc	ggg	ttg	ttg	ttg	gga	ttc	gtg	ttt	acg	ttg	agt	cac	aat	gga		
1152																	
Val	Ala	Gly	Leu	Leu	Leu	Gly	Phe	Val	Phe	Thr	Leu	Ser	His	Asn	Gly		
	370					375					380						
aag	gag	gtt	tac	aat	gaa	tcg	aag	gac	ttc	gtg	aga	gcc	cag	gtt	att		
1200																	
Lys	Glu	Val	Tyr	Asn	Glu	Ser	Lys	Asp	Phe	Val	Arg	Ala	Gln	Val	Ile		
385				390					395					400			
acc	acc	cgt	aac	acc	aag	cga	ggc	tgg	ttc	aac	gat	tgg	ttc	act	ggg		
1248																	
Thr	Thr	Arg	Asn	Thr	Lys	Arg	Gly	Trp	Phe	Asn	Asp	Trp	Phe	Thr	Gly		
			405					410					415				
gga	ctc	gac	acc	cag	att	gag	cat	cac	ctg	ttt	cca	aca	atg	ccc	agg		
1296																	
Gly	Leu	Asp	Thr	Gln	Ile	Glu	His	His	Leu	Phe	Pro	Thr	Met	Pro	Arg		
			420				425						430				
cac	aac	tac	ccc	aag	atc	gca	cct	cag	gtc	gag	gct	ctt	tgc	aag	aag		
1344																	
His	Asn	Tyr	Pro	Lys	Ile	Ala	Pro	Gln	Val	Glu	Ala	Leu	Cys	Lys	Lys		
		435					440					445					
cac	ggc	ctc	gag	tac	gat	aat	gtc	tcc	gtc	gtt	ggg	gcc	tct	gtc	gcg		
1392																	
His	Gly	Leu	Glu	Tyr	Asp	Asn	Val	Ser	Val	Val	Gly	Ala	Ser	Val	Ala		
	450					455					460						
gtt	gtg	aag	gcg	ctc	aag	gaa	att	gct	gat	gaa	gcg	tca	att	cgg	ctt		
1440																	
Val	Val	Lys	Ala	Leu	Lys	Glu	Ile	Ala	Asp	Glu	Ala	Ser	Ile	Arg	Leu		
465					470					475					480		
cac	gct	cac	taa														
1452																	
His	Ala	His															
<210>		38															
<211>		483															
<212>		PRT															
<213>		Ceratodon purpureus															
<400>		38															
Met	Ala	Leu	Val	Thr	Asp	Phe	Leu	Asn	Phe	Leu	Gly	Thr	Thr	Trp	Ser		
1			5						10					15			
Lys	Tyr	Ser	Val	Tyr	Thr	His	Ser	Tyr	Ala	Gly	Asn	Tyr	Gly	Pro	Thr		
			20					25					30				

Leu Lys His Ala Lys Lys Val Ser Ala Gln Gly Lys Thr Ala Gly Gln
 35 40 45
 Thr Leu Arg Gln Arg Ser Val Gln Asp Lys Lys Pro Gly Thr Tyr Ser
 50 55 60
 Leu Ala Asp Val Ala Ser His Asp Arg Pro Gly Asp Cys Trp Met Ile
 65 70 75 80
 Val Lys Glu Lys Val Tyr Asp Ile Ser Arg Phe Ala Asp Asp His Pro
 85 90 95
 Gly Gly Thr Val Ile Ser Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val
 100 105 110
 Phe Ala Thr Phe His Pro Pro Ala Ala Trp Lys Gln Leu Asn Asp Tyr
 115 120 125
 Tyr Ile Gly Asp Leu Ala Arg Glu Glu Pro Leu Asp Glu Leu Leu Lys
 130 135 140
 Asp Tyr Arg Asp Met Arg Ala Glu Phe Val Arg Glu Gly Leu Phe Lys
 145 150 155 160
 Ser Ser Lys Ala Trp Phe Leu Leu Gln Thr Leu Ile Asn Ala Ala Leu
 165 170 175
 Phe Ala Ala Ser Ile Ala Thr Ile Cys Tyr Asp Lys Ser Tyr Trp Ala
 180 185 190
 Ile Val Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe Val Gln Gln Cys Gly
 195 200 205
 Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His Gln Gln Val Phe Glu Asn Arg Thr
 210 215 220
 Ala Asn Ser Phe Phe Gly Tyr Leu Phe Gly Asn Cys Val Leu Gly Phe
 225 230 235 240
 Ser Val Ser Trp Trp Arg Thr Lys His Asn Ile His His Thr Ala Pro
 245 250 255
 Asn Glu Cys Asp Glu Gln Tyr Thr Pro Leu Asp Glu Asp Ile Asp Thr
 260 265 270
 Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Glu Ile Leu Ala Thr Val Glu Ser
 275 280 285
 Lys Arg Ile Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His Tyr Met Ile Leu Pro
 290 295 300
 Leu Leu Phe Met Ala Arg Tyr Ser Trp Thr Phe Gly Ser Leu Leu Phe
 305 310 315 320
 Thr Phe Asn Pro Asp Leu Ser Thr Thr Lys Gly Leu Ile Glu Lys Gly
 325 330 335
 Thr Val Ala Phe His Tyr Ala Trp Phe Ser Trp Ala Ala Phe His Ile
 340 345 350
 Leu Pro Gly Val Ala Lys Pro Leu Ala Trp Met Val Ala Thr Glu Leu
 355 360 365
 Val Ala Gly Leu Leu Leu Gly Phe Val Phe Thr Leu Ser His Asn Gly
 370 375 380
 Lys Glu Val Tyr Asn Glu Ser Lys Asp Phe Val Arg Ala Gln Val Ile
 385 390 395 400
 Thr Thr Arg Asn Thr Lys Arg Gly Trp Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly
 405 410 415
 Gly Leu Asp Thr Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg
 420 425 430
 His Asn Tyr Pro Lys Ile Ala Pro Gln Val Glu Ala Leu Cys Lys Lys
 435 440 445
 His Gly Leu Glu Tyr Asp Asn Val Ser Val Val Gly Ala Ser Val Ala
 450 455 460
 Val Val Lys Ala Leu Lys Glu Ile Ala Asp Glu Ala Ser Ile Arg Leu
 465 470 475 480
 His Ala His

<210> 39
 <211> 1374
 <212> DNA
 <213> Mortierella alpina
 <220>

<221>		CDS														
<222>		(1) .. (1374)														
<400>		39														
atg gct gct gct ccc agt gtg agg acg ttt act cgg gcc gag gtt ttg	48															
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu																
1 5 10 15																
aat gcc gag gct ctg aat gag ggc aag aag gat gcc gag gca ccc ttc	96															
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe																
20 25 30																
ttg atg atc atc gac aac aag gtg tac gat gtc cgc gag ttc gtc cct	144															
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro																
35 40 45																
gat cat ccc ggt gga agt gtg att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc	192															
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly																
50 55 60																
act gac gtc ttt gac act ttt cac ccc gag gct gct tgg gag act ctt	240															
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu																
65 70 75 80																
gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gac gag agc gac cgc gat atc aag	288															
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys																
85 90 95																
aat gat gac ttt gcg gcc gag gtc cgc aag ctg cgt acc ttg ttc cag	336															
Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln																
100 105 110																
tct ctt ggt tac tac gat tct tcc aag gca tac tac gcc ttc aag gtc	384															
Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val																
115 120 125																
tcg ttc aac ctc tgc atc tgg ggt ttg tcg acg gtc att gtg gcc aag	432															
Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys																
130 135 140																
tgg ggc cag acc tcg acc ctc gcc aac gtg ctc tcg gct gcg ctt ttg	480															
Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu																
145 150 155 160																
ggt ctg ttc tgg cag cag tgc gga tgg ttg gct cac gac ttt ttg cat	528															
Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His																
165 170 175																
cac cag gtc ttc cag gac cgt ttc tgg ggt gat ctt ttc ggc gcc ttc	576															
His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe																
180 185 190																
ttg gga ggt gtc tgc cag ggc ttc tcg tcc tcg tgg tgg aag gac aag	624															
Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys																
195 200 205																
cac aac act cac cac gcc gcc ccc aac gtc cac ggc gag gat ccc gac	672															
His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp																
210 215 220																
att gac acc cac cct ctg ttg acc tgg agt gag cat gcg ttg gag atg																

ctg ttc atc aag gat ccc gtc aac atg ctg gtg tac ttt ttg gtg tcg
 1008
 Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Leu Val Tyr Phe Leu Val Ser
 325 330 335
 cag gcg gtg tgc gga aac ttg ttg gcg atc gtg ttc tcg ctc aac cac
 1056
 Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His
 340 345 350
 aac ggt atg cct gtg atc tcg aag gag gag gcg gtc gat atg gat ttc
 1104
 Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe
 355 360 365
 ttc acg aag cag atc atc acg ggt cgt gat gtc cac ccg ggt cta ttt
 1152
 Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
 370 375 380
 gcc aac tgg ttc acg ggt gga ttg aac tat cag atc gag cac cac ttg
 1200
 Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
 385 390 395 400
 ttc cct tcg atg cct cgc cac aac ttt tca aag atc cag cct gct gtc
 1248
 Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
 405 410 415
 gag acc ctg tgc aaa aag tac aat gtc cga tac cac acc acc ggt atg
 1296
 Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Asn Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
 420 425 430
 atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ctg aac gag gtc tcc aag
 1344
 Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
 435 440 445
 gct gcc tcc aag atg ggt aag gcg cag taa
 1374
 Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
 450 455
 <210> 40
 <211> 457
 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina
 <400> 40
 Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Val Leu
 1 5 10 15
 Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
 20 25 30
 Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
 35 40 45
 Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
 50 55 60
 Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu
 65 70 75 80
 Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Asp Ile Lys
 85 90 95
 Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
 100 105 110
 Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
 115 120 125
 Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Val Ile Val Ala Lys
 130 135 140
 Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
 145 150 155 160
 Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175

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

<210> 41

<211> 1374

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1374)

<400> 41

atg gct gct gct ccc agt gtg agg acg ttt act cgg gcc gag att ttg	48
Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Ile Leu	
1 5 10 15	
aat gcc gag gcc ctg aat gag ggc aag aag gat gcc gag gca ccc ttt	96
Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe	
20 25 30	
ctg atg atc att gac aac aag gtg tac gat gtc cgc gag ttt gtc cct	144
Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro	
35 40 45	
gat cat ccc ggt gga agt gtg att ctc acg cac gtt ggc aag gac ggc	192
Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly	
50 55 60	
act gac gtc ttt gac act ttc cac ccc gag gct gct tgg gag act ctt	240
Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu	
65 70 75 80	
gcc aac ttt tac gtt ggt gat att gat gag agc gat cgt gcc atc aag	288
Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Ala Ile Lys	
85 90 95	
aat gat gac ttt gcg gcc gag gtt cgc aag ctg cgc acc ttg ttc cag	336

Asn	Asp	Asp	Phe	Ala	Ala	Glu	Val	Arg	Lys	Leu	Arg	Thr	Leu	Phe	Gln	
			100					105					110			
tcc	ctt	ggc	tac	tac	gac	tcg	tcc	aag	gca	tac	tat	gcc	ttc	aag	gtc	384
Ser	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Asp	Ser	Ser	Lys	Ala	Tyr	Tyr	Ala	Phe	Lys	Val	
		115					120					125				
tcg	ttc	aac	ctc	tgc	atc	tgg	ggc	ttg	tcg	act	ttc	att	gtt	gcc	aag	432
Ser	Phe	Asn	Leu	Cys	Ile	Trp	Gly	Leu	Ser	Thr	Phe	Ile	Val	Ala	Lys	
	130					135					140					
tgg	ggc	cag	acc	tcg	acc	ctc	gcc	aac	gtg	ctc	tcg	gct	gcg	ctc	ttg	480
Trp	Gly	Gln	Thr	Ser	Thr	Leu	Ala	Asn	Val	Leu	Ser	Ala	Ala	Leu	Leu	
145					150					155					160	
ggt	ctc	ttc	tgg	cag	cag	tgc	gga	tgg	ttg	gcg	cac	gac	ttt	ttg	cac	528
Gly	Leu	Phe	Trp	Gln	Gln	Cys	Gly	Trp	Leu	Ala	His	Asp	Phe	Leu	His	
				165				170						175		
cac	cag	gtc	ttc	cag	gac	cgt	ttc	tgg	ggt	gat	ctt	ttc	ggc	gcc	ttc	576
His	Gln	Val	Phe	Gln	Asp	Arg	Phe	Trp	Gly	Asp	Leu	Phe	Gly	Ala	Phe	
			180					185					190			
ttg	gga	ggt	gtc	tgc	cag	ggt	ttc	tcg	tcc	tcc	tgg	tgg	aag	gac	aag	624
Leu	Gly	Gly	Val	Cys	Gln	Gly	Phe	Ser	Ser	Ser	Trp	Trp	Lys	Asp	Lys	
		195				200						205				
cac	aac	act	cac	cac	gct	gct	ccc	aac	gtc	cac	ggc	gag	gat	ccc	gac	672
His	Asn	Thr	His	His	Ala	Ala	Pro	Asn	Val	His	Gly	Glu	Asp	Pro	Asp	
	210				215						220					
att	gac	act	cac	cct	ctg	ttg	acc	tgg	agt	gag	cat	gct	ctg	gag	atg	720
Ile	Asp	Thr	His	Pro	Leu	Leu	Thr	Trp	Ser	Glu	His	Ala	Leu	Glu	Met	
225				230						235					240	
ttc	tcg	gat	gtt	cct	gac	gag	gag	ctg	acc	cgt	atg	tgg	tcg	cgc	ttc	768
Phe	Ser	Asp	Val	Pro	Asp	Glu	Glu	Leu	Thr	Arg	Met	Trp	Ser	Arg	Phe	
			245					250						255		
atg	gtc	ctc	aac	cag	acc	tgg	ttc	tac	ttc	ccc	att	ctc	tcg	ttt	gcc	816
Met	Val	Leu	Asn	Gln	Thr	Trp	Phe	Tyr	Phe	Pro	Ile	Leu	Ser	Phe	Ala	
			260				265					270				
cgt	ctg	tcc	tgg	tgc	ctc	cag	tcc	att	atg	ttt	ggt	ctg	ccc	aac	ggt	864
Arg	Leu	Ser	Trp	Cys	Leu	Gln	Ser	Ile	Met	Phe	Val	Leu	Pro	Asn	Gly	
		275				280					285					
cag	gcc	cac	aag	ccc	tct	gga	gcg	cgt	gtg	ccc	att	tcg	ttg	gtc	gag	912
Gln	Ala	His	Lys	Pro	Ser	Gly	Ala	Arg	Val	Pro	Ile	Ser	Leu	Val	Glu	
	290					295				300						
cag	ctg	tct	ctg	gct	atg	cac	tgg	acc	tgg	tac	ctc	gcc	acc	atg	ttc	960
Gln	Leu	Ser	Leu	Ala	Met	His	Trp	Thr	Trp	Tyr	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	
305				310						315					320	
ctg	ttc	att	aag	gat	ccc	gtc	aac	atg	att	gtg	tac	ttt	ttg	gtg	tcg	
1008																
Leu	Phe	Ile	Lys	Asp	Pro	Val	Asn	Met	Ile	Val	Tyr	Phe	Leu	Val	Ser	
			325					330					335			
cag	gct	gtt	tgc	ggc	aac	ttg	ttg	gcg	att	gtg	ttc	tcg	ctc	aac	cac	
1056																
Gln	Ala	Val	Cys	Gly	Asn	Leu	Leu	Ala	Ile	Val	Phe	Ser	Leu	Asn	His	
			340					345					350			
aac	ggc	atg	cct	gtg	atc	tcc	aag	gag	gaa	gcg	gtc	gat	atg	gac	ttc	
1104																
Asn	Gly	Met	Pro	Val	Ile	Ser	Lys	Glu	Glu	Ala	Val	Asp	Met	Asp	Phe	
		355					360					365				
ttc	acc	aag	cag	atc	atc	acg	ggt	cgt	gat	gtt	cac	cct	ggt	ctg	ttt	
1152																
Phe	Thr	Lys	Gln	Ile	Ile	Thr	Gly	Arg	Asp	Val	His	Pro	Gly	Leu	Phe	
	370					375					380					
gcc	aac	tgg	ttc	acg	ggt	gga	ttg	aac	tac	cag	att	gag	cac	cac	ttg	
1200																
Ala	Asn	Trp	Phe	Thr	Gly	Gly	Leu	Asn	Tyr	Gln	Ile	Glu	His	His	Leu	
385				390						395					400	
ttc	cct	tcg	atg	ccc	cgc	cac	aac	ttt	tca	aag	atc	cag	cct	gct	gtc	
1248																

Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
 405 410 415
 gag act ttg tgc aaa aag tac ggt gtc cga tac cat acc act ggt atg
 1296
 Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
 420 425 430
 atc gag gga act gca gag gtc ttt agc cgt ttg aac gag gtc tcc aag
 1344
 Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
 435 440 445
 gcg gcc tcc aag atg ggc aag gca cag taa
 1374
 Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
 450 455
 <210> 42
 <211> 457
 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina
 <400> 42
 Met Ala Ala Ala Pro Ser Val Arg Thr Phe Thr Arg Ala Glu Ile Leu
 1 5 10 15
 Asn Ala Glu Ala Leu Asn Glu Gly Lys Lys Asp Ala Glu Ala Pro Phe
 20 25 30
 Leu Met Ile Ile Asp Asn Lys Val Tyr Asp Val Arg Glu Phe Val Pro
 35 40 45
 Asp His Pro Gly Gly Ser Val Ile Leu Thr His Val Gly Lys Asp Gly
 50 55 60
 Thr Asp Val Phe Asp Thr Phe His Pro Glu Ala Ala Trp Glu Thr Leu
 65 70 75 80
 Ala Asn Phe Tyr Val Gly Asp Ile Asp Glu Ser Asp Arg Ala Ile Lys
 85 90 95
 Asn Asp Asp Phe Ala Ala Glu Val Arg Lys Leu Arg Thr Leu Phe Gln
 100 105 110
 Ser Leu Gly Tyr Tyr Asp Ser Ser Lys Ala Tyr Tyr Ala Phe Lys Val
 115 120 125
 Ser Phe Asn Leu Cys Ile Trp Gly Leu Ser Thr Phe Ile Val Ala Lys
 130 135 140
 Trp Gly Gln Thr Ser Thr Leu Ala Asn Val Leu Ser Ala Ala Leu Leu
 145 150 155 160
 Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175
 His Gln Val Phe Gln Asp Arg Phe Trp Gly Asp Leu Phe Gly Ala Phe
 180 185 190
 Leu Gly Gly Val Cys Gln Gly Phe Ser Ser Ser Trp Trp Lys Asp Lys
 195 200 205
 His Asn Thr His His Ala Ala Pro Asn Val His Gly Glu Asp Pro Asp
 210 215 220
 Ile Asp Thr His Pro Leu Leu Thr Trp Ser Glu His Ala Leu Glu Met
 225 230 235 240
 Phe Ser Asp Val Pro Asp Glu Glu Leu Thr Arg Met Trp Ser Arg Phe
 245 250 255
 Met Val Leu Asn Gln Thr Trp Phe Tyr Phe Pro Ile Leu Ser Phe Ala
 260 265 270
 Arg Leu Ser Trp Cys Leu Gln Ser Ile Met Phe Val Leu Pro Asn Gly
 275 280 285
 Gln Ala His Lys Pro Ser Gly Ala Arg Val Pro Ile Ser Leu Val Glu
 290 295 300
 Gln Leu Ser Leu Ala Met His Trp Thr Trp Tyr Leu Ala Thr Met Phe
 305 310 315 320
 Leu Phe Ile Lys Asp Pro Val Asn Met Ile Val Tyr Phe Leu Val Ser
 325 330 335
 Gln Ala Val Cys Gly Asn Leu Leu Ala Ile Val Phe Ser Leu Asn His
 340 345 350

```

Asn Gly Met Pro Val Ile Ser Lys Glu Glu Ala Val Asp Met Asp Phe
    355                                360                    365
Phe Thr Lys Gln Ile Ile Thr Gly Arg Asp Val His Pro Gly Leu Phe
    370                                375                    380
Ala Asn Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu
    385                                390                    395                    400
Phe Pro Ser Met Pro Arg His Asn Phe Ser Lys Ile Gln Pro Ala Val
    405                                410                    415
Glu Thr Leu Cys Lys Lys Tyr Gly Val Arg Tyr His Thr Thr Gly Met
    420                                425                    430
Ile Glu Gly Thr Ala Glu Val Phe Ser Arg Leu Asn Glu Val Ser Lys
    435                                440                    445
Ala Ala Ser Lys Met Gly Lys Ala Gln
    450                                455

```

```

<210> 43
<211> 444
<212> PRT
<213> Seqüência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(10)
<223> xaa na posição 5 a 10 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(11)
<223> xaa na posição 11 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)
<223> xaa na posição 16 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(17)
<223> xaa na posição 17 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(20)
<223> xaa na posição 19 a 20 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(23)
<223> xaa na posição 22 a 23 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(25)
<223> xaa na posição 25 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(27)
<223> xaa na posição 27 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(30)
<223> xaa na posição 30 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (32)..(34)
<223> xaa na posição 32 a 34 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(38)
<223> xaa na posição 37 a 38 é qualquer aminoácido
<220>

```

<221> Variante
<222> (40)..(42)
<223> xaa na posição 40 a 42 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (44)..(46)
<223> xaa na posição 44 a 46 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (48)..(48)
<223> xaa na posição 48 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (51)..(59)
<223> xaa na posição 51 a 59 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (60)..(77)
<223> xaa na posição 60 a 77 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (79)..(82)
<223> xaa na posição 79 a 82 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (84)..(84)
<223> xaa na posição 84 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (87)..(92)
<223> xaa na posição 87 a 92 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (94)..(97)
<223> xaa na posição 94 a 97 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (99)..(101)
<223> xaa na posição 99 a 101 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (103)..(104)
<223> xaa na posição 103 a 104 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (106)..(132)
<223> xaa na posição 106 a 132 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (133)..(134)
<223> xaa na posição 133 a 134 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (136)..(138)
<223> xaa na posição 136 a 138 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (140)..(140)
<223> xaa na posição 140 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (142)..(142)
<223> xaa na posição 142 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (145)..(145)
 <223> xaa na posição 145 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (153)..(153)
 <223> xaa na posição 153 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (159)..(160)
 <223> xaa na posição 159 a 160 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (162)..(171)
 <223> xaa na posição 162 a 171 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (172)..(172)
 <223> xaa na posição 172 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (174)..(176)
 <223> xaa na posição 174 a 176 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (181)..(182)
 <223> xaa na posição 181 a 182 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (186)..(186)
 <223> xaa na posição 186 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (190)..(190)
 <223> xaa na posição 190 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (194)..(195)
 <223> xaa na posição 194 a 195 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (197)..(200)
 <223> xaa na posição 197 a 200 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (201)..(207)
 <223> xaa na posição 201 a 207 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (214)..(214)
 <223> xaa na posição 214 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (216)..(216)
 <223> xaa na posição 216 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (218)..(218)
 <223> xaa na posição 218 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (220)..(238)

<223> xaa na posição 220 a 238 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (239)..(250)
 <223> xaa na posição 239 a 250 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (252)..(255)
 <223> xaa na posição 252 a 255 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (257)..(258)
 <223> xaa na posição 257 a 258 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (260)..(261)
 <223> xaa na posição 260 a 261 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (264)..(264)
 <223> xaa na posição 264 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (267)..(269)
 <223> xaa na posição 267 a 269 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (271)..(284)
 <223> xaa na posição 271 a 284 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (285)..(296)
 <223> xaa na posição 285 a 296 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (298)..(298)
 <223> xaa na posição 298 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (300)..(305)
 <223> xaa na posição 300 a 305 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (307)..(326)
 <223> xaa na posição 307 a 326 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (327)..(328)
 <223> xaa na posição 327 a 328 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (330)..(336)
 <223> xaa na posição 330 a 336 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (338)..(339)
 <223> xaa na posição 338 a 339 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (342)..(342)
 <223> xaa na posição 342 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (345)..(347)
 <223> xaa na posição 345 a 347 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (352)..(352)
 <223> xaa na posição 352 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (354)..(359)
 <223> xaa na posição 354 a 359 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (360)..(363)
 <223> xaa na posição 360 a 363 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (365)..(367)
 <223> xaa na posição 365 a 367 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (369)..(370)
 <223> xaa na posição 369 a 370 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (372)..(372)
 <223> xaa na posição 372 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (374)..(379)
 <223> xaa na posição 374 a 379 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (380)..(384)
 <223> xaa na posição 380 a 384 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (386)..(387)
 <223> xaa na posição 386 a 387 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (390)..(390)
 <223> xaa na posição 390 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (404)..(405)
 <223> xaa na posição 404 a 405 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (410)..(411)
 <223> xaa na posição 410 a 411 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (413)..(416)
 <223> xaa na posição 413 a 416 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (418)..(419)
 <223> xaa na posição 418 a 419 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (423)..(427)
 <223> xaa na posição 423 a 427 é qualquer aminoácido
 <220>

<221> Variante
 <222> (430)..(435)
 <223> xaa na posição 430 a 435 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (438)..(438)
 <223> xaa na posição 438 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (441)..(443)
 <223> xaa na posição 441 a 443 é qualquer aminoácido
 <400> 43
 Lys Val Tyr Asp xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa His Pro Gly Gly xaa
 1 5 10 15
 xaa Val xaa xaa Thr xaa xaa Gly xaa Asp xaa Thr Asp xaa Phe xaa
 20 25 30
 xaa xaa His Pro xaa xaa Ala xaa xaa xaa Leu xaa xaa Tyr xaa
 35 40 45
 Gly Asp xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 50 55 60
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Phe xaa xaa
 65 70 75 80
 xaa xaa Arg xaa Leu Arg xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa xaa xaa
 85 90 95
 xaa Ser xaa xaa xaa Tyr xaa xaa Lys xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 100 105 110
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 115 120 125
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa Gly xaa Phe xaa Gln Gln
 130 135 140
 xaa Gly Trp Leu Ala His Asp Phe xaa His His Gln Val Phe xaa xaa
 145 150 155 160
 Arg xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa xaa xaa
 165 170 175
 Gln Gly Phe Ser xaa xaa Trp Trp Lys xaa Lys His Asn xaa His His
 180 185 190
 Ala xaa xaa Asn xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Asp
 195 200 205
 Pro Asp Ile Asp Thr xaa Pro xaa Leu xaa Trp xaa xaa xaa xaa xaa
 210 215 220
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 225 230 235 240
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gln xaa xaa xaa xaa Phe
 245 250 255
 xaa xaa Leu xaa xaa Ala Arg xaa Ser Trp xaa xaa xaa Ser xaa xaa
 260 265 270
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 275 280 285
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa Glu xaa xaa xaa xaa xaa
 290 295 300
 xaa His xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 305 310 315 320
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Phe xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 325 330 335
 Gly xaa xaa Leu Ala xaa Val Phe xaa xaa xaa His Asn Gly Met xaa
 340 345 350
 Val xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Phe xaa xaa xaa Gln
 355 360 365
 xaa xaa Thr xaa Arg xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 370 375 380
 Phe xaa xaa Trp Phe xaa Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His
 385 390 395 400
 Leu Phe Pro xaa xaa Pro Arg His Asn xaa xaa Lys xaa xaa xaa xaa

	405	410	415
Val xaa xaa	Leu Cys Lys xaa xaa xaa xaa xaa Tyr His xaa xaa xaa		
	420	425	430
xaa xaa xaa	Gly Thr xaa Glu Val xaa xaa xaa Leu		
	435	440	

<210> 44
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(3)
 <223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é Asp ou Glu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(12)
 <223> xaa na posição 12 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Leu, Met ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(18)
 <223> xaa na posição 17 a 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Ala, Asn, Pro ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Pro ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(25)
 <223> xaa na posição 25 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante

<222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é Glu ou Lys
 <220>
 <221> Variante
 <222> (27)..(27)
 <223> xaa na posição 27 é Ala, Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (30)..(30)
 <223> xaa na posição 30 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <400> 44
 Leu xaa xaa Gln Ile xaa His His xaa Phe Pro xaa xaa Pro Arg His
 1 5 10 15
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu Cys xaa Lys
 20 25 30
 <210> 45
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Asp, Gly ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(4)
 <223> xaa na posição 3 a 4 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(10)
 <223> xaa na posição 10 é Ala, Gln ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é Asp ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é Ala, Ser ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Pro ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(25)
 <223> xaa na posição 25 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (27)..(27)
 <223> xaa na posição 27 é Glu, Gly, Asn ou Ser
 <400> 45
 Gly xaa xaa xaa Gln Gly Phe Ser xaa xaa Trp Trp Lys xaa Lys His
 1 5 10 15
 Asn xaa His His xaa xaa xaa Asn xaa xaa xaa
 20 25
 <210> 46
 <211> 31
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(3)
 <223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é Glu, Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(7)
 <223> xaa na posição 7 é Ala ou Gly
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(8)
 <223> xaa na posição 8 é Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(10)
 <223> xaa na posição 10 é Ala, Ser ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(13)
 <223> xaa na posição 12 a 13 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é Phe ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é Pro ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(18)
 <223> xaa na posição 17 a 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(22)
 <223> xaa na posição 20 a 22 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(25)
 <223> xaa na posição 24 a 25 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (28)..(28)
 <223> xaa na posição 28 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (29)..(29)
 <223> xaa na posição 29 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <400> 46
 Thr xaa xaa Gly xaa Asp xaa xaa Asp xaa Phe xaa xaa xaa His xaa
 1 5 10 15
 xaa xaa Ala xaa xaa xaa Leu xaa xaa xaa Tyr xaa xaa Gly Asp
 20 25 30
 <210> 47
 <211> 26
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Phe, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(3)
 <223> xaa na posição 3 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(4)
 <223> xaa na posição 4 é Ala, Gly ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é Gln ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é Ala, Cys ou Pro
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(7)
 <223> xaa na posição 7 é Ser, Thr ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(8)
 <223> xaa na posição 8 é Cys, Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(11)
 <223> xaa na posição 10 a 11 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(18)
 <223> xaa na posição 17 a 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(20)
 <223> xaa na posição 19 a 20 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(23)
 <223> xaa na posição 22 a 23 é qualquer um ou nenhum aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é Ala, Pro ou Ser
 <400> 47
 Phe xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa xaa Leu Ala xaa Val Phe
 1 5 10 15
 xaa xaa xaa xaa Asn xaa xaa Gly Met xaa
 20 25
 <210> 48
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(8)
 <223> xaa na posição 8 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (11)..(11)
 <223> xaa na posição 11 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Asp ou Ser
 <400> 48
 Pro Asp Ile Asp Thr xaa Pro xaa Leu Leu xaa Trp xaa
 1 5 10
 <210> 49
 <211> 17
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(3)
 <223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(4)
 <223> xaa na posição 4 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(8)
 <223> xaa na posição 7 a 8 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (11)..(11)
 <223> xaa na posição 11 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(12)
 <223> xaa na posição 12 é Phe ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)

<223> xaa na posição 15 é Ile ou Leu
 <400> 49
 Gln xaa xaa xaa Tyr Phe xaa xaa xaa Leu xaa xaa Ala Arg xaa Ser
 1 5 10 15
 Trp

<210> 50
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Asp, Glu ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(3)
 <223> xaa na posição 3 é Ala ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(4)
 <223> xaa na posição 4 é Asp, Gly, Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(7)
 <223> xaa na posição 5 a 7 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(10)
 <223> xaa na posição 9 a 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Phe, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(15)
 <223> xaa na posição 14 a 15 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é Ala, Asp, Gly, Asn ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(19)
 <223> xaa na posição 18 a 19 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é Ala, Gln ou Ser
 <400> 50
 His xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa xaa Glu Val xaa xaa xaa Leu
 1 5 10 15
 xaa xaa xaa xaa
 20

<210> 51
 <211> 1320
 <212> DNA
 <213> Thraustochytrium ssp.
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1320)
 <400> 51

atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc	48
Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala	
1 5 10 15	
gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg	96
Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu	
20 25 30	
tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc	144
Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe	
35 40 45	
ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag	192
Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu	
50 55 60	
ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg	240
Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro	
65 70 75 80	
aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg cgg ttc tcg gcc aaa gag cag	288
Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln	
85 90 95	
gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag	336
Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu	
100 105 110	
ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac	384
Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr	
115 120 125	
cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg	432
Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met	
130 135 140	
tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc	480
Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly	
145 150 155 160	
att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg	528
Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly	
165 170 175	
tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cgg atg tgc gag ttc ttc	576
Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe	
180 185 190	
tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggg cac tac tgg aag aac cag cac	624
Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His	
195 200 205	
agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc	672
Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu	
210 215 220	
aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc	720
Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val	
225 230 235 240	
aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc	768
Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu	
245 250 255	
ttt gcg ccc gtc tcg tgc ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac	816
Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr	
260 265 270	
ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc	864
Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val	
275 280 285	
tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc	912
Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu	
290 295 300	
ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc	960
Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly	
305 310 315 320	
ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac	
1008	
Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His	

325 330 335
 ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg
 1056
 Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
 340 345 350
 gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg
 1104
 Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
 355 360 365
 tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg
 1152
 Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
 370 375 380
 gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc
 1200
 Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu
 385 390 395 400
 ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg
 1248
 Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
 405 410 415
 gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc
 1296
 Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
 420 425 430
 gcc gac acc aag aag cag gac tga
 1320
 Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
 435 440
 <210> 52
 <211> 439
 <212> PRT
 <213> Thraustochytrium ssp.
 <400> 52
 Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
 1 5 10 15
 Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
 20 25 30
 Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
 35 40 45
 Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
 50 55 60
 Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
 65 70 75 80
 Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
 85 90 95
 Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
 100 105 110
 Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
 115 120 125
 Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met
 130 135 140
 Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly
 145 150 155 160
 Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly
 165 170 175
 Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe
 180 185 190
 Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His
 195 200 205
 Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu
 210 215 220
 Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val

[illegible]

Phe	Ala	Glu	Leu	Ala	Ala	Met	Tyr	Ala	Leu	Gly	Thr	Tyr	Leu	Met	Tyr		
145					150					155					160		
gct	cga	tac	gtc	gtc	tcc	tcg	gtg	ctc	gtg	tac	gct	tgc	ttt	ttc	ggc		528
Ala	Arg	Tyr	Val	Val	Ser	Ser	Val	Leu	Val	Tyr	Ala	Cys	Phe	Phe	Gly		
				165					170					175			
gcc	cga	tgc	ggg	tgg	gtg	cag	cac	gag	ggc	gga	cac	agc	tcg	ctg	acg		576
Ala	Arg	Cys	Gly	Trp	Val	Gln	His	Glu	Gly	Gly	His	Ser	Ser	Leu	Thr		
			180					185					190				
ggc	aac	att	tgg	tgg	gac	aag	cgc	atc	cag	gcc	ttc	aca	gcc	ggg	ttc		624
Gly	Asn	Ile	Trp	Trp	Asp	Lys	Arg	Ile	Gln	Ala	Phe	Thr	Ala	Gly	Phe		
	195						200					205					
ggg	ctc	gcc	ggg	agc	ggc	gac	atg	tgg	aac	tcg	atg	cac	aac	aag	cat		672
Gly	Leu	Ala	Gly	Ser	Gly	Asp	Met	Trp	Asn	Ser	Met	His	Asn	Lys	His		
	210					215					220						
cac	gcg	acg	cct	caa	aag	gtt	cgt	cac	gac	atg	gat	ctg	gac	acc	acc		720
His	Ala	Thr	Pro	Gln	Lys	Val	Arg	His	Asp	Met	Asp	Leu	Asp	Thr	Thr		
	225				230				235					240			
ccc	gcg	gtg	gcg	ttc	ttc	aac	acc	gcg	gtg	gaa	gac	aat	cgt	ccc	cgt		768
Pro	Ala	Val	Ala	Phe	Phe	Asn	Thr	Ala	Val	Glu	Asp	Asn	Arg	Pro	Arg		
			245					250					255				
ggc	ttt	agc	aag	tac	tgg	ttg	cgc	ctt	cag	gcg	tgg	acc	ttc	atc	ccc		816
Gly	Phe	Ser	Lys	Tyr	Trp	Leu	Arg	Leu	Gln	Ala	Trp	Thr	Phe	Ile	Pro		
			260					265					270				
gtg	acg	tcc	ggc	ttg	gtg	ctc	ctt	ttc	tgg	atg	ttt	ttc	ctc	cac	ccc		864
Val	Thr	Ser	Gly	Leu	Val	Leu	Phe	Trp	Met	Phe	Phe	Leu	His	Pro			
		275					280					285					
tcc	aag	gct	ttg	aag	ggg	ggc	aag	tac	gaa	gag	ttg	gtg	tgg	atg	ctc		912
Ser	Lys	Ala	Leu	Lys	Gly	Gly	Lys	Tyr	Glu	Glu	Leu	Val	Trp	Met	Leu		
	290					295					300						
gcc	gcg	cac	gtc	atc	cgc	acg	tgg	acg	atc	aag	gcg	gtg	acc	gga	ttc		960
Ala	Ala	His	Val	Ile	Arg	Thr	Trp	Thr	Ile	Lys	Ala	Val	Thr	Gly	Phe		
	305			310				315						320			
acc	gcg	atg	cag	tcc	tac	ggc	tta	ttt	ttg	gcg	acg	agc	tgg	gtg	agc		
1008																	
Thr	Ala	Met	Gln	Ser	Tyr	Gly	Leu	Phe	Leu	Ala	Thr	Ser	Trp	Val	Ser		
			325						330					335			
ggc	tgc	tat	ctg	ttt	gca	cac	ttc	tcc	acg	tcg	cac	acg	cac	ctg	gat		
1056																	
Gly	Cys	Tyr	Leu	Phe	Ala	His	Phe	Ser	Thr	Ser	His	Thr	His	Leu	Asp		
			340					345					350				
gtg	gtg	ccc	gcg	gac	gag	cat	ctc	tcc	tgg	gtt	cga	tac	gcc	gtc	gat		
1104																	
Val	Val	Pro	Ala	Asp	Glu	His	Leu	Ser	Trp	Val	Arg	Tyr	Ala	Val	Asp		
		355					360					365					
cac	acg	atc	gac	atc	gat	ccg	agt	caa	ggg	tgg	gtg	aac	tgg	ttg	atg		
1152																	
His	Thr	Ile	Asp	Ile	Asp	Pro	Ser	Gln	Gly	Trp	Val	Asn	Trp	Leu	Met		
	370					375					380						
ggc	tac	ctc	aac	tgc	caa	gtc	atc	cac	cac	ctc	ttt	ccg	agc	atg	ccg		
1200																	
Gly	Tyr	Leu	Asn	Cys	Gln	Val	Ile	His	His	Leu	Phe	Pro	Ser	Met	Pro		
	385				390					395					400		
cag	ttc	cgc	cag	ccc	gag	gta	tct	cgc	cgc	ttc	gtc	gcc	ttt	gcg	aaa		
1248																	
Gln	Phe	Arg	Gln	Pro	Glu	Val	Ser	Arg	Arg	Phe	Val	Ala	Phe	Ala	Lys		
			405					410					415				
aag	tgg	aac	ctc	aac	tac	aag	gtc	atg	acc	tac	gcc	ggg	gcg	tgg	aag		
1296																	
Lys	Trp	Asn	Leu	Asn	Tyr	Lys	Val	Met	Thr	Tyr	Ala	Gly	Ala	Trp	Lys		
		420					425					430					
gca	acg	ctc	gga	aac	ctc	gac	aac	gtg	ggg	aag	cac	tac	tac	gtg	cac		
1344																	
Ala	Thr	Leu	Gly	Asn	Leu	Asp	Asn	Val	Gly	Lys	His	Tyr	Tyr	Val	His		

```

          435                      440                      445
ggc caa cac tcc gga aag acg gcg taa
1371
Gly Gln His Ser Gly Lys Thr Ala
    450                      455
<210> 54
<211> 456
<212> PRT
<213> Ostreococcus tauri
<400> 54
Met Cys Val Glu Thr Glu Asn Asn Asp Gly Ile Pro Thr Val Glu Ile
 1      5      10      15
Ala Phe Asp Gly Glu Arg Glu Arg Ala Glu Ala Asn Val Lys Leu Ser
    20      25      30
Ala Glu Lys Met Glu Pro Ala Ala Leu Ala Lys Thr Phe Ala Arg Arg
    35      40      45
Tyr Val Val Ile Glu Gly Val Glu Tyr Asp Val Thr Asp Phe Lys His
 50      55      60
Pro Gly Gly Thr Val Ile Phe Tyr Ala Leu Ser Asn Thr Gly Ala Asp
65      70      75      80
Ala Thr Glu Ala Phe Lys Glu Phe His His Arg Ser Arg Lys Ala Arg
    85      90      95
Lys Ala Leu Ala Ala Leu Pro Ser Arg Pro Ala Lys Thr Ala Lys Val
    100     105     110
Asp Asp Ala Glu Met Leu Gln Asp Phe Ala Lys Trp Arg Lys Glu Leu
    115     120     125
Glu Arg Asp Gly Phe Phe Lys Pro Ser Pro Ala His Val Ala Tyr Arg
    130     135     140
Phe Ala Glu Leu Ala Ala Met Tyr Ala Leu Gly Thr Tyr Leu Met Tyr
145     150     155     160
Ala Arg Tyr Val Val Ser Ser Val Leu Val Tyr Ala Cys Phe Phe Gly
    165     170     175
Ala Arg Cys Gly Trp Val Gln His Glu Gly Gly His Ser Ser Leu Thr
    180     185     190
Gly Asn Ile Trp Trp Asp Lys Arg Ile Gln Ala Phe Thr Ala Gly Phe
    195     200     205
Gly Leu Ala Gly Ser Gly Asp Met Trp Asn Ser Met His Asn Lys His
    210     215     220
His Ala Thr Pro Gln Lys Val Arg His Asp Met Asp Leu Asp Thr Thr
225     230     235     240
Pro Ala Val Ala Phe Phe Asn Thr Ala Val Glu Asp Asn Arg Pro Arg
    245     250     255
Gly Phe Ser Lys Tyr Trp Leu Arg Leu Gln Ala Trp Thr Phe Ile Pro
    260     265     270
Val Thr Ser Gly Leu Val Leu Leu Phe Trp Met Phe Phe Leu His Pro
    275     280     285
Ser Lys Ala Leu Lys Gly Gly Lys Tyr Glu Glu Leu Val Trp Met Leu
    290     295     300
Ala Ala His Val Ile Arg Thr Trp Thr Ile Lys Ala Val Thr Gly Phe
305     310     315     320
Thr Ala Met Gln Ser Tyr Gly Leu Phe Leu Ala Thr Ser Trp Val Ser
    325     330     335
Gly Cys Tyr Leu Phe Ala His Phe Ser Thr Ser His Thr His Leu Asp
    340     345     350
Val Val Pro Ala Asp Glu His Leu Ser Trp Val Arg Tyr Ala Val Asp
    355     360     365
His Thr Ile Asp Ile Asp Pro Ser Gln Gly Trp Val Asn Trp Leu Met
    370     375     380
Gly Tyr Leu Asn Cys Gln Val Ile His His Leu Phe Pro Ser Met Pro
385     390     395     400
Gln Phe Arg Gln Pro Glu Val Ser Arg Arg Phe Val Ala Phe Ala Lys
    405     410     415
Lys Trp Asn Leu Asn Tyr Lys Val Met Thr Tyr Ala Gly Ala Trp Lys

```

	420		425		430	
Ala Thr	Leu Gly Asn Leu Asp Asn Val Gly Lys His Tyr Tyr Val His					
	435		440		445	
Gly Gln	His Ser Gly Lys Thr Ala					
	450		455			

<210> 55
 <211> 1254
 <212> DNA
 <213> Leishmania major
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1254)
 <400> 55

atg gcc ctc gac aat gtc cgt ccg cac caa ccg aac gag gtg ctg atc	48
Met Ala Leu Asp Asn Val Arg Pro His Gln Pro Asn Glu Val Leu Ile	
1 5 10 15	
gat ggc gtc ctt tac gac tgc acc gat ttc cgg cat ccg ggt ggc agc	96
Asp Gly Val Leu Tyr Asp Cys Thr Asp Phe Arg His Pro Gly Gly Ser	
20 25 30	
att ctg aaa tac tac ctc ggc agc ggc gac gcc acc gag acg tac caa	144
Ile Leu Lys Tyr Tyr Leu Gly Ser Gly Asp Ala Thr Glu Thr Tyr Gln	
35 40 45	
cag ttc cac ttg aag ctg ccc agg gcg gac aag tat ctc aag cgg ctg	192
Gln Phe His Leu Lys Leu Pro Arg Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Arg Leu	
50 55 60	
ccg aat cgc ccg gcg ccg cca cag cac agc gtc aac gtg gat gag cag	240
Pro Asn Arg Pro Ala Pro Pro Gln His Ser Val Asn Val Asp Glu Gln	
65 70 75 80	
aag cga ttg gag aag ctc tcg cgg gac ttc aag gcg ctg cag gat gcg	288
Lys Arg Leu Glu Lys Leu Ser Arg Asp Phe Lys Ala Leu Gln Asp Ala	
85 90 95	
tgc gta gag gag ggc ctt ttt aac gcc agc tgg ccg cac atc gtc tac	336
Cys Val Glu Glu Gly Leu Phe Asn Ala Ser Trp Pro His Ile Val Tyr	
100 105 110	
cgg ttt tct gag ctg atc ctg atg cac gcc atc ggt ctt tac atg ctc	384
Arg Phe Ser Glu Leu Ile Leu Met His Ala Ile Gly Leu Tyr Met Leu	
115 120 125	
ttc cgt ctt ccg atc ctg tgg ccc gtc gcg ctg gtg atc ctt gga gtg	432
Phe Arg Leu Pro Ile Leu Trp Pro Val Ala Leu Val Ile Leu Gly Val	
130 135 140	
gcg gag ggg cga tgt ggc tgg tgg atg cac gag gcc ggt cac tac agc	480
Ala Glu Gly Arg Cys Gly Trp Trp Met His Glu Ala Gly His Tyr Ser	
145 150 155 160	
gtc aca ggc att ccg tgg ttg gac att aaa ata cag gag gta ctc tac	528
Val Thr Gly Ile Pro Trp Leu Asp Ile Lys Ile Gln Glu Val Leu Tyr	
165 170 175	
gga ctt ggc gat gga atg agc gcg tcg tgg tgg ccg tcg cag cat aac	576
Gly Leu Gly Asp Gly Met Ser Ala Ser Trp Trp Arg Ser Gln His Asn	
180 185 190	
aag cat cac gct act ccg cag aag cac ccg cac gac gtg gac ctt gag	624
Lys His His Ala Thr Pro Gln Lys His Arg His Asp Val Asp Leu Glu	
195 200 205	
acg ctg cct ctc gtc gcc ttc aac aag atc atc gcg cgc cgc ggc aag	672
Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Lys Ile Ile Ala Arg Arg Gly Lys	
210 215 220	
agg aac gcg agc att cgc cgc tgg atc tcc ctg cag atg ttc ctc ttc	720
Arg Asn Ala Ser Ile Arg Arg Trp Ile Ser Leu Gln Met Phe Leu Phe	
225 230 235 240	
ggc ccc gtc acc tgc tcc ctt gtc gcc ctc tac tgg cag ctc ttc cta	768
Gly Pro Val Thr Cys Ser Leu Val Ala Leu Tyr Trp Gln Leu Phe Leu	
245 250 255	
cac gtc cgc cac gcc atg cgc act cag cgt tac aca gag ggc tct gcc	816
His Val Arg His Ala Met Arg Thr Gln Arg Tyr Thr Glu Gly Ser Ala	

	260		265		270		
atc ctg tgc cgc tgg atc gtg gtc ggc gtt atc tgt cac cag ctg cag						864	
Ile Leu Cys Arg Trp Ile Val Val Gly Val Ile Cys His Gln Leu Gln							
	275		280		285		
gtc tcg ttc tgg caa ggc ctc ggc ggc gtt ctc ttc tcc cag gcc ttc						912	
Val Ser Phe Trp Gln Gly Leu Gly Gly Val Leu Phe Ser Gln Ala Phe							
	290		295		300		
agc gcc gcc tac atc ttc ata aac ttc gcc ctc aac cac tct cac ctg						960	
Ser Ala Ala Tyr Ile Phe Ile Asn Phe Ala Leu Asn His Ser His Leu							
	305		310		315		320
ccg atg ctt ccg gaa gac gaa cac gcg cac ttc gtc gag tac gcg gcc							
1008							
Pro Met Leu Pro Glu Asp Glu His Ala His Phe Val Glu Tyr Ala Ala							
	325		330		335		
atc tac acc atg aac gtg aca ccg tcg tgg ttc gtg acg tgg ttc atg							
1056							
Ile Tyr Thr Met Asn Val Thr Pro Ser Trp Phe Val Thr Trp Phe Met							
	340		345		350		
ggc tac ctt aac tac cag gtg gaa cac cac ctc ttc cct acc atg cca							
1104							
Gly Tyr Leu Asn Tyr Gln Val Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro							
	355		360		365		
cag ttc cgc ttc gtc caa ctg gcg ccg cga gtg cgg aaa ctt ttt gag							
1152							
Gln Phe Arg Phe Val Gln Leu Ala Pro Arg Val Arg Lys Leu Phe Glu							
	370		375		380		
gaa aac ggc ctc aag tac gat tcg cgt ccg tac atg gag tcg ctc cag							
1200							
Glu Asn Gly Leu Lys Tyr Asp Ser Arg Pro Tyr Met Glu Ser Leu Gln							
	385		390		395		400
aaa acc ttc aag aac ctc ggc gac gtg gcc gag ttc atc gtt gct ggg							
1248							
Lys Thr Phe Lys Asn Leu Gly Asp Val Ala Glu Phe Ile Val Ala Gly							
	405		410		415		
aac taa							
1254							
Asn							
<210> 56							
<211> 417							
<212> PRT							
<213> Leishmania major							
<400> 56							
Met Ala Leu Asp Asn Val Arg Pro His Gln Pro Asn Glu Val Leu Ile							
1	5		10		15		
Asp Gly Val Leu Tyr Asp Cys Thr Asp Phe Arg His Pro Gly Gly Ser							
	20		25		30		
Ile Leu Lys Tyr Tyr Leu Gly Ser Gly Asp Ala Thr Glu Thr Tyr Gln							
	35		40		45		
Gln Phe His Leu Lys Leu Pro Arg Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Arg Leu							
	50		55		60		
Pro Asn Arg Pro Ala Pro Pro Gln His Ser Val Asn Val Asp Glu Gln							
	65		70		75		80
Lys Arg Leu Glu Lys Leu Ser Arg Asp Phe Lys Ala Leu Gln Asp Ala							
	85		90		95		
Cys Val Glu Glu Gly Leu Phe Asn Ala Ser Trp Pro His Ile Val Tyr							
	100		105		110		
Arg Phe Ser Glu Leu Ile Leu Met His Ala Ile Gly Leu Tyr Met Leu							
	115		120		125		
Phe Arg Leu Pro Ile Leu Trp Pro Val Ala Leu Val Ile Leu Gly Val							
	130		135		140		
Ala Glu Gly Arg Cys Gly Trp Trp Met His Glu Ala Gly His Tyr Ser							
	145		150		155		160
Val Thr Gly Ile Pro Trp Leu Asp Ile Lys Ile Gln Glu Val Leu Tyr							

Asn

```

<210> 57
<211> 401
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (8)..(8)
<223> xaa na posição 8 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(10)
<223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(26)
<223> xaa na posição 17 a 26 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante

```

<222> (27)..(29)
 <223> xaa na posição 27 a 29 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(37)
 <223> xaa na posição 33 a 37 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(44)
 <223> xaa na posição 40 a 44 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (46)..(46)
 <223> xaa na posição 46 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (48)..(48)
 <223> xaa na posição 48 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (50)..(51)
 <223> xaa na posição 50 a 51 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (54)..(56)
 <223> xaa na posição 54 a 56 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (58)..(69)
 <223> xaa na posição 58 a 69 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (70)..(77)
 <223> xaa na posição 70 a 77 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (79)..(89)
 <223> xaa na posição 79 a 89 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (91)..(91)
 <223> xaa na posição 91 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (93)..(94)
 <223> xaa na posição 93 a 94 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (96)..(97)
 <223> xaa na posição 96 a 97 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (99)..(100)
 <223> xaa na posição 99 a 100 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (103)..(104)
 <223> xaa na posição 103 a 104 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (106)..(110)
 <223> xaa na posição 106 a 110 é qualquer aminoácido
 <220>

<221> Variante
 <222> (112)..(127)
 <223> xaa na posição 112 a 127 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (128)..(129)
 <223> xaa na posição 128 a 129 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (131)..(137)
 <223> xaa na posição 131 a 137 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (142)..(143)
 <223> xaa na posição 142 a 143 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (146)..(146)
 <223> xaa na posição 146 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (149)..(149)
 <223> xaa na posição 149 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (151)..(151)
 <223> xaa na posição 151 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (154)..(155)
 <223> xaa na posição 154 a 155 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (157)..(157)
 <223> xaa na posição 157 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (159)..(166)
 <223> xaa na posição 159 a 166 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (168)..(168)
 <223> xaa na posição 168 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (170)..(172)
 <223> xaa na posição 170 a 172 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (174)..(176)
 <223> xaa na posição 174 a 176 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (178)..(180)
 <223> xaa na posição 178 a 180 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (182)..(182)
 <223> xaa na posição 182 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (187)..(187)
 <223> xaa na posição 187 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (189)..(192)
 <223> xaa na posição 189 a 192 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (195)..(195)
 <223> xaa na posição 195 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (198)..(198)
 <223> xaa na posição 198 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (200)..(200)
 <223> xaa na posição 200 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (202)..(202)
 <223> xaa na posição 202 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (206)..(221)
 <223> xaa na posição 206 a 221 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (223)..(225)
 <223> xaa na posição 223 a 225 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (227)..(229)
 <223> xaa na posição 227 a 229 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (231)..(231)
 <223> xaa na posição 231 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (234)..(236)
 <223> xaa na posição 234 a 236 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (238)..(239)
 <223> xaa na posição 238 a 239 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (241)..(241)
 <223> xaa na posição 241 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (243)..(245)
 <223> xaa na posição 243 a 245 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (248)..(258)
 <223> xaa na posição 248 a 258 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (260)..(285)
 <223> xaa na posição 260 a 285 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (286)..(286)

<223> xaa na posição 286 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (288)..(289)
 <223> xaa na posição 288 a 289 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (291)..(298)
 <223> xaa na posição 291 a 298 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (300)..(300)
 <223> xaa na posição 300 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (302)..(303)
 <223> xaa na posição 302 a 303 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (305)..(307)
 <223> xaa na posição 305 a 307 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (309)..(309)
 <223> xaa na posição 309 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (312)..(324)
 <223> xaa na posição 312 a 324 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (327)..(329)
 <223> xaa na posição 327 a 329 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (331)..(338)
 <223> xaa na posição 331 a 338 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (339)..(339)
 <223> xaa na posição 339 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (341)..(341)
 <223> xaa na posição 341 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (343)..(343)
 <223> xaa na posição 343 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (345)..(346)
 <223> xaa na posição 345 a 346 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (349)..(349)
 <223> xaa na posição 349 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (351)..(352)
 <223> xaa na posição 351 a 352 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (358)..(359)
 <223> xaa na posição 358 a 359 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (364)..(369)
 <223> xaa na posição 364 a 369 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (371)..(379)
 <223> xaa na posição 371 a 379 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (381)..(381)
 <223> xaa na posição 381 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (383)..(386)
 <223> xaa na posição 383 a 386 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (388)..(393)
 <223> xaa na posição 388 a 393 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (395)..(396)
 <223> xaa na posição 395 a 396 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (399)..(400)
 <223> xaa na posição 399 a 400 é qualquer aminoácido
 <400> 57
 Ile xaa Gly Val xaa Tyr Asp xaa Thr xaa Phe xaa His Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Asp Ala Thr
 20 25 30
 xaa xaa xaa xaa xaa Phe His xaa xaa xaa xaa xaa Ala xaa Lys xaa
 35 40 45
 Leu xaa xaa Leu Pro xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 50 55 60
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Asp xaa xaa
 65 70 75 80
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa Phe xaa xaa Ser xaa
 85 90 95
 xaa His xaa xaa Tyr Arg xaa xaa Glu xaa xaa xaa xaa xaa Ala xaa
 100 105 110
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 115 120 125
 xaa Val xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Arg Cys Gly Trp xaa xaa His
 130 135 140
 Glu xaa Gly His xaa Ser xaa Thr Gly xaa xaa Trp xaa Asp xaa xaa
 145 150 155 160
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa Gly xaa xaa xaa Ser xaa xaa xaa
 165 170 175
 Trp xaa xaa xaa His xaa Lys His His Ala xaa Pro xaa xaa xaa xaa
 180 185 190
 His Asp xaa Asp Leu xaa Thr xaa Pro xaa Val Ala Phe xaa xaa xaa
 195 200 205
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Trp xaa xaa
 210 215 220
 xaa Gln xaa xaa xaa Phe xaa Pro Val xaa xaa xaa Leu xaa xaa Leu
 225 230 235 240
 xaa Trp xaa xaa xaa Leu His xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 245 250 255

```

xaa xaa Glu xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      260                                265                                270
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa
      275                                280                                285
xaa Leu xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Tyr xaa Phe xaa xaa Phe
      290                                295                                300
xaa xaa xaa His xaa His Leu xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
305                                310                                315                                320
xaa xaa xaa xaa Tyr Ala xaa xaa xaa Thr xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      325                                330                                335
xaa xaa xaa Val xaa Trp xaa Met xaa xaa Leu Asn xaa Gln xaa xaa xaa
      340                                345                                350
His His Leu Phe Pro xaa xaa Pro Gln Phe Arg xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      355                                360                                365
xaa Arg xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa Tyr xaa xaa
      370                                375                                380
xaa xaa Tyr xaa xaa xaa xaa xaa xaa Thr xaa xaa Asn Leu xaa xaa
385                                390                                395                                400
Val

```

```

<210> 58
<211> 59
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(4)
<223> xaa na posição 3 a 4 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(10)
<223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é Phe, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(17)
<223> xaa na posição 17 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(19)
<223> xaa na posição 19 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Lys ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (23)..(23)

```

<223> xaa na posição 23 é Ile ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(25)
 <223> xaa na posição 25 é Ala ou Glu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é Phe ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (27)..(28)
 <223> xaa na posição 27 a 28 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (30)..(30)
 <223> xaa na posição 30 é Phe, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (32)..(32)
 <223> xaa na posição 32 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(33)
 <223> xaa na posição 33 é Ala ou Gly
 <220>
 <221> Variante
 <222> (34)..(34)
 <223> xaa na posição 34 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (36)..(36)
 <223> xaa na posição 36 é Ala ou Gly
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(38)
 <223> xaa na posição 37 a 38 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(40)
 <223> xaa na posição 40 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (41)..(41)
 <223> xaa na posição 41 é Asn ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (42)..(42)
 <223> xaa na posição 42 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (44)..(44)
 <223> xaa na posição 44 é Asn ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (49)..(49)
 <223> xaa na posição 49 é Ala ou Thr
 <220>
 <221> Variante


```

<222> (51)..(51)
<223> xaa na posição 51 é Asn ou Gln
<220>
<221> Variante
<222> (52)..(52)
<223> xaa na posição 52 é Lys ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (53)..(53)
<223> xaa na posição 53 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (54)..(54)
<223> xaa na posição 54 é Glu ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (57)..(57)
<223> xaa na posição 57 é Met ou Val
<400> 58
Gly Trp xaa xaa His Glu xaa Gly His xaa Ser xaa Thr Gly xaa Ile
 1          5          10          15
xaa Trp xaa Asp xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa Gly xaa
          20          25          30
xaa xaa Ser xaa xaa xaa Trp xaa xaa xaa His xaa Lys His His Ala
          35          40          45
xaa Pro xaa xaa xaa xaa His Asp xaa Asp Leu
          50          55
<210> 59
<211> 50
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Asn ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(4)
<223> xaa na posição 4 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(8)
<223> xaa na posição 7 a 8 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(10)
<223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(12)
<223> xaa na posição 11 a 12 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é qualquer aminoácido

```

<220>
<221> Variante
<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(28)
<223> xaa na posição 27 a 28 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (29)..(29)
<223> xaa na posição 29 é Glu ou Gln
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(30)
<223> xaa na posição 30 é Ile, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (31)..(31)
<223> xaa na posição 31 é Ala ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (32)..(32)
<223> xaa na posição 32 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Phe ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(36)
<223> xaa na posição 35 a 36 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(37)
<223> xaa na posição 37 é Phe ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (38)..(38)
<223> xaa na posição 38 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (39)..(39)
<223> xaa na posição 39 é Glu ou Lys
<220>
<221> Variante
<222> (40)..(40)
<223> xaa na posição 40 é Glu, Lys ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (41)..(41)
<223> xaa na posição 41 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (42)..(42)
<223> xaa na posição 42 é Gly ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (44)..(44)

<223> xaa na posição 44 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (46)..(46)
 <223> xaa na posição 46 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (47)..(47)
 <223> xaa na posição 47 é Asp, Ser ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (48)..(48)
 <223> xaa na posição 48 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (49)..(49)
 <223> xaa na posição 49 é Pro ou Thr
 <400> 59
 Val xaa Trp xaa Met xaa xaa xaa Asn xaa xaa xaa Gln xaa xaa His
 1 5 10 15
 His Leu Phe Pro xaa xaa Pro Gln Phe Arg xaa xaa xaa xaa xaa
 20 25 30
 Arg xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa Tyr xaa xaa xaa
 35 40 45
 xaa Tyr
 50
 <210> 60
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Asp ou Glu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(8)
 <223> xaa na posição 8 é Ala, Cys ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(10)
 <223> xaa na posição 10 é Asp ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(12)
 <223> xaa na posição 12 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é Phe, Ile ou Leu
 <400> 60

Ile xaa Gly Val xaa Tyr Asp xaa Thr xaa Phe xaa His Pro Gly Gly
 1 5 10 15
 xaa xaa Ile xaa
 20

<210> 61
 <211> 61
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(4)
 <223> xaa na posição 4 é Ala ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(10)
 <223> xaa na posição 8 a 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (11)..(11)
 <223> xaa na posição 11 é Ala, Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(12)
 <223> xaa na posição 12 é Ala ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Glu ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é Asp, Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Gly, Asn ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(18)
 <223> xaa na posição 17 a 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Ala, Gly ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(23)
 <223> xaa na posição 20 a 23 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(26)
 <223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (28)..(29)

<223> xaa na posição 28 a 29 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (31)..(31)
 <223> xaa na posição 31 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (32)..(32)
 <223> xaa na posição 32 é Phe, Trp ou Tyr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(33)
 <223> xaa na posição 33 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (35)..(35)
 <223> xaa na posição 35 é Ala, Gly ou Ile
 <220>
 <221> Variante
 <222> (38)..(38)
 <223> xaa na posição 38 é Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (39)..(39)
 <223> xaa na posição 39 é Cys ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(40)
 <223> xaa na posição 40 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (42)..(42)
 <223> xaa na posição 42 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (43)..(43)
 <223> xaa na posição 43 é Ala, Gly ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (45)..(45)
 <223> xaa na posição 45 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (47)..(47)
 <223> xaa na posição 47 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (48)..(48)
 <223> xaa na posição 48 é Phe ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (49)..(49)
 <223> xaa na posição 49 é Phe ou Tyr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (52)..(52)
 <223> xaa na posição 52 é Pro ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (53)..(53)
 <223> xaa na posição 53 é Arg ou Ser
 <220>
 <221> Variante

<222> (54)..(55)
 <223> xaa na posição 54 a 55 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (56)..(56)
 <223> xaa na posição 56 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (57)..(57)
 <223> xaa na posição 57 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (58)..(58)
 <223> xaa na posição 58 é Gly ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (59)..(59)
 <223> xaa na posição 59 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (60)..(60)
 <223> xaa na posição 60 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (61)..(61)
 <223> xaa na posição 61 é His ou Tyr
 <400> 61
 Thr xaa Pro xaa Val Ala Phe xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 1 5 10 15
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Trp xaa xaa Leu xaa xaa Gln xaa xaa
 20 25 30
 xaa Phe xaa Pro Val xaa xaa xaa Leu xaa xaa Leu xaa Trp xaa xaa
 35 40 45
 xaa Leu His xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 50 55 60
 <210> 62
 <211> 34
 <212> PRT
 <213> Seqüência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(5)
 <223> xaa na posição 2 a 5 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(9)
 <223> xaa na posição 8 a 9 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (11)..(11)
 <223> xaa na posição 11 é Asp ou Pro
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(12)
 <223> xaa na posição 12 é Met ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é Asn ou Pro
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(17)
 <223> xaa na posição 16 a 17 é Asp ou Glu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Ala ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Phe ou Trp
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Glu ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é Ala ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (27)..(27)
 <223> xaa na posição 27 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (28)..(28)
 <223> xaa na posição 28 é His ou Tyr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (30)..(30)
 <223> xaa na posição 30 é Ile, Met ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (31)..(31)
 <223> xaa na posição 31 é Asp ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (32)..(32)
 <223> xaa na posição 32 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(33)

<223> xaa na posição 33 é Asp, Ser ou Thr

<220>

<221> Variante

<222> (34)..(34)

<223> xaa na posição 34 é Pro ou Thr

<400> 62

Ala	xaa	xaa	xaa	xaa	His	xaa	xaa	Leu	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa
1				5				10					15	

xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Tyr	Ala	xaa	xaa	xaa	Thr	xaa	xaa	xaa
			20				25					30		

xaa xaa

<210> 63

<211> 28

<212> PRT

<213> Sequência artificial

<220>

<221> Variante

<222> (4)..(4)

<223> xaa na posição 4 é Glu ou Gln

<220>

<221> Variante

<222> (5)..(5)

<223> xaa na posição 5 é Ala ou Thr

<220>

<221> Variante

<222> (6)..(6)

<223> xaa na posição 6 é Phe ou Tyr

<220>

<221> Variante

<222> (7)..(7)

<223> xaa na posição 7 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (8)..(8)

<223> xaa na posição 8 é Glu ou Gln

<220>

<221> Variante

<222> (11)..(11)

<223> xaa na posição 11 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (12)..(12)

<223> xaa na posição 12 é Lys ou Arg

<220>

<221> Variante

<222> (13)..(14)

<223> xaa na posição 13 a 14 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (15)..(15)

<223> xaa na posição 15 é Lys ou Arg

<220>

<221> Variante

<222> (17)..(17)

<223> xaa na posição 17 é Asp ou Arg

<220>

<221> Variante

<222> (19)..(19)

<223> xaa na posição 19 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (21)..(22)

<223> xaa na posição 21 a 22 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (25)..(26)

<223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (27)..(27)

<223> xaa na posição 27 é Asp ou Pro

<400> 63

Asp	Ala	Thr	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Phe	His	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Ala
1				5				10						15	
xaa	Lys	xaa	Leu	xaa	xaa	Leu	Pro	xaa	xaa	xaa	Ala				
			20				25								

<210> 64

<211> 903

<212> DNA

<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(903)

<400> 64

atg	tct	gct	tct	gga	gct	ttg	ttg	cct	gct	att	gct	ttc	gct	gct	tac	48
Met	Ser	Ala	Ser	Gly	Ala	Leu	Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Phe	Ala	Ala	Tyr	
1				5				10						15		
gct	tac	gct	acc	tac	gct	tat	gct	ttc	gag	tgg	tct	cat	gct	aac	gga	96
Ala	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Ala	Tyr	Ala	Phe	Glu	Trp	Ser	His	Ala	Asn	Gly	
			20				25					30				
atc	gat	aac	gtg	gat	gct	aga	gag	tgg	att	gga	gct	ttg	tct	ttg	aga	144
Ile	Asp	Asn	Val	Asp	Ala	Arg	Glu	Trp	Ile	Gly	Ala	Leu	Ser	Leu	Arg	
		35				40					45					
ctc	cct	gca	att	gct	acc	acc	atg	tac	ctc	ttg	ttc	tgc	ctt	gtg	gga	192
Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Thr	Thr	Met	Tyr	Leu	Leu	Phe	Cys	Leu	Val	Gly	
		50				55					60					
cct	aga	ttg	atg	gct	aag	agg	gag	gct	ttt	gat	cct	aag	gga	ttc	atg	240
Pro	Arg	Leu	Met	Ala	Lys	Arg	Glu	Ala	Phe	Asp	Pro	Lys	Gly	Phe	Met	
65				70				75						80		
ctc	gct	tac	aac	gct	tac	caa	acc	gct	ttc	aac	gtt	gtg	gtg	ctc	gga	288
Leu	Ala	Tyr	Asn	Ala	Tyr	Gln	Thr	Ala	Phe	Asn	Val	Val	Val	Leu	Gly	
			85					90						95		
atg	ttc	gct	aga	gag	atc	tct	gga	ttg	gga	caa	cct	gtt	tgg	gga	tct	336
Met	Phe	Ala	Arg	Glu	Ile	Ser	Gly	Leu	Gly	Gln	Pro	Val	Trp	Gly	Ser	
		100					105						110			
act	atg	cct	tgg	agc	gat	agg	aag	tcc	ttc	aag	att	ttg	ttg	gga	gtg	384
Thr	Met	Pro	Trp	Ser	Asp	Arg	Lys	Ser	Phe	Lys	Ile	Leu	Leu	Gly	Val	
		115				120						125				
tgg	ctc	cat	tac	aac	aat	aag	tac	ctc	gag	ttg	ttg	gat	act	gtg	ttc	432
Trp	Leu	His	Tyr	Asn	Asn	Lys	Tyr	Leu	Glu	Leu	Leu	Asp	Thr	Val	Phe	
	130					135					140					
atg	gtg	gct	agg	aaa	aag	acc	aag	cag	ctc	tct	ttc	ttg	cat	gtg	tac	480
Met	Val	Ala	Arg	Lys	Lys	Thr	Lys	Gln	Leu	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	
145				150				155						160		
cat	cat	gct	ttg	ttg	att	tgg	gct	tgg	tgg	ctt	gtt	tgt	cat	ctc	atg	528
His	His	Ala	Leu	Leu	Ile	Trp	Ala	Trp	Trp	Leu	Val	Cys	His	Leu	Met	
			165					170						175		
gct	acc	aac	gat	tgc	atc	gat	gct	tat	ttc	gga	gct	gct	tgc	aac	tct	576
Ala	Thr	Asn	Asp	Cys	Ile	Asp	Ala	Tyr	Phe	Gly	Ala	Ala	Cys	Asn	Ser	
		180						185					190			
ttc	atc	cac	atc	gtg	atg	tac	tcc	tac	tac	ctc	atg	tct	gct	ttg	gga	624
Phe	Ile	His	Ile	Val	Met	Tyr	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Met	Ser	Ala	Leu	Gly	
		195				200						205				
att	aga	tgc	cct	tgg	aag	aga	tat	atc	acc	cag	gct	cag	atg	ttg	caa	672
Ile	Arg	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	Ile	Thr	Gln	Ala	Gln	Met	Leu	Gln	

210	215	220	
ttc gtg atc gtg ttc gct cat gct gtt ttc gtg ctc aga caa aag cac			720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His			
225	230	235	240
tgc cct gtt act ttg cct tgg gca caa atg ttc gtg atg aca aat atg			768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met			
245	250	255	260
ttg gtg ctc ttc gga aac ttc tac ctc aag gct tac tct aac aag tct			816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser			
260	265	270	275
agg gga gat gga gct tct tct gtt aag cct gct gag act act aga gca			864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala			
275	280	285	290
cct tct gtg aga aga acc agg tcc agg aag atc gat tga			903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp			
290	295	300	
<210> 65			
<211> 300			
<212> PRT			
<213> <i>Ostreococcus tauri</i>			
<400> 65			
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr			
1	5	10	15
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly			
20	25	30	35
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg			
40	45	50	55
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly			
60	65	70	75
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met			
80	85	90	95
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly			
100	105	110	115
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser			
120	125	130	135
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val			
140	145	150	155
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe			
160	165	170	175
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr			
180	185	190	195
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met			
200	205	210	215
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser			
220	225	230	235
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly			
240	245	250	255
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln			
260	265	270	275
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His			
280	285	290	295
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met			
300	305	310	315
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser			
320	325	330	335
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala			
340	345	350	355
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp			
360	365	370	375
<210> 66			
<211> 834			
<212> DNA			
<213> <i>Pavlova sp</i>			

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(834)
<400> 66
atg atg ttg gcc gca ggc tat ctt cta gtg ctc tcg gcc gct cgc cag      48
Met Met Leu Ala Ala Gly Tyr Leu Leu Val Leu Ser Ala Ala Arg Gln
1      5      10      15
agc ttc cag cag gac att gac aac ccc aac ggg gcc tac tcg acc tcg      96
Ser Phe Gln Gln Asp Ile Asp Asn Pro Asn Gly Ala Tyr Ser Thr Ser
20      25      30
tgg act ggc ctg ccc att gtg atg tct gtg gtc tat ctc agc ggt gtg      144
Trp Thr Gly Leu Pro Ile Val Met Ser Val Val Tyr Leu Ser Gly Val
35      40      45
ttt ggg ctc aca aag tac ttc gag aac cgg aag ccc atg acg ggg ctg      192
Phe Gly Leu Thr Lys Tyr Phe Glu Asn Arg Lys Pro Met Thr Gly Leu
50      55      60
aag gac tac atg ttc act tac aat ctc tac cag gtg atc atc aac gtg      240
Lys Asp Tyr Met Phe Thr Tyr Asn Leu Tyr Gln Val Ile Ile Asn Val
65      70      75      80
tgg tgc gtg gtg gcc ttt ctc ctg gag gtg cgg cgt gcg ggc atg tca      288
Trp Cys Val Val Ala Phe Leu Leu Glu Val Arg Arg Ala Gly Met Ser
85      90      95
ctc atc ggc aat aag gtg gac ctt ggg ccc aac tcc ttc agg ctc ggc      336
Leu Ile Gly Asn Lys Val Asp Leu Gly Pro Asn Ser Phe Arg Leu Gly
100     105     110
ttc gtc acg tgg gtg cac tac aac aac aag tac gtg gag ctc ctc gac      384
Phe Val Thr Trp Val His Tyr Asn Asn Lys Tyr Val Glu Leu Leu Asp
115     120     125
acc cta tgg atg gtg ctg cgc aag aag acg cag cag gtc tcc ttc ctc      432
Thr Leu Trp Met Val Leu Arg Lys Lys Thr Gln Gln Val Ser Phe Leu
130     135     140
cac gtc tat cat cac gtg ctt ctg atg tgg gcc tgg ttc gtt gtc gtc      480
His Val Tyr His His Val Leu Leu Met Trp Ala Trp Phe Val Val Val
145     150     155     160
aag ctc ggc aat ggt ggt gac gca tat ttt ggc ggt ctc atg aac tcg      528
Lys Leu Gly Asn Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Gly Gly Leu Met Asn Ser
165     170     175
atc atc cac gtg atg atg tat tcc tac tac acc atg gcg ctc ctg ggc      576
Ile Ile His Val Met Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Met Ala Leu Leu Gly
180     185     190
tgg tca tgc ccc tgg aag cgc tac ctc acg cag gca cag ctc gtg cag      624
Trp Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Gln Ala Gln Leu Val Gln
195     200     205
ttt tgc atc tgc ctc gcc cac tcc aca tgg gcg gca gta acg ggt gcc      672
Phe Cys Ile Cys Leu Ala His Ser Thr Trp Ala Ala Val Thr Gly Ala
210     215     220
tac ccg tgg cga att tgc ttg gtg gag gtg tgg gtg atg gtg tcc atg      720
Tyr Pro Trp Arg Ile Cys Leu Val Glu Val Trp Val Met Val Ser Met
225     230     235     240
ctg gtg ctc ttc aca cgc ttc tac cgc cag gcc tat gcc aag gag gcg      768
Leu Val Leu Phe Thr Arg Phe Tyr Arg Gln Ala Tyr Ala Lys Glu Ala
245     250     255
aag gcc aag gag gcg aaa aag ctc gca cag gag gca tca cag gcc aag      816
Lys Ala Lys Glu Ala Lys Lys Leu Ala Gln Glu Ala Ser Gln Ala Lys
260     265     270
gcg gtc aag gcg gag taa
Ala Val Lys Ala Glu
275
<210> 67
<211> 277
<212> PRT
<213> Pavlova sp
<400> 67

```

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

<210> 68

<211> 1077

<212> DNA

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1077)

<400> 68

atg tgc tca tca ccg ccg tca caa tcc aaa aca aca tcc ctc cta gca	48
Met Cys Ser Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala	
1 5 10 15	
cgg tac acc acc gcc gcc ctc ctc ctc ctc acc ctc aca aca tgg tgc	96
Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys	
20 25 30	
cac ttc gcc ttc cca gcc gcc acc gcc aca ccc ggc ctc acc gcc gaa	144
His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu	
35 40 45	
atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg	192
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu	
50 55 60	
agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag	240
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys	
65 70 75 80	
tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg	288
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val	
85 90 95	
gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg	336

Ala	Gln	Val	Leu	Leu	Asn	Gly	Trp	Thr	Val	Tyr	Ala	Ile	Val	Asp	Ala	
			100					105					110			
gtg	atg	aat	aga	gac	cat	ccg	ttt	att	gga	agt	aga	agt	ttg	gtt	ggg	384
Val	Met	Asn	Arg	Asp	His	Pro	Phe	Ile	Gly	Ser	Arg	Ser	Leu	Val	Gly	
		115					120					125				
gcg	gcg	ttg	cat	agt	ggg	agc	tcg	tat	gcg	gtg	tgg	gtt	cat	tat	tgt	432
Ala	Ala	Leu	His	Ser	Gly	Ser	Ser	Tyr	Ala	Val	Trp	Val	His	Tyr	Cys	
		130				135					140					
gat	aag	tat	ttg	gag	ttc	ttt	gat	acg	tat	ttt	atg	gtg	ttg	agg	ggg	480
Asp	Lys	Tyr	Leu	Glu	Phe	Phe	Asp	Thr	Tyr	Phe	Met	Val	Leu	Arg	Gly	
145					150					155					160	
aaa	atg	gac	cag	gtc	tcc	ttc	ctc	cac	atc	tac	cac	cac	acg	acc	ata	528
Lys	Met	Asp	Gln	Val	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Tyr	His	His	Thr	Thr	Ile	
			165						170					175		
gcg	tgg	gca	tgg	tgg	atc	gcc	ctc	cgc	ttc	tcc	ccc	ggg	gga	gac	att	576
Ala	Trp	Ala	Trp	Trp	Ile	Ala	Leu	Arg	Phe	Ser	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile	
			180					185					190			
tac	ttc	ggg	gca	ctc	ctc	aac	tcc	atc	atc	cac	gtc	ctc	atg	tat	tcc	624
Tyr	Phe	Gly	Ala	Leu	Leu	Asn	Ser	Ile	Ile	His	Val	Leu	Met	Tyr	Ser	
		195				200						205				
tac	tac	gcc	ctt	gcc	cta	ctc	aag	gtc	agt	tgt	cca	tgg	aaa	cga	tac	672
Tyr	Tyr	Ala	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Val	Ser	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	
		210				215					220					
ctg	act	caa	gct	caa	tta	ttg	caa	ttc	aca	agt	gtg	gtg	gtt	tat	acg	720
Leu	Thr	Gln	Ala	Gln	Leu	Leu	Gln	Phe	Thr	Ser	Val	Val	Val	Tyr	Thr	
225					230					235					240	
ggg	tgt	acg	ggg	tat	act	cat	tac	tat	cat	acg	aag	cat	gga	gcg	gat	768
Gly	Cys	Thr	Gly	Tyr	Thr	His	Tyr	Tyr	His	Thr	Lys	His	Gly	Ala	Asp	
			245						250					255		
gag	aca	cag	cct	agt	tta	gga	acg	tat	tat	ttc	tgt	tgt	gga	gtg	cag	816
Glu	Thr	Gln	Pro	Ser	Leu	Gly	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Cys	Cys	Gly	Val	Gln	
			260					265					270			
gtg	ttt	gag	atg	gtt	agt	ttg	ttt	gta	ctc	ttt	tcc	atc	ttt	tat	aaa	864
Val	Phe	Glu	Met	Val	Ser	Leu	Phe	Val	Leu	Phe	Ser	Ile	Phe	Tyr	Lys	
		275					280					285				
cga	tcc	tat	tcg	aag	aag	aac	aag	tca	gga	gga	aag	gat	agc	aag	aag	912
Arg	Ser	Tyr	Ser	Lys	Lys	Asn	Lys	Ser	Gly	Gly	Lys	Asp	Ser	Lys	Lys	
		290				295					300					
aat	gat	gat	ggg	aat	aat	gag	gat	caa	tgt	cac	aag	gct	atg	aag	gat	960
Asn	Asp	Asp	Gly	Asn	Asn	Glu	Asp	Gln	Cys	His	Lys	Ala	Met	Lys	Asp	
305					310					315					320	
ata	tcg	gag	ggg	gcg	aag	gag	gtt	gtg	ggg	cat	gca	gcg	aag	gat	gct	
1008																
Ile	Ser	Glu	Gly	Ala	Lys	Glu	Val	Val	Gly	His	Ala	Ala	Lys	Asp	Ala	
			325						330					335		
gga	aag	ttg	gtg	gct	acg	gcg	agt	aag	gct	gta	aag	agg	aag	gga	act	
1056																
Gly	Lys	Leu	Val	Ala	Thr	Ala	Ser	Lys	Ala	Val	Lys	Arg	Lys	Gly	Thr	
			340					345					350			
cgt	gtt	act	ggg	gcc	atg	tag										
1077																
Arg	Val	Thr	Gly	Ala	Met											
			355													
<210>			69													
<211>			358													
<212>			PRT													
<213>			Thalassiosira pseudonana													
<400>			69													
Met	Cys	Ser	Ser	Pro	Pro	Ser	Gln	Ser	Lys	Thr	Thr	Ser	Leu	Leu	Ala	
1				5					10					15		
Arg	Tyr	Thr	Thr	Ala	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Thr	Leu	Thr	Thr	Trp	Cys	
			20					25					30			
His	Phe	Ala	Phe	Pro	Ala	Ala	Thr	Ala	Thr	Pro	Gly	Leu	Thr	Ala	Glu	

[illegible]

```
<210> 70
<211> 903
<212> DNA
<213> Ostreococcus tauri
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<400> 70
```

atg	agc	gcc	tcc	ggc	gcg	ctg	ctg	ccc	gcg	atc	gcg	tcc	gcc	gcg	tac	48
Met	Ser	Ala	Ser	Gly	Ala	Leu	Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Ser	Ala	Ala	Tyr	
1			5					10						15		
gcg	tac	gcg	acg	tac	gcc	tac	gcc	ttt	gag	tgg	tcg	cac	gcg	aat	ggc	96
Ala	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Ala	Tyr	Ala	Phe	Glu	Trp	Ser	His	Ala	Asn	Gly	
			20					25						30		
atc	gac	aac	gtc	gac	gcg	cgc	gag	tgg	atc	ggc	gcg	ctg	tcg	ttg	agg	144
Ile	Asp	Asn	Val	Asp	Ala	Arg	Glu	Trp	Ile	Gly	Ala	Leu	Ser	Leu	Arg	
		35					40					45				
ctc	ccg	gcg	atc	gcg	acg	acg	atg	tac	ctg	ttg	ttc	tgc	ctg	gtc	gga	192
Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Thr	Thr	Met	Tyr	Leu	Leu	Phe	Cys	Leu	Val	Gly	
		50				55					60					
ccg	agg	ttg	atg	gcg	aag	cgc	gag	gcg	ttc	gac	ccg	aag	ggg	ttc	atg	240
Pro	Arg	Leu	Met	Ala	Lys	Arg	Glu	Ala	Phe	Asp	Pro	Lys	Gly	Phe	Met	

65	70	75	80	
ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg				288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly				
85	90	95		
atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca				336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser				
100	105	110		
acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg				384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val				
115	120	125		
tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc				432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe				
130	135	140		
atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat				480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr				
145	150	155	160	
cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg				528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met				
165	170	175		
gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg				576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser				
180	185	190		
ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc				624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly				
195	200	205		
att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa				672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln				
210	215	220		
ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac				720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His				
225	230	235	240	
tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg				768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met				
245	250	255		
ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg				816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser				
260	265	270		
cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg				864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala				
275	280	285		
ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa				903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp				
290	295	300		
<210> 71				
<211> 300				
<212> PRT				
<213> <i>Ostreococcus tauri</i>				
<400> 71				
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr				
1 5 10 15				
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly				
20 25 30				
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg				
35 40 45				
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly				
50 55 60				
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met				
65 70 75 80				
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly				
85 90 95				
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser				
100 105 110				
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val				

	115					120					125				
Trp	Leu	His	Tyr	Asn	Asn	Lys	Tyr	Leu	Glu	Leu	Leu	Asp	Thr	Val	Phe
	130					135					140				
Met	Val	Ala	Arg	Lys	Lys	Thr	Lys	Gln	Leu	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr
145					150					155					160
His	His	Ala	Leu	Leu	Ile	Trp	Ala	Trp	Trp	Leu	Val	Cys	His	Leu	Met
				165					170					175	
Ala	Thr	Asn	Asp	Cys	Ile	Asp	Ala	Tyr	Phe	Gly	Ala	Ala	Cys	Asn	Ser
			180					185					190		
Phe	Ile	His	Ile	Val	Met	Tyr	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Met	Ser	Ala	Leu	Gly
		195					200					205			
Ile	Arg	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	Ile	Thr	Gln	Ala	Gln	Met	Leu	Gln
	210					215					220				
Phe	Val	Ile	Val	Phe	Ala	His	Ala	Val	Phe	Val	Leu	Arg	Gln	Lys	His
225					230					235					240
Cys	Pro	Val	Thr	Leu	Pro	Trp	Ala	Gln	Met	Phe	Val	Met	Thr	Asn	Met
				245					250					255	
Leu	Val	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Tyr	Leu	Lys	Ala	Tyr	Ser	Asn	Lys	Ser
		260					265						270		
Arg	Gly	Asp	Gly	Ala	Ser	Ser	Val	Lys	Pro	Ala	Glu	Thr	Thr	Arg	Ala
		275					280					285			
Pro	Ser	Val	Arg	Arg	Thr	Arg	Ser	Arg	Lys	Ile	Asp				
	290					295					300				
<210>	72														
<211>	339														
<212>	PRT														
<213>	Sequência artificial														
<220>															
<221>	Variante														
<222>	(3)..(29)														
<223>	xaa na posição 3 a 29 é qualquer aminoácido														
<220>															
<221>	Variante														
<222>	(30)..(43)														
<223>	xaa na posição 30 a 43 é qualquer um ou nenhum aminoácido														
<220>															
<221>	Variante														
<222>	(45)..(50)														
<223>	xaa na posição 45 a 50 é qualquer aminoácido														
<220>															
<221>	Variante														
<222>	(53)..(73)														
<223>	xaa na posição 53 a 73 é qualquer aminoácido														
<220>															
<221>	Variante														
<222>	(74)..(79)														
<223>	xaa na posição 74														

<220>
 <221> Variante
 <222> (112)..(127)
 <223> xaa na posição 112 a 127 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (128)..(128)
 <223> xaa na posição 128 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (130)..(130)
 <223> xaa na posição 130 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (133)..(134)
 <223> xaa na posição 133 a 134 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (137)..(137)
 <223> xaa na posição 137 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (139)..(140)
 <223> xaa na posição 139 a 140 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (143)..(144)
 <223> xaa na posição 143 a 144 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (147)..(147)
 <223> xaa na posição 147 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (149)..(149)
 <223> xaa na posição 149 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (151)..(152)
 <223> xaa na posição 151 a 152 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (154)..(154)
 <223> xaa na posição 154 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (159)..(159)
 <223> xaa na posição 159 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (163)..(166)
 <223> xaa na posição 163 a 166 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (170)..(179)
 <223> xaa na posição 170 a 179 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (180)..(182)
 <223> xaa na posição 180 a 182 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (184)..(184)

```

<223> xaa na posição 184 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (188)..(190)
<223> xaa na posição 188 a 190 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (193)..(193)
<223> xaa na posição 193 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (196)..(197)
<223> xaa na posição 196 a 197 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (203)..(206)
<223> xaa na posição 203 a 206 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (208)..(210)
<223> xaa na posição 208 a 210 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (217)..(217)
<223> xaa na posição 217 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (222)..(223)
<223> xaa na posição 222 a 223 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (226)..(252)
<223> xaa na posição 226 a 252 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (253)..(267)
<223> xaa na posição 253 a 267 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (269)..(272)
<223> xaa na posição 269 a 272 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (276)..(277)
<223> xaa na posição 276 a 277 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (280)..(282)
<223> xaa na posição 280 a 282 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (284)..(291)
<223> xaa na posição 284 a 291 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (292)..(324)
<223> xaa na posição 292 a 324 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (326)..(337)
<223> xaa na posição 326 a 337 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante

```

```

<222> (338)..(338)
<223> xaa na posição 338 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<400> 72
Leu Leu xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
1      5      10      15
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
20      25      30
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Pro xaa xaa xaa xaa
35      40      45
xaa xaa Tyr Leu xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
50      55      60
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Met
65      70      75      80
xaa xaa Tyr Asn xaa xaa Gln xaa xaa xaa Asn xaa xaa xaa xaa xaa
85      90      95
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa
100     105     110
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
115     120     125
Trp xaa His Tyr xaa xaa Lys Tyr xaa Glu xaa xaa Asp Thr xaa xaa
130     135     140
Met Val xaa Arg xaa Lys xaa xaa Gln xaa Ser Phe Leu His xaa Tyr
145     150     155     160
His His xaa xaa xaa xaa Trp Ala Trp xaa xaa xaa xaa xaa xaa
165     170     175
xaa xaa xaa xaa xaa xaa Asp xaa Tyr Phe Gly xaa xaa xaa Asn Ser
180     185     190
xaa Ile His xaa xaa Met Tyr Ser Tyr Tyr xaa xaa xaa xaa Leu xaa
195     200     205
xaa xaa Cys Pro Trp Lys Arg Tyr xaa Thr Gln Ala Gln xaa xaa Gln
210     215     220
Phe xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
225     230     235     240
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
245     250     255
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Met xaa xaa xaa xaa
260     265     270
Val Leu Phe xaa xaa Phe Tyr xaa xaa xaa Tyr xaa xaa xaa xaa xaa
275     280     285
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
290     295     300
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
305     310     315     320
xaa xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
325     330     335
xaa xaa Val

```

```

<210> 73
<211> 45
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(4)
<223> xaa na posição 4 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é Ala ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é qualquer aminoácido

```

```

<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é Phe ou Ile
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Ala ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (23)..(23)
<223> xaa na posição 23 é Ala ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(26)
<223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(27)
<223> xaa na posição 27 é Arg ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (39)..(39)
<223> xaa na posição 39 é Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (40)..(40)
<223> xaa na posição 40 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (43)..(43)
<223> xaa na posição 43 é Cys, Thr ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (44)..(44)
<223> xaa na posição 44 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (45)..(45)
<223> xaa na posição 45 é Cys ou Val
<400> 73
Tyr Phe Gly xaa xaa xaa Asn Ser xaa Ile His xaa Val xaa Met Tyr
  1              5              10              15

```

Ser	Tyr	Tyr	xaa	xaa	xaa	xaa	Leu	xaa	xaa	xaa	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg
			20					25					30		
Tyr	xaa	Thr	Gln	Ala	Gln	xaa	xaa	Gln	Phe	xaa	xaa	xaa			
		35				40						45			

<210> 74
 <211> 43
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é Cys ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é Asp ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(10)
 <223> xaa na posição 9 a 10 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(12)
 <223> xaa na posição 12 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(14)
 <223> xaa na posição 13 a 14 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é Phe ou Trp
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Ala ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(26)
 <223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (28)..(28)
 <223> xaa na posição 28 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(33)
 <223> xaa na posição 33 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(37)

<223> xaa na posição 37 é Ala, Thr ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (38)..(38)
 <223> xaa na posição 38 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (39)..(39)
 <223> xaa na posição 39 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(40)
 <223> xaa na posição 40 é qualquer aminoácido
 <400> 74
 Trp xaa His Tyr xaa xaa Lys Tyr xaa xaa Leu xaa xaa xaa Asp Thr
 1 5 10 15
 xaa xaa Met Val xaa Arg xaa Lys xaa xaa Gln xaa Ser Phe Leu His
 20 25 30
 xaa Tyr His His xaa xaa xaa xaa Trp Ala Trp
 35 40
 <210> 75
 <211> 37
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(3)
 <223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é Gly, Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(10)
 <223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(14)
 <223> xaa na posição 13 a 14 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Glu ou Lys
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)

```

<223> xaa na posição 20 é Ala, Asn ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é Lys ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Ala, Gly ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (23)..(23)
<223> xaa na posição 23 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (24)..(24)
<223> xaa na posição 24 é Glu ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(29)
<223> xaa na posição 25 a 29 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(30)
<223> xaa na posição 30 é Asn, Pro ou Gln
<220>
<221> Variante
<222> (31)..(32)
<223> xaa na posição 31 a 32 é Ala, Asp ou Glu
<220>
<221> Variante
<222> (33)..(33)
<223> xaa na posição 33 é Gly, Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Asn, Gln ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(36)
<223> xaa na posição 35 a 36 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(37)
<223> xaa na posição 37 é Ala, Asp ou Pro
<400> 75
Met xaa xaa Leu xaa Val Leu Phe xaa xaa Phe Tyr xaa xaa xaa Tyr
 1          5          10          15
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      20          25          30
xaa xaa xaa xaa xaa
      35
<210> 76
<211> 19
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(3)
<223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(7)

```

<223> xaa na posição 4 a 7 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é Phe, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(10)
 <223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Ala, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é Thr ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é Ala, Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é Phe, Ile ou Leu
 <400> 76
 Lys xaa xaa xaa xaa xaa xaa Met xaa xaa Tyr Asn xaa xaa Gln xaa
 1 5 10 15
 xaa xaa Asn

<210> 77
 <211> 1560
 <212> DNA
 <213> Traustochytrium sp.
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1560)
 <400> 77

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

gta atg cgc gag cgc gtc gtg gct cgg ctc aag gag cgc ggc aag gcc	384
Val Met Arg Glu Arg Val Val Ala Arg Leu Lys Glu Arg Gly Lys Ala	
115 120 125	
cgc cgc gga ggc tac gag ctc tgg atc aag gcg ttc ctg ctg ctc gtc	432
Arg Arg Gly Gly Tyr Glu Leu Trp Ile Lys Ala Phe Leu Leu Leu Val	
130 135 140	
ggc ttc tgg agc tcg ctg tac tgg atg tgc acg ctg gac ccc tcg ttc	480
Gly Phe Trp Ser Ser Leu Tyr Trp Met Cys Thr Leu Asp Pro Ser Phe	
145 150 155 160	
ggg gcc atc ctg gcc gcc atg tcg ctg ggc gtc ttt gcc gcc ttt gtg	528
Gly Ala Ile Leu Ala Ala Met Ser Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val	
165 170 175	
ggc acg tgc atc cag cac gac ggc aac cac ggc gcc ttt gcc cag tcg	576
Gly Thr Cys Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Ser	
180 185 190	
cga tgg gtc aac aag gtt gcc ggg tgg acg ctc gac atg atc ggc gcc	624
Arg Trp Val Asn Lys Val Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala	
195 200 205	
agc ggc atg acg tgg gag ttc cag cac gtc ctg ggc cac cat ccg tac	672
Ser Gly Met Thr Trp Glu Phe Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr	
210 215 220	
acg aac ctg atc gag gag gag aac ggc ctg caa aag gtg agc ggc aag	720
Thr Asn Leu Ile Glu Glu Glu Asn Gly Leu Gln Lys Val Ser Gly Lys	
225 230 235 240	
aag atg gac acc aag ctg gcc gac cag gag agc gat ccg gac gtc ttt	768
Lys Met Asp Thr Lys Leu Ala Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe	
245 250 255	
tcc acg tac ccg atg atg cgc ctg cac ccg tgg cac cag aag cgc tgg	816
Ser Thr Tyr Pro Met Met Arg Leu His Pro Trp His Gln Lys Arg Trp	
260 265 270	
tac cac cgt ttc cag cac att tac ggc ccc ttc atc ttt ggc ttc atg	864
Tyr His Arg Phe Gln His Ile Tyr Gly Pro Phe Ile Phe Gly Phe Met	
275 280 285	
acc atc aac aag gtg gtc acg cag gac gtc ggt gtg gtg ctc cgc aag	912
Thr Ile Asn Lys Val Val Thr Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys	
290 295 300	
cgg ctc ttc cag att gac gcc gag tgc cgg tac gcg agc cca atg tac	960
Arg Leu Phe Gln Ile Asp Ala Glu Cys Arg Tyr Ala Ser Pro Met Tyr	
305 310 315 320	
gtg gcg cgt ttc tgg atc atg aag gcg ctc acg gtg ctc tac atg gtg	
1008	
Val Ala Arg Phe Trp Ile Met Lys Ala Leu Thr Val Leu Tyr Met Val	
325 330 335	
gcc ctg ccg tgc tac atg cag ggc ccg tgg cac ggc ctc aag ctg ttc	
1056	
Ala Leu Pro Cys Tyr Met Gln Gly Pro Trp His Gly Leu Lys Leu Phe	
340 345 350	
gcg atc gcg cac ttt acg tgc ggc gag gtg ctc gca acc atg ttc att	
1104	
Ala Ile Ala His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile	
355 360 365	
gtg aac cac atc atc gag ggc gtc tcg tac gct tcc aag gac gcg gtc	
1152	
Val Asn His Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val	
370 375 380	
aag ggc acg atg gcg ccg ccg aag acg atg cac ggc gtg acg ccc atg	
1200	
Lys Gly Thr Met Ala Pro Pro Lys Thr Met His Gly Val Thr Pro Met	
385 390 395 400	
aac aac acg cgc aag gag gtg gag gcg gag gcg tcc aag tct ggc gcc	
1248	
Asn Asn Thr Arg Lys Glu Val Glu Ala Glu Ala Ser Lys Ser Gly Ala	
405 410 415	

gtg gtc aag tca gtc ccg ctc gac gac tgg gcc gcc gtc cag tgc cag
 1296
 Val Val Lys Ser Val Pro Leu Asp Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln
 420 425 430
 acc tcg gtg aac tgg agc gtc ggc tcg tgg ttc tgg aat cac ttt tcc
 1344
 Thr Ser Val Asn Trp Ser Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser
 435 440 445
 ggc ggc ctc aac cac cag att gag cac cac ctg ttc ccc ggg ctc agc
 1392
 Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Leu Ser
 450 455 460
 cac gag acg tac tac cac atc cag gac gtc gtt cag tcc acc tgc gcc
 1440
 His Glu Thr Tyr Tyr His Ile Gln Asp Val Val Gln Ser Thr Cys Ala
 465 470 475 480
 gag tac ggc gtc ccg tac cag cac gag cct tcg ctc tgg acc gcg tac
 1488
 Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln His Glu Pro Ser Leu Trp Thr Ala Tyr
 485 490 495
 tgg aag atg ctc gag cac ctc cgt cag ctc ggc aat gag gag acc cac
 1536
 Trp Lys Met Leu Glu His Leu Arg Gln Leu Gly Asn Glu Glu Thr His
 500 505 510
 gag tcc tgg cag cgc gct gcc tga
 1560
 Glu Ser Trp Gln Arg Ala Ala
 515 520
 <210> 78
 <211> 519
 <212> PRT
 <213> Traustochytrium sp.
 <400> 78
 Met Thr Val Gly Tyr Asp Glu Glu Ile Pro Phe Glu Gln Val Arg Ala
 1 5 10 15
 His Asn Lys Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly His Val Tyr
 20 25 30
 Asp Val Thr Lys Phe Ala Ser Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Leu
 35 40 45
 Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Val Leu Tyr Glu Thr Tyr His Val
 50 55 60
 Arg Gly Val Ser Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Arg Ile Gly Lys Leu
 65 70 75 80
 Pro Asp Gly Gln Gly Ala Asn Glu Lys Glu Lys Arg Thr Leu Ser
 85 90 95
 Gly Leu Ser Ser Ala Ser Tyr Tyr Thr Trp Asn Ser Asp Phe Tyr Arg
 100 105 110
 Val Met Arg Glu Arg Val Val Ala Arg Leu Lys Glu Arg Gly Lys Ala
 115 120 125
 Arg Arg Gly Gly Tyr Glu Leu Trp Ile Lys Ala Phe Leu Leu Leu Val
 130 135 140
 Gly Phe Trp Ser Ser Leu Tyr Trp Met Cys Thr Leu Asp Pro Ser Phe
 145 150 155 160
 Gly Ala Ile Leu Ala Ala Met Ser Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val
 165 170 175
 Gly Thr Cys Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Ser
 180 185 190
 Arg Trp Val Asn Lys Val Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala
 195 200 205
 Ser Gly Met Thr Trp Glu Phe Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr
 210 215 220
 Thr Asn Leu Ile Glu Glu Glu Asn Gly Leu Gln Lys Val Ser Gly Lys
 225 230 235 240

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

<210> 79

<211> 1560

<212> DNA

<213> Thraustochytrium sp

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1560)

<400> 79

atg acg gtc ggc tac gac ggg gag atc ccg ttc gag cag gtc cgc gcg	48
Met Thr Val Gly Tyr Asp Gly Glu Ile Pro Phe Glu Gln Val Arg Ala	
1 5 10 15	
cac aac aag ccg gat gac gcc tgg tgc gcg atc cac ggg cac gtg tac	96
His Asn Lys Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly His Val Tyr	
20 25 30	
gat gtg acc aag ttc gcg agc gtg cac ccg ggc ggc gac att atc ctg	144
Asp Val Thr Lys Phe Ala Ser Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Leu	
35 40 45	
ctg gcc gca ggc aag gat gcc acc gtg ctg tac gag act tac cat gtg	192
Leu Ala Ala Gly Lys Asp Ala Thr Val Leu Tyr Glu Thr Tyr His Val	
50 55 60	
cgg ggc gtc tcg gac gcg gtg ctg cgc aag tac cgc atc ggc aag ctg	240
Arg Gly Val Ser Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Arg Ile Gly Lys Leu	
65 70 75 80	
ccg gac ggc caa ggc ggc gcg aac gag aag gaa aag cgg acg ctc tcg	288
Pro Asp Gly Gln Gly Gly Ala Asn Glu Lys Glu Lys Arg Thr Leu Ser	
85 90 95	
ggc ctc tcg tcg gcc tcg tac tac acg tgg aac agc gac ttt tac agg	336

Gly	Leu	Ser	Ser	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Thr	Trp	Asn	Ser	Asp	Phe	Tyr	Arg	
			100					105					110			
gta	atg	cgc	gag	cgc	gtc	gtg	gct	cgg	ctc	aag	gag	cgc	ggc	aag	gcc	384
Val	Met	Arg	Glu	Arg	Val	Val	Ala	Arg	Leu	Lys	Glu	Arg	Gly	Lys	Ala	
		115					120					125				
cgc	cgc	gga	ggc	tac	gag	ctc	tgg	atc	aag	gcg	ctc	ctg	ctg	ctc	gtc	432
Arg	Arg	Gly	Gly	Tyr	Glu	Leu	Trp	Ile	Lys	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Val	
		130					135					140				
ggc	ttc	tgg	agc	tcg	ctg	tgc	tgg	atg	tgc	acg	ctg	gac	ccc	tcg	ttc	480
Gly	Phe	Trp	Ser	Ser	Leu	Cys	Trp	Met	Cys	Thr	Leu	Asp	Pro	Ser	Phe	
145						150				155					160	
ggg	gcc	atc	ctg	gcc	gcc	atg	tcg	ctg	ggc	gtc	ttt	gcc	gcc	ttt	gtg	528
Gly	Ala	Ile	Leu	Ala	Ala	Met	Ser	Leu	Gly	Val	Phe	Ala	Ala	Phe	Val	
				165					170						175	
ggc	acg	tgc	atc	cag	cac	gac	ggc	aac	cac	ggc	gcc	ttt	gcc	cag	tcg	576
Gly	Thr	Cys	Ile	Gln	His	Asp	Gly	Asn	His	Gly	Ala	Phe	Ala	Gln	Ser	
			180					185					190			
cga	tgg	gtc	aac	aag	gtt	gcc	ggg	tgg	acg	ctc	gac	atg	atc	ggc	gcc	624
Arg	Trp	Val	Asn	Lys	Val	Ala	Gly	Trp	Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	
		195					200					205				
agc	ggc	atg	acg	tgg	gag	ttc	cag	cac	gcc	ctg	ggc	cac	cat	ccg	tac	672
Ser	Gly	Met	Thr	Trp	Glu	Phe	Gln	His	Ala	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr	
		210				215					220					
acg	aac	ctg	atc	gag	gag	gag	aac	ggc	ctg	caa	aag	gtg	agc	ggc	aag	720
Thr	Asn	Leu	Ile	Glu	Glu	Glu	Asn	Gly	Leu	Gln	Lys	Val	Ser	Gly	Lys	
225					230					235					240	
aag	atg	gac	acc	aag	ctg	gcc	gac	cag	gag	agc	gat	ccg	gac	gtc	ttt	768
Lys	Met	Asp	Thr	Lys	Leu	Ala	Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe	
				245					250					255		
tcc	acg	tac	ccg	atg	atg	cgc	ctg	cac	ccg	tgg	cac	cag	aag	cgc	tgg	816
Ser	Thr	Tyr	Pro	Met	Met	Arg	Leu	His	Pro	Trp	His	Gln	Lys	Arg	Trp	
			260					265					270			
tac	cac	cgt	ttc	cag	cac	att	tac	ggc	ccc	ttc	atc	ttt	ggc	ttc	atg	864
Tyr	His	Arg	Phe	Gln	His	Ile	Tyr	Gly	Pro	Phe	Ile	Phe	Gly	Phe	Met	
			275				280					285				
acc	atc	aac	aag	gtg	gtc	acg	cag	gac	gtc	ggt	gtg	gtg	ttc	cgc	aag	912
Thr	Ile	Asn	Lys	Val	Val	Thr	Gln	Asp	Val	Gly	Val	Val	Phe	Arg	Lys	
		290				295					300					
cgg	ctc	ttc	cag	att	gac	gcc	gag	tgc	cgg	tac	gcg	agc	cca	atg	tac	960
Arg	Leu	Phe	Gln	Ile	Asp	Ala	Glu	Cys	Arg	Tyr	Ala	Ser	Pro	Met	Tyr	
305					310					315					320	
gtg	gcg	cgt	ttc	tgg	atc	atg	aag	gcg	ctc	acg	gtg	ctc	tac	atg	gtg	
1008																
Val	Ala	Arg	Phe	Trp	Ile	Met	Lys	Ala	Leu	Thr	Val	Leu	Tyr	Met	Val	
				325					330					335		
gcc	ctg	ccg	tgc	tac	atg	cag	ggc	ccg	tgg	cac	ggc	ctc	aag	ctg	ttc	
1056																
Ala	Leu	Pro	Cys	Tyr	Met	Gln	Gly	Pro	Trp	His	Gly	Leu	Lys	Leu	Phe	
			340					345					350			
gcg	atc	gcg	cac	ttt	acg	tgc	ggc	gag	gtg	ctc	gca	acc	atg	ttc	att	
1104																
Ala	Ile	Ala	His	Phe	Thr	Cys	Gly	Glu	Val	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	Ile	
		355					360					365				
gtg	aac	cac	gtc	atc	gag	ggc	gtc	tcg	tac	gct	tcc	aag	gac	gcg	gtc	
1152																
Val	Asn	His	Val	Ile	Glu	Gly	Val	Ser	Tyr	Ala	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	
	370					375					380					
aag	ggc	acg	atg	gcg	ccg	ccg	aag	acg	atg	cac	ggc	gtg	acg	ccc	atg	
1200																
Lys	Gly	Thr	Met	Ala	Pro	Pro	Lys	Thr	Met	His	Gly	Val	Thr	Pro	Met	
385					390					395					400	
aac	aac	acg	cgc	aag	gag	gtg	gag	gcg	gag	gcg	tcc	aag	tct	ggc	gcc	
1248																

Asn Asn Thr Arg Lys Glu Val Glu Ala Glu Ala Ser Lys Ser Gly Ala
 405 410 415
 gtg gtc aag tca gtc ccg ctc gac gac tgg gcc gcc gtc cag tgc cag
 1296
 Val Val Lys Ser Val Pro Leu Asp Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln
 420 425 430
 acc tcg gcg aac tgg agc gtc ggc tcg tgg ttc tgg aac cac ttt tcc
 1344
 Thr Ser Ala Asn Trp Ser Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser
 435 440 445
 ggc ggt ctc aac cac cag att gag cac cac ctg ttc ccc ggg ctc agc
 1392
 Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Leu Ser
 450 455 460
 cac gag acg tac tac cac atc cag gac gtc gtt cag tcc acc tgc gcc
 1440
 His Glu Thr Tyr Tyr His Ile Gln Asp Val Val Gln Ser Thr Cys Ala
 465 470 475 480
 gag tac ggc gtc ccg tac cag cac gag cct tcg ctc tgg acc gcg tac
 1488
 Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln His Glu Pro Ser Leu Trp Thr Ala Tyr
 485 490 495
 tgg aag atg ctc gag cac ctc cgt cgg ctc ggc aat gag gag acc cac
 1536
 Trp Lys Met Leu Glu His Leu Arg Arg Leu Gly Asn Glu Glu Thr His
 500 505 510
 gag tcc tgg cag cgc gct gcc tga
 1560
 Glu Ser Trp Gln Arg Ala Ala
 515
 <210> 80
 <211> 519
 <212> PRT
 <213> Thraustochytrium sp
 <400> 80
 Met Thr Val Gly Tyr Asp Gly Glu Ile Pro Phe Glu Gln Val Arg Ala
 1 5 10 15
 His Asn Lys Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly His Val Tyr
 20 25 30
 Asp Val Thr Lys Phe Ala Ser Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Leu
 35 40 45
 Leu Ala Ala Gly Lys Asp Ala Thr Val Leu Tyr Glu Thr Tyr His Val
 50 55 60
 Arg Gly Val Ser Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Arg Ile Gly Lys Leu
 65 70 75 80
 Pro Asp Gly Gln Gly Gly Ala Asn Glu Lys Glu Lys Arg Thr Leu Ser
 85 90 95
 Gly Leu Ser Ser Ala Ser Tyr Tyr Thr Trp Asn Ser Asp Phe Tyr Arg
 100 105 110
 Val Met Arg Glu Arg Val Val Ala Arg Leu Lys Glu Arg Gly Lys Ala
 115 120 125
 Arg Arg Gly Gly Tyr Glu Leu Trp Ile Lys Ala Leu Leu Leu Leu Val
 130 135 140
 Gly Phe Trp Ser Ser Leu Cys Trp Met Cys Thr Leu Asp Pro Ser Phe
 145 150 155 160
 Gly Ala Ile Leu Ala Ala Met Ser Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val
 165 170 175
 Gly Thr Cys Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Ser
 180 185 190
 Arg Trp Val Asn Lys Val Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala
 195 200 205
 Ser Gly Met Thr Trp Glu Phe Gln His Ala Leu Gly His His Pro Tyr
 210 215 220

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

<210> 81

<211> 1653

<212> DNA

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1653)

<400> 81

atg ggc aac ggc aac ctc cca gca tcc acc gca cag ctc aag tcc acc	48
Met Gly Asn Gly Asn Leu Pro Ala Ser Thr Ala Gln Leu Lys Ser Thr	
1 5 10 15	
tcg aag ccc cag cag caa cat gag cat cgc acc atc tcc aag tcc gag	96
Ser Lys Pro Gln Gln Gln His Glu His Arg Thr Ile Ser Lys Ser Glu	
20 25 30	
ctc gcc caa cac aac acg ccc aaa tca gca tgg tgt gcc gtc cac tcc	144
Leu Ala Gln His Asn Thr Pro Lys Ser Ala Trp Cys Ala Val His Ser	
35 40 45	
act ccc gcc acc gac cca tcc cac tcc aac aac aaa caa cac gca cac	192
Thr Pro Ala Thr Asp Pro Ser His Ser Asn Asn Lys Gln His Ala His	
50 55 60	
cta gtc ctc gac att acc gac ttt gcg tcc cgc cat cca ggg gga gac	240
Leu Val Leu Asp Ile Thr Asp Phe Ala Ser Arg His Pro Gly Gly Asp	
65 70 75 80	
ctc atc ctc ctc gct tcc ggc aaa gac gcc tcg gtg ctg ttt gaa aca	288
Leu Ile Leu Leu Ala Ser Gly Lys Asp Ala Ser Val Leu Phe Glu Thr	

															85																90																95	
tac	cat	cca	cgt	gga	gtt	ccg	acg	tct	ctc	att	caa	aag	ctg	cag	att																																	
Tyr	His	Pro	Arg	Gly	Val	Pro	Thr	Ser	Leu	Ile	Gln	Lys	Leu	Gln	Ile																																	
																100																105																110
gga	gtg	atg	gag	gag	gag	gcg	ttt	cgg	gat	tcg	ttt	tac	agt	tgg	act																																	
Gly	Val	Met	Glu	Glu	Glu	Ala	Phe	Arg	Asp	Ser	Phe	Tyr	Ser	Trp	Thr																																	
																115																120																125
gat	tct	gac	ttt	tat	act	gtg	ttg	aag	agg	agg	gtt	gtg	gag	cgg	ttg																																	
Asp	Ser	Asp	Phe	Tyr	Thr	Val	Leu	Lys	Arg	Arg	Val	Val	Glu	Arg	Leu																																	
																130																135																140
gag	gag	agg	ggg	ttg	gac	agg	agg	gga	tcg	aaa	gag	att	tgg	atc	aag																																	
Glu	Glu	Arg	Gly	Leu	Asp	Arg	Arg	Gly	Ser	Lys	Glu	Ile	Trp	Ile	Lys																																	
																145																150																155
gct	ttg	ttc	ttg	ttg	gtt	gga	ttt	tgg	tac	tgt	ttg	tac	aag	atg	tat																																	
Ala	Leu	Phe	Leu	Leu	Val	Gly	Phe	Trp	Tyr	Cys	Leu	Tyr	Lys	Met	Tyr																																	
																165																170																175
act	acg	tcg	gat	att	gat	cag	tac	ggt	att	gcc	att	gcc	tat	tct	att																																	
Thr	Thr	Ser	Asp	Ile	Asp	Gln	Tyr	Gly	Ile	Ala	Ile	Ala	Tyr	Ser	Ile																																	
																180																185																190
gga	atg	gga	acc	ttt	gcg	gca	ttc	atc	ggc	acg	tgt	att	caa	cac	gat																																	
Gly	Met	Gly	Thr	Phe	Ala	Ala	Phe	Ile	Gly	Thr	Cys	Ile	Gln	His	Asp																																	
																195																200																205
gga	aat	cac	ggt	gca	ttc	gct	cag	aac	aag	tta	ctc	aac	aag	ttg	gct																																	
Gly	Asn	His	Gly	Ala	Phe	Ala	Gln	Asn	Lys	Leu	Leu	Asn	Lys	Leu	Ala																																	
																210																215																220
ggg	tgg	acg	ttg	gat	atg	att	ggt	gcg	agt	gcg	ttt	acg	tgg	gag	ctt																																	
Gly	Trp	Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ser	Ala	Phe	Thr	Trp	Glu	Leu																																	
																225																230																235
cag	cac	atg	ctg	ggg	cat	cat	cca	tat	acg	aat	gtg	ttg	gat	ggg	gtg																																	
Gln	His	Met	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr	Thr	Asn	Val	Leu	Asp	Gly	Val																																	
																245																250																255
gag	gag	gag	agg	aag	gag	agg	ggg	gag	gat	gtt	gct	ttg	gaa	gaa	aag																																	
Glu	Glu	Glu	Arg	Lys	Glu	Arg	Gly	Glu	Asp	Val	Ala	Leu	Glu	Glu	Lys																																	
																260																265																270
gat	cag	gaa	tca	gat	cca	gac	gta	ttc	tcc	tcc	ttc	cct	ctc	atg	aga																																	
Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe	Ser	Ser	Phe	Pro	Leu	Met	Arg																																	
																275																280																285
atg	cat	ccc	cac	cat	aca	acc	tca	tgg	tat	cat	aaa	tac	caa	cac	ctc																																	
Met	His	Pro	His	His	Thr	Thr	Ser	Trp	Tyr	His	Lys	Tyr	Gln	His	Leu																																	
																290																295																300
tac	gct	cca	ccc	ctc	ttt	gca	ttg	atg	aca	ctt	gcc	aaa	gta	ttc	caa																																	
Tyr	Ala	Pro	Pro	Leu	Phe	Ala	Leu	Met	Thr	Leu	Ala	Lys	Val	Phe	Gln																																	
																305																310																315
cag	gat	ttt	gaa	gtt	gcc	aca	tcc	gga	cga	tta	tat	cat	att	gat	gcc																																	
																1008																330																335
Gln	Asp	Phe	Glu	Val	Ala	Thr	Ser	Gly	Arg	Leu	Tyr	His	Ile	Asp	Ala																																	
																325																345																350
aat	gta	cgt	tat	ggt	tcg	gta	tgg	aat	gtc	atg	agg	ttt	tgg	gct	atg																																	
																1056																345																350
Asn	Val	Arg	Tyr	Gly	Ser	Val	Trp	Asn	Val	Met	Arg	Phe	Trp	Ala	Met																																	
																340																360																365
aag	gtc	att	acg	atg	gga	tat	atg	atg	gga	tta	cca	atc	tac	ttt	cat																																	
																1104																360																365
Lys	Val	Ile	Thr	Met	Gly	Tyr	Met	Met	Gly	Leu	Pro	Ile	Tyr	Phe	His																																	
																355																375																380
gga	gta	ctg	agg	gga	gtt	gga	ttg	ttt	gtt	att	ggg	cat	ttg	gcg	tgt																																	
																1152																375																380
Gly	Val	Leu	Arg	Gly	Val	Gly	Leu	Phe	Val	Ile	Gly	His	Leu	Ala	Cys																																	
																370																390																395
gga	gag	ttg	ttg	gcg	acg	atg	ttt	att	gtg	aat	cac	gtc	att	gag	ggt																																	
																1200																390																400
Gly	Glu	Leu	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	Ile	Val	Asn	His	Val	Ile	Glu	Gly																																	
																385																395																400

gtg agt tat gga acg aag gat ttg gtt ggt ggt gcg agt cat gga gat
 1248
 Val Ser Tyr Gly Thr Lys Asp Leu Val Gly Gly Ala Ser His Gly Asp
 405 410 415
 gag aag aag att gtc aag cca acg act gta ttg gga gat aca cca atg
 1296
 Glu Lys Lys Ile Val Lys Pro Thr Thr Val Leu Gly Asp Thr Pro Met
 420 425 430
 gaa aag act cgc gag gag gca ttg aaa agc aac agc aat aac aac aag
 1344
 Glu Lys Thr Arg Glu Glu Ala Leu Lys Ser Asn Ser Asn Asn Asn Lys
 435 440 445
 aag aag gga gag aag aac tcg gta cca tcc gtt cca ttc aac gac tgg
 1392
 Lys Lys Gly Glu Lys Asn Ser Val Pro Ser Val Pro Phe Asn Asp Trp
 450 455 460
 gca gca gtc caa tgc cag acc tcc gtg aat tgg tct cca ggc tca tgg
 1440
 Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr Ser Val Asn Trp Ser Pro Gly Ser Trp
 465 470 475 480
 ttc tgg aat cac ttt tct ggg gga ctc tct cat cag att gag cat cac
 1488
 Phe Trp Asn His Phe Ser Gly Gly Leu Ser His Gln Ile Glu His His
 485 490 495
 ttg ttc ccc agc att tgt cat aca aac tac tgt cat atc cag gat gtt
 1536
 Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp Val
 500 505 510
 gtg gag agt acg tgt gct gag tac gga gtt ccg tat cag agt gag agt
 1584
 Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu Ser
 515 520 525
 aat ttg ttt gtt gct tat gga aag atg att agt cat ttg aag ttt ttg
 1632
 Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe Leu
 530 535 540
 ggt aaa gcc aag tgt gag tag
 1653
 Gly Lys Ala Lys Cys Glu
 545 550
 <210> 82
 <211> 550
 <212> PRT
 <213> Thalassiosira pseudonana
 <400> 82
 Met Gly Asn Gly Asn Leu Pro Ala Ser Thr Ala Gln Leu Lys Ser Thr
 1 5 10 15
 Ser Lys Pro Gln Gln Gln His Glu His Arg Thr Ile Ser Lys Ser Glu
 20 25 30
 Leu Ala Gln His Asn Thr Pro Lys Ser Ala Trp Cys Ala Val His Ser
 35 40 45
 Thr Pro Ala Thr Asp Pro Ser His Ser Asn Asn Lys Gln His Ala His
 50 55 60
 Leu Val Leu Asp Ile Thr Asp Phe Ala Ser Arg His Pro Gly Gly Asp
 65 70 75 80
 Leu Ile Leu Leu Ala Ser Gly Lys Asp Ala Ser Val Leu Phe Glu Thr
 85 90 95
 Tyr His Pro Arg Gly Val Pro Thr Ser Leu Ile Gln Lys Leu Gln Ile
 100 105 110
 Gly Val Met Glu Glu Glu Ala Phe Arg Asp Ser Phe Tyr Ser Trp Thr
 115 120 125
 Asp Ser Asp Phe Tyr Thr Val Leu Lys Arg Arg Val Glu Arg Leu
 130 135 140

Glu Glu Arg Gly Leu Asp Arg Arg Gly Ser Lys Glu Ile Trp Ile Lys
 145 150 155 160
 Ala Leu Phe Leu Leu Val Gly Phe Trp Tyr Cys Leu Tyr Lys Met Tyr
 165 170 175
 Thr Thr Ser Asp Ile Asp Gln Tyr Gly Ile Ala Ile Ala Tyr Ser Ile
 180 185 190
 Gly Met Gly Thr Phe Ala Ala Phe Ile Gly Thr Cys Ile Gln His Asp
 195 200 205
 Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Asn Lys Leu Leu Asn Lys Leu Ala
 210 215 220
 Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Phe Thr Trp Glu Leu
 225 230 235 240
 Gln His Met Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Val Leu Asp Gly Val
 245 250 255
 Glu Glu Glu Arg Lys Glu Arg Gly Glu Asp Val Ala Leu Glu Glu Lys
 260 265 270
 Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Ser Phe Pro Leu Met Arg
 275 280 285
 Met His Pro His His Thr Thr Ser Trp Tyr His Lys Tyr Gln His Leu
 290 295 300
 Tyr Ala Pro Pro Leu Phe Ala Leu Met Thr Leu Ala Lys Val Phe Gln
 305 310 315 320
 Gln Asp Phe Glu Val Ala Thr Ser Gly Arg Leu Tyr His Ile Asp Ala
 325 330 335
 Asn Val Arg Tyr Gly Ser Val Trp Asn Val Met Arg Phe Trp Ala Met
 340 345 350
 Lys Val Ile Thr Met Gly Tyr Met Met Gly Leu Pro Ile Tyr Phe His
 355 360 365
 Gly Val Leu Arg Gly Val Gly Leu Phe Val Ile Gly His Leu Ala Cys
 370 375 380
 Gly Glu Leu Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His Val Ile Glu Gly
 385 390 395 400
 Val Ser Tyr Gly Thr Lys Asp Leu Val Gly Gly Ala Ser His Gly Asp
 405 410 415
 Glu Lys Lys Ile Val Lys Pro Thr Thr Val Leu Gly Asp Thr Pro Met
 420 425 430
 Glu Lys Thr Arg Glu Glu Ala Leu Lys Ser Asn Ser Asn Asn Asn Lys
 435 440 445
 Lys Lys Gly Glu Lys Asn Ser Val Pro Ser Val Pro Phe Asn Asp Trp
 450 455 460
 Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr Ser Val Asn Trp Ser Pro Gly Ser Trp
 465 470 475 480
 Phe Trp Asn His Phe Ser Gly Gly Leu Ser His Gln Ile Glu His His
 485 490 495
 Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp Val
 500 505 510
 Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu Ser
 515 520 525
 Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe Leu
 530 535 540
 Gly Lys Ala Lys Cys Glu
 545 550

<210> 83

<211> 1626

<212> DNA

<213> Euglena gracilis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1626)

<400> 83

atg ttg gtg ctg ttt ggc aat ttc tat gtc aag caa tac tcc caa aag
 Met Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Lys Gln Tyr Ser Gln Lys
 1 5 10 15

aac ggc aag ccg gag aac gga gcc acc cct gag aac gga gcg aag ccg	96
Asn Gly Lys Pro Glu Asn Gly Ala Thr Pro Glu Asn Gly Ala Lys Pro	
20 25 30	
caa cct tgc gag aac ggc acg gtg gaa aag cga gag aat gac acc gcc	144
Gln Pro Cys Glu Asn Gly Thr Val Glu Lys Arg Glu Asn Asp Thr Ala	
35 40 45	
aac gtt cgg ccc acc cgt cca gct gga ccc ccg ccg gcc acg tac tac	192
Asn Val Arg Pro Thr Arg Pro Ala Gly Pro Pro Pro Ala Thr Tyr Tyr	
50 55 60	
gac tcc ctg gca gtg tcg ggg cag ggc aag gag cgg ctg ttc acc acc	240
Asp Ser Leu Ala Val Ser Gly Gln Gly Lys Glu Arg Leu Phe Thr Thr	
65 70 75 80	
gat gag gtg agg cgg cac atc ctc ccc acc gat ggc tgg ctg acg tgc	288
Asp Glu Val Arg Arg His Ile Leu Pro Thr Asp Gly Trp Leu Thr Cys	
85 90 95	
cac gaa gga gtc tac gat gtc act gat ttc ctt gcc aag cac cct ggt	336
His Glu Gly Val Tyr Asp Val Thr Asp Phe Leu Ala Lys His Pro Gly	
100 105 110	
ggc ggt gtc atc acg ctg ggc ctt gga agg gac tgc aca atc ctc atc	384
Gly Gly Val Ile Thr Leu Gly Leu Gly Arg Asp Cys Thr Ile Leu Ile	
115 120 125	
gag tca tac cac cct gct ggg cgc ccg gac aag gtg atg gag aag tac	432
Glu Ser Tyr His Pro Ala Gly Arg Pro Asp Lys Val Met Glu Lys Tyr	
130 135 140	
cgc att ggt acg ctg cag gac ccc aag acg ttc tat gct tgg gga gag	480
Arg Ile Gly Thr Leu Gln Asp Pro Lys Thr Phe Tyr Ala Trp Gly Glu	
145 150 155 160	
tcc gat ttc tac cct gag ttg aag cgc ccg gcc ctt gca agg ctg aag	528
Ser Asp Phe Tyr Pro Glu Leu Lys Arg Arg Ala Leu Ala Arg Leu Lys	
165 170 175	
gag gct ggt cag gcg ccg cgc ggc ggc ctt ggg gtg aag gcc ctc ctg	576
Glu Ala Gly Gln Ala Arg Arg Gly Gly Leu Gly Val Lys Ala Leu Leu	
180 185 190	
gtg ctc acc ctc ttc ttc gtg tcg tgg tac atg tgg gtg gcc cac aag	624
Val Leu Thr Leu Phe Phe Val Ser Trp Tyr Met Trp Val Ala His Lys	
195 200 205	
tcc ttc ctc tgg gcc gcc gtc tgg ggc ttc gcc ggc tcc cac gtc ggg	672
Ser Phe Leu Trp Ala Ala Val Trp Gly Phe Ala Gly Ser His Val Gly	
210 215 220	
ctg agc atc cag cac gat ggc aac cac ggc gcg ttc agc cgc aac aca	720
Leu Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ser Arg Asn Thr	
225 230 235 240	
ctg gtg aac cgc ctg gcg ggg tgg ggc atg gac ttg atc ggc gcg tcg	768
Leu Val Asn Arg Leu Ala Gly Trp Gly Met Asp Leu Ile Gly Ala Ser	
245 250 255	
tcc acg gtg tgg gag tac cag cac gtc atc ggc cac cac cag tac acc	816
Ser Thr Val Trp Glu Tyr Gln His Val Ile Gly His His Gln Tyr Thr	
260 265 270	
aac ctc gtg tcg gac acg cta ttc agt ctg cct gag aac gat ccg gac	864
Asn Leu Val Ser Asp Thr Leu Phe Ser Leu Pro Glu Asn Asp Pro Asp	
275 280 285	
gtc ttc tcc agc tac ccg ctg atg cgc atg cac ccg gat acg gcg tgg	912
Val Phe Ser Ser Tyr Pro Leu Met Arg Met His Pro Asp Thr Ala Trp	
290 295 300	
cag ccg cac cac cgc ttc cag cac ctg ttc gcg ttc cca ctg ttc gcc	960
Gln Pro His His Arg Phe Gln His Leu Phe Ala Phe Pro Leu Phe Ala	
305 310 315 320	
ctg atg aca atc agc aag gtg ctg acc agc gat ttc gct gtc tgc ctc	
1008	
Leu Met Thr Ile Ser Lys Val Leu Thr Ser Asp Phe Ala Val Cys Leu	
325 330 335	
agc atg aag aag ggg tcc atc gac tgc tcc tcc agg ctc gtc cca ctg	
1056	

Ser Met Lys Lys Gly Ser Ile Asp Cys Ser Ser Arg Leu Val Pro Leu
 340 345 350
 gag ggg cag ctg ctg ttc tgg ggg gcc aag ctg gcg aac ttc ctg ttg
 1104
 Glu Gly Gln Leu Leu Phe Trp Gly Ala Lys Leu Ala Asn Phe Leu Leu
 355 360 365
 cag att gtg ttg cca tgc tac ctc cac ggg aca gct atg ggc ctg gcc
 1152
 Gln Ile Val Leu Pro Cys Tyr Leu His Gly Thr Ala Met Gly Leu Ala
 370 375 380
 ctc ttc tct gtt gct cac ctt gtg tcg ggg gag tac ctc gcg atc tgc
 1200
 Leu Phe Ser Val Ala His Leu Val Ser Gly Glu Tyr Leu Ala Ile Cys
 385 390 395 400
 ttc atc atc aac cac atc agc gag tct tgt gag ttt atg aat aca agc
 1248
 Phe Ile Ile Asn His Ile Ser Glu Ser Cys Glu Phe Met Asn Thr Ser
 405 410 415
 ttt caa acc gcc gcc cgg agg aca gag atg ctt cag gca gca cat cag
 1296
 Phe Gln Thr Ala Ala Arg Arg Thr Glu Met Leu Gln Ala Ala His Gln
 420 425 430
 gca gcg gag gcc aag aag gtg aag ccc acc cct cca ccg aac gat tgg
 1344
 Ala Ala Glu Ala Lys Lys Val Lys Pro Thr Pro Pro Pro Asn Asp Trp
 435 440 445
 gct gtg aca cag gtc caa tgc tgc gtg aat tgg aga tca ggt ggc gtg
 1392
 Ala Val Thr Gln Val Gln Cys Cys Val Asn Trp Arg Ser Gly Gly Val
 450 455 460
 ttg gcc aat cac ctc tct gga ggc ttg aac cac cag atc gag cat cat
 1440
 Leu Ala Asn His Leu Ser Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His
 465 470 475 480
 ctg ttc ccc agc atc tcg cat gcc aac tac ccc acc atc gcc cct gtt
 1488
 Leu Phe Pro Ser Ile Ser His Ala Asn Tyr Pro Thr Ile Ala Pro Val
 485 490 495
 gtg aag gag gtg tgc gag gag tac ggg ttg ccg tac aag aat tac gtc
 1536
 Val Lys Glu Val Cys Glu Glu Tyr Gly Leu Pro Tyr Lys Asn Tyr Val
 500 505 510
 acg ttc tgg gat gca gtc tgt ggc atg gtt cag cac ctc cgg ttg atg
 1584
 Thr Phe Trp Asp Ala Val Cys Gly Met Val Gln His Leu Arg Leu Met
 515 520 525
 ggt gct cca ccg gtg cca acg aac ggg gac aaa aag tca taa
 1626
 Gly Ala Pro Pro Val Pro Thr Asn Gly Asp Lys Lys Ser
 530 535 540
 <210> 84
 <211> 541
 <212> PRT
 <213> Euglena gracilis
 <400> 84
 Met Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Lys Gln Tyr Ser Gln Lys
 1 5 10 15
 Asn Gly Lys Pro Glu Asn Gly Ala Thr Pro Glu Asn Gly Ala Lys Pro
 20 25 30
 Gln Pro Cys Glu Asn Gly Thr Val Glu Lys Arg Glu Asn Asp Thr Ala
 35 40 45
 Asn Val Arg Pro Thr Arg Pro Ala Gly Pro Pro Pro Ala Thr Tyr Tyr
 50 55 60

Asp	Ser	Leu	Ala	Val	Ser	Gly	Gln	Gly	Lys	Glu	Arg	Leu	Phe	Thr	Thr	
65					70					75					80	
Asp	Glu	Val	Arg	Arg	His	Ile	Leu	Pro	Thr	Asp	Gly	Trp	Leu	Thr	Cys	
				85					90					95		
His	Glu	Gly	Val	Tyr	Asp	Val	Thr	Asp	Phe	Leu	Ala	Lys	His	Pro	Gly	
			100					105					110			
Gly	Gly	Val	Ile	Thr	Leu	Gly	Leu	Gly	Arg	Asp	Cys	Thr	Ile	Leu	Ile	
		115					120					125				
Glu	Ser	Tyr	His	Pro	Ala	Gly	Arg	Pro	Asp	Lys	Val	Met	Glu	Lys	Tyr	
	130					135					140					
Arg	Ile	Gly	Thr	Leu	Gln	Asp	Pro	Lys	Thr	Phe	Tyr	Ala	Trp	Gly	Glu	
145					150					155					160	
Ser	Asp	Phe	Tyr	Pro	Glu	Leu	Lys	Arg	Arg	Ala	Leu	Ala	Arg	Leu	Lys	
				165					170					175		
Glu	Ala	Gly	Gln	Ala	Arg	Arg	Gly	Gly	Leu	Gly	Val	Lys	Ala	Leu	Leu	
			180					185					190			
Val	Leu	Thr	Leu	Phe	Phe	Val	Ser	Trp	Tyr	Met	Trp	Val	Ala	His	Lys	
	195						200					205				
Ser	Phe	Leu	Trp	Ala	Ala	Val	Trp	Gly	Phe	Ala	Gly	Ser	His	Val	Gly	
	210					215					220					
Leu	Ser	Ile	Gln	His	Asp	Gly	Asn	His	Gly	Ala	Phe	Ser	Arg	Asn	Thr	
225					230					235					240	
Leu	Val	Asn	Arg	Leu	Ala	Gly	Trp	Gly	Met	Asp	Leu	Ile	Gly	Ala	Ser	
				245					250					255		
Ser	Thr	Val	Trp	Glu	Tyr	Gln	His	Val	Ile	Gly	His	His	Gln	Tyr	Thr	
			260					265					270			
Asn	Leu	Val	Ser	Asp	Thr	Leu	Phe	Ser	Leu	Pro	Glu	Asn	Asp	Pro	Asp	
	275						280					285				
Val	Phe	Ser	Ser	Tyr	Pro	Leu	Met	Arg	Met	His	Pro	Asp	Thr	Ala	Trp	
	290					295					300					
Gln	Pro	His	His	Arg	Phe	Gln	His	Leu	Phe	Ala	Phe	Pro	Leu	Phe	Ala	
305					310					315					320	
Leu	Met	Thr	Ile	Ser	Lys	Val	Leu	Thr	Ser	Asp	Phe	Ala	Val	Cys	Leu	
				325					330					335		
Ser	Met	Lys	Lys	Gly	Ser	Ile	Asp	Cys	Ser	Ser	Arg	Leu	Val	Pro	Leu	
			340					345					350			
Glu	Gly	Gln	Leu	Leu	Phe	Trp	Gly	Ala	Lys	Leu	Ala	Asn	Phe	Leu	Leu	
		355					360					365				
Gln	Ile	Val	Leu	Pro	Cys	Tyr	Leu	His	Gly	Thr	Ala	Met	Gly	Leu	Ala	
	370					375					380					
Leu	Phe	Ser	Val	Ala	His	Leu	Val	Ser	Gly	Glu	Tyr	Leu	Ala	Ile	Cys	
385					390					395					400	
Phe	Ile	Ile	Asn	His	Ile	Ser	Glu	Ser	Cys	Glu	Phe	Met	Asn	Thr	Ser	
			405						410					415		
Phe	Gln	Thr	Ala	Ala	Arg	Arg	Thr	Glu	Met	Leu	Gln	Ala	Ala	His	Gln	
			420					425					430			
Ala	Ala	Glu	Ala	Lys	Lys	Val	Lys	Pro	Thr	Pro	Pro	Pro	Asn	Asp	Trp	
		435					440						445			
Ala	Val	Thr	Gln	Val	Gln	Cys	Cys	Val	Asn	Trp	Arg	Ser	Gly	Gly	Val	
	450					455					460					
Leu	Ala	Asn	His	Leu	Ser	Gly	Gly	Leu	Asn	His	Gln	Ile	Glu	His	His	
465					470					475					480	
Leu	Phe	Pro	Ser	Ile	Ser	His	Ala	Asn	Tyr	Pro	Thr	Ile	Ala	Pro	Val	
			485						490					495		
Val	Lys	Glu	Val	Cys	Glu	Glu	Tyr	Gly	Leu	Pro	Tyr	Lys	Asn	Tyr	Val	
			500					505					510			
Thr	Phe	Trp	Asp	Ala	Val	Cys	Gly	Met	Val	Gln	His	Leu	Arg	Leu	Met	
			515				520					525				
Gly	Ala	Pro	Pro	Val	Pro	Thr	Asn	Gly	Asp	Lys	Lys	Ser				
	530					535					540					

<210> 85
 <211> 1548
 <212> DNA

<213> Thraustochytrium aureum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1548)

<400> 85

atg acg gtc ggg ttt gac gaa acg gtg act atg gac acg gtc cgc aac	48
Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn	
1 5 10 15	
cac aac atg ccg gac gac gcc tgg tgc gcg atc cac ggc acc gtg tac	96
His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr	
20 25 30	
gac atc acc aag ttc agc aag gtg cac ccc ggc ggg gac atc atc atg	144
Asp Ile Thr Lys Phe Ser Lys Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Met	
35 40 45	
ctg gcc gct ggc aag gag gcc acc atc ctg ttc gag acc tac cac atc	192
Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Ile Leu Phe Glu Thr Tyr His Ile	
50 55 60	
aag ggc gtc ccg gac gcg gtg ctg cgc aag tac aag gtc ggc aag ctc	240
Lys Gly Val Pro Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Lys Val Gly Lys Leu	
65 70 75 80	
ccc cag ggc aag aag ggc gaa acg agc cac atg ccc acc ggg ctc gac	288
Pro Gln Gly Lys Lys Gly Glu Thr Ser His Met Pro Thr Gly Leu Asp	
85 90 95	
tcg gcc tcc tac tac tcg tgg gac agc gag ttt tac agg gtg ctc cgc	336
Ser Ala Ser Tyr Tyr Ser Trp Asp Ser Glu Phe Tyr Arg Val Leu Arg	
100 105 110	
gag cgc gtc gcc aag aag ctg gcc gag ccc ggc ctc atg cag cgc gcg	384
Glu Arg Val Ala Lys Lys Leu Ala Glu Pro Gly Leu Met Gln Arg Ala	
115 120 125	
cgc atg gag ctc tgg gcc aag gcg atc ttc ctc ctg gca ggt ttc tgg	432
Arg Met Glu Leu Trp Ala Lys Ala Ile Phe Leu Leu Ala Gly Phe Trp	
130 135 140	
ggc tcc ctt tac gcc atg tgc gtg cta gac ccg cac ggc ggt gcc atg	480
Gly Ser Leu Tyr Ala Met Cys Val Leu Asp Pro His Gly Gly Ala Met	
145 150 155 160	
gta gcc gcc gtt acg ctc gcc gtg ttc gct gcc ttt gtc gga act tgc	528
Val Ala Ala Val Thr Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val Gly Thr Cys	
165 170 175	
atc cag cac gac ggc agc cac ggc gcc ttc tcc aag tcg cga ttc atg	576
Ile Gln His Asp Gly Ser His Gly Ala Phe Ser Lys Ser Arg Phe Met	
180 185 190	
aac aag gcg gcg ggc tgg acc ctc gac atg atc ggc gcg agt gcg atg	624
Asn Lys Ala Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Met	
195 200 205	
acc tgg gag atg cag cac gtt ctt ggc cac cac ccg tac acc aac ctc	672
Thr Trp Glu Met Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Leu	
210 215 220	
atc gag atg gag aac ggt ttg gcc aag gtc aag ggc gcc gac gtc gac	720
Ile Glu Met Glu Asn Gly Leu Ala Lys Val Lys Gly Ala Asp Val Asp	
225 230 235 240	
ccg aag aag gtc gac cag gag agc gac ccg gac gtc ttc agt acg tac	768
Pro Lys Lys Val Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Thr Tyr	
245 250 255	
ccg atg ctt cgc ctg cac ccg tgg cac cgc cag cgg ttt tac cac aag	816
Pro Met Leu Arg Leu His Pro Trp His Arg Gln Arg Phe Tyr His Lys	
260 265 270	
ttc cag cac ctg tac gcc ccg ttt atc ttt ggg tct atg acg att aac	864
Phe Gln His Leu Tyr Ala Pro Phe Ile Phe Gly Ser Met Thr Ile Asn	
275 280 285	
aag gtg att tcc cag gat gtc ggg gtt gtg ctg cgc aag cgc ctg ttc	912
Lys Val Ile Ser Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys Arg Leu Phe	
290 295 300	
cag atc gac gcc aac tgc cgg tat ggc agc ccc tgg tac gtg gcc cgc	960

Gln Ile Asp Ala Asn Cys Arg Tyr Gly Ser Pro Trp Tyr Val Ala Arg
 305 310 315 320
 ttc tgg atc atg aag ctc ctc acc acg ctc tac atg gtg gcg ctt ccc
 1008
 Phe Trp Ile Met Lys Leu Leu Thr Thr Leu Tyr Met Val Ala Leu Pro
 325 330 335
 atg tac atg cag ggg cct gct cag ggc ttg aag ctt ttc ttc atg gcc
 1056
 Met Tyr Met Gln Gly Pro Ala Gln Gly Leu Lys Leu Phe Phe Met Ala
 340 345 350
 cac ttc acc tgc gga gag gtc ctc gcc acc atg ttt att gtc aac cac
 1104
 His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His
 355 360 365
 atc atc gag ggc gtc agc tac gct tcc aag gac gcg gtc aag ggc gtc
 1152
 Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val Lys Gly Val
 370 375 380
 atg gct ccg ccg cgc act gtg cac ggt gtc acc ccg atg cag gtg acg
 1200
 Met Ala Pro Pro Arg Thr Val His Gly Val Thr Pro Met Gln Val Thr
 385 390 395 400
 caa aag gcg ctc agt gcg gcc gag tcg gcc aag tcg gac gcc gac aag
 1248
 Gln Lys Ala Leu Ser Ala Ala Glu Ser Ala Lys Ser Asp Ala Asp Lys
 405 410 415
 acg acc atg atc ccc ctc aac gac tgg gcc gct gtg cag tgc cag acc
 1296
 Thr Thr Met Ile Pro Leu Asn Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr
 420 425 430
 tct gtg aac tgg gct gtc ggg tcg tgg ttt tgg aac cac ttt tcg ggc
 1344
 Ser Val Asn Trp Ala Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly
 435 440 445
 ggc ctc aac cac cag att gag cac cac tgc ttc ccc caa aac ccc cac
 1392
 Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Cys Phe Pro Gln Asn Pro His
 450 455 460
 acg gtc aac gtc tac atc tcg ggc atc gtc aag gag acc tgc gaa gaa
 1440
 Thr Val Asn Val Tyr Ile Ser Gly Ile Val Lys Glu Thr Cys Glu Glu
 465 470 475 480
 tac ggc gtg ccg tac cag gct gag atc agc ctc ttc tct gcc tat ttc
 1488
 Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ala Glu Ile Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Phe
 485 490 495
 aag atg ctg tcg cac ctc cgc acg ctc ggc aac gag gac ctc acg gcc
 1536
 Lys Met Leu Ser His Leu Arg Thr Leu Gly Asn Glu Asp Leu Thr Ala
 500 505 510
 tgg tcc acg tga
 1548
 Trp Ser Thr
 515
 <210> 86
 <211> 515
 <212> PRT
 <213> Thraustochytrium aureum
 <400> 86
 Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn
 1 5 10 15
 His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr
 20 25 30

Asp	Ile	Thr	Lys	Phe	Ser	Lys	Val	His	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile	Ile	Met	35	40	45
Leu	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Ala	Thr	Ile	Leu	Phe	Glu	Thr	Tyr	His	Ile	50	55	60
Lys	Gly	Val	Pro	Asp	Ala	Val	Leu	Arg	Lys	Tyr	Lys	Val	Gly	Lys	Leu	65	70	75
Pro	Gln	Gly	Lys	Lys	Gly	Glu	Thr	Ser	His	Met	Pro	Thr	Gly	Leu	Asp	85	90	95
Ser	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Ser	Trp	Asp	Ser	Glu	Phe	Tyr	Arg	Val	Leu	Arg	100	105	110
Glu	Arg	Val	Ala	Lys	Lys	Leu	Ala	Glu	Pro	Gly	Leu	Met	Gln	Arg	Ala	115	120	125
Arg	Met	Glu	Leu	Trp	Ala	Lys	Ala	Ile	Phe	Leu	Leu	Ala	Gly	Phe	Trp	130	135	140
Gly	Ser	Leu	Tyr	Ala	Met	Cys	Val	Leu	Asp	Pro	His	Gly	Gly	Ala	Met	145	150	155
Val	Ala	Ala	Val	Thr	Leu	Gly	Val	Phe	Ala	Ala	Phe	Val	Gly	Thr	Cys	165	170	175
Ile	Gln	His	Asp	Gly	Ser	His	Gly	Ala	Phe	Ser	Lys	Ser	Arg	Phe	Met	180	185	190
Asn	Lys	Ala	Ala	Gly	Trp	Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ser	Ala	Met	195	200	205
Thr	Trp	Glu	Met	Gln	His	Val	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr	Thr	Asn	Leu	210	215	220
Ile	Glu	Met	Glu	Asn	Gly	Leu	Ala	Lys	Val	Lys	Gly	Ala	Asp	Val	Asp	225	230	235
Pro	Lys	Lys	Val	Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe	Ser	Thr	Tyr	245	250	255
Pro	Met	Leu	Arg	Leu	His	Pro	Trp	His	Arg	Gln	Arg	Phe	Tyr	His	Lys	260	265	270
Phe	Gln	His	Leu	Tyr	Ala	Pro	Phe	Ile	Phe	Gly	Ser	Met	Thr	Ile	Asn	275	280	285
Lys	Val	Ile	Ser	Gln	Asp	Val	Gly	Val	Val	Leu	Arg	Lys	Arg	Leu	Phe	290	295	300
Gln	Ile	Asp	Ala	Asn	Cys	Arg	Tyr	Gly	Ser	Pro	Trp	Tyr	Val	Ala	Arg	305	310	315
Phe	Trp	Ile	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Thr	Leu	Tyr	Met	Val	Ala	Leu	Pro	325	330	335
Met	Tyr	Met	Gln	Gly	Pro	Ala	Gln	Gly	Leu	Lys	Leu	Phe	Phe	Met	Ala	340	345	350
His	Phe	Thr	Cys	Gly	Glu	Val	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	Ile	Val	Asn	His	355	360	365
Ile	Ile	Glu	Gly	Val	Ser	Tyr	Ala	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Lys	Gly	Val	370	375	380
Met	Ala	Pro	Pro	Arg	Thr	Val	His	Gly	Val	Thr	Pro	Met	Gln	Val	Thr	385	390	395
Gln	Lys	Ala	Leu	Ser	Ala	Ala	Glu	Ser	Ala	Lys	Ser	Asp	Ala	Asp	Lys	405	410	415
Thr	Thr	Met	Ile	Pro	Leu	Asn	Asp	Trp	Ala	Ala	Val	Gln	Cys	Gln	Thr	420	425	430
Ser	Val	Asn	Trp	Ala	Val	Gly	Ser	Trp	Phe	Trp	Asn	His	Phe	Ser	Gly	435	440	445
Gly	Leu	Asn	His	Gln	Ile	Glu	His	His	Cys	Phe	Pro	Gln	Asn	Pro	His	450	455	460
Thr	Val	Asn	Val	Tyr	Ile	Ser	Gly	Ile	Val	Lys	Glu	Thr	Cys	Glu	Glu	465	470	475
Tyr	Gly	Val	Pro	Tyr	Gln	Ala	Glu	Ile	Ser	Leu	Phe	Ser	Ala	Tyr	Phe	485	490	495
Lys	Met	Leu	Ser	His	Leu	Arg	Thr	Leu	Gly	Asn	Glu	Asp	Leu	Thr	Ala	500	505	510
Trp	Ser	Thr														515		

<210> 87

```

<211> 1548
<212> DNA
<213> Thraustochytrium aureum
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1548)
<400> 87
atg acg gtc ggg ttt gac gaa acg gtg act atg gac acg gtc cgc aac      48
Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn
1          5          10          15
cac aac atg ccg gac gac gcc tgg tgc gcg atc cac ggc acc gtg tac      96
His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr
20          25          30
gac atc acc aag ttc agc aag gtg cac ccc ggc ggg gac atc atc atg      144
Asp Ile Thr Lys Phe Ser Lys Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Met
35          40          45
ctg gcc gct ggc aag gag gcc acc atc ctg ttc gag acg tac cac atc      192
Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Ile Leu Phe Glu Thr Tyr His Ile
50          55          60
aag ggc gtt ccg gac gcg gtg ctg cgc aag tac aag gtc ggc aag ctc      240
Lys Gly Val Pro Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Lys Val Gly Lys Leu
65          70          75          80
ccc cag ggc aag aag ggc gaa acg agc cac atg ccc acc ggg ctc gac      288
Pro Gln Gly Lys Lys Gly Glu Thr Ser His Met Pro Thr Gly Leu Asp
85          90          95
tcg gcc ttc tac tac tcg tgg gac agc gag ttt tac agg gtg ctc cgc      336
Ser Ala Phe Tyr Tyr Ser Trp Asp Ser Glu Phe Tyr Arg Val Leu Arg
100          105          110
gag cgc gtc gcc aag aag ctg gcc gag ccc ggc ctc atg cag cgc gcg      384
Glu Arg Val Ala Lys Lys Leu Ala Glu Pro Gly Leu Met Gln Arg Ala
115          120          125
cgc atg gag ctc tgg gcc aag gcg atc ttc ctc ctg gca ggt ttc tgg      432
Arg Met Glu Leu Trp Ala Lys Ala Ile Phe Leu Leu Ala Gly Phe Trp
130          135          140
ggc tcc ctt tac gcc atg tgc gtg cta gac ccg cac ggc ggt gcc atg      480
Gly Ser Leu Tyr Ala Met Cys Val Leu Asp Pro His Gly Gly Ala Met
145          150          155          160
gta gcc gcc gtt acg ctc ggc gtg ttc gct gcc ttt gtc gga act tgc      528
Val Ala Ala Val Thr Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val Gly Thr Cys
165          170          175
atc cag cac gac ggc agc cac ggc gcc ttc tcc aag tcg cga ttc atg      576
Ile Gln His Asp Gly Ser His Gly Ala Phe Ser Lys Ser Arg Phe Met
180          185          190
aac aag gcg gcg ggc tgg acc ctc gac atg atc ggc gcg agc gcg atg      624
Asn Lys Ala Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Met
195          200          205
acc tgg gag atg cag cac gtt ctt ggc cac cac ccg tac acc aac ctc      672
Thr Trp Glu Met Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Leu
210          215          220
atc gag atg gag aac ggt ttg gcc aag gtc aag ggc gcc gac gtc gac      720
Ile Glu Met Glu Asn Gly Leu Ala Lys Val Lys Gly Ala Asp Val Asp
225          230          235          240
ccg aag aag gtc gac cag gag agc gac ccg gac gtc ttc agt acg tac      768
Pro Lys Lys Val Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Thr Tyr
245          250          255
ccg atg ctt cgc ctg cac ccg tgg cac cgc cag cgg ttt tac cac aag      816
Pro Met Leu Arg Leu His Pro Trp His Arg Gln Arg Phe Tyr His Lys
260          265          270
ttc cag cac ctg tac gcc ccg ttt atc ttt ggg ttt atg acg att aac      864
Phe Gln His Leu Tyr Ala Pro Phe Ile Phe Gly Phe Met Thr Ile Asn
275          280          285
aag gtg att tcc cag gat gtc ggg gtt gtg ctg cgc aag cgc ctg ttc      912
Lys Val Ile Ser Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys Arg Leu Phe

```


290 295 300 960
 cag atc gac gcc aac tgc cgg tat ggc agc ccc tgg tac gtg gcc cgc
 Gln Ile Asp Ala Asn Cys Arg Tyr Gly Ser Pro Trp Tyr Val Ala Arg
 305 310 315 320
 ttc tgg atc atg aag ctc ctc acc acg ctc tac atg gtg gcg ctt ccc
 1008
 Phe Trp Ile Met Lys Leu Leu Thr Thr Leu Tyr Met Val Ala Leu Pro
 325 330 335
 atg tac atg cag ggg cct gct cag ggc ttg aag ctt ttc ttc atg gcc
 1056
 Met Tyr Met Gln Gly Pro Ala Gln Gly Leu Lys Leu Phe Phe Met Ala
 340 345 350
 cac ttc acc tgc gga gag gtc ctc gcc acc atg ttt att gtc aac cac
 1104
 His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His
 355 360 365
 atc atc gag ggc gtc agc tac gct tcc aag gac gcg gtc aag ggc gtc
 1152
 Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val Lys Gly Val
 370 375 380
 atg gct ccg ccg cgc act gtg cac ggt gtc acc ccg atg cag gtg acg
 1200
 Met Ala Pro Pro Arg Thr Val His Gly Val Thr Pro Met Gln Val Thr
 385 390 395 400
 caa aag gcg ctc agt gcg gcc gag tcg acc aag tcg gac gcc gac aag
 1248
 Gln Lys Ala Leu Ser Ala Ala Glu Ser Thr Lys Ser Asp Ala Asp Lys
 405 410 415
 acg acc atg atc ccc ctc aac gac tgg gcc gct gtg cag tgc cag acc
 1296
 Thr Thr Met Ile Pro Leu Asn Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr
 420 425 430
 tct gtg aac tgg gct gtc ggg tcg tgg ttt tgg aac cac ttt tcg ggc
 1344
 Ser Val Asn Trp Ala Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly
 435 440 445
 ggc ctc aac cac cag att gag cac cac tgc ttc ccc caa aac ccc cac
 1392
 Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Cys Phe Pro Gln Asn Pro His
 450 455 460
 acg gtc aac gtc tac atc tca ggc atc gtc aag gag acc tgc gaa gaa
 1440
 Thr Val Asn Val Tyr Ile Ser Gly Ile Val Lys Glu Thr Cys Glu Glu
 465 470 475 480
 tac ggc gtg ccg tac cag gct gag atc agc ctc ttc tct gcc tat ttc
 1488
 Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ala Glu Ile Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Phe
 485 490 495
 aag atg ctg tcg cac ctc cgc acg ctc ggc aac gag gac ctc acg gcc
 1536
 Lys Met Leu Ser His Leu Arg Thr Leu Gly Asn Glu Asp Leu Thr Ala
 500 505 510
 tgg tcc acg tga
 1548
 Trp Ser Thr
 515
 <210> 88
 <211> 515
 <212> PRT
 <213> Thraustochytrium aureum
 <400> 88
 Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn
 1 5 10 15

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

```

515
<210> 89
<211> 1548
<212> DNA
<213> Thraustochytrium aureum
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1548)
<400> 89
atg acg gtc ggg ttt gac gaa acg gtg act atg gac acg gtc cgc aac      48
Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn
1          5          10          15
cac aac atg ccg gac gac gcc tgg tgc gcg atc cac ggc acc gtg tac      96
His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr
20          25          30
gac atc acc aag ttc agc aag gtg cac ccc ggc ggg gac atc atc atg      144
Asp Ile Thr Lys Phe Ser Lys Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Met
35          40          45
ctg gcc gct ggc aag gag gcc acc atc ctg ttc gag acg tac cac atc      192
Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Ile Leu Phe Glu Thr Tyr His Ile
50          55          60
aag ggc gtc ccg gac gcg gtg ctg cgc aag tac aag gtc ggc aag ctc      240
Lys Gly Val Pro Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Lys Val Gly Lys Leu
65          70          75          80
ccc cag ggc aag aag ggc gaa acg agc cac atg ccc acc ggg ctc gac      288
Pro Gln Gly Lys Lys Gly Glu Thr Ser His Met Pro Thr Gly Leu Asp
85          90          95
tcg gcc tcc tac tac tcg tgg gac agc gag ttt tac agg gtg ctc cgc      336
Ser Ala Ser Tyr Tyr Ser Trp Asp Ser Glu Phe Tyr Arg Val Leu Arg
100          105          110
gag cgc gtc gcc aag aag ctg gcc gag ccc ggc ctc atg cag cgc gcg      384
Glu Arg Val Ala Lys Lys Leu Ala Glu Pro Gly Leu Met Gln Arg Ala
115          120          125
cgc atg gag ctc tgg gcc aag gcg atc ttc ctc ctg gca ggt ttc tgg      432
Arg Met Glu Leu Trp Ala Lys Ala Ile Phe Leu Leu Ala Gly Phe Trp
130          135          140
ggc tcc ctt tac gcc atg tgc gtg cta gac ccg cac ggc ggt gcc atg      480
Gly Ser Leu Tyr Ala Met Cys Val Leu Asp Pro His Gly Gly Ala Met
145          150          155          160
gta gcc gcc gtt acg ctc ggc gtg ttc gct gcc ttt gtc gga act tgc      528
Val Ala Ala Val Thr Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val Gly Thr Cys
165          170          175
atc cag cac gac ggc agc cac ggc gcc ttc tcc aag tcg cga ttc atg      576
Ile Gln His Asp Gly Ser His Gly Ala Phe Ser Lys Ser Arg Phe Met
180          185          190
aac aag gcg gcg ggc tgg acc ctc gac atg atc ggc gcg agc gcg atg      624
Asn Lys Ala Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Met
195          200          205
acc tgg gag atg cag cac gtt ctt ggc cac cac ccg tac acc aac ctc      672
Thr Trp Glu Met Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Leu
210          215          220
atc gag atg gag aac ggt ttg gcc aag gtc aag ggc gcc gac gtc gac      720
Ile Glu Met Glu Asn Gly Leu Ala Lys Val Lys Gly Ala Asp Val Asp
225          230          235          240
ccg aag aag gtc gac cag gag agc gac ccg gac gtc ttc agt acg tac      768
Pro Lys Lys Val Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Thr Tyr
245          250          255
ccg atg ctt cgc ctg cac ccg tgg cac cgc cag cgg ttt tac cac aag      816
Pro Met Leu Arg Leu His Pro Trp His Arg Gln Arg Phe Tyr His Lys
260          265          270
ttc cag cac ctg tac gcc ccg ttt atc ttt ggg ttt atg acg att aac      864
Phe Gln His Leu Tyr Ala Pro Phe Ile Phe Gly Phe Met Thr Ile Asn
275          280          285

```

aag gtg att tcc cag gat gtc ggg gtt gtg ctg cgc aag cgc ctg ttc 912
Lys Val Ile Ser Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys Arg Leu Phe
290 295 300
cag atc gac gcc aac tgc cgg tat ggc agc ccc tgg tac gtg gcc cgc 960
Gln Ile Asp Ala Asn Cys Arg Tyr Gly Ser Pro Trp Tyr Val Ala Arg
305 310 315 320
ttc tgg atc atg aag ctc ctc acc acg ctc tac acg gtg gcg ctt ccc
1008
Phe Trp Ile Met Lys Leu Leu Thr Thr Leu Tyr Thr Val Ala Leu Pro
325 330 335
atg tac atg cag ggg cct gct cag ggc ttg aag ctt ttc ttc atg gcc
1056
Met Tyr Met Gln Gly Pro Ala Gln Gly Leu Lys Leu Phe Phe Met Ala
340 345 350
cac ttc acc tgc gga gag gtc ctc gcc acc atg ttt att gtc aac cac
1104
His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His
355 360 365
atc atc gag ggc gtc agc tac gct tcc aag gac gcg gtc aag ggc gtc
1152
Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val Lys Gly Val
370 375 380
atg gct ccg ccg cgc act gtg cac ggt gtc acc ccg atg cag gtg acg
1200
Met Ala Pro Pro Arg Thr Val His Gly Val Thr Pro Met Gln Val Thr
385 390 395 400
caa aag gcg ctc agt gcg gcc gag tcg acc aag tcg gac gcc gac aag
1248
Gln Lys Ala Leu Ser Ala Ala Glu Ser Thr Lys Ser Asp Ala Asp Lys
405 410 415
acg acc atg atc ccc ctc aac gac tgg gcc gct gtg cag tgc cag acc
1296
Thr Thr Met Ile Pro Leu Asn Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr
420 425 430
tct gtg aac tgg gct gtc ggg tcg tgg ttt tgg aac cac ttt tcg ggc
1344
Ser Val Asn Trp Ala Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly
435 440 445
ggc ctc aac cac cag att gag cac cac tgc ttc ccc caa aac ccc cac
1392
Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Cys Phe Pro Gln Asn Pro His
450 455 460
acg gtc aac gtc tac atc tcg ggc atc gtc aag gag acc tgc gaa gaa
1440
Thr Val Asn Val Tyr Ile Ser Gly Ile Val Lys Glu Thr Cys Glu Glu
465 470 475 480
tac ggc gtg ccg tac cag gct gag atc agc ctc ttc tct gcc tat ttc
1488
Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ala Glu Ile Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Phe
485 490 495
aag atg ctg tcg cac ctc cgc acg ctc ggc aac gag gac ctc acg gcc
1536
Lys Met Leu Ser His Leu Arg Thr Leu Gly Asn Glu Asp Leu Thr Ala
500 505 510
agg tcc acg tga
1548
Arg Ser Thr
515
<210> 90
<211> 515
<212> PRT
<213> Thraustochytrium aureum
<400> 90

Met	Thr	Val	Gly	Phe	Asp	Glu	Thr	Val	Thr	Met	Asp	Thr	Val	Arg	Asn
1				5					10					15	
His	Asn	Met	Pro	Asp	Asp	Ala	Trp	Cys	Ala	Ile	His	Gly	Thr	Val	Tyr
			20					25					30		
Asp	Ile	Thr	Lys	Phe	Ser	Lys	Val	His	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile	Ile	Met
		35					40					45			
Leu	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Ala	Thr	Ile	Leu	Phe	Glu	Thr	Tyr	His	Ile
	50					55					60				
Lys	Gly	Val	Pro	Asp	Ala	Val	Leu	Arg	Lys	Tyr	Lys	Val	Gly	Lys	Leu
65					70					75					80
Pro	Gln	Gly	Lys	Lys	Gly	Glu	Thr	Ser	His	Met	Pro	Thr	Gly	Leu	Asp
				85					90					95	
Ser	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Ser	Trp	Asp	Ser	Glu	Phe	Tyr	Arg	Val	Leu	Arg
			100					105					110		
Glu	Arg	Val	Ala	Lys	Lys	Leu	Ala	Glu	Pro	Gly	Leu	Met	Gln	Arg	Ala
		115					120					125			
Arg	Met	Glu	Leu	Trp	Ala	Lys	Ala	Ile	Phe	Leu	Leu	Ala	Gly	Phe	Trp
	130					135					140				
Gly	Ser	Leu	Tyr	Ala	Met	Cys	Val	Leu	Asp	Pro	His	Gly	Gly	Ala	Met
145					150					155					160
Val	Ala	Ala	Val	Thr	Leu	Gly	Val	Phe	Ala	Ala	Phe	Val	Gly	Thr	Cys
				165					170					175	
Ile	Gln	His	Asp	Gly	Ser	His	Gly	Ala	Phe	Ser	Lys	Ser	Arg	Phe	Met
			180					185					190		
Asn	Lys	Ala	Ala	Gly	Trp	Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ser	Ala	Met
		195					200					205			
Thr	Trp	Glu	Met	Gln	His	Val	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr	Thr	Asn	Leu
	210					215					220				
Ile	Glu	Met	Glu	Asn	Gly	Leu	Ala	Lys	Val	Lys	Gly	Ala	Asp	Val	Asp
225					230					235					240
Pro	Lys	Lys	Val	Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe	Ser	Thr	Tyr
				245					250					255	
Pro	Met	Leu	Arg	Leu	His	Pro	Trp	His	Arg	Gln	Arg	Phe	Tyr	His	Lys
			260					265					270		
Phe	Gln	His	Leu	Tyr	Ala	Pro	Phe	Ile	Phe	Gly	Phe	Met	Thr	Ile	Asn
		275					280					285			
Lys	Val	Ile	Ser	Gln	Asp	Val	Gly	Val	Val	Leu	Arg	Lys	Arg	Leu	Phe
	290					295					300				
Gln	Ile	Asp	Ala	Asn	Cys	Arg	Tyr	Gly	Ser	Pro	Trp	Tyr	Val	Ala	Arg
305					310					315					320
Phe	Trp	Ile	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Thr	Leu	Tyr	Thr	Val	Ala	Leu	Pro
				325					330					335	
Met	Tyr	Met	Gln	Gly	Pro	Ala	Gln	Gly	Leu	Lys	Leu	Phe	Phe	Met	Ala
			340					345					350		
His	Phe	Thr	Cys	Gly	Glu	Val	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	Ile	Val	Asn	His
		355					360					365			
Ile	Ile	Glu	Gly	Val	Ser	Tyr	Ala	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Lys	Gly	Val
		370					375				380				
Met	Ala	Pro	Pro	Arg	Thr	Val	His	Gly	Val	Thr	Pro	Met	Gln	Val	Thr
385					390					395					400
Gln	Lys	Ala	Leu	Ser	Ala	Ala	Glu	Ser	Thr	Lys	Ser	Asp	Ala	Asp	Lys
				405					410					415	
Thr	Thr	Met	Ile	Pro	Leu	Asn	Asp	Trp	Ala	Ala	Val	Gln	Cys	Gln	Thr
			420					425					430		
Ser	Val	Asn	Trp	Ala	Val	Gly	Ser	Trp	Phe	Trp	Asn	His	Phe	Ser	Gly
		435					440					445			
Gly	Leu	Asn	His	Gln	Ile	Glu	His	His	Cys	Phe	Pro	Gln	Asn	Pro	His
		450				455					460				
Thr	Val	Asn	Val	Tyr	Ile	Ser	Gly	Ile	Val	Lys	Glu	Thr	Cys	Glu	Glu
465					470					475					480
Tyr	Gly	Val	Pro	Tyr	Gln	Ala	Glu	Ile	Ser	Leu	Phe	Ser	Ala	Tyr	Phe
				485					490					495	
Lys	Met	Leu	Ser	His	Leu	Arg	Thr	Leu	Gly	Asn	Glu	Asp	Leu	Thr	Ala

500					505					510						
Arg	Ser	Thr														
		515														
<210>	91															
<211>	1548															
<212>	DNA															
<213>	Thraustochytrium aureum															
<220>																
<221>	CDS															
<222>	(1)..(1548)															
<400>	91															
atg	acg	gtc	ggg	ttt	gac	gaa	acg	gtg	act	atg	gac	acg	gtc	cgc	aac	48
Met	Thr	Val	Gly	Phe	Asp	Glu	Thr	Val	Thr	Met	Asp	Thr	Val	Arg	Asn	
1			5					10					15			
cac	aac	atg	ccg	gac	gac	gcc	tgg	tgc	gcg	atc	cac	ggc	acc	gtg	tac	96
His	Asn	Met	Pro	Asp	Asp	Ala	Trp	Cys	Ala	Ile	His	Gly	Thr	Val	Tyr	
			20					25					30			
gac	atc	acc	aag	ttc	agc	aag	gtg	cac	ccc	ggc	ggg	gac	atc	atc	atg	144
Asp	Ile	Thr	Lys	Phe	Ser	Lys	Val	His	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile	Ile	Met	
			35				40					45				
ctg	gcc	gct	ggc	aag	gag	gcc	acc	atc	ctg	ttc	gag	acc	tac	cac	atc	192
Leu	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Ala	Thr	Ile	Leu	Phe	Glu	Thr	Tyr	His	Ile	
	50					55					60					
aag	ggc	gtc	ccg	gac	gcg	gtg	ctg	cgc	aag	tac	aag	gtc	ggc	aag	ctc	240
Lys	Gly	Val	Pro	Asp	Ala	Val	Leu	Arg	Lys	Tyr	Lys	Val	Gly	Lys	Leu	
65					70				75					80		
ccc	cag	ggc	aag	aag	ggc	gaa	acg	agc	cac	atg	ccc	acc	ggg	ctc	gac	288
Pro	Gln	Gly	Lys	Lys	Gly	Glu	Thr	Ser	His	Met	Pro	Thr	Gly	Leu	Asp	
				85					90					95		
tcg	gcc	tcc	tac	tac	tcg	tgg	gac	agc	gag	ttt	tac	agg	gtg	ctc	cgc	336
Ser	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Ser	Trp	Asp	Ser	Glu	Phe	Tyr	Arg	Val	Leu	Arg	
			100					105					110			
gag	cgc	gtc	gcc	aag	aag	ctg	gcc	gag	ccc	ggc	ctc	atg	cag	cgc	gcg	384
Glu	Arg	Val	Ala	Lys	Lys	Leu	Ala	Glu	Pro	Gly	Leu	Met	Gln	Arg	Ala	
			115			120					125					
cgc	atg	gag	ctc	tgg	gcc	aag	gcg	atc	ttc	ctc	ctg	gca	ggg	ttc	tgg	432
Arg	Met	Glu	Leu	Trp	Ala	Lys	Ala	Ile	Phe	Leu	Leu	Ala	Gly	Phe	Trp	
	130					135					140					
ggc	tcc	ctt	tac	gcc	atg	tgc	gtg	cta	gac	ccg	cac	ggc	ggg	gcc	atg	480
Gly	Ser	Leu	Tyr	Ala	Met	Cys	Val	Leu	Asp	Pro	His	Gly	Gly	Ala	Met	
	145				150					155				160		
gta	gcc	gcc	gtt	acg	ctc	ggc	gtg	ttc	gct	gcc	ttt	gtc	gga	act	tgc	528
Val	Ala	Ala	Val	Thr	Leu	Gly	Val	Phe	Ala	Ala	Phe	Val	Gly	Thr	Cys	
				165					170					175		
atc	cag	cac	gac	ggc	agc	cac	ggc	gcc	ttc	tcc	aag	tcg	cga	ttc	atg	576
Ile	Gln	His	Asp	Gly	Ser	His	Gly	Ala	Phe	Ser	Lys	Ser	Arg	Phe	Met	
			180					185					190			
aac	aag	gcg	gcg	ggc	tgg	acc	ctc	gac	atg	atc	ggc	gcg	agc	gcg	atg	624
Asn	Lys	Ala	Ala	Gly	Trp	Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ser	Ala	Met	
			195				200					205				
acc	tgg	gag	atg	cag	cac	gtt	ctt	ggg	cac	cac	ccg	tac	acc	aac	ctc	672
Thr	Trp	Glu	Met	Gln	His	Val	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr	Thr	Asn	Leu	
			210				215					220				
atc	gag	atg	gag	aac	ggg	ttg	gcc	aag	gtc	aag	ggc	gcc	gac	gtc	gac	720
Ile	Glu	Met	Glu	Asn	Gly	Leu	Ala	Lys	Val	Lys	Gly	Ala	Asp	Val	Asp	
				225		230				235				240		
ccg	aag	aag	gtc	gac	cag	gag	agc	gac	ccg	gac	gtc	ttc	agt	acg	tac	768
Pro	Lys	Lys	Val	Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe	Ser	Thr	Tyr	
				245				250						255		
ccg	atg	ctt	cgc	ctg	cac	ccg	tgg	cac	cgc	cag	cgg	ttt	tac	cac	aag	816
Pro	Met	Leu	Arg	Leu	His	Pro	Trp	His	Arg	Gln	Arg	Phe	Tyr	His	Lys	
			260					265					270			
ttc	cag	cac	ctg	tac	gcc	ccg	ctt	atc	ttt	ggg	ttt	atg	acg	att	aac	864

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

<213> Thraustochytrium aureum

<400> 92

Met	Thr	Val	Gly	Phe	Asp	Glu	Thr	Val	Thr	Met	Asp	Thr	Val	Arg	Asn
1				5					10					15	
His	Asn	Met	Pro	Asp	Asp	Ala	Trp	Cys	Ala	Ile	His	Gly	Thr	Val	Tyr
			20					25					30		
Asp	Ile	Thr	Lys	Phe	Ser	Lys	Val	His	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile	Ile	Met
		35					40					45			
Leu	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Ala	Thr	Ile	Leu	Phe	Glu	Thr	Tyr	His	Ile
	50					55					60				
Lys	Gly	Val	Pro	Asp	Ala	Val	Leu	Arg	Lys	Tyr	Lys	Val	Gly	Lys	Leu
65					70					75					80
Pro	Gln	Gly	Lys	Lys	Gly	Glu	Thr	Ser	His	Met	Pro	Thr	Gly	Leu	Asp
				85					90					95	
Ser	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Ser	Trp	Asp	Ser	Glu	Phe	Tyr	Arg	Val	Leu	Arg
			100					105					110		
Glu	Arg	Val	Ala	Lys	Lys	Leu	Ala	Glu	Pro	Gly	Leu	Met	Gln	Arg	Ala
		115					120					125			
Arg	Met	Glu	Leu	Trp	Ala	Lys	Ala	Ile	Phe	Leu	Leu	Ala	Gly	Phe	Trp
	130					135					140				
Gly	Ser	Leu	Tyr	Ala	Met	Cys	Val	Leu	Asp	Pro	His	Gly	Gly	Ala	Met
145					150					155					160
Val	Ala	Ala	Val	Thr	Leu	Gly	Val	Phe	Ala	Ala	Phe	Val	Gly	Thr	Cys
				165					170					175	
Ile	Gln	His	Asp	Gly	Ser	His	Gly	Ala	Phe	Ser	Lys	Ser	Arg	Phe	Met
			180					185					190		
Asn	Lys	Ala	Ala	Gly	Trp	Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ser	Ala	Met
		195					200					205			
Thr	Trp	Glu	Met	Gln	His	Val	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr	Thr	Asn	Leu
	210					215					220				
Ile	Glu	Met	Glu	Asn	Gly	Leu	Ala	Lys	Val	Lys	Gly	Ala	Asp	Val	Asp
225					230					235					240
Pro	Lys	Lys	Val	Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe	Ser	Thr	Tyr
				245					250					255	
Pro	Met	Leu	Arg	Leu	His	Pro	Trp	His	Arg	Gln	Arg	Phe	Tyr	His	Lys
			260					265					270		
Phe	Gln	His	Leu	Tyr	Ala	Pro	Leu	Ile	Phe	Gly	Phe	Met	Thr	Ile	Asn
		275					280					285			
Lys	Val	Ile	Ser	Gln	Asp	Val	Gly	Val	Val	Leu	Arg	Lys	Arg	Leu	Phe
	290					295					300				
Gln	Ile	Asp	Ala	Asn	Cys	Arg	Tyr	Gly	Ser	Pro	Trp	Asn	Val	Ala	Arg
305					310					315					320
Phe	Trp	Ile	Met	Lys	Leu	Leu	Thr	Thr	Leu	Tyr	Met	Val	Ala	Leu	Pro
				325					330					335	
Met	Tyr	Met	Gln	Gly	Pro	Ala	Gln	Gly	Leu	Lys	Leu	Phe	Phe	Met	Ala
			340					345					350		
His	Phe	Thr	Cys	Gly	Glu	Val	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	Ile	Val	Asn	His
		355					360					365			
Ile	Ile	Glu	Gly	Val	Ser	Tyr	Ala	Ser	Lys	Asp	Ala	Val	Lys	Gly	Val
	370					375					380				
Met	Ala	Pro	Pro	Arg	Thr	Val	His	Gly	Val	Thr	Pro	Met	Gln	Val	Thr
385					390					395					400
Gln	Lys	Ala	Leu	Ser	Ala	Ala	Glu	Ser	Thr	Lys	Ser	Asp	Ala	Asp	Lys
				405					410					415	
Thr	Thr	Met	Ile	Pro	Leu	Asn	Asp	Trp	Ala	Ala	Val	Gln	Cys	Gln	Thr
			420					425					430		
Ser	Val	Asn	Trp	Ala	Val	Gly	Ser	Trp	Phe	Trp	Asn	His	Phe	Ser	Gly
		435					440					445			
Gly	Leu	Asn	His	Gln	Ile	Glu	His	His	Cys	Phe	Pro	Gln	Asn	Pro	His
	450					455					460				
Thr	Val	Asn	Val	Tyr	Ile	Ser	Gly	Ile	Val	Lys	Glu	Thr	Cys	Glu	Glu
465					470					475					480
Tyr	Gly	Val	Pro	Tyr	Gln	Ala	Glu	Ile	Ser	Leu	Phe	Ser	Ala	Tyr	Phe

				485						490					495		
Lys	Met	Leu	Ser	His	Leu	Arg	Thr	Leu	Gly	Asn	Glu	Asp	Leu	Thr	Ala		
			500					505					510				
Trp	Ser	Thr															
		515															
<210>	93																
<211>	1560																
<212>	DNA																
<213>	Thraustochytrium sp																
<220>																	
<221>	CDS																
<222>	(1)..(1560)																
<400>	93																
atg	acg	gtc	ggc	tac	gac	gag	gag	atc	ccg	ttc	gag	cag	gtc	cgc	gcg		48
Met	Thr	Val	Gly	Tyr	Asp	Glu	Glu	Ile	Pro	Phe	Glu	Gln	Val	Arg	Ala		
1				5				10					15				
cac	aac	aag	ccg	gat	gac	gcc	tgg	tgc	gcg	atc	cac	ggg	cac	gtg	tac		96
His	Asn	Lys	Pro	Asp	Asp	Ala	Trp	Cys	Ala	Ile	His	Gly	His	Val	Tyr		
			20					25					30				
gat	gtg	acc	aag	ttc	gcg	agc	gtg	cac	ccg	ggc	ggc	gac	att	atc	ctg		144
Asp	Val	Thr	Lys	Phe	Ala	Ser	Val	His	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile	Ile	Leu		
			35				40					45					
ctg	gcc	gca	ggc	aag	gag	gcc	acc	gtg	ctg	tac	gag	act	tac	cat	gtg		192
Leu	Ala	Ala	Gly	Lys	Glu	Ala	Thr	Val	Leu	Tyr	Glu	Thr	Tyr	His	Val		
	50					55					60						
cgg	ggc	gtc	tcg	gac	gcg	gtg	ctg	cgc	aag	tac	cgc	atc	ggc	aag	ctg		240
Arg	Gly	Val	Ser	Asp	Ala	Val	Leu	Arg	Lys	Tyr	Arg	Ile	Gly	Lys	Leu		
65					70				75					80			
ccg	gac	ggc	caa	ggc	ggc	gcg	aac	gag	aag	gaa	aag	cgg	acg	ctc	tcg		288
Pro	Asp	Gly	Gln	Gly	Gly	Ala	Asn	Glu	Lys	Glu	Lys	Arg	Thr	Leu	Ser		
				85				90						95			
ggc	ctc	tcg	tcg	gcc	tcg	tac	tac	acg	tgg	aac	agc	gac	ttt	tac	agg		336
Gly	Leu	Ser	Ser	Ala	Ser	Tyr	Tyr	Thr	Trp	Asn	Ser	Asp	Phe	Tyr	Arg		
			100					105					110				
gta	atg	cgc	gag	cgc	gtc	gtg	gct	cgg	ctc	aag	gag	cgc	ggc	aag	gcc		384
Val	Met	Arg	Glu	Arg	Val	Val	Ala	Arg	Leu	Lys	Glu	Arg	Gly	Lys	Ala		
	115						120					125					
cgc	cgc	gga	ggc	tac	gag	ctc	tgg	atc	aag	gcg	ttc	ctg	ctg	ctc	gtc		432
Arg	Arg	Gly	Gly	Tyr	Glu	Leu	Trp	Ile	Lys	Ala	Phe	Leu	Leu	Leu	Val		
	130					135					140						
ggc	ttc	tgg	agc	tcg	ctg	tac	tgg	atg	tgc	acg	ctg	gac	ccc	tcg	ttc		480
Gly	Phe	Trp	Ser	Ser	Leu	Tyr	Trp	Met	Cys	Thr	Leu	Asp	Pro	Ser	Phe		
145					150				155					160			
ggg	gcc	atc	ctg	gcc	gcc	atg	tcg	ctg	ggc	gtc	ttt	gcc	gcc	ttt	gtg		528
Gly	Ala	Ile	Leu	Ala	Ala	Met	Ser	Leu	Gly	Val	Phe	Ala	Ala	Phe	Val		
				165					170					175			
ggc	acg	tgc	atc	cag	cac	gac	ggc	aac	cac	ggc	gcc	ttt	gcc	cag	tcg		576
Gly	Thr	Cys	Ile	Gln	His	Asp	Gly	Asn	His	Gly	Ala	Phe	Ala	Gln	Ser		
			180					185					190				
cga	tgg	gtc	aac	aag	gtt	gcc	ggg	tgg	acg	ctc	gac	atg	atc	ggc	gcc		624
Arg	Trp	Val	Asn	Lys	Val	Ala	Gly	Trp	Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala		
		195					200					205					
agc	ggc	atg	acg	tgg	gag	ttc	cag	cac	gtc	ctg	ggc	cac	cat	ccg	tac		672
Ser	Gly	Met	Thr	Trp	Glu	Phe	Gln	His	Val	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr		
	210					215					220						
acg	aac	ctg	atc	gag	gag	gag	aac	ggc	ctg	caa	aag	gtg	agc	ggc	aag		720
Thr	Asn	Leu	Ile	Glu	Glu	Glu	Asn	Gly	Leu	Gln	Lys	Val	Ser	Gly	Lys		
225					230				235					240			
aag	atg	gac	acc	aag	ctg	gcc	gac	cag	gag	agc	gat	ccg	gac	gtc	ttt		768
Lys	Met	Asp	Thr	Lys	Leu	Ala	Asp	Gln	Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe		
				245				250						255			
tcc	acg	tac	ccg	atg	atg	cgc	ctg	cac	ccg	tgg	cac	cag	aag	cgc	tgg		816
Ser	Thr	Tyr	Pro	Met	Met	Arg	Leu	His	Pro	Trp	His	Gln	Lys	Arg	Trp		

	260		265		270		
tac cac cgt ttc cag cac att tac ggc ccc ttc atc ttt ggc ttc atg						864	
Tyr His Arg Phe Gln His Ile Tyr Gly Pro Phe Ile Phe Gly Phe Met							
	275		280		285		
acc atc aac aag gtg gtc acg cag gac gtc ggt gtg gtg ctc cgc aag						912	
Thr Ile Asn Lys Val Val Thr Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys							
	290		295		300		
cgg ctc ttc cag att gac gcc gag tgc cgg tac gcg agc cca atg tac						960	
Arg Leu Phe Gln Ile Asp Ala Glu Cys Arg Tyr Ala Ser Pro Met Tyr							
305		310		315		320	
gtg gcg cgt ttc tgg atc atg aag gcg ctc acg gtg ctc tac atg gtg							
1008							
Val Ala Arg Phe Trp Ile Met Lys Ala Leu Thr Val Leu Tyr Met Val							
	325		330		335		
gcc ctg ccg tgc tac atg cag ggc ccg tgg cac ggc ctc aag ctg ttc							
1056							
Ala Leu Pro Cys Tyr Met Gln Gly Pro Trp His Gly Leu Lys Leu Phe							
	340		345		350		
gcg atc gcg cac ttt acg tgc ggc gag gtg ctc gca acc atg ttc att							
1104							
Ala Ile Ala His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile							
	355		360		365		
gtg aac cac atc atc gag ggc gtc tcg tac gct tcc aag gac gcg gtc							
1152							
Val Asn His Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val							
	370		375		380		
aag ggc acg atg gcg ccg ccg aag acg atg cac ggc gtg acg ccc atg							
1200							
Lys Gly Thr Met Ala Pro Pro Lys Thr Met His Gly Val Thr Pro Met							
385		390		395		400	
aac aac acg cgc aag gag gtg gag gcg gag gcg tcc aag tct ggc gcc							
1248							
Asn Asn Thr Arg Lys Glu Val Glu Ala Glu Ala Ser Lys Ser Gly Ala							
	405		410		415		
gtg gtc aag tca gtc ccg ctc gac gac tgg gcc gtc gtc cag tgc cag							
1296							
Val Val Lys Ser Val Pro Leu Asp Asp Trp Ala Val Val Gln Cys Gln							
	420		425		430		
acc tcg gtg aac tgg agc gtc ggc tcg tgg ttc tgg aat cac ttt tcc							
1344							
Thr Ser Val Asn Trp Ser Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser							
	435		440		445		
ggc ggc ctc aac cac cag att gag cac cac ctg ttc ccc ggr ctc agc							
1392							
Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Leu Ser							
	450		455		460		
cac gag acg tac tac cac att cag gac gtc ttt cag tcc acc tgc gcc							
1440							
His Glu Thr Tyr Tyr His Ile Gln Asp Val Phe Gln Ser Thr Cys Ala							
465		470		475		480	
gag tac ggc gtc ccg tac cag cac gag cct tcg ctc tgg acc gcg tac							
1488							
Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln His Glu Pro Ser Leu Trp Thr Ala Tyr							
	485		490		495		
tgg aag atg ctc gag cac ctc cgt cag ctc ggc aat gag gag acc cac							
1536							
Trp Lys Met Leu Glu His Leu Arg Gln Leu Gly Asn Glu Glu Thr His							
	500		505		510		
gag tcc tgg cag cgc gct gcc tga							
1560							
Glu Ser Trp Gln Arg Ala Ala							
	515						
<210> 94							

```

<211> 519
<212> PRT
<213> Thraustochytrium sp
<400> 94
Met Thr Val Gly Tyr Asp Glu Glu Ile Pro Phe Glu Gln Val Arg Ala
1      5      10      15
His Asn Lys Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly His Val Tyr
20      25      30
Asp Val Thr Lys Phe Ala Ser Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Leu
35      40      45
Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Val Leu Tyr Glu Thr Tyr His Val
50      55      60
Arg Gly Val Ser Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Arg Ile Gly Lys Leu
65      70      75      80
Pro Asp Gly Gln Gly Gly Ala Asn Glu Lys Glu Lys Arg Thr Leu Ser
85      90      95
Gly Leu Ser Ser Ala Ser Tyr Tyr Thr Trp Asn Ser Asp Phe Tyr Arg
100     105     110
Val Met Arg Glu Arg Val Val Ala Arg Leu Lys Glu Arg Gly Lys Ala
115     120     125
Arg Arg Gly Gly Tyr Glu Leu Trp Ile Lys Ala Phe Leu Leu Leu Val
130     135     140
Gly Phe Trp Ser Ser Leu Tyr Trp Met Cys Thr Leu Asp Pro Ser Phe
145     150     155     160
Gly Ala Ile Leu Ala Ala Met Ser Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val
165     170     175
Gly Thr Cys Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Ser
180     185     190
Arg Trp Val Asn Lys Val Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala
195     200     205
Ser Gly Met Thr Trp Glu Phe Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr
210     215     220
Thr Asn Leu Ile Glu Glu Glu Asn Gly Leu Gln Lys Val Ser Gly Lys
225     230     235     240
Lys Met Asp Thr Lys Leu Ala Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe
245     250     255
Ser Thr Tyr Pro Met Met Arg Leu His Pro Trp His Gln Lys Arg Trp
260     265     270
Tyr His Arg Phe Gln His Ile Tyr Gly Pro Phe Ile Phe Gly Phe Met
275     280     285
Thr Ile Asn Lys Val Val Thr Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys
290     295     300
Arg Leu Phe Gln Ile Asp Ala Glu Cys Arg Tyr Ala Ser Pro Met Tyr
305     310     315     320
Val Ala Arg Phe Trp Ile Met Lys Ala Leu Thr Val Leu Tyr Met Val
325     330     335
Ala Leu Pro Cys Tyr Met Gln Gly Pro Trp His Gly Leu Lys Leu Phe
340     345     350
Ala Ile Ala His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile
355     360     365
Val Asn His Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val
370     375     380
Lys Gly Thr Met Ala Pro Pro Lys Thr Met His Gly Val Thr Pro Met
385     390     395     400
Asn Asn Thr Arg Lys Glu Val Glu Ala Glu Ala Ser Lys Ser Gly Ala
405     410     415
Val Val Lys Ser Val Pro Leu Asp Asp Trp Ala Val Val Gln Cys Gln
420     425     430
Thr Ser Val Asn Trp Ser Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser
435     440     445
Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Leu Ser
450     455     460
His Glu Thr Tyr Tyr His Ile Gln Asp Val Phe Gln Ser Thr Cys Ala

```

465		470		475		480
Glu Tyr Gly Val	Pro Tyr Gln His Glu Pro Ser Leu Trp Thr Ala Tyr					
	485		490			495
Trp Lys Met Leu Glu His Leu Arg Gln Leu Gly Asn Glu Glu Thr His						
	500		505			510
Glu Ser Trp Gln Arg Ala Ala						
	515					
<210>	95					
<211>	575					
<212>	PRT					
<213>	Sequência artificial					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(2)..(3)					
<223>	xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(5)..(13)					
<223>	xaa na posição 5 a 13 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(14)..(48)					
<223>	xaa na posição 14 a 48 é qualquer um ou nenhum aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(51)..(51)					
<223>	xaa na posição 51 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(54)..(54)					
<223>	xaa na posição 54 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(56)..(56)					
<223>	xaa na posição 56 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(62)..(62)					
<223>	xaa na posição 62 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(64)..(65)					
<223>	xaa na posição 64 a 65 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(66)..(81)					
<223>	xaa na posição 66 a 81 é qualquer um ou nenhum aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(85)..(85)					
<223>	xaa na posição 85 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(87)..(87)					
<223>	xaa na posição 87 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(89)..(91)					
<223>	xaa na posição 89 a 91 é qualquer aminoácido					
<220>						
<221>	Variante					
<222>	(97)..(97)					
<223>	xaa na posição 97 é qualquer aminoácido					

<220>
 <221> Variante
 <222> (99)..(99)
 <223> xaa na posição 99 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (102)..(102)
 <223> xaa na posição 102 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (105)..(105)
 <223> xaa na posição 105 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (108)..(108)
 <223> xaa na posição 108 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (110)..(110)
 <223> xaa na posição 110 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (115)..(116)
 <223> xaa na posição 115 a 116 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (119)..(119)
 <223> xaa na posição 119 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (121)..(121)
 <223> xaa na posição 121 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (123)..(124)
 <223> xaa na posição 123 a 124 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (127)..(128)
 <223> xaa na posição 127 a 128 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (130)..(130)
 <223> xaa na posição 130 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (132)..(137)
 <223> xaa na posição 132 a 137 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (138)..(154)
 <223> xaa na posição 138 a 154 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (156)..(156)
 <223> xaa na posição 156 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (158)..(158)
 <223> xaa na posição 158 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (159)..(159)

<223> xaa na posição 159 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (161)..(161)
 <223> xaa na posição 161 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (164)..(164)
 <223> xaa na posição 164 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (166)..(168)
 <223> xaa na posição 166 a 168 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (171)..(173)
 <223> xaa na posição 171 a 173 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (175)..(175)
 <223> xaa na posição 175 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (177)..(177)
 <223> xaa na posição 177 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (179)..(181)
 <223> xaa na posição 179 a 181 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (183)..(184)
 <223> xaa na posição 183 a 184 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (185)..(185)
 <223> xaa na posição 185 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (189)..(189)
 <223> xaa na posição 189 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (192)..(193)
 <223> xaa na posição 192 a 193 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (196)..(196)
 <223> xaa na posição 196 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (200)..(200)
 <223> xaa na posição 200 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (204)..(204)
 <223> xaa na posição 204 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (206)..(207)
 <223> xaa na posição 206 a 207 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (208)..(211)
 <223> xaa na posição 208 a 211 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (213)..(214)
 <223> xaa na posição 213 a 214 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (215)..(216)
 <223> xaa na posição 215 a 216 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (218)..(220)
 <223> xaa na posição 218 a 220 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (222)..(224)
 <223> xaa na posição 222 a 224 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (226)..(226)
 <223> xaa na posição 226 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (240)..(240)
 <223> xaa na posição 240 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (245)..(250)
 <223> xaa na posição 245 a 250 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (253)..(253)
 <223> xaa na posição 253 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (265)..(266)
 <223> xaa na posição 265 a 266 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (270)..(270)
 <223> xaa na posição 270 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (273)..(273)
 <223> xaa na posição 273 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (283)..(284)
 <223> xaa na posição 283 a 284 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (285)..(290)
 <223> xaa na posição 285 a 290 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (292)..(293)
 <223> xaa na posição 292 a 293 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (295)..(297)
 <223> xaa na posição 295 a 297 é qualquer aminoácido
 <220>

<221> Variante
<222> (299)..(302)
<223> xaa na posição 299 a 302 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (313)..(313)
<223> xaa na posição 313 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (316)..(317)
<223> xaa na posição 316 a 317 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (319)..(319)
<223> xaa na posição 319 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (322)..(322)
<223> xaa na posição 322 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (324)..(327)
<223> xaa na posição 324 a 327 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (330)..(330)
<223> xaa na posição 330 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (334)..(334)
<223> xaa na posição 334 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (336)..(336)
<223> xaa na posição 336 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (338)..(339)
<223> xaa na posição 338 a 339 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (341)..(342)
<223> xaa na posição 341 a 342 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (346)..(346)
<223> xaa na posição 346 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (349)..(350)
<223> xaa na posição 349 a 350 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (353)..(354)
<223> xaa na posição 353 a 354 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (356)..(359)
<223> xaa na posição 356 a 359 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (362)..(363)
<223> xaa na posição 362 a 363 é qualquer aminoácido

<220>
<221> Variante
<222> (367)..(368)
<223> xaa na posição 367 a 368 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (371)..(371)
<223> xaa na posição 371 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (373)..(375)
<223> xaa na posição 373 a 375 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (377)..(377)
<223> xaa na posição 377 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (381)..(381)
<223> xaa na posição 381 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (384)..(385)
<223> xaa na posição 384 a 385 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (387)..(387)
<223> xaa na posição 387 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (390)..(392)
<223> xaa na posição 390 a 392 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (395)..(395)
<223> xaa na posição 395 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (397)..(398)
<223> xaa na posição 397 a 398 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (400)..(402)
<223> xaa na posição 400 a 402 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (405)..(405)
<223> xaa na posição 405 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (408)..(409)
<223> xaa na posição 408 a 409 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (412)..(413)
<223> xaa na posição 412 a 413 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (417)..(417)
<223> xaa na posição 417 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (427)..(427)

<223> xaa na posição 427 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (434)..(435)
 <223> xaa na posição 434 a 435 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (438)..(438)
 <223> xaa na posição 438 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (440)..(440)
 <223> xaa na posição 440 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (442)..(443)
 <223> xaa na posição 442 a 443 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (444)..(452)
 <223> xaa na posição 444 a 452 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (454)..(454)
 <223> xaa na posição 454 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (456)..(457)
 <223> xaa na posição 456 a 457 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (459)..(459)
 <223> xaa na posição 459 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (463)..(464)
 <223> xaa na posição 463 a 464 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (466)..(466)
 <223> xaa na posição 466 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (468)..(472)
 <223> xaa na posição 468 a 472 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (473)..(473)
 <223> xaa na posição 473 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (475)..(483)
 <223> xaa na posição 475 a 483 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (484)..(489)
 <223> xaa na posição 484 a 489 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (491)..(492)
 <223> xaa na posição 491 a 492 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

```

<222> (496)..(496)
<223> xaa na posição 496 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (506)..(507)
<223> xaa na posição 506 a 507 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (527)..(527)
<223> xaa na posição 527 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (530)..(532)
<223> xaa na posição 530 a 532 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (534)..(538)
<223> xaa na posição 534 a 538 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (540)..(542)
<223> xaa na posição 540 a 542 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (544)..(545)
<223> xaa na posição 544 a 545 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (548)..(548)
<223> xaa na posição 548 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (556)..(556)
<223> xaa na posição 556 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (558)..(559)
<223> xaa na posição 558 a 559 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (561)..(562)
<223> xaa na posição 561 a 562 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (565)..(565)
<223> xaa na posição 565 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (568)..(569)
<223> xaa na posição 568 a 569 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (573)..(573)
<223> xaa na posição 573 é qualquer aminoácido
<400> 95
Met xaa xaa Gly xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
  1              5              10              15
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
              20              25              30
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
              35              40              45
Val Arg xaa His Asn xaa Pro xaa Asp Ala Trp Cys Ala xaa His xaa
  50              55              60

```

xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa
65					70					75					80
xaa	Val	Tyr	Asp	xaa	Thr	xaa	Phe	xaa	xaa	xaa	His	Pro	Gly	Gly	Asp
				85						90					95
xaa	Ile	xaa	Leu	Ala	xaa	Gly	Lys	xaa	Ala	Thr	xaa	Leu	xaa	Glu	Thr
			100					105					110		
Tyr	His	xaa	xaa	Gly	Val	xaa	Asp	xaa	Val	xaa	xaa	Lys	Tyr	xaa	xaa
		115					120					125			
Gly	xaa	Leu	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa
	130						135					140			
xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Tyr	xaa	Trp	xaa	xaa	Ser
145							150			155					160
xaa	Phe	Tyr	xaa	Val	xaa	xaa	xaa	Arg	Val	xaa	xaa	xaa	Leu	xaa	Glu
				165					170					175	
xaa	Gly	xaa	xaa	xaa	Arg	xaa	xaa	xaa	Glu	Leu	Trp	xaa	Lys	Ala	xaa
				180				185					190		
xaa	Leu	Leu	xaa	Gly	Phe	Trp	xaa	Ser	Leu	Tyr	xaa	Met	xaa	xaa	xaa
		195					200					205			
xaa	xaa	xaa	Asp	xaa	xaa	xaa	xaa	Ala	xaa	xaa	xaa	Ala	xaa	xaa	xaa
	210						215					220			
Gly	xaa	Phe	Ala	Ala	Phe	Val	Gly	Thr	Cys	Ile	Gln	His	Asp	Gly	xaa
225						230				235					240
His	Gly	Ala	Phe	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Asn	Lys	xaa	Ala	Gly	Trp
				245						250				255	
Thr	Leu	Asp	Met	Ile	Gly	Ala	Ser	xaa	xaa	Thr	Trp	Glu	xaa	Gln	His
			260					265					270		
xaa	Leu	Gly	His	His	Pro	Tyr	Thr	Asn	Leu	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa
		275					280						285		
xaa	xaa	Lys	xaa	xaa	Gly	xaa	xaa	xaa	Asp	xaa	xaa	xaa	xaa	Asp	Gln
	290						295					300			
Glu	Ser	Asp	Pro	Asp	Val	Phe	Ser	xaa	Tyr	Pro	xaa	xaa	Arg	xaa	His
305					310					315					320
Pro	xaa	His	xaa	xaa	xaa	xaa	Tyr	His	xaa	Phe	Gln	His	xaa	Tyr	xaa
					325					330				335	
Pro	xaa	xaa	Phe	xaa	xaa	Met	Thr	Ile	xaa	Lys	Val	xaa	xaa	Gln	Asp
			340					345						350	
xaa	xaa	Val	xaa	xaa	xaa	xaa	Arg	Leu	xaa	xaa	Ile	Asp	Ala	xaa	xaa
		355					360						365		
Arg	Tyr	xaa	Ser	xaa	xaa	xaa	Val	xaa	Arg	Phe	Trp	xaa	Met	Lys	xaa
	370					375					380				
xaa	Thr	xaa	Leu	Tyr	xaa	xaa	xaa	Leu	Pro	xaa	Tyr	xaa	xaa	Gly	xaa
385					390					395					400
xaa	xaa	Gly	Leu	xaa	Leu	Phe	xaa	xaa	Ala	His	xaa	xaa	Cys	Gly	Glu
				405					410					415	
xaa	Leu	Ala	Thr	Met	Phe	Ile	Val	Asn	His	xaa	Ile	Glu	Gly	Val	Ser
			420					425					430		
Tyr	xaa	xaa	Lys	Asp	xaa	Val	xaa	Gly	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa
			435					440					445		
xaa	xaa	xaa	xaa	Pro	xaa	Thr	xaa	xaa	Gly	xaa	Thr	Pro	Met	xaa	xaa
	450					455						460			
Thr	xaa	Lys	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Ser	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa
465						470				475					480
xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Pro	xaa	xaa	Asp	Trp	Ala	xaa
					485				490					495	
Val	Gln	Cys	Gln	Thr	Ser	Val	Asn	Trp	xaa	xaa	Gly	Ser	Trp	Phe	Trp
			500					505					510		
Asn	His	Phe	Ser	Gly	Gly	Leu	Asn	His	Gln	Ile	Glu	His	His	xaa	Phe
		515					520					525			
Pro	xaa	xaa	xaa	His	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Ile	xaa	xaa	xaa	Val	xaa
	530						535					540			
xaa	Thr	Cys	xaa	Glu	Tyr	Gly	Val	Pro	Tyr	Gln	xaa	Glu	xaa	xaa	Leu
545					550					555					560
xaa	xaa	Ala	Tyr	xaa	Lys	Met	xaa	xaa	His	Leu	Arg	xaa	Leu	Gly	

	565	570	575
<210>	96		
<211>	58		
<212>	PRT		
<213>	Seqüência artificial		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(2)..(4)		
<223>	xaa na posição 2 a 4 é qualquer aminoácido		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(10)..(10)		
<223>	xaa na posição 10 é Ala ou Val		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(13)..(13)		
<223>	xaa na posição 13 é Ala ou Ser		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(14)..(14)		
<223>	xaa na posição 14 é Pro ou Val		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(27)..(27)		
<223>	xaa na posição 27 é Asn ou Ser		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(34)..(34)		
<223>	xaa na posição 34 é qualquer aminoácido		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(37)..(37)		
<223>	xaa na posição 37 é Gly, Gln ou Ser		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(38)..(39)		
<223>	xaa na posição 38 a 39 é qualquer aminoácido		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(41)..(41)		
<223>	xaa na posição 41 é Glu ou Thr		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(42)..(42)		
<223>	xaa na posição 42 é Asn, Thr ou Val		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(43)..(44)		
<223>	xaa na posição 43 a 44 é qualquer aminoácido		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(45)..(45)		
<223>	xaa na posição 45 é His ou Tyr		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(47)..(47)		
<223>	xaa na posição 47 é Gln ou Ser		
<220>			
<221>	Variante		
<222>	(48)..(48)		
<223>	xaa na posição 48 é Asp ou Gly		
<220>			
<221>	Variante		

<222> (49)..(49)
 <223> xaa na posição 49 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (50)..(50)
 <223> xaa na posição 50 é Phe ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (51)..(51)
 <223> xaa na posição 51 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (52)..(52)
 <223> xaa na posição 52 é Glu ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (55)..(55)
 <223> xaa na posição 55 é Ala ou Glu
 <400> 96
 Trp xaa xaa xaa Gln Cys Gln Thr Ser xaa Asn Trp xaa xaa Gly Ser
 1 5 10 15
 Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly Gly Leu xaa His Gln Ile Glu His
 20 25 30
 His xaa Phe Pro xaa xaa xaa His xaa xaa xaa xaa Ile xaa xaa
 35 40 45
 xaa xaa xaa xaa Thr Cys xaa Glu Tyr Gly
 50 55
 <210> 97
 <211> 61
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(7)
 <223> xaa na posição 7 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é Asn ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Asn ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(25)
 <223> xaa na posição 25 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é Leu, Met ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (29)..(29)
 <223> xaa na posição 29 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (31)..(31)
 <223> xaa na posição 31 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (42)..(42)
 <223> xaa na posição 42 é Ala ou Gly
 <220>
 <221> Variante
 <222> (43)..(43)
 <223> xaa na posição 43 é Phe ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (47)..(47)
 <223> xaa na posição 47 é Phe, Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (50)..(50)
 <223> xaa na posição 50 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (59)..(59)
 <223> xaa na posição 59 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (60)..(60)
 <223> xaa na posição 60 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (61)..(61)
 <223> xaa na posição 61 é Asp ou Glu
 <400> 97
 Gly xaa Phe Ala Ala Phe xaa Gly Thr Cys Ile Gln His Asp Gly xaa
 1 5 10 15
 His Gly Ala Phe xaa xaa xaa xaa Asn Lys xaa Ala xaa Gly
 20 25 30
 Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser xaa xaa Thr Trp Glu xaa Gln
 35 40 45
 His xaa Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn xaa xaa xaa
 50 55 60
 <210> 98
 <211> 40
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(3)
 <223> xaa na posição 3 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(4)
 <223> xaa na posição 4 é Phe ou Tyr
 <220>
 <221> Variante

```

<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(12)
<223> xaa na posição 11 a 12 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(15)
<223> xaa na posição 14 a 15 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(17)
<223> xaa na posição 16 a 17 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é Ala ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (24)..(24)
<223> xaa na posição 24 é Phe, Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(25)
<223> xaa na posição 25 é Gln, Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(28)
<223> xaa na posição 28 é Phe ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (29)..(29)
<223> xaa na posição 29 é Glu ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (31)..(31)
<223> xaa na posição 31 é Ala ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (32)..(32)
<223> xaa na posição 32 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (33)..(33)
<223> xaa na posição 33 é Arg ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(37)
<223> xaa na posição 37 é Phe ou Tyr
<220>

```



```

<221> Variante
<222> (38)..(38)
<223> xaa na posição 38 é qualquer aminoácido
<400> 98
Tyr His xaa xaa Gln His xaa Tyr xaa Pro xaa xaa Phe xaa xaa xaa
  1           5           10           15
xaa Met Thr xaa xaa Lys Val xaa xaa Gln Asp xaa xaa Val xaa xaa
           20           25           30
xaa xaa Arg Leu xaa xaa Ile Asp
           35           40
<210> 99
<211> 59
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(3)
<223> xaa na posição 3 é Ala ou Ile
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Ala, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(10)
<223> xaa na posição 10 é Gly ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (13)..(13)
<223> xaa na posição 13 é Met ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(17)
<223> xaa na posição 17 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(19)
<223> xaa na posição 19 é Phe ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Pro ou Val
<220>

```

```

<221> Variante
<222> (23)..(24)
<223> xaa na posição 23 a 24 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (26)..(26)
<223> xaa na posição 26 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(27)
<223> xaa na posição 27 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(30)
<223> xaa na posição 30 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (31)..(31)
<223> xaa na posição 31 é Ile ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (32)..(32)
<223> xaa na posição 32 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Phe ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(35)
<223> xaa na posição 35 é Ala ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (39)..(39)
<223> xaa na posição 39 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (49)..(49)
<223> xaa na posição 49 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (56)..(56)
<223> xaa na posição 56 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (57)..(57)
<223> xaa na posição 57 é Ser ou Thr
<400> 99
Phe Trp xaa Met Lys xaa xaa Thr xaa xaa Tyr xaa xaa xaa Leu Pro
 1          5          10          15
xaa Tyr xaa xaa Gly xaa xaa xaa Gly xaa xaa Leu Phe xaa xaa xaa
          20          25          30
His xaa xaa Cys Gly Glu xaa Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His
          35          40          45
xaa Ile Glu Gly Val Ser Tyr xaa xaa Lys Asp
          50          55
<210> 100
<211> 45
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(3)

```

<223> xaa na posição 3 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é Asp ou Lys
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(9)
 <223> xaa na posição 7 a 9 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é Asp ou Gly
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Ala ou Gly
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é Ala ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Asp ou Glu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é Ala ou Cys
 <220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (28)..(28)
 <223> xaa na posição 28 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (30)..(30)
 <223> xaa na posição 30 é Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(33)
 <223> xaa na posição 33 é Ile, Pro ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (34)..(34)
 <223> xaa na posição 34 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (36)..(36)
 <223> xaa na posição 36 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(37)
 <223> xaa na posição 37 é Pro ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (39)..(39)
 <223> xaa na posição 39 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (41)..(41)
 <223> xaa na posição 41 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (42)..(42)
 <223> xaa na posição 42 é Glu ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (45)..(45)
 <223> xaa na posição 45 é Lys ou Arg
 <400> 100
 Tyr Asp xaa Thr xaa Phe xaa xaa xaa His Pro Gly Gly xaa xaa Ile
 1 5 10 15
 xaa Leu xaa xaa Gly xaa xaa xaa Thr xaa Leu xaa Glu xaa Tyr His
 20 25 30
 xaa xaa Gly xaa xaa Asp xaa Val xaa xaa Lys Tyr xaa
 35 40 45
 <210> 101
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(6)
 <223> xaa na posição 2 a 6 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é Phe ou Tyr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(20)
 <223> xaa na posição 19 a 20 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é Leu ou Met
 <400> 101
 Asp xaa xaa xaa xaa xaa Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser xaa
 1 5 10 15
 xaa Pro xaa xaa Arg xaa His Pro
 20
 <210> 102
 <211> 27
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>

```

<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Asp ou Glu
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (8)..(8)
<223> xaa na posição 8 é Lys ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é Glu ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é Ala ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (13)..(13)
<223> xaa na posição 13 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é Lys ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)
<223> xaa na posição 16 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (18)..(18)
<223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(21)
<223> xaa na posição 20 a 21 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Gln ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (24)..(24)
<223> xaa na posição 24 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(26)
<223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer aminoácido
<400> 102
Ser xaa Phe Tyr xaa Val xaa xaa xaa Arg Val xaa xaa xaa Leu xaa
  1             5             10             15
Glu xaa Gly xaa xaa xaa Arg xaa xaa xaa Glu
          20             25

<210> 103
<211> 28
<212> PRT

```

```

<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(3)
<223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(4)
<223> xaa na posição 4 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(10)
<223> xaa na posição 6 a 10 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(12)
<223> xaa na posição 11 a 12 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(18)
<223> xaa na posição 17 a 18 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é Asp ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (24)..(24)
<223> xaa na posição 24 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(25)
<223> xaa na posição 25 é Ala ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (26)..(26)
<223> xaa na posição 26 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(28)
<223> xaa na posição 28 é Glu ou Gly
<400> 103
Gly xaa xaa xaa Glu xaa xaa xaa xaa xaa xaa Val Arg xaa His
  1              5              10              15
xaa xaa Pro xaa Asp xaa Trp xaa xaa xaa His xaa
          20          25

<210> 104
<211> 28
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é qualquer aminoácido
<220>

```

```

<221> Variante
<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(11)
<223> xaa na posição 11 é Phe ou Trp
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é Ser, Thr ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (18)..(18)
<223> xaa na posição 18 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(19)
<223> xaa na posição 19 é Glu ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Lys ou Arg
<220>
<221> Variante
<222> (23)..(23)
<223> xaa na posição 23 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (26)..(26)
<223> xaa na posição 26 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(27)
<223> xaa na posição 27 é Ala ou Glu
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(28)
<223> xaa na posição 28 é Asp, Glu ou Lys
<400> 104
Val Pro Tyr Gln xaa Glu xaa Ser xaa Leu xaa xaa Ala Tyr xaa Lys
  1           5           10           15
Met xaa xaa His Leu xaa xaa Leu Gly xaa xaa xaa
      20           25

<210> 105
<211> 15
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(4)
<223> xaa na posição 4 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)

```

<223> xaa na posição 5 é Cys ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(8)
 <223> xaa na posição 7 a 8 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(12)
 <223> xaa na posição 10 a 12 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Ile ou Pro
 <400> 105
 Gly Phe Trp xaa xaa Leu xaa xaa Met xaa xaa xaa xaa Asp xaa
 1 5 10 15
 <210> 106
 <211> 29
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(7)
 <223> xaa na posição 2 a 7 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(12)
 <223> xaa na posição 8 a 12 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é Asp ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é Glu, Asn ou Gln
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Gln ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é Glu ou Lys
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Ala ou Glu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é Ala, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(26)


```

<223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(27)
<223> xaa na posição 27 é Ala, Glu ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(28)
<223> xaa na posição 28 é Ala, Glu ou Asn
<400> 106
Val xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Gly xaa Thr Pro
  1          5          10          15
Met xaa xaa Thr xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Ser
      20          25
<210> 107
<211> 11
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Glu ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(3)
<223> xaa na posição 3 é Cys ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (8)..(8)
<223> xaa na posição 8 é Pro ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(10)
<223> xaa na posição 9 a 10 é qualquer aminoácido
<400> 107
Ala xaa xaa Arg Tyr xaa Ser xaa xaa xaa Val
  1          5          10
<210> 108
<211> 8
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Ala ou Ile
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é Phe, Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Phe ou Leu
<400> 108
Trp xaa Lys Ala xaa xaa Leu Leu
  1          5
<210> 109
<211> 903
<212> DNA

```

<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(903)

<400> 109

```

atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg ttc gcc gcg tac      48
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1          5          10          15
gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc      96
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
          20          25          30
atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg      144
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
          35          40          45
ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga      192
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
          50          55          60
ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg      240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65          70          75          80
ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg      288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
          85          90          95
atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca      336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
          100          105          110
acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg      384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
          115          120          125
tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc      432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
          130          135          140
atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat      480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145          150          155          160
cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg      528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
          165          170          175
gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg      576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
          180          185          190
ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat ctc atg tcg gcg ctc ggc      624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
          195          200          205
att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa      672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
          210          215          220
ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac      720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225          230          235          240
tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg      768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
          245          250          255
ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg      816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
          260          265          270
cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg      864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
          275          280          285
ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa      903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
          290          295          300

```

<210> 110

<211> 300
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 110

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

<210> 111
 <211> 834
 <212> DNA
 <213> *Pavlova sp*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(834)
 <400> 111

atg	atg	ttg	gcc	gca	ggc	tat	ctt	cta	gtg	ctc	tcg	gcc	gct	cgc	cag	48
Met	Met	Leu	Ala	Ala	Gly	Tyr	Leu	Leu	Val	Leu	Ser	Ala	Ala	Arg	Gln	
1				5					10					15		
agc	ttc	cag	cag	gac	att	gac	aac	ccc	aac	ggg	gcc	tac	tcg	acc	tcg	96
Ser	Phe	Gln	Gln	Asp	Ile	Asp	Asn	Pro	Asn	Gly	Ala	Tyr	Ser	Thr	Ser	
			20				25						30			
tgg	act	ggc	ctg	ccc	att	gtg	atg	tct	gtg	gtc	tat	ctc	agc	ggg	gtg	144
Trp	Thr	Gly	Leu	Pro	Ile	Val	Met	Ser	Val	Val	Tyr	Leu	Ser	Gly	Val	
		35				40					45					
ttt	ggg	ctc	aca	aag	tac	ttc	gag	aac	cgg	aag	ccc	atg	acg	ggg	ctg	192
Phe	Gly	Leu	Thr	Lys	Tyr	Phe	Glu	Asn	Arg	Lys	Pro	Met	Thr	Gly	Leu	
	50					55					60					
aag	gac	tac	atg	ttc	act	tac	aat	ctc	tac	cag	gtg	atc	atc	aac	gtg	240

Lys	Asp	Tyr	Met	Phe	Thr	Tyr	Asn	Leu	Tyr	Gln	Val	Ile	Ile	Asn	Val	
65					70					75					80	
tgg	tgc	gtg	gtg	gcc	ttt	ctc	ctg	gag	gtg	cgg	cgt	gcg	ggc	atg	tca	288
Trp	Cys	Val	Val	Ala	Phe	Leu	Leu	Glu	Val	Arg	Arg	Ala	Gly	Met	Ser	
				85					90					95		
ctc	atc	ggc	aat	aag	gtg	gac	ctt	ggg	ccc	aac	tcc	ttc	agg	ctc	ggc	336
Leu	Ile	Gly	Asn	Lys	Val	Asp	Leu	Gly	Pro	Asn	Ser	Phe	Arg	Leu	Gly	
			100					105					110			
ttc	gtc	acg	tgg	gtg	cac	tac	aac	aac	aag	tac	gtg	gag	ctc	ctc	gac	384
Phe	Val	Thr	Trp	Val	His	Tyr	Asn	Asn	Lys	Tyr	Val	Glu	Leu	Leu	Asp	
		115					120					125				
acc	cta	tgg	atg	gtg	ctg	cgc	aag	aag	acg	cag	cag	gtc	tcc	ttc	ctc	432
Thr	Leu	Trp	Met	Val	Leu	Arg	Lys	Lys	Thr	Gln	Gln	Val	Ser	Phe	Leu	
		130				135					140					
cac	gtc	tat	cat	cac	gtg	ctt	ctg	atg	tgg	gcc	tgg	ttc	gtt	gtc	gtc	480
His	Val	Tyr	His	His	Val	Leu	Leu	Met	Trp	Ala	Trp	Phe	Val	Val	Val	
					150					155					160	
aag	ctc	ggc	aat	ggt	ggt	gac	gca	tat	ttt	ggc	ggt	ctc	atg	aac	tcg	528
Lys	Leu	Gly	Asn	Gly	Gly	Asp	Ala	Tyr	Phe	Gly	Gly	Leu	Met	Asn	Ser	
			165						170					175		
atc	atc	cac	gtg	atg	atg	tat	tcc	tac	tac	acc	atg	gcg	ctc	ctg	ggc	576
Ile	Ile	His	Val	Met	Met	Tyr	Ser	Tyr	Tyr	Thr	Met	Ala	Leu	Leu	Gly	
			180					185					190			
tgg	tca	tgc	ccc	tgg	aag	cgc	tac	ctc	acg	cag	gca	cag	ctc	gtg	cag	624
Trp	Ser	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	Leu	Thr	Gln	Ala	Gln	Leu	Val	Gln	
		195					200					205				
ttt	tgc	atc	tgc	ctc	gcc	cac	tcc	aca	tgg	gcg	gca	gta	acg	ggt	gcc	672
Phe	Cys	Ile	Cys	Leu	Ala	His	Ser	Thr	Trp	Ala	Ala	Val	Thr	Gly	Ala	
		210				215					220					
tac	ccg	tgg	cga	att	tgc	ttg	gtg	gag	gtg	tgg	gtg	atg	gtg	tcc	atg	720
Tyr	Pro	Trp	Arg	Ile	Cys	Leu	Val	Glu	Val	Trp	Val	Met	Val	Ser	Met	
					230				235						240	
ctg	gtg	ctc	ttc	aca	cgc	ttc	tac	cgc	cag	gcc	tat	gcc	aag	gag	gcg	768
Leu	Val	Leu	Phe	Thr	Arg	Phe	Tyr	Arg	Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Ala	
				245					250					255		
aag	gcc	aag	gag	gcg	aaa	aag	ctc	gca	cag	gag	gca	tca	cag	gcc	aag	816
Lys	Ala	Lys	Glu	Ala	Lys	Lys	Leu	Ala	Gln	Glu	Ala	Ser	Gln	Ala	Lys	
			260					265					270			
gcg	gtc	aag	gcg	gag	taa											834
Ala	Val	Lys	Ala	Glu												
			275													
<210>		112														
<211>		277														
<212>		PRT														
<213>		Pavlova sp														
<400>		112														
Met	Met	Leu	Ala	Ala	Gly	Tyr	Leu	Leu	Val	Leu	Ser	Ala	Ala	Arg	Gln	
1				5					10					15		
Ser	Phe	Gln	Gln	Asp	Ile	Asp	Asn	Pro	Asn	Gly	Ala	Tyr	Ser	Thr	Ser	
			20					25					30			
Trp	Thr	Gly	Leu	Pro	Ile	Val	Met	Ser	Val	Val	Tyr	Leu	Ser	Gly	Val	
		35					40					45				
Phe	Gly	Leu	Thr	Lys	Tyr	Phe	Glu	Asn	Arg	Lys	Pro	Met	Thr	Gly	Leu	
		50				55					60					
Lys	Asp	Tyr	Met	Phe	Thr	Tyr	Asn	Leu	Tyr	Gln	Val	Ile	Ile	Asn	Val	
65					70					75					80	
Trp	Cys	Val	Val	Ala	Phe	Leu	Leu	Glu	Val	Arg	Arg	Ala	Gly	Met	Ser	
				85					90					95		
Leu	Ile	Gly	Asn	Lys	Val	Asp	Leu	Gly	Pro	Asn	Ser	Phe	Arg	Leu	Gly	
			100					105					110			
Phe	Val	Thr	Trp	Val	His	Tyr	Asn	Asn	Lys	Tyr	Val	Glu	Leu	Leu	Asp	
		115					120					125				
Thr	Leu	Trp	Met	Val	Leu	Arg	Lys	Lys	Thr	Gln	Gln	Val	Ser	Phe	Leu	

	130				135				140										
His	Val	Tyr	His	His	Val	Leu	Leu	Met	Trp	Ala	Trp	Phe	Val	Val	Val				
145					150					155									160
Lys	Leu	Gly	Asn	Gly	Gly	Asp	Ala	Tyr	Phe	Gly	Gly	Leu	Met	Asn	Ser				
				165					170					175					
Ile	Ile	His	Val	Met	Met	Tyr	Ser	Tyr	Tyr	Thr	Met	Ala	Leu	Leu	Gly				
			180					185					190						
Trp	Ser	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	Leu	Thr	Gln	Ala	Gln	Leu	Val	Gln				
		195					200					205							
Phe	Cys	Ile	Cys	Leu	Ala	His	Ser	Thr	Trp	Ala	Ala	Val	Thr	Gly	Ala				
	210					215				220									
Tyr	Pro	Trp	Arg	Ile	Cys	Leu	Val	Glu	Val	Trp	Val	Met	Val	Ser	Met				
225					230					235					240				
Leu	Val	Leu	Phe	Thr	Arg	Phe	Tyr	Arg	Gln	Ala	Tyr	Ala	Lys	Glu	Ala				
				245					250					255					
Lys	Ala	Lys	Glu	Ala	Lys	Lys	Leu	Ala	Gln	Glu	Ala	Ser	Gln	Ala	Lys				
			260					265					270						
Ala	Val	Lys	Ala	Glu															
		275																	
<210>	113																		
<211>	1077																		
<212>	DNA																		
<213>	Thalassiosira pseudonana																		
<220>																			
<221>	CDS																		
<222>	(1)..(1077)																		
<400>	113																		
atg	tgc	tca	tca	ccg	ccg	tca	caa	tcc	aaa	aca	aca	tcc	ctc	cta	gca				48
Met	Cys	Ser	Ser	Pro	Pro	Ser	Gln	Ser	Lys	Thr	Thr	Ser	Leu	Leu	Ala				
1				5				10						15					
cg	tac	acc	acc	gcc	gcc	ctc	ctc	ctc	ctc	acc	ctc	aca	aca	tgg	tgc				96
Arg	Tyr	Thr	Thr	Ala	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Thr	Leu	Thr	Thr	Trp	Cys				
				20				25						30					
cac	ttc	gcc	ttc	cca	gcc	gcc	acc	gcc	aca	ccc	ggc	ctc	acc	gcc	gaa				144
His	Phe	Ala	Phe	Pro	Ala	Ala	Thr	Ala	Thr	Pro	Gly	Leu	Thr	Ala	Glu				
		35					40					45							
atg	cac	tcc	tac	aaa	gtc	cca	ctc	ggc	ctc	acc	gta	ttc	tac	ctg	ctg				192
Met	His	Ser	Tyr	Lys	Val	Pro	Leu	Gly	Leu	Thr	Val	Phe	Tyr	Leu	Leu				
	50				55					60									
agt	cta	ccg	tca	cta	aag	tac	gtt	acg	gac	aac	tac	ctt	gcc	aaa	aag				240
Ser	Leu	Pro	Ser	Leu	Lys	Tyr	Val	Thr	Asp	Asn	Tyr	Leu	Ala	Lys	Lys				
65					70				75					80					
tat	gat	atg	aag	tca	ctc	cta	acg	gaa	tca	atg	gtg	ttg	tac	aat	gtg				288
Tyr	Asp	Met	Lys	Ser	Leu	Leu	Thr	Glu	Ser	Met	Val	Leu	Tyr	Asn	Val				
				85				90						95					
gcg	caa	gtg	ctg	ctc	aat	ggg	tgg	acg	gtg	tat	gcg	att	gtg	gat	gcg				336
Ala	Gln	Val	Leu	Asn	Gly	Trp	Thr	Val	Tyr	Ala	Ile	Val	Asp	Ala					
			100				105					110							
gtg	atg	aat	aga	gac	cat	ccg	ttt	att	gga	agt	aga	agt	ttg	gtt	ggg				384
Val	Met	Asn	Arg	Asp	His	Pro	Phe	Ile	Gly	Ser	Arg	Ser	Leu	Val	Gly				
		115					120					125							
gcg	gcg	ttg	cat	agt	ggg	agc	tcg	tat	gcg	gtg	tgg	gtt	cat	tat	tgt				432
Ala	Ala	Leu	His	Ser	Gly	Ser	Ser	Tyr	Ala	Val	Trp	Val	His	Tyr	Cys				
		130					135					140							
gat	aag	tat	ttg	gag	ttc	ttt	gat	acg	tat	ttt	atg	gtg	ttg	agg	ggg				480
Asp	Lys	Tyr	Leu	Glu	Phe	Phe	Asp	Thr	Tyr	Phe	Met	Val	Leu	Arg	Gly				
145					150					155					160				
aaa	atg	gac	cag	gtc	tcc	ttc	ctc	cac	atc	tac	cac	cac	acg	acc	ata				528
Lys	Met	Asp	Gln	Val	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Tyr	His	His	Thr	Thr	Ile				
				165					170					175					
gcg	tgg	gca	tgg	tgg	atc	gcc	ctc	cgc	ttc	tcc	ccc	ggc	gga	gac	att				576
Ala	Trp	Ala	Trp	Trp	Ile	Ala	Leu	Arg	Phe	Ser	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile				
			180					185					190						

tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc	624
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser	
195 200 205	
tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac	672
Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr	
210 215 220	
ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg	720
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr	
225 230 235 240	
ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat	768
Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp	
245 250 255	
gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag	816
Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln	
260 265 270	
gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa	864
Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys	
275 280 285	
cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag	912
Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys	
290 295 300	
aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat	960
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp	
305 310 315 320	
ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct	
1008	
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala	
325 330 335	
gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act	
1056	
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr	
340 345 350	
cggt gtt act ggt gcc atg tag	
1077	
Arg Val Thr Gly Ala Met	
355	
<210> 114	
<211> 358	
<212> PRT	
<213> Thalassiosira pseudonana	
<400> 114	
Met Cys Ser Ser Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala	
1 5 10 15	
Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys	
20 25 30	
His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu	
35 40 45	
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu	
50 55 60	
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys	
65 70 75 80	
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val	
85 90 95	
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala	
100 105 110	
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly	
115 120 125	
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys	
130 135 140	
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly	
145 150 155 160	
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile	
165 170 175	

Ala	Trp	Ala	Trp	Trp	Ile	Ala	Leu	Arg	Phe	Ser	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile		
			180					185					190				
Tyr	Phe	Gly	Ala	Leu	Leu	Asn	Ser	Ile	Ile	His	Val	Leu	Met	Tyr	Ser		
		195					200					205					
Tyr	Tyr	Ala	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Val	Ser	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr		
	210					215					220						
Leu	Thr	Gln	Ala	Gln	Leu	Leu	Gln	Phe	Thr	Ser	Val	Val	Val	Tyr	Thr		
225					230					235					240		
Gly	Cys	Thr	Gly	Tyr	Thr	His	Tyr	Tyr	His	Thr	Lys	His	Gly	Ala	Asp		
			245						250					255			
Glu	Thr	Gln	Pro	Ser	Leu	Gly	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Cys	Cys	Gly	Val	Gln		
			260					265					270				
Val	Phe	Glu	Met	Val	Ser	Leu	Phe	Val	Leu	Phe	Ser	Ile	Phe	Tyr	Lys		
	275						280					285					
Arg	Ser	Tyr	Ser	Lys	Lys	Asn	Lys	Ser	Gly	Gly	Lys	Asp	Ser	Lys	Lys		
	290					295					300						
Asn	Asp	Asp	Gly	Asn	Asn	Glu	Asp	Gln	Cys	His	Lys	Ala	Met	Lys	Asp		
305					310					315					320		
Ile	Ser	Glu	Gly	Ala	Lys	Glu	Val	Val	Gly	His	Ala	Ala	Lys	Asp	Ala		
			325						330					335			
Gly	Lys	Leu	Val	Ala	Thr	Ala	Ser	Lys	Ala	Val	Lys	Arg	Lys	Gly	Thr		
		340						345					350				
Arg	Val	Thr	Gly	Ala	Met												
		355															
<210>		115															
<211>		903															
<212>		DNA															
<213>		Ostreococcus tauri															
<220>																	
<221>		CDS															
<222>		(1)..(903)															
<400>		115															
atg	agc	gcc	tcc	ggt	gcg	ctg	ctg	ccc	gcg	atc	gcg	tcc	gcc	gcg	tac		48
Met	Ser	Ala	Ser	Gly	Ala	Leu	Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Ser	Ala	Ala	Tyr		
1				5				10						15			
gcg	tac	gcg	acg	tac	gcc	tac	gcc	ttt	gag	tgg	tcg	cac	gcg	aat	ggc		96
Ala	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Ala	Tyr	Ala	Phe	Glu	Trp	Ser	His	Ala	Asn	Gly		
			20					25					30				
atc	gac	aac	gtc	gac	gcg	cgc	gag	tgg	atc	ggt	gcg	ctg	tcg	ttg	agg		144
Ile	Asp	Asn	Val	Asp	Ala	Arg	Glu	Trp	Ile	Gly	Ala	Leu	Ser	Leu	Arg		
		35				40						45					
ctc	ccg	gcg	atc	gcg	acg	acg	atg	tac	ctg	ttg	ttc	tgc	ctg	gtc	gga		192
Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Thr	Met	Tyr	Leu	Leu	Phe	Cys	Leu	Val	Gly			
	50					55					60						
ccg	agg	ttg	atg	gcg	aag	cgc	gag	gcg	ttc	gac	ccg	aag	ggg	ttc	atg		240
Pro	Arg	Leu	Met	Ala	Lys	Arg	Glu	Ala	Phe	Asp	Pro	Lys	Gly	Phe	Met		
65					70				75					80			
ctg	gcg	tac	aat	gcg	tat	cag	acg	gcg	ttc	aac	gtc	gtc	gtg	ctc	ggg		288
Leu	Ala	Tyr	Asn	Ala	Tyr	Gln	Thr	Ala	Phe	Asn	Val	Val	Val	Leu	Gly		
			85					90						95			
atg	ttc	gcg	cga	gag	atc	tcg	ggg	ctg	ggg	cag	ccc	gtg	tgg	ggg	tca		336
Met	Phe	Ala	Arg	Glu	Ile	Ser	Gly	Leu	Gly	Gln	Pro	Val	Trp	Gly	Ser		
			100					105					110				
acc	atg	ccg	tgg	agc	gat	aga	aaa	tcg	ttt	aag	atc	ctc	ctc	ggg	gtg		384
Thr	Met	Pro	Trp	Ser	Asp	Arg	Lys	Ser	Phe	Lys	Ile	Leu	Leu	Gly	Val		
		115					120					125					
tgg	ttg	cac	tac	aac	aac	aaa	tat	ttg	gag	cta	ttg	gac	act	gtg	ttc		432
Trp	Leu	His	Tyr	Asn	Asn	Lys	Tyr	Leu	Glu	Leu	Leu	Asp	Thr	Val	Phe		
	130					135					140						
atg	gtt	gcg	cgc	aag	aag	acg	aag	cag	ttg	agc	ttc	ttg	cac	gtt	tat		480
Met	Val	Ala	Arg	Lys	Lys	Thr	Lys	Gln	Leu	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr		
145					150				155					160			
cat	cac	gcc	ctg	ttg	atc	tgg	gcg	tgg	tgg	ttg	gtg	tgt	cac	ttg	atg		528

His	His	Ala	Leu	Leu	Ile	Trp	Ala	Trp	Trp	Leu	Val	Cys	His	Leu	Met	
			165						170					175		
gcc	acg	aac	gat	tgt	atc	gat	gcc	tac	ttc	ggc	gcg	gcg	tgc	aac	tcg	576
Ala	Thr	Asn	Asp	Cys	Ile	Asp	Ala	Tyr	Phe	Gly	Ala	Ala	Cys	Asn	Ser	
			180					185					190			
ttc	att	cac	atc	gtg	atg	tac	tcg	tat	tat	ctc	atg	tcg	gcg	ctc	ggc	624
Phe	Ile	His	Ile	Val	Met	Tyr	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Met	Ser	Ala	Leu	Gly	
		195					200					205				
att	cga	tgc	ccg	tgg	aag	cga	tac	atc	acc	cag	gct	caa	atg	ctc	caa	672
Ile	Arg	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	Ile	Thr	Gln	Ala	Gln	Met	Leu	Gln	
	210					215				220						
ttc	gtc	att	gtc	ttc	gcg	cac	gcc	gtg	ttc	gtg	ctg	cgt	cag	aag	cac	720
Phe	Val	Ile	Val	Phe	Ala	His	Ala	Val	Phe	Val	Leu	Arg	Gln	Lys	His	
225				230					235					240		
tgc	ccg	gtc	acc	ctt	cct	tgg	gcg	caa	atg	ttc	gtc	atg	acg	aac	atg	768
Cys	Pro	Val	Thr	Leu	Pro	Trp	Ala	Gln	Met	Phe	Val	Met	Thr	Asn	Met	
			245					250				255				
ctc	gtg	ctc	ttc	ggg	aac	ttc	tac	ctc	aag	gcg	tac	tcg	aac	aag	tcg	816
Leu	Val	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Tyr	Leu	Lys	Ala	Tyr	Ser	Asn	Lys	Ser	
		260					265					270				
cgc	ggc	gac	ggc	gcg	agt	tcc	gtg	aaa	cca	gcc	gag	acc	acg	cgc	gcg	864
Arg	Gly	Asp	Gly	Ala	Ser	Ser	Val	Lys	Pro	Ala	Glu	Thr	Thr	Arg	Ala	
	275					280					285					
ccc	agc	gtg	cga	cgc	acg	cga	tct	cga	aaa	att	gac	taa				903
Pro	Ser	Val	Arg	Arg	Thr	Arg	Ser	Arg	Lys	Ile	Asp					
	290					295					300					
<210>	116															
<211>	300															
<212>	PRT															
<213>	Ostreococcus tauri															
<400>	116															
Met	Ser	Ala	Ser	Gly	Ala	Leu	Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Ser	Ala	Ala	Tyr	
1			5					10					15			
Ala	Tyr	Ala	Thr	Tyr	Ala	Tyr	Ala	Phe	Glu	Trp	Ser	His	Ala	Asn	Gly	
		20					25					30				
Ile	Asp	Asn	Val	Asp	Ala	Arg	Glu	Trp	Ile	Gly	Ala	Leu	Ser	Leu	Arg	
	35					40						45				
Leu	Pro	Ala	Ile	Ala	Thr	Thr	Met	Tyr	Leu	Leu	Phe	Cys	Leu	Val	Gly	
	50					55					60					
Pro	Arg	Leu	Met	Ala	Lys	Arg	Glu	Ala	Phe	Asp	Pro	Lys	Gly	Phe	Met	
65				70					75					80		
Leu	Ala	Tyr	Asn	Ala	Tyr	Gln	Thr	Ala	Phe	Asn	Val	Val	Val	Leu	Gly	
			85					90						95		
Met	Phe	Ala	Arg	Glu	Ile	Ser	Gly	Leu	Gly	Gln	Pro	Val	Trp	Gly	Ser	
		100					105					110				
Thr	Met	Pro	Trp	Ser	Asp	Arg	Lys	Ser	Phe	Lys	Ile	Leu	Leu	Gly	Val	
		115					120					125				
Trp	Leu	His	Tyr	Asn	Asn	Lys	Tyr	Leu	Glu	Leu	Leu	Asp	Thr	Val	Phe	
	130					135						140				
Met	Val	Ala	Arg	Lys	Lys	Thr	Lys	Gln	Leu	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	
145				150						155				160		
His	His	Ala	Leu	Leu	Ile	Trp	Ala	Trp	Trp	Leu	Val	Cys	His	Leu	Met	
			165						170					175		
Ala	Thr	Asn	Asp	Cys	Ile	Asp	Ala	Tyr	Phe	Gly	Ala	Ala	Cys	Asn	Ser	
		180						185				190				
Phe	Ile	His	Ile	Val	Met	Tyr	Ser	Tyr	Tyr	Leu	Met	Ser	Ala	Leu	Gly	
		195					200					205				
Ile	Arg	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	Ile	Thr	Gln	Ala	Gln	Met	Leu	Gln	
	210					215					220					
Phe	Val	Ile	Val	Phe	Ala	His	Ala	Val	Phe	Val	Leu	Arg	Gln	Lys	His	
225				230						235				240		
Cys	Pro	Val	Thr	Leu	Pro	Trp	Ala	Gln	Met	Phe	Val	Met	Thr	Asn	Met	
			245					250						255		

Leu	Val	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Tyr	Leu	Lys	Ala	Tyr	Ser	Asn	Lys	Ser
		260						265					270		
Arg	Gly	Asp	Gly	Ala	Ser	Ser	Val	Lys	Pro	Ala	Glu	Thr	Thr	Arg	Ala
		275					280					285			
Pro	Ser	Val	Arg	Arg	Thr	Arg	Ser	Arg	Lys	Ile	Asp				
	290					295					300				

<210> 117
 <211> 339
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(29)
 <223> xaa na posição 3 a 29 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (30)..(43)
 <223> xaa na posição 30 a 43 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (45)..(50)
 <223> xaa na posição 45 a 50 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (53)..(73)
 <223> xaa na posição 53 a 73 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (74)..(79)
 <223> xaa na posição 74 a 79 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (81)..(82)
 <223> xaa na posição 81 a 82 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (85)..(86)
 <223> xaa na posição 85 a 86 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (88)..(90)
 <223> xaa na posição 88 a 90 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (92)..(110)
 <223> xaa na posição 92 a 110 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (112)..(127)
 <223> xaa na posição 112 a 127 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (128)..(128)
 <223> xaa na posição 128 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (130)..(130)
 <223> xaa na posição 130 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (133)..(134)
 <223> xaa na posição 133 a 134 é qualquer aminoácido
 <220>

<221> Variante
 <222> (137)..(137)
 <223> xaa na posição 137 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (139)..(140)
 <223> xaa na posição 139 a 140 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (143)..(144)
 <223> xaa na posição 143 a 144 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (147)..(147)
 <223> xaa na posição 147 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (149)..(149)
 <223> xaa na posição 149 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (151)..(152)
 <223> xaa na posição 151 a 152 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (154)..(154)
 <223> xaa na posição 154 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (159)..(159)
 <223> xaa na posição 159 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (163)..(166)
 <223> xaa na posição 163 a 166 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (170)..(179)
 <223> xaa na posição 170 a 179 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (180)..(182)
 <223> xaa na posição 180 a 182 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (184)..(184)
 <223> xaa na posição 184 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (188)..(190)
 <223> xaa na posição 188 a 190 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (193)..(193)
 <223> xaa na posição 193 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (196)..(197)
 <223> xaa na posição 196 a 197 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (203)..(206)
 <223> xaa na posição 203 a 206 é qualquer aminoácido


```

xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      115                      120                      125
Trp xaa His Tyr xaa xaa Lys Tyr xaa Glu xaa xaa Asp Thr xaa xaa
      130                      135                      140
Met Val xaa Arg xaa Lys xaa xaa Gln xaa Ser Phe Leu His xaa Tyr
      145                      150                      155                      160
His His xaa xaa xaa xaa Trp Ala Trp xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      165                      170                      175
xaa xaa xaa xaa xaa xaa Asp xaa Tyr Phe Gly xaa xaa xaa Asn Ser
      180                      185                      190
xaa Ile His xaa xaa Met Tyr Ser Tyr Tyr xaa xaa xaa xaa Leu xaa
      195                      200                      205
xaa xaa Cys Pro Trp Lys Arg Tyr xaa Thr Gln Ala Gln xaa xaa Gln
      210                      215                      220
Phe xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      225                      230                      235                      240
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      245                      250                      255
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Met xaa xaa xaa xaa
      260                      265                      270
Val Leu Phe xaa xaa Phe Tyr xaa xaa xaa Tyr xaa xaa xaa xaa xaa
      275                      280                      285
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      290                      295                      300
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      305                      310                      315                      320
xaa xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      325                      330                      335
xaa xaa Val

```

```

<210> 118
<211> 45
<212> PRT
<213> Seqüência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(4)
<223> xaa na posição 4 é Ala ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é Ala ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é Phe ou Ile
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é qualquer aminoácido
<220>

```

```

<221> Variante
<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é Ala ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (23)..(23)
<223> xaa na posição 23 é Ala ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(26)
<223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(27)
<223> xaa na posição 27 é Arg ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (39)..(39)
<223> xaa na posição 39 é Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (40)..(40)
<223> xaa na posição 40 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (43)..(43)
<223> xaa na posição 43 é Cys, Thr ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (44)..(44)
<223> xaa na posição 44 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (45)..(45)
<223> xaa na posição 45 é Cys ou Val
<400> 118
Tyr Phe Gly xaa xaa xaa Asn Ser xaa Ile His xaa Val xaa Met Tyr
  1             5             10             15
Ser Tyr Tyr xaa xaa xaa xaa Leu xaa xaa xaa Cys Pro Trp Lys Arg
             20             25             30
Tyr xaa Thr Gln Ala Gln xaa xaa Gln Phe xaa xaa xaa
      35             40             45
<210> 119
<211> 43
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é Cys ou Asn
<220>

```

<221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é Asp ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(10)
 <223> xaa na posição 9 a 10 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(12)
 <223> xaa na posição 12 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(14)
 <223> xaa na posição 13 a 14 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é Phe ou Trp
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Ala ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (25)..(26)
 <223> xaa na posição 25 a 26 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (28)..(28)
 <223> xaa na posição 28 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(33)
 <223> xaa na posição 33 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(37)
 <223> xaa na posição 37 é Ala, Thr ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (38)..(38)
 <223> xaa na posição 38 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (39)..(39)
 <223> xaa na posição 39 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(40)
 <223> xaa na posição 40 é qualquer aminoácido
 <400> 119
 Trp xaa His Tyr xaa xaa Lys Tyr xaa xaa Leu xaa xaa xaa Asp Thr
 1 5 10 15
 xaa xaa Met Val xaa Arg xaa Lys xaa xaa Gln xaa Ser Phe Leu His

	20	25	30
xaa Tyr	His His xaa xaa xaa xaa Trp Ala Trp		
	35	40	

<210> 120
 <211> 37
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(3)
 <223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é Gly, Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(10)
 <223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(14)
 <223> xaa na posição 13 a 14 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Glu ou Lys
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é Ala, Asn ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é Ala, Gly ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é Glu ou Gly

```

<220>
<221> Variante
<222> (25)..(29)
<223> xaa na posição 25 a 29 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(30)
<223> xaa na posição 30 é Asn, Pro ou Gln
<220>
<221> Variante
<222> (31)..(32)
<223> xaa na posição 31 a 32 é Ala, Asp ou Glu
<220>
<221> Variante
<222> (33)..(33)
<223> xaa na posição 33 é Gly, Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Asn, Gln ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(36)
<223> xaa na posição 35 a 36 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(37)
<223> xaa na posição 37 é Ala, Asp ou Pro
<400> 120
Met xaa xaa Leu xaa Val Leu Phe xaa xaa Phe Tyr xaa xaa xaa Tyr
  1                5                10                15
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
                20                25                30
xaa xaa xaa xaa xaa
                35
<210> 121
<211> 19
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(3)
<223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(7)
<223> xaa na posição 4 a 7 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é Phe, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(10)
<223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (13)..(13)
<223> xaa na posição 13 é Ala, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é qualquer aminoácido

```



```

<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)
<223> xaa na posição 16 é Thr ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(17)
<223> xaa na posição 17 é Ala, Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (18)..(18)
<223> xaa na posição 18 é Phe, Ile ou Leu
<400> 121
Lys xaa xaa xaa xaa xaa xaa Met xaa xaa Tyr Asn xaa xaa Gln xaa
 1          5          10          15
xaa xaa Asn

<210> 122
<211> 879
<212> DNA
<213> Ostreococcus tauri
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<400> 122
atg tct gga ttg agg gct cct aac ttc ttg cat agg ttc tgg acc aag      48
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1          5          10          15
tgg gat tac gct atc tct aag gtg gtg ttc act tgc gct gat tct ttc      96
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
20          25          30
cag tgg gat atc gga cct gtt tct tct tct acc gct cat ttg cct gct      144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
35          40          45
att gag tct cct act cct ttg gtg acc tct ttg ctc ttc tac ttg gtg      192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
50          55          60
act gtg ttc ttg tgg tac gga aga ttg acc aga tcc tcc gat aag aag      240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65          70          75          80
atc aga gag cct acc tgg ttg agg aga ttc atc atc tgc cac aac gct      288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
85          90          95
ttc ttg att gtg ctc tcc ttg tac atg tgt ttg gga tgc gtt gct caa      336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
100          105          110
gct tac caa aac gga tac acc ttg tgg gga aac gag ttc aag gct act      384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
115          120          125
gag acc caa ttg gct ctc tac atc tac atc ttc tac gtg tcc aag atc      432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
130          135          140
tac gag ttc gtg gat acc tac atc atg ctc ctc aag aac aac ctc agg      480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145          150          155          160
caa gtg tct ttc ttg cac atc tac cac cac tct acc atc tct ttc atc      528
Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
165          170          175
tgg tgg atc atc gct aga aga gca cct gga gga gat gct tat ttc tcc      576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
180          185          190
gct gct ctc aac tct tgg gtt cat gtg tgc atg tac act tac tac ctc      624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu

```

195																200				205				
ctc	tct	acc	ttg	att	gga	aag	gaa	gat	cct	aag	agg	tct	aac	tac	ctc	672								
Leu	Ser	Thr	Leu	Ile	Gly	Lys	Glu	Asp	Pro	Lys	Arg	Ser	Asn	Tyr	Leu									
210																215	220							
tg	tg	gga	agg	cat	ttg	acc	caa	atg	caa	atg	ctc	cag	ttc	ttc	ttc	720								
Trp	Trp	Gly	Arg	His	Leu	Thr	Gln	Met	Gln	Met	Leu	Gln	Phe	Phe	Phe									
225																230	235				240			
aac	gtg	ctc	caa	gct	ctt	tat	tgc	gct	tcc	ttc	tcc	act	tac	cct	aag	768								
Asn	Val	Leu	Gln	Ala	Leu	Tyr	Cys	Ala	Ser	Phe	Ser	Thr	Tyr	Pro	Lys									
245																250	255							
ttc	ctc	tcc	aag	atc	ttg	ctc	gtg	tac	atg	atg	tct	ttg	ctc	gga	ctt	816								
Phe	Leu	Ser	Lys	Ile	Leu	Leu	Val	Tyr	Met	Met	Ser	Leu	Leu	Gly	Leu									
260																265	270							
ttc	gga	cac	ttc	tac	tac	tct	aag	cac	atc	gct	gct	gct	aag	ttg	caa	864								
Phe	Gly	His	Phe	Tyr	Tyr	Ser	Lys	His	Ile	Ala	Ala	Ala	Lys	Leu	Gln	...								
275																280	285							
aag	aag	cag	cag	tga												879								
Lys	Lys	Gln	Gln																					
290																								
<210>																123								
<211>																292								
<212>																PRT								
<213>																Ostreococcus tauri								
<400>																123								
Met	Ser	Gly	Leu	Arg	Ala	Pro	Asn	Phe	Leu	His	Arg	Phe	Trp	Thr	Lys									
1				5					10					15										
Trp	Asp	Tyr	Ala	Ile	Ser	Lys	Val	Val	Phe	Thr	Cys	Ala	Asp	Ser	Phe									
20																25	30							
Gln	Trp	Asp	Ile	Gly	Pro	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	His	Leu	Pro	Ala									
35																40	45							
Ile	Glu	Ser	Pro	Thr	Pro	Leu	Val	Thr	Ser	Leu	Leu	Phe	Tyr	Leu	Val									
50																55	60							
Thr	Val	Phe	Leu	Trp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Thr	Arg	Ser	Ser	Asp	Lys	Lys									
65				70					75					80										
Ile	Arg	Glu	Pro	Thr	Trp	Leu	Arg	Arg	Phe	Ile	Ile	Cys	His	Asn	Ala									
85																90	95							
Phe	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Cys	Leu	Gly	Cys	Val	Ala	Gln									
100																105	110							
Ala	Tyr	Gln	Asn	Gly	Tyr	Thr	Leu	Trp	Gly	Asn	Glu	Phe	Lys	Ala	Thr									
115																120	125							
Glu	Thr	Gln	Leu	Ala	Leu	Tyr	Ile	Tyr	Ile	Phe	Tyr	Val	Ser	Lys	Ile									
130																135	140							
Tyr	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Tyr	Ile	Met	Leu	Leu	Lys	Asn	Asn	Leu	Arg									
145				150					155					160										
Gln	Val	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Tyr	His	His	Ser	Thr	Ile	Ser	Phe	Ile									
165																170	175							
Trp	Trp	Ile	Ile	Ala	Arg	Arg	Ala	Pro	Gly	Gly	Asp	Ala	Tyr	Phe	Ser									
180																185	190							
Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Trp	Val	His	Val	Cys	Met	Tyr	Thr	Tyr	Tyr	Leu									
195																200	205							
Leu	Ser	Thr	Leu	Ile	Gly	Lys	Glu	Asp	Pro															

<211> 1047
 <212> DNA
 <213> Marchantia polymorpha
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1047)
 <400> 124

atg gcg acg aag agc ggg agc gga ttg ctc gag tgg ata gca gta gcg	48
Met Ala Thr Lys Ser Gly Ser Gly Leu Leu Glu Trp Ile Ala Val Ala	
1 5 10 15	
gcg aag atg aag caa gct cgg agc agc ccc gag ggt gag atc gtg ggt	96
Ala Lys Met Lys Gln Ala Arg Ser Ser Pro Glu Gly Glu Ile Val Gly	
20 25 30	
ggg aat agg atg ggc tct gga aac gga gct gag tgg acc acg agt ctg	144
Gly Asn Arg Met Gly Ser Gly Asn Gly Ala Glu Trp Thr Thr Ser Leu	
35 40 45	
att cat gca ttt ttg aat gcc acg aat ggg aag agc ggc ggt gct tcg	192
Ile His Ala Phe Leu Asn Ala Thr Asn Gly Lys Ser Gly Gly Ala Ser	
50 55 60	
aaa gtg agg cct ctc gag gag aga atc ggg gag gcg gtg ttc aga gtt	240
Lys Val Arg Pro Leu Glu Glu Arg Ile Gly Glu Ala Val Phe Arg Val	
65 70 75 80	
ctt gaa gat gtc gtg ggc gtg gat att agg aag ccg aat cct gtc acg	288
Leu Glu Asp Val Val Gly Val Asp Ile Arg Lys Pro Asn Pro Val Thr	
85 90 95	
aag gac ctt ccg atg gtc gag agt ccc gtg ccc gtg ttg gcc tgc att	336
Lys Asp Leu Pro Met Val Glu Ser Pro Val Pro Val Leu Ala Cys Ile	
100 105 110	
tct ctg tac ttg ctc gtg gtg tgg ctt tgg tct tct cac att aag gcg	384
Ser Leu Tyr Leu Leu Val Val Trp Leu Trp Ser Ser His Ile Lys Ala	
115 120 125	
tct ggc caa aag ccc agg aag gag gac ccg ctc gcc ctg cgt tgc ctt	432
Ser Gly Gln Lys Pro Arg Lys Glu Asp Pro Leu Ala Leu Arg Cys Leu	
130 135 140	
gtg att gcc cac aat ctg ttc ctg tgt tgc ttg agc ttg ttc atg tgc	480
Val Ile Ala His Asn Leu Phe Leu Cys Cys Leu Ser Leu Phe Met Cys	
145 150 155 160	
gtc ggt ctc att gcc gca gct cga cat tac ggg tat agt gta tgg ggg	528
Val Gly Leu Ile Ala Ala Ala Arg His Tyr Gly Tyr Ser Val Trp Gly	
165 170 175	
aac tac tac aga gaa aga gaa ccc gca atg aat ttg ctc att tac gtg	576
Asn Tyr Tyr Arg Glu Arg Glu Pro Ala Met Asn Leu Leu Ile Tyr Val	
180 185 190	
ttc tac atg tcg aag ctg tac gaa ttt atg gac acg gcc att atg tta	624
Phe Tyr Met Ser Lys Leu Tyr Glu Phe Met Asp Thr Ala Ile Met Leu	
195 200 205	
ttc aga aga aat ctg cga caa gtc acg tac ttg cat gta tat cac cac	672
Phe Arg Arg Asn Leu Arg Gln Val Thr Tyr Leu His Val Tyr His His	
210 215 220	
gca agc atc gca atg att tgg tgg ata att tgc tat cgg ttt cca gga	720
Ala Ser Ile Ala Met Ile Trp Trp Ile Ile Cys Tyr Arg Phe Pro Gly	
225 230 235 240	
gct gat tcg tat ttc tcc gca gca ttc aat tcc tgt atc cat gta gcg	768
Ala Asp Ser Tyr Phe Ser Ala Ala Phe Asn Ser Cys Ile His Val Ala	
245 250 255	
atg tac ctg tat tat cta ctc gcg gca acc gtc gcc aga gac gaa aag	816
Met Tyr Leu Tyr Tyr Leu Leu Ala Ala Thr Val Ala Arg Asp Glu Lys	
260 265 270	
cgg aga cgc aaa tat ctc ttc tgg gga aag tat ctg acc atc ata caa	864
Arg Arg Arg Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Lys Tyr Leu Thr Ile Ile Gln	
275 280 285	
atg ctt cag ttt ttg tcc ttc att ggg cag gcg att tat gca atg tgg	912
Met Leu Gln Phe Leu Ser Phe Ile Gly Gln Ala Ile Tyr Ala Met Trp	

290					295					300					
aag	ttt	gaa	tac	tat	ccc	aag	ggc	ttt	ggc	agg	atg	ttg	ttc	ttt	tac
Lys	Phe	Glu	Tyr	Tyr	Pro	Lys	Gly	Phe	Gly	Arg	Met	Leu	Phe	Phe	Tyr
305					310					315					320
tct	gta	tca	ttg	ttg	gca	ttt	ttc	ggc	aac	ttc	ttt	gtc	aaa	aag	tat
1008															
Ser	Val	Ser	Leu	Leu	Ala	Phe	Phe	Gly	Asn	Phe	Phe	Val	Lys	Lys	Tyr
				325					330					335	
tcg	aac	gct	tca	cag	cct	aag	aca	gtt	aaa	gtg	gag	tga			
1047															
Ser	Asn	Ala	Ser	Gln	Pro	Lys	Thr	Val	Lys	Val	Glu				
			340					345							
<210>	125														
<211>	348														
<212>	PRT														
<213>	Marchantia polymorpha														
<400>	125														
Met	Ala	Thr	Lys	Ser	Gly	Ser	Gly	Leu	Leu	Glu	Trp	Ile	Ala	Val	Ala
1			5					10						15	
Ala	Lys	Met	Lys	Gln	Ala	Arg	Ser	Ser	Pro	Glu	Gly	Glu	Ile	Val	Gly
			20					25					30		
Gly	Asn	Arg	Met	Gly	Ser	Gly	Asn	Gly	Ala	Glu	Trp	Thr	Thr	Ser	Leu
		35					40					45			
Ile	His	Ala	Phe	Leu	Asn	Ala	Thr	Asn	Gly	Lys	Ser	Gly	Gly	Ala	Ser
	50					55					60				
Lys	Val	Arg	Pro	Leu	Glu	Glu	Arg	Ile	Gly	Glu	Ala	Val	Phe	Arg	Val
65					70					75					80
Leu	Glu	Asp	Val	Val	Gly	Val	Asp	Ile	Arg	Lys	Pro	Asn	Pro	Val	Thr
				85					90					95	
Lys	Asp	Leu	Pro	Met	Val	Glu	Ser	Pro	Val	Pro	Val	Leu	Ala	Cys	Ile
			100					105					110		
Ser	Leu	Tyr	Leu	Leu	Val	Val	Trp	Leu	Trp	Ser	Ser	His	Ile	Lys	Ala
		115					120					125			
Ser	Gly	Gln	Lys	Pro	Arg	Lys	Glu	Asp	Pro	Leu	Ala	Leu	Arg	Cys	Leu
	130					135					140				
Val	Ile	Ala	His	Asn	Leu	Phe	Leu	Cys	Cys	Leu	Ser	Leu	Phe	Met	Cys
145				150						155					160
Val	Gly	Leu	Ile	Ala	Ala	Ala	Arg	His	Tyr	Gly	Tyr	Ser	Val	Trp	Gly
				165					170					175	
Asn	Tyr	Tyr	Arg	Glu	Arg	Glu	Pro	Ala	Met	Asn	Leu	Leu	Ile	Tyr	Val
			180					185					190		
Phe	Tyr	Met	Ser	Lys	Leu	Tyr	Glu	Phe	Met	Asp	Thr	Ala	Ile	Met	Leu
		195					200					205			
Phe	Arg	Arg	Asn	Leu	Arg	Gln	Val	Thr	Tyr	Leu	His	Val	Tyr	His	His
	210					215					220				
Ala	Ser	Ile	Ala	Met	Ile	Trp	Trp	Ile	Ile	Cys	Tyr	Arg			

```

<212>  DNA
<213>  Thraustochytrium sp
<220>
<221>  CDS
<222>  (1)..(831)
<400>  126
atg gat gtc gtc gag cag caa tgg cgc cgc ttc gtg gac gcc gtg gac      48
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp
1          5          10          15
aac gga atc gtg gag ttc atg gag cat gag gag ccc aac aag ctg aac      96
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Glu Pro Asn Lys Leu Asn
20          25          30
gag ggc aag ctc tcc acc tcg acc gag gag atg atg gcg ctt atc gtc      144
Glu Gly Lys Leu Ser Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val
35          40          45
ggc tac ctg gcg ttc gtg gtc ctc ggg tcc gcc ttc atg aag gcc ttt      192
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe
50          55          60
gtc gat aag cct ttc gag ctc aag ttc ctc aag ctc gtg cac aac atc      240
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile
65          70          75          80
ttc ctc acc ggt ctg tcc atg tac atg gcc acc gag tgc gcg cgc cag      288
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln
85          90          95
gca tac ctc ggc ggc tac aag ctc ttt ggc aac ccg atg gag aag ggc      336
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly
100          105          110
acc gag tcg cac gcc ccg ggc atg gcc aac atc atc tac atc ttc tac      384
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr
115          120          125
gtg agc aag ttc ctc gaa ttc ctc gac acc gtc ttc atg atc ctc ggc      432
Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly
130          135          140
aag aag tgg aag cag ctc agc ttt ctc cac gtc tac cac cac gcg agc      480
Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser
145          150          155          160
atc agc ttc atc tgg ggc atc atc gcc cgc ttc gcg ccc ggt ggc gac      528
Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp
165          170          175
gcc tac ttc tct acc atc ctc aac agc agc gtg cat gtc gtg ctc tac      576
Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr
180          185          190
ggc tac tac gcc tcg acc acc ctc ggc tac acc ttc atg cgc ccg ctg      624
Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu
195          200          205
cgc ccg tac att acc acc att cag ctc acg cag ttc atg gcc atg gtc      672
Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val
210          215          220
gtc cag tcc gtc tat gac tac tac aac ccc tgc gac tac ccg cag ccc      720
Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro
225          230          235          240
ctc gtc aag ctg ctc ttc tgg tac atg ctc acc atg ctc ggc ctc ttc      768
Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe
245          250          255
ggc aac ttc ttc gtg cag cag tac ctc aag ccc aag gcg ccc aag aag      816
Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys
260          265          270
cag aag acc atc taa
Gln Lys Thr Ile
275
<210>  127
<211>  276
<212>  PRT

```

<213> Thraustochytrium sp

<400> 127

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

<210> 128

<211> 1146

<212> DNA

<213> Leishmania major

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1146)

<400> 128

atg gtc tct ctg gag cag gcc gaa cag atc gcg gcc gcg atc gag gta 48
 Met Val Ser Leu Glu Gln Ala Glu Gln Ile Ala Ala Ala Ile Glu Val
 1 5 10 15
 cct gac tgg gtc ttg aca aag tct gcg gcg ctg gtg tac agc tgc ttc 96
 Pro Asp Trp Val Leu Thr Lys Ser Ala Ala Leu Val Tyr Ser Cys Phe
 20 25 30
 ggc tcc gcc gcc aat gct ttt gaa agc agt atc aag atc aac ttc ccg 144
 Gly Ser Ala Ala Asn Ala Phe Glu Ser Ser Ile Lys Ile Asn Phe Pro
 35 40 45
 gcg cag cat gcg ttc gtg gag gcg tgg atg cgc gcg cgc tcc cac cct 192
 Ala Gln His Ala Phe Val Glu Ala Trp Met Arg Ala Arg Ser His Pro
 50 55 60
 ttt gcg gag cgc ctg ccg tac ctg aat ccg tgg cac gtt atc gcc tcg 240
 Phe Ala Glu Arg Leu Pro Tyr Leu Asn Pro Trp His Val Ile Ala Ser
 65 70 75 80
 ata ctg gcc tac ctc tcc ttg att gtc acc ttg cgc ctg ttg cat cgt 288
 Ile Leu Ala Tyr Leu Ser Leu Ile Val Thr Leu Arg Leu Leu His Arg

																85																	90																	95																																	
gta	ctc	ggg	aag	ttc	tcg	tgc	cgc	act	ctc	gga	ttg	gtg	cac	aac	ctc																	336																																																			
Val	Leu	Gly	Lys	Phe	Ser	Cys	Arg	Thr	Leu	Gly	Leu	Val	His	Asn	Leu																																																																				
																100																	105																	110																																	
ggg	ctc	cat	ctt	ctc	tcg	ttg	tac	atg	agc	ctt	ggg	ctc	atg	atc	agc																	384																																																			
Gly	Leu	His	Leu	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Ser	Leu	Gly	Leu	Met	Ile	Ser																																																																				
																115																	120																	125																																	
gcg	cgc	gcc	gcg	ggg	tac	tcg	ctc	tgg	aac	aac	gcg	gtc	ggc	acc	tcc																	432																																																			
Ala	Arg	Ala	Ala	Gly	Tyr	Ser	Leu	Trp	Asn	Asn	Ala	Val	Gly	Thr	Ser																																																																				
																130																	135																	140																																	
ccg	gct	gag	tgg	cgc	att	gcg	aag	ctg	atc	tgg	ctc	ttc	tat	gtc	tcg																	480																																																			
Pro	Ala	Glu	Trp	Arg	Ile	Ala	Lys	Leu	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Val	Ser																																																																				
																145																	150																	155																	160																
aag	gtg	gtg	gaa	tgg	gtg	gac	acg	gta	att	atg	tta	tta	aag	cag	aac																	528																																																			
Lys	Val	Val	Glu	Trp	Val	Asp	Thr	Val	Ile	Met	Leu	Leu	Lys	Gln	Asn																																																																				
																165																	170																	175																																	
tac	cac	cag	gtc	acc	ttc	ctg	cac	gtg	tat	cac	cac	acg	acg	gtt	ttt																	576																																																			
Tyr	His	Gln	Val	Thr	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Thr	Thr	Val	Phe																																																																				
																180																	185																	190																																	
gtg	ctg	tgg	tgg	ctg	gcg	ttg	ctg	gtc	gct	cct	ggc	ggc	gag	tcg	tac																	624																																																			
Val	Leu	Trp	Trp	Leu	Ala	Leu	Leu	Val	Ala	Pro	Gly	Gly	Glu	Ser	Tyr																																																																				
																195																	200																	205																																	
tac	agc	gcc	atg	gtg	aac	tct	ggc	gtc	cac	gtt	ttc	atg	tac	ggg	tac																	672																																																			
Tyr	Ser	Ala	Met	Val	Asn	Ser	Gly	Val	His	Val	Phe	Met	Tyr	Gly	Tyr																																																																				
																210																	215																	220																																	
tac	ttt	ctc	acg	ctg	ctc	ttc	cca	tcc	ggc	atc	gtg	cgc	gac	gtc	ttg																	720																																																			
Tyr	Phe	Leu	Thr	Leu	Leu	Phe	Pro	Ser	Gly	Ile	Val	Arg	Asp	Val	Leu																																																																				
																225																	230																	235																	240																
agc	aag	ttc	aag	ttt	gcc	att	acg	aag	ggc	cag	atg	tgg	cag	ttc	gtc																	768																																																			
Ser	Lys	Phe	Lys	Phe	Ala	Ile	Thr	Lys	Gly	Gln	Met	Trp	Gln	Phe	Val																																																																				
																245																	250																	255																																	
ttc	aac	tgc	cta	cag	tcc	gcg	tac	gac	ctc	gtg	tgg	gtg	ccg	cgg	gaa																	816																																																			
Phe	Asn	Cys	Leu	Gln	Ser	Ala	Tyr	Asp	Leu	Val	Trp	Val	Pro	Arg	Glu																																																																				
																260																	265																	270																																	
gag	ctc	aag	tac	agc	gcg	gag	ctg	ctg	cag	atc	ctc	ttc	tgg	tac	atg																	864																																																			
Glu	Leu	Lys	Tyr	Ser	Ala	Glu	Leu	Leu	Gln	Ile	Leu	Phe	Trp	Tyr	Met																																																																				
																275																	280																	285																																	
atc	tcc	ctc	ttg	gcg	ctc	ttt	ggc	aac	ttc	ttg	gtg	aag	aac	aag	aag																	912																																																			
Ile	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Leu	Val	Lys	Asn	Lys	Lys																																																																				
																290																	295																	300																																	
ttc	tcg	cac	cgc	cgc	tgc	gtt	gat	gcc	gcg	act	gct	tcg	ggc	gcg	aag																	960																																																			
Phe	Ser	His	Arg	Arg	Cys	Val	Asp	Ala	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly	Ala	Lys																																																																				
																305																	310																	315																	320																
gag	gac	acg	gcg	gcg	agg	tcc	cac	ggc	gac	cgc	acc	cac	aga	acc	cgt																																																																				
																1008																																																																			
Glu	Asp	Thr	Ala	Ala	Arg	Ser	His	Gly	Asp	Arg	Thr	His	Arg	Thr	Arg																																																																				
																325																	330																	335																																	
gtg	aag	gct	ggc	atg	acc	aac	atg	caa	ctg	gag	agg	ctg	aag	aat	gag																																																																				
																1056																																																																			
Val	Lys	Ala	Gly	Met	Thr	Asn	Met	Gln	Leu	Glu	Arg	Leu	Lys	Asn	Glu																																																																				
																340																	345																	350																																	
aag	tcc	acg	gag	atg	aag	ctg	ctg	atg	cgc	aag	aac	ggc	aac	ggc	aac																																																																				
																1104																																																																			
Lys	Ser	Thr	Glu	Met	Lys	Leu	Leu	Met	Arg	Lys	Asn	Gly	Asn	Gly	Asn																																																																				
																355																	360																	365																																	
gga	caa	aaa	gcg	tcg	ctc	cag	gcc	atg	gca	ggc	agt	cga	tga																																																																						
																1146																																																																			
Gly	Gln	Lys	Ala	Ser	Leu	Gln	Ala	Met	Ala	Gly	Ser	Arg																																																																							
																370																	375																	380																																	
<210>																129																																																																			
<211>																381																																																																			
<212>																PRT																																																																			
<213>																Leishmania major																																																																			

<400> 129
Met Val Ser Leu Glu Gln Ala Glu Gln Ile Ala Ala Ala Ile Glu Val
1 5 10 15
Pro Asp Trp Val Leu Thr Lys Ser Ala Ala Leu Val Tyr Ser Cys Phe
20 25 30
Gly Ser Ala Ala Asn Ala Phe Glu Ser Ser Ile Lys Ile Asn Phe Pro
35 40 45
Ala Gln His Ala Phe Val Glu Ala Trp Met Arg Ala Arg Ser His Pro
50 55 60
Phe Ala Glu Arg Leu Pro Tyr Leu Asn Pro Trp His Val Ile Ala Ser
65 70 75 80
Ile Leu Ala Tyr Leu Ser Leu Ile Val Thr Leu Arg Leu Leu His Arg
85 90 95
Val Leu Gly Lys Phe Ser Cys Arg Thr Leu Gly Leu Val His Asn Leu
100 105 110
Gly Leu His Leu Leu Ser Leu Tyr Met Ser Leu Gly Leu Met Ile Ser
115 120 125
Ala Arg Ala Ala Gly Tyr Ser Leu Trp Asn Asn Ala Val Gly Thr Ser
130 135 140
Pro Ala Glu Trp Arg Ile Ala Lys Leu Ile Trp Leu Phe Tyr Val Ser
145 150 155 160
Lys Val Val Glu Trp Val Asp Thr Val Ile Met Leu Leu Lys Gln Asn
165 170 175
Tyr His Gln Val Thr Phe Leu His Val Tyr His His Thr Thr Val Phe
180 185 190
Val Leu Trp Trp Leu Ala Leu Leu Val Ala Pro Gly Gly Glu Ser Tyr
195 200 205
Tyr Ser Ala Met Val Asn Ser Gly Val His Val Phe Met Tyr Gly Tyr
210 215 220
Tyr Phe Leu Thr Leu Leu Phe Pro Ser Gly Ile Val Arg Asp Val Leu
225 230 235 240
Ser Lys Phe Lys Phe Ala Ile Thr Lys Gly Gln Met Trp Gln Phe Val
245 250 255
Phe Asn Cys Leu Gln Ser Ala Tyr Asp Leu Val Trp Val Pro Arg Glu
260 265 270
Glu Leu Lys Tyr Ser Ala Glu Leu Leu Gln Ile Leu Phe Trp Tyr Met
275 280 285
Ile Ser Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn Phe Leu Val Lys Asn Lys Lys
290 295 300
Phe Ser His Arg Arg Cys Val Asp Ala Ala Thr Ala Ser Gly Ala Lys
305 310 315 320
Glu Asp Thr Ala Ala Arg Ser His Gly Asp Arg Thr His Arg Thr Arg
325 330 335
Val Lys Ala Gly Met Thr Asn Met Gln Leu Glu Arg Leu Lys Asn Glu
340 345 350
Lys Ser Thr Glu Met Lys Leu Leu Met Arg Lys Asn Gly Asn Gly Asn
355 360 365
Gly Gln Lys Ala Ser Leu Gln Ala Met Ala Gly Ser Arg
370 375 380

<210> 130

<211> 879

<212> DNA

<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(879)

<400> 130

atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1 5 10 15
tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
20 25 30

48

96

cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tcg agt acg gcg cat tta ccc gcc	144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala	
35 40 45	
att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc	192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val	
50 55 60	
aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa	240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys	
65 70 75 80	
att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg	288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala	
85 90 95	
ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa	336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln	
100 105 110	
gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg	384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr	
115 120 125	
gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata	432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile	
130 135 140	
tac gag ttt gta gat act tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg	480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg	
145 150 155 160	
caa gta agt ttc cta cac att tat cac cac agc acg att tcc ttt att	528
Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile	
165 170 175	
tgg tgg atc att gct cgg agg gct ccg ggt ggt gat gct tac ttc agc	576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser	
180 185 190	
gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg tgc atg tac acc tat tat cta	624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu	
195 200 205	
tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat cct aag cgt tcc aac tac ctt	672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu	
210 215 220	
tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg cag atg ctt cag ttt ttc ttc	720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe	
225 230 235 240	
aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tcg ttc tct acg tat ccc aag	768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys	
245 250 255	
ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat atg atg agc ctt ctc ggc ttg	816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu	
260 265 270	
ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac ata gca gca gct aag ctc cag	864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln	
275 280 285	
aaa aaa cag cag tga	879
Lys Lys Gln Gln	
290	
<210> 131	
<211> 292	
<212> PRT	
<213> <i>Ostreococcus tauri</i>	
<400> 131	
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys	
1 5 10 15	
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe	
20 25 30	
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala	
35 40 45	
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val	

50	55	60
Thr Val Phe Leu Trp	Tyr Gly Arg Leu Thr	Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65	70	75
Ile Arg Glu Pro Thr	Trp Leu Arg Arg Phe	Ile Ile Cys His Asn Ala
	85	90
Phe Leu Ile Val Leu	Ser Leu Tyr Met Cys	Leu Gly Cys Val Ala Gln
	100	105
Ala Tyr Gln Asn Gly	Tyr Thr Leu Trp Gly	Asn Glu Phe Lys Ala Thr
	115	120
Glu Thr Gln Leu Ala	Leu Tyr Ile Tyr Ile	Phe Tyr Val Ser Lys Ile
	130	135
Tyr Glu Phe Val Asp	Thr Tyr Ile Met Leu	Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145	150	155
Gln Val Ser Phe Leu	His Ile Tyr His His	Ser Thr Ile Ser Phe Ile
	165	170
Trp Trp Ile Ile Ala	Arg Arg Ala Pro Gly	Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
	180	185
Ala Ala Leu Asn Ser	Trp Val His Val Cys	Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
	195	200
Leu Ser Thr Leu Ile	Gly Lys Glu Asp Pro	Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
	210	215
Trp Trp Gly Arg His	Leu Thr Gln Met Gln	Met Leu Gln Phe Phe Phe
225	230	235
Asn Val Leu Gln Ala	Leu Tyr Cys Ala Ser	Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
	245	250
Phe Leu Ser Lys Ile	Leu Leu Val Tyr Met	Met Ser Leu Leu Gly Leu
	260	265
Phe Gly His Phe Tyr	Tyr Tyr Ser Lys His	Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
	275	280
Lys Lys Gln Gln		
290		

<210> 132

<211> 873

<212> DNA

<213> Marchantia polymorpha

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(873)

<400> 132

atg gag gcg tac gag atg gtg gat agt ttt gtg tcg aag acg gtt ttc	48
Met Glu Ala Tyr Glu Met Val Asp Ser Phe Val Ser Lys Thr Val Phe	
1 5 10 15	
gaa acg ctg cag aga ctg agg ggc gga gtc gtg ttg acg gaa tct gcg	96
Glu Thr Leu Gln Arg Leu Arg Gly Gly Val Val Leu Thr Glu Ser Ala	
20 25 30	
atc acc aaa ggt ttg cca tgc gtc gat agc ccg acg ccg atc gtt ctt	144
Ile Thr Lys Gly Leu Pro Cys Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu	
35 40 45	
ggg ttg tcg tcc tac ttg aca ttc gtg ttt ctc ggg ctc att gtc atc	192
Gly Leu Ser Ser Tyr Leu Thr Phe Val Phe Leu Gly Leu Ile Val Ile	
50 55 60	
aag agc ctg gat ctt aag ccc cgc tcc aag gag ccc gcc att ttg aac	240
Lys Ser Leu Asp Leu Lys Pro Arg Ser Lys Glu Pro Ala Ile Leu Asn	
65 70 75 80	
ctg ttt gtg atc ttc cac aac ttc gtc tgc ttc gca ctc agt ctg tac	288
Leu Phe Val Ile Phe His Asn Phe Val Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr	
85 90 95	
atg tgc gtg gga att gtc cgt caa gct atc ctc aac agg tac tct ctg	336
Met Cys Val Gly Ile Val Arg Gln Ala Ile Leu Asn Arg Tyr Ser Leu	
100 105 110	
tgg ggc aat gcg tac aat ccc aaa gaa gtt caa atg ggc cac ctg ctc	384
Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys Glu Val Gln Met Gly His Leu Leu	
115 120 125	

tac att ttc tac atg tca aag tac atc gag ttt atg gac acg gtc att	432
Tyr Ile Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Ile Glu Phe Met Asp Thr Val Ile	
130 135 140	
atg att ttg aag cgc aac acg cgc cag atc act gtg ttg cat gtg tac	480
Met Ile Leu Lys Arg Asn Thr Arg Gln Ile Thr Val Leu His Val Tyr	
145 150 155 160	
cac cac gca tcc atc tcc ttc atc tgg tgg atc atc gcc tac cat gct	528
His His Ala Ser Ile Ser Phe Ile Trp Trp Ile Ile Ala Tyr His Ala	
165 170 175	
cct ggc ggt gaa gct tat ttc tct gcc gca ttg aac tcc gga gta cat	576
Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His	
180 185 190	
gtg ctc atg tac ctc tac tac ctt ttg gca gca act ctg gga aag aac	624
Val Leu Met Tyr Leu Tyr Tyr Leu Leu Ala Ala Thr Leu Gly Lys Asn	
195 200 205	
gag aaa gct cgc cgc aag tac cta tgg tgg gga aaa tac ttg aca cag	672
Glu Lys Ala Arg Arg Lys Tyr Leu Trp Trp Gly Lys Tyr Leu Thr Gln	
210 215 220	
ctg cag atg ttc cag ttt gtc ctt aac atg att cag gct tac tac gat	720
Leu Gln Met Phe Gln Phe Val Leu Asn Met Ile Gln Ala Tyr Tyr Asp	
225 230 235 240	
att aag aac aac tcg cct tac cca caa ttt ttg atc cag att ttg ttc	768
Ile Lys Asn Asn Ser Pro Tyr Pro Gln Phe Leu Ile Gln Ile Leu Phe	
245 250 255	
tac tac atg atc tcg ctt tta gcg cta ttt gga aac ttt tac gtt cac	816
Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val His	
260 265 270	
aaa tac gta tca gcg ccc gca aaa cct gcg aag atc aag agc aaa aag	864
Lys Tyr Val Ser Ala Pro Ala Lys Pro Ala Lys Ile Lys Ser Lys Lys	
275 280 285	
gca gaa taa	873
Ala Glu	
290	
<210> 133	
<211> 290	
<212> PRT	
<213> Marchantia polymorpha	
<400> 133	
Met Glu Ala Tyr Glu Met Val Asp Ser Phe Val Ser Lys Thr Val Phe	
1 5 10 15	
Glu Thr Leu Gln Arg Leu Arg Gly Gly Val Val Leu Thr Glu Ser Ala	
20 25 30	
Ile Thr Lys Gly Leu Pro Cys Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu	
35 40 45	
Gly Leu Ser Ser Tyr Leu Thr Phe Val Phe Leu Gly Leu Ile Val Ile	
50 55 60	
Lys Ser Leu Asp Leu Lys Pro Arg Ser Lys Glu Pro Ala Ile Leu Asn	
65 70 75 80	
Leu Phe Val Ile Phe His Asn Phe Val Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr	
85 90 95	
Met Cys Val Gly Ile Val Arg Gln Ala Ile Leu Asn Arg Tyr Ser Leu	
100 105 110	
Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys Glu Val Gln Met Gly His Leu Leu	
115 120 125	
Tyr Ile Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Ile Glu Phe Met Asp Thr Val Ile	
130 135 140	
Met Ile Leu Lys Arg Asn Thr Arg Gln Ile Thr Val Leu His Val Tyr	
145 150 155 160	
His His Ala Ser Ile Ser Phe Ile Trp Trp Ile Ile Ala Tyr His Ala	
165 170 175	
Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His	
180 185 190	
Val Leu Met Tyr Leu Tyr Tyr Leu Leu Ala Ala Thr Leu Gly Lys Asn	

	195		200		205	
Glu Lys	Ala Arg Arg Lys Tyr	Leu Trp Trp Gly Lys Tyr	Leu Thr Gln			
210		215	220			
Leu Gln Met Phe Gln Phe Val	Leu Asn Met Ile Gln Ala Tyr Tyr Asp					
225	230	235	240			
Ile Lys Asn Asn Ser Pro Tyr	Pro Gln Phe Leu Ile Gln Ile Leu Phe					
	245	250	255			
Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Ala	Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val His					
	260	265	270			
Lys Tyr Val Ser Ala Pro Ala	Lys Pro Ala Lys Ile Lys Ser Lys Lys					
	275	280	285			
Ala Glu						
290						
<210>	134					
<211>	873					
<212>	DNA					
<213>	Physcomitrella patens					
<220>						
<221>	CDS					
<222>	(1)..(873)					
<400>	134					
atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg						48
Met Glu Val Val 5 Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser						
1		10	15			
cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat						96
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp						
	20	25	30			
acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc						144
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile						
	35	40	45			
gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg						192
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu						
	50	55	60			
tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tcg gag cca ttt ttg						240
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu						
65	70	75	80			
ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt						288
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser						
	85	90	95			
ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac						336
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr						
	100	105	110			
tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att						384
Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile						
	115	120	125			
ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc						432
Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr						
	130	135	140			
gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac						480
Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His						
	145	150	155			160
gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat						528
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His						
	165	170	175			
cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga						576
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly						
	180	185	190			
gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga						624
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg						
	195	200	205			
agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg						672
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu						
	210	215	220			

aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac 720
 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att 768
 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255
 ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac 816
 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270
 gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa 864
 Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285
 act gag tga 873
 Thr Glu
 290
 <210> 135
 <211> 290
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*
 <400> 135
 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
 1 5 10 15
 Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
 20 25 30
 Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
 35 40 45
 Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
 50 55 60
 Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
 65 70 75 80
 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
 85 90 95
 Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
 100 105 110
 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
 115 120 125
 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
 130 135 140
 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
 145 150 155 160
 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
 165 170 175
 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
 180 185 190
 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
 195 200 205
 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
 210 215 220
 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255
 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270
 Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285
 Thr Glu
 290
 <210> 136
 <211> 957
 <212> DNA
 <213> *Mortierella alpina*
 <220>

```

<221> CDS
<222> (1)..(957)
<400> 136
atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg      48
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1      5      10      15
ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc      96
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
20      25      30
gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc      144
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
35      40      45
acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct      192
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
50      55      60
ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc      240
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
65      70      75      80
gtg ctc gct tat ttg gtc acg gtc ttt gtg ggc atg cag atc atg aag      288
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
85      90      95
aac ttt gag cgg ttc gag gtc aag acg ttt tcg ctc ctg cac aac ttt      336
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
100      105      110
tgt ctg gtc tcg atc agc gcc tac atg tgc ggt ggg atc ctg tac gag      384
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
115      120      125
gct tat cag gcc aac tat gga ctg ttt gag aac gct gct gat cat acc      432
Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
130      135      140
ttc aag ggt ctt cct atg gcc aag atg atc tgg ctc ttc tac ttc tcc      480
Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
145      150      155      160
aag atc atg gag ttt gtc gac acc atg atc atg gtc ctc aag aag aac      528
Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
165      170      175
aac cgc cag atc tcc ttc ttg cac gtt tac cac cac agc tcc atc ttc      576
Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
180      185      190
acc atc tgg tgg ttg gtc acc ttt gtt gca ccc aac ggt gaa gcc tac      624
Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
195      200      205
ttc tct gct gcg ttg aac tcg ttc atc cat gtg atc atg tac ggc tac      672
Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
210      215      220
tac ttc ttg tcg gcc ttg ggc ttc aag cag gtg tcg ttc atc aag ttc      720
Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225      230      235      240
tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag      768
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
245      250      255
tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac      816
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260      265      270
ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc      864
Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
275      280      285
ggg ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag      912
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290      295      300
gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa      957
Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305      310      315

```

<210> 137
 <211> 318
 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina
 <400> 137
 Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
 1 5 10 15
 Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
 20 25 30
 Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
 35 40 45
 Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
 50 55 60
 Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
 65 70 75 80
 Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
 85 90 95
 Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
 100 105 110
 Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
 115 120 125
 Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
 130 135 140
 Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
 145 150 155 160
 Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
 165 170 175
 Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
 180 185 190
 Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
 195 200 205
 Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
 210 215 220
 Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
 225 230 235 240
 Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
 245 250 255
 Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
 260 265 270
 Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
 275 280 285
 Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
 290 295 300
 Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
 305 310 315
 <210> 138
 <211> 242
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(5)
 <223> xaa na posição 3 a 5 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(16)
 <223> xaa na posição 8 a 16 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

```

<222> (19)..(20)
<223> xaa na posição 19 a 20 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(42)
<223> xaa na posição 22 a 42 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (43)..(49)
<223> xaa na posição 43 a 49 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (52)..(56)
<223> xaa na posição 52 a 56 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (59)..(59)
<223> xaa na posição 59 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (62)..(63)
<223> xaa na posição 62 a 63 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (65)..(68)
<223> xaa na posição 65 a 68 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (70)..(73)
<223> xaa na posição 70 a 73 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (75)..(75)
<223> xaa na posição 75 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (77)..(78)
<223> xaa na posição 77 a 78 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (80)..(94)
<223> xaa na posição 80 a 94 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (95)..(98)
<223> xaa na posição 95 a 98 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (101)..(101)
<223> xaa na posição 101 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (104)..(105)
<223> xaa na posição 104 a 105 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (108)..(108)
<223> xaa na posição 108 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (111)..(111)
<223> xaa na posição 111 é qualquer aminoácido
<220>

```



```

<221> Variante
<222> (114)..(114)
<223> xaa na posição 114 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (116)..(120)
<223> xaa na posição 116 a 120 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (122)..(124)
<223> xaa na posição 122 a 124 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (127)..(127)
<223> xaa na posição 127 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (131)..(132)
<223> xaa na posição 131 a 132 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (134)..(135)
<223> xaa na posição 134 a 135 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (139)..(143)
<223> xaa na posição 139 a 143 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (148)..(149)
<223> xaa na posição 148 a 149 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (151)..(151)
<223> xaa na posição 151 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (154)..(155)
<223> xaa na posição 154 a 155 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (158)..(159)
<223> xaa na posição 158 a 159 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (162)..(162)
<223> xaa na posição 162 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (165)..(165)
<223> xaa na posição 165 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (168)..(168)
<223> xaa na posição 168 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (170)..(184)
<223> xaa na posição 170 a 184 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (185)..(190)
<223> xaa na posição 185 a 190 é qualquer um ou nenhum aminoácido

```

```

<220>
<221> Variante
<222> (192)..(193)
<223> xaa na posição 192 a 193 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (196)..(196)
<223> xaa na posição 196 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (199)..(203)
<223> xaa na posição 199 a 203 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (205)..(206)
<223> xaa na posição 205 a 206 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (208)..(213)
<223> xaa na posição 208 a 213 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (214)..(219)
<223> xaa na posição 214 a 219 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (222)..(227)
<223> xaa na posição 222 a 227 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (229)..(230)
<223> xaa na posição 229 a 230 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (233)..(235)
<223> xaa na posição 233 a 235 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (237)..(237)
<223> xaa na posição 237 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (241)..(241)
<223> xaa na posição 241 é qualquer aminoácido
<400> 138
Leu Pro xaa xaa xaa xaa Pro xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
1      5      10      15
Tyr Leu xaa xaa Val xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
20     25     30
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
35     40     45
xaa His Asn xaa xaa xaa xaa xaa Leu Ser xaa Tyr Met xaa xaa Gly
50     55     60
xaa xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa xaa Tyr xaa Leu xaa xaa Asn xaa
65     70     75     80
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
85     90     95
xaa xaa Phe Tyr xaa Ser Lys xaa xaa Glu Phe xaa Asp Thr xaa Ile
100    105    110
Met xaa Leu xaa xaa xaa xaa xaa Gln xaa xaa xaa Leu His xaa Tyr
115    120    125
His His xaa xaa Ile xaa xaa Ile Trp Trp xaa xaa xaa xaa xaa Ala
130    135    140

```

```

Pro Gly Gly xaa xaa Tyr xaa Ser Ala xaa xaa Asn Ser xaa xaa His
145                               150                               155                               160
Val xaa Met Tyr xaa Tyr Tyr xaa Leu xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
                               165                               170                               175
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Thr xaa
                               180                               185                               190
xaa Gln Met xaa Gln Phe xaa xaa xaa xaa xaa Gln xaa xaa Tyr xaa
                               195                               200                               205
xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Tyr Pro xaa xaa xaa
                               210                               215                               220
xaa xaa xaa Leu xaa xaa Tyr Met xaa xaa xaa Leu xaa Leu Phe Gly
225                               230                               235                               240
xaa Phe

```

```

<210> 139
<211> 60
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Phe ou Trp
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(3)
<223> xaa na posição 3 é Leu, Met ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é Phe ou Ile
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(11)
<223> xaa na posição 11 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (13)..(15)
<223> xaa na posição 13 a 15 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)
<223> xaa na posição 16 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (18)..(18)
<223> xaa na posição 18 é Ile, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(19)
<223> xaa na posição 19 é Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é Phe ou Val
<220>

```

<221> Variante
<222> (23)..(23)
<223> xaa na posição 23 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (27)..(27)
<223> xaa na posição 27 é Ala, Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(28)
<223> xaa na posição 28 é Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (29)..(29)
<223> xaa na posição 29 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(31)
<223> xaa na posição 30 a 31 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (32)..(32)
<223> xaa na posição 32 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(35)
<223> xaa na posição 35 é Ala, Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (36)..(36)
<223> xaa na posição 36 é Ala, Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(39)
<223> xaa na posição 37 a 39 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (42)..(42)
<223> xaa na posição 42 é Gly ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (44)..(44)
<223> xaa na posição 44 é Asp ou Glu
<220>
<221> Variante
<222> (45)..(45)
<223> xaa na posição 45 é Ala ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (47)..(47)
<223> xaa na posição 47 é Phe, Trp ou Tyr
<220>
<221> Variante
<222> (49)..(49)
<223> xaa na posição 49 é Ala ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (50)..(50)
<223> xaa na posição 50 é qualquer aminoácido

```

<220>
<221> Variante
<222> (51)..(51)
<223> xaa na posição 51 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (54)..(54)
<223> xaa na posição 54 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (55)..(55)
<223> xaa na posição 55 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (58)..(58)
<223> xaa na posição 58 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (59)..(59)
<223> xaa na posição 59 é Leu ou Met
<400> 139
Glu xaa xaa Asp Thr xaa xaa Met xaa Leu xaa Lys xaa xaa xaa xaa
 1          5          10          15
Gln xaa xaa xaa Leu His xaa Tyr His xaa xaa xaa xaa xaa xaa
      20          25          30
Trp xaa xaa xaa xaa xaa xaa Ala Pro xaa Gly xaa xaa Tyr xaa Ser
      35          40          45
xaa xaa xaa Asn Ser xaa xaa His Val xaa xaa Tyr
      50          55          60
<210> 140
<211> 22
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Ala ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(3)
<223> xaa na posição 3 é Phe ou Tyr
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é Cys ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Gly, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (8)..(9)
<223> xaa na posição 8 a 9 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(11)
<223> xaa na posição 10 a 11 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (13)..(14)
<223> xaa na posição 13 a 14 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante

```

<222> (15)..(16)
 <223> xaa na posição 15 a 16 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é Gly, Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é Phe ou Trp
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Glu, Gly ou Asn
 <400> 140
 Ser xaa xaa Met xaa xaa Gly xaa xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa xaa
 1 5 10 15
 Tyr xaa xaa xaa xaa Asn
 20
 <210> 141
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Seqüência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(3)
 <223> xaa na posição 2 a 3 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(12)
 <223> xaa na posição 9 a 12 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Gly, Ile, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é Trp ou Tyr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é Ala, Cys ou Asp
 <400> 141
 Thr xaa xaa Gln Met xaa Gln Phe xaa xaa xaa xaa xaa Gln xaa xaa
 1 5 10 15
 xaa xaa

```

<210> 142
<211> 25
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(5)
<223> xaa na posição 4 a 5 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Phe, Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(8)
<223> xaa na posição 7 a 8 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é Ile, Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(12)
<223> xaa na posição 11 a 12 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(15)
<223> xaa na posição 14 a 15 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)
<223> xaa na posição 16 é Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(17)
<223> xaa na posição 17 é Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(19)
<223> xaa na posição 19 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é Phe ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(23)
<223> xaa na posição 22 a 23 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(25)
<223> xaa na posição 25 é Phe ou Tyr
<400> 142
Tyr xaa Pro xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa xaa Tyr xaa xaa xaa
  1          5          10          15
xaa Leu xaa xaa Phe xaa xaa Phe xaa
          20          25
<210> 143

```

<211> 879
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(879)
 <400> 143

atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag	48
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys	
1 5 10 15	
tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt	96
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe	
20 25 30	
cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tcg agt acg gcg cat tta ccc gcc	144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala	
35 40 45	
att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc	192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val	
50 55 60	
aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa	240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys	
65 70 75 80	
att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg	288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala	
85 90 95	
ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa	336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln	
100 105 110	
gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg	384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr	
115 120 125	
gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata	432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile	
130 135 140	
tac gag ttt gta gat act tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg	480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg	
145 150 155 160	
caa gta agt ttc cta cac att tat cac cac agc acg att tcc ttt att	528
Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile	
165 170 175	
tgg tgg atc att gct cgg agg gct ccg ggt ggt gat gct tac ttc agc	576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser	
180 185 190	
gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg tgc atg tac acc tat tat cta	624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu	
195 200 205	
tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat cct aag cgt tcc aac tac ctt	672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu	
210 215 220	
tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg cag atg ctt cag ttt ttc ttc	720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe	
225 230 235 240	
aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tcg ttc tct acg tat ccc aag	768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys	
245 250 255	
ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat atg atg agc ctt ctc ggc ttg	816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu	
260 265 270	
ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac ata gca gca gct aag ctc cag	864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln	
275 280 285	
aaa aaa cag cag tga	879
Lys Lys Gln Gln	

290
 <210> 144
 <211> 292
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 144
 Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
 1 5 10 15
 Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
 20 25 30
 Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
 35 40 45
 Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
 50 55 60
 Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
 65 70 75 80
 Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
 85 90 95
 Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
 100 105 110
 Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
 115 120 125
 Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
 130 135 140
 Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
 145 150 155 160
 Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
 165 170 175
 Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
 180 185 190
 Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
 195 200 205
 Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
 210 215 220
 Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
 225 230 235 240
 Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
 245 250 255
 Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
 260 265 270
 Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
 275 280 285
 Lys Lys Gln Gln

290
 <210> 145
 <211> 831
 <212> DNA
 <213> *Thraustochytrium* sp
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(831)
 <400> 145
 atg gat gtc gtc gag cag caa tgg cgc cgc ttc gtg gac gcc gtg gac 48
 Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp
 1 5 10 15
 aac gga atc gtg gag ttc atg gag cat gag gag ccc aac aag ctg aac 96
 Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Glu Pro Asn Lys Leu Asn
 20 25 30
 gag ggc aag ctc tcc acc tcg acc gag gag atg atg gcg ctt atc gtc 144
 Glu Gly Lys Leu Ser Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val
 35 40 45
 ggc tac ctg gcg ttc gtg gtc ctc ggg tcc gcc ttc atg aag gcc ttt 192
 Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe

50	55	60	
gtc gat aag cct ttc gag ctc aag ttc ctc aag ctc gtg cac aac atc			240
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile			
65	70	75	80
ttc ctc acc ggt ctg tcc atg tac atg gcc acc gag tgc gcg cgc cag			288
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln			
85	90	95	
gca tac ctc ggc ggc tac aag ctc ttt ggc aac ccg atg gag aag ggc			336
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly			
100	105	110	
acc gag tgc cac gcc ccg ggc atg gcc aac atc atc tac atc ttc tac			384
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr			
115	120	125	
gtg agc aag ttc ctc gaa ttc ctc gac acc gtc ttc atg atc ctc ggc			432
Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly			
130	135	140	
aag aag tgg aag cag ctc agc ttt ctc cac gtc tac cac cac gcg agc			480
Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser			
145	150	155	160
atc agc ttc atc tgg ggc atc atc gcc cgc ttc gcg ccc ggt ggc gac			528
Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp			
165	170	175	
gcc tac ttc tct acc atc ctc aac agc agc gtg cat gtc gtg ctc tac			576
Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr			
180	185	190	
ggc tac tac gcc tcg acc acc ctc ggc tac acc ttc atg cgc ccg ctg			624
Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu			
195	200	205	
cgc ccg tac att acc acc att cag ctc acg cag ttc atg gcc atg gtc			672
Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val			
210	215	220	
gtc cag tcc gtc tat gac tac tac aac ccc tgc gac tac ccg cag ccc			720
Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro			
225	230	235	240
ctc gtc aag ctg ctc ttc tgg tac atg ctc acc atg ctc ggc ctc ttc			768
Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe			
245	250	255	
ggc aac ttc ttc gtg cag cag tac ctc aag ccc aag gcg ccc aag aag			816
Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys			
260	265	270	
cag aag acc atc taa			831
Gln Lys Thr Ile			
275			
<210> 146			
<211> 276			
<212> PRT			
<213> Thraustochytrium sp			
<400> 146			
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp			
1	5	10	15
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Glu Pro Asn Lys Leu Asn			
20	25	30	
Glu Gly Lys Leu Ser Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val			
35	40	45	
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe			
50	55	60	
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile			
65	70	75	80
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln			
85	90	95	
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly			
100	105	110	
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr			

		115					120				125						
Val	Ser	Lys	Phe	Leu	Glu	Phe	Leu	Asp	Thr	Val	Phe	Met	Ile	Leu	Gly		
	130					135					140						
Lys	Lys	Trp	Lys	Gln	Leu	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Ala	Ser		
145					150					155					160		
Ile	Ser	Phe	Ile	Trp	Gly	Ile	Ile	Ala	Arg	Phe	Ala	Pro	Gly	Gly	Asp		
				165					170						175		
Ala	Tyr	Phe	Ser	Thr	Ile	Leu	Asn	Ser	Ser	Val	His	Val	Val	Leu	Tyr		
			180					185					190				
Gly	Tyr	Tyr	Ala	Ser	Thr	Thr	Leu	Gly	Tyr	Thr	Phe	Met	Arg	Pro	Leu		
	195						200					205					
Arg	Pro	Tyr	Ile	Thr	Thr	Ile	Gln	Leu	Thr	Gln	Phe	Met	Ala	Met	Val		
	210					215					220						
Val	Gln	Ser	Val	Tyr	Asp	Tyr	Tyr	Asn	Pro	Cys	Asp	Tyr	Pro	Gln	Pro		
225					230					235					240		
Leu	Val	Lys	Leu	Leu	Phe	Trp	Tyr	Met	Leu	Thr	Met	Leu	Gly	Leu	Phe		
				245				250						255			
Gly	Asn	Phe	Phe	Val	Gln	Gln	Tyr	Leu	Lys	Pro	Lys	Ala	Pro	Lys	Lys		
			260					265					270				
Gln	Lys	Thr	Ile														
		275															
<210>	147																
<211>	1146																
<212>	DNA																
<213>	Leishmania major																
<220>																	
<221>	CDS																
<222>	(1)..(1146)																
<400>	147																
atg	gtc	tct	ctg	gag	cag	gcc	gaa	cag	atc	gcg	gcc	gcg	atc	gag	gta		48
Met	Val	Ser	Leu	Glu	Gln	Ala	Glu	Gln	Ile	Ala	Ala	Ala	Ile	Glu	Val		
1			5						10					15			
cct	gac	tgg	gtc	ttg	aca	aag	tct	gcg	gcg	ctg	gtg	tac	agc	tgc	ttc		96
Pro	Asp	Trp	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Ala	Ala	Leu	Val	Tyr	Ser	Cys	Phe		
			20					25					30				
ggc	tcc	gcc	gcc	aat	gct	ttt	gaa	agc	agt	atc	aag	atc	aac	ttc	ccg		144
Gly	Ser	Ala	Ala	Asn	Ala	Phe	Glu	Ser	Ser	Ile	Lys	Ile	Asn	Phe	Pro		
		35					40					45					
gcg	cag	cat	gcg	ttc	gtg	gag	gcg	tgg	atg	cgc	gcg	cgc	tcc	cac	cct		192
Ala	Gln	His	Ala	Phe	Val	Glu	Ala	Trp	Met	Arg	Ala	Arg	Ser	His	Pro		
	50					55				60							
ttt	gcg	gag	cgc	ctg	ccg	tac	ctg	aat	ccg	tgg	cac	gtt	atc	gcc	tcg		240
Phe	Ala	Glu	Arg	Leu	Pro	Tyr	Leu	Asn	Pro	Trp	His	Val	Ile	Ala	Ser		
65					70				75					80			
ata	ctg	gcc	tac	ctc	tcc	ttg	att	gtc	acc	ttg	cgc	ctg	ttg	cat	cgt		288
Ile	Leu	Ala	Tyr	Leu	Ser	Leu	Ile	Val	Thr	Leu	Arg	Leu	Leu	His	Arg		
				85				90						95			
gta	ctc	ggt	aag	ttc	tcg	tgc	cgc	act	ctc	gga	ttg	gtg	cac	aac	ctc		336
Val	Leu	Gly	Lys	Phe	Ser	Cys	Arg	Thr	Leu	Gly	Leu	Val	His	Asn	Leu		
			100					105					110				
ggt	ctc	cat	ctt	ctc	tcg	ttg	tac	atg	agc	ctt	ggt	ctc	atg	atc	agc		384
Gly	Leu	His	Leu	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Ser	Leu	Gly	Leu	Met	Ile	Ser		
		115					120					125					
gcg	cgc	gcc	gcg	ggg	tac	tcg	ctc	tgg	aac	aac	gcg	gtc	ggc	acc	tcc		432
Ala	Arg	Ala	Ala	Gly	Tyr	Ser	Leu	Trp	Asn	Asn	Ala	Val	Gly	Thr	Ser		
	130					135					140						
ccg	gct	gag	tgg	cgc	att	gcg	aag	ctg	atc	tgg	ctc	ttc	tat	gtc	tcg		480
Pro	Ala	Glu	Trp	Arg	Ile	Ala	Lys	Leu	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Val	Ser		
145					150				155						160		
aag	gtg	gtg	gaa	tgg	gtg	gac	acg	gta	att	atg	tta	tta	aag	cag	aac		528
Lys	Val	Val	Glu	Trp	Val	Asp	Thr	Val	Ile	Met	Leu	Leu	Lys	Gln	Asn		
				165				170						175			
tac	cac	cag	gtc	acc	ttc	ctg	cac	gtg	tat	cac	cac	acg	acg	gtt	ttt		576

Tyr	His	Gln	Val	Thr	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Thr	Thr	Val	Phe		
			180					185						190			
gtg	ctg	tgg	tgg	ctg	gcg	ttg	ctg	gtc	gct	cct	ggc	ggc	gag	tcg	tac		624
Val	Leu	Trp	Trp	Leu	Ala	Leu	Leu	Val	Ala	Pro	Gly	Gly	Glu	Ser	Tyr		
		195					200					205					
tac	agc	gcc	atg	gtg	aac	tct	ggc	gtc	cac	gtt	ttc	atg	tac	ggg	tac		672
Tyr	Ser	Ala	Met	Val	Asn	Ser	Gly	Val	His	Val	Phe	Met	Tyr	Gly	Tyr		
	210					215					220						
tac	ttt	ctc	acg	ctg	ctc	ttc	cca	tcc	ggc	atc	gtg	cgc	gac	gtc	ttg		720
Tyr	Phe	Leu	Thr	Leu	Leu	Phe	Pro	Ser	Gly	Ile	Val	Arg	Asp	Val	Leu		
225					230					235					240		
agc	aag	ttc	aag	ttt	gcc	att	acg	aag	ggc	cag	atg	tgg	cag	ttc	gtc		768
Ser	Lys	Phe	Lys	Phe	Ala	Ile	Thr	Lys	Gly	Gln	Met	Trp	Gln	Phe	Val		
			245						250					255			
ttc	aac	tgc	cta	cag	tcc	gcg	tac	gac	ctc	gtg	tgg	gtg	ccg	cgg	gaa		816
Phe	Asn	Cys	Leu	Gln	Ser	Ala	Tyr	Asp	Leu	Val	Trp	Val	Pro	Arg	Glu		
			260					265					270				
gag	ctc	aag	tac	agc	gcg	gag	ctg	ctg	cag	atc	ctc	ttc	tgg	tac	atg		864
Glu	Leu	Lys	Tyr	Ser	Ala	Glu	Leu	Leu	Gln	Ile	Leu	Phe	Trp	Tyr	Met		
		275					280					285					
atc	tcc	ctc	ttg	gcg	ctc	ttt	ggc	aac	ttc	ttg	gtg	aag	aac	aag	aag		912
Ile	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Leu	Val	Lys	Asn	Lys	Lys		
	290					295					300						
ttc	tcg	cac	cgc	cgc	tgc	gtt	gat	gcc	gcg	act	gct	tcg	ggc	gcg	aag		960
Phe	Ser	His	Arg	Arg	Cys	Val	Asp	Ala	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly	Ala	Lys		
305					310					315					320		
gag	gac	acg	gcg	gcg	agg	tcc	cac	ggc	gac	cgc	acc	cac	aga	acc	cgt		
1008																	
Glu	Asp	Thr	Ala	Ala	Arg	Ser	His	Gly	Asp	Arg	Thr	His	Arg	Thr	Arg		
			325						330					335			
gtg	aag	gct	ggc	atg	acc	aac	atg	caa	ctg	gag	agg	ctg	aag	aat	gag		
1056																	
Val	Lys	Ala	Gly	Met	Thr	Asn	Met	Gln	Leu	Glu	Arg	Leu	Lys	Asn	Glu		
		340						345					350				
aag	tcc	acg	gag	atg	aag	ctg	ctg	atg	cgc	aag	aac	ggc	aac	ggc	aac		
1104																	
Lys	Ser	Thr	Glu	Met	Lys	Leu	Leu	Met	Arg	Lys	Asn	Gly	Asn	Gly	Asn		
		355				360						365					
gga	caa	aaa	gcg	tcg	ctc	cag	gcc	atg	gca	ggc	agt	cga	tga				
1146																	
Gly	Gln	Lys	Ala	Ser	Leu	Gln	Ala	Met	Ala	Gly	Ser	Arg					
	370					375					380						
<210>	148																
<211>	381																
<212>	PRT																
<213>	Leishmania major																
<400>	148																
Met	Val	Ser	Leu	Glu	Gln	Ala	Glu	Gln	Ile	Ala	Ala	Ala	Ile	Glu	Val		
1			5						10					15			
Pro	Asp	Trp	Val	Leu	Thr	Lys	Ser	Ala	Ala	Leu	Val	Tyr	Ser	Cys	Phe		
		20						25					30				
Gly	Ser	Ala	Ala	Asn	Ala	Phe	Glu	Ser	Ser	Ile	Lys	Ile	Asn	Phe	Pro		
		35					40					45					
Ala	Gln	His	Ala	Phe	Val	Glu	Ala	Trp	Met	Arg	Ala	Arg	Ser	His	Pro		
	50					55					60						
Phe	Ala	Glu	Arg	Leu	Pro	Tyr	Leu	Asn	Pro	Trp	His	Val	Ile	Ala	Ser		
65					70					75					80		
Ile	Leu	Ala	Tyr	Leu	Ser	Leu	Ile	Val	Thr	Leu	Arg	Leu	Leu	His	Arg		
			85						90					95			
Val	Leu	Gly	Lys	Phe	Ser	Cys	Arg	Thr	Leu	Gly	Leu	Val	His	Asn	Leu		
		100						105					110				
Gly	Leu	His	Leu	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Ser	Leu	Gly	Leu	Met	Ile	Ser		
		115					120						125				

Ala	Arg	Ala	Ala	Gly	Tyr	Ser	Leu	Trp	Asn	Asn	Ala	Val	Gly	Thr	Ser	
130						135					140					
Pro	Ala	Glu	Trp	Arg	Ile	Ala	Lys	Leu	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Val	Ser	
145					150					155					160	
Lys	Val	Val	Glu	Trp	Val	Asp	Thr	Val	Ile	Met	Leu	Leu	Lys	Gln	Asn	
				165					170					175		
Tyr	His	Gln	Val	Thr	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Thr	Thr	Val	Phe	
			180					185					190			
Val	Leu	Trp	Trp	Leu	Ala	Leu	Leu	Val	Ala	Pro	Gly	Gly	Glu	Ser	Tyr	
		195					200					205				
Tyr	Ser	Ala	Met	Val	Asn	Ser	Gly	Val	His	Val	Phe	Met	Tyr	Gly	Tyr	
	210					215					220					
Tyr	Phe	Leu	Thr	Leu	Leu	Phe	Pro	Ser	Gly	Ile	Val	Arg	Asp	Val	Leu	
225					230					235					240	
Ser	Lys	Phe	Lys	Phe	Ala	Ile	Thr	Lys	Gly	Gln	Met	Trp	Gln	Phe	Val	
				245					250					255		
Phe	Asn	Cys	Leu	Gln	Ser	Ala	Tyr	Asp	Leu	Val	Trp	Val	Pro	Arg	Glu	
		260						265					270			
Glu	Leu	Lys	Tyr	Ser	Ala	Glu	Leu	Leu	Gln	Ile	Leu	Phe	Trp	Tyr	Met	
	275						280					285				
Ile	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Leu	Val	Lys	Asn	Lys	Lys	
	290					295					300					
Phe	Ser	His	Arg	Arg	Cys	Val	Asp	Ala	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly	Ala	Lys	
305					310					315					320	
Glu	Asp	Thr	Ala	Ala	Arg	Ser	His	Gly	Asp	Arg	Thr	His	Arg	Thr	Arg	
				325					330					335		
Val	Lys	Ala	Gly	Met	Thr	Asn	Met	Gln	Leu	Glu	Arg	Leu	Lys	Asn	Glu	
			340					345					350			
Lys	Ser	Thr	Glu	Met	Lys	Leu	Leu	Met	Arg	Lys	Asn	Gly	Asn	Gly	Asn	
		355					360					365				
Gly	Gln	Lys	Ala	Ser	Leu	Gln	Ala	Met	Ala	Gly	Ser	Arg				
	370					375					380					
<210>	149															
<211>	879															
<212>	DNA															
<213>	Ostreococcus tauri															
<220>																
<221>	CDS															
<222>	(1)..(879)															
<400>	149															
atg	agt	ggc	tta	cgt	gca	ccc	aac	ttt	tta	cac	aga	ttc	tgg	aca	aag	48
Met	Ser	Gly	Leu	Arg	Ala	Pro	Asn	Phe	Leu	His	Arg	Phe	Trp	Thr	Lys	
1			5						10					15		
tgg	gac	tac	gcg	att	tcc	aaa	gtc	gtc	ttc	acg	tgt	gcc	gac	agt	ttt	96
Trp	Asp	Tyr	Ala	Ile	Ser	Lys	Val	Phe	Thr	Cys	Ala	Asp	Ser	Phe		
			20					25				30				
cag	tgg	gac	atc	ggg	cca	gtg	agt	tcg	agt	acg	gcg	cat	tta	ccc	gcc	144
Gln	Trp	Asp	Ile	Gly	Pro	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	His	Leu	Pro	Ala	
			35				40					45				
att	gaa	tcc	cct	acc	cca	ctg	gtg	act	agc	ctc	ttg	ttc	tac	tta	gtc	192
Ile	Glu	Ser	Pro	Thr	Pro	Leu	Val	Thr	Ser	Leu	Leu	Phe	Tyr	Leu	Val	
	50					55					60					
aca	gtt	ttc	ttg	tgg	tat	ggt	cgt	tta	acc	agg	agt	tca	gac	aag	aaa	240
Thr	Val	Phe	Leu	Trp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Thr	Arg	Ser	Ser	Asp	Lys	Lys	
65					70				75					80		
att	aga	gag	cct	acg	tgg	tta	aga	aga	ttc	ata	ata	tgt	cat	aat	gcg	288
Ile	Arg	Glu	Pro	Thr	Trp	Leu	Arg	Arg	Phe	Ile	Ile	Cys	His	Asn	Ala	
				85					90				95			
ttc	ttg	ata	gtc	ctc	agt	ctt	tac	atg	tgc	ctt	ggt	tgt	gtg	gcc	caa	336
Phe	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Cys	Leu	Gly	Cys	Val	Ala	Gln	
			100					105				110				
gcg	tat	cag	aat	gga	tat	act	tta	tgg	ggt	aat	gaa	ttc	aag	gcc	acg	384
Ala	Tyr	Gln	Asn	Gly	Tyr	Thr	Leu	Trp	Gly	Asn	Glu	Phe	Lys	Ala	Thr	

115																120				125				
gaa	act	cag	ctt	gct	ctc	tac	att	tac	att	ttt	tac	gta	agt	aaa	ata	432								
Glu	Thr	Gln	Leu	Ala	Leu	Tyr	Ile	Tyr	Ile	Phe	Tyr	Val	Ser	Lys	Ile									
130																135				140				
tac	gag	ttt	gta	gat	act	tac	att	atg	ctt	ctc	aag	aat	aac	ttg	cgg	480								
Tyr	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Tyr	Ile	Met	Leu	Leu	Lys	Asn	Asn	Leu	Arg									
145																150				155				
caa	gta	agt	ttc	cta	cac	att	tat	cac	cac	agc	acg	att	tcc	ttt	att	528								
Gln	Val	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Tyr	His	His	Ser	Thr	Ile	Ser	Phe	Ile									
165																170				175				
tgg	tgg	atc	att	gct	cgg	agg	gct	ccg	ggg	ggg	gat	gct	tac	ttc	agc	576								
Trp	Trp	Ile	Ile	Ala	Arg	Arg	Ala	Pro	Gly	Gly	Asp	Ala	Tyr	Phe	Ser									
180																185				190				
gcg	gcc	ttg	aac	tca	tgg	gta	cac	gtg	tgc	atg	tac	acc	tat	tat	cta	624								
Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Trp	Val	His	Val	Cys	Met	Tyr	Thr	Tyr	Tyr	Leu									
195																200				205				
tta	tca	acc	ctt	att	gga	aaa	gaa	gat	cct	aag	cgt	tcc	aac	tac	ctt	672								
Leu	Ser	Thr	Leu	Ile	Gly	Lys	Glu	Asp	Pro	Lys	Arg	Ser	Asn	Tyr	Leu									
210																215				220				
tgg	tgg	ggg	cgc	cac	cta	acg	caa	atg	cag	atg	ctt	cag	ttt	ttc	ttc	720								
Trp	Trp	Gly	Arg	His	Leu	Thr	Gln	Met	Gln	Met	Leu	Gln	Phe	Phe	Phe									
225																230				235				
aac	gta	ctt	caa	gcg	ttg	tac	tgc	gct	tcg	ttc	tct	acg	tat	ccc	aag	768								
Asn	Val	Leu	Gln	Ala	Leu	Tyr	Cys	Ala	Ser	Phe	Ser	Thr	Tyr	Pro	Lys									
245																250				255				
ttt	ttg	tcc	aaa	att	ctg	ctc	gtc	tat	atg	atg	agc	ctt	ctc	ggc	ttg	816								
Phe	Leu	Ser	Lys	Ile	Leu	Leu	Val	Tyr	Met	Met	Ser	Leu	Leu	Gly	Leu									
260																265				270				
ttt	ggg	cat	ttc	tac	tat	tcc	aag	cac	ata	gca	gca	gct	aag	ctc	cag	864								
Phe	Gly	His	Phe	Tyr	Tyr	Ser	Lys	His	Ile	Ala	Ala	Ala	Lys	Leu	Gln									
275																280				285				
aaa	aaa	cag	cag	tga												879								
Lys	Lys	Gln	Gln																					
290																								
<210>		150																						
<211>		292																						
<212>		PRT																						
<213>		Ostreococcus tauri																						
<400>		150																						
Met	Ser	Gly	Leu	Arg	Ala	Pro	Asn	Phe	Leu	His	Arg	Phe	Trp	Thr	Lys									
1																5	10	15						
Trp	Asp	Tyr	Ala	Ile	Ser	Lys	Val	Val	Phe	Thr	Cys	Ala	Asp	Ser	Phe									
20																25	30							
Gln	Trp	Asp	Ile	Gly	Pro	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	His	Leu	Pro	Ala									
35																40	45							
Ile	Glu	Ser	Pro	Thr	Pro	Leu	Val	Thr	Ser	Leu	Leu	Phe	Tyr	Leu	Val									
50																55	60							
Thr	Val	Phe	Leu	Trp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Thr	Arg	Ser	Ser	Asp	Lys	Lys									
65																70	75	80						
Ile	Arg	Glu	Pro	Thr	Trp	Leu	Arg	Arg	Phe	Ile	Ile	Cys	His	Asn	Ala									
85																90	95							
Phe	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Cys	Leu	Gly	Cys	Val	Ala	Gln									
100																105	110							
Ala	Tyr	Gln	Asn	Gly	Tyr	Thr	Leu	Trp	Gly	Asn	Glu	Phe	Lys	Ala	Thr	</								

Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Trp	Val	His	Val	Cys	Met	Tyr	Thr	Tyr	Tyr	Leu	
	195						200					205				
Leu	Ser	Thr	Leu	Ile	Gly	Lys	Glu	Asp	Pro	Lys	Arg	Ser	Asn	Tyr	Leu	
	210					215					220					
Trp	Trp	Gly	Arg	His	Leu	Thr	Gln	Met	Gln	Met	Leu	Gln	Phe	Phe	Phe	
225					230					235					240	
Asn	Val	Leu	Gln	Ala	Leu	Tyr	Cys	Ala	Ser	Phe	Ser	Thr	Tyr	Pro	Lys	
				245					250					255		
Phe	Leu	Ser	Lys	Ile	Leu	Leu	Val	Tyr	Met	Met	Ser	Leu	Leu	Gly	Leu	
			260					265					270			
Phe	Gly	His	Phe	Tyr	Tyr	Ser	Lys	His	Ile	Ala	Ala	Ala	Lys	Leu	Gln	
		275					280					285				
Lys	Lys	Gln	Gln													
	290															
<210>	151															
<211>	873															
<212>	DNA															
<213>	Physcomitrella patens															
<220>																
<221>	CDS															
<222>	(1)..(873)															
<400>	151															
atg	gag	gtc	gtg	gag	aga	ttc	tac	ggt	gag	ttg	gat	ggg	aag	gtc	tcg	48
Met	Glu	Val	Val	Glu	Arg	Phe	Tyr	Gly	Glu	Leu	Asp	Gly	Lys	Val	Ser	
1			5						10				15			
cag	ggc	gtg	aat	gca	ttg	ctg	ggt	agt	ttt	ggg	gtg	gag	ttg	acg	gat	96
Gln	Gly	Val	Asn	Ala	Leu	Leu	Gly	Ser	Phe	Gly	Val	Glu	Leu	Thr	Asp	
			20					25					30			
acg	ccc	act	acc	aaa	ggc	ttg	ccc	ctc	ggt	gac	agt	ccc	aca	ccc	atc	144
Thr	Pro	Thr	Thr	Lys	Gly	Leu	Pro	Leu	Val	Asp	Ser	Pro	Thr	Pro	Ile	
			35				40					45				
gtc	ctc	ggt	gtt	tct	gta	tac	ttg	act	att	gtc	att	gga	ggg	ctt	ttg	192
Val	Leu	Gly	Val	Ser	Val	Tyr	Leu	Thr	Ile	Val	Ile	Gly	Gly	Leu	Leu	
			50			55					60					
tgg	ata	aag	gcc	agg	gat	ctg	aaa	ccg	cgc	gcc	tcg	gag	cca	ttt	ttg	240
Trp	Ile	Lys	Ala	Arg	Asp	Leu	Lys	Pro	Arg	Ala	Ser	Glu	Pro	Phe	Leu	
65				70					75					80		
ctc	caa	gct	ttg	gtg	ctt	gtg	cac	aac	ctg	ttc	tgt	ttt	gcg	ctc	agt	288
Leu	Gln	Ala	Leu	Val	Leu	Val	His	Asn	Leu	Phe	Cys	Phe	Ala	Leu	Ser	
			85					90					95			
ctg	tat	atg	tgc	gtg	ggc	atc	gct	tat	cag	gct	att	acc	tgg	cgg	tac	336
Leu	Tyr	Met	Cys	Val	Gly	Ile	Ala	Tyr	Gln	Ala	Ile	Thr	Trp	Arg	Tyr	
			100					105					110			
tct	ctc	tgg	ggc	aat	gca	tac	aat	cct	aaa	cat	aaa	gag	atg	gcg	att	384
Ser	Leu	Trp	Gly	Asn	Ala	Tyr	Asn	Pro	Lys	His	Lys	Glu	Met	Ala	Ile	
		115					120					125				
ctg	gta	tac	ttg	ttc	tac	atg	tct	aag	tac	gtg	gaa	ttc	atg	gat	acc	432
Leu	Val	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Met	Ser	Lys	Tyr	Val	Glu	Phe	Met	Asp	Thr	
			130			135					140					
gtt	atc	atg	ata	ctg	aag	cgc	agc	acc	agg	caa	ata	agc	ttc	ctc	cac	480
Val	Ile	Met	Ile	Leu	Lys	Arg	Ser	Thr	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	His	
145				150						155				160		
gtt	tat	cat	cat	tct	tca	att	tcc	ctc	att	tgg	tgg	gct	att	gct	cat	528
Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Ser	Leu	Ile	Trp	Trp	Ala	Ile	Ala	His	
				165					170					175		
cac	gct	cct	ggc	ggt	gaa	gca	tat	tgg	tct	gcg	gct	ctg	aac	tca	gga	576
His	Ala	Pro	Gly	Gly	Glu	Ala	Tyr	Trp	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Gly	
			180					185					190			
gtg	cat	gtt	ctc	atg	tat	gcg	tat	tac	ttc	ttg	gct	gcc	tgc	ctt	cga	624
Val	His	Val	Leu	Met	Tyr	Ala	Tyr	Tyr	Phe	Leu	Ala	Ala	Cys	Leu	Arg	
			195				200					205				
agt	agc	cca	aag	tta	aaa	aat	aag	tac	ctt	ttt	tgg	ggc	agg	tac	ttg	672
Ser	Ser	Pro	Lys	Leu	Lys	Asn	Lys	Tyr	Leu	Phe	Trp	Gly	Arg	Tyr	Leu	

210	215	220	
aca caa ttc caa atg ttc	cag ttt atg ctg aac	tta gtg cag gct tac	720
Thr Gln Phe Gln Met Phe	Gln Phe Met Leu Asn	Leu Val Gln Ala Tyr	
225	230	235	240
tac gac atg aaa acg aat	gcg cca tat cca caa	tgg ctg atc aag att	768
Tyr Asp Met Lys Thr Asn	Ala Pro Tyr Pro Gln	Trp Leu Ile Lys Ile	
245	250	255	
ttg ttc tac tac atg atc	tcg ttg ctg ttt ctt	ttc ggc aat ttt tac	816
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile	Ser Leu Leu Phe Leu	Phe Gly Asn Phe Tyr	
260	265	270	
gta caa aaa tac atc aaa	ccc tct gac gga aag	caa aag gga gct aaa	864
Val Gln Lys Tyr Ile Lys	Pro Ser Asp Gly Lys	Gln Lys Gly Ala Lys	
275	280	285	
act gag tga			873
Thr Glu			
290			
<210>	152		
<211>	290		
<212>	PRT		
<213>	Physcomitrella patens		
<400>	152		
Met Glu Val Val Glu Arg	Phe Tyr Gly Glu Leu	Asp Gly Lys Val Ser	
1	5	10	15
Gln Gly Val Asn Ala	Leu Leu Gly Ser Phe	Gly Val Glu Leu Thr	Asp
20	25	30	
Thr Pro Thr Thr Lys	Gly Leu Pro Leu Val	Asp Ser Pro Thr Pro	Ile
35	40	45	
Val Leu Gly Val Ser	Val Tyr Leu Thr Ile	Val Ile Gly Gly Leu	Leu
50	55	60	
Trp Ile Lys Ala Arg	Asp Leu Lys Pro Arg	Ala Ser Glu Pro Phe	Leu
65	70	75	80
Leu Gln Ala Leu Val	Leu Val His Asn Leu	Phe Cys Phe Ala Leu	Ser
85	90	95	
Leu Tyr Met Cys Val	Gly Ile Ala Tyr Gln	Ala Ile Thr Trp Arg	Tyr
100	105	110	
Ser Leu Trp Gly Asn	Ala Tyr Asn Pro Lys	His Lys Glu Met Ala	Ile
115	120	125	
Leu Val Tyr Leu Phe	Tyr Met Ser Lys Tyr	Val Glu Phe Met Asp	Thr
130	135	140	
Val Ile Met Ile Leu	Lys Arg Ser Thr Arg	Gln Ile Ser Phe Leu	His
145	150	155	160
Val Tyr His His Ser	Ile Ser Leu Ile Trp	Trp Ala Ile Ala His	
165	170	175	
His Ala Pro Gly Glu	Ala Tyr Trp Ser Ala	Ala Leu Asn Ser Gly	
180	185	190	
Val His Val Leu Met	Tyr Ala Tyr Phe Leu	Ala Ala Cys Leu Arg	
195	200	205	
Ser Ser Pro Lys Leu	Lys Asn Lys Tyr Leu	Phe Trp Gly Arg Tyr	Leu
210	215	220	
Thr Gln Phe Gln Met	Phe Gln Phe Met Leu	Asn Leu Val Gln Ala	Tyr
225	230	235	240
Tyr Asp Met Lys Thr	Asn Ala Pro Tyr Pro	Gln Trp Leu Ile Lys	Ile
245	250	255	
Leu Phe Tyr Tyr Met	Ile Ser Leu Leu Phe	Leu Phe Gly Asn Phe	Tyr
260	265	270	
Val Gln Lys Tyr Ile	Lys Pro Ser Asp Gly	Lys Gln Lys Gly Ala	Lys
275	280	285	
Thr Glu			
290			
<210>	153		
<211>	957		
<212>	DNA		
<213>	Mortierella alpina		

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(957)
<400> 153
atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg      48
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1      5      10      15
ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc      96
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
20      25      30
gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc      144
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
35      40      45
acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct      192
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
50      55      60
ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc      240
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
65      70      75      80
gtg ctc gct tat ttg gtc acg gtc ttt gtg ggc atg cag atc atg aag      288
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
85      90      95
aac ttt gag cgg ttc gag gtc aag acg ttt tcg ctc ctg cac aac ttt      336
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
100      105      110
tgt ctg gtc tcg atc agc gcc tac atg tgc ggt ggg atc ctg tac gag      384
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
115      120      125
gct tat cag gcc aac tat gga ctg ttt gag aac gct gct gat cat acc      432
Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
130      135      140
ttc aag ggt ctt cct atg gcc aag atg atc tgg ctc ttc tac ttc tcc      480
Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
145      150      155      160
aag atc atg gag ttt gtc gac acc atg atc atg gtc ctc aag aag aac      528
Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
165      170      175
aac cgc cag atc tcc ttc ttg cac gtt tac cac cac agc tcc atc ttc      576
Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
180      185      190
acc atc tgg tgg ttg gtc acc ttt gtt gca ccc aac ggt gaa gcc tac      624
Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
195      200      205
ttc tct gct gcg ttg aac tcg ttc atc cat gtg atc atg tac ggc tac      672
Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
210      215      220
tac ttc ttg tcg gcc ttg ggc ttc aag cag gtg tcg ttc atc aag ttc      720
Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
225      230      235      240
tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag      768
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
245      250      255
tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac      816
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260      265      270
ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc      864
Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
275      280      285
ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag      912
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290      295      300
gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa      957
Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln

```

305					310						315					
<210>	154															
<211>	318															
<212>	PRT															
<213>	Mortierella alpina															
<400>	154															
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu																
1				5					10					15		
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val																
			20					25					30			
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro																
			35				40					45				
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro																
			50			55						60				
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile																
65					70					75						80
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys																
			85					90						95		
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe																
			100					105					110			
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu																
			115				120					125				
Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr																
			130			135						140				
Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser																
145					150					155						160
Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn																
			165					170						175		
Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe																
			180					185						190		
Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr																
			195				200					205				
Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr																
			210			215						220				
Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe																
225					230					235						240
Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln																
			245					250						255		
Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr																
			260					265						270		
Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu																
			275				280						285			
Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln																
			290			295						300				
Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln																
305					310					315						
<210>	155															

<221> Variante
 <222> (16)..(36)
 <223> xaa na posição 16 a 36 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(43)
 <223> xaa na posição 37 a 43 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (46)..(47)
 <223> xaa na posição 46 a 47 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (49)..(50)
 <223> xaa na posição 49 a 50 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (53)..(53)
 <223> xaa na posição 53 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (56)..(57)
 <223> xaa na posição 56 a 57 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (59)..(62)
 <223> xaa na posição 59 a 62 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (64)..(67)
 <223> xaa na posição 64 a 67 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (69)..(69)
 <223> xaa na posição 69 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (71)..(72)
 <223> xaa na posição 71 a 72 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (74)..(82)
 <223> xaa na posição 74 a 82 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (83)..(86)
 <223> xaa na posição 83 a 86 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (88)..(89)
 <223> xaa na posição 88 a 89 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (91)..(92)
 <223> xaa na posição 91 a 92 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (95)..(95)
 <223> xaa na posição 95 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (98)..(99)
 <223> xaa na posição 98 a 99 é qualquer aminoácido

<220>
<221> Variante
<222> (102)..(102)
<223> xaa na posição 102 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (105)..(105)
<223> xaa na posição 105 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (108)..(108)
<223> xaa na posição 108 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (111)..(114)
<223> xaa na posição 111 a 114 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (116)..(116)
<223> xaa na posição 116 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (121)..(121)
<223> xaa na posição 121 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (125)..(126)
<223> xaa na posição 125 a 126 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (128)..(129)
<223> xaa na posição 128 a 129 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (133)..(137)
<223> xaa na posição 133 a 137 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (142)..(142)
<223> xaa na posição 142 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (145)..(145)
<223> xaa na posição 145 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (148)..(148)
<223> xaa na posição 148 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (152)..(152)
<223> xaa na posição 152 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (156)..(156)
<223> xaa na posição 156 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (159)..(159)
<223> xaa na posição 159 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (162)..(162)

<223> xaa na posição 162 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (164)..(165)
 <223> xaa na posição 164 a 165 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (167)..(178)
 <223> xaa na posição 167 a 178 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (179)..(184)
 <223> xaa na posição 179 a 184 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (186)..(187)
 <223> xaa na posição 186 a 187 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (190)..(190)
 <223> xaa na posição 190 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (193)..(197)
 <223> xaa na posição 193 a 197 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (199)..(200)
 <223> xaa na posição 199 a 200 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (202)..(207)
 <223> xaa na posição 202 a 207 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (208)..(213)
 <223> xaa na posição 208 a 213 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (216)..(217)
 <223> xaa na posição 216 a 217 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (219)..(221)
 <223> xaa na posição 219 a 221 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (223)..(224)
 <223> xaa na posição 223 a 224 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (227)..(229)
 <223> xaa na posição 227 a 229 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (231)..(231)
 <223> xaa na posição 231 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (235)..(235)
 <223> xaa na posição 235 é qualquer aminoácido
 <400> 155
 Pro xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa Tyr Leu xaa xaa Val xaa

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

<210> 156

<211> 59

<212> PRT

<213> Sequência artificial

<220>

<221> Variante

<222> (2)..(2)

<223> xaa na posição 2 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (5)..(5)

<223> xaa na posição 5 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (6)..(6)

<223> xaa na posição 6 é Phe ou Ile

<220>

<221> Variante

<222> (8)..(8)

<223> xaa na posição 8 é Ile, Leu ou Val

<220>

<221> Variante

<222> (10)..(13)

<223> xaa na posição 10 a 13 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (14)..(14)

<223> xaa na posição 14 é Lys ou Arg

<220>

<221> Variante

<222> (16)..(16)

<223> xaa na posição 16 é Ile, Leu ou Val

<220>

<221> Variante

<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(25)
<223> xaa na posição 25 é Ala ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (26)..(26)
<223> xaa na posição 26 é Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(29)
<223> xaa na posição 28 a 29 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (32)..(32)
<223> xaa na posição 32 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (33)..(33)
<223> xaa na posição 33 é Ala, Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(35)
<223> xaa na posição 35 é Ala ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (36)..(37)
<223> xaa na posição 36 a 37 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (40)..(40)
<223> xaa na posição 40 é Gly ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (42)..(42)
<223> xaa na posição 42 é Asp ou Glu
<220>
<221> Variante
<222> (45)..(45)
<223> xaa na posição 45 é Phe ou Trp
<220>
<221> Variante
<222> (47)..(47)
<223> xaa na posição 47 é Ala ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (48)..(48)
<223> xaa na posição 48 é Ala ou Ile
<220>
<221> Variante
<222> (52)..(52)
<223> xaa na posição 52 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (53)..(53)
<223> xaa na posição 53 é Ile ou Val
<220>

<221> Variante
 <222> (56)..(56)
 <223> xaa na posição 56 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (57)..(57)
 <223> xaa na posição 57 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (59)..(59)
 <223> xaa na posição 59 é Ala, Gly ou Thr
 <400> 156
 Phe xaa Asp Thr xaa xaa Met xaa Leu xaa xaa xaa xaa xaa Gln xaa
 1 5 10 15
 --Ser-Phe Leu His xaa Tyr His His xaa xaa Ile xaa xaa Ile Trp-xaa
 20 25 30
 xaa xaa xaa xaa xaa Ala Pro xaa Gly xaa Ala Tyr xaa Ser xaa xaa
 35 40 45
 Leu Asn Ser xaa xaa His Val xaa xaa Tyr xaa
 50 55
 <210> 157
 <211> 22
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é Ala, Cys ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(7)
 <223> xaa na posição 7 é Glu ou Gly
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(10)
 <223> xaa na posição 8 a 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (11)..(11)
 <223> xaa na posição 11 é Gln ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(16)
 <223> xaa na posição 13 a 16 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(20)
 <223> xaa na posição 20 é Phe ou Trp
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)

<223> xaa na posição 21 é Gly ou Asn
 <400> 157
 Ser xaa Tyr Met xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa xaa
 1 5 10 15
 Tyr xaa Leu xaa xaa Asn
 20
 <210> 158
 <211> 16
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(3)
 <223> xaa na posição 3 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(8)
 <223> xaa na posição 6 a 8 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (11)..(11)
 <223> xaa na posição 11 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Trp ou Tyr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é Cys ou Asp
 <400> 158
 Gln xaa xaa Gln Phe xaa xaa xaa xaa Val xaa Gln xaa xaa xaa xaa
 1 5 10 15
 <210> 159
 <211> 24
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(4)
 <223> xaa na posição 3 a 4 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante

```

<222> (6)..(7)
<223> xaa na posição 6 a 7 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (8)..(8)
<223> xaa na posição 8 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(11)
<223> xaa na posição 10 a 11 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é Ser ou Thr
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)
<223> xaa na posição 16 é Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (18)..(18)
<223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (21)..(22)
<223> xaa na posição 21 a 22 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (24)..(24)
<223> xaa na posição 24 é Phe ou Tyr
<400> 159
Tyr Pro xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa xaa Tyr Met xaa xaa xaa
  1           5           10           15
Leu xaa Leu Phe xaa xaa Phe xaa
      20

<210> 160
<211> 8
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Trp ou Tyr
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(3)
<223> xaa na posição 3 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Phe ou Val
<400> 160
Ile xaa xaa Phe Tyr xaa Ser Lys
  1           5

<210> 161
<211> 755
<212> DNA
<213> Cauliflower mosaic virus
<400> 161

```

```

cctgcaggtc aacatggtgg agcacgacac acttgtctac tccaaaaata tcaaagatac      60
agtctcagaa gaccaaaggg caattgagac ttttcaacaa agggtaatat cgggaaacct      120
cctcggattc cattgcccag ctatctgtca ctttattgtg aagatagtg   aaaaggaagg      180
tggctcctac aaatgccatc attgcgataa aggaaaggcc atcgttgaag atgcctctgc      240
cgacagtggg cccaaagatg gacccccacc cagaggagc   atcgtggaaa aagaagacgt      300
tccaaccacg tcttcaaagc aagtggattg atgtgataac atgggtggagc acgacacact      360
tgtctactcc aaaaatatca aagatacagt ctcagaagac caaagggcaa ttgagacttt      420
tcaacaaagg gtaatatccg gaaacctcct cggattccat tgcccagcta tctgtcactt      480
tattgtgaag atagtggaaa aggaagggtg ctctacaaa tgccatcatt gcgataaagg      540
aaaggccatc gttgaagatg cctctgccga cagtgggtccc aaagatggac ccccaccac      600
gaggagcatc gtggaaaaag aagacgttcc aaccacgtct tcaaagcaag tggattgatg      660
tgatatctcc actgacgtaa gggatgacgc acaatcccac tatccttcgc aagacccttc      720
ctctatataa ggaagttcat ttcatttggg gagga                               755
<210> 162
<211> 211
<212> DNA
<213> Cauliflower mosaic virus
<400> 162
agtccgcaaa aatcaccagt ctctctctac aaatctatct ctctctattt ttctccagaa      60
taatgtgtga gtagttccca gataagggaa ttagggttct tatagggttt cgctcatgtg      120
ttgagcatat aagaaacctt tagtatgtat ttgtatttgt aaaatacttc tatcaataaa      180
atttctaatt cctaaaacca aaatccagtg a                               211
<210> 163
<211> 819
<212> DNA
<213> Thalassiosira pseudonana
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(819)
<400> 163
atg gac gcc tac aac gct gca atg gat aag atc ggt gcc gcc atc atc      48
Met Asp Ala Tyr Asn Ala Ala Met Asp Lys Ile Gly Ala Ala Ile Ile
1 5 10 15
gat tgg tct gat ccc gat gga aag ttc cgt gcc gat aga gag gac tgg      96
Asp Trp Ser Asp Pro Asp Gly Lys Phe Arg Ala Asp Arg Glu Asp Trp
20 25 30
tgg ctc tgc gac ttc cgt agc gcc atc acc atc gcc ctc atc tac atc      144
Trp Leu Cys Asp Phe Arg Ser Ala Ile Thr Ile Ala Leu Ile Tyr Ile
35 40 45
gcc ttc gtc atc ctc ggt tcc gcc gtc atg caa tcc ctc ccc gca atg      192
Ala Phe Val Ile Leu Gly Ser Ala Val Met Gln Ser Leu Pro Ala Met
50 55 60
gat ccc tac ccc atc aaa ttc ctc tac aac gtc tcc caa atc ttc ctt      240
Asp Pro Tyr Pro Ile Lys Phe Leu Tyr Asn Val Ser Gln Ile Phe Leu
65 70 75 80
tgt gcc tac atg act gtc gag gcg gga ttt ttg gcc tac cgc aat gga      288
Cys Ala Tyr Met Thr Val Glu Ala Gly Phe Leu Ala Tyr Arg Asn Gly
85 90 95
tat acc gtc atg cct tgc aat cat ttc aat gtg aat gat cct ccc gtg      336
Tyr Thr Val Met Pro Cys Asn His Phe Asn Val Asn Asp Pro Pro Val
100 105 110
gcg aat ctt ctt tgg ttg ttt tat att tcc aag gtg tgg gac ttt tgg      384
Ala Asn Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Ile Ser Lys Val Trp Asp Phe Trp
115 120 125
gat acc att ttc att gtg ttg ggg aag aag tgg cgt caa tta tct ttc      432
Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu Ser Phe
130 135 140
ttg cat gta tac cat cac acc acc atc ttt cta ttc tat tgg ctg aat      480
Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp Leu Asn
145 150 155 160
gcc aat gtc ttg tac gat ggt gac atc ttc ctt acc atc ttg ctc aat      528
Ala Asn Val Leu Tyr Asp Gly Asp Ile Phe Leu Thr Ile Leu Leu Asn
165 170 175

```

gga ttc atc cac acg gtg atg tac acg tat tac ttc atc tgt atg cat	576
Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys Met His	
180 185 190	
acc aaa gat tcc aag acg ggc aag agt ctt cct ata tgg tgg aag tcg	624
Thr Lys Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp Lys Ser	
195 200 205	
agt ttg acg gcg ttt cag ttg ttg caa ttc act atc atg atg agt cag	672
Ser Leu Thr Ala Phe Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ile Met Met Ser Gln	
210 215 220	
gct acc tac ctt gtc ttc cac ggg tgt gat aag gtg tcg ctt cgt atc	720
Ala Thr Tyr Leu Val Phe His Gly Cys Asp Lys Val Ser Leu Arg Ile	
225 230 235 240	
acg att gtg tac ttt gtg tcc ctt ttg agt ttg ttc ttc ctt ttt gct	768
Thr Ile Val Tyr Phe Val Ser Leu Leu Ser Leu Phe Phe Leu Phe Ala	
245 250 255	
cag ttc ttt gtg caa tca tac atg gca ccc aaa aag aag aag agt gct	816
Gln Phe Phe Val Gln Ser Tyr Met Ala Pro Lys Lys Lys Lys Ser Ala	
260 265 270	
tag	819

<210> 164

<211> 272

<212> PRT

<213> Thalassiosira pseudonana

<400> 164

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

<210> 165

<211> 837

<212> DNA

<213> Phaeodactylum tricornutum


```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(837)
<400> 165
atg atg gta cct tca agt tat gac gag tat atc gtc atg gtc aac gac 48
Met Met Val Pro Ser Ser Tyr Asp Glu Tyr Ile Val Met Val Asn Asp
1 5 10 15
ctt ggc gac tct att ctg agc tgg gcc gac cct gat cac tat cgt gga 96
Leu Gly Asp Ser Ile Leu Ser Trp Ala Asp Pro Asp His Tyr Arg Gly
20 25 30
cat acc gag gga tgg gag ttc act gac ttt tct gct gct ttt agc att 144
His Thr Glu Gly Trp Glu Phe Thr Asp Phe Ser Ala Ala Phe Ser Ile
35 40 45
gcc gtc gcg tac ctc ctg ttt gtc ttt gtt gga tct ctc att atg agt 192
Ala Val Ala Tyr Leu Leu Phe Val Phe Val Gly Ser Leu Ile Met Ser
50 55 60
atg gga gtc ccc gca att gac cct tat ccg ctc aag ttt gtc tac aat 240
Met Gly Val Pro Ala Ile Asp Pro Tyr Pro Leu Lys Phe Val Tyr Asn
65 70 75 80
gtt tca cag att atg ctt tgt gct tac atg acc att gaa gcc agt ctt 288
Val Ser Gln Ile Met Leu Cys Ala Tyr Met Thr Ile Glu Ala Ser Leu
85 90 95
cta gct tat cgt aac ggc tac aca ttc tgg cct tgc aac gat tgg gac 336
Leu Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Phe Trp Pro Cys Asn Asp Trp Asp
100 105 110
ttt gaa aag ccg cct atc gct aag ctc ctc tgg ctc ttt tac gtt tcc 384
Phe Glu Lys Pro Pro Ile Ala Lys Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Val Ser
115 120 125
aaa att tgg gat ttt tgg gac acc atc ttt att gtt ctc ggg aag aag 432
Lys Ile Trp Asp Phe Trp Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys
130 135 140
tgg cgt caa ctt tcc ttc ctg cac gtc tac cat cac acc acc atc ttt 480
Trp Arg Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe
145 150 155 160
ctc ttc tac tgg ttg aat gca cat gta aac ttt gat ggt gat att ttc 528
Leu Phe Tyr Trp Leu Asn Ala His Val Asn Phe Asp Gly Asp Ile Phe
165 170 175
ctc acc atc gtc ttg aac ggt ttc atc cac acc gtc atg tac acg tac 576
Leu Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr
180 185 190
tac ttc att tgc atg cac acc aag gtc cca gag acc ggc aaa tcc ttg 624
Tyr Phe Ile Cys Met His Thr Lys Val Pro Glu Thr Gly Lys Ser Leu
195 200 205
ccc att tgg tgg aaa tct agt ttg aca agc atg cag ctg gtg cag ttc 672
Pro Ile Trp Trp Lys Ser Ser Leu Thr Ser Met Gln Leu Val Gln Phe
210 215 220
atc acg atg atg acg cag gct atc atg atc ttg tac aag ggc tgt gct 720
Ile Thr Met Met Thr Gln Ala Ile Met Ile Leu Tyr Lys Gly Cys Ala
225 230 235 240
gct ccc cat agc cgg gtg gtg aca tcg tac ttg gtt tac att ttg tcg 768
Ala Pro His Ser Arg Val Val Thr Ser Tyr Leu Val Tyr Ile Leu Ser
245 250 255
ctc ttt att ttg ttc gcc cag ttc ttt gtc agc tca tac ctc aag ccg 816
Leu Phe Ile Leu Phe Ala Gln Phe Phe Val Ser Ser Tyr Leu Lys Pro
260 265 270
aag aag aag aag aca gct taa 837
Lys Lys Lys Lys Thr Ala
275
<210> 166
<211> 278
<212> PRT
<213> Phaeodactylum tricornutum
<400> 166

```

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

<210> 167
 <211> 272
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(10)
 <223> xaa na posição 4 a 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (12)..(13)
 <223> xaa na posição 12 a 13 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(16)
 <223> xaa na posição 15 a 16 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(23)

<223> xaa na posição 22 a 23 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(28)
 <223> xaa na posição 26 a 28 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (30)..(30)
 <223> xaa na posição 30 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (32)..(34)
 <223> xaa na posição 32 a 34 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(38)
 <223> xaa na posição 37 a 38 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(41)
 <223> xaa na posição 40 a 41 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (44)..(45)
 <223> xaa na posição 44 a 45 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (47)..(48)
 <223> xaa na posição 47 a 48 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (51)..(52)
 <223> xaa na posição 51 a 52 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (55)..(56)
 <223> xaa na posição 55 a 56 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (58)..(60)
 <223> xaa na posição 58 a 60 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (61)..(61)
 <223> xaa na posição 61 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (64)..(64)
 <223> xaa na posição 64 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (69)..(69)
 <223> xaa na posição 69 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (72)..(72)
 <223> xaa na posição 72 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (79)..(79)
 <223> xaa na posição 79 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (86)..(86)
 <223> xaa na posição 86 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (89)..(90)
 <223> xaa na posição 89 a 90 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (99)..(100)
 <223> xaa na posição 99 a 100 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (104)..(109)
 <223> xaa na posição 104 a 109 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (112)..(112)
 <223> xaa na posição 112 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (114)..(114)
 <223> xaa na posição 114 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (121)..(121)
 <223> xaa na posição 121 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (124)..(124)
 <223> xaa na posição 124 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (162)..(162)
 <223> xaa na posição 162 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (164)..(165)
 <223> xaa na posição 164 a 165 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (174)..(174)
 <223> xaa na posição 174 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (195)..(197)
 <223> xaa na posição 195 a 197 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (212)..(213)
 <223> xaa na posição 212 a 213 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (216)..(216)
 <223> xaa na posição 216 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (219)..(220)
 <223> xaa na posição 219 a 220 é qualquer aminoácido
 <220>

```

<221> Variante
<222> (223)..(223)
<223> xaa na posição 223 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (226)..(231)
<223> xaa na posição 226 a 231 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (234)..(238)
<223> xaa na posição 234 a 238 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (240)..(243)
<223> xaa na posição 240 a 243 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (245)..(245)
<223> xaa na posição 245 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (247)..(248)
<223> xaa na posição 247 a 248 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (253)..(253)
<223> xaa na posição 253 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (261)..(261)
<223> xaa na posição 261 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (264)..(265)
<223> xaa na posição 264 a 265 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (271)..(271)
<223> xaa na posição 271 é qualquer aminoácido
<400> 167

```

<400>	167														
Asp	xaa	Tyr	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Gly	xaa	xaa	Ile	xaa	xaa	
1				5				10					15		
Trp	xaa	Asp	Pro	Asp	xaa	xaa	xaa	Arg	xaa	xaa	xaa	Glu	xaa	Trp	xaa
			20					25					30		
xaa	xaa	Asp	Phe	xaa	xaa	Ala	xaa	xaa	Ile	Ala	xaa	xaa	Tyr	xaa	xaa
		35				40						45			
Phe	Val	xaa	xaa	Gly	Ser	xaa	xaa	Met	xaa	xaa	xaa	xaa	Pro	Ala	xaa
50					55						60				
Asp	Pro	Tyr	Pro	xaa	Lys	Phe	xaa	Tyr	Asn	Val	Ser	Gln	Ile	xaa	Leu
65					70					75					80
Cys	Ala	Tyr	Met	Thr	xaa	Glu	Ala	xaa	xaa	Leu	Ala	Tyr	Arg	Asn	Gly
			85						90					95	
Tyr	Thr	xaa	xaa	Pro	Cys	Asn	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	xaa	Pro	Pro	xaa
			100				105						110		
Ala	xaa	Leu	Leu	Trp	Leu	Phe	Tyr	xaa	Ser	Lys	xaa	Trp	Asp	Phe	Trp
		115				120						125			
Asp	Thr	Ile	Phe	Ile	Val	Leu	Gly	Lys	Lys	Trp	Arg	Gln	Leu	Ser	Phe
130					135						140				
Leu	His	Val	Tyr	His	His	Thr	Thr	Ile	Phe	Leu	Phe	Tyr	Trp	Leu	Asn
145				150						155					160
Ala	xaa	Val	xaa	xaa	Asp	Gly	Asp	Ile	Phe	Leu	Thr	Ile	xaa	Leu	Asn
			165						170					175	
Gly	Phe	Ile	His	Thr	Val	Met	Tyr	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Ile	Cys	Met	His


```

<223> xaa na posição 20 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(28)
<223> xaa na posição 28 é Phe ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (29)..(29)
<223> xaa na posição 29 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (33)..(33)
<223> xaa na posição 33 é Asp ou His
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Phe ou Trp
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(35)
<223> xaa na posição 35 é Asp ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (36)..(36)
<223> xaa na posição 36 é Phe ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(37)
<223> xaa na posição 37 é Glu ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (38)..(38)
<223> xaa na posição 38 é Asp ou Lys
<220>
<221> Variante
<222> (41)..(41)
<223> xaa na posição 41 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (43)..(43)
<223> xaa na posição 43 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (50)..(50)
<223> xaa na posição 50 é Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (53)..(53)
<223> xaa na posição 53 é Ile ou Val
<400> 169
Tyr Asn Val Ser Gln Ile xaa Leu Cys Ala Tyr Met Thr xaa Glu Ala
 1          5          10          15
xaa xaa Leu xaa Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr xaa xaa Pro Cys Asn
          20          25          30
xaa xaa xaa xaa xaa xaa Pro Pro xaa Ala xaa Leu Leu Trp Leu Phe
          35          40          45
Tyr xaa Ser Lys xaa Trp Asp Phe Trp Asp Thr Ile
 50          55          60
<210> 170
<211> 39
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>

```

```

<221> Variante
<222> (11)..(11)
<223> xaa na posição 11 é Ala ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é Phe ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (18)..(18)
<223> xaa na posição 18 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (22)..(22)
<223> xaa na posição 22 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (23)..(23)
<223> xaa na posição 23 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (26)..(27)
<223> xaa na posição 26 a 27 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (28)..(28)
<223> xaa na posição 28 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (29)..(29)
<223> xaa na posição 29 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(30)
<223> xaa na posição 30 é Phe ou Tyr
<220>
<221> Variante
<222> (31)..(31)
<223> xaa na posição 31 é His ou Lys
<220>
<221> Variante
<222> (34)..(34)
<223> xaa na posição 34 é Ala ou Asp
<220>
<221> Variante
<222> (35)..(35)
<223> xaa na posição 35 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (36)..(36)
<223> xaa na posição 36 é Pro ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (37)..(38)
<223> xaa na posição 37 a 38 é qualquer aminoácido

```



```

<400> 170
Leu Pro Ile Trp Trp Lys Ser Ser Leu Thr xaa xaa Gln Leu xaa Gln
1 5 10 15
Phe xaa Ile xaa Met xaa xaa Gln Ala xaa xaa xaa xaa xaa Gly
20 25 30
Cys xaa xaa xaa xaa xaa Arg
35
<210> 171
<211> 831
<212> DNA
<213> Traustochytrium sp.
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(831)
<400> 171
atg gac gtc gtc gag cag,caa tgg cgc cgc ttc gtg gac gcc gtg gac 48
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp
1 5 10 15
aac gga atc gtg gag ttc atg gag cat gag aag ccc aac aag ctg aac 96
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Lys Pro Asn Lys Leu Asn
20 25 30
gag ggc aag ctc ttc acc tcg acc gag gag atg atg gcg ctt atc gtc 144
Glu Gly Lys Leu Phe Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val
35 40 45
ggc tac ctg gcg ttc gtg gtc ctc ggg tcc gcc ttc atg aag gcc ttt 192
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe
50 55 60
gtc gat aag cct ttc gag ctc aag ttc ctc aag ctc gtg cac aac atc 240
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile
65 70 75 80
ttc ctc acc ggt ctg tcc atg tac atg gcc acc gag tgc gcg cgc cag 288
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln
85 90 95
gca tac ctc ggc ggc tac aag ctc ttt ggc aac ccg atg gag aag ggc 336
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly
100 105 110
acc gag tcg cac gcc ccg ggc atg gcc aac atc atc tac atc ttc tac 384
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr
115 120 125
gtg agc aag ttc ctc gaa ttc ctc gac acc gtc ttc atg atc ctc ggc 432
Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly
130 135 140
aag aag tgg aag cag ctc agc ttt ctc cac gtc tac cac cac gcg agc 480
Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser
145 150 155 160
atc agc ttc atc tgg ggc atc atc gcc cgc ttc gcg ccc ggt ggc gac 528
Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp
165 170 175
gcc tac ttc tct acc atc ctc aac agc agc gtg cat gtc gtg ctc tac 576
Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr
180 185 190
ggc tac tac gcc tcg acc acc ctc ggc tac acc ttc atg cgc ccg ctg 624
Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu
195 200 205
cgc ccg tac att acc acc att cag ctc acg cag ttc atg gcc atg gtc 672
Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val
210 215 220
gtc cag tcc gtc tat gac tac tac aac ccc tgc gac tac ccg cag ccc 720
Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro
225 230 235 240
ctc gtc aag ctg ctc ttc tgg tac atg ctc acc atg ctc ggc ctc ttc 768
Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe
245 250 255

```

ggc aac ttc ttc gtg cag cag tac ctc aag ccc aag gcg ccc aag aag	816
Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys	
260 265 270	
cag aag acc atc taa	831
Gln Lys Thr Ile	
275	
<210> 172	
<211> 276	
<212> PRT	
<213> Traustochytrium sp.	
<400> 172	
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp	
1 5 10 15	
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Lys Pro Asn Lys Leu Asn	
20 25 30	
Glu Gly Lys Leu Phe Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val	
35 40 45	
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe	
50 55 60	
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile	
65 70 75 80	
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln	
85 90 95	
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly	
100 105 110	
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr	
115 120 125	
Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly	
130 135 140	
Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser	
145 150 155 160	
Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp	
165 170 175	
Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr	
180 185 190	
Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu	
195 200 205	
Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val	
210 215 220	
Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro	
225 230 235 240	
Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe	
245 250 255	
Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys	
260 265 270	
Gln Lys Thr Ile	
275	
<210> 173	
<211> 1047	
<212> DNA	
<213> Marchantia polymorpha	
<220>	
<221> CDS	
<222> (1)..(1047)	
<400> 173	
atg gcg acg aag agc ggg agc gga ttg ctc gag tgg ata gca gta gcg	48
Met Ala Thr Lys Ser Gly Ser Gly Leu Leu Glu Trp Ile Ala Val Ala	
1 5 10 15	
gcg aag atg aag caa gct cgg agc agc ccc gag ggt gag atc gtg ggt	96
Ala Lys Met Lys Gln Ala Arg Ser Ser Pro Glu Gly Glu Ile Val Gly	
20 25 30	
ggg aat agg atg ggc tct gga aac gga gct gag tgg acc acg agt ctg	144
Gly Asn Arg Met Gly Ser Gly Asn Gly Ala Glu Trp Thr Thr Ser Leu	

35			40			45			
att cat gca ttt ttg aat gcc acg aat ggg aag agc ggc ggt gct tcg	Ile His Ala Phe Leu Asn Ala Thr Asn Gly Lys Ser Gly Gly Ala Ser	192							
50			55			60			
aaa gtg agg cct ctg gag gag aga atc ggg gag gcg gtg ttc aga gtt	Lys Val Arg Pro Leu Glu Glu Arg Ile Gly Glu Ala Val Phe Arg Val	240							
65			70			75			80
ctt gaa gat gtc gtg ggc gtg gat att agg aag ccg aat cct gtc acg	Leu Glu Asp Val Val Gly Val Asp Ile Arg Lys Pro Asn Pro Val Thr	288							
85			90			95			
aag gac ctt ccg atg gtc gag agt ccc gtg ccc gtg ttg gcc tgc att	Lys Asp Leu Pro Met Val Glu Ser Pro Val Pro Val Leu Ala Cys Ile	336							
100			105			110			
tct ctg tac ttg ctg gtg gtg tgg ctt tgg tct tct cac att aag gcg	Ser Leu Tyr Leu Leu Val Val Trp Leu Trp Ser Ser His Ile Lys Ala	384							
115			120			125			
tct ggc caa aag ccc agg aag gag gac ccg ctg gcc ctg cgt tgc ctt	Ser Gly Gln Lys Pro Arg Lys Glu Asp Pro Leu Ala Leu Arg Cys Leu	432							
130			135			140			
gtg att gcc cac aat ctg ttc ctg tgt tgc ttg agc ttg ttc atg tgc	Val Ile Ala His Asn Leu Phe Leu Cys Cys Leu Ser Leu Phe Met Cys	480							
145			150			155			160
gtc ggt ctg att gcc gca gct cga cat tac ggg tat agt gta tgg ggg	Val Gly Leu Ile Ala Ala Ala Arg His Tyr Gly Tyr Ser Val Trp Gly	528							
165			170			175			
aac tac tac aga gaa aga gaa ccc gca atg aat ttg ctg att tac gtg	Asn Tyr Tyr Arg Glu Arg Glu Pro Ala Met Asn Leu Leu Ile Tyr Val	576							
180			185			190			
ttc tac atg tcg aag ctg tac gaa ttt atg gac acg gcc att atg tta	Phe Tyr Met Ser Lys Leu Tyr Glu Phe Met Asp Thr Ala Ile Met Leu	624							
195			200			205			
ttc aga aga aat ctg cga caa gtc acg tac ttg cat gta tat cac cac	Phe Arg Arg Asn Leu Arg Gln Val Thr Tyr Leu His Val Tyr His His	672							
210			215			220			
gca agc atc gca atg att tgg tgg ata att tgc tat cgg ttt cca gga	Ala Ser Ile Ala Met Ile Trp Trp Ile Ile Cys Tyr Arg Phe Pro Gly	720							
225			230			235			240
gct gat tcg tat ttc tcc gca gca ttc aat tcc tgt atc cat gta gcg	Ala Asp Ser Tyr Phe Ser Ala Ala Phe Asn Ser Cys Ile His Val Ala	768							
245			250			255			
atg tac ctg tat tat cta ctg gcg gca acc gtc gcc aga gac gaa aag	Met Tyr Leu Tyr Tyr Leu Leu Ala Ala Thr Val Ala Arg Asp Glu Lys	816							
260			265			270			
cgg aga cgc aaa tat ctg ttc tgg gga aag tat ctg acc atc ata caa	Arg Arg Arg Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Lys Tyr Leu Thr Ile Ile Gln	864							
275			280			285			
atg ctt cag ttt ttg tcc ttc att ggg cag gcg att tat gca atg tgg	Met Leu Gln Phe Leu Ser Phe Ile Gly Gln Ala Ile Tyr Ala Met Trp	912							
290			295			300			
aag ttt gaa tac tat ccc aag ggc ttt ggc agg atg ttg ttc ttt tac	Lys Phe Glu Tyr Tyr Pro Lys Gly Phe Gly Arg Met Leu Phe Phe Tyr	960							
305			310			315			320
tct gta tca ttg ttg gca ttt ttc ggc aac ttc ttt gtc aaa aag tat	Ser Val Ser Leu Leu Ala Phe Phe Gly Asn Phe Phe Val Lys Lys Tyr								
1008			325			330			335
tcg aac gct tca cag cct aag aca gtt aaa gtg gag tga	Ser Asn Ala Ser Gln Pro Lys Thr Val Lys Val Glu								
1047			340			345			
<210>	174								
<211>	348								
<212>	PRT								

<213> Marchantia polymorpha

<400> 174

```

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

```

<210> 175

<211> 831

<212> DNA

<213> Thraustochytrium sp

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(831)

<400> 175

```

atg gat gtc gtc gag cag caa tgg cgc cgc ttc gtg gac gcc gtg gac      48
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp
1      5      10      15
aac gga atc gtg gag ttc atg gag cat gag gag ccc aac aag ctg aac      96
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Glu Pro Asn Lys Leu Asn
20     25     30
gag ggc aag ctc tcc acc tcg acc gag gag atg atg gcg ctt atc gtc      144
Glu Gly Lys Leu Ser Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val
35     40     45

```

ggc tac ctg gcg ttc gtg gtc ctc ggg tcc gcc ttc atg aag gcc ttt	192
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe	
50 55 60	
gtc gat aag cct ttc gag ctc aag ttc ctc aag ctc gtg cac aac atc	240
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile	
65 70 75 80	
ttc ctc acc ggt ctg tcc atg tac atg gcc acc gag tgc gcg cgc cag	288
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln	
85 90 95	
gca tac ctc ggc ggc tac aag ctc ttt ggc aac ccg atg gag aag ggc	336
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly	
100 105 110	
acc gag tgc cac gcc ccg ggc atg gcc aac atc atc tac atc ttc tac	384
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr	
115 120 125	
gtg agc aag ttc ctc gaa ttc ctc gac acc gtc ttc atg atc ctc ggc	432
Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly	
130 135 140	
aag aag tgg aag cag ctc agc ttt ctc cac gtc tac cac cac gcg agc	480
Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser	
145 150 155 160	
atc agc ttc atc tgg ggc atc atc gcc cgc ttc gcg ccc ggt ggc gac	528
Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp	
165 170 175	
gcc tac ttc tct acc atc ctc aac agc agc gtg cat gtc gtg ctc tac	576
Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr	
180 185 190	
ggc tac tac gcc tcg acc acc ctc ggc tac acc ttc atg cgc ccg ctg	624
Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu	
195 200 205	
cgc ccg tac att acc acc att cag ctc acg cag ttc atg gcc atg gtc	672
Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val	
210 215 220	
gtc cag tcc gtc tat gac tac tac aac ccc tgc gac tac ccg cag ccc	720
Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro	
225 230 235 240	
ctc gtc aag ctg ctc ttc tgg tac atg ctc acc atg ctc ggc ctc ttc	768
Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe	
245 250 255	
ggc aac ttc ttc gtg cag cag tac ctc aag ccc aag gcg ccc aag aag	816
Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys	
260 265 270	
cag aag acc atc taa	831
Gln Lys Thr Ile	
275	
<210> 176	
<211> 276	
<212> PRT	
<213> Thraustochytrium sp	
<400> 176	
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp	
1 5 10 15	
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Glu Pro Asn Lys Leu Asn	
20 25 30	
Glu Gly Lys Leu Ser Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val	
35 40 45	
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe	
50 55 60	
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile	
65 70 75 80	
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln	
85 90 95	
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly	

			100					105				110					
Thr	Glu	Ser	His	Ala	Pro	Gly	Met	Ala	Asn	Ile	Ile	Tyr	Ile	Phe	Tyr		
		115					120					125					
Val	Ser	Lys	Phe	Leu	Glu	Phe	Leu	Asp	Thr	Val	Phe	Met	Ile	Leu	Gly		
	130					135					140						
Lys	Lys	Trp	Lys	Gln	Leu	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Ala	Ser		
145				150						155					160		
Ile	Ser	Phe	Ile	Trp	Gly	Ile	Ile	Ala	Arg	Phe	Ala	Pro	Gly	Gly	Asp		
			165						170					175			
Ala	Tyr	Phe	Ser	Thr	Ile	Leu	Asn	Ser	Ser	Val	His	Val	Val	Leu	Tyr		
			180					185					190				
Gly	Tyr	Tyr	Ala	Ser	Thr	Thr	Leu	Gly	Tyr	Thr	Phe	Met	Arg	Pro	Leu		
		195					200					205					
Arg	Pro	Tyr	Ile	Thr	Thr	Ile	Gln	Leu	Thr	Gln	Phe	Met	Ala	Met	Val		
	210					215					220						
Val	Gln	Ser	Val	Tyr	Asp	Tyr	Tyr	Asn	Pro	Cys	Asp	Tyr	Pro	Gln	Pro		
225					230					235					240		
Leu	Val	Lys	Leu	Leu	Phe	Trp	Tyr	Met	Leu	Thr	Met	Leu	Gly	Leu	Phe		
			245						250					255			
Gly	Asn	Phe	Phe	Val	Gln	Gln	Tyr	Leu	Lys	Pro	Lys	Ala	Pro	Lys	Lys		
			260					265					270				
Gln	Lys	Thr	Ile														
		275															
<210>		177															
<211>		879															
<212>		DNA															
<213>		Ostreococcus tauri															
<220>																	
<221>		CDS															
<222>		(1)..(879)															
<400>		177															
atg	agt	ggc	tta	cgt	gca	ccc	aac	ttt	tta	cac	aga	ttc	tgg	aca	aag		48
Met	Ser	Gly	Leu	Arg	Ala	Pro	Asn	Phe	Leu	His	Arg	Phe	Trp	Thr	Lys		
1				5					10					15			
tgg	gac	tac	gcg	att	tcc	aaa	gtc	gtc	ttc	acg	tgt	gcc	gac	agt	ttt		96
Trp	Asp	Tyr	Ala	Ile	Ser	Lys	Val	Val	Phe	Thr	Cys	Ala	Asp	Ser	Phe		
			20					25					30				
cag	tgg	gac	atc	ggg	cca	gtg	agt	tcg	agt	acg	gcg	cat	tta	ccc	gcc		144
Gln	Trp	Asp	Ile	Gly	Pro	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	His	Leu	Pro	Ala		
			35				40					45					
att	gaa	tcc	cct	acc	cca	ctg	gtg	act	agc	ctc	ttg	ttc	tac	tta	gtc		192
Ile	Glu	Ser	Pro	Thr	Pro	Leu	Val	Thr	Ser	Leu	Leu	Phe	Tyr	Leu	Val		
	50					55					60						
aca	gtt	ttc	ttg	tgg	tat	ggg	cgt	tta	acc	agg	agt	tca	gac	aag	aaa		240
Thr	Val	Phe	Leu	Trp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Thr	Arg	Ser	Ser	Asp	Lys	Lys		
65					70				75					80			
att	aga	gag	cct	acg	tgg	tta	aga	aga	ttc	ata	ata	tgt	cat	aat	gcg		288
Ile	Arg	Glu	Pro	Thr	Trp	Leu	Arg	Arg	Phe	Ile	Ile	Cys	His	Asn	Ala		
			85					90					95				
ttc	ttg	ata	gtc	ctc	agt	ctt	tac	atg	tgc	ctt	ggg	tgt	gtg	gcc	caa		336
Phe	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Cys	Leu	Gly	Cys	Val	Ala	Gln		
			100					105					110				
gcg	tat	cag	aat	gga	tat	act	tta	tgg	ggg	aat	gaa	ttc	aag	gcc	acg		384
Ala	Tyr	Gln	Asn	Gly	Tyr	Thr	Leu	Trp	Gly	Asn	Glu	Phe	Lys	Ala	Thr		
		115					120					125					
gaa	act	cag	ctt	gct	ctc	tac	att	tac	att	ttt	tac	gta	agt	aaa	ata		432
Glu	Thr	Gln	Leu	Ala	Leu	Tyr	Ile	Tyr	Ile	Phe	Tyr	Val	Ser	Lys	Ile		
	130					135					140						
tac	gag	ttt	gta	gat	act	tac	att	atg	ctt	ctc	aag	aat	aac	ttg	cgg		480
Tyr	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Tyr	Ile	Met	Leu	Leu	Lys	Asn	Asn	Leu	Arg		
145				150						155					160		
caa	gta	agt	ttc	cta	cac	att	tat	cac	cac	agc	acg	att	tcc	ttt	att		528
Gln	Val	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Tyr	His	His	Ser	Thr	Ile	Ser	Phe	Ile		

														165															170															175																
tgg	tgg	atc	att		gct	cgg	agg	gct	ccg	ggg	ggg	gat	gct	tac	ttc	agc		576																																										
Trp	Trp	Ile	Ile	Ala	Ala	Arg	Arg	Ala	Pro	Gly	Gly	Asp	Ala	Tyr	Phe	Ser																																												
														180															185															190																
gcg	gcc	ttg	aac	tca	tgg	gta	cac	gtg	tgc	atg	tac	acc	tat	tat	cta		624																																											
Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Trp	Val	His	Val	Cys	Met	Tyr	Thr	Tyr	Tyr	Leu																																													
														195															200															205																
tta	tca	acc	ctt	att	gga	aaa	gaa	gat	cct	aag	cgt	tcc	aac	tac	ctt		672																																											
Leu	Ser	Thr	Leu	Ile	Gly	Lys	Glu	Asp	Pro	Lys	Arg	Ser	Asn	Tyr	Leu																																													
														210															215															220																
tgg	tgg	ggg	cgc	cac	cta	acg	caa	atg	cag	atg	ctt	cag	ttt	ttc	ttc		720																																											
Trp	Trp	Gly	Arg	His	Leu	Thr	Gln	Met	Gln	Met	Leu	Gln	Phe	Phe	Phe																																													
														225															230															235															240	
aac	gta	ctt	caa	gcg	ttg	tac	tgc	gct	tcg	ttc	tct	acg	tat	ccc	aag		768																																											
Asn	Val	Leu	Gln	Ala	Leu	Tyr	Cys	Ala	Ser	Phe	Ser	Thr	Tyr	Pro	Lys																																													
														245															250															255																
ttt	ttg	tcc	aaa	att	ctg	ctc	gtc	tat	atg	atg	agc	ctt	ctc	ggc	ttg		816																																											
Phe	Leu	Ser	Lys	Ile	Leu	Leu	Val	Tyr	Met	Met	Ser	Leu	Leu	Gly	Leu																																													
														260															265															270																
ttt	ggg	cat	ttc	tac	tat	tcc	aag	cac	ata	gca	gca	gct	aag	ctc	cag		864																																											
Phe	Gly	His	Phe	Tyr	Tyr	Ser	Lys	His	Ile	Ala	Ala	Ala	Lys	Leu	Gln																																													
														275															280															285																
aaa	aaa	cag	cag	tga																879																																								
Lys	Lys	Gln	Gln																																																									
														290																																														
<210> 178																																																												
<211> 292																																																												
<212> PRT																																																												
<213> Ostreococcus tauri																																																												
<400> 178																																																												
Met	Ser	Gly	Leu	Arg	Ala	Pro	Asn	Phe	Leu	His	Arg	Phe	Trp	Thr	Lys																																													
														5															10															15																
Trp	Asp	Tyr	Ala	Ile	Ser	Lys	Val	Val	Phe	Thr	Cys	Ala	Asp	Ser	Phe																																													
														20															25															30																
Gln	Trp	Asp	Ile	Gly	Pro	Val	Ser	Ser	Ser	Thr	Ala	His	Leu	Pro	Ala																																													
														35															40															45																
Ile	Glu	Ser	Pro	Thr	Pro	Leu	Val	Thr	Ser	Leu	Leu	Phe	Tyr	Leu	Val																																													
														50															55															60																
Thr	Val	Phe	Leu	Trp	Tyr	Gly	Arg	Leu	Thr	Arg	Ser	Ser	Asp	Lys	Lys																																													
														65															70															75															80	
Ile	Arg	Glu	Pro	Thr	Trp	Leu	Arg	Arg	Phe	Ile	Ile	Cys	His	Asn	Ala																																													
														85															90															95																
Phe	Leu	Ile	Val	Leu	Ser	Leu	Tyr	Met	Cys	Leu	Gly	Cys	Val	Ala	Gln																																													
														100															105															110																
Ala	Tyr	Gln	Asn	Gly	Tyr	Thr	Leu	Trp	Gly	Asn	Glu	Phe	Lys	Ala	Thr																																													
														115															120															125																
Glu	Thr	Gln	Leu	Ala	Leu	Tyr																																																						

				260					265					270			
Phe	Gly	His	Phe	Tyr	Tyr	Ser	Lys	His	Ile	Ala	Ala	Ala	Lys	Leu	Gln		
		275					280						285				
Lys	Lys	Gln	Gln														
		290															
<210>	179																
<211>	873																
<212>	DNA																
<213>	Marchantia polymorpha																
<220>																	
<221>	CDS																
<222>	(1)..(873)																
<400>	179																
atg	gag	gcg	tac	gag	atg	gtg	gat	agt	ttt	gtg	tcg	aag	acg	gtt	ttc		48
Met	Glu	Ala	Tyr	Glu	Met	Val	Asp	Ser	Phe	Val	Ser	Lys	Thr	Val	Phe		
1				5					10					15			
gaa	acg	ctg	cag	aga	ctg	agg	ggc	gga	gtc	gtg	ttg	acg	gaa	tct	gcg		96
Glu	Thr	Leu	Gln	Arg	Leu	Arg	Gly	Gly	Val	Val	Leu	Thr	Glu	Ser	Ala		
			20				25						30				
atc	acc	aaa	ggt	ttg	cca	tgc	gtc	gat	agc	ccg	acg	ccg	atc	gtt	ctt		144
Ile	Thr	Lys	Gly	Leu	Pro	Cys	Val	Asp	Ser	Pro	Thr	Pro	Ile	Val	Leu		
		35				40						45					
ggg	ttg	tcg	tcc	tac	ttg	aca	ttc	gtg	ttt	ctc	ggg	ctc	att	gtc	atc		192
Gly	Leu	Ser	Ser	Tyr	Leu	Thr	Phe	Val	Phe	Leu	Gly	Leu	Ile	Val	Ile		
	50				55					60							
aag	agc	ctg	gat	ctt	aag	ccc	cgc	tcc	aag	gag	ccc	gcc	att	ttg	aac		240
Lys	Ser	Leu	Asp	Leu	Lys	Pro	Arg	Ser	Lys	Glu	Pro	Ala	Ile	Leu	Asn		
65				70					75					80			
ctg	ttt	gtg	atc	ttc	cac	aac	ttc	gtc	tgc	ttc	gca	ctc	agt	ctg	tac		288
Leu	Phe	Val	Ile	Phe	His	Asn	Phe	Val	Cys	Phe	Ala	Leu	Ser	Leu	Tyr		
			85					90					95				
atg	tgc	gtg	gga	att	gtc	cgt	caa	gct	atc	ctc	aac	agg	tac	tct	ctg		336
Met	Cys	Val	Gly	Ile	Val	Arg	Gln	Ala	Ile	Leu	Asn	Arg	Tyr	Ser	Leu		
		100					105					110					
tgg	ggc	aat	gcg	tac	aat	ccc	aaa	gaa	gtt	caa	atg	ggc	cac	ctg	ctc		384
Trp	Gly	Asn	Ala	Tyr	Asn	Pro	Lys	Glu	Val	Gln	Met	Gly	His	Leu	Leu		
	115					120				125							
tac	att	ttc	tac	atg	tca	aag	tac	atc	gag	ttt	atg	gac	acg	gtc	att		432
Tyr	Ile	Phe	Tyr	Met	Ser	Lys	Tyr	Ile	Glu	Phe	Met	Asp	Thr	Val	Ile		
	130					135				140							
atg	att	ttg	aag	cgc	aac	acg	cgc	cag	atc	act	gtg	ttg	cat	gtg	tac		480
Met	Ile	Leu	Lys	Arg	Asn	Thr	Arg	Gln	Ile	Thr	Val	Leu	His	Val	Tyr		
145				150					155					160			
cac	cac	gca	tcc	atc	tcc	ttc	atc	tgg	tgg	atc	gcc	tac	cat	gct			528
His	His	Ala	Ser	Ile	Ser	Phe	Ile	Trp	Trp	Ile	Ile	Ala	Tyr	His	Ala		
			165					170					175				
cct	ggc	ggt	gaa	gct	tat	ttc	tct	gcc	gca	ttg	aac	tcc	gga	gta	cat		576
Pro	Gly	Gly	Glu	Ala	Tyr	Phe	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Gly	Val	His		
			180					185				190					
gtg	ctc	atg	tac	ctc	tac	tac	ctt	ttg	gca	gca	act	ctg	gga	aag	aac		624
Val	Leu	Met	Tyr	Leu	Tyr	Tyr	Leu	Leu	Ala	Ala	Thr	Leu	Gly	Lys	Asn		
		195					200					205					
gag	aaa	gct	cgc	cgc	aag	tac	cta	tgg	tgg	gga	aaa	tac	ttg	aca	cag		672
Glu	Lys	Ala	Arg	Arg	Lys	Tyr	Leu	Trp	Trp	Gly	Lys	Tyr	Leu	Thr	Gln		
	210				215					220							
ctg	cag	atg	ttc	cag	ttt	gtc	ctt	aac	atg	att	cag	gct	tac	tac	gat		720
Leu	Gln	Met	Phe	Gln	Phe	Val	Leu	Asn	Met	Ile	Gln	Ala	Tyr	Tyr	Asp		
225				230				235						240			
att	aag	aac	aac	tcg	cct	tac	cca	caa	ttt	ttg	atc	cag	att	ttg	ttc		768
Ile	Lys	Asn	Asn	Ser	Pro	Tyr	Pro	Gln	Phe	Leu	Ile	Gln	Ile	Leu	Phe		
			245					250					255				
tac	tac	atg	atc	tcg	ctt	tta	gcg	cta	ttt	gga	aac	ttt	tac	ggt	caq		816
Tyr	Tyr	Met	Ile	Ser	Leu	Leu	Ala	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Tyr	Val	His		

260 265 270
 aaa tac gta tca gcg ccc gca aaa cct gcg aag atc aag agc aaa aag 864
 Lys Tyr Val Ser Ala Pro Ala Lys Pro Ala Lys Ile Lys Ser Lys Lys
 275 280 285
 gca gaa taa 873
 Ala Glu
 290
 <210> 180
 <211> 290
 <212> PRT
 <213> Marchantia polymorpha
 <400> 180
 Met Glu Ala Tyr Glu Met Val Asp Ser Phe Val Ser Lys Thr Val Phe
 1 5 10 15
 Glu Thr Leu Gln Arg Leu Arg Gly Gly Val Val Leu Thr Glu Ser Ala
 20 25 30
 Ile Thr Lys Gly Leu Pro Cys Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile Val Leu
 35 40 45
 Gly Leu Ser Ser Tyr Leu Thr Phe Val Phe Leu Gly Leu Ile Val Ile
 50 55 60
 Lys Ser Leu Asp Leu Lys Pro Arg Ser Lys Glu Pro Ala Ile Leu Asn
 65 70 75 80
 Leu Phe Val Ile Phe His Asn Phe Val Cys Phe Ala Leu Ser Leu Tyr
 85 90 95
 Met Cys Val Gly Ile Val Arg Gln Ala Ile Leu Asn Arg Tyr Ser Leu
 100 105 110
 Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys Glu Val Gln Met Gly His Leu Leu
 115 120 125
 Tyr Ile Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Ile Glu Phe Met Asp Thr Val Ile
 130 135 140
 Met Ile Leu Lys Arg Asn Thr Arg Gln Ile Thr Val Leu His Val Tyr
 145 150 155 160
 His His Ala Ser Ile Ser Phe Ile Trp Trp Ile Ile Ala Tyr His Ala
 165 170 175
 Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly Val His
 180 185 190
 Val Leu Met Tyr Leu Tyr Tyr Leu Leu Ala Ala Thr Leu Gly Lys Asn
 195 200 205
 Glu Lys Ala Arg Arg Lys Tyr Leu Trp Trp Gly Lys Tyr Leu Thr Gln
 210 215 220
 Leu Gln Met Phe Gln Phe Val Leu Asn Met Ile Gln Ala Tyr Tyr Asp
 225 230 235 240
 Ile Lys Asn Asn Ser Pro Tyr Pro Gln Phe Leu Ile Gln Ile Leu Phe
 245 250 255
 Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val His
 260 265 270
 Lys Tyr Val Ser Ala Pro Ala Lys Pro Ala Lys Ile Lys Ser Lys Lys
 275 280 285
 Ala Glu
 290
 <210> 181
 <211> 873
 <212> DNA
 <213> Physcomitrella patens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(873)
 <400> 181
 atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg 48
 Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
 1 5 10 15
 cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat 96
 Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp

																144
acg	ccc	act	acc	aaa	ggc	ttg	ccc	ctc	ggt	gac	agt	ccc	aca	ccc	atc	
Thr	Pro	Thr	Thr	Lys	Gly	Leu	Pro	Leu	Val	Asp	Ser	Pro	Thr	Pro	Ile	
		35					40					45				
gtc	ctc	ggt	gtt	tct	gta	tac	ttg	act	att	gtc	att	gga	ggg	ctt	ttg	
Val	Leu	Gly	Val	Ser	Val	Tyr	Leu	Thr	Ile	Val	Ile	Gly	Gly	Leu	Leu	
		50					55					60				
tgg	ata	aag	gcc	agg	gat	ctg	aaa	ccg	cgc	gcc	tcg	gag	cca	ttt	ttg	
Trp	Ile	Lys	Ala	Arg	Asp	Leu	Lys	Pro	Arg	Ala	Ser	Glu	Pro	Phe	Leu	
		65					70					75				
ctc	caa	gct	ttg	gtg	ctt	gtg	cac	aac	ctg	ttc	tgt	ttt	gcg	ctc	agt	
Leu	Gln	Ala	Leu	Val	Leu	Val	His	Asn	Leu	Phe	Cys	Phe	Ala	Leu	Ser	
				85					90					95		
ctg	tat	atg	tgc	gtg	ggc	atc	gct	tat	cag	gct	att	acc	tgg	cgg	tac	
Leu	Tyr	Met	Cys	Val	Gly	Ile	Ala	Tyr	Gln	Ala	Ile	Thr	Trp	Arg	Tyr	
				100					105					110		
tct	ctc	tgg	ggc	aat	gca	tac	aat	cct	aaa	cat	aaa	gag	atg	gcg	att	
Ser	Leu	Trp	Gly	Asn	Ala	Tyr	Asn	Pro	Lys	His	Lys	Glu	Met	Ala	Ile	
				115					120					125		
ctg	gta	tac	ttg	ttc	tac	atg	tct	aag	tac	gtg	gaa	ttc	atg	gat	acc	
Leu	Val	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Met	Ser	Lys	Tyr	Val	Glu	Phe	Met	Asp	Thr	
				130					135					140		
gtt	atc	atg	ata	ctg	aag	cgc	agc	acc	agg	caa	ata	agc	ttc	ctc	cac	
Val	Ile	Met	Ile	Leu	Lys	Arg	Ser	Thr	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	His	
						150							155			160
gtt	tat	cat	cat	tct	tca	att	tcc	ctc	att	tgg	tgg	gct	att	gct	cat	
Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Ser	Leu	Ile	Trp	Trp	Ala	Ile	Ala	His	
						165									175	
cac	gct	cct	ggc	ggg	gaa	gca	tat	tgg	tct	gcg	gct	ctg	aac	tca	gga	
His	Ala	Pro	Gly	Gly	Glu	Ala	Tyr	Trp	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Gly	
								180							190	
gtg	cat	gtt	ctc	atg	tat	gcg	tat	tac	ttc	ttg	gct	gcc	tgc	ctt	cga	
Val	His	Val	Leu	Met	Tyr	Ala	Tyr	Tyr	Phe	Leu	Ala	Ala	Cys	Leu	Arg	
								200							205	
agt	agc	cca	aag	tta	aaa	aat	aag	tac	ctt	ttt	tgg	ggc	agg	tac	ttg	
Ser	Ser	Pro	Lys	Leu	Lys	Asn	Lys	Tyr	Leu	Phe	Trp	Gly	Arg	Tyr	Leu	
								210							215	
aca	caa	ttc	caa	atg	ttc	cag	ttt	atg	ctg	aac	tta	gtg	cag	gct	tac	
Thr	Gln	Phe	Gln	Met	Phe	Gln	Phe	Met	Leu	Asn	Leu	Val	Gln	Ala	Tyr	
								225							230	
tac	gac	atg	aaa	acg	aat	gcg	cca	tat	cca	caa	tgg	ctg	atc	aag	att	
Tyr	Asp	Met	Lys	Thr	Asn	Ala	Pro	Tyr	Pro	Gln	Trp	Leu	Ile	Lys	Ile	
								245							250	
ttg	ttc	tac	tac	atg	atc	tcg	ttg	ctg	ttt	ctt	ttc	ggc	aat	ttt	tac	
Leu	Phe	Tyr	Tyr	Met	Ile	Ser	Leu	Leu	Phe	Leu	Phe	Gly	Asn	Phe	Tyr	
								260							265	
gta	caa	aaa	tac	atc	aaa	ccc	tct	gac	gga	aag	caa	aag	gga	gct	aaa	
Val	Gln	Lys	Tyr	Ile	Lys	Pro	Ser	Asp	Gly	Lys	Gln	Lys	Gly	Ala	Lys	
								275							280	
														285		
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873
																873

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

<210> 183

<211> 957

<212> DNA

<213> Mortierella alpina

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(957)

<400> 183

atg gag tgc att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg	48
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu	
1 5 10 15	
ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc	96
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val	
20 25 30	
gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc	144
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro	
35 40 45	
acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tgc cct	192
Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro	
50 55 60	
ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc	240
Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile	
65 70 75 80	
gtg ctc gct tat ttg gtc acg gtc ttt gtg ggc atg cag atc atg aag	288
Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys	
85 90 95	
aac ttt gag cgg ttc gag gtc aag acg ttt tcg ctc ctg cac aac ttt	336
Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe	
100 105 110	
tgt ctg gtc tgc atc agc gcc tac atg tgc ggt ggg atc ctg tac gag	384
Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu	

gct	tat	115	gcc	aac	tat	120	gga	ctg	ttt	gag	aac	gct	gct	gat	cat	acc	432
Ala	Tyr	Gln	Ala	Asn	Tyr	Gly	Leu	Phe	Glu	Asn	Ala	Ala	Ala	Asp	His	Thr	
ttc	aag	130	ggt	ctt	cct	atg	gcc	aag	atg	atc	tgg	ctc	ttc	tac	ttc	tcc	480
Phe	Lys	Gly	Leu	Pro	Met	Ala	Lys	Met	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Phe	Ser		
aag	atc	145	atg	gag	ttt	gtc	gac	acc	atg	atc	atg	gtc	ctc	aag	aag	aac	528
Lys	Ile	Met	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Met	Ile	Met	Val	Leu	Lys	Lys	Asn		
aac	cgc	165	cag	atc	tcc	ttc	ttg	cac	gtt	tac	cac	cac	agc	tcc	atc	ttc	576
Asn	Arg	Gln	Ile	Ser	Phe	Leu	His	Val	Tyr	His	His	Ser	Ser	Ile	Phe		
acc	atc	180	tgg	tgg	ttg	gtc	acc	ttt	gtt	gca	ccc	aac	ggt	gaa	gcc	tac	624
Thr	Ile	Trp	Trp	Leu	Val	Thr	Phe	Val	Ala	Pro	Asn	Gly	Glu	Ala	Tyr		
ttc	tct	195	gct	gcg	ttg	aac	tcg	ttc	atc	cat	gtg	atc	atg	tac	ggc	tac	672
Phe	Ser	Ala	Ala	Leu	Asn	Ser	Phe	Ile	His	Val	Ile	Met	Tyr	Gly	Tyr		
tac	ttc	210	ttg	tcg	gcc	ttg	ggc	ttc	aag	cag	gtg	tcg	ttc	atc	aag	ttc	720
Tyr	Phe	Leu	Ser	Ala	Leu	Gly	Phe	Lys	Gln	Val	Ser	Phe	Ile	Lys	Phe		
tac	atc	225	acg	cgc	tcg	cag	atg	aca	cag	ttc	tgc	atg	atg	tcg	gtc	cag	768
Tyr	Ile	Thr	Arg	Ser	Gln	Met	Thr	Gln	Phe	Cys	Met	Met	Ser	Val	Gln		
tct	tcc	245	tgg	gac	atg	tac	gcc	atg	aag	gtc	ctt	ggc	cgc	ccc	gga	tac	816
Ser	Ser	Trp	Asp	Met	Tyr	Ala	Met	Lys	Val	Leu	Gly	Arg	Pro	Gly	Tyr		
ccc	ttc	260	ttc	atc	acg	gct	ctg	ctt	tgg	ttc	tac	atg	tgg	acc	atg	ctc	864
Pro	Phe	Phe	Ile	Thr	Ala	Leu	Leu	Trp	Phe	Tyr	Met	Trp	Thr	Met	Leu		
ggt	ctc	275	ttc	tac	aac	ttt	tac	aga	aag	aac	gcc	aag	ttg	gcc	aag	cag	912
Gly	Leu	Phe	Tyr	Asn	Phe	Tyr	Arg	Lys	Asn	Ala	Lys	Leu	Ala	Lys	Gln		
gcc	aag	290	gcc	gac	gct	gcc	aag	gag	aag	gca	agg	aag	ttg	cag	taa		957
Ala	Lys	Ala	Asp	Ala	Ala	Lys	Glu	Lys	Ala	Arg	Lys	Leu	Gln				
<210>	184																
<211>	318																
<212>	PRT																
<213>	Mortierella alpina																
<400>	184																
Met	Glu	Ser	Ile	Ala	Pro	Phe	Leu	Pro	Ser	Lys	Met	Pro	Gln	Asp	Leu		
1				5					10					15			
Phe	Met	Asp	Leu	Ala	Thr	Ala	Ile	Gly	Val	Arg	Ala	Ala	Pro	Tyr	Val		
Asp	Pro	Leu	Glu	Ala	Ala	Leu	Val	Ala	Gln	Ala	Glu	Lys	Tyr	Ile	Pro		
Thr	Ile	Val	His	His	Thr	Arg	Gly	Phe	Leu	Val	Ala	Val	Glu	Ser	Pro		
Leu	Ala	Arg	Glu	Leu	Pro	Leu	Met	Asn	Pro	Phe	His	Val	Leu	Leu	Ile		
Val	Leu	Ala	Tyr	Leu	Val	Thr	Val	Phe	Val	Gly	Met	Gln	Ile	Met	Lys		
Asn	Phe	Glu	Arg	Phe	Glu	Val	Lys	Thr	Phe	Ser	Leu	Leu	His	Asn	Phe		
Cys	Leu	Val	Ser	Ile	Ser	Ala	Tyr	Met	Cys	Gly	Gly	Ile	Leu	Tyr	Glu		
Ala	Tyr	Gln	Ala	Asn	Tyr	Gly	Leu	Phe	Glu	Asn	Ala	Ala	Asp	His	Thr		
Phe	Lys	Gly	Leu	Pro	Met	Ala	Lys	Met	Ile	Trp	Leu	Phe	Tyr	Phe	Ser		
Lys	Ile	Met	Glu	Phe	Val	Asp	Thr	Met	Ile	Met	Val	Leu	Lys	Lys	Asn		

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

<210> 185
<211> 251
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(11)
<223> xaa na posição 2 a 11 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(15)
<223> xaa na posição 14 a 15 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(23)
<223> xaa na posição 17 a 23 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (25)..(25)
<223> xaa na posição 25 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (26)..(28)
<223> xaa na posição 26 a 28 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (30)..(31)
<223> xaa na posição 30 a 31 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (32)..(34)
<223> xaa na posição 32 a 34 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (36)..(37)
<223> xaa na posição 36 a 37 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (39)..(44)
<223> xaa na posição 39 a 44 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (47)..(51)
<223> xaa na posição 47 a 51 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (54)..(54)
 <223> xaa na posição 54 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (57)..(63)
 <223> xaa na posição 57 a 63 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (65)..(68)
 <223> xaa na posição 65 a 68 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (70)..(70)
 <223> xaa na posição 70 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (72)..(72)
 <223> xaa na posição 72 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (75)..(82)
 <223> xaa na posição 75 a 82 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (83)..(86)
 <223> xaa na posição 83 a 86 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (88)..(91)
 <223> xaa na posição 88 a 91 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (93)..(93)
 <223> xaa na posição 93 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (96)..(96)
 <223> xaa na posição 96 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (99)..(100)
 <223> xaa na posição 99 a 100 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (103)..(103)
 <223> xaa na posição 103 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (106)..(107)
 <223> xaa na posição 106 a 107 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (109)..(109)
 <223> xaa na posição 109 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (111)..(115)
 <223> xaa na posição 111 a 115 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (117)..(119)

<223> xaa na posição 117 a 119 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (126)..(126)
 <223> xaa na posição 126 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (129)..(130)
 <223> xaa na posição 129 a 130 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (133)..(134)
 <223> xaa na posição 133 a 134 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (136)..(138)
 <223> xaa na posição 136 a 138 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (143)..(143)
 <223> xaa na posição 143 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (148)..(149)
 <223> xaa na posição 148 a 149 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (153)..(154)
 <223> xaa na posição 153 a 154 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (157)..(158)
 <223> xaa na posição 157 a 158 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (160)..(160)
 <223> xaa na posição 160 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (163)..(179)
 <223> xaa na posição 163 a 179 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (180)..(185)
 <223> xaa na posição 180 a 185 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (187)..(188)
 <223> xaa na posição 187 a 188 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (190)..(191)
 <223> xaa na posição 190 a 191 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (194)..(198)
 <223> xaa na posição 194 a 198 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (200)..(201)
 <223> xaa na posição 200 a 201 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (203)..(208)
 <223> xaa na posição 203 a 208 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (209)..(209)
 <223> xaa na posição 209 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (212)..(217)
 <223> xaa na posição 212 a 217 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (219)..(220)
 <223> xaa na posição 219 a 220 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (223)..(225)
 <223> xaa na posição 223 a 225 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (227)..(227)
 <223> xaa na posição 227 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (233)..(246)
 <223> xaa na posição 233 a 246 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (247)..(250)
 <223> xaa na posição 247 a 250 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <400> 185
 Ser xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Tyr Leu xaa xaa Val
 1 5 10 15
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Lys xaa xaa xaa xaa Lys xaa xaa xaa
 20 25 30
 xaa xaa Pro xaa xaa Leu xaa xaa xaa xaa xaa xaa His Asn xaa xaa
 35 40 45
 xaa xaa xaa Leu Ser xaa Tyr Met xaa xaa xaa xaa xaa xaa Ala
 50 55 60
 xaa xaa xaa xaa Tyr xaa Leu xaa Gly Asn xaa xaa xaa xaa xaa
 65 70 75 80
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa Met xaa xaa xaa xaa Tyr xaa Phe Tyr xaa
 85 90 95
 Ser Lys xaa xaa Glu Phe xaa Asp Thr xaa xaa Met xaa Leu xaa xaa
 100 105 110
 xaa xaa xaa Gln xaa xaa xaa Leu His Val Tyr His His xaa Ser Ile
 115 120 125
 xaa xaa Ile Trp xaa xaa Ile xaa xaa xaa Ala Pro Gly Gly xaa Ala
 130 135 140
 Tyr Phe Ser xaa xaa Leu Asn Ser xaa xaa His Val xaa xaa Tyr xaa
 145 150 155 160
 Tyr Tyr xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 165 170 175
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Thr xaa xaa Gln xaa xaa Gln
 180 185 190
 Phe xaa xaa xaa xaa xaa Gln xaa xaa Tyr xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 195 200 205
 xaa Tyr Pro xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa xaa Tyr Met xaa xaa
 210 215 220
 xaa Leu xaa Leu Phe Gly Asn Phe xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 225 230 235 240
 xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Lys
 245 250

<210> 186
 <211> 60
 <212> PRT
 <213> Seqüência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(4)
 <223> xaa na posição 3 a 4 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(7)
 <223> xaa na posição 7 é Leu, Met ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(10)
 <223> xaa na posição 10 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (11)..(11)
 <223> xaa na posição 11 é Phe ou Ile
 <220>
 <221> Variante
 <222> (13)..(13)
 <223> xaa na posição 13 é Ile, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(18)
 <223> xaa na posição 15 a 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (19)..(19)
 <223> xaa na posição 19 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(21)
 <223> xaa na posição 21 é Ile, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (22)..(22)
 <223> xaa na posição 22 é Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Phe ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (26)..(26)
 <223> xaa na posição 26 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (30)..(30)
 <223> xaa na posição 30 é Ala ou Ser
 <220>
 <221> Variante
 <222> (31)..(31)
 <223> xaa na posição 31 é Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(34)
 <223> xaa na posição 33 a 34 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(37)

<223> xaa na posição 37 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (38)..(38)
 <223> xaa na posição 38 é Ala, Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (39)..(39)
 <223> xaa na posição 39 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(40)
 <223> xaa na posição 40 é Ala ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (41)..(42)
 <223> xaa na posição 41 a 42 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (45)..(45)
 <223> xaa na posição 45 é Gly ou Asn
 <220>
 <221> Variante
 <222> (47)..(47)
 <223> xaa na posição 47 é Asp ou Glu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (50)..(50)
 <223> xaa na posição 50 é Phe ou Trp
 <220>
 <221> Variante
 <222> (52)..(52)
 <223> xaa na posição 52 é Ala ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (53)..(53)
 <223> xaa na posição 53 é Ala ou Ile
 <220>
 <221> Variante
 <222> (57)..(57)
 <223> xaa na posição 57 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (58)..(58)
 <223> xaa na posição 58 é Ile ou Val
 <400> 186

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

<210> 187
 <211> 23
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(3)
 <223> xaa na posição 3 é Leu ou Met
 <220>

```

<221> Variante
<222> (4)..(4)
<223> xaa na posição 4 é Phe ou Tyr
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Ala ou Cys
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (8)..(8)
<223> xaa na posição 8 é Glu ou Gly
<220>
<221> Variante
<222> (9)..(9)
<223> xaa na posição 9 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(10)
<223> xaa na posição 10 é Ala, Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(11)
<223> xaa na posição 11 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é Ala ou Gln
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(17)
<223> xaa na posição 14 a 17 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(19)
<223> xaa na posição 19 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (21)..(21)
<223> xaa na posição 21 é Phe ou Trp
<400> 187
Leu Ser xaa xaa Met xaa xaa xaa xaa xaa xaa Ala xaa xaa xaa
  1           5           10           15
xaa Tyr xaa xaa xaa Gly Asn
           20
<210> 188
<211> 24
<212> PRT
<213> Seqüência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(4)
<223> xaa na posição 3 a 4 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)

```

<223> xaa na posição 5 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(7)
 <223> xaa na posição 6 a 7 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(8)
 <223> xaa na posição 8 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(11)
 <223> xaa na posição 10 a 11 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(14)
 <223> xaa na posição 14 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (15)..(15)
 <223> xaa na posição 15 é Ser ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (16)..(16)
 <223> xaa na posição 16 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (21)..(22)
 <223> xaa na posição 21 a 22 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é Phe ou Tyr
 <400> 188
 Tyr Pro xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa xaa Tyr Met xaa xaa xaa
 1 5 10 15
 Leu xaa Leu Phe xaa xaa Phe xaa
 20
 <210> 189
 <211> 20
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Ile ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(5)
 <223> xaa na posição 4 a 5 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(7)
 <223> xaa na posição 7 é Leu ou Met
 <220>
 <221> Variante
 <222> (8)..(8)
 <223> xaa na posição 8 é qualquer aminoácido
 <220>

```

<221> Variante
<222> (11)..(14)
<223> xaa na posição 11 a 14 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é Gly, Ile ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (17)..(17)
<223> xaa na posição 17 é Ala ou Ser
<220>
<221> Variante
<222> (18)..(18)
<223> xaa na posição 18 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (19)..(19)
<223> xaa na posição 19 é Trp ou Tyr
<220>
<221> Variante
<222> (20)..(20)
<223> xaa na posição 20 é Ala ou Asp
<400> 189
Tyr xaa Thr xaa xaa Gln xaa xaa Gln Phe xaa xaa xaa xaa xaa Gln
  1             5             10             15
xaa xaa xaa xaa
          20
<210> 190
<211> 18
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(5)
<223> xaa na posição 2 a 5 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é qualquer um ou nenhum aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (8)..(9)
<223> xaa na posição 8 a 9 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (11)..(12)
<223> xaa na posição 11 a 12 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (13)..(13)
<223> xaa na posição 13 é Phe ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (15)..(15)
<223> xaa na posição 15 é Ile ou Leu
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)

```

<223> xaa na posição 16 é qualquer aminoácido
 <400> 190
 Lys xaa xaa xaa xaa xaa Pro xaa xaa Leu xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 1 5 10 15
 His Asn

<210> 191
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial
 <220>
 <221> Variante
 <222> (2)..(2)
 <223> xaa na posição 2 é Pro ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (3)..(3)
 <223> xaa na posição 3 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (4)..(4)
 <223> xaa na posição 4 é Glu ou Pro
 <220>
 <221> Variante
 <222> (5)..(5)
 <223> xaa na posição 5 é Ile, Leu, Met ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (6)..(6)
 <223> xaa na posição 6 é Leu, Met ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (7)..(8)
 <223> xaa na posição 7 a 8 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (9)..(9)
 <223> xaa na posição 9 é Ile, Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (10)..(11)
 <223> xaa na posição 10 a 11 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (14)..(15)
 <223> xaa na posição 14 a 15 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (18)..(18)
 <223> xaa na posição 18 é Gly ou Leu
 <400> 191
 Ser xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Tyr Leu xaa xaa Val
 1 5 10 15
 xaa xaa

<210> 192
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Sequência artificial

```

<220>
<221> Variante
<222> (2)..(2)
<223> xaa na posição 2 é Ala, Gly ou Asn
<220>
<221> Variante
<222> (3)..(3)
<223> xaa na posição 3 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (4)..(4)
<223> xaa na posição 4 é Ile, Leu ou Met
<220>
<221> Variante
<222> (5)..(5)
<223> xaa na posição 5 é Ile, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (6)..(6)
<223> xaa na posição 6 é Trp ou Tyr
<220>
<221> Variante
<222> (7)..(7)
<223> xaa na posição 7 é Ile, Leu ou Val
<220>
<221> Variante
<222> (10)..(10)
<223> xaa na posição 10 é Phe, Met ou Val
<400> 192
Met xaa xaa xaa xaa xaa xaa Phe Tyr xaa
  1             5             10
<210> 193
<211> 1086
<212> DNA
<213> Phytophthora infestans
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1086)
<400> 193
atg gcg acg aag gag gcg tat gtg ttc ccc act ctg acg gag atc aag      48
Met Ala Thr Lys Glu Ala Tyr Val Phe Pro Thr Leu Thr Glu Ile Lys
  1             5             10             15
cgg tcg cta cct aaa gac tgt ttc gag gct tcg gtg cct ctg tcg ctc      96
Arg Ser Leu Pro Lys Asp Cys Phe Glu Ala Ser Val Pro Leu Ser Leu
             20             25             30
tac tac acc gtg cgt tgt ctg gtg atc gcg gtg gct cta acc ttc ggt      144
Tyr Tyr Thr Val Arg Cys Leu Val Ile Ala Val Ala Leu Thr Phe Gly
             35             40             45
ctc aac tac gct cgc gct ctg ccc gag gtc gag agc ttc tgg gct ctg      192
Leu Asn Tyr Ala Arg Ala Leu Pro Glu Val Glu Ser Phe Trp Ala Leu
             50             55             60
gac gcc gca ctc tgc acg ggc tac atc ttg ctg cag ggc atc gtg ttc      240
Asp Ala Ala Leu Cys Thr Gly Tyr Ile Leu Leu Gln Gly Ile Val Phe
  65             70             75             80
tgg ggc ttc ttc acg gtg ggc cac gat gcc ggc cac ggc gcc ttc tcg      288
Trp Gly Phe Phe Thr Val Gly His Asp Ala Gly His Gly Ala Phe Ser
             85             90             95
cgc tac cac ctg ctt aac ttc gtg gtg ggc act ttc atg cac tcg ctc      336
Arg Tyr His Leu Leu Asn Phe Val Val Gly Thr Phe Met His Ser Leu
             100             105             110
atc ctc acg ccc ttc gag tcg tgg aag ctc acg cac cgt cac cac cac      384
Ile Leu Thr Pro Phe Glu Ser Trp Lys Leu Thr His Arg His His His
             115             120             125

```

aag aac acg ggc aac att gac cgt gac gag gtc ttc tac ccg caa cgc	432
Lys Asn Thr Gly Asn Ile Asp Arg Asp Glu Val Phe Tyr Pro Gln Arg	
130 135 140	
aag gcc gac gac cac ccg ctg tct cgc aac ctg att ctg gcg ctc ggg	480
Lys Ala Asp Asp His Pro Leu Ser Arg Asn Leu Ile Leu Ala Leu Gly	
145 150 155 160	
gca gcg tgg ctc gcc tat ttg gtc gag ggc ttc cct cct cgt aag gtc	528
Ala Ala Trp Leu Ala Tyr Leu Val Glu Gly Phe Pro Pro Arg Lys Val	
165 170 175	
aac cac ttc aac ccg ttc gag cct ctg ttc gtg cgt cag gtg tca gct	576
Asn His Phe Asn Pro Phe Glu Pro Leu Phe Val Arg Gln Val Ser Ala	
180 185 190	
gtg gta atc tct ctt ctc gcc cac ttc ttc gtg gcc gga ctc tcc atc	624
Val Val Ile Ser Leu Leu Ala His Phe Phe Val Ala Gly Leu Ser Ile	
195 200 205	
tat ctg agc ctc cag ctg ggc ctt aag acg atg gca atc tac tac tat	672
Tyr Leu Ser Leu Gln Leu Gly Leu Lys Thr Met Ala Ile Tyr Tyr Tyr	
210 215 220	
gga cct gtt ttt gtg ttc ggc agc atg ctg gtc att acc acc ttc cta	720
Gly Pro Val Phe Val Phe Gly Ser Met Leu Val Ile Thr Thr Phe Leu	
225 230 235 240	
cac cac aat gat gag gag acc cca tgg tac gcc gac tcg gag tgg acg	768
His His Asn Asp Glu Glu Thr Pro Trp Tyr Ala Asp Ser Glu Trp Thr	
245 250 255	
tac gtc aag ggc aac ctc tcg tcc gtg gac cga tcg tac ggc gcg ctc	816
Tyr Val Lys Gly Asn Leu Ser Ser Val Asp Arg Ser Tyr Gly Ala Leu	
260 265 270	
att gac aac ctg agc cac aac atc ggc acg cac cag atc cac cac ctt	864
Ile Asp Asn Leu Ser His Asn Ile Gly Thr His Gln Ile His His Leu	
275 280 285	
ttc cct atc att ccg cac tac aaa ctc aag aaa gcc act gcg gcc ttc	912
Phe Pro Ile Ile Pro His Tyr Lys Leu Lys Lys Ala Thr Ala Ala Phe	
290 295 300	
cac cag gct ttc cct gag ctc gtg cgc aag agc gac gag cca att atc	960
His Gln Ala Phe Pro Glu Leu Val Arg Lys Ser Asp Glu Pro Ile Ile	
305 310 315 320	
aag gct ttc ttc cgg gtt gga cgt ctc tac gca aac tac ggc gtt gtg	
1008	
Lys Ala Phe Phe Arg Val Gly Arg Leu Tyr Ala Asn Tyr Gly Val Val	
325 330 335	
gac cag gag gcg aag ctc ttc acg cta aag gaa gcc aag gcg gcg acc	
1056	
Asp Gln Glu Ala Lys Leu Phe Thr Leu Lys Glu Ala Lys Ala Ala Thr	
340 345 350	
gag gcg gcg gcc aag acc aag tcc acg taa	
1086	
Glu Ala Ala Ala Lys Thr Lys Ser Thr	
355 360	
<210> 194	
<211> 361	
<212> PRT	
<213> Phytophthora infestans	
<400> 194	
Met Ala Thr Lys Glu Ala Tyr Val Phe Pro Thr Leu Thr Glu Ile Lys	
1 5 10 15	
Arg Ser Leu Pro Lys Asp Cys Phe Glu Ala Ser Val Pro Leu Ser Leu	
20 25 30	
Tyr Tyr Thr Val Arg Cys Leu Val Ile Ala Val Ala Leu Thr Phe Gly	
35 40 45	
Leu Asn Tyr Ala Arg Ala Leu Pro Glu Val Glu Ser Phe Trp Ala Leu	
50 55 60	
Asp Ala Ala Leu Cys Thr Gly Tyr Ile Leu Leu Gln Gly Ile Val Phe	
65 70 75 80	

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

<210> 195

<211> 1077

<212> DNA

<213> *Saprolegnia diclina*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1077)

<400> 195

atg act gag gat aag acg aag gtc gag ttc ccg acg ctc acg gag ctc	48
Met Thr Glu Asp Lys Thr Lys Val Glu Phe Pro Thr Leu Thr Glu Leu	
1 5 10 15	
aag cac tcg atc ccg aac gcg tgc ttt gag tcg aac ctc ggc ctc tcg	96
Lys His Ser Ile Pro Asn Ala Cys Phe Glu Ser Asn Leu Gly Leu Ser	
20 25 30	
ctc tac tac acg gcc cgc gcg atc ttc aac gcg tcg gcc tcg gcg gcg	144
Leu Tyr Tyr Thr Ala Arg Ala Ile Phe Asn Ala Ser Ala Ser Ala Ala	
35 40 45	
ctg ctc tac gcg gcg cgc tcg acg ccg ttc att gcc gat aac gtt ctg	192
Leu Leu Tyr Ala Ala Arg Ser Thr Pro Phe Ile Ala Asp Asn Val Leu	
50 55 60	
ctc cac gcg ctc gtt tgc gcc acc tac atc tac gtg cag ggc gtc atc	240
Leu His Ala Leu Val Cys Ala Thr Tyr Ile Tyr Val Gln Gly Val Ile	
65 70 75 80	
ttc tgg ggc ttc ttc acg gtc ggc cac gac tgc ggc cac tcg gcc ttc	288
Phe Trp Gly Phe Phe Thr Val Gly His Asp Cys Gly His Ser Ala Phe	
85 90 95	
tcg cgc tac cac agc gtc aac ttt atc atc ggc tgc atc atg cac tct	336

Ser	Arg	Tyr	His	Ser	Val	Asn	Phe	Ile	Ile	Gly	Cys	Ile	Met	His	Ser		
			100					105					110				
gcg	att	ttg	acg	ccg	ttc	gag	agc	tgg	cgc	gtg	acg	cac	cgc	cac	cac		384
Ala	Ile	Leu	Thr	Pro	Phe	Glu	Ser	Trp	Arg	Val	Thr	His	Arg	His	His		
		115					120					125					
cac	aag	aac	acg	ggc	aac	att	gat	aag	gac	gag	atc	ttt	tac	ccg	cac		432
His	Lys	Asn	Thr	Gly	Asn	Ile	Asp	Lys	Asp	Glu	Ile	Phe	Tyr	Pro	His		
	130					135					140						
cgg	tcg	gtc	aag	gac	ctc	cag	gac	gtg	cgc	caa	tgg	gtc	tac	acg	ctc		480
Arg	Ser	Val	Lys	Asp	Leu	Gln	Asp	Val	Arg	Gln	Trp	Val	Tyr	Thr	Leu		
145					150					155					160		
ggc	ggt	gcg	tgg	ttt	gtc	tac	ttg	aag	gtc	ggg	tat	gcc	ccg	cgc	acg		528
Gly	Gly	Ala	Trp	Phe	Val	Tyr	Leu	Lys	Val	Gly	Tyr	Ala	Pro	Arg	Thr		
				165					170				175				
atg	agc	cac	ttt	gac	ccg	tgg	gac	ccg	ctc	ctc	ctt	cgc	cgc	gcg	tcg		576
Met	Ser	His	Phe	Asp	Pro	Trp	Asp	Pro	Leu	Leu	Leu	Arg	Arg	Ala	Ser		
		180					185					190					
gcc	gtc	atc	gtg	tcg	ctc	ggc	gtc	tgg	gcc	gcc	ttc	ttc	gcc	gcg	tac		624
Ala	Val	Ile	Val	Ser	Leu	Gly	Val	Trp	Ala	Ala	Phe	Phe	Ala	Ala	Tyr		
	195					200						205					
gcg	tac	ctc	aca	tac	tcg	ctc	ggc	ttt	gcc	gtc	atg	ggc	ctc	tac	tac		672
Ala	Tyr	Leu	Thr	Tyr	Ser	Leu	Gly	Phe	Ala	Val	Met	Gly	Leu	Tyr	Tyr		
	210					215					220						
tat	gcg	ccg	ctc	ttt	gtc	ttt	gct	tcg	ttc	ctc	gtc	att	acg	acc	ttc		720
Tyr	Ala	Pro	Leu	Phe	Val	Phe	Ala	Ser	Phe	Leu	Val	Ile	Thr	Thr	Phe		
225					230					235					240		
ttg	cac	cac	aac	gac	gaa	gcg	acg	ccg	tgg	tac	ggc	gac	tcg	gag	tgg		768
Leu	His	His	Asn	Asp	Glu	Ala	Thr	Pro	Trp	Tyr	Gly	Asp	Ser	Glu	Trp		
			245						250				255				
acg	tac	gtc	aag	ggc	aac	ctc	tcg	agc	gtc	gac	cgc	tcg	tac	ggc	gcg		816
Thr	Tyr	Val	Lys	Gly	Asn	Leu	Ser	Ser	Val	Asp	Arg	Ser	Tyr	Gly	Ala		
		260						265				270					
ttc	gtg	gac	aac	ctg	agc	cac	cac	att	ggc	acg	cac	cag	gtc	cac	cac		864
Phe	Val	Asp	Asn	Leu	Ser	His	His	Ile	Gly	Thr	His	Gln	Val	His	His		
	275						280					285					
ttg	ttc	ccg	atc	att	ccg	cac	tac	aag	ctc	aac	gaa	gcc	acc	aag	cac		912
Leu	Phe	Pro	Ile	Ile	Pro	His	Tyr	Lys	Leu	Asn	Glu	Ala	Thr	Lys	His		
	290					295					300						
ttt	gcg	gcc	gcg	tac	ccg	cac	ctc	gtg	cgc	agg	aac	gac	gag	ccc	atc		960
Phe	Ala	Ala	Ala	Tyr	Pro	His	Leu	Val	Arg	Arg	Asn	Asp	Glu	Pro	Ile		
305					310					315					320		
atc	acg	gcc	ttc	ttc	aag	acc	gcg	cac	ctc	ttt	gtc	aac	tac	ggc	gct		
1008																	
Ile	Thr	Ala	Phe	Phe	Lys	Thr	Ala	His	Leu	Phe	Val	Asn	Tyr	Gly	Ala		
			325						330					335			
gtg	ccc	gag	acg	gcg	cag	atc	ttc	acg	ctc	aaa	gag	tcg	gcc	gcg	gcc		
1056																	
Val	Pro	Glu	Thr	Ala	Gln	Ile	Phe	Thr	Leu	Lys	Glu	Ser	Ala	Ala	Ala		
			340					345					350				
gcc	aag	gcc	aag	tcg	gac	taa											
1077																	
Ala	Lys	Ala	Lys	Ser	Asp												
		355															
<210>		196															
<211>		358															
<212>		PRT															
<213>		Saprolegnia diclina															
<400>		196															
Met	Thr	Glu	Asp	Lys	Thr	Lys	Val	Glu	Phe	Pro	Thr	Leu	Thr	Glu	Leu		
1				5					10					15			
Lys	His	Ser	Ile	Pro	Asn	Ala	Cys	Phe	Glu	Ser	Asn	Leu	Gly	Leu	Ser		
			20					25					30				
Leu	Tyr	Tyr	Thr	Ala	Arg	Ala	Ile	Phe	Asn	Ala	Ser	Ala	Ser	Ala	Ala		

[illegible]

```
<210> 197
<211> 359
<212> PRT
<213> Sequência artificial
<220>
<221> Variante
<222> (2)..(5)
<223> xaa na posição 2 a 5 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (12)..(12)
<223> xaa na posição 12 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (14)..(14)
<223> xaa na posição 14 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (16)..(16)
<223> xaa na posição 16 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
```

<222> (18)..(19)
 <223> xaa na posição 18 a 19 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(26)
 <223> xaa na posição 23 a 26 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (33)..(33)
 <223> xaa na posição 33 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (35)..(38)
 <223> xaa na posição 35 a 38 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (40)..(40)
 <223> xaa na posição 40 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (42)..(45)
 <223> xaa na posição 42 a 45 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (47)..(48)
 <223> xaa na posição 47 a 48 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (51)..(52)
 <223> xaa na posição 51 a 52 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (54)..(60)
 <223> xaa na posição 54 a 60 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (62)..(62)
 <223> xaa na posição 62 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (64)..(65)
 <223> xaa na posição 64 a 65 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (67)..(68)
 <223> xaa na posição 67 a 68 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (71)..(72)
 <223> xaa na posição 71 a 72 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (75)..(76)
 <223> xaa na posição 75 a 76 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (87)..(87)
 <223> xaa na posição 87 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (90)..(90)
 <223> xaa na posição 90 é qualquer aminoácido
 <220>

<221> Variante
<222> (97)..(98)
<223> xaa na posição 97 a 98 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (101)..(102)
<223> xaa na posição 101 a 102 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (104)..(105)
<223> xaa na posição 104 a 105 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (109)..(109)
<223> xaa na posição 109 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (118)..(119)
<223> xaa na posição 118 a 119 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (133)..(133)
<223> xaa na posição 133 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (136)..(136)
<223> xaa na posição 136 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (140)..(140)
<223> xaa na posição 140 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (142)..(144)
<223> xaa na posição 142 a 144 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (146)..(149)
<223> xaa na posição 146 a 149 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (151)..(155)
<223> xaa na posição 151 a 155 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (158)..(158)
<223> xaa na posição 158 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (161)..(162)
<223> xaa na posição 161 a 162 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (165)..(166)
<223> xaa na posição 165 a 166 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (168)..(169)
<223> xaa na posição 168 a 169 é qualquer aminoácido
<220>
<221> Variante
<222> (172)..(174)
<223> xaa na posição 172 a 174 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (177)..(177)
 <223> xaa na posição 177 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (179)..(180)
 <223> xaa na posição 179 a 180 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (183)..(184)
 <223> xaa na posição 183 a 184 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (186)..(187)
 <223> xaa na posição 186 a 187 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (191)..(192)
 <223> xaa na posição 191 a 192 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (195)..(195)
 <223> xaa na posição 195 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (196)..(197)
 <223> xaa na posição 196 a 197 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (199)..(199)
 <223> xaa na posição 199 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (202)..(202)
 <223> xaa na posição 202 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (204)..(205)
 <223> xaa na posição 204 a 205 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (206)..(207)
 <223> xaa na posição 206 a 207 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (210)..(212)
 <223> xaa na posição 210 a 212 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (215)..(217)
 <223> xaa na posição 215 a 217 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (219)..(220)
 <223> xaa na posição 219 a 220 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (224)..(224)
 <223> xaa na posição 224 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (226)..(226)

<223> xaa na posição 226 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (230)..(230)
 <223> xaa na posição 230 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (232)..(232)
 <223> xaa na posição 232 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (245)..(245)
 <223> xaa na posição 245 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (250)..(250)
 <223> xaa na posição 250 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (271)..(272)
 <223> xaa na posição 271 a 272 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (278)..(278)
 <223> xaa na posição 278 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (284)..(284)
 <223> xaa na posição 284 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (297)..(298)
 <223> xaa na posição 297 a 298 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (301)..(302)
 <223> xaa na posição 301 a 302 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (304)..(305)
 <223> xaa na posição 304 a 305 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (307)..(307)
 <223> xaa na posição 307 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (309)..(309)
 <223> xaa na posição 309 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (313)..(314)
 <223> xaa na posição 313 a 314 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (320)..(320)
 <223> xaa na posição 320 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (324)..(327)
 <223> xaa na posição 324 a 327 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante

<222> (329)..(330)
 <223> xaa na posição 329 a 330 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (334)..(334)
 <223> xaa na posição 334 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (336)..(338)
 <223> xaa na posição 336 a 338 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (340)..(341)
 <223> xaa na posição 340 a 341 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (347)..(348)
 <223> xaa na posição 347 a 348 é qualquer aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (349)..(352)
 <223> xaa na posição 349 a 352 é qualquer um ou nenhum aminoácido
 <220>
 <221> Variante
 <222> (357)..(357)
 <223> xaa na posição 357 é qualquer aminoácido
 <400> 197
 Lys xaa xaa xaa xaa Phe Pro Thr Leu Thr Glu xaa Lys xaa Ser xaa
 1 5 10 15
 Pro xaa xaa Cys Phe Glu xaa xaa xaa xaa Leu Ser Leu Tyr Tyr Thr
 20 25 30
 xaa Arg xaa xaa xaa xaa Ala xaa Ala xaa xaa xaa xaa Leu xaa xaa
 35 40 45
 Ala Arg xaa xaa Pro xaa xaa xaa xaa xaa xaa xaa Leu xaa Ala xaa
 50 55 60
 xaa Cys xaa xaa Tyr Ile xaa xaa Gln Gly xaa xaa Phe Trp Gly Phe
 65 70 75 80
 Phe Thr Val Gly His Asp xaa Gly His xaa Ala Phe Ser Arg Tyr His
 85 90 95
 xaa xaa Asn Phe xaa xaa Gly xaa xaa Met His Ser xaa Ile Leu Thr
 100 105 110
 Pro Phe Glu Ser Trp xaa xaa Thr His Arg His His His Lys Asn Thr
 115 120 125
 Gly Asn Ile Asp xaa Asp Glu xaa Phe Tyr Pro xaa Arg xaa xaa xaa
 130 135 140
 Asp xaa xaa xaa xaa Arg xaa xaa xaa xaa xaa Leu Gly xaa Ala Trp
 145 150 155 160
 xaa xaa Tyr Leu xaa xaa Gly xaa xaa Pro Arg xaa xaa xaa His Phe
 165 170 175
 xaa Pro xaa xaa Pro Leu xaa xaa Arg xaa xaa Ser Ala Val xaa xaa
 180 185 190
 Ser Leu xaa xaa xaa Ala xaa Phe Phe xaa Ala xaa xaa xaa xaa Tyr
 195 200 205
 Leu xaa xaa xaa Leu Gly xaa xaa xaa Met xaa xaa Tyr Tyr Tyr xaa
 210 215 220
 Pro xaa Phe Val Phe xaa Ser xaa Leu Val Ile Thr Thr Phe Leu His
 225 230 235 240
 His Asn Asp Glu xaa Thr Pro Trp Tyr xaa Asp Ser Glu Trp Thr Tyr
 245 250 255
 Val Lys Gly Asn Leu Ser Ser Val Asp Arg Ser Tyr Gly Ala xaa xaa
 260 265 270
 Asp Asn Leu Ser His xaa Ile Gly Thr His Gln xaa His His Leu Phe
 275 280 285

Pro Ile Ile Pro His Tyr Lys Leu xaa xaa Ala Thr xaa xaa Phe xaa
 290 295 300
 xaa Ala xaa Pro xaa Leu Val Arg xaa xaa Asp Glu Pro Ile Ile xaa
 305 310 315 320
 Ala Phe Phe xaa xaa xaa xaa Leu xaa xaa Asn Tyr Gly xaa Val xaa
 325 330 335
 xaa xaa Ala xaa xaa Phe Thr Leu Lys Glu xaa xaa xaa xaa xaa xaa
 340 345 350
 Ala Ala Ala Lys xaa Lys Ser
 355

<210> 198

<211> 60

<212> PRT

<213> Sequência artificial

<220>

<221> Variante

<222> (10)..(10)

<223> xaa na posição 10 é Ala ou Glu

<220>

<221> Variante

<222> (15)..(15)

<223> xaa na posição 15 é Ala ou Gly

<220>

<221> Variante

<222> (36)..(36)

<223> xaa na posição 36 é Phe ou Leu

<220>

<221> Variante

<222> (37)..(37)

<223> xaa na posição 37 é Ile ou Val

<220>

<221> Variante

<222> (43)..(43)

<223> xaa na posição 43 é qualquer aminoácido

<220>

<221> Variante

<222> (49)..(49)

<223> xaa na posição 49 é Ile ou Val

<400> 198

Thr Thr Phe Leu His His Asn Asp Glu xaa Thr Pro Trp Tyr xaa Asp
 1 5 10 15

Ser Glu Trp Thr Tyr Val Lys Gly Asn Leu Ser Ser Val Asp Arg Ser
 20 25 30

Tyr Gly Ala xaa xaa Asp Asn Leu Ser His xaa Ile Gly Thr His Gln
 35 40 45

xaa His His Leu Phe Pro Ile Ile Pro His Tyr Lys
 50 55 60

<210> 199

<211> 60

<212> PRT

<213> Sequência artificial

<220>

<221> Variante

<222> (6)..(6)

<223> xaa na posição 6 é Ala ou Cys

<220>

<221> Variante

<222> (9)..(9)

<223> xaa na posição 9 é Gly ou Ser

<220>

<221> Variante

<222> (16)..(16)

<223> xaa na posição 16 é qualquer aminoácido

<220>
 <221> Variante
 <222> (17)..(17)
 <223> xaa na posição 17 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (20)..(21)
 <223> xaa na posição 20 a 21 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (23)..(23)
 <223> xaa na posição 23 é Cys ou Thr
 <220>
 <221> Variante
 <222> (24)..(24)
 <223> xaa na posição 24 é Phe ou Ile
 <220>
 <221> Variante
 <222> (28)..(28)
 <223> xaa na posição 28 é Ala ou Leu
 <220>
 <221> Variante
 <222> (37)..(37)
 <223> xaa na posição 37 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (38)..(38)
 <223> xaa na posição 38 é Leu ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (52)..(52)
 <223> xaa na posição 52 é Lys ou Arg
 <220>
 <221> Variante
 <222> (55)..(55)
 <223> xaa na posição 55 é Ile ou Val
 <220>
 <221> Variante
 <222> (59)..(59)
 <223> xaa na posição 59 é qualquer aminoácido
 <400> 199
 Thr Val Gly His Asp xaa Gly His xaa Ala Phe Ser Arg Tyr His xaa
 1 5 10 15
 xaa Asn Phe xaa xaa Gly xaa xaa Met His Ser xaa Ile Leu Thr Pro
 20 25 30
 Phe Glu Ser Trp xaa xaa Thr His Arg His His His Lys Asn Thr Gly
 35 40 45
 Asn Ile Asp xaa Asp Glu xaa Phe Tyr Pro xaa Arg
 50 55 60

REIVINDICAÇÕES

1. Processo para produzir ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosahexaenóico em uma planta transgênica, caracterizado pelo fato de compreender a provisão na planta de pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -dessaturase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase; pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase; e pelo menos uma seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase e opcionalmente uma $\Delta 4$ -dessaturase, onde a seqüência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase está modificada por comparação com a seqüência de ácido nucleico no organismo do qual a seqüência é derivada pelo fato de que está adaptada para uso de códon em uma ou mais espécies de planta.

2. Processo de acordo com a reivindicação 1, caracterizado pelo fato de que a seqüência de ácido nucleico está adaptada pelo menos para uso de códon em colza, feijão-soja e/ou linho,

3. Processo de acordo com uma das reivindicações 1 ou 2, caracterizado pelo fato de que a seqüência de ácido nucleico está adaptada para levar em consideração a frequência natural de códons individuais,

4. Processo de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 3, caracterizado pelo fato de que as seqüências de ácido nucleico modificadas correspondem à seqüência de ácido nucleico indicada em SEQ ID No, 64.

5. Processo de acordo com qualquer uma das reivindicações 1 a 4, caracterizado pelo fato de que as seqüências de ácido nucleico são expressadas sob o controle de promotor específico de semente.

6. Processo de acordo com a reivindicação 5, caracterizado

pelo fato de que o promotor é promotor USP, vicilina, napina, Glp, SBP, peroxiredoxina, legumina, Fad3, conlinina ou oleosina.

5 7. Processo de acordo com a reivindicação 6, caracterizado pelo fato de que o conteúdo de ácidos graxos C₂₂ poliinsaturados no óleo de semente é 5% em peso ou mais do conteúdo de óleo de semente.

8. Processo de acordo com qualquer uma das seqüências precedentes, caracterizado pelo fato de que adicionalmente são proporcionadas na planta uma ou mais seqüências de ácido nucleico codificadoras de um polipeptídeo possuindo a atividade de uma ω 3
10 dessaturase e/ou uma Δ 4-dessaturase.

9. Processo de acordo com a reivindicação 8, caracterizado pelo fato de que o conteúdo de ácido docosahexaenóico no óleo de semente é 1% em peso ou mais do conteúdo de óleo de semente.

10. Processo de acordo com qualquer uma das seqüências precedentes, caracterizado pelo fato de que o ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosahexaenóico estão presentes na planta principalmente ligados como éster em fosfolipídeos ou triacilglicerídeos.
15

11. Processo de acordo com qualquer uma das seqüências precedentes, caracterizado pelo fato de que a planta é uma planta produtora de
20 óleo selecionada do grupo consistindo de Brassica napus, Brassica juncea e Glycine max.

12. Processo de acordo com qualquer uma das seqüências precedentes, caracterizado pelo fato de adicionalmente compreender o ácido eicosapentaenóico, ácido docosapentaenóico e/ou ácido docosahexaenóico na
25 forma de seus óleos, lipídeos ou ácidos graxos livres da planta.

13. Molécula de ácido nucleico isolada, caracterizada pelo fato de compreender uma seqüência de ácido nucleico como mostrada em SEQ ID No 64.

14. Molécula de ácido nucleico recombinante, caracterizada

pelo fato de compreender:

a) uma ou mais cópias de pelo menos um promotor que é ativo em células de planta,

5 b) pelo menos uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -dessaturase,

c) pelo menos uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -dessaturase,

d) pelo menos uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 6$ -alongase,

10 e) pelo menos uma sequência de ácido nucleico que codifica um polipeptídeo possuindo uma atividade de $\Delta 5$ -alongase e que está modificada por comparação com a sequência de ácido nucleico no organismo do qual a sequência é derivada ao ser adaptada ao uso de códon em uma ou mais espécies de planta, e

15 f) uma ou mais cópias de pelo menos uma seqüências de terminador.

15. Molécula de ácido nucleico recombinante de acordo com a reivindicação 14, caracterizada pelo fato de que a sequência de ácido nucleico modificada corresponde à sequência de ácido nucleico indicada em SEQ ID
20 No, 64.

16. Molécula de ácido nucleico recombinante de acordo com uma das reivindicações 14 ou 15, caracterizada pelo fato de adicionalmente compreender uma ou mais seqüências de ácido nucleico codificadoras de um polipeptídeo possuindo a atividade de uma $\omega 3$ -dessaturase e/ou a $\Delta 4$ -
25 dessaturase.

17. Planta transgênica, caracterizada pelo fato de compreender uma molécula de ácido nucleico recombinante como definida em qualquer uma das reivindicações 22 a 25 ou de compreender a sequência de ácido nucleico indicada em SEQ ID No, 64.

18. Uso de óleos, lipídeos ou ácidos graxos livres como definidos na reivindicação 19 ou obtidos pelo processo como definido na reivindicação 18, caracterizado pelo fato de ser para produzir gêneros de ração, gêneros alimentícios, cosméticos ou fármacos.

RESUMO

“PROCESSO PARA PRODUZIR ÁCIDO EICOSAPENTAENÓICO,
ÁCIDO DOCOSAPENTAENÓICO E/OU ÁCIDO
DOCOSAHEXAENÓICO EM UMA PLANTA TRANSGÊNICA,
5 MOLÉCULA DE ÁCIDO NUCLÉICO, PLANTA TRANSGÊNICA, E, USO
DE ÓLEOS, LIPÍDEOS OU ÁCIDOS GRAXOS LIVRES”

A invenção refere-se a um processo para produzir ácido
eicosapentanóico, ácido docosapentanóico e/ou ácido docohexanóico em
plantas transgênicas, De acordo com o citado processo, a planta é
10 proporcionada com pelo menos uma sequência de ácido nucleico codificadora
de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 6$ dessaturase, pelo menos uma
sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma
atividade de $\Delta 6$ alongase, pelo menos uma sequência de ácido nucleico
codificadora de um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 5$ dessaturase, e pelo
15 menos uma sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com
uma atividade de $\Delta 5$ alongase, a sequência de ácido nucleico codificadora de
um polipeptídeo com uma atividade de $\Delta 5$ alongase sendo modificada em
relação à sequência de ácido nucleico no organismo do qual a sequência se
origina, de tal modo que está adaptada para uso de códon em pelo menos um
20 tipo de planta, Para a produção de ácido ácido docosahexanóico, pelo menos
uma sequência de ácido nucleico codificadora de um polipeptídeo com uma
atividade de $\Delta 4$ dessaturase também é introduzida na planta.