

19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 713 548**

51 Int. Cl.:

C11B 1/02

(2006.01)

12

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

86 Fecha de presentación y número de la solicitud internacional: **16.07.2004 PCT/EP2004/007957**

87 Fecha y número de publicación internacional: **10.02.2005 WO05012316**

96 Fecha de presentación y número de la solicitud europea: **16.07.2004 E 04763291 (4)**

97 Fecha y número de publicación de la concesión europea: **17.10.2018 EP 1654344**

54 Título: **Procedimiento para la producción de ácidos grasos poliinsaturados en organismos transgénicos**

30 Prioridad:

**01.08.2003 DE 10335992
24.09.2003 DE 10344557
10.10.2003 DE 10347869
18.12.2003 DE 10359593
27.02.2004 DE 102004009457
13.03.2004 DE 102004012370
14.05.2004 DE 102004024014**

45 Fecha de publicación y mención en BOPI de la traducción de la patente:
22.05.2019

73 Titular/es:

**BASF PLANT SCIENCE GMBH (100.0%)
Carl-Bosch-Strasse 38
67056 Ludwigshafen, DE**

72 Inventor/es:

**ZANK, THORSTEN;
BAUER, JÖRG;
CIRPUS, PETRA;
ABBADI, AMINE;
HEINZ, ERNST;
QIU, XIAO;
VRINTEN, PATRICIA;
SPERLING, PETRA;
DOMERGUE, FREDERIC;
MEYER, ASTRID y
KIRSCH, JELENA**

74 Agente/Representante:

CARPINTERO LÓPEZ, Mario

ES 2 713 548 T3

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

DESCRIPCIÓN

Procedimiento para la producción de ácidos grasos poliinsaturados en organismos transgénicos

La presente invención se refiere a un procedimiento para la producción de ácidos grasos poliinsaturados en un organismo introduciendo ácidos nucleicos en el organismo que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa y en el que se puede usar al menos uno de los ésteres de ácidos grasos de CoA de la delta-4-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-6-desaturasa como sustrato. Ventajosamente, estas secuencias de ácidos nucleicos, dado el caso junto con secuencias de ácidos nucleicos adicionales que codifican polipéptidos de la biosíntesis del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos, pueden expresarse en el organismo. Son especialmente ventajosas secuencias de ácidos nucleicos que codifican una actividad de $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 12$ -desaturasa y/o $\Delta 6$ -elongasa. Estas desaturasas y elongasas proceden ventajosamente de *Thalassiosira*, *Euglena* u *Ostreococcus*. Además, la invención se refiere a un procedimiento para la producción de aceites y/o triacilglicéridos con un elevado contenido de ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga.

La presente invención se refiere además en una forma de realización preferida a un procedimiento para la producción de ácidos grasos $\omega 3$ insaturados, así como a un procedimiento para la producción de triglicéridos con un elevado contenido de ácidos grasos insaturados, especialmente de ácidos grasos $\omega 3$ con más de tres dobles enlaces. La invención se refiere a la producción de un organismo transgénico, preferiblemente de una planta transgénica o de un microorganismo transgénico con elevado contenido de ácidos grasos $\omega 3$ insaturados, aceites o lípidos con dobles enlaces en $\omega 3$ debido a la expresión de las elongasas y desaturasas usadas en el procedimiento según la invención, ventajosamente junto con $\omega 3$ -desaturasas, por ejemplo, una $\omega 3$ -desaturasa de hongos de la familia Pythiaceae como el género *Phytophthora*, por ejemplo, el género y la especie *Phytophthora infestans* o una $\omega 3$ -desaturasa de algas como de la familia de Prasinophyceae, por ejemplo, el género *Ostreococcus*, especialmente el género y la especie *Ostreococcus tauri* o diatomeas como el género *Thalassiosira*, especialmente el género y la especie *Thalassiosira pseudonana*.

La invención se refiere además a los organismos que contienen las secuencias de ácidos nucleicos, vectores que contienen las secuencias de ácidos nucleicos y/o las construcciones de ácido nucleico, así como organismos transgénicos que contienen las secuencias de ácidos nucleicos, construcciones de ácido nucleico y/o vectores previamente mencionados.

También se describen aceites, lípidos y/o ácidos grasos producidos según el procedimiento según la invención y su uso, así como a triglicéridos con un elevado contenido de ácidos grasos insaturados y su uso.

Los ácidos grasos y los triacilglicéridos tienen múltiples aplicaciones en la industria alimentaria, la nutrición animal, la cosmética y en el sector farmacéutico. Dependiendo de si se trata de ácidos grasos saturados e insaturados libres o de triacilglicéridos con un elevado contenido de ácidos grasos saturados o insaturados, son adecuados para aplicaciones muy distintas. Los ácidos grasos poliinsaturados como el ácido linoleico y linolénico son esenciales para los mamíferos, ya que no pueden ser producidos por ellos mismos. Por este motivo, los ácidos grasos $\omega 3$ poliinsaturados y los ácidos grasos $\omega 6$ representan un constituyente importante de la nutrición animal y humana.

Los ácidos grasos $\omega 3$ poliinsaturados de cadena larga como el ácido eicosapentaenoico (=EPA, $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,17}$) o el ácido docosahexaenoico (=DHA, $C_{22:6}^{\Delta 4,7,10,13,16,19}$) son componentes importantes de la nutrición humana debido a sus distintas funciones en la salud, que comprenden aspectos como el desarrollo del cerebro infantil, la funcionalidad del ojo, la síntesis de hormonas y otras sustancias señal, así como la prevención de trastornos cardiovasculares, y diabetes (Poulos, A *Lipids* 30:1-14, 1995; Horrocks, LA y Yeo YK *Pharmacol Res* 40:211-225, 1999). Por este motivo existe una necesidad de la producción de ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga.

Debido a la composición actualmente habitual de la nutrición humana, una adición de ácidos grasos $\omega 3$ poliinsaturados, que se encuentran preferiblemente en aceites de pescado, es especialmente importante para la nutrición. Así, por ejemplo, los ácidos grasos poliinsaturados como el ácido docosahexaenoico (=DHA, $C_{22:6}^{\Delta 4,7,10,13,16,19}$) o el ácido eicosapentaenoico (=EPA, $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,17}$) se añaden a los alimentos infantiles para elevar el valor nutricional. A este respecto, al ácido graso insaturado DHA se le atribuye un afecto positivo sobre el desarrollo y el mantenimiento de las funciones cerebrales.

A continuación, los ácidos grasos poliinsaturados se designan PUFA o LCPUFA (poly unsaturated fatty acids, PUFA, ácidos grasos poliinsaturados; long chain poly unsaturated fatty acids, LCPUFA, ácidos grasos poliinsaturados de cadena larga).

Los distintos ácidos grasos y triglicéridos se obtienen principalmente de microorganismos como *Mortierella* o *Schizochytrium* o a partir de plantas productoras de aceite como soja, colza, algas como *Cryptocodinium* o *Phaeodactylum* y otras, obteniéndose generalmente en forma de sus triacilglicéridos (=triglicéridos =triglicerol). Pero también pueden obtenerse de animales como, por ejemplo, peces. Los ácidos grasos libres se preparan ventajosamente mediante saponificación. Los ácidos grasos poliinsaturados de cadena muy larga como DHA, EPA, ácido araquidónico (=ARA, $C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$), ácido dihomo- γ -linolénico ($C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$) o ácido docosapentaenoico (DPA, $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$) no se sintetizan en plantas oleaginosas como colza, soja, girasol, cártamo. Fuentes naturales habituales para estos ácidos grasos son peces como arenque, salmón, sardina, gallineta nórdica, anguila, carpa,

trucha, rodaballo, caballa, lucioperca o atún o algas.

Dependiendo del fin de aplicación, se prefieren aceites con ácidos grasos saturados o insaturados. Así, por ejemplo, en la nutrición humana se prefieren los lípidos con ácidos grasos insaturados, especialmente ácidos grasos poliinsaturados. A este respecto, a los ácidos grasos $\omega 3$ poliinsaturados se les atribuye un efecto positivo sobre el nivel de colesterol en sangre y, por tanto, sobre la posibilidad de la prevención de una enfermedad cardíaca. Mediante la adición de estos ácidos grasos $\omega 3$ al alimento puede reducirse claramente el riesgo de una enfermedad cardíaca, de un ataque de apoplejía o de hipertensión. También pueden influirse positivamente por los ácidos grasos $\omega 3$ procesos inflamatorios, especialmente crónicamente inflamatorios, en el marco de las enfermedades inmunológicas como artritis reumatoide. Por este motivo se añaden a los alimentos, especialmente a alimentos dietéticos, o se usan en medicamentos. Los ácidos grasos $\omega 6$ como el ácido araquidónico tienen más bien un efecto negativo sobre estas enfermedades en el caso de estas enfermedades reumáticas debido a nuestra composición alimenticia habitual.

Los ácidos grasos $\omega 3$ y $\omega 6$ son precursores de hormonas tisulares, los llamados eicosanoides, como las prostaglandinas, que se derivan del ácido dihomo- γ -linolénico, del ácido araquidónico y del ácido eicosapentaenoico, los tromboxanos y los leucotrienos, que se derivan del ácido araquidónico y el ácido eicosapentaenoico. Los eicosanoides (conocidos como la serie PG_2), que se forman a partir de ácidos grasos $\omega 6$, generalmente promueven reacciones inflamatorias, mientras que los eicosanoides (conocidos como la serie PG_3) de ácidos grasos $\omega 3$ tienen poca o ninguna acción promotora de la inflamación.

Debido a sus propiedades positivas, en el pasado no han faltado intentos por poner a disposición genes que participan en la síntesis de ácidos grasos o triglicéridos para la producción de aceites en distintos organismos con contenido modificado de ácidos grasos insaturados. Así, en el documento WO 91/13972 y su equivalente de EE.UU. se describe una $\Delta 9$ -desaturasa. En el documento WO 93/11245 se reivindica una $\Delta 15$ -desaturasa, en el documento WO 94/11516 una $\Delta 12$ -desaturasa. Desaturasas adicionales se describen, por ejemplo, en los documentos EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey y col., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144-20149, Wada y col., Nature 347, 1990: 200-203 o Huang y col., Lipids 34, 1999: 649-659. Sin embargo, hasta la fecha, la caracterización bioquímica de las distintas desaturasas solo se ha realizado insuficientemente, ya que las enzimas, como las proteínas unidas a la membrana, son muy difíciles de aislar y de caracterizar (McKeon y col., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141-12147, Wang y col., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777-792). Generalmente, la caracterización de desaturasas unidas a la membrana se realiza mediante la introducción en un organismo adecuado, que a continuación se analiza para la actividad enzimática mediante el análisis de productos de partida y de productos. Las $\Delta 6$ -desaturasas se describen en los documentos WO 93/06712, US 5.614.393, US 5.614.393, WO 96/21022, WO 00/21557 y WO 99/27111, y también se describe la aplicación para la producción en organismos transgénicos como en los documentos WO 98/46763, WO 98/46764, WO 98/46765. A este respecto también se describe y reivindica la expresión de distintas desaturasas, como en los documentos WO 99/64616 o WO 98/46776, y la formación de ácidos grasos poliinsaturados. Con relación a la efectividad de la expresión de desaturasas y su influencia sobre la formación de ácidos grasos poliinsaturados, debe añadirse que mediante la expresión de una desaturasa individual como se ha descrito anteriormente solo se consiguieron bajos contenidos de ácidos grasos insaturados/lípidos como, por ejemplo, ácido γ -linolénico y ácido estearidónico. Además, generalmente se obtuvo una mezcla de ácidos grasos $\omega 3$ y $\omega 6$.

Microorganismos especialmente adecuados para la producción de PUFA son microorganismos como microalgas como *Phaeodactylum tricornutum*, especies de *Porphiridium*, especies de *Thraustochytrium*, especies de *Schizochytrium* o especies de *Cryptocodinium*, ciliados, como *Stylonychia* o *Colpidium*, hongos, como *Mortierella*, *Entomophthora* o *Mucor*, y/o musgos como *Physcomitrella*, *Ceratodon* y *Marchantia* (R. Vazhappilly & F. Chen (1998) *Botanica Marina* 41: 553-558; K. Totani & K. Oba (1987) *Lipids* 22: 1060-1062; M. Akimoto y col. (1998) *Appl. Biochemistry and Biotechnology* 73: 269-278). Mediante la selección de cepas se han desarrollado varias cepas mutantes de los microorganismos correspondientes que producen una serie de compuestos deseables, incluidos PUFA. La mutación y selección de cepas con producción mejorada de una molécula determinada como los ácidos grasos poliinsaturados es, sin embargo, un procedimiento que requiere mucho tiempo y es difícil. Por este motivo, siempre que sea posible, se prefieren procedimientos de tecnología genética como se ha descrito anteriormente. Sin embargo, con ayuda de los microorganismos previamente mencionados solo pueden producirse cantidades limitadas de los ácidos grasos poliinsaturados deseados como DPA, EPA o ARA, obteniéndose éstos generalmente, dependiendo del microorganismo usado, como mezclas de ácidos grasos de, por ejemplo, EPA, DPA y ARA.

Para la síntesis de ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico (EPA) y ácido docosahexaenoico (DHA) se tratan distintas vías de síntesis (Figura 1). Así, la producción de EPA o DHA se realiza en bacterias marinas como *Vibrio* sp. o *Shewanella* sp. según la vía del policétido (Yu, R. y col. *Lipids* 35:1061-1064, 2000; Takeyama, H. y col. *Microbiology* 143:2725-2731, 1997).

Una estrategia alternativa transcurre mediante la actividad variable de desaturasas y elongasas (Zank, T.K. y col. *Plant Journal* 31:255-268, 2002; Sakuradani, E. y col. *Gene* 238:445-453, 1999). Una modificación de la vía descrita mediante $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 4$ -desaturasa es la vía de síntesis de Sprecher (Sprecher 2000, *Biochim. Biophys. Acta* 1486:219-231) en mamíferos. En lugar de la saturación de $\Delta 4$, aquí se realiza una etapa de alargamiento adicional a C_{24} , una saturación de $\Delta 6$ adicional y por último una β -

oxidación en la longitud de cadena C₂₂. No obstante, para la producción en plantas y microorganismos, la llamada vía de Sprecher (véase la Figura 1) no es adecuada, ya que no se conocen los mecanismos de regulación.

Los ácidos grasos poliinsaturados pueden clasificarse correspondientemente a su patrón de desaturación en dos grandes clases, en ácidos grasos $\omega 6$ o $\omega 3$, que tienen actividades metabólica y funcionalmente distintas (Figura 1).

- 5 Como producto de partida para la vía metabólica de $\omega 6$ sirve el ácido graso ácido linoleico (C_{18:2} ^{$\Delta 9,12$}), mientras que la vía de $\omega 3$ transcurre mediante el ácido linolénico (C_{18:3} ^{$\Delta 9,12,15$}). A este respecto, el ácido linolénico se forma mediante la actividad de una $\omega 3$ -desaturasa (Tocher y col. 1998, Prog. Lipid Res. 37, 73-117; Domergue y col. 2002, Eur. J. Biochem. 269, 4105-4113).

- 10 Los mamíferos y, por tanto también el hombre, no disponen de actividad de desaturasa correspondiente ($\Delta 12$ - y $\omega 3$ -desaturasa) y deben asimilar estos ácidos grasos (ácidos grasos esenciales) mediante la alimentación. Entonces, mediante la secuencia de reacciones de desaturasa y elongasa, a partir de estos precursores se sintetizan los ácidos grasos poliinsaturados fisiológicamente importantes ácido araquidónico (=ARA, C_{20:4} ^{$\Delta 5,8,11,14$}), un ácido graso $\omega 6$ y los dos ácidos grasos $\omega 3$ ácido eicosapentaenoico (=EPA, C_{20:5} ^{$\Delta 5,8,11,14,17$}) y docosahexaenoico (=DHA, C_{22:6} ^{$\Delta 4,7,10,13,17,19$}). La aplicación de ácidos grasos $\omega 3$ muestra a este respecto la acción terapéutica que se ha descrito anteriormente en el tratamiento de enfermedades cardiovasculares (Shimikawa 2001, World Rev. Nutr. Diet. 88, 100-108), inflamaciones (Calder 2002, Proc. Nutr. Soc. 61, 345-358) y artritis (Cleland y James 2000, J. Rheumatol. 27, 2305-2307).

- 20 Desde el punto de vista de la fisiología de la nutrición, por este motivo es importante conseguir en la síntesis de ácidos grasos poliinsaturados un desplazamiento entre la vía de síntesis de $\omega 6$ y la vía de síntesis de $\omega 3$ (véase la Figura 1), de manera que se produzcan más ácidos grasos $\omega 3$. En la bibliografía se describieron actividades enzimáticas de distintas $\omega 3$ -desaturasas que desaturan ácidos grasos C_{18:2}, C_{22:4} o C_{22:5} (véase la Figura 1). Sin embargo, ninguna de las desaturasas bioquímicamente descritas convierte un amplio espectro de sustratos de la vía de síntesis de $\omega 6$ en los ácidos grasos correspondientes de la vía de síntesis de $\omega 3$.

- 25 Por tanto, existe además una gran necesidad de una $\omega 3$ -desaturasa que sea adecuada para la producción de ácidos grasos $\omega 3$ poliinsaturados. Todas las $\omega 3$ -desaturasas vegetales y cianobacterianas conocidas desaturan ácidos grasos C₁₈ con ácido linoleico como sustrato, pero ninguna puede desaturar ácidos grasos C₂₀ o C₂₂.

- 30 Del hongo *Saprolegnia dicilina* se conoce una $\omega 3$ -desaturasa [Pereira y col. 2004, Biochem. J. 378(Pt 2):665-71] que puede desaturar ácidos grasos C₂₀ poliinsaturados. Sin embargo, es ventajoso que esta $\omega 3$ -desaturasa no pueda desaturar PUFA C₁₈ o C₂₂, como los importantes ácidos grasos los ácidos grasos C_{18:2}, C_{22:4} o C_{22:5} de la vía de síntesis de $\omega 6$. Otra desventaja de esta enzima es que no puede desaturar ácidos grasos que estén unidos a fosfolípidos. Solo se convierten los ésteres de ácidos grasos de CoA.

- 35 El alargamiento de los ácidos grasos mediante elongasas en 2 o 4 átomos de C es de importancia crucial para la producción de PUFA C₂₀ o C₂₂. Este proceso transcurre mediante 4 etapas. La primera etapa es la condensación de malonil-CoA al ácido graso-acil-CoA mediante la cetoacil-CoA-sintasa (KCS, denominada a continuación en el texto elongasa). Luego sigue una etapa de reducción (cetoacil-CoA-reductasa, KCR), una etapa de deshidratación (deshidratasa) y una etapa de reducción final (enoi-CoA-reductasa). Se postuló que la actividad de la elongasa influye en la especificidad y velocidad del proceso completo (Millar y Kunst, 1997 Plant Journal 12:121-131).

- 40 En el pasado se realizaron numerosos experimentos para obtener genes de elongasa. Millar y Kunst, 1997 (Plant Journal 12:121-131) y Millar y col. 1999 (Plant Cell 11:825-838) describen la caracterización de elongasas vegetales para la síntesis de ácidos grasos monoinsaturados de cadena larga (C_{22:1}) o para la síntesis de ácidos grasos de cadena muy larga para la formación de cera en plantas (C₂₈-C₃₂). Descripciones de la síntesis de ácido araquidónico y EPA se encuentran, por ejemplo, en los documentos WO 0159128, WO 0012720, WO 02077213 y WO 0208401. La síntesis de ácidos grasos C₂₄ poliinsaturados se describe, por ejemplo, en Tvrdik y col. 2000, JCB 149:707-717 o el documento WO 0244320.

- 45 Para la producción de DHA (C_{22:6} n-3) en organismos que no producen naturalmente este ácido graso, hasta la fecha no se ha descrito ninguna elongasa específica. Hasta la fecha solo se han descrito elongasas que proporcionan ácidos grasos C₂₀ o C₂₄. Hasta la fecha todavía no se ha descrito una actividad de $\Delta 5$ -elongasa.

- 50 Las plantas superiores contienen ácidos grasos poliinsaturados como ácido linoleico (C_{18:2}) y ácido linolénico (C_{18:3}). ARA, EPA y DHA no se encuentran en absoluto en el aceite de semillas de plantas superiores o solo en trazas (E. Ucciani: Nouveau Dictionnaire des Huiles Végétales. Technique & Documentation - Lavoisier, 1995. ISBN: 2-7430-0009-0). Sin embargo, sería ventajoso producir LCPUFA en plantas superiores, preferiblemente en semillas oleaginosas como colza, lino, girasol y soja, ya que de esta manera pueden obtenerse de forma rentable grandes cantidades de LCPUFA cualitativamente de alta calidad para la industria alimentaria, la nutrición animal y para fines farmacéuticos. Para esto, mediante procedimientos de ingeniería genética, genes que codifican enzimas de la biosíntesis de LCPUFA deben introducirse ventajosamente en semillas oleaginosas y expresarse. Éstos son genes que codifican, por ejemplo, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 6$ -elongasas, $\Delta 5$ -desaturasas o $\Delta 4$ -desaturasas. Estos genes pueden aislarse ventajosamente de microorganismos y plantas inferiores que producen LCPUFA e incorporarse en las membranas o triacilglicéridos. Así ya podrían aislarse genes de $\Delta 6$ -desaturasa del musgo *Physcomitrella patens* y

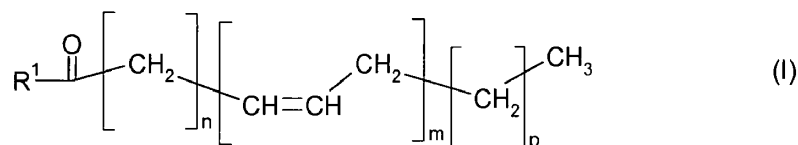
genes de $\Delta 6$ -elongasa de *P. patens* y del nematodo *C. elegans*.

Las primeras plantas transgénicas que contienen y expresan genes que codifican enzimas de la biosíntesis de LCPUFA y producen LCPUFA se describieron por primera vez, por ejemplo, en el documento DE 102 19 203 (Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen). No obstante, estas plantas producen LCPUFA en cantidades que todavía deben optimizarse para un procesamiento de los aceites contenidos en las plantas.

Para hacer posible un enriquecimiento del alimento y/o del pienso con estos ácidos grasos poliinsaturados existe, por tanto, una gran necesidad de un procedimiento rentable y sencillo para la producción de estos ácidos grasos poliinsaturados, especialmente en sistemas eucariotas.

Por tanto, el objetivo ha consistido en poner a disposición genes o enzimas adicionales que sean adecuados para la síntesis de LCPUFA, especialmente genes, que presenten una actividad de $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 12$ -desaturasa o $\Delta 6$ -desaturasa para la producción de ácidos grasos poliinsaturados. Otro objetivo de esta invención era proporcionar genes o enzimas que hicieran posible un desplazamiento de los ácidos grasos $\omega 6$ a los ácidos grasos $\omega 3$. Además, existió el objetivo de desarrollar un procedimiento para la producción de ácidos grasos poliinsaturados en un organismo, ventajosamente en un organismo eucariota, preferiblemente en una planta o un microorganismo.

Este objetivo se alcanzó mediante el procedimiento según la invención para la producción de compuestos de fórmula general I



en organismos transgénicos excepto seres humanos y animales con un contenido de al menos el 1 % en peso de estos compuestos referido al contenido de lípidos total del organismo transgénico, caracterizado porque comprende las siguientes etapas de procedimiento:

a) Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-9-elongasa o de delta-6-desaturasa, y

b) Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-8-desaturasa o de delta-6-elongasa, y

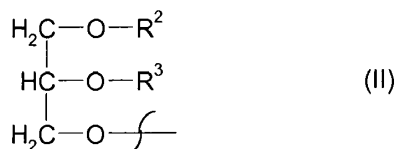
c) Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-5-desaturasa, y

d) Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-5-elongasa, y

e) Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-4-desaturasa, y

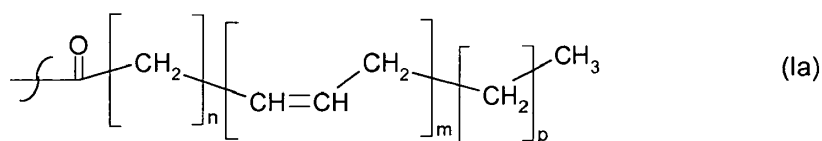
en el que se puede usar al menos uno de los ésteres de ácidos grasos de CoA de la delta-4-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-6-desaturasa como sustrato y en el que las variables y los sustituyentes en la fórmula I tienen el siguiente significado:

$\text{R}^1 =$ hidroxilo, coenzima A (tioéster), liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol, esfingobase, o un resto de fórmula general II



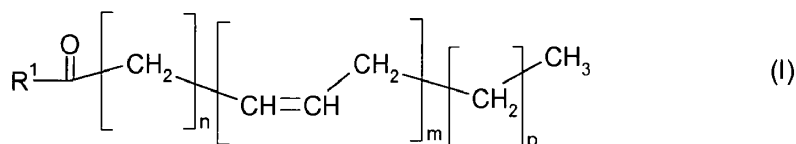
$\text{R}^2 =$ hidrógeno, liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol o alquil C_2 - C_{24} -carbonilo saturado o insaturado,

$\text{R}^3 =$ hidrógeno, alquil C_2 - C_{24} -carbonilo saturado o insaturado, o R^2 o R^3 , independientemente entre sí, un resto de fórmula general Ia:



$n = 2, 3, 4, 5, 6 \text{ o } 9$, $m = 2, 3, 4, 5 \text{ o } 6$ y $p = 0 \text{ o } 3$.

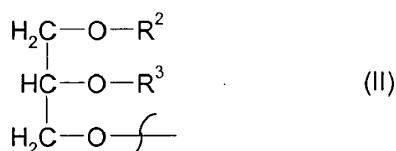
En el presente documento también se describe un procedimiento para la producción de compuestos de fórmula general I



en organismos transgénicos con un contenido de al menos el 1 % en peso de estos compuestos referido al contenido de lípidos total del organismo transgénico, caracterizado porque comprende las siguientes etapas de procedimiento:

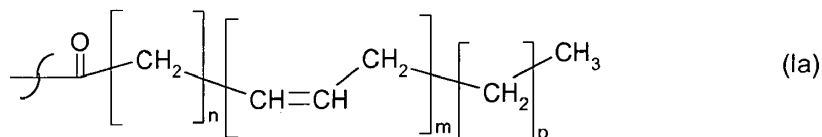
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de Δ -9-elongasa y/o de Δ -6-desaturasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de Δ -8-desaturasa y/o de Δ -6-elongasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de Δ -5-desaturasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de Δ -5-elongasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de Δ -4-desaturasa, y en el que las variables y los sustituyentes en la fórmula I tienen el siguiente significado:

$\text{R}^1 =$ hidroxilo, coenzima A (tioéster), liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol, esfingobase, o un resto de fórmula general II



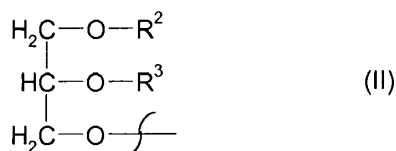
$\text{R}^2 =$ hidrógeno, liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol o alquil $\text{C}_2\text{--C}_{24}$ -carbonilo saturado o insaturado,

$\text{R}^3 =$ hidrógeno, alquil $\text{C}_2\text{--C}_{24}$ -carbonilo saturado o insaturado, o R^2 o R^3 , independientemente entre sí, un resto de fórmula general Ia:



$n = 2, 3, 4, 5, 6, 7 \text{ o } 9$, $m = 2, 3, 4, 5 \text{ o } 6$ y $p = 0 \text{ o } 3$.

R^1 significa en la fórmula general I hidroxilo, coenzima A (tioéster), liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol, esfingobase, o un resto de fórmula general II



Los restos que se han mencionado anteriormente de R¹ están unidos siempre en forma de sus tioésteres a los compuestos de la fórmula general I.

R² significa en la fórmula general II hidrógeno, liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol o alquil C₂-C₂₄-carbonilo saturado o insaturado.

- 5 Como restos alquilo son de mencionar cadenas de alquil C₂-C₂₄-carbonilo sustituidas o sin sustituir, saturadas o insaturadas, como etilcarbonilo, n-propilcarbonilo, n-butilcarbonilo, n-pentilcarbonilo, n-hexilcarbonilo, n-heptilcarbonilo, n-octilcarbonilo, n-nonilcarbonilo, n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo o n-tetracosanilcarbonilo, que
- 10 contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren restos alquil C₁₀-C₂₂-carbonilo saturados o insaturados como n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo o n-tetracosanilcarbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren especialmente restos alquil C₁₀-C₂₂-carbonilo saturados y/o insaturados como restos alquil C₁₀-carbonilo, alquil C₁₁-carbonilo, alquil
- 15 C₁₂-carbonilo, alquil C₁₃-carbonilo, alquil C₁₄-carbonilo, alquil C₁₆-carbonilo, alquil C₁₈-carbonilo, alquil C₂₀-carbonilo o alquil C₂₂-carbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren muy especialmente restos alquil C₁₆-C₂₂-carbonilo saturados o insaturados como restos alquil C₁₆-carbonilo, alquil C₁₈-carbonilo, alquil C₂₀-carbonilo o alquil C₂₂-carbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Estos restos ventajosos pueden contener dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los restos especialmente ventajosos con 20 o 22 átomos de carbono en la
- 20 cadena de ácido graso contienen hasta seis dobles enlaces, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, con especial preferencia cinco o seis dobles enlaces. Todos los restos mencionados se derivan de los ácidos grasos correspondientes.

R³ significa en la fórmula general II hidrógeno, alquil C₂-C₂₄-carbonilo saturado o insaturado.

- 25 Como restos alquilo son de mencionar cadenas de alquil C₂-C₂₄-carbonilo sustituidas o sin sustituir, saturadas o insaturadas, como etilcarbonilo, n-propilcarbonilo, n-butilcarbonilo, n-pentilcarbonilo, n-hexilcarbonilo, n-heptilcarbonilo, n-octilcarbonilo, n-nonilcarbonilo, n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo o n-tetracosanilcarbonilo, que
- 30 contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren restos alquil C₁₀-C₂₂-carbonilo saturados o insaturados como n-decilcarbonilo, n-undecilcarbonilo, n-dodecilcarbonilo, n-tridecilcarbonilo, n-tetradecilcarbonilo, n-pentadecilcarbonilo, n-hexadecilcarbonilo, n-heptadecilcarbonilo, n-octadecilcarbonilo, n-nonadecilcarbonilo, n-eicosilcarbonilo, n-docosanilcarbonilo o n-tetracosanilcarbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren especialmente restos alquil C₁₀-C₂₂-carbonilo saturados y/o insaturados como restos alquil C₁₀-carbonilo, alquil C₁₁-carbonilo, alquil C₁₂-carbonilo, alquil C₁₃-carbonilo, alquil C₁₄-carbonilo, alquil C₁₆-carbonilo, alquil C₁₈-carbonilo, alquil C₂₀-carbonilo o alquil C₂₂-carbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Se prefieren muy especialmente restos alquil C₁₆-C₂₂-carbonilo saturados o insaturados como restos alquil C₁₆-carbonilo, alquil C₁₈-carbonilo, alquil C₂₀-carbonilo o alquil C₂₂-carbonilo, que contienen uno o varios dobles enlaces. Estos restos ventajosos pueden contener dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los restos especialmente ventajosos con 20 o 22 átomos de carbono en la
- 35 cadena de ácido graso contienen hasta seis dobles enlaces, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, con especial preferencia cinco o seis dobles enlaces. Todos los restos mencionados se derivan de los ácidos grasos correspondientes.
- 40

Los restos anteriormente mencionados de R¹, R² y R³ pueden estar sustituidos con grupos hidroxilo y/o epoxi y/o pueden contener triples enlaces.

- 45 Los ácidos grasos poliinsaturados producidos en el procedimiento según la invención contienen ventajosamente al menos dos, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los ácidos grasos contienen especialmente ventajosamente cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Los ácidos grasos producidos en el procedimiento tienen ventajosamente 18, 20 o 22 átomos de C en la cadena de ácido graso, los ácidos grasos contienen preferiblemente 20 o 22 átomos de carbono en la cadena de ácido graso. Ventajosamente, los ácidos grasos saturados reaccionan poco o casi no reaccionan con los ácidos nucleicos usados en el procedimiento. Por poco debe entenderse que, en
- 50 comparación con los ácidos grasos poliinsaturados, los ácidos grasos saturados reaccionan con menos del 5 % de actividad, ventajosamente menos del 3 %, especialmente ventajosamente con menos del 2 %, de manera muy especialmente preferida con menos del 1; 0,5; 0,25 o 0,125 %. Estos ácidos grasos producidos pueden producirse como producto único en el procedimiento o estar presentes en una mezcla de ácidos grasos.

- 55 En el caso de las secuencias de ácidos nucleicos usadas en el procedimiento según la invención se trata de secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa.

Ventajosamente, en el procedimiento según la invención se usan secuencias de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con actividad de Δ9-elongasa, Δ6-desaturasa, Δ8-desaturasa, Δ6-elongasa, Δ5-desaturasa, Δ5-elongasa o Δ4-desaturasa, que se seleccionan del grupo constituido por:

a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, o

b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de las secuencias de aminoácidos representadas en la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184, o

c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de identidad al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184 y presentan una actividad de $\Delta 9$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa o de $\Delta 4$ -desaturasa.

Los sustituyentes R^2 o R^3 en las fórmulas generales I y II significan ventajosamente, independientemente entre sí, alquil C_{18} - C_{22} -carbonilo saturado o insaturado, especialmente significan ventajosamente, independientemente entre sí, alquil C_{18} -, C_{20} - o C_{22} -carbonilo insaturado con al menos dos dobles enlaces.

Una forma de realización preferida del procedimiento se caracteriza porque se introduce una secuencia de ácido nucleico adicionalmente en el organismo, que codifica polipéptidos con actividad de $\omega 3$ -desaturasa, seleccionada del grupo constituido por:

a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, o

b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106, o

c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 y presentan una actividad de $\omega 3$ -desaturasa.

En otra forma de realización preferida, el procedimiento se caracteriza porque se introduce una secuencia de ácido nucleico adicionalmente en el organismo, que codifica polipéptidos con actividad de $\Delta 12$ -desaturasa, seleccionada del grupo constituido por:

a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, o

b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110, o

c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 y presentan una actividad de $\Delta 12$ -desaturasa.

Estas secuencias de $\Delta 12$ -desaturasa previamente mencionadas pueden usarse solas o en combinación con las secuencias de $\omega 3$ -desaturasa con las secuencias de ácidos nucleicos usadas en el procedimiento que codifican $\Delta 9$ -elongasas, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 8$ -desaturasas, $\Delta 6$ -elongasas, $\Delta 5$ -desaturasas, $\Delta 5$ -elongasas y/o $\Delta 4$ -desaturasas.

La Tabla 1 describe las secuencias de ácidos nucleicos, el organismo de procedencia y el número de ID de la secuencia.

N.º	Organismo	Actividad	Número de secuencia
1.	<i>Euglena gracilis</i>	$\Delta 8$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 1
2.	<i>Isochrysis galbana</i>	$\Delta 9$ -Elongasa	SEQ ID NO: 3
3.	<i>Phaeodactylum tricornutum</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 5
4.	<i>Ceratodon purpureus</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 7
5.	<i>Physcomitrella patens</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 9
6.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 11
7.	<i>Mortierella alpina</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 13
8.	<i>Caenorhabditis elegans</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 15
9.	<i>Borago officinalis</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 17
10.	<i>Ceratodon purpureus</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 19
11.	<i>Phaeodactylum tricornutum</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 21
12.	<i>Physcomitrella patens</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 23
13.	<i>Caenorhabditis elegans</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 25
14.	<i>Physcomitrella patens</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 27
15.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 29
16.	<i>Phytophthora infestans</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 31
17.	<i>Mortierella alpina</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 33
18.	<i>Mortierella alpina</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 35
19.	<i>Caenorhabditis elegans</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 37
20.	<i>Euglena gracilis</i>	$\Delta 4$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 39
21.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	$\Delta 4$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 41
22.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 43
23.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 45
24.	<i>Cryptocodinium cohnii</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 47
25.	<i>Cryptocodinium cohnii</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 49
26.	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 51
27.	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 53

(continuación)

N.º	Organismo	Actividad	Número de secuencia
28.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 59
29.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 61
30.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 63
31.	<i>Thraustochytrium aureum</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 65
32.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 67
33.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 69
34.	<i>Prímula farinosa</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 71
35.	<i>Primula vialii</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 73
36.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 75
37.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 77
38.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 79
39.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 81
40.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 83
41.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 85
42.	<i>Phytophthora infestans</i>	$\omega 3$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 87
43.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 89
44.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 91
45.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 93
46.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 4$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 95
47.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 6$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 97
48.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 99
49.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 5$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 101
50.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 4$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 103
51.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\omega 3$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 105
52.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 12$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 107
53.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	$\Delta 12$ -Desaturasa	SEQ ID NO: 109
54.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 111
55.	<i>Ostreococcus tauri</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 113
56.	<i>Xenopus laevis</i> (BC044967)	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 117
57.	<i>Ciona intestinalis</i> (AK112719)	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 119
58.	<i>Euglena gracilis</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 131
59.	<i>Euglena gracilis</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 133
60.	<i>Arabidopsis thaliana</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 135

(continuación)

N.º	Organismo	Actividad	Número de secuencia
61.	<i>Arabidopsis thaliana</i>	$\Delta 5$ -Elongasa	SEQ ID NO: 137
62.	<i>Phaeodactylum tricornutum</i>	$\Delta 6$ -Elongasa	SEQ ID NO: 183

Los ácidos grasos poliinsaturados producidos en el procedimiento están ventajosamente unidos en lípidos de membrana y/o triacilglicéridos, pero también pueden producirse en los organismos como ácidos grasos libres o bien unidos en forma de otros ésteres de ácidos grasos. A este respecto pueden estar presentes como "productos puros" o bien ventajosamente en forma de mezclas de distintos ácidos grasos o mezclas de diferentes glicéridos. Los distintos ácidos grasos unidos en los triacilglicéridos pueden derivarse a este respecto de ácidos grasos de cadena corta con 4 a 6 átomos de C, ácidos grasos de cadena media con 8 a 12 átomos de C o ácidos grasos de cadena larga con 14 a 24 átomos de C, se prefieren los ácidos grasos de cadena larga, se prefieren especialmente los ácidos grasos de cadena larga LCPUFA de ácidos grasos C₁₈, C₂₀ y/o C₂₂.

En el procedimiento según la invención, los ésteres de ácidos grasos se producen ventajosamente con moléculas de ácidos grasos C₁₈, C₂₀ y/o C₂₂ poliinsaturados con al menos dos dobles enlaces en el éster de ácidos grasos, ventajosamente con al menos tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces en el éster de ácidos grasos, especialmente ventajosamente de al menos cinco o seis dobles enlaces en el éster de ácidos grasos y conducen ventajosamente a la síntesis de ácido linoleico (=LA, C_{18:2} ^{$\Delta 9,12$}), ácido γ -linolénico (=GLA, C_{18:3} ^{$\Delta 6,9,12$}), ácido estearidónico (=SDA, C_{18:4} ^{$\Delta 6,9,12,15$}), ácido dihomo- γ -linolénico (=DGLA, C_{20:3} ^{$\Delta 8,11,14$}), ácido $\omega 3$ -eicosatetraenoico (=ETA, C_{20:4} ^{$\Delta 5,8,11,14$}), ácido araquidónico (=ARA, C_{20:4} ^{$\Delta 5,8,11,14$}), ácido eicosapentaenoico (=EPA, C_{20:5} ^{$\Delta 5,8,11,14,17$}), ácido $\omega 6$ -docosapentaenoico (C_{22:5} ^{$\Delta 4,7,10,13,16$}), ácido $\omega 6$ -docosatetraenoico (C_{22:4} ^{$\Delta 7,10,13,16$}), ácido $\omega 3$ -docosapentaenoico (=DPA, C_{22:5} ^{$\Delta 7,10,13,16,19$}), ácido docosahexaenoico (=DHA, C_{22:6} ^{$\Delta 4,7,10,13,16,19$}) o sus mezclas, preferiblemente ARA, EPA y/o DHA. De manera muy especialmente preferida se preparan ácidos grasos $\omega 3$ como EPA y/o DHA.

Los ésteres de ácidos grasos con moléculas de ácidos grasos C₁₈, C₂₀ y/o C₂₂ poliinsaturados pueden aislarse de los organismos que se usaron para la producción de los ésteres de ácidos grasos, en forma de un aceite o lípido, por ejemplo, en forma de compuestos como esfingolípidos, fosfoglicéridos, lípidos, glicolípidos como glicoesfingolípidos, fosfolípidos como fosfatidiletanolamina, fosfatidilcolina, fosfatidilserina, fosfatidilglicerol, fosfatidilinositol o difosfatidilglicerol, monoacilglicéridos, diacilglicéridos, triacilglicéridos u otros ésteres de ácidos grasos como los ésteres de acetil-coenzima A, que contienen los ácidos grasos poliinsaturados con al menos dos, tres, cuatro, cinco o seis, preferiblemente cinco o seis, dobles enlaces, ventajosamente se aíslan en forma de sus diacilglicéridos, triacilglicéridos y/o en forma de fosfatidilcolina, con especial preferencia en forma de los triacilglicéridos. Además de estos ésteres, los ácidos grasos poliinsaturados también están contenidos en los organismos, ventajosamente las plantas, como ácidos grasos libres o unidos en otros compuestos. Los distintos compuestos previamente mencionados (ésteres de ácidos grasos y ácidos grasos libres) generalmente se encuentran en los organismos en una distribución aproximada del 80 al 90 % en peso de triglicéridos, 2 al 5 % en peso de diglicéridos, 5 al 10 % en peso de monoglicéridos, 1 al 5 % en peso de ácidos grasos libres, 2 al 8 % en peso de fosfolípidos, completando la suma de los distintos compuestos el 100 % en peso.

En el procedimiento según la invención, los LCPUFA producidos con un contenido de al menos el 3 % en peso, ventajosamente de al menos el 5 % en peso, preferiblemente de al menos el 8 % en peso, con especial preferencia de al menos el 10 % en peso, de manera muy especialmente preferida de al menos el 15 % en peso referido a los ácidos grasos totales en los organismos transgénicos, se producen ventajosamente en una planta transgénica. A este respecto se convierten ventajosamente ácidos grasos C₁₈ y/o C₂₀, que están presentes en los organismos huésped, a al menos el 10 %, ventajosamente a al menos el 20 %, especialmente ventajosamente a al menos el 30 %, muy especialmente ventajoso a al menos el 40 %, en los productos correspondientes como DPA o DHA, por mencionar solo dos a modo de ejemplo. Los ácidos grasos se producen ventajosamente en forma unida. Con ayuda de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento según la invención, estos ácidos grasos insaturados pueden estar en la posición sn1, sn2 y/o sn3 de los triglicéridos ventajosamente producidos. Como los compuestos de partida ácido linoleico (C_{18:2}) o ácido linolénico (C_{18:3}) transcurren por varias etapas de reacción en el procedimiento según la invención, los productos finales del procedimiento como, por ejemplo ácido araquidónico (ARA), ácido eicosapentaenoico (EPA), ácido $\omega 6$ -docosapentaenoico o DHA, no se obtienen como productos puros absolutos, siempre están también contenidas pequeñas trazas de los precursores en el producto final. Si en el organismo de partida o en la planta de partida también están presentes, por ejemplo, tanto ácido linoleico como también ácido linolénico, entonces los productos finales como ARA, EPA o DHA están presentes como mezclas. Los precursores no deberán ascender ventajosamente a más del 20 % en peso, preferiblemente a no más del 15 % en peso, con especial preferencia a no más del 10 % en peso, de manera muy especialmente preferida a no más del 5 % en peso referido a la cantidad del producto final respectivo. En una planta transgénica se producen ventajosamente como productos finales solo ARA, EPA o solo DHA en el procedimiento según la invención, unidos o como ácidos libres. Si los compuestos ARA, EPA y DHA se producen al mismo tiempo, se producen ventajosamente en una relación de al menos 1:1:2 (EPA:ARA:DHA), ventajosamente de al menos 1:1:3, preferiblemente de 1:1:4, con especial preferencia

de 1:1:5.

Los ésteres de ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos que se produjeron según el procedimiento según la invención contienen ventajosamente 6 al 15 % de ácido palmítico, 1 al 6 % de ácido esteárico; 7 - 85 % de ácido oleico; 0,5 al 8 % de ácido vaccénico, 0,1 al 1 % de ácido araquídico, 7 al 25 % de ácidos grasos saturados, 8 al 85 % de ácidos grasos monoinsaturados y 60 al 85 % de ácidos grasos poliinsaturados, respectivamente referidos al 100 % y al contenido de ácidos grasos totales de los organismos. Como ácidos grasos poliinsaturados ventajosos, en los ésteres de ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos están contenidos preferiblemente al menos el 0,1; 0,2; 0,3; 0,4; 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 o 1 % referido al contenido de ácidos grasos totales de ácido araquidónico. Además, los ésteres de ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos que se produjeron según el procedimiento según la invención contienen ventajosamente ácidos grasos seleccionados del grupo de ácidos grasos ácido erúico (ácido 13-docosaenoico), ácido estercúlico (ácido 9,10-metilenoctadec-9-enoico), ácido malválico (ácido 8,9-metilenheptadec-8-enoico), ácido chaulmoógrico (ácido ciclopenten-dodecanoico), ácido graso de furano (ácido 9,12-epoxi-octadeca-9,11-dienoico), ácido vernólico (ácido 9,10-epoxi-octadec-12-enoico), ácido tarínico (ácido 6-octadecenoico), ácido 6-nonadecenoico, ácido santálico (ácido t11-octadecen-9-inoico), ácido 6,9-octadecenoico, ácido pirúlico (ácido t10-heptadecen-8-inoico), ácido crepenínico (ácido 9-octadecen-12-inoico), ácido 13,14-dihidrooroféico, ácido octadecen-13-eno-9,11-diinoico, ácido petroselénico (ácido cis-6-octadecenoico), ácido 9c,12t-octadecadienoico, ácido calendúlico (ácido 8t10t12c-octadecatrienoico), ácido catálpico (ácido 9t11t13c-octadecatrienoico), ácido eleosteárico (ácido 9c11t13t-octadecatrienoico), ácido jacárico (ácido 8c10t12c-octadecatrienoico), ácido puníco (ácido 9c11t13c-octadecatrienoico), ácido parinárico (ácido 9c11t13t15c-octadecatetraenoico), ácido pinolénico (ácido all-cis-5,9,12-octadecatrienoico), ácido labalénico (ácido 5,6-octadecadienalénico), ácido ricinoleico (ácido 12-hidroxioleico) y/o ácido coriólico (ácido 13-hidroxi-9c,11t-octadecadienoico). Los ácidos grasos previamente mencionados están presentes en los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos producidos según el procedimiento según la invención generalmente ventajosamente solo en trazas, es decir, están presentes, referido a los ácidos grasos totales, a menos del 30 %, preferiblemente a menos del 25 %, 24 %, 23 %, 22 % o 21 %, con especial preferencia a menos del 20 %, 15 %, 10 %, 9 %, 8 %, 7 %, 6 % o 5 %, de manera muy especialmente preferida a menos del 4 %, 3 %, 2 % o 1 %. En otra forma preferida de la invención, estos ácidos grasos previamente mencionados están presentes, referido a los ácidos grasos totales, a menos del 0,9 %; 0,8 %; 0,7 %; 0,6 %; o 0,5 %, con especial preferencia a menos del 0,4 %; 0,3 %; 0,2 %; 0,1 %. Ventajosamente, los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos producidos según el procedimiento según la invención contienen menos del 0,1 % referido a los ácidos grasos totales y/o ningún ácido butírico, ningún colesterol, ningún ácido clupanodónico (=ácido docosapentaenoico, C_{22:5}^{Δ4,8,12,15,21}), así como ningún ácido níico (ácido tetracosahexaenoico, C_{23:6}^{Δ3,8,12,15,18,21}).

Debido a las secuencias de ácidos nucleicos descritas o a las secuencias de ácidos nucleicos usadas en el procedimiento según la invención, puede alcanzarse un aumento del rendimiento de ácidos grasos poliinsaturados de al menos el 50 %, ventajosamente de al menos el 80 %, especialmente ventajosamente de al menos el 100 %, muy especialmente ventajosamente de al menos el 150 % en comparación con el organismo de partida no transgénico, por ejemplo, una levadura, un alga, un hongo o una planta como *Arabidopsis* o lino en la comparación en el análisis de CG, véanse los ejemplos.

También pueden sintetizarse ácidos grasos poliinsaturados químicamente puros o composiciones de ácidos grasos según los procedimientos previamente descritos. Para esto, los ácidos grasos o las composiciones de ácidos grasos se aíslan del organismo, como los microorganismos o las plantas o el medio de cultivo en el que o sobre el que se cultivaron los organismos, o del organismo y del medio de cultivo, de manera conocida, por ejemplo, mediante extracción, destilación, cristalización, cromatografía o combinaciones de estos procedimientos. Estos ácidos grasos químicamente puros o composiciones de ácidos grasos son ventajosos para aplicaciones en el sector de la industria alimentaria, de la industria cosmética y especialmente de la industria farmacéutica.

Como organismo para la producción en el procedimiento según la invención se consideran fundamentalmente todos los organismos como microorganismos, animales no humanos o plantas.

Como plantas se consideran fundamentalmente todas las plantas que están en condiciones de sintetizar ácidos grasos, como todas las plantas dicotiledóneas o monocotiledóneas, algas o musgos. Ventajosamente, las plantas se seleccionan del grupo de las familias de plantas *Adelotheciaceae*, *Anacardiaceae*, *Asteraceae*, *Apiaceae*, *Betulaceae*, *Boraginaceae*, *Brassicaceae*, *Bromeliaceae*, *Caricaceae*, *Cannabaceae*, *Convolvulaceae*, *Chenopodiaceae*, *Cryptocodiaceae*, *Cucurbitaceae*, *Ditrichaceae*, *Elaeagnaceae*, *Ericaceae*, *Euphorbiaceae*, *Fabaceae*, *Geraniaceae*, *Gramineae*, *Juglandaceae*, *Lauraceae*, *Leguminosae*, *Linaceae*, *Euglenaceae*, *Prasinophyceae* o plantas de hortaliza o plantas ornamentales como clavelón.

A modo de ejemplo son de mencionar las siguientes plantas seleccionadas del grupo: *Adelotheciaceae* como los géneros *Physcomitrella*, por ejemplo, el género y las especies *Physcomitrella patens*, *Anacardiaceae* como los géneros *Pistacia*, *Mangifera*, *Anacardium*, por ejemplo, el género y las especies *Pistacia vera* [pistacho], *Mangifera indica* [mango] o *Anacardium occidentale* [anacardo], *Asteraceae* como los géneros *Calendula*, *Carthamus*, *Centaurea*, *Cichorium*, *Cynara*, *Helianthus*, *Lactuca*, *Locusta*, *Tagetes*, *Valeriana*, por ejemplo, el género y las especies *Calendula officinalis* [caléndulas de jardín], *Carthamus tinctorius* [cártamo, safflower], *Centaurea cyanus* [aciano], *Cichorium intybus* [húsillo], *Cynara scolymus* [alcachofa], *Helianthus annuus* [girasol], *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*, *Valeriana locusta* [lechuga], *Tagetes lucida*, *Tagetes erecta* o *Tagetes tenuifolia* [damasquina], Apiaceae como el género *Daucus*, por ejemplo, el género y la especie *Daucus carota* [zanahoria], Betulaceae como el género *Corylus*, por ejemplo, los géneros y las especies *Corylus avellana* o *Corylus colurna* [avellano], Boraginaceae como el género *Borago*, por ejemplo, el género y la especie *Borago officinalis* [borraja], Brassicaceae como los géneros *Brassica*, *Camelina*, *Melanosinapis*, *Sinapis*, *Arabidopsis*, por ejemplo, los géneros y las especies *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* [mostaza], *Brassica oleracea* [remolacha forrajera] o *Arabidopsis thaliana*, Bromeliaceae como los géneros *Anana*, *Bromelia* (piña), por ejemplo, los géneros y las especies *Anana comosus*, *Ananas ananas* o *Bromelia comosa* [piña], Caricaceae como el género *Carica* como el género y especie *Carica papaya* [papaya], Cannabaceae como el género *Cannabis* como el género y especie *Cannabis sativa* [cáñamo], Convolvulaceae como los géneros *Ipomoea*, *Convolvulus*, por ejemplo, los géneros y las especies *Ipomoea batatas*, *Ipomoea pandurata*, *Convolvulus batatas*, *Convolvulus tiliaceus*, *Ipomoea fastigiata*, *Ipomoea tiliacea*, *Ipomoea triloba* o *Convolvulus panduratus* [patata dulce, batata], Chenopodiaceae como el género *Beta* como los géneros y especies *Beta vulgaris*, *Beta vulgaris* var. *altissima*, *Beta vulgaris* var. *Vulgaris*, *Beta maritima*, *Beta vulgaris* var. *perennis*, *Beta vulgaris* var. *conditiva* o *Beta vulgaris* var. *esculenta* [remolacha azucarera], Cryptocodiniaceae como el género *Cryptocodium*, por ejemplo, el género y la especie *Cryptocodium cohnii*, Cucurbitaceae como el género *Cucurbita*, por ejemplo, los géneros y las especies *Cucurbita maxima*, *Cucurbita mixta*, *Cucurbita pepo* o *Cucurbita moschata* [calabaza], Cymbellaceae como los géneros *Amphora*, *Cymbella*, *Okenia*, *Phaeodactylum*, *Reimeria*, por ejemplo, el género y la especie *Phaeodactylum tricornutum*, Ditrichaceae como los géneros *Ditrichaceae*, *Astomiopsis*, *Ceratodon*, *Chrysoblastella*, *Ditrichum*, *Distichium*, *Eccremidium*, *Lophidion*, *Philibertiella*, *Pleuridium*, *Saelania*, *Trichodon*, *Skottsbergia*, por ejemplo, los géneros y las especies *Ceratodon antarcticus*, *Ceratodon columbiae*, *Ceratodon heterophyllus*, *Ceratodon purpurascens*, *Ceratodon purpureus*, *Ceratodon purpureus* ssp. *convolutus*, *Ceratodon purpureus* ssp. *stenocarpus*, *Ceratodon purpureus* var. *rotundifolius*, *Ceratodon ratodon*, *Ceratodon stenocarpus*, *Chrysoblastella chilensis*, *Ditrichum ambiguum*, *Ditrichum brevisetum*, *Ditrichum crispatisimum*, *Ditrichum difficile*, *Ditrichum falcifolium*, *Ditrichum flexicaule*, *Ditrichum giganteum*, *Ditrichum heteromallum*, *Ditrichum lineare*, *Ditrichum lineare*, *Ditrichum montanum*, *Ditrichum montanum*, *Ditrichum pallidum*, *Ditrichum punctulatum*, *Ditrichum pusillum*, *Ditrichum pusillum* var. *tortile*, *Ditrichum rhynchostegium*, *Ditrichum schimperi*, *Ditrichum tortile*, *Distichium capillaceum*, *Distichium hagenii*, *Distichium inclinatum*, *Distichium macounii*, *Eccremidium floridanum*, *Eccremidium whiteleggei*, *Lophidion strictus*, *Pleuridium acuminatum*, *Pleuridium alternifolium*, *Pleuridium holdridgei*, *Pleuridium mexicanum*, *Pleuridium ravenelii*, *Pleuridium subulatum*, *Saelania glaucescens*, *Trichodon borealis*, *Trichodon cylindricus* o *Trichodon cylindricus* var. *oblongus*, Elaeagnaceae como el género *Elaeagnus*, por ejemplo, el género y la especie *Olea europaea* [olivo], Ericaceae como el género *Kalmia*, por ejemplo, los géneros y las especies *Kalmia latifolia*, *Kalmia angustifolia*, *Kalmia microphylla*, *Kalmia polifolia*, *Kalmia occidentalis*, *Cistus chamaerhodendros* o *Kalmia lucida* [laurel de montaña], Euglenaceae como los géneros *Ascoglena*, *Astasia*, *Colacium*, *Cyclidiopsis*, *Euglena*, *Euglenopsis*, *Hyalaphacus*, *Khawkina*, *Lepocinclis*, *Phacus*, *Strombomonas*, *Trachelomonas*, por ejemplo, el género y la especie *Euglena gracilis*; Euphorbiaceae como los géneros *Manihot*, *Janipha*, *Jatropha*, *Ricinus*, por ejemplo, los géneros y las especies *Manihot utilisima*, *Janipha manihot*, *Jatropha manihot*, *Manihot apiil*, *Manihot dulcis*, *Manihot manihot*, *Manihot melanobasis*, *Manihot esculenta* [mandioca] o *Ricinus communis* [ricino], Fabaceae como los géneros *Pisum*, *Albizia*, *Cathormion*, *Feuillea*, *Inga*, *Pithecolobium*, *Acacia*, *Mimosa*, *Medicago*, *Glycine*, *Dolichos*, *Phaseolus*, *Soja*, por ejemplo, los géneros y las especies *Pisum sativum*, *Pisum arvense*, *Pisum humile* [guisantes], *Albizia berteriana*, *Albizia julibrissin*, *Albizia lebeck*, *Acacia berteriana*, *Acacia littoralis*, *Albizia berteriana*, *Albizia berteriana*, *Cathormion berteriana*, *Feuillea berteriana*, *Inga fragrans*, *Pithecolobium berterianum*, *Pithecolobium fragrans*, *Pithecolobium berterianum*, *Pseudalbizia berteriana*, *Acacia julibrissin*, *Acacia nemu*, *Albizia nemu*, *Feuillea julibrissin*, *Mimosa julibrissin*, *Mimosa speciosa*, *Sericanra julibrissin*, *Acacia lebeck*, *Acacia macrophylla*, *Albizia lebeck*, *Feuillea lebeck*, *Mimosa lebeck*, *Mimosa speciosa* [árbol de la seda], *Medicago sativa*, *Medicago falcata*, *Medicago varia* [alfalfa] *Glycine max* *Dolichos soja*, *Glycine gracilis*, *Glycine hispida*, *Phaseolus max*, *Soja hispida* o *Soja max* [haba de soja], Funariaceae como los géneros *Aphanorrhagma*, *Entosthodon*, *Funaria*, *Physcomitrella*, *Physcomitrium*, por ejemplo, los géneros y las especies *Aphanorrhagma serratum*, *Entosthodon attenuatus*, *Entosthodon bolanderi*, *Entosthodon bonplandii*, *Entosthodon californicus*, *Entosthodon drummondii*, *Entosthodon jamesonii*, *Entosthodon leibergii*, *Entosthodon neoscoticus*, *Entosthodon rubrisetus*, *Entosthodon spathulifolius*, *Entosthodon tucsoni*, *Funaria americana*, *Funaria bolanderi*, *Funaria calcarea*, *Funaria californica*, *Funaria calvescens*, *Funaria convoluta*, *Funaria filavicans*, *Funaria groutiana*, *Funaria hygrometrica*, *Funaria hygrometrica* var. *arctica*, *Funaria hygrometrica* var. *calvescens*, *Funaria hygrometrica* var. *convoluta*, *Funaria hygrometrica* var. *muralis*, *Funaria hygrometrica* var. *utahensis*, *Funaria microstoma*, *Funaria microstoma* var. *obtusifolia*, *Funaria muhlenbergii*, *Funaria orcuttii*, *Funaria piano-convexa*, *Funaria polaris*, *Funaria ravenelii*, *Funaria rubriseta*, *Funaria serrata*, *Funaria sonora*, *Funaria sublimbatum*, *Funaria tucsoni*, *Physcomitrella californica*, *Physcomitrella patens*, *Physcomitrella readeri*, *Physcomitrium australe*, *Physcomitrium californicum*, *Physcomitrium collenchymatum*, *Physcomitrium coloradense*, *Physcomitrium cupuliferum*, *Physcomitrium drummondii*, *Physcomitrium euryostomum*, *Physcomitrium flexifolium*, *Physcomitrium hookeri*, *Physcomitrium hookeri* var. *serratum*, *Physcomitrium immersum*, *Physcomitrium kellermanii*, *Physcomitrium megalocarpum*, *Physcomitrium pyriforme*, *Physcomitrium pyriforme* var. *serratum*, *Physcomitrium rufipes*, *Physcomitrium sandbergii*, *Physcomitrium subsphaericum*, *Physcomitrium washingtoniense*, Geraniaceae como los géneros *Pelargonium*, *Cocos*, *Oleum*, por ejemplo, los géneros y las especies *Cocos nucifera*, *Pelargonium grossularioides* u *Oleum cocois* [coco], Gramineae

como el género *Saccharum*, por ejemplo, el género y la especie *Saccharum officinarum*, Juglandaceae como los géneros *Juglans*, *Wallia*, por ejemplo, los géneros y las especies *Juglans regia*, *Juglans ailantifolia*, *Juglans sieboldiana*, *Juglans cinerea*, *Wallia cinerea*, *Juglans bixbyi*, *Juglans californica*, *Juglans hindsii*, *Juglans intermedia*, *Juglans jamaicensis*, *Juglans major*, *Juglans microcarpa*, *Juglans nigra* o *Wallia nigra* [nogal], Lauraceae como los géneros *Persea*, *Laurus*, por ejemplo, los géneros y las especies *Laurus nobilis* [laurel], *Persea americana*, *Persea gratissima* o *Persea persea* [aguacate], Leguminosae como el género *Arachis*, por ejemplo, el género y la especie *Arachis hypogaea* [cacahuete], Linaceae como los géneros *Linum*, *Adenolinum*, por ejemplo, los géneros y las especies *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* o *Linum trigynum* [lino], Lythraeae como el género *Punica*, por ejemplo, el género y la especie *Punica granatum* [granada], Malvaceae como el género *Gossypium*, por ejemplo, los géneros y las especies *Gossypium hirsutum*, *Gossypium arboreum*, *Gossypium barbadense*, *Gossypium herbaceum* o *Gossypium thurberi* [algodón], Marchantiaceae como el género *Marchantia*, por ejemplo, los géneros y las especies *Marchantia berteriana*, *Marchantia foliacea*, *Marchantia macropora*, Musaceae como el género *Musa*, por ejemplo, los géneros y las especies *Musa nana*, *Musa acuminata*, *Musa paradisiaca*, *Musa* spp. [banana], Onagraceae como los géneros *Camissonia*, *Oenothera*, por ejemplo, los géneros y las especies *Oenothera biennis* o *Camissonia brevipes* [onagra], Palmae como el género *Elaeis*, por ejemplo, los géneros y la especie *Elaeis guineensis* [palma aceitera], Papaveraceae como el género *Papaver*, por ejemplo, los géneros y las especies *Papaver orientale*, *Papaver rhoeas*, *Papaver dubium* [amapola], Pedaliaceae como el género *Sesamum*, por ejemplo, el género y la especie *Sesamum indicum* [sésamo], Piperaceae como los géneros *Piper*, *Artanthe*, *Peperomia*, *Steffensia*, por ejemplo, los géneros y las especies *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* [pimienta de Cayena], Poaceae como los géneros *Hordeum*, *Secale*, *Avena*, *Sorghum*, *Andropogon*, *Holcus*, *Panicum*, *Oryza*, *Zea* (maíz), *Triticum*, por ejemplo, los géneros y las especies *Hordeum vulgare*, *Hordeum jubatum*, *Hordeum murinum*, *Hordeum secalinum*, *Hordeum distichon*, *Hordeum aegiceras*, *Hordeum hexastichon*, *Hordeum hexastichum*, *Hordeum irregulare*, *Hordeum sativum*, *Hordeum secalinum* [cebada], *Secale cereale* [centeno], *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida* [avena], *Sorghum bicolor*, *Sorghum halepense*, *Sorghum saccharatum*, *Sorghum vulgare*, *Andropogon drummondii*, *Holcus bicolor*, *Holcus sorghum*, *Sorghum aethiopicum*, *Sorghum arundinaceum*, *Sorghum caffrorum*, *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 miliaceum* [sorgo], *Oryza sativa*, *Oryza latifolia* [arroz], *Zea mays* [maíz] *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum* o *Triticum vulgare* [trigo], Porphyridiaceae como los géneros *Chrootheca*, *Flintiella*, *Petrovanella*, *Porphyridium*, *Rhodella*, *Rhodorus*, *Vanhoeffenia*, por ejemplo, el género y la especie *Porphyridium cruentum*, Proteaceae como el género *Macadamia*, por ejemplo, el género y la especie *Macadamia integrifolia* [macadamia], Prasinophyceae como los géneros *Nephroselmis*, *Prasinococcus*, *Scherffelia*, *Tetraselmis*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, por ejemplo, los géneros y las especies *Nephroselmis olivacea*, *Prasinococcus capsulatus*, *Scherffelia dubia*, *Tetraselmis chui*, *Tetraselmis suecica*, *Mantoniella squamata*, *Ostreococcus tauri*, Rubiaceae como el género *Coffea*, por ejemplo, los géneros y las especies *Coffea* spp., *Coffea arabica*, *Coffea canephora* o *Coffea liberica* [café], Scrophulariaceae como el género *Verbascum*, por ejemplo, los géneros y las especies *Verbascum blattaria*, *Verbascum chaixii*, *Verbascum densiflorum*, *Verbascum lagurus*, *Verbascum longifolium*, *Verbascum lychnitis*, *Verbascum nigrum*, *Verbascum olympicum*, *Verbascum phlomoides*, *Verbascum phoenicum*, *Verbascum pulverulentum* o *Verbascum thapsus* [candelaria], Solanaceae como los géneros *Capsicum*, *Nicotiana*, *Solanum*, *Lycopersicon*, por ejemplo, los géneros y las especies *Capsicum annuum*, *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*, *Capsicum frutescens* [pimienta], *Capsicum annuum* [pimiento], *Nicotiana tabacum*, *Nicotiana alata*, *Nicotiana attenuata*, *Nicotiana glauca*, *Nicotiana langsdorffii*, *Nicotiana obtusifolia*, *Nicotiana quadrivalvis*, *Nicotiana repanda*, *Nicotiana rustica*, *Nicotiana sylvestris* [tabaco], *Solanum tuberosum* [patata], *Solanum melongena* [berenjena] *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*, *Solanum integrifolium* o *Solanum lycopersicum* [tomate], Sterculiaceae como el género *Theobroma*, por ejemplo, el género y la especie *Theobroma cacao* [cacao] o Theaceae como el género *Camellia*, por ejemplo, el género y la especie *Camellia sinensis* [té].

Microorganismos ventajosos son, por ejemplo, hongos seleccionados del grupo de las familias Chaetomiaceae, Choanephoraceae, Cryptococcaceae, Cunninghamellaceae, Dematiaceae, Moniliaceae, Mortierellaceae, Mucoraceae, Pythiaceae, Sacharomycetaceae, Saprolegniaceae, Schizosacharomycetaceae, Sodariaceae o Tuberculariaceae.

A modo de ejemplo son de mencionar los siguientes microorganismos seleccionados del grupo: Choanephoraceae como los géneros *Blakeslea*, *Choanephora*, por ejemplo, los géneros y las especies *Blakeslea trispora*, *Choanephora cucurbitarum*, *Choanephora infundibulifera* var. *cucurbitarum*, Mortierellaceae como el género *Mortierella*, por ejemplo, los géneros y las especies *Mortierella isabellina*, *Mortierella polycephala*, *Mortierella ramanniana*, *Mortierella vinacea*, *Mortierella zonata*, Pythiaceae como los géneros *Pythium*, *Phytophthora*, por ejemplo, los géneros y las especies *Pythium debaryanum*, *Pythium intermedium*, *Pythium irregulare*, *Pythium megalacanthum*, *Pythium paroecandrum*, *Pythium sylvaticum*, *Pythium ultimum*, *Phytophthora cactorum*, *Phytophthora cinnamomi*, *Phytophthora citricola*, *Phytophthora citrophthora*, *Phytophthora cryptogea*, *Phytophthora*

drechsleri, *Phytophthora erythroseptica*, *Phytophthora lateralis*, *Phytophthora megasperma*, *Phytophthora nicotianae*,
Phytophthora nicotianae var. *parasitica*, *Phytophthora palmivora*, *Phytophthora parasitica*, *Phytophthora syringae*,
 Saccharomycetaceae como los géneros *Hansenula*, *Pichia*, *Saccharomyces*, *Saccharomycodes*, *Yarrowia*, por
 ejemplo, los géneros y las especies *Hansenula anomala*, *Hansenula californica*, *Hansenula canadensis*, *Hansenula*
 5 *capsulata*, *Hansenula ciferrii*, *Hansenula glucozyma*, *Hansenula henricii*, *Hansenula holstii*, *Hansenula minuta*,
Hansenula nonfermentans, *Hansenula philodendri*, *Hansenula polymorpha*, *Hansenula saturnus*, *Hansenula*
subpelliculosa, *Hansenula wickerhamii*, *Hansenula wingei*, *Pichia alcoholophila*, *Pichia angusta*, *Pichia anomala*,
Pichia bisporea, *Pichia burtonii*, *Pichia canadensis*, *Pichia capsulata*, *Pichia carsonii*, *Pichia cellobiosa*, *Pichia ciferrii*,
Pichia farinosa, *Pichia fermentans*, *Pichia finlandica*, *Pichia glucozyma*, *Pichia guilliermondii*, *Pichia haplophila*,
 10 *Pichia henricii*, *Pichia holstii*, *Pichia jadinii*, *Pichia lindnerii*, *Pichia membranaefaciens*, *Pichia methanolica*, *Pichia*
minuta var. *minuta*, *Pichia minuta* var. *nonfermentans*, *Pichia norvegensis*, *Pichia ohmeri*, *Pichia pastoris*, *Pichia*
philodendri, *Pichia pini*, *Pichia polymorpha*, *Pichia quercuum*, *Pichia rhodanensis*, *Pichia sargentensis*, *Pichia stipitis*,
Pichia strasburgensis, *Pichia subpelliculosa*, *Pichia toletana*, *Pichia trehalophila*, *Pichia vini*, *Pichia xylosa*,
 15 *Saccharomyces aceti*, *Saccharomyces baillii*, *Saccharomyces bayanus*, *Saccharomyces bisporea*, *Saccharomyces*
capensis, *Saccharomyces carlsbergensis*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces cerevisiae* var. *ellipsoideus*,
Saccharomyces chevalieri, *Saccharomyces delbrueckii*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces drosophilorum*,
Saccharomyces elegans, *Saccharomyces ellipsoideus*, *Saccharomyces fermentati*, *Saccharomyces florentinus*,
Saccharomyces fragilis, *Saccharomyces heterogenicus*, *Saccharomyces hienipiensis*, *Saccharomyces inusitatus*,
Saccharomyces italicus, *Saccharomyces kluyveri*, *Saccharomyces krusei*, *Saccharomyces lactis*, *Saccharomyces*
 20 *marxianus*, *Saccharomyces microellipsoideus*, *Saccharomyces montanus*, *Saccharomyces norbensis*, *Saccharomyces*
oleaceus, *Saccharomyces paradoxus*, *Saccharomyces pastorianus*, *Saccharomyces pretoriensis*, *Saccharomyces*
rosei, *Saccharomyces rouxii*, *Saccharomyces uvarum*, *Saccharomycodes ludwigii*, *Yarrowia lipolytica*,
Schizosaccharomycetaceae tal como los géneros *Schizosaccharomyces*, por ejemplo, las especies
Schizosaccharomyces japonicus var. *japonicus*, *Schizosaccharomyces japonicus* var. *versatilis*,
 25 *Schizosaccharomyces malidevorans*, *Schizosaccharomyces octosporus*, *Schizosaccharomyces pombe* var.
malidevorans, *Schizosaccharomyces pombe* var. *pombe*, *Thraustochytriaceae* tal como los géneros *Althornia*,
Aplanochytrium, *Japonochytrium*, *Schizochytrium*, *Thraustochytrium*, por ejemplo, las especies *Schizochytrium*
aggregatum, *Schizochytrium limacinum*, *Schizochytrium mangrovei*, *Schizochytrium minutum*, *Schizochytrium*
octosporum, *Thraustochytrium aggregatum*, *Thraustochytrium amoeboides*, *Thraustochytrium antacticum*,
 30 *Thraustochytrium arudimentale*, *Thraustochytrium aureum*, *Thraustochytrium benthicola*, *Thraustochytrium*
globosum, *Thraustochytrium indicum*, *Thraustochytrium kerguelense*, *Thraustochytrium kinnei*, *Thraustochytrium*
motivum, *Thraustochytrium multirudimentale*, *Thraustochytrium pachydermum*, *Thraustochytrium proliferum*,
Thraustochytrium roseum, *Thraustochytrium rossii*, *Thraustochytrium striatum* o *Thraustochytrium visurgense*.

Microorganismos ventajosos adicionales son, por ejemplo, bacterias seleccionadas del grupo de las familias
 35 *Bacillaceae*, *Enterobacteriaceae* o *Rhizobiaceae*.

A modo de ejemplo son de mencionar los siguientes microorganismos seleccionados del grupo: *Bacillaceae* como el
 género *Bacillus*, por ejemplo, los géneros y las especies *Bacillus acidocaldarius*, *Bacillus acidoterrestris*, *Bacillus*
alcalophilus, *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus amylolyticus*, *Bacillus brevis*, *Bacillus cereus*, *Bacillus circulans*,
Bacillus coagulans, *Bacillus sphaericus* subsp. *fusiformis*, *Bacillus galactophilus*, *Bacillus globisporus*, *Bacillus*
 40 *globisporus* subsp. *marinus*, *Bacillus halophilus*, *Bacillus lentimorbus*, *Bacillus lentus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus*
megaterium, *Bacillus polymyxa*, *Bacillus psychrosaccharomicus*, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus*
subtilis subsp. *spizizenii*, *Bacillus subtilis* subsp. *subtilis* o *Bacillus thuringiensis*; *Enterobacteriaceae* como los géneros
Citrobacter, *Edwardsiella*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Escherichia*, *Klebsiella*, *Salmonella* o *Serratia*, por ejemplo, los
 géneros y las especies *Citrobacter amalonaticus*, *Citrobacter diversus*, *Citrobacter freundii*, *Citrobacter*
 45 *genomospecies*, *Citrobacter gillenii*, *Citrobacter intermedius*, *Citrobacter koseri*, *Citrobacter murlinae*, *Citrobacter*
sp., *Edwardsiella hoshinae*, *Edwardsiella italuri*, *Edwardsiella tarda*, *Erwinia alni*, *Erwinia amylovora*, *Erwinia*
ananatis, *Erwinia aphidicola*, *Erwinia billingiae*, *Erwinia cacticida*, *Erwinia cancerogena*, *Erwinia carnegiana*, *Erwinia*
carotovora subsp. *atroseptica*, *Erwinia carotovora* subsp. *betavascularum*, *Erwinia carotovora* subsp. *odorifera*,
Erwinia carotovora subsp. *wasabiae*, *Erwinia chrysanthemi*, *Erwinia cyripedii*, *Erwinia dissolvens*, *Erwinia herbicola*,
 50 *Erwinia mallotivora*, *Erwinia milletiae*, *Erwinia nigrifluens*, *Erwinia nimipressuralis*, *Erwinia persicina*, *Erwinia psidii*,
Erwinia pyrifoliae, *Erwinia quercina*, *Erwinia rhapontici*, *Erwinia rubrifaciens*, *Erwinia salicis*, *Erwinia stewartii*, *Erwinia*
tracheiphila, *Erwinia uredovora*, *Escherichia adecarboxylata*, *Escherichia anindolica*, *Escherichia aurescens*,
Escherichia blattae, *Escherichia coli*, *Escherichia coli* var. *communior*, *Escherichia coli*-mutabile, *Escherichia*
fergusonii, *Escherichia hermannii*, *Escherichia sp.*, *Escherichia vulneris*, *Klebsiella aerogenes*, *Klebsiella edwardsii*
 55 subsp. *atlantae*, *Klebsiella ornithinolytica*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella planticola*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella*
pneumoniae subsp. *pneumoniae*, *Klebsiella sp.*, *Klebsiella terrigena*, *Klebsiella trevisanii*, *Salmonella abony*,
Salmonella arizonae, *Salmonella bongori*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *arizonae*, *Salmonella choleraesuis* subsp.
bongori, *Salmonella choleraesuis* subsp. *choleraesuis*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *diarizonae*, *Salmonella*
choleraesuis subsp. *houtenae*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *indica*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *salamae*,
 60 *Salmonella daressalaam*, *Salmonella enterica* subsp. *houtenae*, *Salmonella enterica* subsp. *salamae*, *Salmonella*
enteritidis, *Salmonella gallinarum*, *Salmonella heidelberg*, *Salmonella panama*, *Salmonella senftenberg*, *Salmonella*
typhimurium, *Serratia entomophila*, *Serratia ficaria*, *Serratia fonticola*, *Serratia grimesii*, *Serratia liquefaciens*, *Serratia*
marcescens, *Serratia marcescens* subsp. *marcescens*, *Serratia marinorubra*, *Serratia odorifera*, *Serratia*
plymouthensis, *Serratia plymuthica*, *Serratia proteamaculans*, *Serratia proteamaculans* subsp. *quinovora*, *Serratia*

quinivorans o *Serratia rubidaea*; Rhizobiaceae como los géneros *Agrobacterium*, *Carbophilus*, *Chelatobacter*, *Ensifer*, *Rhizobium*, *Sinorhizobium*, por ejemplo, los géneros y las especies *Agrobacterium atlanticum*, *Agrobacterium ferrugineum*, *Agrobacterium gelatinovorum*, *Agrobacterium larrymoorei*, *Agrobacterium meteor*, *Agrobacterium radiobacter*, *Agrobacterium rhizogenes*, *Agrobacterium rubi*, *Agrobacterium stellulatum*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Agrobacterium vitis*, *Carbophilus carboxidus*, *Cheiatobacter heintzii*, *Ensifer adhaerens*, *Ensifer arboris*, *Ensifer fredii*, *Ensifer kostiensis*, *Ensifer kummerowiae*, *Ensifer medicae*, *Ensifer meliloti*, *Ensifer sahelii*, *Ensifer terangae*, *Ensifer xinjiangensis*, *Rhizobium ciceri*, *Rhizobium etli*, *Rhizobium fredii*, *Rhizobium galegae*, *Rhizobium gallicum*, *Rhizobium giardinii*, *Rhizobium hainanense*, *Rhizobium huakuii*, *Rhizobium huautlense*, *Rhizobium indigoferae*, *Rhizobium japonicum*, *Rhizobium leguminosarum*, *Rhizobium loessense*, *Rhizobium loti*, *Rhizobium lupini*, *Rhizobium mediterraneum*, *Rhizobium meliloti*, *Rhizobium mongolense*, *Rhizobium phaseoli*, *Rhizobium radiobacter*, *Rhizobium rhizogenes*, *Rhizobium rubi*, *Rhizobium sullae*, *Rhizobium tianshanense*, *Rhizobium trifolii*, *Rhizobium tropici*, *Rhizobium undicola*, *Rhizobium vitis*, *Sinorhizobium adhaerens*, *Sinorhizobium arboris*, *Sinorhizobium fredii*, *Sinorhizobium kostiense*, *Sinorhizobium kummerowiae*, *Sinorhizobium medicae*, *Sinorhizobium meliloti*, *Sinorhizobium morelense*, *Sinorhizobium sahelii* o *Sinorhizobium xinjiangense*.

Microorganismos ventajosos adicionales para el procedimiento según la invención son, por ejemplo, protistas o diatomeas seleccionados del grupo de las familias Dinophyceae, Turaniellidae u Oxytrichidae como los géneros y las especies: *Crypthecodinium cohnii*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Stylonychia mytilus*, *Stylonychia pustulata*, *Stylonychia putrina*, *Stylonychia notophora*, *Stylonychia sp.*, Colpidium campylum o Colpidium sp.

En el procedimiento según la invención se usan ventajosamente organismos transgénicos como hongos como *Mortierella* o *Thraustochytrium*, levaduras como *Saccharomyces* o *Schizosaccharomyces*, musgos como *Physcomitrella* o *Ceratodon*, animales no humanos como *Caenorhabditis*, algas como *Nephroselmis*, *Pseudoscurfielda*, *Prasinococcus*, *Scherffelia*, *Tetraselmis*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Crypthecodinium* o *Phaeodactylum* o plantas como plantas dicotiledóneas o monocotiledóneas. Se usan de manera especialmente ventajosa en el procedimiento según la invención los organismos que pertenecen a los organismos productores de aceite, es decir, los que se usan para la producción de aceites, como hongos como *Mortierella* o *Thraustochytrium*, algas como *Nephroselmis*, *Pseudoscurfielda*, *Prasinococcus*, *Scherffelia*, *Tetraselmis*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Crypthecodinium*, *Phaeodactylum* o plantas, especialmente plantas, preferiblemente plantas oleaginosas que contienen grandes cantidades de compuestos lipídicos, como cacahuete, colza, canola, girasol, cártamo (*Carthamus tinctoria*), amapola, mostaza, cáñamo, ricino, olivo, sésamo, *Calendula*, *Punica*, onagra, candelaria, cárdamo, rosas silvestres, avellano, almendro, macadamia, aguacate, laurel, calabaza, lino, soja, pistacho, borraja, árboles (palma aceitera, coco o nogal) o cultivos como maíz, trigo, centeno, avena, tritical, arroz, cebada, algodón, yuca, pimienta, clavelón, plantas solanáceas como patata, tabaco, berenjena y tomate, especies de *Vicia*, guisantes, alfalfa o plantas arbusto (café, cacao, té), especies de *Salix* así como pastos perennes y plantas para forraje. Plantas preferidas según la invención son plantas oleaginosas como cacahuete, colza, canola, girasol, cártamo, amapola, mostaza, cáñamo, ricino, olivo, *Calendula*, *Punica*, onagra, calabaza, lino, soja, borraja, árboles (palma aceitera, coco). Particularmente se prefieren plantas ricas en ácidos grasos C_{18:2} y/o C_{18:3} como girasol, cárdamo, tabaco, candelaria, sésamo, algodón, calabaza, amapola, onagra, nogal, lino, cáñamo, cardo o cárdamo. Muy particularmente se prefieren plantas como cárdamo, girasol, amapola, onagra, nogal, lino o cáñamo.

Para el procedimiento descrito según la invención es ventajoso introducir en el organismo adicionalmente otros ácidos nucleicos que codifican enzimas del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos, adicionalmente a los ácidos nucleicos introducidos en la etapa de procedimiento (a) a (d), así como las secuencias de ácidos nucleicos dado el caso introducidas, que codifican las ω 3-desaturasas.

En principio, todos los genes del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos pueden usarse ventajosamente en el procedimiento para la producción de ácidos grasos poliinsaturados en combinación con la(s) Δ 5-elongasa(s), Δ 6-elongasa(s) y/o ω 3-desaturasa(s) [en el sentido de esta solicitud el plural deberá contener el singular y al revés]. Ventajosamente se usan genes del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos seleccionados del grupo acil-CoA-deshidrogenasa(s), acil-ACP [= proteína transportadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofofolípido aciltransferasas, ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilenasa(s), lipoxigenasas, triacilglicerol-lipasas, óxido de aleno-sintasas, hidroperóxido-liasas o ácido graso-elongasa(s) en combinación con la Δ 5-elongasa, Δ 6-elongasa y/o ω 3-desaturasa. Especialmente se usan preferiblemente genes seleccionados del grupo de Δ 4-desaturasas, Δ 5-desaturasas, Δ 6-desaturasas, Δ 8-desaturasas, Δ 9-desaturasas, Δ 12-desaturasas, Δ 6-elongasas o Δ 9-elongasas en combinación con los genes previamente mencionados para la Δ 5-elongasa, Δ 6-elongasa y/o ω 3-desaturasa, pudiendo usarse los genes individuales o varios genes en combinación.

Las Δ 5-elongasas tienen, en comparación con las elongasas humanas o elongasas de animales no humanos como las de *Oncorhynchus*, *Xenopus* o *Ciona*, la propiedad ventajosa de que no alargan los ácidos grasos C₂₂ a los ácidos grasos C₂₄ correspondientes. Además, no convierten ventajosamente los ácidos grasos con un doble enlace en la posición Δ 6, como se convierten por las elongasas humanas o las elongasas de animales no humanos. Las Δ 5-elongasas especialmente ventajosas convierten solo preferiblemente ácidos grasos C₂₀ insaturados. Estas Δ 5-elongasas ventajosas presentan algunas supuestas hélices transmembrana (5-7). Ventajosamente solo convierten ácidos grasos C₂₀ con un doble enlace en la posición Δ 5, prefiriéndose ácidos grasos ω 3 C₂₀ (EPA). Además, en una

forma de realización preferida de la invención, tienen la propiedad de que, además de la actividad de $\Delta 5$ -elongasa, ventajosamente no presentan actividad de $\Delta 6$ -elongasa o solo una actividad relativamente baja. A diferencia de esto, las elongasas humanas o elongasas de animales no humanos presentan una actividad aproximadamente igual en comparación con ácidos grasos con un doble enlace en $\Delta 6$ o $\Delta 5$. Estas elongasas ventajosas se denominan las llamadas elongasas monofuncionales. Las elongasas humanas o las elongasas de animales no humanos se designan, por el contrario, elongasas multifuncionales que, además de los sustratos previamente mencionados, también convierten ácidos grasos C_{16} y C_{18} monoinsaturados, por ejemplo, con doble enlace en $\Delta 9$ o $\Delta 11$. En una prueba de alimentación de levadura, en la que se añadió EPA como sustrato a las levaduras, las elongasas monofuncionales convierten ventajosamente al menos el 15 % en peso del EPA añadido al ácido docosapentaenoico (=DPA, $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$), ventajosamente al menos el 20 % en peso, especialmente ventajosamente al menos el 25 % en peso. Si como sustrato se añade ácido γ -linolénico (=GLA, $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$), entonces éste no se alarga ventajosamente en absoluto. Igualmente, $C_{18:3}^{\Delta 5,9,12}$ tampoco se alarga. En otra forma de realización ventajosa se convierte menos del 60 % en peso del GLA añadido en ácido dihomo- γ -linolénico ($C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$), ventajosamente menos del 55 % en peso, preferiblemente menos del 50 % en peso, especialmente ventajosamente menos del 45 % en peso, muy especialmente ventajosamente menos del 40 % en peso. En otra forma de realización muy preferida, la actividad de $\Delta 5$ -elongasa descrita en el presente documento no convierte GLA.

Las Figuras 27 y 28 describen las especificidades por sustrato medidas de las distintas elongasas. En la Figura 27 se describen las especificidades de las elongasas multifuncionales de *Xenopus laevis* (Figura 27A), *Ciona intestinalis* (Figura 27B) y *Oncorhynchus mykiss* (Figura 27C). Todas estas elongasas convierten un amplio espectro de sustratos. Esto puede conducir en el procedimiento según la invención a productos secundarios que deben convertirse mediante otras actividades enzimáticas. Por este motivo, estas enzimas son menos preferidas en el procedimiento según la invención. Las elongasas monofuncionales preferidas y su especificidad por sustrato se describen en la Figura 28. La Figura 28A muestra la especificidad de la $\Delta 5$ -elongasa de *Ostreococcus tauri*. Ésta convierte solo ácidos grasos con un doble enlace en la posición $\Delta 5$. Ventajosamente solo se convierten ácidos grasos C_{20} . La $\Delta 5$ -elongasa de *Thalassiosira pseudonana* (Figura 28C) presenta una especificidad por sustrato similarmente alta. Tanto la $\Delta 6$ -elongasa de *Ostreococcus tauri* (Figura 28B) como también la de *Thalassiosira pseudonana* (Figura 28D) convierten ventajosamente solo ácidos grasos con un doble enlace en la posición $\Delta 6$. Ventajosamente solo se convierten ácidos grasos C_{18} . Las $\Delta 5$ -elongasas de *Arabidopsis thaliana* y *Euglena gracilis* también destacan por su especificidad.

Las $\Delta 6$ -elongasas ventajosas también destacan por una alta especificidad, es decir, preferiblemente alargan ácidos grasos C_{18} . Ventajosamente convierten ácidos grasos con un doble enlace en la posición $\Delta 6$. Las $\Delta 6$ -elongasas especialmente ventajosas convierten ventajosamente ácidos grasos C_{18} con tres o cuatro dobles enlaces en la molécula, debiendo contener éstos un doble enlace en la posición $\Delta 6$. Además, en una forma de realización preferente de la invención tienen la propiedad de que, además de la actividad de $\Delta 6$ -elongasa, ventajosamente no presentan actividad de $\Delta 5$ -elongasa o solo una relativamente baja. A diferencia de esto, las elongasas humanas o elongasas de animales no humanos presentan una actividad aproximadamente igual en comparación con los ácidos grasos con un doble enlace en $\Delta 6$ o $\Delta 5$. Estas elongasas ventajosas se denominan las llamadas elongasas monofuncionales. Las elongasas humanas o las elongasas de animales no humanos se designan, por el contrario, elongasas multifuncionales que, además de los sustratos previamente mencionados, también convierten ácidos grasos C_{16} y C_{18} monoinsaturados, por ejemplo, con doble enlace en $\Delta 9$ o $\Delta 11$. En una prueba de alimentación de levadura, en la que se añadió EPA como sustrato a las levaduras, las elongasas monofuncionales convierten ventajosamente al menos el 10 % en peso del ácido α -linolénico añadido (=ALA, $C_{18:3}^{\Delta 9,12,15}$) o al menos el 40 % en peso del ácido γ -linolénico añadido (=GLA, $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$), ventajosamente al menos el 20 % en peso o el 50 % en peso, de forma particularmente ventajosa al menos el 25 % en peso o el 60 % en peso. También se alarga de forma especialmente ventajosa $C_{18:4}^{\Delta 6,9,12,15}$ (ácido estearidónico). El SDA se convierte a este respecto a al menos el 40 % en peso, ventajosamente a al menos el 50 % en peso, especialmente ventajosamente a al menos el 60 % en peso, muy especialmente ventajosamente a al menos el 70 % en peso. Las $\Delta 6$ -elongasas especialmente ventajosas no muestran actividad o solo una muy baja (menos del 0,1 % en peso de conversión) en comparación con los siguientes sustratos: $C_{18:1}^{\Delta 6}$, $C_{18:1}^{\Delta 9}$, $C_{18:1}^{\Delta 11}$, $C_{20:2}^{\Delta 11,14}$, $C_{20:3}^{\Delta 11,14,17}$, $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$, $C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$, $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,17}$ o $C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$.

Las Figuras 29 y 30, así como la Tabla 18, describen las especificidades por sustrato medidas de las distintas elongasas.

La $\omega 3$ -desaturasa tiene, en comparación con las $\omega 3$ -desaturasas conocidas, la propiedad ventajosa de que puede desaturar un amplio espectro de ácidos grasos $\omega 6$, preferiblemente se desaturan ácidos grasos C_{20} y C_{22} como los ácidos grasos $C_{20:2}$, $C_{20:3}$, $C_{20:4}$, $C_{22:4}$ o $C_{22:5}$. Pero también se desaturan ventajosamente ácidos grasos C_{18} más cortos como los ácidos grasos $C_{18:2}$ o $C_{18:3}$. Debido a estas propiedades de la $\omega 3$ -desaturasa es posible ventajosamente desplazar el espectro de ácidos grasos dentro de un organismo, ventajosamente de una planta o un hongo, de los ácidos grasos $\omega 6$ a los ácidos grasos $\omega 3$. Preferiblemente se desaturan ácidos grasos C_{20} por la $\omega 3$ -desaturasa. Dentro del organismo, estos ácidos grasos del conjunto de ácidos grasos presentes se convierten a al menos el 10 %, 15 %, 20 %, 25 % o el 30 % en los ácidos grasos $\omega 3$ correspondientes. A diferencia de los ácidos grasos C_{18} , la $\omega 3$ -desaturasa presenta una actividad más baja de un factor de 10, es decir, solo se convierten aproximadamente del 1,5 al 3 % de los ácidos grasos presentes en el conjunto de ácidos grasos en los ácidos

grasos $\omega 3$ correspondientes. El sustrato preferido de la $\omega 3$ -desaturasa son los ácidos grasos $\omega 6$ unidos en los fosfolípidos. La Figura 19 muestra claramente como ejemplo de la desaturación del ácido dihomo- γ -linolénico [$C_{20:4}^{\Delta 8,11,14}$] que la $\omega 3$ -desaturasa en la desaturación ventajosamente no diferencia entre ácidos grasos unidos en la posición sn1 o sn2. Se desaturan tanto los ácidos grasos unidos en la posición sn1 como sn2 en los fosfolípidos. Además, es ventajoso que la $\omega 3$ -desaturasa convierta una amplia paleta de fosfolípidos como fosfatidilcolina (=PC), fosfatidilinositol (=PIS) o fosfatidiletanolamina (=PE). Finalmente también pueden encontrarse productos de desaturación en los lípidos neutros (=NL), es decir, en los triglicéridos.

Las $\Delta 4$ -desaturasas, $\Delta 5$ -desaturasas y $\Delta 6$ -desaturasas descritas en el presente documento tienen, en comparación con las $\Delta 4$ -desaturasas, $\Delta 5$ -desaturasas y $\Delta 6$ -desaturasas conocidas, la ventaja de que pueden convertir los ácidos grasos unidos a fosfolípidos o ésteres de ácidos grasos de CoA, ventajosamente los ésteres de ácidos grasos de CoA.

Las $\Delta 12$ -desaturasas usadas en el procedimiento según la invención convierten ventajosamente el ácido oleico ($C_{18:1}^{\Delta 9}$) en ácido linoleico ($C_{18:2}^{\Delta 9,12}$) o $C_{18:2}^{\Delta 6,9}$ en $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$ (=GLA). Las $\Delta 12$ -desaturasas usadas convierten ventajosamente ácidos grasos unidos a fosfolípidos o ésteres de ácidos grasos de CoA, ventajosamente ésteres de ácidos grasos de CoA.

Debido a la actividad enzimática de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento según la invención, que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -elongasa y/o $\omega 3$ -desaturasa, ventajosamente en combinación con secuencias de ácidos nucleicos, que codifican polipéptidos del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos como otros polipéptidos con actividad de $\Delta 4$ -, $\Delta 5$ -, $\Delta 6$ -, $\Delta 8$ -, $\Delta 12$ -desaturasa o $\Delta 5$ -, $\Delta 6$ -o $\Delta 9$ -elongasa, en el procedimiento según la invención pueden producirse los más variados ácidos grasos poliinsaturados. Dependiendo de la selección de los organismos usados para el procedimiento según la invención, como las plantas ventajosas, pueden producirse mezclas de distintos ácidos grasos poliinsaturados o ácidos grasos poliinsaturados individuales como EPA o ARA en forma libre o unida. Dependiendo de qué composición de ácido graso predomine en la planta de partida (ácidos grasos $C_{18:2}$ o $C_{18:3}$), así se forman ácidos grasos que se derivan de ácidos grasos $C_{18:2}$, como GLA, DGLA o ARA o, que se derivan de ácidos grasos $C_{18:3}$, como SDA, ETA o EPA. Si en las plantas usadas para el procedimiento solo existe como ácido graso insaturado ácido linoleico (=LA, $C_{18:2}^{\Delta 9,12}$), entonces como productos del procedimiento solo pueden formarse GLA, DGLA y ARA, que pueden estar presentes como ácidos grasos libres o unidos. Si en las plantas usadas en el procedimiento solo está como ácido graso insaturado ácido α -linolénico (=ALA, $C_{18:3}^{\Delta 9,12,15}$), por ejemplo como en el lino, entonces como productos del procedimiento solo pueden formarse SDA, ETA, EPA y/o DHA, que pueden estar presentes como ácidos grasos libres o unidos como se ha descrito arriba. Mediante la modificación de la actividad de la enzima $\Delta 5$ -elongasa que participa en la síntesis, ventajosamente en combinación con la $\Delta 4$ -, $\Delta 5$ -, $\Delta 6$ -, $\Delta 12$ -desaturasa y/o $\Delta 6$ -elongasa, o la $\Delta 4$ -, $\Delta 5$ -, $\Delta 8$ -, $\Delta 12$ -desaturasa, y/o $\Delta 9$ -elongasa, pueden producirse específicamente solo productos individuales en los organismos previamente mencionados, ventajosamente en las plantas previamente mencionadas. Debido a la actividad de $\Delta 6$ -desaturasa y $\Delta 6$ -elongasa se forman, por ejemplo, GLA y DGLA o SDA y ETA, dependiendo de las plantas de partida y el ácido graso insaturado. Preferiblemente se forman DGLA o ETA o sus mezclas. Si la $\Delta 5$ -desaturasa, la $\Delta 5$ -elongasa y la $\Delta 4$ -desaturasa se introducen adicionalmente en los organismos, ventajosamente en las plantas, entonces se forman adicionalmente ARA, EPA y/o DHA. Esto también se aplica para organismos en los que se introdujo previamente la $\Delta 8$ -desaturasa y la $\Delta 9$ -elongasa. Ventajosamente solo se sintetizan ARA, EPA o DHA o sus mezclas, en función del ácido graso existente en el organismo o en la planta, que sirve de sustancia de partida para la síntesis. Como se trata de cadenas de biosíntesis, los productos finales respectivos no están presentes como sustancias puras en los organismos. También están siempre contenidas en el producto final bajas cantidades de compuestos precursores. Estas pequeñas cantidades ascienden a menos del 20 % en peso, ventajosamente a menos del 15 % en peso, especialmente ventajosamente a menos del 10 % en peso, muy especialmente ventajosamente a menos del 5, 4, 3, 2 o 1 % en peso referido al producto final DGLA, ETA o sus mezclas o ARA, EPA, DHA o sus mezclas, ventajosamente EPA o DHA o sus mezclas.

La proteína codificada por el ácido nucleico muestra una alta especificidad por los dos precursores, los ácidos grasos $C_{18:4}^{\Delta 6,9,12,15}$ y $C_{20:5}^{\Delta 5,8,11,14,17}$ para la síntesis de DHA (precursores y síntesis de DHA véase la Figura 1). La proteína codificada por SEQ NO: 53 tiene, por tanto, una especificidad por ácidos grasos en $\Delta 6$ y $\Delta 5$ con adicionalmente un doble enlace en $\omega 3$ (Figura 2). La $\Delta 5$ -elongasa tiene una actividad de ceto-acil-CoA-sintasa, que alarga ventajosamente 2 átomos de carbono los restos de ácidos grasos de ésteres de acil-CoA.

Mediante los genes de $\Delta 5$ -elongasa, la $\Delta 5$ -desaturasa de *Phaeodacilum*, así como la $\Delta 4$ -desaturasa de *Euglena*, podría detectar la síntesis de DHA en levadura (*Saccharomyces cerevisiae*) (Figura 3).

Además de la producción directamente en el organismo de ácidos grasos de partida para la $\Delta 5$ -elongasa, la $\Delta 6$ -elongasa y/o $\omega 3$ -desaturasas, los ácidos grasos también pueden alimentarse desde fuera. Por motivos de coste se prefiere la producción en el organismo. Sustratos preferidos de la $\omega 3$ -desaturasa son el ácido linoleico ($C_{18:2}^{\Delta 9,12}$), el ácido γ -linolénico ($C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$), el ácido eicosadienoico ($C_{20:2}^{\Delta 11,14}$), el ácido dihomo- γ -linolénico ($C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$), el ácido araquidónico ($C_{20:4}^{\Delta 5,8,11,14}$), el ácido docosatetraenoico ($C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$) y el ácido docosapentaenoico ($C_{22:5}^{\Delta 4,7,10,13,15}$).

Para aumentar el rendimiento en el procedimiento descrito para la producción de aceites y/o triglicéridos con un contenido ventajosamente elevado de ácidos grasos poliinsaturados es ventajoso aumentar la cantidad de producto

de partida para la síntesis de ácidos grasos, esto puede conseguirse, por ejemplo, mediante la introducción de un ácido nucleico en el organismo que codifica un polipéptido con actividad de $\Delta 12$ -desaturasa. Esto es especialmente ventajoso en organismos productores de aceite, como de la familia de Brassicaceae como el género *Brassica*, por ejemplo, colza; de la familia de Elaeagnaceae como el género *Elaeagnus*, por ejemplo, el género y la especie *Olea europaea* o de la familia Fabaceae como el género *Glycine*, por ejemplo, el género y la especie *Glycine max*, que presentan un alto contenido de ácido oleico. Como estos organismos solo presentan un bajo contenido de ácido linoleico (Mikoklajczak y col., Journal of the American Oil Chemical Society, 38, 1961, 678 - 681), es ventajoso el uso de las $\Delta 12$ -desaturasas mencionadas para la producción del producto de partida ácido linoleico.

Los ácidos nucleicos usados en el procedimiento según la invención proceden ventajosamente de plantas como algas, por ejemplo, algas de la familia de las Prasinophyceae como de los géneros *Heteromastix*, *Mammella*, *Mantoniella*, *Micromonas*, *Nephroselmis*, *Ostreococcus*, *Prasinocladus*, *Prasinococcus*, *Pseudoscourfieldia*, *Pycnococcus*, *Pyramimonas*, *Scherffelia* o *Tetraselmis* como los géneros y las especies *Heteromastix longifillis*, *Mamiella gilva*, *Mantoniella squamata*, *Micromonas pusilla*, *Nephroselmis olivacea*, *Nephroselmis pyriformis*, *Nephroselmis rotunda*, *Ostreococcus tauri*, *Ostreococcus* sp. *Prasinocladus ascus*, *Prasinocladus lubricus*, *Pycnococcus provasolii*, *Pyramimonas amylifera*, *Pyramimonas disomata*, *Pyramimonas obovata*, *Pyramimonas orientalis*, *Pyramimonas parkeae*, *Pyramimonas spinifera*, *Pyramimonas* sp., *Tetraselmis apiculata*, *Tetraselmis carteriformis*, *Tetraselmis chui*, *Tetraselmis convolutae*, *Tetraselmis desikacharyi*, *Tetraselmis gracilis*, *Tetraselmis hazeni*, *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* o *Tetraselmis* sp. o de algas de la familia Euglenaceae como de los géneros *Ascoglena*, *Astasia*, *Colacium*, *Cyclidiopsis*, *Euglena*, *Euglenopsis*, *Hyalophacus*, *Khawkinea*, *Lepocinclis*, *Phacus*, *Strombomonas* o *Trachelomonas* como los géneros y la especie *Euglena acus*, *Euglena geniculata*, *Euglena gracilis*, *Euglena mixocylindracea*, *Euglena rostrifera*, *Euglena viridis*, *Colacium stentorium*, *Trachelomonas cylindrica* o *Trachelomonas volvocina*. Los ácidos nucleicos usados proceden ventajosamente de algas de los géneros *Euglena*, *Mantoniella* u *Ostreococcus*.

Otras plantas ventajosas son algas como *Isochrysis* o *Crypthecodinium*, algas/diatomeas como *Thalassiosira* o *Phaeodactylum*, musgos como *Physcomitrella* o *Ceratodon* o plantas superiores como las *Primulaceae* como *Aleuritia*, *Calendula stellata*, *Osteospermum spinescens* u *Osteospermum hyoseroides*, microorganismos como hongos como *Aspergillus*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* o *Mortierella*, bacterias como *Shewanella*, levaduras o animales como nematodos como *Caenorhabditis*, insectos, ranas, cohombros de mar o peces. Las secuencias de ácidos nucleicos aisladas descritas en el presente documento proceden ventajosamente de un animal del orden de los vertebrados. Las secuencias de ácidos nucleicos proceden preferiblemente de la clase de los Vertebrata; Euteleostomi, Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei, Protacanthopterygii, Salmoniformes; Salmonidae u *Oncorhynchus* o Vertebrata, Amphibia, Anura, Pipidae, *Xenopus* o Evertebrata como Protochordata, Tunicata, Holothuroidea, Cionidae como *Amaroucium constellatum*, *Botryllus schlosseri*, *Ciona intestinalis*, *Molgula citrina*, *Molgula manhattensis*, *Perophora viridis* o *Styela partita*. Los ácidos nucleicos proceden de forma especialmente ventajosa de hongos, animales o de plantas como algas o musgos, preferiblemente del orden de los Salmoniformes como de la familia de los Salmonidae como el género *Salmo*, por ejemplo, de los géneros y las especies *Oncorhynchus mykiss*, *Trutta trutta* o *Salmo trutta fario*, de algas como los géneros *Mantoniella* u *Ostreococcus* o de las diatomeas como los géneros *Thalassiosira* o *Phaeodactylum* o de algas como *Crypthecodinium*.

En el procedimiento según la invención ventajosamente las secuencias de ácidos nucleicos previamente mencionadas o sus derivados u homólogos que codifican polipéptidos que todavía poseen la actividad enzimática de las proteínas codificadas por las secuencias de ácidos nucleicos. Estas secuencias se clonan en construcciones de expresión individualmente o en combinación con las secuencias de ácidos nucleicos que codifican $\Delta 12$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -elongasa y/o $\omega 3$ -desaturasa y se usan para la introducción y para la expresión en organismos. Debido a su construcción, estas construcciones de expresión hacen posible una síntesis óptima ventajosa de los ácidos grasos poliinsaturados producidos en el procedimiento según la invención.

En una forma de realización preferida, el procedimiento comprende además la etapa de obtener una célula o un organismo completo que contiene las secuencias de ácidos nucleicos usadas en el procedimiento, transformándose la célula y/o el organismo con una secuencia de ácido nucleico descrita en el presente documento, que codifica la Δ -12-desaturasa, Δ -4-desaturasa, Δ -5-desaturasa, Δ -6-desaturasa, Δ -5-elongasa, Δ -6-elongasa y/o $\omega 3$ -desaturasa, una construcción génica o un vector como se describe a continuación, solo o en combinación con secuencias de ácidos nucleicos adicionales que codifican proteínas del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos. En otra forma de realización preferida, este procedimiento comprende además la etapa de obtener aceites, lípidos o ácidos grasos libres del organismo o del cultivo. En el caso del cultivo puede tratarse, por ejemplo, de un cultivo de fermentación, por ejemplo, en el caso del cultivo de microorganismos como, por ejemplo, *Mortierella*, *Thalassiosira*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Saccharomyces* o *Thraustochytrium* o de un invernadero o cultivo de campo de una planta. La célula así producida o el organismo así producido es ventajosamente una célula de un organismo productor de aceite como una planta oleaginosa como, por ejemplo, cacahuete, colza, canola, lino, cáñamo, cacahuete, soja, cártamo, cáñamo, girasol o borraja.

Por cultivo debe entenderse, por ejemplo, el cultivo en caso de células, tejido u órganos de la planta o en un medio nutritivo o la planta completa sobre o en un sustrato, por ejemplo, en hidrocultivo, en tierra de macetas o en suelo arado.

“Transgénico” o “recombinante” significa en el sentido de la invención, por ejemplo, en lo referente a una secuencia de ácido nucleico, un casete de expresión (=construcción génica) o un vector que contiene la secuencia de ácido nucleico descrita en el presente documento o un organismo transformado con las secuencias de ácidos nucleicos, casete de expresión o vector, todas aquellas construcciones realizadas mediante procedimientos de ingeniería genética, en las que o

a) la secuencia de ácido nucleico descrita en el presente documento o

b) una secuencia de control genética unida funcionalmente con la secuencia de ácido nucleico, por ejemplo, un promotor, o

c) (a) y (b)

no se encuentran en su entorno genético natural o se modificaron por procedimientos de ingeniería genética, pudiendo ser la modificación a modo de ejemplo una sustitución, adición, delección, inversión o inserción de uno o varios restos de nucleótidos. Entorno genético natural se entiende que significa el locus genómico o cromosómico natural en el organismo original o la presencia en una biblioteca genómica. En el caso de una biblioteca genómica, el entorno genético natural de la secuencia de ácido nucleico se obtiene preferiblemente al menos todavía parcialmente. El entorno flanquea la secuencia de ácido nucleico al menos en un lado y tiene una longitud de secuencia de al menos 50 pb, preferiblemente al menos 500 pb, con especial preferencia al menos 1000 pb, de manera muy especialmente preferida al menos 5000 pb. Un casete de expresión natural que existe de forma natural, por ejemplo, la combinación que existe de forma natural del promotor natural de las secuencias de ácidos nucleicos descritas en el presente documento con los genes correspondientes de Δ -12-desaturasa, Δ -4-desaturasa, Δ -5-desaturasa, Δ -6-desaturasa, Δ -8-desaturasa, ω 3-desaturasa, Δ -9-elongasa, Δ -6-elongasa y/o Δ -5-elongasa, se convierte en un casete de expresión transgénico cuando éste se modifica por procedimientos sintéticos (“artificiales”) no naturales como, por ejemplo, una mutagenización. Procedimientos correspondientes se describen, por ejemplo, en los documentos US 5.565.350 o WO 00/15815.

Por organismo transgénico o planta transgénica en el sentido de la invención debe entenderse, como se ha mencionado previamente, que los ácidos nucleicos usados en el procedimiento no están en su sitio natural en el genoma de un organismo, a este respecto los ácidos nucleicos pueden expresarse homóloga u heterológamente. Transgén significa, pero también como se ha mencionado, que los ácidos nucleicos están en su sitio natural en el genoma de un organismo que sin embargo cambió la secuencia en comparación con la secuencia natural y/o que cambiaron las secuencias de regulación de las secuencias naturales. Se prefiere entender por transgén la expresión de los ácidos nucleicos en un sitio no natural en el genoma, es decir, existe una expresión homóloga, o preferiblemente heteróloga, de los ácidos nucleicos. Organismos transgénicos preferidos son hongos como *Mortierella* o *Phytophthora*, musgos como *Physcomitrella*, algas como *Mantoniella*, *Euglena*, *Cryptocodinium* u *Ostreococcus*, diatomeas como *Thalassiosira* o *Phaeodactylum*, o plantas como las plantas oleaginosas.

Como organismos u organismos huésped para los ácidos nucleicos usados en el procedimiento según la invención, el casete de expresión o el vector son fundamentalmente ventajosamente adecuados todos los organismos que sean capaces de sintetizar ácidos grasos, especialmente ácidos grasos insaturados, o son adecuados para la expresión de genes recombinantes. A modo de ejemplo son de mencionar plantas como *Arabidopsis*, *Asteraceae* como *Calendula* o plantas de cultivo como soja, cacahuete, ricino, girasol, maíz, algodón, lino, colza, coco, palma aceitera, cártamo (*Carthamus tinctorius*) o grano de cacao, microorganismos como hongos, por ejemplo, el género *Mortierella*, *Thraustochytrium*, *Saprolegnia*, *Phytophthora*, *Pythium*, bacterias como el género *Escherichia* o *Shewanella*, levaduras como el género *Saccharomyces*, cianobacterias, ciliados, algas como *Mantoniella*, *Euglena*, *Thalassiosira* u *Ostreococcus*, o protozoos como dinoflagelados como *Cryptocodinium*. Se prefieren organismos que pueden sintetizar naturalmente aceites en mayores cantidades como hongos como *Mortierella alpina*, *Pythium insidiosum*, *Phytophthora infestans* o plantas como soja, colza, coco, palma aceitera, cártamo, lino, cáñamo, ricino, *Calendula*, cacahuete, grano de cacao o girasol, o levaduras como *Saccharomyces cerevisiae*, se prefieren especialmente soja, lino, colza, cártamo, girasol, *Calendula*, *Mortierella* o *Saccharomyces cerevisiae*. Fundamentalmente también son adecuados como organismos huésped, además de los organismos transgénicos previamente mencionados, animales transgénicos, ventajosamente animales no humanos, por ejemplo, *C. elegans*, *Ciona intestinalis* o *Xenopus laevis*.

Células huésped útiles se mencionan además en: Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990).

Cepas de expresión que pueden usarse, por ejemplo, aquellas que presentan una actividad de proteasa más baja, se describen en: Gottesman, S., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128.

A éstas pertenecen células de plantas y determinados tejidos, órganos y partes de plantas en todas sus formas de

aparición como anteras, fibras, pelos de la raíz, tallos, embriones, callos, cotiledones, pecíolos, material recolectado, tejido vegetal, tejido reproductivo y cultivos celulares que se derivan de la propia planta transgénica y/o pueden usarse además para producir las plantas transgénicas.

Plantas transgénicas que contienen los ácidos grasos poliinsaturados sintetizados en el procedimiento según la invención pueden comercializarse directamente ventajosamente sin que los aceites, lípidos o ácidos grasos sintetizados deban aislarse. Por plantas en el procedimiento según la invención se entiende plantas enteras, así como todas las partes de la planta, órganos de la planta o partes de la planta como hoja, tallo de la hoja, semillas, raíz, tubérculos, anteras, fibras, pelos de la raíz, tallo, embrión, callos, cotiledones, pecíolos, material recolectado, tejido vegetal, tejido reproductivo, cultivos celulares que se deriven de las plantas transgénicas y/o puedan usarse además para producir las plantas transgénicas. Las semillas comprenden a este respecto todas las partes de semilla como las vainas de las semillas, células de la epidermis y de la semilla, endospermo o tejidos de embriones. Pero los compuestos producidos en el procedimiento según la invención también pueden aislarse de los organismos, ventajosamente plantas en forma de sus aceites, grasa, lípidos y/o ácidos grasos libres. Los ácidos grasos poliinsaturados producidos por este procedimiento pueden recolectarse mediante cosecha de los organismos, o bien del cultivo en el que crecen, o bien del campo. Esto puede realizarse mediante prensado o extracción de las partes de la planta, preferentemente de las semillas de la planta. A este respecto, los aceites, grasas, lípidos y/o ácidos grasos libres pueden obtenerse mediante el llamado golpeado frío o prensado en frío, sin aplicar calor al prensar. Para permitir que las partes de la planta, especialmente las semillas, se abran más fácilmente, primero se trituran, se someten a vapor o se tuestan. Las semillas así tratadas previamente pueden pensarse a continuación o extraerse con disolvente como hexano caliente. A continuación se retira de nuevo el solvente. En el caso de microorganismos éstos se extraen después de la cosecha, por ejemplo directamente sin más etapas de trabajo o bien se extraen después de la descomposición mediante diferentes procedimientos conocidos para el experto. De esta manera pueden aislarse más del 96 % de los compuestos producidos en el procedimiento. A continuación, los productos así obtenidos se procesan adicionalmente, es decir, se refinan. A este respecto, inicialmente se eliminan, por ejemplo, los mucílagos vegetales y la materia suspendida. La llamada eliminación de los mucílagos puede realizarse enzimáticamente o, por ejemplo, químicamente/físicamente mediante la adición de ácido como ácido fosfórico. A continuación, los ácidos grasos libres se eliminan mediante tratamiento con una base, por ejemplo, hidróxido de sodio. Para la eliminación de la lejía que queda en el producto, el producto obtenido se lava cuidadosamente con agua y se seca. Para eliminar los colorantes todavía contenidos en el producto, los productos se someten a un blanqueamiento con, por ejemplo, arcilla blanqueadora o con carbón activo. Al final, el producto se desodoriza además, por ejemplo con vapor de agua.

Los PUFA o LCPUFA producidos por este procedimiento son preferiblemente las moléculas de ácidos grasos C₁₈, C₂₀ o C₂₂, ventajosamente las moléculas de ácidos grasos C₂₀ o C₂₂, con al menos dos dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferiblemente tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces. Estas moléculas de ácido graso C₁₈, C₂₀ o C₂₂ pueden aislarse del organismo en forma de un aceite, lípido o un ácido graso libre. Organismos adecuados son, por ejemplo, los previamente mencionados. Organismos preferidos son plantas transgénicas.

Una forma de realización de la invención son, por este motivo, aceites, lípidos o ácidos grasos o fracciones de los mismos que se ha producido por el procedimiento anteriormente descrito, en especial aceite, lípido o una composición de ácidos grasos que comprende PUFA y se deriva de plantas transgénicas.

Estos aceites, lípidos o ácidos grasos contienen, como se ha descrito anteriormente, ventajosamente 6 al 15 % de ácido palmítico, 1 al 6 % de ácido esteárico; 7 - 85 % de ácido oleico; 0,5 al 8 % de ácido vaccénico, 0,1 al 1 % de ácido araquídico, 7 al 25 % de ácidos grasos saturados, 8 al 85 % de ácidos grasos monoinsaturados y 60 al 85 % de ácidos grasos poliinsaturados, respectivamente referidos al 100 % y al contenido de ácidos grasos totales de los organismos. Como ácidos grasos poliinsaturados ventajoso, en los ésteres de ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos están contenidos preferiblemente al menos el 0,1; 0,2; 0,3; 0,4; 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 o 1 % referido al contenido de ácidos grasos totales de ácido araquidónico. Además, los ésteres de ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos que se produjeron según el procedimiento según la invención contienen ventajosamente ácidos grasos seleccionados del grupo de ácidos grasos ácido erúico (ácido 13-docosaenoico), ácido estercúlico (ácido 9,10-metilenoctadec-9-enoico), ácido malválico (ácido 8,9-metilenheptadec-8-enoico), ácido chaulmoógrico (ácido ciclopenten-dodecanoico), ácido graso de furano (ácido 9,12-epoxi-octadeca-9,11-dienoico), ácido vernólico (ácido 9,10-epoxi-octadec-12-enoico), ácido tarínico (ácido 6-octadecinoico), ácido 6-nonadecinoico, ácido santálico (ácido 11-octadecen-9-inoico), ácido 6,9-octadeceninoico, ácido pirúlico (ácido 10-heptadecen-8-inoico), ácido crepenínico (ácido 9-octadecen-12-inoico), ácido 13,14-dihidroroféico, ácido octadecen-13-eno-9,11-diinoico, ácido petroselinico (ácido cis-6-octadecenoico), ácido 9c,12t-octadecadienoico, ácido calendúlico (ácido 8t10t12c-octadecatrienoico), ácido catálico (ácido 9t11t13c-octadecatrienoico), ácido eleosteárico (ácido 9c11t13t-octadecatrienoico), ácido jacárico (ácido 8c10t12c-octadecatrienoico), ácido punílico (ácido 9c11t13c-octadecatrienoico), ácido parinárico (ácido 9c11t13t15c-octadecatetraenoico), ácido pinolénico (ácido all-cis-5,9,12-octadecatrienoico), ácido labalénico (ácido 5,6-octadecadienalénico), ácido ricinoleico (ácido 12-hidroxioleico) y/o ácido coriólico (ácido 13-hidroxi-9c,11t-octadecadienoico). Los ácidos grasos previamente mencionados están presentes en los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos producidos según el procedimiento según la invención generalmente ventajosamente solo en trazas, es decir, están presentes, referido a los ácidos grasos totales, a menos del 30 %, preferiblemente a menos del 25 %, 24 %, 23 %, 22 % o 21 %, con especial preferencia a menos del 20 %, 15 %, 10 %, 9 %, 8 %, 7 %, 6 % o 5 %, de manera muy especialmente preferida a menos del 4 %,

3 %, 2 % o 1 %. Estos ácidos grasos previamente mencionados pueden estar presentes, referido a los ácidos grasos totales, a menos del 0,9 %; 0,8 %; 0,7 %; 0,6 %; o 0,5 %, con especial preferencia a menos del 0,4 %; 0,3 %; 0,2 %; 0,1 %. Ventajosamente, los ésteres de ácidos grasos o las mezclas de ácidos grasos producidos según el procedimiento según la invención contienen menos del 0,1 % referido a los ácidos grasos totales y/o ningún ácido butírico, ningún colesterol, ningún ácido clupanodónico (=ácido docosapentaenoico, C_{22:5}^{Δ4,8,12,15,21}), así como ningún ácido níxico (ácido tetracosahexaenoico, C_{23:6}^{Δ3,8,12,15,18,21}).

Los aceites, lípidos o ácidos grasos contienen ventajosamente al menos el 0,5 %, 1 %, 2 %, 3 %, 4 % o el 5 %, ventajosamente al menos el 6 %, 7 %, 8 %, 9 % o el 10 %, especialmente ventajosamente al menos el 11 %, 12 %, 13 %, 14 % o el 15 % de ARA o al menos el 0,5 %, 1 %, 2 %, 3 %, 4 % o el 5 %, ventajosamente al menos el 6 %, o el 7 %, especialmente ventajosamente al menos el 8 %, 9 % o el 10 % de EPA y/o DHA, referido al contenido de ácidos grasos totales del organismo de producción, ventajosamente de una planta, especialmente ventajosamente de una planta oleaginosa como soja, colza, coco, palma aceitera, cártamo, lino, cáñamo, ricino, Calendula, cacahuete, grano de cacao, girasol o las otras plantas oleaginosas mono o dicotiledóneas anteriormente mencionadas.

En el presente documento se describe también el uso del aceite, del lípido, de los ácidos grasos y/o la composición de ácidos grasos en piensos, alimentos, cosméticos o fármacos. Los aceites, lípidos, ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos pueden usarse en la forma conocida para el experto para mezclar con otros aceites, lípidos, ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos de origen animal como, por ejemplo, aceites de pescado. Estos aceites, lípidos, ácidos grasos o mezclas de ácidos grasos que están constituidos por constituyentes vegetales y animales también pueden usarse para la producción de piensos, alimentos, cosméticos o fármacos.

Por el término “aceite”, “lípido” o “grasa” se entiende una mezcla de ácidos grasos que contiene ácido(s) graso(s) insaturado(s), saturado(s), preferiblemente esterificado(s). Se prefiere que el aceite, lípido o grasa tenga una alta proporción de ácido(s) graso(s) poliinsaturado(s) libre(s) o ventajosamente esterificado(s), especialmente ácido linoleico, ácido γ-linolénico, ácido dihomo-γ-linolénico, ácido araquidónico, ácido α-linolénico, ácido estearidónico, ácido eicosatetraenoico, ácido eicosapentaenoico, ácido docosapentaenoico o ácido docosahexaenoico. Preferiblemente, la proporción de ácidos grasos esterificados insaturados es de aproximadamente el 30 %, todavía es más preferida una proporción del 50 %, incluso todavía es más preferida una proporción del 60 %, 70 %, 80 % o más. Para la determinación, por ejemplo, la proporción de ácido graso puede determinarse, por ejemplo, por cromatografía de gases después de la conversión de los ácidos grasos en los ésteres metílicos mediante transesterificación. El aceite, lípido o grasa puede contener otros ácidos grasos saturados o insaturados distintos, por ejemplo, ácido calendúlico, ácido palmítico, palmitoleico, esteárico, oleico, etc. La proporción de los distintos ácidos grasos en el aceite o grasa puede variar, especialmente dependiendo del organismo de partida.

En el caso de los ácidos grasos poliinsaturados producidos en el procedimiento que contienen ventajosamente al menos dos dobles enlaces se trata, como se ha descrito anteriormente, por ejemplo, de esfingolípidos, fosfoglicéridos, lípidos, glicolípidos, fosfolípidos, monoacilglicerina, diacilglicerina, triacilglicerina u otros ésteres de ácidos grasos.

A partir de los ácidos grasos poliinsaturados así producidos en el procedimiento según la invención con ventajosamente al menos cinco o seis dobles enlaces, los ácidos grasos poliinsaturados contenidos pueden liberarse, por ejemplo, mediante un tratamiento con álcali, por ejemplo, hidrólisis acuosa con KOH o NaOH o ácida, ventajosamente en presencia de un alcohol como metanol o etanol o mediante una escisión enzimática y aislarlos mediante, por ejemplo, separación de fases y acidificación posterior mediante, por ejemplo, H₂SO₄. La liberación de los ácidos grasos también puede realizarse directamente sin el procesamiento anteriormente descrito.

Después de la introducción en un organismo, ventajosamente una célula de planta o planta, los ácidos nucleicos usados en el procedimiento pueden encontrarse o bien en un plásmido separado o bien estar integrados ventajosamente en el genoma de la célula huésped. En el caso de integración en el genoma, la integración puede ser aleatoria o realizarse por recombinación de tal forma que el gen nativo se sustituya por la copia introducida, por lo que se modula la producción del compuesto deseado por la célula, o por el uso de un gen en trans, de manera que el gen esté funcionalmente unido con una unidad de expresión funcional que contiene al menos una secuencia que garantiza la expresión de un gen y al menos una secuencia que garantiza la poliadenilación de un gen funcionalmente transcrito. Los ácidos nucleicos se introducen ventajosamente en las plantas mediante casetes de multiexpresión o construcciones para la expresión multiparalela en los organismos, ventajosamente para la expresión específica en semilla multiparalela de genes.

Los musgos y las algas son los únicos sistemas de plantas conocidos que producen cantidades considerables de ácidos grasos poliinsaturados, como ácido araquidónico (ARA) y/o ácido eicosapentaenoico (EPA) y/o ácido docosahexaenoico (DHA). Los musgos contienen PUFA en los lípidos de membrana mientras que las algas, organismos emparentados con las altas y algunos hongos también acumulan cantidades significativas de PUFA en la fracción de triacilglicerol. Por tanto, las moléculas de ácido nucleico que se aíslan de aquellas cepas que también acumulan PUFA en la fracción de triacilglicerol son adecuadas de forma especialmente ventajosa para el procedimiento según la invención y, por tanto, para la modificación de los sistemas de producción de lípidos y PUFA en un huésped, especialmente plantas, como plantas oleaginosas, por ejemplo, colza, canola, lino, cáñamo, soja,

girasol, borraja. Por este motivo pueden usarse ventajosamente en el procedimiento según la invención.

Como sustratos de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento según la invención que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 12$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 9$ -elongasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -elongasa y/o ω -3-desaturasa y/o los otros ácidos nucleicos usados como los ácidos nucleicos que codifican polipéptidos del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos seleccionados del grupo acil-CoA-deshidrogenasa(s), acil-ACP [= proteína transportadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido aciltransferasa(s), ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilenasa(s), lipoxigenasa(s), triacilglicerol-lipasa(s), óxido de aleno-sintasa(s), hidroperóxido-liasa(s) o ácido graso-elongasa(s), son ventajosamente adecuados los ácidos grasos C_{16} , C_{18} o C_{20} . Los ácidos grasos convertidos como sustrato en el procedimiento se convierten preferiblemente en forma de sus ésteres de acil-CoA y/o sus ésteres de fosfolípido.

Para la producción de los PUFA de cadena larga descritos en el presente documento, los ácidos grasos C_{18} poliinsaturados deben desaturarse inicialmente mediante la actividad enzimática de una desaturasa y a continuación alargarse al menos dos átomos de carbono mediante una elongasa. Después de una ronda de alargamiento, esta actividad enzimática conduce a ácidos grasos C_{20} , y después de dos rondas de alargamiento a ácidos grasos C_{22} . La actividad de las desaturasas y elongasas usadas en el procedimiento según la invención conduce preferiblemente a ácidos grasos C_{18} , C_{20} y/o C_{22} ventajosamente con al menos dos dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferiblemente con tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, con especial preferencia a ácidos grasos C_{20} y/o C_{22} con al menos dos dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferiblemente con tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces, de manera muy especialmente preferida con cinco o seis dobles enlaces en la molécula. Después de que haya tenido lugar una primera desaturación y el alargamiento, pueden realizarse otras etapas de desaturación y de alargamiento como, por ejemplo, una desaturación tal en la posición $\Delta 5$ y $\Delta 4$. Como productos del procedimiento según la invención se prefieren especialmente ácido dihomo- γ -linolénico, ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico, ácido docosapentaenoico y/o ácido docosahexaenoico. Los ácidos grasos C_{20} con al menos dos dobles enlaces en el ácido graso pueden alargarse mediante la actividad enzimática descrita en el presente documento en forma del ácido graso libre o en forma de los ésteres, como fosfolípidos, glicolípidos, esfingolípidos, fosfoglicéridos, monoacilglicerina, diacilglicerina o triacilglicerina.

El sitio de biosíntesis preferido de los ácidos grasos, aceites, lípidos o grasas en las plantas ventajosamente usadas es, por ejemplo, en general las semillas o las capas celulares de la semilla, de manera que sea útil una expresión específica de semilla de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento. Sin embargo, es lógico que la biosíntesis de ácidos grasos, aceites o lípidos no deba limitarse al tejido de semilla, sino que también puede realizarse de forma específica de tejido en todas las otras partes de la planta, por ejemplo, en las células de la epidermis o en los tubérculos.

Si microorganismos como levaduras como *Saccharomyces* o *Schizosaccharomyces*, hongos como *Mortierella*, *Aspergillus*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* o *Thraustochytrium*, algas como *Isochrysis*, *Mantoniella*, *Euglena*, *Ostreococcus*, *Phaeodactylum* o *Cryptocodinium* se usan como organismos en el procedimiento según la invención, entonces estos organismos se cultivan ventajosamente de forma fermentativa.

Mediante el uso de los ácidos nucleicos según la invención que codifican una $\Delta 5$ -elongasa, los ácidos grasos poliinsaturados producidos en el procedimiento pueden elevarse al menos el 5 %, preferiblemente al menos el 10 %, con especial preferencia al menos el 20 %, de manera muy especialmente preferida al menos el 50 %, en comparación con los no mutantes de los organismos que no contienen los ácidos nucleicos recombinantemente.

En principio, los ácidos grasos poliinsaturados producidos mediante el procedimiento según la invención en los organismos usados en el procedimiento pueden aumentarse de dos formas. Puede aumentarse ventajosamente el conjunto de ácidos grasos libres poliinsaturados y/o la proporción de ácidos grasos poliinsaturados esterificados producidos mediante el procedimiento. El conjunto de ácidos grasos poliinsaturados esterificados en los organismos transgénicos aumenta ventajosamente mediante el procedimiento según la invención.

Si se usan microorganismos como organismos en el procedimiento según la invención, entonces se hacen crecer o se cultivan de forma conocida para el experto, dependiendo del organismo huésped. Los microorganismos se hacen crecer generalmente en un medio líquido que contiene una fuente de carbono principalmente en forma de azúcares, una fuente de nitrógeno principalmente en forma de fuentes de nitrógeno orgánicas como extracto de levadura o sales como sulfato de amonio, oligoelementos como sales de hierro, manganeso, magnesio y dado el caso vitaminas, a temperaturas entre 0 °C y 100 °C, preferiblemente entre 10 °C y 60 °C, con gasificación con oxígeno. A este respecto, el pH del líquido nutritivo puede mantenerse a un valor fijo, es decir, regularse durante el cultivo o no. El cultivo puede realizarse de forma discontinua, semicontinua o continua. Los nutrientes pueden disponerse al principio de la fermentación o alimentarse posteriormente semicontinuamente o continuamente. Los ácidos grasos poliinsaturados producidos pueden aislarse a partir de los organismos según el procedimiento conocido para el experto como se ha descrito anteriormente. Por ejemplo, mediante extracción, destilación, cristalización, dado el caso precipitación con sales y/o cromatografía. Para esto, los organismos pueden descomponerse ventajosamente de antemano.

El procedimiento según la invención se realiza ventajosamente, cuando en el caso de los organismos huésped se trata de microorganismos, a una temperatura entre 0 °C y 95 °C, preferiblemente entre 10 °C y 85 °C, con especial preferencia entre 15 °C y 75 °C, de manera muy especialmente preferida entre 15 °C y 45 °C.

5 El valor de pH se mantiene a este respecto ventajosamente entre pH 4 y 12, preferiblemente entre pH 6 y 9, con especial preferencia entre pH 7 y 8.

El procedimiento según la invención puede operarse de forma discontinua, semicontinua o continua. Un resumen de procedimientos de cultivo conocidos puede encontrarse en el libro de texto de Chmiel (Bioprozeßtechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) o en el libro de texto de Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)).

10 El medio de cultivo que va a usarse cumple de forma adecuada los requisitos de las cepas respectivas. Descripciones de medios de cultivo de distintos microorganismos están contenidas en el manual "Manual of Methods für General Bacteriology" de la American Society für Bacteriology (Washington D. C., EE.UU., 1981).

15 Estos medios que pueden utilizarse según la invención comprenden habitualmente, como se ha descrito anteriormente, una o varias fuentes de carbono, fuentes de nitrógeno, sales inorgánicas, vitaminas y/o oligoelementos.

20 Fuentes de carbono preferidas son azúcares, como mono-, di- o polisacáridos. Fuentes de carbono muy buenas son, por ejemplo, glucosa, fructosa, manosa, galactosa, ribosa, sorbosa, ribulosa, lactosa, maltosa, sacarosa, rafinosa, almidón o celulosa. También pueden añadirse a los medios azúcares mediante compuestos complejos, como molasas, u otros productos secundarios del refinado del azúcar. También puede ser ventajoso añadir mezclas de distintas fuentes de carbono. Otras fuentes de carbono posibles son aceites y grasas como, por ejemplo, aceite de soja, aceite de girasol, aceite de cacahuete y/o grasas de coco, ácidos grasos como, por ejemplo, ácido palmítico, ácido esteárico y/o ácido linoleico, alcoholes y/o polialcoholes como, por ejemplo, glicerina, metanol y/o etanol y/o ácidos orgánicos como, por ejemplo, ácido acético y/o ácido láctico.

25 Las fuentes de nitrógeno son habitualmente compuestos de nitrógeno o materiales orgánicos o inorgánicos que contienen estos compuestos. Fuentes de nitrógeno a modo de ejemplo comprenden amoníaco en forma líquida o gaseosa o sales de amonio, como sulfato de amonio, cloruro de amonio, fosfato de amonio, carbonato de amonio o nitrato de amonio, nitratos, urea, aminoácidos o fuentes de nitrógeno complejas, como extracto soluble de maíz, harina de soja, proteína de soja, extracto de levadura, extracto de pescado y otros. Las fuentes de nitrógeno pueden usarse por separado o como mezcla.

30 Los compuestos de sales inorgánicas que pueden estar contenidos en los medios comprenden las sales de cloruro, fósforo o sulfato de calcio, magnesio, sodio, cobalto, molibdeno, potasio, manganeso, cinc, cobre y hierro.

35 Como fuente de azufre para la producción de los productos de química fina que contienen azufre, especialmente de metionina, pueden usarse compuestos que contienen azufre inorgánicos como, por ejemplo, sulfatos, sulfitos, ditionitos, tetratationatos, tiosulfatos, sulfuros, pero también compuestos de azufre orgánicos, como mercaptanos y tioles.

Como fuente de fósforo puede usarse ácido fosfórico, dihidrogenofosfato de potasio o hidrogenofosfato de dipotasio o las sales que contienen sodio correspondientes.

40 Pueden añadirse al medio formadores de quelatos para mantener los iones metálicos en disolución. Formadores de quelatos especialmente adecuados comprenden dihidroxifenoles, como catecol o protocatecuato, o ácidos orgánicos, como ácido cítrico.

45 Los medios de fermentación utilizados según la invención para el cultivo de microorganismos también contienen normalmente otros factores de crecimiento, como vitaminas o promotores del crecimiento, a los que pertenecen, por ejemplo, biotina, riboflavina, tiamina, ácido fólico, ácido nicotínico, pantotenato y piridoxina. Los factores de crecimiento y las sales proceden frecuentemente de componentes de medios complejos, como extracto de levadura, molasas, extracto soluble de maíz y similares. Al medio de cultivo pueden añadirse además precursores adecuados. La composición exacta de los compuestos del medio depende mucho del experimento respectivo y se decide individualmente para cada caso específico. Información sobre la optimización de medios puede obtenerse del libro de texto "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach" (Hrsg. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) S. 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Los medios de crecimiento pueden obtenerse de proveedores comerciales, como Standard 1 (Merck) o BHI (Brain heart infusion, DIFCO) y similares.

Todos los componentes del medio se esterilizan o bien por calor (20 min a 1,5 bar y 121 °C) o por esterilización por filtración. Los componentes pueden esterilizarse o bien juntos o en caso necesario separados. Todos los componentes del medio pueden añadirse al principio del cultivo o añadirse opcionalmente continuamente o por lotes.

55 La temperatura del cultivo se encuentra normalmente entre 15 °C y 45 °C, preferiblemente en 25 °C y 40 °C, y puede mantenerse constante o cambiarse durante el experimento. El valor de pH del medio deberá encontrarse en el

- intervalo de 5 a 8,5, preferiblemente aproximadamente 7,0. El valor de pH para el cultivo puede controlarse durante el cultivo mediante la adición de compuestos básicos como hidróxido sódico, hidróxido de potasio, amoníaco o agua amoniacal, o compuestos ácidos como ácido fosfórico o ácido sulfúrico. Para controlar el desarrollo de espuma pueden utilizarse antiespumantes como, por ejemplo, poliglicoléster de ácido graso. Para mantener la estabilidad de los plásmidos, al medio pueden añadirse sustancias de acción selectiva adecuadas como, por ejemplo, antibióticos. Para mantener condiciones aerobias en el cultivo se introducen oxígeno o mezclas de gases que contienen oxígeno como, por ejemplo, aire ambiental. La temperatura del cultivo se encuentra normalmente en 20 °C y 45 °C y preferiblemente en 25 °C y 40 °C. El cultivo continúa hasta que se haya obtenido un máximo del producto deseado. Este objetivo se alcanza normalmente en el transcurso de 10 horas a 160 horas.
- Los caldos de fermentación así obtenidos que contienen especialmente ácidos grasos poliinsaturados tienen normalmente una masa seca del 7,5 al 25 % en peso.
- El caldo de fermentación puede procesarse a continuación. Dependiendo del requisito, la biomasa puede eliminarse completamente o parcialmente del caldo de fermentación mediante procedimientos de separación como, por ejemplo, centrifugación, filtración, decantación o una combinación de estos procedimientos o dejarse completamente en él. Ventajosamente, la biomasa se procesa después de la separación.
- Pero el caldo de fermentación también puede espesarse o concentrarse sin separación celular con procedimientos conocidos como, por ejemplo, con ayuda de un rotavapor, evaporador de película, evaporador de película descendente, mediante ósmosis inversa, o mediante nanofiltración. Este caldo de fermentación concentrado puede procesarse finalmente para obtener los ácidos grasos en él contenidos.
- Los ácidos grasos obtenidos en el procedimiento también son adecuados como material de partida para la síntesis química de otros productos de valor. Pueden usarse, por ejemplo, en combinación entre sí o solos, para la producción de fármacos, alimentos, piensos o cosméticos.
- Otro objeto descrito en el presente documento son secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con $\Delta 5$ -elongasa, convirtiendo las $\Delta 5$ -elongasas codificadas por las secuencias de ácidos nucleicos ácidos grasos C₂₀ con al menos cuatro dobles enlaces en la molécula de ácido graso; que se incorporan finalmente ventajosamente en diacilglicéridos y/o triacilglicéridos.
- Son secuencias de ácidos nucleicos aisladas ventajosas las secuencias de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa y que contienen una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo de una secuencia de aminoácidos con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140, SEQ ID NO: 141 o SEQ ID NO: 142.
- Otras secuencias de ácidos nucleicos aisladas ventajosas son secuencias de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa y que contienen una combinación de las secuencias de aminoácidos seleccionadas del grupo:
- a) SEQ ID NO: 115 y SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 115 y SEQ ID NO: 140 o SEQ ID NO: 139 y SEQ ID NO: 140; o
- b) SEQ ID NO: 116 y SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 116 y SEQ ID NO: 142 o SEQ ID NO: 141 y SEQ ID NO: 142; o
- c) SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 139 y SEQ ID NO: 140 o SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 y SEQ ID NO: 142.
- Las secuencias descritas en las secuencias SEQ ID NO: 115 (NXXXHXXMYXXYX), SEQ ID NO: 116 (HHXXXWAWW), SEQ ID NO: 139 (LHXXHH), SEQ ID NO: 140 (TXXQXXQF), SEQ ID NO: 141 (DTXFMV) y SEQ ID NO: 142 (TQAQXXQF) describen regiones conservadas de las distintas elongasas. La Tabla 2 describe el significado de los aminoácidos marcados con X contenidos en las secuencias de ácidos nucleicos mencionadas (Columna 3). También pueden extraerse de la tabla los aminoácidos preferidos en las distintas posiciones (Columna 3). La columna 1 describe la SEQ ID NO, la columna 2 la posición en la secuencia.

Tabla 2: Significado de los aminoácidos marcados con X en las secuencias consenso.

SEQ ID NO:	Posición de X en la secuencia	Aminoácido	Aminoácido preferido
115 (NXXXHXXMYXXYX)	2	Ser, Cys, Leu, Gly	Cys, Leu
115	3	Thr, Phe, Ile, Ser, Val, Trp, Gly	Phe, Trp
115	4	Val, Ile	Val, Ile

(continuación)

SEQ ID NO:	Posición de X en la secuencia	Aminoácido	Aminoácido preferido
115	6	Val, Ile, Thr	Val, Ile
115	7	Ile, Phe, Val, Leu, Cys	Cys, Val
115	10	Ser, Gly, Tyr, Thr, Ala	Thr, Ser
115	13	Phe, Met, Thr, Leu, Ala, Gly	Leu
116 (HHXXXWAWW)	3	Ala, Ser, Thr	Ala, Ser, con especial preferencia Ala
116	4	Thr, Met, Val, Leu, Ile, Ser	Leu, Thr, con especial preferencia Leu
116	5	Val, Thr, Met, Leu, Ile	Ile, Ser, con especial preferencia Ile
116	6	Val, Met, Leu, Ile, Ala, Pro, Ser, Phe	Ile, Ser, con especial preferencia Ile
139 LHXXHH	3	Val, Tyr, Ile	Val, Thr
139	4	Tyr, Phe	Tyr
140 TXXQXXQF	2	Asn, Asp, Thr, Gln, Met, Ser, Ala	Gln
140	3	Thr, Cys, Leu, Met, Ala, Ile, Val, Phe	Ala, Met
140	5	Met, Ile, Leu	Met
140	6	Val, Ile, Leu, Thr, Phe	Leu
141 DTXFMV	3	Leu, Ile, Val, Tyr, Phe, Ala	Phe
142 TQAQXXQF	5	Met, Ile, Leu	Met, Leu, con especial preferencia Met
142	6	Val, Ile, Leu, Thr, Phe	Leu

Las $\Delta 5$ -elongasas especialmente ventajosas contienen al menos una de las secuencias SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 y/o SEQ ID NO: 142.

5 Secuencias de ácidos nucleicos aisladas especialmente ventajosas son secuencias seleccionadas del grupo:

a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63; SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133,

10 b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 o SEQ ID NO: 134, o

15 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63; SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133 y presentan una actividad de $\Delta 5$ -elongasa.

También se describen secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 6$ -elongasa, seleccionadas del grupo:

- a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 o SEQ ID NO: 183,
- b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 o SEQ ID NO: 184, o
- c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 o SEQ ID NO: 183, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 o SEQ ID NO: 184 y presentan una actividad de $\Delta 6$ -elongasa.
- 10 También se describen secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\omega 3$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:
- a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105,
- b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106, o
- 15 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, que codifican polipéptidos con al menos el 60 % de identidad al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 y presentan una actividad de $\omega 3$ -desaturasa.
- Se describen también secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 6$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:
- 20 a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 89 o en la SEQ ID NO: 97,
- b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98, o
- 25 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 97, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98 y presentan una actividad de $\Delta 6$ -desaturasa.
- Se describen también secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:
- a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o en la SEQ ID NO: 101,
- 30 b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o en la SEQ ID NO: 102, o
- 35 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o en la SEQ ID NO: 101, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o en la SEQ ID NO: 102 y presentan una actividad de $\Delta 5$ -desaturasa.
- Se describen también secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 4$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:
- a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 95 o en la SEQ ID NO: 103,
- 40 b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104, o
- c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 95 o SEQ ID NO: 103, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104 y presentan una actividad de $\Delta 4$ -desaturasa.
- 45 También se describen secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 12$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:
- a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 107 o en la SEQ ID NO: 109,
- b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden

derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110, o

c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, que codifican polipéptidos con al menos el 50 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 y presentan una actividad de $\Delta 12$ -desaturasa.

5 En el presente documento también están descritas las secuencias de ácidos nucleicos SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63; SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, estando unido el ácido nucleico funcionalmente con una o varias señales de regulación. Adicionalmente, otros genes de la biosíntesis del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos seleccionados del grupo acil-CoA-deshidrogenasa(s), acil-ACP [= proteína transportadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa(s), ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilinasas, lipoxigenasas, triacilglicerol-lipasas, óxido de aleno-sintasas, hidroperóxido-liasas o ácido graso-elongasa(s), pueden estar contenidos en la construcción génica. Ventajosamente están contenidos adicionalmente genes de la biosíntesis del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos seleccionados del grupo de $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 9$ -desaturasa, $\Delta 12$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 9$ -elongasa o $\omega 3$ -desaturasa.

Ventajosamente, todas las secuencias de ácidos nucleicos usadas en el procedimiento según la invención proceden de un organismo eucariota como una planta, un microorganismo o un animal. Las secuencias de ácidos nucleicos proceden preferiblemente del género *Salmoniformes*, *Xenopus* o *Ciona*, algas como *Mantoniella*, *Cryptocodinium*, *Euglena* u *Ostreococcus*, hongos como el género *Phytophthora* o de diatomeas como los géneros *Thalassiosira* o *Phaeodactylum*.

Las secuencias de ácidos nucleicos usadas en el procedimiento con secuencias que codifican proteínas con actividad de $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 9$ -desaturasa, $\Delta 12$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -elongasa o $\Delta 9$ -elongasa se introducen ventajosamente solos o preferiblemente en combinación en un casete de expresión (=construcción de ácido nucleico) que hace posible la expresión de los ácidos nucleicos en un organismo, ventajosamente una planta o un microorganismo. En la construcción de ácido nucleico puede estar contenida más de una secuencia de ácido nucleico de una actividad enzimática como, por ejemplo, una $\Delta 12$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -elongasa y/o $\omega 3$ -desaturasa.

Para la introducción, los ácidos nucleicos usados en el procedimiento se someten ventajosamente a una amplificación y ligación de manera conocida. Preferiblemente se procede según el protocolo de la Pfu-ADN polimerasa o de una mezcla de Pfu/Taq-ADN polimerasa. Los cebadores se eligen según la secuencia que vaya a amplificarse. De manera apropiada, los cebadores deberán elegirse de forma que el amplificado comprenda la secuencia codogénica entera desde el codón de iniciación hasta el de parada. A continuación de la amplificación, el amplificado se analiza de manera apropiada. Por ejemplo, después de la separación por electroforesis en gel puede realizarse el análisis en lo referente a la calidad y cantidad. A continuación, el amplificado puede purificarse según un protocolo estándar (por ejemplo, Qiagen). Una alícuota del amplificado purificado está entonces a disposición para la posterior clonación. Vectores de clonación adecuados son en general conocidos para el experto. A éstos pertenecen especialmente vectores que son replicables en sistemas microbianos, es decir, sobre todo vectores que garantizan una clonación eficaz en levaduras u hongos y hacen posible la transformación estable de plantas. Son de mencionar especialmente distintos sistemas de vector binarios y co-integrados adecuados para la transformación mediada por T-ADN. Los sistemas de vector de este tipo se caracterizan generalmente porque contienen al menos los genes *vir* necesarios para la transformación mediada por *Agrobacterium*, así como las secuencias delimitantes de T-ADN (límite T-ADN). Estos sistemas de vector también comprenden preferiblemente otras regiones reguladoras en *cis* como promotores y terminadores y/o marcadores de selección, con los que pueden identificarse organismos correspondientemente transformados. Mientras que en los sistemas de vector co-integrados están dispuestos genes *vir* y secuencias de T-ADN en el mismo vector, los sistemas binarios se basan por lo menos en dos vectores, uno de los cuales lleva genes *vir*, pero ningún T-ADN, y un segundo lleva T-ADN, pero ningún gen *vir*. De esta manera, los últimos vectores son relativamente pequeños, fáciles de manipular y de replicar tanto en *E. coli* como también en *Agrobacterium*. A estos vectores binarios pertenecen vectores de las series pBIB-HYG, pPZP, pBecks, pGreen. Según la invención se usan preferiblemente Bin19, pBI101, pBinAR, pGPTV y pCambia. Una visión general sobre los vectores binarios y su uso se da en Hellens y col., Trends in Plant Science (2000) 5, 446-451. Para la producción de vectores, los vectores pueden linealizarse inicialmente con endonucleasa(s) de restricción y luego modificarse enzimáticamente de forma adecuada. A continuación se purifica el vector y se utiliza una alícuota para la clonación. En la clonación, el amplificado enzimáticamente cortado y dado el caso purificado se clona con fragmentos de vector similarmente producidos utilizando ligasa. A este respecto, una construcción de ácido nucleico o construcción de vector o plásmido determinada puede presentar una o también varias secciones génicas codogénicas. Preferiblemente, las secciones génicas codogénicas están enlazadas funcionalmente en estas construcciones con

secuencias reguladoras. A las secuencias reguladoras pertenecen especialmente secuencias vegetales como los promotores y terminadores anteriormente descritos. Las construcciones pueden propagarse establemente de manera ventajosa en microorganismos, especialmente *Escherichia coli* y *Agrobacterium tumefaciens*, bajo condiciones selectivas y hacer posible una transferencia de ADN heterólogo en plantas o microorganismos.

Mediante el uso ventajoso de los vectores de clonación, los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, los ácidos nucleicos descritos y las construcciones de ácido nucleico pueden introducirse en organismos como microorganismos o ventajosamente plantas y así usarse en la transformación de plantas, como aquellos que se han publicado y citado en: *Plant Molecular Biology and Biotechnology* (CRC Press, Boca Raton, Florida), Capítulo 6/7, pág. 71-119 (1993); F.F. White, *Vectors for Gene Transfer in Higher Plants*; en: *Transgenic Plants*, Bd. 1, Engineering and Utilization, Ed.: Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38; B. Jené y col., *Techniques for Gene Transfer*, en: *Transgenic Plants*, Bd. 1, Engineering and Utilization, Ed.: Kung y R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol.* 42 (1991), 205-225)). Los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, los ácidos nucleicos descritos y las construcciones de ácido nucleico y/o vectores pueden usarse, por tanto, para la modificación por ingeniería genética de un amplio espectro de organismos, ventajosamente en plantas, de manera que éstos sean productores mejores y/o más eficaces de PUFA.

Hay una serie de mecanismos mediante los cuales es posible un cambio de la proteína Δ -12-desaturasa, Δ -5-elongasa, Δ -6-elongasa, Δ -5-desaturasa, Δ -4-desaturasa, Δ -6-desaturasa, y/o ω 3-desaturasa, así como de las otras proteínas usadas en el procedimiento como las proteínas Δ 12-desaturasa, Δ 9-elongasa, Δ 6-desaturasa, Δ 8-desaturasa, Δ 6-elongasa, Δ 5-desaturasa o Δ 4-desaturasa, de manera que el rendimiento, producción y/o eficiencia de la producción de los ácidos grasos ventajosamente poliinsaturados en una planta pueda influirse directamente preferiblemente en una planta oleaginosa o un microorganismo debido a esta proteína modificada. El número o la actividad de proteínas o genes Δ 12-desaturasa, ω 3-desaturasa, Δ 9-elongasa, Δ 6-desaturasa, Δ 8-desaturasa, Δ 6-elongasa, Δ 5-desaturasa, Δ 5-elongasa o Δ 4-desaturasa puede elevarse, de manera que se produzcan mayores cantidades de productos génicos y, por tanto, por último lugar mayores cantidades de los compuestos de fórmula general I. También es posible una síntesis de novo en un organismo que carece de la actividad y capacidad para la biosíntesis de los compuestos antes de la introducción del/de los gen/genés correspondiente/s. Se aplica análogamente a la combinación con otras desaturasas o elongasas u otras enzimas del metabolismo de los ácidos grasos y de los lípidos. A este respecto también puede ser ventajoso el uso de distintas secuencias divergentes, es decir, secuencias distintas al nivel de secuencia de ADN o el uso de promotores para la expresión génica que hace posible otra expresión génica temporal, por ejemplo, en función del grado de maduración de una semilla o tejido que almacena aceite.

Mediante la introducción de un gen Δ 12-desaturasa, ω 3-desaturasa, Δ 9-elongasa, Δ 6-desaturasa, Δ 8-desaturasa, Δ 6-elongasa, Δ 5-desaturasa, Δ 5-elongasa y/o Δ 4-desaturasa en un organismo solo o en combinación con otros genes en una célula puede elevarse no solo el flujo de biosíntesis hacia el producto final, sino también elevarse la composición de triacilglicerina correspondiente o lograrse de novo. Igualmente, puede aumentarse el número o la actividad de otros genes que en la importación de nutrientes que son necesarios para la biosíntesis de uno o varios ácidos grasos, aceites, lípidos polares y/o neutros, de manera que se aumente la concentración de estos precursores, cofactores o compuestos intermedios dentro de las células o dentro del compartimento de almacenamiento, por lo que se aumenta adicionalmente la capacidad de las células para la producción de PUFA, como se describe a continuación. Mediante la optimización de la actividad o el aumento del número de uno o varios genes Δ 12-desaturasa, ω 3-desaturasa, Δ 9-elongasa, Δ 6-desaturasa, Δ 8-desaturasa, Δ 6-elongasa, Δ 5-desaturasa, Δ 5-elongasa o Δ 4-desaturasa, que participan en la biosíntesis de estos compuestos, o mediante la destrucción de la actividad de uno o varios genes que participan en la degradación de estos compuestos, puede ser posible aumentar el rendimiento, la producción y/o la eficiencia de la producción de moléculas de ácidos grasos y de lípidos de organismos y ventajosamente de plantas.

Las moléculas de ácido nucleico aisladas usadas en el procedimiento según la invención codifican proteínas o partes de éstas, conteniendo las proteínas o la proteína individual o partes de éstas una secuencia de aminoácidos que es suficientemente homóloga a una secuencia de aminoácidos que está representada en las secuencias SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184, de manera que las proteínas o partes de las mismas todavía presentan una actividad de Δ 12-desaturasa, ω 3-desaturasa, Δ 9-elongasa, Δ 6-desaturasa, Δ 8-desaturasa, Δ 6-elongasa, Δ 5-desaturasa, Δ 5-elongasa o Δ 4-desaturasa. Preferiblemente, las proteínas o partes de las mismas, que son codificadas por la molécula de ácido nucleico/las moléculas de ácido nucleico, tienen todavía su actividad enzimática esencial y la capacidad de participar en el metabolismo de compuestos necesarios para la síntesis de membranas celulares o corpúsculos lipídicos en organismos, ventajosamente en plantas, o en el transporte de moléculas a través de estas membranas. Las

proteínas codificadas por las moléculas de ácido nucleico son ventajosamente al menos aproximadamente el 50 %, preferiblemente al menos aproximadamente el 60 % y más preferiblemente al menos aproximadamente el 70 %, 80 % o el 90 % y lo más preferiblemente al menos aproximadamente el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más idénticas a las secuencias de aminoácidos representadas en la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184. Por homología u homólogo debe entenderse, en el sentido de la invención, identidad o idéntico.

La homología se calculó a lo largo de la región entera de la secuencia de aminoácidos o de ácidos nucleicos. Para la comparación de distintas secuencias están a disposición del experto una serie de programas que se basan en distintos algoritmos. A este respecto, los algoritmos de Needleman y Wunsch o Smith y Waterman proporcionan resultados especialmente fiables. Para las comparaciones de secuencias se usó el programa PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins y col., CABIOS, 5 1989: 151-153) o los programas Gap y BestFit [Needleman y Wunsch (J. Mol. Biol. 48: 443-453 (1970) y Smith y Waterman (Adv. Appl. Math. 2: 482-489 (1981))] que están contenidos en el paquete informático GCG [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)]. Los valores de homología de secuencia especificados en porcentaje anteriormente se determinaron con el programa GAP a lo largo de la región entera de la secuencia con los siguientes ajustes: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10,000 y Average Mismatch: 0,000. A menos que se especifique otra cosa, estos ajustes se usaron siempre como ajustes estándar para comparaciones de secuencias.

Por actividad enzimática esencial de la Δ -12-desaturasa, ω -3-desaturasa, Δ -9-elongasa, Δ -6-desaturasa, Δ -8-desaturasa, Δ -6-elongasa, Δ -5-desaturasa, Δ -5-elongasa o Δ -4-desaturasa usada en el procedimiento según la invención debe entenderse que, en comparación con las proteínas/enzimas codificadas por la secuencia con la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 y sus derivados,

presentan en comparación incluso al menos una actividad enzimática de al menos el 10 %, preferiblemente el 20 %, con especial preferencia el 30 % y muy especialmente el 40 % y, por tanto, pueden participar en el metabolismo de compuestos necesarios para la síntesis de ácidos grasos, ésteres de ácidos grasos como diacilglicéridos y/o triacilglicéridos en un organismo, ventajosamente una planta o célula de planta, o en el transporte de moléculas a través de membranas, significando cadenas de carbono C_{18} , C_{20} o C_{22} en la molécula de ácido graso con dobles enlaces en al menos dos, ventajosamente tres, cuatro, cinco o seis sitios.

Los ácidos nucleicos que pueden utilizarse ventajosamente en el procedimiento proceden de bacterias, hongos, diatomeas, animales como *Caenorhabditis* u *Oncorhynchus*, o plantas como algas o musgos como los géneros *Shewanella*, *Physcomitrella*, *Thraustochytrium*, *Fusarium*, *Phytophthora*, *Ceratodon*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Isochrysis*, *Aleurita*, *Muscarioides*, *Mortierella*, *Borago*, *Phaeodactylum*, *Cryptocodinium*, especialmente de los géneros y las especies *Oncorhynchus mykiss*, *Xenopus laevis*, *Ciona intestinalis*, *Thalassiosira pseudonana*, *Mantoniella squamata*, *Ostreococcus* sp., *Ostreococcus tauri*, *Euglena gracilis*, *Physcomitrella patens*, *Phytophthora infestans*, *Fusarium graminearum*, *Cryptocodinium cohnii*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Thraustochytrium* sp., *Muscarioides viallii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Caenorhabditis elegans* o especialmente ventajosamente de *Oncorhynchus mykiss*, *Euglena gracilis*, *Thalassiosira pseudonana* o *Cryptocodinium cohnii*.

Alternativamente, en el procedimiento según la invención pueden usarse secuencias de nucleótidos que codifican una Δ 12-desaturasa, ω 3-desaturasa, Δ 9-elongasa, Δ 6-desaturasa, Δ 8-desaturasa, Δ 6-elongasa, Δ 5-desaturasa, Δ 5-elongasa o Δ 4-desaturasa y que se hibridan con una secuencia de nucleótidos, como se representa en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO:

89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, ventajosamente bajo condiciones rigurosas.

- 5 Las secuencias de ácidos nucleicos usados en el procedimiento se introducen ventajosamente en un casete de expresión que hace posible la expresión de ácidos nucleicos en organismos como microorganismos o plantas.

A este respecto, las secuencias de ácidos nucleicos que codifican la $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 9$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa o $\Delta 4$ -desaturasa, se enlazan funcionalmente con una o varias señales de regulación de manera ventajosa para elevar la expresión génica. Estas secuencias reguladoras deberán hacer posible la expresión específica de los genes y la expresión de proteínas. Esto puede significar, por ejemplo, dependiendo del organismo huésped, que el gen solo se expresa y/o expresa en exceso después de la inducción, o que se expresa y/o expresa en exceso inmediatamente. Por ejemplo, en el caso de estas secuencias reguladoras se trata de secuencias a las que se unen inductores o represores y así regulan la expresión de ácido nucleico. Además de estas nuevas secuencias de regulación o en lugar de estas secuencias, la regulación natural de estas secuencias puede incluso estar presente antes de los propios genes estructurales y dado el caso estar genéticamente modificada, de manera que se desconecte la regulación natural y se eleve la expresión de los genes. Pero el casete de expresión (=construcción de expresión =construcción génica) también puede estar construido de forma más sencilla, es decir, no se insertaron señales de regulación adicionales antes de la secuencia de ácido nucleico o sus derivados y no se eliminó el promotor natural con su regulación. En su lugar, la secuencia de regulación natural se mutó de forma que ya no se realizara la regulación y/o se aumentara la expresión génica. Estos promotores modificados también pueden introducirse en forma de secuencias parciales (=promotor con partes de las secuencias de ácidos nucleicos) solas antes del gen natural para aumentar la actividad. La construcción génica también puede además contener de manera ventajosa una o varias de las llamadas "secuencias promotoras" enlazadas funcionalmente con el promotor que hacen posible una elevada expresión de la secuencia de ácido nucleico. También en los extremos 3' de las secuencias de ADN pueden insertarse secuencias ventajosas adicionales, como otros elementos reguladores o terminadores. Los genes $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -elongasa y/o $\Delta 9$ -elongasa pueden estar contenidos en una o varias copias en el casete de expresión (=construcción génica). Ventajosamente solo existe respectivamente una copia de los genes en el casete de expresión. Esta construcción génica o las construcciones génicas pueden expresarse juntas en el organismo huésped. A este respecto, la construcción génica o las construcciones génicas pueden estar insertadas en uno o varios vectores y estar presentes libres en la célula o bien estar insertadas en el genoma. Es ventajoso para la inserción de otros genes en el genoma del huésped cuando los genes que van a expresarse están presentes juntos en una construcción génica.

A este respecto, como se ha descrito arriba, las secuencias reguladoras o factores pueden influir preferiblemente positivamente en la expresión génica de los genes introducidos y de esta manera aumentarla. Así, puede tener lugar un refuerzo de los elementos reguladores de manera ventajosa al nivel de la transcripción, usándose señales de transcripción fuertes como "promotores" y/o "potenciadores". Pero, además también es posible un refuerzo de la traducción, mejorándose, por ejemplo, la estabilidad del ARNm.

También se describen una o varias construcciones génicas que contienen una o varias secuencias que están definidas por SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o sus derivados y codifican polipéptidos según SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 56, SEQ ID NO: 58, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184. A este respecto, las proteínas $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 9$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa o $\Delta 4$ -desaturasa mencionadas conducen ventajosamente a una desaturación o alargamiento de los ácidos grasos, presentando el sustrato ventajosamente uno, dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces y presentando ventajosamente 18, 20 o 22 átomos de carbono en la molécula de ácido graso. Lo mismo se aplica para sus homólogos, derivados o análogos que están unidos funcionalmente con una o varias señales de regulación, de

manera ventajosa para aumentar la expresión génica.

Secuencias de regulación ventajosas para el nuevo procedimiento están presentes, por ejemplo, en promotores, como el promotor *cos*, *tac*, *trp*, *tet*, *trp-tet*, *lpp*, *lac*, *lpp-lac*, *lacIq*, *T7*, *T5*, *T3*, *gal*, *trc*, *ara*, *SP6*, λ -PR o λ -PL y se usan de manera ventajosa en bacterias Gram-negativas. Otras secuencias de regulación ventajosas están presentes, por ejemplo, en los promotores Gram-positivos *amy* y *SPO2*, en los promotores de levadura u hongos *ADC1*, *MF α* , *AC*, *P-60*, *CYC1*, *GAPDH*, *TEF*, *rp28*, *ADH* o en los promotores de planta *CaMV/35S* [Franck y col., *Cell* 21 (1980) 285-294], *PRP1* [Ward y col., *Plant. Mol. Biol.* 22 (1993)], *SSU*, *OCS*, *lib4*, *usp*, *STLS1*, *B33*, *nos* o en el promotor de ubiquitina o faseolina. En este contexto también están ventajosamente promotores inducibles, como los promotores descritos en el documento EP-A-0 388 186 (inducibles por bencilsulfonamida), *Plant J.* 2, 1992:397-404 (Gatz y col., inducibles por tetraciclina), el documento EP-A-0 335 528 (inducibles por ácido abscísico) o el documento WO 93/21334 (inducibles por etanol o ciclohexenol). Otros promotores de planta adecuados son el promotor de *FBPasa* citosólica o el promotor de *ST-LSI* de la patata (Stockhaus y col., *EMBO J.* 8, 1989, 2445), el promotor de la fosforribosilpirofosfatoamidotransferasa de *Glycine max* (número de acceso de Genbank U87999) o el promotor no específico descrito en el documento EP-A-0 249 676. Promotores especialmente ventajosos son promotores que hacen posible la expresión en tejidos que participan en la biosíntesis de ácidos grasos. Son muy especialmente ventajosos los promotores específicos de semilla, como el promotor *USP* según la realización, pero también otros promotores como el promotor *LeB4*, *DC3*, faseolina o napina. Otros promotores especialmente ventajosos son promotores específicos de semilla que pueden usarse para plantas monocotiledóneas o dicotiledóneas y se describen en el documento US 5.608.152 (promotor de napina de colza), el documento WO 98/45461 (promotor de oleosina de *Arabidopsis*), el documento US 5.504.200 (promotor de faseolina de *Phaseolus vulgaris*), el documento WO 91/13980 (promotor *Bce4* de *Brassica*), por Bäumlein y col., *Plant J.*, 2, 2, 1992:233-239 (promotor *LeB4* de una leguminosa), siendo adecuados estos promotores para dicotiledóneas. Los siguientes promotores son adecuados, por ejemplo, para monocotiledóneas promotor *lpt-2* o *lpt-1* de cebada (documentos WO 95/15389 y WO 95/23230), promotor de hordeína de cebada y otros promotores adecuados descritos en el documento WO 99/16890.

En principio es posible usar todos los promotores naturales con sus secuencias de regulación, como las anteriormente mencionadas, para el nuevo procedimiento. También es posible y ventajoso usar promotores sintéticos adicionalmente o solos, especialmente cuando median en una expresión específica de semilla como se describe, por ejemplo, en el documento WO 99/16890.

Para lograr un contenido especialmente alto de PUFA, sobre todo en plantas transgénicas, los genes de la biosíntesis de PUFA deberán expresarse ventajosamente en semillas oleaginosas de forma específica de semilla. Para esto pueden usarse promotores específicos de semilla, o aquellos promotores que son activos en el embrión y/o en el endospermo. Los promotores específicos de semilla pueden aislarse fundamentalmente tanto de plantas dicotiledóneas como también de monocotiledóneas. A continuación se citan promotores preferidos ventajosos: *USP* (=proteína de semilla desconocida) y vicilina (*Vicia faba*) [Bäumlein y col., *Mol. Gen. Genet.*, 1991, 225(3)], napina (colza) [documento US 5.608.152], proteína transportadora de acilo (colza) [documentos US 5.315.001 y WO 92/18634], oleosina (*Arabidopsis thaliana*) [documentos WO 98/45461 y WO 93/20216], faseolina (*Phaseolus vulgaris*) [documento US 5.504.200], *Bce4* [documento WO 91/13980], *B4* de leguminosas (promotor *LegB4*) [Bäumlein y col., *Plant J.*, 2,2, 1992], *Lpt2* y *Lpt1* (cebada) [documentos WO 95/15389 y WO 95/23230], promotores específicos de semilla de arroz, maíz y trigo [documento WO 99/16890], *Amy32b*, *Amy 6-6* y aleurina [documento US 5.677.474], *Bce4* (colza) [documento US 5.530.149], glicina (soja) [documento EP 571 741], fosfoenolpiruvatocarboxilasa (soja) [documento JP 06/62870], *ADR12-2* (soja) [documento WO 98/08962], isocitratoliasa (colza) [documento US 5.689.040] o α -amilasa (cebada) [documento EP 781 849].

La expresión génica en plantas también puede facilitarse mediante un promotor químicamente inducible (véase una visión general en Gatz 1997, *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.*, 48:89-108). Los promotores químicamente inducibles son adecuados especialmente cuando se desee que la expresión génica se realice de forma específica del tiempo. Ejemplos de tales promotores son un promotor inducible por ácido salicílico (documento WO 95/19443), un promotor inducible por tetraciclina (Gatz y col. (1992) *Plant J.* 2, 397-404) y un promotor inducible por etanol.

Para garantizar una integración estable de los genes de la biosíntesis en las plantas transgénicas a través de varias generaciones, cada uno de los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, que codifican la $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 9$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa y/o $\Delta 4$ -desaturasa, deberán expresarse bajo el control de un promotor propio, preferiblemente de uno diferente, ya que motivos de secuencia repetitivos pueden conducir a inestabilidad del T-ADN o a eventos de recombinación. A este respecto, el casete de expresión está ventajosamente construido de forma que a un promotor le sigue un sitio de escisión adecuado para la inserción del ácido nucleico que va a expresarse, ventajosamente en un policonector, a continuación dado el caso se encuentra un terminador detrás del policonector. Esta secuencia se repite varias veces, preferiblemente tres, cuatro o cinco veces, de manera que hasta cinco genes puedan combinarse en una construcción y así puedan introducirse para la expresión en las plantas transgénicas. La secuencia se repite ventajosamente hasta tres veces. Las secuencias de ácidos nucleicos se insertan para la expresión mediante el sitio de escisión adecuado, por ejemplo, en el policonector detrás del promotor. Ventajosamente, cada secuencia de ácido nucleico tiene su propio promotor y dado el caso su propio terminador. Construcciones ventajosas de este tipo se dan a conocer, por ejemplo, en los documentos DE 10102337 o DE 10102338. Pero también es posible insertar

varias secuencias de ácidos nucleicos detrás de un promotor y dado el caso antes de un terminador. A este respecto, el sitio de inserción o la serie de ácidos nucleicos insertados en el casete de expresión no es de importancia decisiva, es decir, una secuencia de ácido nucleico puede estar insertada en un primer o último sitio en el casete, sin que de esta manera se influya esencialmente en la expresión. En el casete de expresión pueden usarse ventajosamente diferentes promotores como, por ejemplo, el promotor USP, LegB4 o DC3 y diferentes terminadores. Pero también es posible usar solo un tipo de promotor en el casete. Sin embargo, esto puede conducir a eventos de recombinación no deseados.

Como se ha descrito anteriormente, la transcripción de los genes introducidos deberá interrumpirse ventajosamente por terminadores adecuados en los extremos 3' de los genes de la biosíntesis introducidos (detrás del codón de parada). Aquí puede usarse, por ejemplo, el terminador OCS1. Al igual que para los promotores, aquí deberán entonces usarse diferentes secuencias de terminador para cada gen.

La construcción génica también puede comprender, como se ha descrito anteriormente, otros genes que deberán introducirse en los organismos. Es posible y ventajoso introducir en los organismos huésped, y expresar en ellos, genes de regulación, como genes para inductores, represores o enzimas que, debido a su actividad enzimática, cooperan en la regulación de uno o varios genes de una vía de biosíntesis. Estos genes pueden ser de origen heterólogo u homólogo. Además, en la construcción de ácido nucleico o construcción génica pueden estar contenidos ventajosamente otros genes de la biosíntesis del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos o bien estos genes pueden estar presentes en otra o varias otras construcciones de ácido nucleico. Como genes de la biosíntesis del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos se usan ventajosamente un gen seleccionado del grupo acil-CoA-deshidrogenasa(s), acil-ACP [=proteína transportadora de acilo]-desaturasa(s), acil-ACP-tioesterasa(s), ácido graso-acil-transferasa(s), acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa(s), ácido graso-sintasa(s), ácido graso-hidroxilasa(s), acetil-coenzima A-carboxilasa(s), acil-coenzima A-oxidasa(s), ácido graso-desaturasa(s), ácido graso-acetilenasa(s), lipoxigenasa(s), triacilglicerol-lipasa(s), óxido de aleno-sintasa(s), hidroperóxido-liasa(s) o ácido graso-elongasa(s) o sus combinaciones. Secuencias de ácidos nucleicos especialmente ventajosas son genes de la biosíntesis del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos seleccionados del grupo de acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasa, ω 3-desaturasa, Δ 4-desaturasa, Δ 5-desaturasa, Δ 6-desaturasa, Δ 8-desaturasa, Δ 9-desaturasa, Δ 12-desaturasa, Δ 5-elongasa, Δ 6-elongasa y/o Δ 9-elongasa.

A este respecto, los ácidos nucleicos o genes previamente mencionados pueden clonarse en casetes de expresión, como los previamente mencionados, en combinación con otras elongasas y desaturasas, y utilizarse para la transformación de plantas con ayuda de *Agrobacterium*.

A este respecto, las secuencias reguladoras o factores pueden, como se ha descrito anteriormente, influir positivamente preferiblemente en la expresión génica de los genes introducidos y así aumentarla. Así puede realizarse de manera ventajosa un refuerzo de los elementos reguladores al nivel de la transcripción, usándose señales de transcripción fuertes como promotores y/o potenciadores. Pero además también es posible un refuerzo de la traducción, mejorándose, por ejemplo, la estabilidad del ARNm. Los casetes de expresión pueden usarse fundamentalmente directamente para la introducción en las plantas o bien introducirse en un vector.

Estos vectores ventajosos, preferiblemente vectores de expresión, contienen los ácidos nucleicos usados en el procedimiento, que codifican las Δ 12-desaturasas, ω 3-desaturasas, Δ 9-elongasas, Δ 6-desaturasas, Δ 8-desaturasas, Δ 6-elongasas, Δ 5-desaturasas, Δ 5-elongasas o Δ 4-desaturasas, o una construcción de ácido nucleico que el ácido nucleico usado solo o en combinación con otros genes de la biosíntesis del metabolismo de los ácidos grasos o de los lípidos como las acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasas, ω 3-desaturasas, Δ 4-desaturasas, Δ 5-desaturasas, Δ 6-desaturasas, Δ 8-desaturasas, Δ 9-desaturasas, Δ 12-desaturasas, ω 3-desaturasas, Δ 5-elongasas, Δ 6-elongasas y/o Δ 9-elongasas. Como se usa aquí, el término "vector" se refiere a una molécula de ácido nucleico que puede transportar otro ácido nucleico al que está unido. Un tipo de vector es un "plásmido", que representa un bucle de ADN bicatenario circular, en el que pueden ligarse segmentos de ADN adicionales. Otro tipo de vector es un vector viral, en el que pueden ligarse segmentos de ADN adicionales en el genoma viral. Determinados vectores pueden replicarse autónomamente en una célula huésped en la que están introducidos (por ejemplo, vectores bacterianos con origen de replicación bacteriano). Otros vectores se integran ventajosamente en el genoma de una célula huésped durante la introducción en la célula huésped y de esta manera se replican junto con el genoma del huésped. Además, determinados vectores pueden controlar la expresión de genes con los que están funcionalmente unidos. Estos vectores se denominan aquí "vectores de expresión". Habitualmente, los vectores de expresión que son adecuados para las técnicas de recombinación de ADN tienen la forma de plásmidos. En la presente descripción pueden usarse indistintamente "plásmido" y "vector", ya que el plásmido es la forma de vector más frecuentemente usada. Sin embargo, la invención deberá comprender estas otras formas de vectores de expresión, como vectores virales, que desempeñan funciones similares. Además, el término vector también deberá comprender otros vectores que son conocidos para el experto, como fagos, virus, como SV40, CMV, TMV, transposones, elementos IS, fásmidos, fagémidos, cósmidos, ADN lineal o circular.

Los vectores de expresión recombinantes usados ventajosamente en el procedimiento comprenden los ácidos nucleicos descritos más adelante o la construcción génica anteriormente descrita en una forma que es adecuada para la expresión de los ácidos nucleicos usados en una célula huésped, lo que significa que los vectores de expresión recombinantes comprenden una o varias secuencias de regulación, seleccionadas basándose en las

células huésped que van a usarse para la expresión, que están funcionalmente unidas con la secuencia de ácido nucleico que va a expresarse. En un vector de expresión recombinante, "funcionalmente unido" significa que la secuencia de nucleótidos de interés está unida a la(s) secuencia(s) de regulación de tal forma que es posible la expresión de la secuencia de nucleótidos y están unidas entre sí de manera que ambas secuencias cumplen la función predicha atribuida a la secuencia (por ejemplo, en un sistema de transcripción/traducción *in vitro* o en una célula huésped, cuando el vector se introduce en la célula huésped). El término "secuencia de regulación" deberá comprender promotores, potenciadores y otros elementos de control de la expresión (por ejemplo, señales de poliadenilación). Estas secuencias de regulación se describen, por ejemplo, en Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), o véase: Gruber y Crosby, en: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Ed.: Glick y Thompson, Capítulo 7, 89-108, incluidas las referencias en ellos. Las secuencias de regulación comprenden aquellas que controlan la expresión constitutiva de una secuencia de nucleótidos en muchos tipos de células huésped, y aquellas que controlan la expresión directa de la secuencia de nucleótidos solo en determinadas células huésped bajo determinadas condiciones. El experto sabe que el diseño del vector de expresión puede depender de factores, como la selección de la célula huésped que va a transformarse, el grado de expresión de la proteína deseada, etc.

Los vectores de expresión recombinantes usados pueden estar diseñados para la expresión de $\Delta 12$ -desaturasas, $\omega 3$ -desaturasas, $\Delta 9$ -elongasas, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 8$ -desaturasas, $\Delta 6$ -elongasas, $\Delta 5$ -desaturasas, $\Delta 5$ -elongasas y/o $\Delta 4$ -desaturasas en células procariotas o eucariotas. Esto es ventajoso, ya que frecuentemente se realizan etapas intermedias de la construcción de vectores en microorganismos por motivos de simplicidad. Por ejemplo, pueden expresarse los genes $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 9$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa y/o $\Delta 4$ -desaturasa en células bacterianas, células de insecto (usando vectores de expresión en baculovirus), células de levadura y otras células fúngicas (véanse Romanos, M.A., y col. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", Yeast 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., y col. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", en: More genes Manipulations in Fungi, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Ed., S. 396-428: Academic Press: San Diego; y van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, en: Applied Molecular Genetics of Fungi, Peberdy, J.F., y col., ed., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), algas (Falcatore y col., 1999, Marine Biotechnology, 1, 3:239-251), ciliados de los tipos: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctorina, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Pseudocohnilembus, Euplotes, Engelmanniella y Stylonychia, especialmente el género Stylonychia lemnae, con vectores después de un procedimiento de transformación, como se describe en el documento WO 98/01572, así como preferiblemente en células de plantas pluricelulares (véanse Schmidt, R. y Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-mediated transformation of Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" Plant Cell Rep.:583-586; Plant Molecular Biology and Biotechnology, C Press, Boca Raton, Florida, Capítulo 6/7, pág. 71-119 (1993); F.F. White, B. Jeny y col., Techniques for Gene Transfer, en: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, ed.: Kung y R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 (y referencias citadas en ellos)). Células huésped adecuadas se tratan además en Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). El vector de expresión recombinante puede alternativamente, por ejemplo, transcribirse y traducirse *in vitro* usando secuencias de regulación de promotores T7 y T7-polimerasas.

La expresión de proteínas en procariotas se realiza principalmente con vectores que contienen promotores constitutivos o inducibles que controlan la expresión de proteínas de fusión o no de fusión. Vectores de expresión de fusión típicos son, entre otros, pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., y Johnson, K.S. (1988) Gene 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) y pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), en los que la glutatión-S-transferasa (GST), proteína de unión a maltosa E o proteína A se fusiona con la proteína diana recombinante.

Ejemplos de vectores de expresión en E. coli no de fusión inducibles adecuados son, entre otros, pTrc (Amann y col. (1988) Gene 69:301-315) y pET 11d (Studier y col., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 60-89). La expresión de genes diana del vector pTrc se basa en la transcripción mediante ARN polimerasa del huésped de un promotor de fusión híbrido trp-lac. La expresión de genes diana del vector pET 11d se basa en la transcripción de un promotor de fusión T7-gn10-lac que está mediada por una ARN polimerasa viral expresada (T7 gn1). Esta polimerasa viral se proporciona por las cepas huésped BL21 (DE3) o HMS174 (DE3) de un profago λ residente que aloja un gen T7 gn1 bajo el control de la transcripción del promotor lacUV 5.

El experto conoce otros vectores adecuados en organismos procariotas, estos vectores son, por ejemplo, en E. coli pLG338, pACYC184, la serie pBR, como pBR322, la serie pUC, como pUC18 o pUC19, la serie M113mp, pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLC236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III113-B1, λ gt11 o pBdCl, en Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 o pIJ361, en Bacillus pUB110, pC194 o pBD214, en Corynebacterium pSA77 o pAJ667.

En otra forma de realización, el vector de expresión es un vector de expresión en levadura. Ejemplos de vectores para la expresión en la levadura S. cerevisiae comprenden pYe-Desaturasec1 (Baldari y col. (1987) Embo J. 6:229-234), pMFa (Kurjan y Herskowitz (1982) Cell 30:933-943), pJRY88 (Schultz y col. (1987) Gene 54:113-123), así como pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vectores y procedimientos para la construcción de vectores que son adecuados para el uso en otros hongos, como los hongos filamentosos, comprenden aquellos que se han

descrito exhaustivamente en: van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, en: *Applied Molecular Genetics of fungi*, J.F. Peberdy y col., ed., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, o en: *More Gene Manipulations in Fungi* [J.W. Bennet & L.L. Lasure, ed., S. 396-428: Academic Press: San Diego]. Otros vectores de levadura adecuados son, por ejemplo, pAG-1, YEp6, YEp13 o pEMBLyE23.

Alternativamente, las $\Delta 12$ -desaturasas, $\omega 3$ -desaturasas, $\Delta 9$ -elongasas, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 8$ -desaturasas, $\Delta 6$ -elongasas, $\Delta 5$ -desaturasas, $\Delta 5$ -elongasas y/o $\Delta 4$ -desaturasas pueden expresarse en células de insecto usando vectores de expresión de baculovirus. Los vectores de baculovirus que están disponibles para la expresión de proteínas en células de insecto cultivadas (por ejemplo, células Sf9) comprenden la serie pac (Smith y col. (1983) *Mol. Cell Biol.* 3:2156-2165) y la serie pVL (Lucklow y Summers (1989) *Virology* 170:31-39).

Los vectores anteriormente mencionados ofrecen no solo una pequeña visión general de posibles vectores adecuados. El experto conoce otros plásmidos y se describen, por ejemplo, en: *Cloning Vectors* (ed. Pouwels, P.H., y col., Elsevier, Amsterdam-Nueva York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Otros sistemas de expresión adecuados para células procariotas y eucariotas, véanse en los Capítulos 16 y 17 de Sambrook, J., Fritsch, E.F., y Maniatis, T., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2ª edición, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

En otra forma de realización del procedimiento, las $\Delta 12$ -desaturasas, $\omega 3$ -desaturasas, $\Delta 9$ -elongasas, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 8$ -desaturasas, $\Delta 6$ -elongasas, $\Delta 5$ -desaturasas, $\Delta 5$ -elongasas y/o $\Delta 4$ -desaturasas pueden expresarse en células de plantas unicelulares (como algas), véase Falciatore y col., 1999, *Marine Biotechnology* 1 (3):239-251 y referencias citadas en su interior, y células de planta de plantas superiores (por ejemplo, espermatofitos, como cultivos). Ejemplos de vectores de expresión en plantas comprenden aquellos que se describen detalladamente en: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., y Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; y Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", *Nucl. Acids Res.* 12:8711-8721; *Vectors for Gene Transfer in Higher Plants*; en: *Transgenic Plants*, Bd. 1, Engineering and Utilization, ed.: Kung y R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38.

Un casete de expresión en plantas contiene preferiblemente secuencias de regulación que pueden controlar la expresión génica en células de planta y están unidas funcionalmente de manera que cada secuencia pueda cumplir su función, como terminación de la transcripción, por ejemplo, señales de poliadenilación. Señales de poliadenilación preferidas son aquellas que proceden de T-ADN de *Agrobacterium tumefaciens*, como el gen 3 conocido como octopinsintasa del plásmido Ti pTiACH5 (Gielen y col., *EMBO J.* 3 (1984) 835 y siguientes) o equivalentes funcionales de los mismos, pero también son adecuados todos los otros terminadores funcionalmente activos en plantas.

Como la expresión génica de plantas no está muy frecuentemente limitada al nivel de la transcripción, un casete de expresión en plantas contiene preferiblemente otras secuencias funcionalmente unidas, como potenciadores de la traducción, por ejemplo, la secuencia de conducción por exceso que contiene la secuencia conductora no traducida en 5' del virus del mosaico del tabaco que aumenta la relación proteína/ARN (Gallie y col., 1987, *Nucl. Acids Research* 15:8693-8711).

La expresión génica de plantas debe, como se ha descrito anteriormente, estar unida funcionalmente con un promotor adecuado que realiza la expresión génica en el momento adecuado, de forma específica de célula o de tejido. Promotores útiles son promotores constitutivos (Benfey y col., *EMBO J.* 8 (1989) 2195-2202), como aquellos que proceden de virus de planta, como CAMV 35S (Franck y col., *Cell* 21 (1980) 285-294), CaMV 19S (véanse también los documentos US 5352605 y WO 84/02913) o promotores de planta, como el de la subunidad pequeña de Rubisco descrito en el documento US 4.962.028.

Otras secuencias preferidas para su uso para el enlace funcional en los casetes de expresión génica en plantas son secuencias que eligen diana que son necesarias para controlar el producto génico en su compartimento celular correspondiente (véase una visión general en Kermode, *Crit. Rev. Plant Sci.* 15, 4 (1996) 285-423 y referencias allí citadas), por ejemplo, en las vacuolas, el núcleo celular, todos los tipos de plástidos, como amiloplastos, cloroplastos, cromoplastos, el espacio extracelular, las mitocondrias, el retículo endoplásmico, elaioplastos, peroxisomas y otros compartimentos de las células de plantas.

La expresión de genes de planta también puede facilitarse, como se ha descrito anteriormente, mediante un promotor químicamente inducible (véase una visión general en Gatz 1997, *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.*, 48:89-108). Los promotores químicamente inducibles son especialmente adecuados cuando se desea que la expresión génica se realice de forma específica del tiempo. Ejemplos de aquellos promotores son un promotor inducible por ácido salicílico (documento WO 95/19443), un promotor inducible por tetraciclina (Gatz y col. (1992) *Plant J.* 2, 397-404) y un promotor inducible por etanol.

También son promotores adecuados los promotores que reaccionan a condiciones de estrés biótico o abiótico, por ejemplo, el promotor del gen PRP1 inducido por patógenos (Ward y col., *Plant. Mol. Biol.* 22 (1993) 361-366), el promotor hsp80 inducido por calor del tomate (documento US 5.187.267), el promotor de alfa-amilasa inducido por el

frío de la patata (documento WO 96/12814) o el promotor pinll inducible por heridas (documento EP-A-0 375 091).

Se prefieren especialmente aquellos promotores que provocan la expresión génica en tejidos y órganos en los que tiene lugar la biosíntesis de ácidos grasos, lípidos y aceite, en células de semilla, como las células del endospermo y del embrión que se está desarrollando. Promotores adecuados son el promotor del gen de napina de la colza (documento US 5.608.152), el promotor USP de Vicia faba (Baeumlein y col., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67), el promotor de oleosina de Arabidopsis (documento WO 98/45461), el promotor faseolina de Phaseolus vulgaris (documento US 5.504.200), el promotor Bce4 de Brassica (documento WO 91/13980) o el promotor B4 de leguminosa (LeB4; Baeumlein y col., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9), así como promotores que provocan la expresión específica de semilla en plantas monocotiledóneas, como maíz, cebada, trigo, centeno, arroz, etc.

Promotores adecuados a tener en cuenta son el promotor del gen lpt2 o lpt1 de la cebada (documentos WO 95/15389 y WO 95/23230) o los descritos en el documento WO 99/16890 (promotores del gen hordeína de la cebada, gen glutelina del arroz, gen orizina del arroz, gen prolamina del arroz, gen gliadina del trigo, gen glutelina del trigo, gen zeína del maíz, gen glutelina de la avena, gen karisina del sorgo, gen secalina del centeno).

Especialmente puede desearse la expresión multiparalela de las $\Delta 12$ -desaturasas, $\omega 3$ -desaturasas, $\Delta 9$ -elongasas, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 8$ -desaturasas, $\Delta 6$ -elongasas, $\Delta 5$ -desaturasas, $\Delta 5$ -elongasas y/o $\Delta 4$ -desaturasas usadas en el procedimiento. La introducción de aquellos casetes de expresión puede realizarse mediante una transformación simultánea de varias construcciones de expresión individuales o preferiblemente mediante la combinación de varios casetes de expresión en una construcción. También pueden transformarse varios vectores con respectivamente varios casetes de expresión y transferirse a la célula huésped.

También son especialmente adecuados promotores que provocan la expresión específica de plástido, ya que los plástidos son el compartimento en el que se sintetizan los precursores, así como algunos productos finales de la biosíntesis de los lípidos. Promotores adecuados, como el promotor de la ARN polimerasa viral, se describen en los documentos WO 95/16783 y WO 97/06250, y el promotor clpP de Arabidopsis, descrito en el documento WO 99/46394.

El ADN de vector puede introducirse en células procariotas o eucariotas mediante técnicas de transformación o transfección convencionales. Los términos transformación y "transfección", conjugación y traducción, como se usan aquí, deberán comprender múltiples procedimientos conocidos en el estado de la técnica para introducir ácido nucleico extraño (por ejemplo, ADN) en una célula huésped, incluidos coprecipitación con fosfato de calcio o cloruro de calcio, transfección mediada por DEAE-dextrano, lipofección, competencia natural, transferencia químicamente mediada, electroporación o exclusión de partículas. Procedimientos adecuados para la transformación o transfección de células huésped, incluidas células de planta, pueden encontrarse en Sambrook y col. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2ª ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) y otros manuales de laboratorio, como Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, ed.: Gartland y Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

Células huésped, que en principio son adecuadas para captar el ácido nucleico, el producto génico o el vector, son todos los organismos procariotas o eucariotas. Los organismos huésped usados de manera ventajosa son microorganismos, como hongos o levaduras, o células de planta, preferiblemente plantas o partes de las mismas. Se usan preferiblemente hongos, levaduras o plantas, con especial preferencia plantas, de manera muy especialmente preferida plantas, como plantas oleaginosas, que contienen grandes cantidades de compuestos lipídicos, como colza, onagra, cáñamo, cárdamo, cacahuete, canola, lino, soja, cardo, girasol, borraja, o plantas, como maíz, trigo, centeno, avena, triticale, arroz, cebada, algodón, yuca, pimienta, clavelón, plantas solanáceas, como patata, tabaco, berenjena y tomate, especies de Vicia, guisantes, alfalfa, plantas arbusto (café, cacao, té), especies de Salix, árboles (palma aceitera, coco), así como pastos perennes y plantas para forraje. Plantas especialmente preferidas según la invención son plantas oleaginosas, como soja, cacahuete, colza, canola, lino, cáñamo, onagra, girasol, cardo, árboles (palma aceitera, coco).

Otro objeto desvelado es, como se ha descrito anteriormente, una secuencia de ácido nucleico aislada con una secuencia, que codifica polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa, convirtiendo la elongasa codificada por las secuencias de ácidos nucleicos los ácidos grasos C_{16} y C_{18} con un doble enlace y ventajosamente los ácidos grasos C_{18} poliinsaturados con un doble enlace en $\Delta 6$ y los ácidos grasos C_{20} poliinsaturados con un doble enlace en $\Delta 5$. Los ácidos grasos C_{22} no se alargan.

Las secuencias de ácidos nucleicos aisladas ventajosas son secuencias de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa y que contienen una secuencia de aminoácidos seleccionada del grupo de una secuencia de aminoácidos con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140, SEQ ID NO: 141 o SEQ ID NO: 142.

Otras secuencias de ácidos nucleicos aisladas ventajosas son secuencias de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa y que contienen una combinación de las secuencias de aminoácidos seleccionadas del grupo:

a) SEQ ID NO: 115 y SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 115 y SEQ ID NO: 140 o SEQ ID NO: 139 y SEQ ID NO:

140; o

b) SEQ ID NO: 116 y SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 116 y SEQ ID NO: 142 o SEQ ID NO: 141 y SEQ ID NO: 142; o

c) SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 139 y SEQ ID NO: 140 o SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 y SEQ ID NO: 142.

- 5 Las secuencias de ácidos nucleicos preferidas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -elongasa contienen ventajosamente las secuencias de aminoácidos previamente mencionadas. Éstas se describen más detalladamente en la Tabla 2.

Secuencias de ácidos nucleicos aisladas especialmente ventajosas son secuencias seleccionadas del grupo:

10 a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133,

15 b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 o SEQ ID NO: 134, o

20 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 o SEQ ID NO: 133, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 o SEQ ID NO: 134 y presentan una actividad de $\Delta 5$ -elongasa.

- 25 En el presente documento se describen además secuencias de ácidos nucleicos que codifican $\Delta 6$ -elongasas $\omega 3$ -desaturasas, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 5$ -desaturasas, $\Delta 4$ -desaturasas o $\Delta 12$ -desaturasas.

Otras secuencias de ácidos nucleicos aisladas ventajosas son secuencias seleccionadas del grupo:

a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 o SEQ ID NO: 183,

30 b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 o SEQ ID NO: 184, o

35 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 o SEQ ID NO: 183, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 o SEQ ID NO: 184 y presentan una actividad de $\Delta 6$ -elongasa.

Secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\omega 3$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:

a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105,

40 b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106, o

c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 87 o SEQ ID NO: 105, que presentan polipéptidos con al menos el 60 % de identidad al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 88 o SEQ ID NO: 106 y presentan una actividad de $\omega 3$ -desaturasa.

- 45 Secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 6$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:

a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 89 o en la SEQ ID NO: 97,

b) secuencia de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98, o

50 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 97, que codifican

polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98 y presentan una actividad de $\Delta 6$ -desaturasa.

Secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 5$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:

- 5 a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o en la SEQ ID NO: 101,
- b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o en la SEQ ID NO: 102, o

- 10 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 o en la SEQ ID NO: 101, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 o en la SEQ ID NO: 102 y presentan una actividad de $\Delta 5$ -desaturasa.

Secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 4$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:

- 15 a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 95 o en la SEQ ID NO: 103,
- b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104, o
- 20 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 95 o SEQ ID NO: 103, que codifican polipéptidos con al menos el 40 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 96 o SEQ ID NO: 104 y presentan una actividad de $\Delta 6$ -desaturasa.

Secuencias de ácidos nucleicos aisladas que codifican polipéptidos con actividad de $\Delta 12$ -desaturasa, seleccionadas del grupo:

- 25 a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 107 o en la SEQ ID NO: 109,
- b) secuencias de ácidos nucleicos que, como resultado de la degeneración del código genético, pueden derivarse de la secuencia de aminoácidos representada en la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110, o
- 30 c) derivados de la secuencia de aminoácidos representada SEQ ID NO: 107 o SEQ ID NO: 109, que codifican polipéptidos con al menos el 50 % de homología al nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 108 o SEQ ID NO: 110 y presentan una actividad de $\Delta 12$ -desaturasa.

Los ácidos nucleicos anteriormente mencionados proceden de organismos, como animales no humanos, ciliados, hongos, plantas como algas o dinoflagelados que pueden sintetizar PUFA.

- 35 Las secuencias de ácidos nucleicos aisladas anteriormente mencionadas proceden ventajosamente del género *Salmoniformes*, *Xenopus* o *Ciona*, los géneros de diatomeas *Thalassiosira* o *Cryptocodinium*, o de la familia de los *Prasinophyceae* como el género *Ostreococcus* o de la familia *Euglenaceae* como el género *Euglena* o *Pytiaceae* como el género *Phytophthora*.

- 40 Otro objeto descrito en el presente documento es una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica polipéptidos con actividad de $\omega 3$ -desaturasa, convirtiendo las $\omega 3$ -desaturasas codificadas por las secuencias de ácidos nucleicos los ácidos grasos C_{18} , C_{20} y C_{22} con dos, tres, cuatro o cinco dobles enlaces y ventajosamente los ácidos grasos C_{18} poliinsaturados con dos o tres dobles enlaces y los ácidos grasos C_{20} poliinsaturados con dos, tres o cuatro dobles enlaces. También se desaturan ácidos grasos C_{22} con cuatro o cinco dobles enlaces.

- 45 A los objetos descritos en el presente documento pertenece también, como se ha descrito anteriormente, una secuencia de ácido nucleico aislada que codifica polipéptidos con $\Delta 12$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasas, $\Delta 5$ -desaturasas y $\Delta 6$ -desaturasas, convirtiendo las $\Delta 12$ -desaturasas, $\Delta 4$ -desaturasas, $\Delta 5$ -desaturasas o $\Delta 6$ -desaturasas codificadas por estas secuencias de ácidos nucleicos los ácidos grasos C_{18} , C_{20} y C_{22} con uno, dos, tres, cuatro o cinco dobles enlaces y ventajosamente los ácidos grasos C_{18} poliinsaturados con uno, dos o tres dobles enlaces como $C_{18:1}^{\Delta 9}$, $C_{18:2}^{\Delta 9,12}$ o $C_{18:3}^{\Delta 9,12,15}$, los ácidos grasos C_{20} poliinsaturados con tres o cuatro dobles enlaces como $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$ o $C_{20:4}^{\Delta 8,11,14,17}$ o los ácidos grasos C_{22} poliinsaturados con cuatro o cinco dobles enlaces como $C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$ o $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$. Ventajosamente, los ácidos grasos se desaturan en los fosfolípidos o ésteres de ácidos grasos de
- 50 CoA, ventajosamente en los ésteres de ácidos grasos de CoA.

El término "ácido nucleico (molécula)", como se usa aquí, comprende en una forma de realización ventajosa además la secuencia sin traducir dispuesta en los extremos 3' y 5' de la región génica codificante: al menos 500,

preferiblemente 200, con especial preferencia 100 nucleótidos de la secuencia en la dirección 5' del extremo 5' de la región codificante y al menos 100, preferiblemente 50, con especial preferencia 20 nucleótidos de la secuencia en la dirección 3' del extremo 3' de la región génica codificante. Una molécula de ácido nucleico "aislada" se separa de otras moléculas de ácido nucleico que están presentes en la fuente natural del ácido nucleico. Un ácido nucleico "aislado" no tiene preferiblemente secuencias que flanqueen naturalmente el ácido nucleico en el ADN genómico del organismo del que procede el ácido nucleico (por ejemplo, secuencias que se encuentran en los extremos 5' y 3' del ácido nucleico). En distintas formas de realización, la molécula de Δ -12-desaturasa, ω -3-desaturasa, Δ -9-elongasa, Δ -6-desaturasa, Δ -8-desaturasa, Δ -6-elongasa, Δ -5-desaturasa, Δ -5-elongasa o Δ -4-desaturasa aislada puede contener, por ejemplo, menos de aproximadamente 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb o 0,1 kb de secuencias de nucleótidos que flanquean naturalmente la molécula de ácido nucleico en el ADN genómico de la célula de la que procede el ácido nucleico.

Las moléculas de ácido nucleico usadas en el procedimiento, por ejemplo, una molécula de ácido nucleico con una secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o de una parte de la misma, pueden aislarse usando técnicas convencionales de biología molecular y la información de secuencias aquí proporcionada. También puede identificarse al nivel de ADN o aminoácidos con ayuda de algoritmos de comparación, por ejemplo, una secuencia homóloga o regiones de secuencia conservada homóloga. Éstas pueden usarse como sondas de hibridación, así como usando técnicas de hibridación convencionales (como se describe, por ejemplo, en Sambrook y col., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. 2ª ed., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) para aislar otras secuencias de ácidos nucleicos útiles en el procedimiento. Además, puede aislarse una molécula de ácido nucleico, que comprende una secuencia completa de la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o una parte de la misma, por reacción en cadena de la polimerasa, usándose cebadores de oligonucleótido que se basan en esta secuencia o partes de la misma (por ejemplo, una molécula de ácido nucleico, que comprende la secuencia completa o una parte de la misma, puede aislarse por reacción en cadena de la polimerasa usando cebadores de oligonucleótido que se han generado basándose en esta misma secuencia). Por ejemplo, puede aislarse ARNm de células (por ejemplo, mediante el procedimiento de extracción con tiocianato de guanidinio de Chirgwin y col. (1979) *Biochemistry* 18:5294-5299) y produciéndose ADNc mediante transcriptasa inversa (por ejemplo, transcriptasa inversa del MLV de Moloney, que puede obtenerse de Gibco/BRL, Bethesda, MD, o transcriptasa inversa del AMV que puede obtenerse de Seikagaku America, Inc., St. Petersburg, FL). Pueden generarse cebadores de oligonucleótido sintéticos para la amplificación mediante reacción en cadena de la polimerasa basándose en una de las secuencias mostradas en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o con ayuda de las secuencias de aminoácidos representadas en la SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134,

SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 o SEQ ID NO: 184. Un ácido nucleico según la invención puede amplificarse usando ADNc o alternativamente ADN genómico como molde y cebadores de oligonucleótido adecuados según técnicas de amplificación por PCR convencionales. El ácido nucleico así amplificado puede clonarse en un vector adecuado y caracterizarse mediante análisis de secuencias de ADN. Los oligonucleótidos que se corresponden con una secuencia de nucleótidos de desaturasa pueden producirse mediante procedimientos de síntesis convencionales, por ejemplo, con un sintetizador de ADN automático.

Homólogos de las secuencias de ácidos nucleicos de Δ -12-desaturasa, ω -3-desaturasa, Δ -9-elongasa, Δ -6-desaturasa, Δ -8-desaturasa, Δ -6-elongasa, Δ -5-desaturasa, Δ -5-elongasa o Δ -4-desaturasa usadas con la secuencia SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 significa, por ejemplo, variantes alélicas con al menos aproximadamente el 50 o el 60 %, preferiblemente al menos aproximadamente el 60 o el 70 %, más preferiblemente al menos aproximadamente el 70 o el 80 %, 90 % o 95 % y todavía más preferiblemente al menos aproximadamente el 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más de identidad u homología con una secuencia de nucleótidos mostrada en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o sus homólogos, derivados o análogos o partes de los mismos. Además, las moléculas de ácido nucleico aisladas de una secuencia de nucleótidos, que se hibridan con una de las secuencias de nucleótidos mostradas en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 o una parte de las mismas, se hibridan, por ejemplo, bajo condiciones rigurosas. A este respecto, por una parte según la invención debe entenderse que se usan al menos 25 pares de bases (=pb), 50 pb, 75 pb, 100 pb, 125 pb o 150 pb, preferiblemente al menos 175 pb, 200 pb, 225 pb, 250 pb, 275 pb o 300 pb, con especial preferencia 350 pb, 400 pb, 450 pb, 500 pb o más pares de bases para la hibridación. También puede usarse ventajosamente la secuencia entera. Las variantes alélicas comprenden especialmente variantes funcionales que pueden obtenerse mediante delección, inserción o sustitución de nucleótidos de/en la secuencia representada en la SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183, pero siendo la intención que se retenga de manera ventajosa la actividad enzimática de las proteínas sintetizadas resultantes para la inserción de uno o varios genes. Proteínas que todavía poseen la actividad enzimática de Δ -12-desaturasa, ω -3-desaturasa, Δ -9-elongasa, Δ -6-desaturasa, Δ -8-desaturasa, Δ -6-elongasa, Δ -5-desaturasa, Δ -5-elongasa o Δ -4-desaturasa, es decir, su actividad no se ha reducido esencialmente, significa proteínas con al menos el 10 %, preferiblemente el 20 %, con especial preferencia el 30 %, de manera muy especialmente preferida el 40 % de la actividad enzimática original, en comparación con la proteína codificada por SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO:

47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183. La homología se calculó a lo largo de la región entera de la secuencia de aminoácidos o de ácidos nucleicos. Para la comparación de distintas secuencias están a disposición del experto una serie de programas que se basan en distintos algoritmos. A este respecto, los algoritmos de Needleman y Wunsch o Smith y Waterman proporcionan resultados especialmente fiables. Para las comparaciones de secuencias se usó el programa PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins y col., CABIOS, 5 1989: 151-153) o los programas Gap y BestFit [Needleman y Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) y Smith y Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981))] que están contenidos en el paquete informático GCG [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)]. Los valores de homología de secuencia especificados en porcentaje anteriormente se determinaron con el programa GAP a lo largo de la región entera de la secuencia con los siguientes ajustes: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10,000 y Average Mismatch: 0,000. A menos que se especifique otra cosa, éstos se usaron siempre como ajustes estándar para comparaciones de secuencias.

Homólogos de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 también significa, por ejemplo, homólogos bacterianos, de hongos y de planta, secuencias acortadas, ARN o ARN monocatenario de la secuencia de ADN codificante o no codificante.

Homólogos de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 o SEQ ID NO: 183 también significa derivados como, por ejemplo, variantes de promotor. Los promotores en la dirección 5' de las secuencias de nucleótidos especificadas pueden modificarse mediante uno o varios cambios de nucleótidos, mediante inserción (inserciones) y/o delección (delecciones), sin que sin embargo se altere la funcionalidad o actividad de los promotores. Además, es posible que la actividad de los promotores se eleve mediante modificación de su secuencia o que se sustituya completamente por promotores más activos, incluso de organismos heterólogos.

Los ácidos nucleicos previamente mencionados y las moléculas de proteína con actividad de $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 9$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 8$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa y/o $\Delta 4$ -desaturasa que participan en el metabolismo de lípidos y ácidos grasos, cofactores de PUFA y enzimas o en el transporte de compuestos lipófilos a través de la membranas se usan en el procedimiento según la invención para la modulación de la producción de PUFA en organismos transgénicos, ventajosamente en plantas, como maíz, trigo, centeno, avena, triticale, arroz, cebada, judía de soja, cacahuete, algodón, especies de Linum como lino de aceite o de fibra, especies de Brassica como colza, canola y nabina, pimienta, girasol, borraja, onagra y clavelón, plantas solanáceas como patata, tabaco, berenjena y tomate, especies de Vicia, guisantes, yuca, alfalfa, plantas de arbustos (café, cacao, té), especies de Salix, árboles (palma aceitera, coco) y pastos perennes y plantas para forraje, o directamente (por ejemplo, cuando la expresión en exceso u optimización de una proteína de biosíntesis de ácidos grasos tiene una influencia directa sobre el rendimiento, la producción y/o la eficiencia de la producción del ácido graso a partir de organismos modificados) y/o pueden tener un efecto indirecto, que no obstante conduce a un aumento del rendimiento, producción y/o eficiencia de la producción de los PUFA o una reducción de compuestos no deseados (por ejemplo, cuando la modulación del metabolismo de los lípidos y ácidos grasos, cofactores y enzimas conduce a cambios del rendimiento, producción y/o eficiencia de la producción o de la composición de los compuestos deseados dentro de las células, lo que a su vez puede influir en la producción de uno o varios ácidos grasos).

La combinación de distintas moléculas precursoras y enzimas de biosíntesis conduce a la producción de distintas moléculas de ácidos grasos, lo que tiene un efecto decisivo sobre la composición de los lípidos. Ya que los ácidos grasos poliinsaturados (= PUFA) no solo se incorporan sencillamente en triacilglicerina, sino también en lípidos de la membrana.

Para la producción de PUFA, por ejemplo, ácido estearidónico, ácido eicosapentaenoico y ácido docosahexaenoico, son especialmente adecuados *Brassicaceae*, *Boraginaceae*, *Primulaceae* o *Linaceae*. Es especialmente adecuado el lino (*Linum usitatissimum*) para la producción de PUFA con las secuencias de ácidos nucleicos ventajosas para el procedimiento según la invención, ventajosamente, como se describe, en combinación con otras desaturasas y elongasas.

La síntesis de lípidos puede clasificarse en dos secciones: la síntesis de ácidos grasos y su unión a sn-glicerina-3-fosfato, así como la adición o modificación de un grupo de cabeza polar. Lípidos habituales que se usan en las membranas comprenden fosfolípidos, glicolípidos, esfingolípidos y fosfoglicéridos. La síntesis de ácidos grasos empieza con la conversión de la acetil-CoA en malonil-CoA por la acetil-CoA-carboxilasa o en acetil-ACP por la acetiltransacilasa. Después de una reacción de condensación, estas dos moléculas de producto forman juntas acetoacetil-ACP, que se convierte mediante una serie de reacciones de condensación, reducción y deshidratación, de manera que se obtiene una molécula de ácido graso saturado con la longitud de cadena deseada. La producción de los ácidos grasos insaturados a partir de estas moléculas se cataliza por desaturasas específicas, y concretamente o aeróbicamente mediante oxígeno molecular o anaeróbicamente (en lo referente a la síntesis de ácidos grasos en microorganismos véanse F.C. Neidhardt y col. (1996) *E. coli* und *Salmonella*. ASM Press: Washington, D.C., S. 612-636 y referencias citadas en su interior; Lengeler y col. (ed.) (1999) *Biology of procaryotes*. Thieme: Stuttgart, Nueva York, y las referencias citadas en su interior, así como Magnuson, K., y col. (1993) *Microbiological Reviews* 57:522-542 y las referencias contenidas). Los ácidos grasos unidos a fosfolípidos así producidos deben convertirse de nuevo a continuación en el conjunto de ésteres de CoA de ácidos grasos para los alargamientos adicionales de los fosfolípidos. Esto lo hacen posible las acil-CoA:lisofosfolípido-aciltransferasas. Además, estas enzimas pueden transferir los ácidos grasos alargados de nuevo de los ésteres de CoA a los fosfolípidos. Esta secuencia de reacción puede, dado el caso, transcurrir varias veces.

Precusores para la biosíntesis de PUFA son, por ejemplo, ácido oleico, ácido linoleico y linolénico. Estos ácidos grasos de carbono C₁₈ deben alargarse a C₂₀ y C₂₂ para obtener los ácidos grasos de tipo cadena eicosa y docosa. Con ayuda de las desaturasas usadas en el procedimiento, como las Δ 12-, ω 3-, Δ 4-, Δ 5-, Δ 6- y Δ 8-desaturasas y/o las Δ 5-, Δ 6-, Δ 9-elongasas, pueden producirse ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico, ácido docosapentaenoico o ácido docosahexaenoico, ventajosamente ácido eicosapentaenoico y/o ácido docosahexaenoico, y usarse a continuación para distintos fines en aplicaciones para alimentos, piensos, cosméticos o fármacos. Con las enzimas mencionadas pueden producirse ácidos grasos C₂₀ y/o C₂₂ con al menos dos, ventajosamente al menos tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces en la molécula de ácido graso, preferiblemente ácidos grasos C₂₀ o C₂₂ con ventajosamente cuatro, cinco o seis dobles enlaces en la molécula de ácido graso. La desaturación puede realizarse antes o después del alargamiento del ácido graso correspondiente. Por tanto, los productos de las actividades de desaturasa y de la posible desaturación y alargamiento adicionales conducen a PUFA preferidos con mayor grado de desaturación, incluido otro alargamiento de ácidos grasos C₂₀ a C₂₂, a ácidos grasos como ácido γ -linolénico, ácido dihomo- γ -linolénico, ácido araquidónico, ácido estearidónico, ácido eicosatetraenoico o ácido eicosapentaenoico. Los sustratos de las desaturasas y elongasas usadas en el procedimiento según la invención son ácidos grasos C₁₆, C₁₈ o C₂₀ como, por ejemplo, ácido linoleico, ácido γ -linolénico, ácido α -linolénico, ácido dihomo- γ -linolénico, ácido eicosatetraenoico o ácido estearidónico. Sustratos preferidos son ácido linoleico, ácido γ -linolénico y/o ácido α -linolénico, ácido dihomo- γ -linolénico o ácido araquidónico, ácido eicosatetraenoico o ácido eicosapentaenoico. Los ácidos grasos C₂₀ o C₂₂ sintetizados con al menos dos, tres, cuatro, cinco o seis dobles enlaces en el ácido graso se forman en el procedimiento según la invención en forma del ácido graso libre o en forma de sus ésteres, por ejemplo, en forma de sus glicéridos.

Por el término "glicérido" se entiende una glicerina esterificada con uno, dos o tres restos de ácido carboxílico (mono-, di- o triglicérido). Por "glicérido" se entiende también una mezcla de distintos glicéridos. El glicérido o la mezcla de glicéridos pueden contener aditivos adicionales, por ejemplo, ácidos grasos libres, antioxidantes, proteínas, hidratos de carbono, vitaminas y/u otras sustancias.

Por un "glicérido", en el sentido del procedimiento según la invención, se entiende además derivados de glicerina. A éstos también pertenecen, además de los glicéridos de ácidos grasos anteriormente descritos, glicerofosfolípidos y gliceroglicolípidos. Preferiblemente aquí son de mencionar a modo de ejemplo los glicerofosfolípidos como lecitina (fosfatidilcolina), cardiolipina, fosfatidilglicerina, fosfatidilserina y alquilacilglicerofosfolípidos.

Además, los ácidos grasos deben transportarse a continuación a distintos sitios de modificación e incorporarse en el lípido de almacenamiento de triacilglicerina. Otra etapa importante en la síntesis de los lípidos es la transferencia de ácidos grasos a los grupos de cabeza polares, por ejemplo, mediante glicerina-ácido graso-aciltransferasa (véase Frentzen, 1998, *Lipid*, 100(4-5):161-166).

Véanse publicaciones sobre la biosíntesis de ácidos grasos de plantas, desaturación, el metabolismo de los lípidos y el transporte de membrana de compuestos que contienen grasas, la beta-oxidación, modificación de ácidos grasos y cofactores, almacenamiento y ensamblaje de triacilglicerina, incluidas las referencias en ellas, en los siguientes artículos: Kinney, 1997, *Genetic Engineering*, ed.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge y Browse, 1995, *Plant Cell* 7:957-970; Shanklin y 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 y col., 1995, *Prog. Lipid Res.* 34:267-342; Stymne y col., 1993,

en: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, ed.: Murata y Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal. 13(1):1-16.

Los PUFA producidos en el procedimiento comprenden un grupo de moléculas que los animales superiores ya no pueden sintetizar y, por tanto, deben asimilar o los animales superiores ya no pueden ellos mismos producirlas suficientemente y, por tanto, deben asimilarlas adicionalmente, aunque se sintetizan fácilmente por otros organismos, como bacterias, por ejemplo, los gatos ya no pueden sintetizar ácido araquidónico.

Por "fosfolípidos", en el sentido de la invención, debe entenderse fosfatidilcolina, fosfatidiletanolamina, fosfatidilserina, fosfatidilglicerina y/o fosfatidilinositol, de manera ventajosa fosfatidilcolina. Los términos producción o productividad son conocidos en la técnica y contienen la concentración del producto de fermentación (compuestos de fórmula I) que se forma en un periodo de tiempo determinado y un volumen de fermentación determinado (por ejemplo, kg de producto por hora por litro). También comprende la productividad dentro de una célula de planta o una planta, es decir, el contenido de los ácidos grasos deseados producidos en el procedimiento referido al contenido de todos los ácidos grasos en estas células o plantas. El término eficiencia de la producción comprende el tiempo que se necesita para lograr una cantidad de producción determinada (por ejemplo, cuánto necesita la célula para el establecimiento de un determinado caudal de un producto de síntesis). El término rendimiento o rendimiento de producto/carbono se conoce en la técnica y comprende la eficiencia de la conversión de la fuente de carbono en el producto (es decir, el producto de síntesis). Esto se expresa habitualmente, por ejemplo, como kg de producto por kg de fuente de carbono. Al aumentar el rendimiento o la producción de compuesto aumenta la cantidad de moléculas obtenidas o de las moléculas obtenidas adecuadas de este compuesto en una cantidad de cultivo determinado durante un periodo de tiempo establecido. Los términos biosíntesis o vía de biosíntesis son conocidos en la técnica y comprenden la síntesis de un compuesto, preferiblemente de un compuesto orgánico, por una célula a partir de compuestos intermedios, por ejemplo, en un proceso de varias etapas y fuertemente regulado. Los términos degradación o vía de degradación son conocidos en la técnica y comprenden la escisión de un compuesto, preferiblemente de un compuesto orgánico, por una célula en productos de degradación (en términos más generales, moléculas más pequeñas o menos complejas), por ejemplo, en un proceso de varias etapas y fuertemente regulado. El término metabolismo se conoce en la técnica y comprende la totalidad de las reacciones químicas que tienen lugar en un organismo. El metabolismo de un compuesto determinado (por ejemplo, el metabolismo de un ácido graso) comprende entonces la totalidad de las vías de biosíntesis, modificación y de degradación de este compuesto en la célula que están relacionadas con este compuesto.

En otra forma de realización, los derivados de la molécula de ácido nucleico ventajosa para el procedimiento según la invención descrita en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 codifican proteínas con al menos el 40 %, ventajosamente aproximadamente el 50 o el 60 %, preferiblemente al menos aproximadamente el 60 o el 70 %, y más preferiblemente al menos aproximadamente el 70 o el 80 %, 80 al 90 %, 90 al 95 % y lo más preferiblemente al menos aproximadamente el 96 %, 97 %, 98 %, 99 % o más de homología (= identidad) con una secuencia de aminoácidos completa de SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 o SEQ ID NO: 184. La homología se calculó a lo largo de la región entera de la secuencia de aminoácidos o de ácidos nucleicos. Para la comparación de secuencias se usó el programa PileUp (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins y col., CABIOS, 5 1989: 151-153) o los programas Gap y BestFit [Needleman y Wunsch (J. Mol. Biol. 48: 443-453 (1970) y Smith y Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981)) que están contenidos en el paquete informático GCG [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)]. Los valores de homología de secuencia especificados en porcentaje anteriormente se determinaron con el programa BestFit a lo largo de la región entera de la secuencia con los siguientes ajustes: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10,000 y Average Mismatch: 0,000. A menos que se especifique otra cosa, éstos se usaron siempre como ajustes estándar para comparaciones de secuencias.

También se describen moléculas de ácido nucleico que se diferencian de una de las secuencias de nucleótidos (y partes de las mismas) mostradas en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 debido a la degeneración del código genético y, por tanto, codifican la misma $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 6$ -elongasa o $\Delta 5$ -elongasa que aquella que se codifica por las secuencias de nucleótidos mostradas en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87,

SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183.

Además de las $\Delta 12$ -desaturasas, $\omega 3$ -desaturasas, $\Delta 5$ -elongasas, $\Delta 6$ -desaturasas, $\Delta 5$ -desaturasas, $\Delta 4$ -desaturasas o $\Delta 6$ -elongasas mostradas en la SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183, el experto aprecia que dentro de una población pueden existir polimorfismos de secuencias de ADN que conducen a cambios en las secuencias de aminoácidos de $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa y/o $\Delta 6$ -elongasa. Estos polimorfismos genéticos en el gen $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa y/o $\Delta 6$ -elongasa pueden existir entre individuos dentro de una población debido a la variación natural. Estas variantes naturales causan normalmente una varianza del 1 al 5 % en la secuencia de nucleótidos del gen $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa y/o $\Delta 6$ -elongasa. Todas y cada una de estas variaciones de nucleótidos y los polimorfismos de aminoácidos resultantes de éstas en la $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa y/o $\Delta 6$ -elongasa, que son el resultado de variación natural y no modifican la actividad funcional, deberán estar contenidas en el alcance de la invención.

Las moléculas de ácido nucleico ventajosas para el procedimiento según la invención pueden aislarse basándose en su homología con los ácidos nucleicos de $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa y/o $\Delta 6$ -elongasa aquí dados a conocer usando las secuencias o una parte de las mismas como sondas de hibridación según técnicas de hibridación convencionales bajo condiciones de hibridación rigurosas. A este respecto, por ejemplo, pueden usarse moléculas de ácido nucleico aisladas que tienen al menos 15 nucleótidos de longitud y se hibridan bajo condiciones rigurosas con las moléculas de ácido nucleico que comprenden una secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183. También pueden usarse ácidos nucleicos de al menos 25, 50, 100, 250 o más nucleótidos. El término "se hibrida bajo condiciones rigurosas", como aquí se usa, deberá describir condiciones de hibridación y de lavado bajo las cuales las secuencias de nucleótidos que son homólogas al menos el 60 % entre sí permanecen habitualmente hibridadas entre sí. Las condiciones son preferiblemente de tal forma que secuencias que son homólogas al menos aproximadamente el 65 %, más preferiblemente al menos aproximadamente el 70 %, y todavía más preferiblemente al menos aproximadamente el 75 % o más entre sí, permanezcan habitualmente hibridadas entre sí. El experto conoce estas condiciones rigurosas y pueden encontrarse en Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1-6.3.6. Un ejemplo no limitante preferido de condiciones de hibridación rigurosas son hibridaciones en 6 x cloruro sódico/citrato sódico (cloruro sódico/citrato sódico = SSC) a aproximadamente 45 °C, seguido de una o varias etapas de lavado en 0,2 x SSC, 0,1 % de SDS a 50 a 65 °C. El experto sabe que estas condiciones de hibridación se diferencian dependiendo del tipo de ácido nucleico y, por ejemplo, cuando están presentes disolventes orgánicos, con respecto a la temperatura y la concentración de tampón. Por ejemplo, bajo "condiciones de hibridación estándar", la temperatura se diferencia, dependiendo del tipo de ácido nucleico, entre 42 °C y 58 °C en tampón acuoso con una concentración de 0,1 a 5 x SSC (pH 7,2). En caso de que esté presente disolvente orgánico en el tampón anteriormente mencionado, por ejemplo, 50 % de formamida, la temperatura bajo las condiciones estándar es aproximadamente 42 °C. Las condiciones de hibridación para híbridos de ADN:ADN son preferiblemente, por ejemplo, 0,1 x SSC y 20 °C y 45 °C, preferiblemente entre 30 °C y 45 °C. Las condiciones de hibridación para híbridos de ADN:ARN son preferiblemente, por ejemplo, 0,1 x SSC y 30 °C y 55 °C, preferiblemente entre 45 °C y 55 °C. Las temperaturas de hibridación previamente mencionadas se determinan, por ejemplo, para un ácido nucleico con aproximadamente 100 pb (= pares de bases) de longitud y un contenido de G + C del 50 % en ausencia de formamida. El experto sabe cómo puede determinar las condiciones de hibridación requeridas mediante libros de texto, como el anteriormente mencionado o a partir de los siguientes libros de texto Sambrook y col., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames y Higgins (ed.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (ed.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford.

Para determinar la homología en porcentaje (=identidad) de dos secuencias de aminoácidos (por ejemplo, una de las secuencias de SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 o SEQ ID NO: 184) o de dos ácidos nucleicos (por ejemplo, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID

NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183), las secuencias se escriben una debajo de la otra con el fin de una comparación óptima (por ejemplo, pueden introducirse huecos en la secuencia de una proteína o de un ácido nucleico para generar un alineamiento óptimo con la otra proteína o el otro ácido nucleico). Entonces se comparan los restos de aminoácidos o nucleótidos en las posiciones de aminoácido o posiciones de nucleótido correspondientes. Si una posición en una secuencia está ocupada por el mismo resto de aminoácido o el mismo nucleótido que la posición correspondiente en la otra secuencia, entonces las moléculas son homólogas en esta posición (es decir, "homología" de aminoácido o de ácido nucleico, como aquí se usa, se corresponde con "identidad" de aminoácido o de ácido nucleico). La homología en porcentaje entre las dos secuencias es una función del número de posiciones idénticas que son comunes a las secuencias (es decir, % de homología = número de posiciones idénticas/número total de posiciones x 100). Los términos homología e identidad deben, por tanto, considerarse sinónimos. Los programas o algoritmos usados se han descrito anteriormente.

Una molécula de ácido nucleico aislada que codifica una $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa y/o $\Delta 6$ -elongasa que es homóloga a una secuencia de proteínas de SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 o SEQ ID NO: 184 puede generarse mediante la introducción de una o varias sustituciones, adiciones o deleciones de nucleótidos en una secuencia de nucleótidos de SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183, de manera que se introduzcan una o varias sustituciones, adiciones o deleciones de aminoácidos en la proteína codificada. Pueden introducirse mutaciones en una de las secuencias de SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183 mediante técnicas convencionales, como mutagénesis específica de sitio y mutagénesis mediada por PCR. Preferiblemente se producen sustituciones conservativas de aminoácidos en uno o varios de los restos de aminoácidos no esenciales predichos. En una "sustitución conservativa de aminoácidos", el resto de aminoácido se cambia por un resto de aminoácido con una cadena lateral similar. En la técnica se han definido familias de restos de aminoácidos con cadenas laterales similares. Estas familias comprenden aminoácidos con cadenas laterales básicas (por ejemplo, lisina, arginina, histidina), cadenas laterales ácidas (por ejemplo, ácido aspártico, ácido glutámico), cadenas laterales polares sin carga (por ejemplo, glicina, asparagina, glutamina, serina, treonina, tirosina, cisteína), cadenas laterales apolares (por ejemplo, alanina, valina, leucina, isoleucina, prolina, fenilalanina, metionina, triptófano), cadenas laterales beta-ramificadas (por ejemplo, treonina, valina, isoleucina) y cadenas laterales aromáticas (por ejemplo, tirosina, fenilalanina, triptófano, histidina). Un resto de aminoácido no esencial predicho en una $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa o $\Delta 6$ -elongasa se intercambia, por tanto, preferiblemente con otro resto de aminoácido de la misma familia de cadena lateral. Alternativamente, en otra forma de realización, las mutaciones pueden introducirse aleatoriamente a lo largo de toda o una parte de la secuencia codificante de $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa o $\Delta 6$ -elongasa se intercambia, por tanto, preferiblemente con otro resto de aminoácido de la misma familia de cadena lateral. Alternativamente, en otra forma de realización, las mutaciones pueden introducirse aleatoriamente a lo largo de toda o una parte de la secuencia codificante de $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa o $\Delta 6$ -elongasa aquí descrita para identificar mutantes que han retenido la actividad de $\Delta 12$ -desaturasa, $\omega 3$ -desaturasa, $\Delta 6$ -desaturasa, $\Delta 5$ -desaturasa, $\Delta 4$ -desaturasa, $\Delta 5$ -elongasa o $\Delta 6$ -elongasa. Después de la mutagénesis de una de las secuencias SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183, la proteína codificada puede expresarse recombinantemente y la actividad de la proteína puede determinarse, por ejemplo, usando las pruebas aquí descritas.

Otros objetos de la invención son organismos no humanos transgénicos que contienen los ácidos nucleicos descritos en el presente documento SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 o SEQ ID NO: 183

o una construcción génica o un vector que contiene estas secuencias de ácidos nucleicos. En el caso del organismo no humano se trata ventajosamente de un microorganismo, un animal no humano o una planta, con especial preferencia de una planta.

- 5 Esta invención se ilustra a continuación por los siguientes ejemplos que no deben considerarse limitantes. El contenido de todas las citas bibliográficas, solicitudes de patente, patentes y solicitudes publicadas de patente citadas en la presente solicitud de patente queda contenido en el presente documento por referencia.

Ejemplos

Ejemplo 1: Procedimientos de clonación generales:

- 10 Se realizaron procedimientos de clonación como, por ejemplo, escisiones por restricción, electroforesis en gel de agarosa, purificación de fragmentos de ADN, transferencia de ácidos nucleicos sobre membranas de nitrocelulosa y nailon, enlace de fragmentos de ADN, transformación de células de *Escherichia coli*, cultivo de bacterias y el análisis de secuencias de ADN recombinante como se describe en Sambrook y col. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6).

Ejemplo 2: Análisis de secuencias de ADN recombinante:

- 15 La secuenciación de las moléculas de ADN recombinante se realizó con un secuenciador de ADN de fluorescencia láser de la empresa ABI según el procedimiento de Sanger (Sanger y col. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74, 5463-5467). Los fragmentos resultantes de una reacción en cadena de la polimerasa se secuenciaron y se verificaron para evitar errores de la polimerasa en las construcciones a expresar.

Ejemplo 3: Clonación de genes de *Oncorhynchus mykiss*

- 20 Mediante búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas correspondientemente a los genes de elongasa citados en la solicitud se identificaron dos secuencias con motivos correspondientes en la base de datos de secuencias de Genbank.

Nombre del gen	N.º de Genbank	Aminoácidos
OmELO2	CA385234, CA364848, CA366480	264
OmELO3	CA360014, CA350786	295

- 25 Se aisló ARN total de *Oncorhynchus mykiss* con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Qiagen (Valencia, CA, EE.UU.). A partir del ARN total se aisló poli-A+ ARN (ARNm) con ayuda de oligo-dT-celulosa (Sambrook y col., 1989). El ARN se transcribió de forma inversa con el kit Reverse Transcription System de Promega y el ADNc sintetizado se clonó en el vector lambda ZAP (lambda ZAP Gold, Stratagene). Correspondientemente a las instrucciones del fabricante, el ADNc se desempaquetó dando el ADN de plásmido. Entonces se usó el banco de plásmidos de ADNc para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión.

Ejemplo 4: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

Para la clonación de dos secuencias para la expresión heteróloga en levaduras se usaron los siguientes oligonucleótidos para la reacción de PCR:

Cebador	Secuencia de oligonucleótidos
5' f* OmELO2	5' aagcttacataatggcttcaacatggcaa (SEQ ID NO: 179)
3' r* OmELO2	5' ggatccttatgtcttctgtcttctctgtt (SEQ ID NO: 180)
5' f OmELO3	5' aagcttacataatggagactttta (SEQ ID NO: 181)
3' r OmELO3	5' ggatccttcagtcctccctcactttcc (SEQ ID NO: 182)
* f: directo, r: inverso	

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

- 35 5,00 µl de ADNc de molde
 5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
 5,00 µl de dNTP 2 mM
 1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
 0,50 µl de polimerasa Advantage

- 40 Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C
 Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
 Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
 Número de ciclos: 35

El producto de PCR se incubó durante 2 h a 37 °C con las enzimas de restricción HindIII y BamHI. El vector de expresión en levadura pYES3 (Invitrogen) se incubó de forma similar. A continuación se separó el producto de PCR de 812 pb o 905 pb de tamaño, así como el vector, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN tuvo lugar mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y el ADNc de elongasa. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos formados pYES3-OmELO2 y pYES3-OmELO3 se verificaron mediante secuenciación y se transformaron mediante electroporación (1500 V) en la cepa de *Saccharomyces INVSc1* (Invitrogen). Para el control se transformó en paralelo pYES3. A continuación se sembraron las levaduras en medio mínimo completo sin triptófano con 2 % de glucosa. Las células que fueron capaces de crecer en el medio sin triptófano contienen, por tanto, los plásmidos correspondientes pYES3, pYES3-OmELO2 (SEQ ID NO: 51) y pYES3-OmELO3 (SEQ ID NO: 53). Después de la selección, en cada caso se seleccionaron dos transformantes para la expresión funcional adicional.

Ejemplo 5: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

Para la transformación de plantas se generó un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron en los extremos 5' y 3' de la secuencia codificante con el siguiente par de cebadores:

PSUN-OmELO2

Directo: 5'-GCGGCCGCataatggcttcaacatggcaa (SEQ ID NO: 175)
 Inverso: 3'-GCGGCCGCttatgtcttctgtctctcctgtt (SEQ ID NO: 176)

pSUN-OmELO3

Directo: 5'-GCGGCCGCataatggagacttttaat (SEQ ID NO: 177)
 Inverso: 3'-GCGGCCGCtcagtcctccctcactttcc (SEQ ID NO: 178)

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

5,00 µl de ADNc de molde
 5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
 5,00 µl de dNTP 2 mM
 1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
 0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C
 Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
 Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
 Número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubó de forma similar. A continuación se separaron los productos de PCR, así como el vector de 7624 pb de tamaño, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN tuvo lugar mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos formados pSUN-OmELO2 y pSUN-OmELO3 se verificaron mediante secuenciación.

pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of *Agrobacterium* binary vectors for plant transformation. *Plant Mol Biol* 25:989-994). pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de octopinsintasa del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the *Agrobacterium tumefaciens* Ti plasmid-encoded octopine synthase gene *J. Mol. Appl. Genet.* 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1-684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales

(Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales. (Secuencia de cebador: 5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 174). El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

Ejemplo 6: Extracción de lípidos de levaduras y semillas:

Puede determinarse el efecto de la modificación genética en plantas, hongos, algas, ciliados o en la producción de un compuesto deseado (como de un ácido graso) cultivando los microorganismos modificados o las plantas modificadas en condiciones adecuadas (como las anteriormente descritas) y analizando el medio y/o los componentes celulares para la elevada producción de producto deseado (es decir, de lípidos o de un ácido graso). Estas técnicas de análisis son conocidas para el experto y comprenden espectroscopía, cromatografía en capa fina, procedimientos de tinción de distintos tipos, procedimientos enzimáticos y microbiológicos, así como cromatografía analítica, como cromatografía de líquidos de alta resolución (véase, por ejemplo, Ullman, *Encyclopedia of Industrial Chemistry*, Bd. A2, S. 89-90 y S. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., y col., (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" en: *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology*, Bd. 17; Rehm y col. (1993) *Biotechnology*, Bd. 3, Capítulo III: "Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A., y col. (1988) *Bioprocesses: downstream processing for Biotechnology*, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., y Cabral, J.M.S. (1992) *Recovery processes for biological materials*, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A., y Henry, J.D. (1988) *Biochemical Separations*, en: *Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry*, Bd. B3; Capítulo 11, pág. 1-27, VCH: Weinheim; y Dechow, F.J. (1989) *Separation and purification techniques in biotechnology*, Noyes Publications).

Además de los procedimientos anteriormente mencionados, se extraen lípidos de planta a partir de material de planta como se describe por Cahoon y col. (1999) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 96 (22):12935-12940, y Browse y col. (1986) *Analytic Biochemistry* 152:141-145. El análisis cualitativo y cuantitativo de los lípidos y ácidos grasos se describe en Christie, William W., *Advances in Lipid Methodology*, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Liquid Library; 2); Christie, William W., *Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide* - Ayr, Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) con el título: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

Además de la medición del producto final de la fermentación también es posible analizar otros componentes de la vía metabólica que se usan para la producción del compuesto deseado, como productos intermedios y secundarios, para determinar la eficiencia total de la producción del compuesto. Los procedimientos de análisis comprenden mediciones de las cantidades de nutrientes en el medio (por ejemplo, azúcares, hidrocarburos, fuentes de nitrógeno, fosfato y otros iones), mediciones de la composición de biomasa y del crecimiento, análisis de la producción de metabolitos habituales de las vías de biosíntesis y mediciones de gases que se generan durante la fermentación. Procedimientos convencionales para estas mediciones se describen en *Applied Microbial Physiology*; A Practical Approach, P.M. Rhodes y P.F. Stanbury, ed., IRL Press, S. 103-129; 131-163 y 165-192 (ISBN: 0199635773) y las referencias allí especificadas.

Un ejemplo es el análisis de ácidos grasos (abreviaturas: FAME, éster metílico de ácidos grasos; CG-EM, cromatografía de gases-líquidos-espectrometría de masas; TAG, triacilglicerina; CCF, cromatografía en capa fina).

La detección inequívoca de la presencia de productos de ácidos grasos puede obtenerse mediante el análisis de organismos recombinantes según procedimientos de análisis estándar: CG, CG-EM o CCF, como se ha descrito repetidamente por Christie y las referencias en su interior (1997, en: *Advances on lipid methodology*, cuarta ed.: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, *Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren*, lípidos 33:343-353).

El material que va a analizarse puede romperse mediante tratamiento ultrasónico, molienda en molino de vidrio, nitrógeno líquido y molienda o mediante otros procedimientos aplicables. El material debe centrifugarse después de la rotura. El sedimento se resuspende en agua dest., se calienta 10 min a 100 °C, se enfría sobre hielo y se centrifuga de nuevo, seguido de extracción en ácido sulfúrico 0,5 M en metanol con 2 % de dimetoxipropano durante 1 h a 90 °C, lo que conduce a compuestos de aceite y de lípidos hidrolizados que dan los lípidos transmetilados. Estos ésteres metílicos de ácidos grasos se extraen en éter de petróleo y finalmente se someten a un análisis de CG usando una columna capilar (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 micróm, 0,32 mm) en un gradiente de temperatura entre 170 °C y 240 °C durante 20 min y 5 min a 240 °C. La identidad de los ésteres metílicos de ácidos grasos obtenidos debe definirse usando patrones que pueden obtenerse de fuentes comerciales (es decir, Sigma).

El material de planta se homogeneiza inicialmente mecánicamente mediante morteros para hacerlo más accesible a la extracción.

A continuación se calienta 10 min a 100 °C y después de enfriarse se sedimenta de nuevo sobre hielo. El sedimento celular se hidroliza con ácido sulfúrico metanólico 1 M y 2 % de dimetoxipropano 1 h a 90 °C y se transmetilan los

lípidos. Los ésteres metílicos de ácidos grasos resultantes (FAME) se extraen en éter de petróleo. Los FAME extraídos se analizan mediante cromatografía de gases-líquidos con una columna capilar (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 m, 0,32 mm) y un gradiente de temperatura de 170 °C a 240 °C en 20 min y 5 min a 240 °C. La identidad de los ésteres metílicos de ácidos grasos se confirma por comparación con los patrones de FAME correspondientes (Sigma). La identidad y la posición del doble enlace puede analizarse a continuación mediante derivatización química adecuada de mezclas de FAME, por ejemplo, dando derivados de 4,4-dimetoxioxazolina (Christie, 1998) mediante CG-EM.

Las levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 4 con los plásmidos pYES3, pYES3-OmELO2 y pYES3-OmELO3 se analizaron de la siguiente manera: se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 10 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanolisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma).

La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Ejemplo 7: Caracterización funcional de OmELO2 y OmELO3

OmELO2 no muestra actividad de elongasa, mientras que para OmELO3 pudo detectarse una clara actividad con distintos sustratos. La especificidad por sustrato de OmELO3 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Figura 2). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Todas las levaduras transgénicas muestran la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OmELO3. Esto significa que el gen OmELO3 pudo expresarse funcionalmente.

La Figura 2 muestra que OmELO3 presenta una especificidad por sustrato, que conduce con alta especificidad al alargamiento de ácidos grasos en Δ5 y Δ6 con un doble enlace en ω3. Además, también pudieron alargarse ácidos grasos ω6 (C₁₈ y C₂₀) con menor especificidad. El ácido estearidónico (C_{18:4} ω3) y el ácido eicosapentaenoico (C_{20:5} ω3) representan los mejores sustratos para OmELO3 (hasta el 66 % de alargamiento).

Ejemplo 8: Reconstitución de la síntesis de DHA en levadura

La reconstitución de la biosíntesis de DHA (C_{22:6} ω3) se realizó a partir de EPA (C_{20:5} ω3) o ácido estearidónico (C_{18:4} ω3) mediante la coexpresión de OmELO3 con la Δ4-desaturasa de *Euglena gracilis* o la Δ5-desaturasa de *Phaeodactylum tricornutum* y la Δ4-desaturasa de *Euglena gracilis*. Para esto se construyeron además los vectores de expresión pYes2-EgD4 y pESCLEu-PtD5. La cepa de levadura anteriormente mencionada que ya está transformada con pYes3-OmELO3 (SEQ ID NO: 55) se transformó más adelante con pYes2-EgD4 o al mismo tiempo con pYes2-EgD4 y pESCLEu-PtD5. La selección de las levaduras transformadas se realizó en placas de agar con medio mínimo completo con 2 % de glucosa, pero sin triptófano y uracilo en caso de la cepa de pYes3-OmELO/pYes2-EgD4 y sin triptófano, uracilo y leucina en caso de la cepa de pYes3-OmELO/pYes2-EgD4+pESCLEu-PtD5. La expresión se indujo como se ha especificado arriba mediante la adición de 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante otras 120 h a 15 °C.

La Figura 3 muestra el perfil de ácidos grasos de levaduras transgénicas que se alimentaron con C_{20:5} ω3. En la levadura de control (A) que se transformó con el vector pYes3-OmELO3 y el vector vacío pYes2, C_{20:5} ω3 se alargó muy eficazmente dando C_{22:5} ω3 (65 % de alargamiento). La introducción adicional de EgΔ4-desaturasa condujo a la reacción de C_{22:5} ω3 a C_{22:6} ω3 (DHA). La composición de ácidos grasos de las levaduras transgénicas se describe en la Figura 5. Después de la co-expresión de OmELO3 y EgD4 pudo detectarse hasta el 3 % de DHA en las levaduras.

En otro experimento de co-expresión se expresaron OmELO3, EgD4 y una Δ5-desaturasa de *P. tricornutum* (PtD5) juntos. Las levaduras transgénicas se alimentaron con ácido estearidónico (C_{18:4} ω3) y se analizaron (Figura 4). La composición de ácidos grasos de estas levaduras se presenta en la Figura 5. Mediante OmELO3, el ácido graso alimentado C_{18:4} ω3 se alargó a C_{20:4} ω3 (60 % de alargamiento). El último se desaturó mediante PtD5 dando C_{20:5} ω3. La actividad de PtD5 ascendió al 15 %. C_{20:5} ω3 pudo además alargarse mediante OmELO3 dando C_{22:5} ω3. A

continuación, el C_{22:5} ω 3 recientemente sintetizado se desaturó dando C_{22:6} ω 3 (DHA). En estos experimentos pudo alcanzarse hasta el 0,7 % de DHA.

De estos experimentos se deduce que las secuencias usadas en esta invención OmElo3, EgD4 y PtD5 son adecuadas para la producción de DHA en células eucariotas.

5 Ejemplo 9: Generación de plantas transgénicas

a) Generación de plantas de colza transgénicas (modificado según Moloney y col., 1992, Plant Cell Reports, 8:238-242)

Para la generación de plantas de colza transgénicas pueden utilizarse vectores binarios en *Agrobacterium tumefaciens* C58C1:pGV2260 o *Escherichia coli* (Deblaere y col., 1984, Nucl. Acids. Res. 13, 4777-4788). Para la transformación de plantas de colza (Var. Drakkar, NPZ Nordeutsche Pflanzenzucht, Hohenlieth, Alemania) se utiliza una dilución 1:50 de un cultivo durante la noche de una colonia de *Agrobacterium* positivamente transformada en medio de Murashige-Skoog (Murashige y Skoog 1962 Physiol. Plant. 15, 473) con 3 % de sacarosa (medio 3MS). Los pecíolos o los hipocotiledones de plantas de colza estériles recién germinadas (en cada caso aproximadamente 1 cm²) se incuban en una placa de Petri con una dilución de *Agrobacterium* 1:50 durante 5-10 minutos. Sigue una co-incubación de 3 días en la oscuridad a 25 °C en medio 3MS con 0,8 % de Bacto-Agar. El cultivo continúa después de 3 días con 16 horas de luz/8 horas de oscuridad y continúa en ritmo semanal sobre medio MS con 500 mg/l de Claforan (cefotaxima-sodio), 50 mg/l de kanamicina, bencilaminopurina 20 microM (BAP) y 1,6 g/l de glucosa. Los brotes que crecen se transfieren a medio MS con 2 % de sacarosa, 250 mg/l de Claforan y 0,8 % de Bacto-Agar. Si después de tres semanas no se formaron raíces, entonces se añade como hormona de crecimiento al medio ácido 2-indolbutírico para el enraizado.

Los brotes regenerados se obtienen sobre medio 2MS con kanamicina y Claforan, después del enraizado se transfieren a tierra y después del cultivo durante dos semanas se cultivan en una cámara climática o en invernadero, se dejan florecer, se recogen semillas maduras y se analizan para la expresión de elongasa como actividad de Δ 5-elongasa o de Δ 6-elongasa o actividad de ω 3-desaturasa mediante análisis de lípidos. Así pueden identificarse líneas con elevados contenidos de ácidos grasos C₂₀ y C₂₂ poliinsaturados.

b) Producción de plantas de lino transgénicas

La producción de plantas de lino transgénicas puede generarse, por ejemplo, según el procedimiento de Bell y col., 1999, In Vitro Cell. Dev. Biol.-Plant. 35(6):456-465, mediante bombardeo de partículas. Generalmente se usó una transformación mediada por *Agrobacterium*, por ejemplo, según Mlynarova y col. (1994), Plant Cell Report 13: 282-285 para la transformación de lino.

Ejemplo 10: Clonación de genes Δ 5-elongasa de *Thraustochytrium aureum* ATCC34304 y *Thraustochytrium* ssp.

Mediante comparación de distintas secuencias de proteínas de elongasa encontradas en esta solicitud pudieron definirse regiones conservadas de ácidos nucleicos (caja de histidina: His-Val-X-His-His, caja de tirosina: Met-Tyr-X-Tyr-Tyr). Con ayuda de estas secuencias se cribó una base de datos EST de *T. aureum* ATCC34304 y *Thraustochytrium* ssp. Para otras Δ 5-elongasas pudieron encontrarse las siguientes secuencias nuevas:

Nombre del gen	Nucleótidos	Aminoácidos
BioTaurELO1	828 pb	275
TL16y2	831	276

Se aisló ARN total de *T. aureum* ATCC34304 y *Thraustochytrium* ssp. con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Qiagen (Valencia, CA, EE.UU.). A partir del ARN total se aisló ARNm con ayuda del sistema de aislamiento polyATract (Promega). El ARNm se transcribió de forma inversa con el kit Marathon cDNA Amplification (BD Biosciences) y se ligaron los adaptadores correspondientemente a las instrucciones del fabricante. Entonces se usó el banco de ADNc para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión mediante 5'- y 3'-RACE (amplificación rápida de extremos de ADNc).

Ejemplo 11: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

Para la clonación de la secuencia para la expresión heteróloga en levaduras se usaron los siguientes oligonucleótidos para la reacción de PCR:

Cebador	Secuencia de oligonucleótidos
5' f* BioTaurELO1	5' gacataatgacgagcaacatgag (SEQ ID NO: 170)
3' r* BioTaurELO1	5' cggcttaggccgacttggccttggg (SEQ ID NO: 171)
5'f*TL16y2	5' agacataatggacgtcgtcgagcagcaatg (SEQ ID NO: 172)
3'r*TL16y2	5' ttagatggtcttctgcttcttggcgcc (SEQ ID NO: 173)
* f: directo, r: inverso	

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

5,00 µl de ADNc de molde

5 5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)

0,50 µl de pfu-polimerasa

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

10 Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C

Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C

Temperatura de extensión: 2 min 72 °C

Número de ciclos: 35

15 Los productos de PCR BioTaurELO1 (véase SEQ ID NO: 65) y TL16y2 (véase SEQ ID NO: 83) se incubaron durante 30 min a 21 °C con el vector de expresión en levadura pYES2.1-TOPO (Invitrogen) según instrucciones del fabricante. A este respecto, el producto de PCR se liga en el vector mediante un nucleótido protuberante T y la actividad de una topoisomerasa (Invitrogen). Después de la incubación se realizó entonces la transformación de células DH5α de E. coli. Se identificaron los clones correspondientes mediante PCR, se aisló el ADN de plásmido mediante el kit Qiagen DNAeasy y se verificó mediante secuenciación. La secuencia correcta se transformó entonces mediante electroporación (1500 V) en la cepa de Saccharomyces INVSc1 (Invitrogen). Para el control, el vector vacío pYES2.1 se transformó en paralelo. A continuación se sembraron las levaduras en medio mínimo completo sin uracilo con 2 % de glucosa. Las células que fueron capaces de crecer en el medio sin uracilo contienen, por tanto, los plásmidos correspondientes pYES2.1, pYES2.1-BioTaurELO1 y pYES2.1-TL16y2. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron dos transformantes para la expresión funcional adicional.

Ejemplo 12: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

Para la transformación de plantas se generó un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron en los extremos 5' y 3' de la secuencia codificante con el siguiente par de cebadores:

30 PSUN-BioTaurELO1

Directo: 5'-GCGGCCGCataatgacgagcaacatgagc (SEQ ID NO: 166)

Inverso: 3'-GCGGCCGCtaggccgacttggccttggg (SEQ ID NO: 167)

PSUN-TL16y2

Directo: 5'-GCGGCCGCACCatggacgtcgtcgagcagcaatg (SEQ ID NO: 168)

35 Inverso: 5'-GCGGCCGCtagatggtcttcttcttggcgcc (SEQ ID NO: 169)

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

5,00 µl de ADNc de molde

5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM

5,00 µl de dNTP 2 mM

40 1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)

0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

- 5 Temperatura de adición: 1 min 55 °C
 Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
 Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
 Número de ciclos: 35

10 Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubó de forma similar. A continuación se separaron los productos de PCR, así como el vector de 7624 pb de tamaño, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN tuvo lugar mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos formados pSUN-BioTaurELO1 y pSUN-TL16y2 se verificaron mediante secuenciación.

15 pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de octopinsintasa del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1-684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales. (Secuencia de cebador: 5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 165). El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de forma idéntica al Ejemplo 6.

Ejemplo 13: Caracterización funcional de BioTaurELO1 y TL16rL2

30 La especificidad por sustrato de BioTaurELO1 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Figura 6). La Figura 6 muestra los experimentos de alimentación para determinar la funcionalidad y la especificidad por sustrato con cepas de levadura que contienen o el vector pYES2.1 (Control) o el vector pYES2.1-BioTau-rELO1 (= BioTaur) con la $\Delta 5$ -elongasa. En ambas mezclas se añadieron ácido γ -linolénico 200 µM y ácido eicosapentaenoico al medio de incubación de levadura y se incubaron 24 h. Después de la extracción de los ácidos grasos de las levaduras, éstos se transmetilaron y se separaron por cromatografía de gases. Los productos de alargamiento formados a partir de los dos ácidos grasos alimentados están marcados por flechas.

40 Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Todas las levaduras transgénicas muestran la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de BioTaurELO1. Esto significa que el gen BioTaurELO1 pudo expresarse funcionalmente.

45 La Figura 6 muestra que BioTaurELO1 presenta una especificidad por sustrato que conduce con alta especificidad al alargamiento de ácidos grasos en $\Delta 5$ y $\Delta 6$ con un doble enlace en $\omega 3$. Además, también pudieron alargarse ácidos grasos $\omega 6$ (C_{18} y C_{20}). Se convirtieron ácido γ -linolénico ($C_{18:3} \omega 6$) con el 65,28 %, ácido estearidónico ($C_{18:4} \omega 3$) con el 65,66 % y ácido eicosapentaenoico ($C_{20:5} \omega 3$) con el 22,01 % de conversión. Las especificidades por sustrato de los distintos experimentos de alimentación están representadas en la Tabla 3 (véase al final de la descripción).

50 La velocidad de conversión de GLA en la alimentación de GLA y EPA ascendió al 65,28 %. La velocidad de conversión de EPA en la misma alimentación de GLA y EPA ascendió al 9,99 %. Si solo se alimentó EPA, entonces la velocidad de conversión de EPA ascendió al 22,01 %. También se convirtió ácido araquidónico (= ARA) en la alimentación. La velocidad de conversión ascendió al 14,47 %. También se convirtió ácido estearidónico (= SDA). En este caso, la velocidad de conversión ascendió al 65,66 %.

55 La funcionalidad y la especificidad por sustrato de TL16y2 pudieron determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos. La Tabla 4 muestra los experimentos de alimentación. Los experimentos de alimentación se realizaron de igual manera que se ha descrito para BioTaurELO1. Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de TL16y2 (Figura 11). Esto significa que el gen TL16y2 pudo expresarse funcionalmente.

Tabla 4: Expresión de TL16y2 en levadura.

Áreas del análisis de cromatografía de gases en %									
Plásmido	Ácido graso	C18:3 (n-6)	C18:4 (n-3)	C20:3 (n-6)	C20:4 (n-6)	C20:4 (n-3)	C20:5 (n-3)	C22:4 (n-6)	C22:5 (n-3)
pYES	EPA 250 uM						13,79		
TL16y2	EPA 250 uM						25,81		2,25
pYES	EPA 50 uM						5,07		
TL16y2	EPA 50 uM						2,48		1,73
pYES	GLA 250 uM	8,31							
TL16y2	GLA 250 uM	3,59		10,71					
pYES	ARA 250 uM				16,03				
TL16y2	ARA 250 uM				15,2		3,87		
pYES	SDA 250 uM		26,79			0,35			
TL16y2	SDA 250 uM		7,74			29,17			

Los resultados descritos en la Tabla 4 muestran las siguientes conversiones en porcentaje para TL16y2 en comparación con el control: a) % de conversión de EPA (250 uM): 8 %, b) % de conversión de EPA (50 uM): 41 %, c) % de conversión de ARA: 20,3 %, d) % de conversión de SDA: 79,4 % y e) % de conversión de GLA: 74,9 %.

TL16y2 muestra, por tanto, actividad de $\Delta 5$ -, $\Delta 6$ - y $\Delta 8$ -elongasa. A este respecto, la actividad para ácidos grasos C_{18} con doble enlace en $\Delta 6$ es la más alta. Los ácidos grasos C_{20} con un doble enlace en $\Delta 5$ o $\Delta 8$ se alargan entonces en función de la concentración de ácidos grasos alimentados.

Ejemplo 14: Clonación de genes de *Ostreococcus tauri*

Mediante búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes elongasa citados en la solicitud con actividad de $\Delta 5$ -elongasa o actividad de $\Delta 6$ -elongasa pudieron identificarse dos secuencias con motivos correspondientes en una base de datos de secuencias de *Ostreococcus tauri* (secuencias genómicas).

Se trata a este respecto de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos
OtELO1 ($\Delta 5$ -elongasa)	SEQ ID NO: 67	300
OtELO2 ($\Delta 6$ -elongasa)	SEQ ID NO: 69	292

OtELO1 presenta la mayor similitud con una elongasa de *Danio rerio* (GenBank AAN77156; aproximadamente el 26 % de identidad), mientras que OtELO2 presenta la mayor similitud para la Elo de *Physcomitrella* (PSE) [aproximadamente el 36 % de identidad] (Los alineamientos se realizaron con el algoritmo tBLASTn (Altschul y col., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403 - 410).

La clonación se realizó del siguiente modo:

Se separaron por centrifugación 40 ml de un cultivo de *Ostreococcus tauri* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 μ l de agua bidest y se guardaron a -20 °C. Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los ADN genómicos correspondientes. Los pares de cebadores correspondientes se seleccionaron de forma que llevaran la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292), además del codón de iniciación. La amplificación de ADN de OtELO se realizó respectivamente con 1 μ l de células descongeladas, dNTP 200 μ M, 2,5 U de *Taq*-polimerasa y 100 pmol de cada uno de los cebadores en un volumen total de 50 μ l. Las condiciones para la PCR fueron del siguiente modo: Primera desnaturalización a 95 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos a 94 °C durante 30 segundos, 55 °C durante 1 minuto y 72 °C durante 2 minutos, así como una última etapa de extensión a 72 °C durante 10 minutos.

Ejemplo 15: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

Para la caracterización de la función de las elongasas de *Ostreococcus tauri* se clonaron los marcos de lectura abiertos del ADN respectivo en la dirección 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa de pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose pOTE1 y pOTE2.

La cepa 334 de *Saccharomyces cerevisiae* se transformó mediante electroporación (1500 V) con el vector pOTE1 o pOTE2. Como control se usó una levadura que se transformó con el vector vacío pYES2. La selección de las levaduras transformadas se realizó en placas de agar con medio mínimo completo (CMdum) con 2 % de glucosa, pero sin uracilo. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron tres transformantes para la expresión funcional adicional.

Para la expresión de elongasas de Ot se inocularon inicialmente precultivos de respectivamente 5 ml de medio líquido CMdum con 2 % (p/v) de rafinosa pero sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron 2 días a 30 °C, 200 rpm. Entonces se inocularon 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con 2 % de rafinosa y 300 µM de distintos ácidos grasos a una DO₆₀₀ de 0,05.

La expresión se indujo mediante la adición de 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante 96 h adicionales a 20 °C.

Ejemplo 16: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

Para la transformación de plantas se generó un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron mediante PCR en los extremos 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las secuencias de cebadores correspondientes se derivaron de las regiones 5' y 3' de OtElo1 y OtElo2.

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

5,00 µl de ADNc de molde
5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
5,00 µl de dNTP 2 mM
1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C
Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
Número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubó de forma similar. A continuación se separaron los productos de PCR, así como el vector, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN se realizó mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos formados pSUN-OtELO1 y pSUN-OtELO2 se verificaron mediante secuenciación.

pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de *Ostreococcus* del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1 a 684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales. (Secuencia de cebador: 5'-GTCTGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCCGGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 164).

El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

Ejemplo 17: Expresión de OtELO1 y OtELO2 en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 15 con los plásmidos pYES3, pYES3-OtELO1 y pYES3-OtELO2 se analizaron de la siguiente manera:

Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanólisis

ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Ejemplo 18: Caracterización funcional de OtELO1 y OtELO2:

La especificidad por sustrato de OtELO1 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Tab. 5). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtELO1. Esto significa que el gen OtELO1 pudo expresarse funcionalmente.

La Tabla 4 muestra que OtELO1 presenta una estrecha especificidad por sustrato. OtELO1 solo pudo alargar los ácidos grasos C₂₀ ácido eicosapentaenoico (Figura 7) y ácido araquidónico (Figura 8), pero preferiblemente el ácido eicosapentaenoico ω3 desaturado.

Tabla 5:

Sustrato de ácido graso	Conversión (en %)
16:0	-
16:1 ^{Δ9}	-
18:0	-
18:1 ^{Δ9}	-
18:1 ^{Δ11}	-
18:2 ^{Δ9,12}	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	-
18:3 ^{Δ5,9,12}	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	10,8 ± 0,6
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	46,8 ± 3,6
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-
22:6 ^{Δ4,10,13,16,19}	-

La Tabla 5 muestra la especificidad por sustrato de la elongasa OtELO1 para ácidos grasos C₂₀ poliinsaturados con un doble enlace en la posición Δ5 en comparación con distintos ácidos grasos.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pOTE1 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC. Cada valor describe el valor medio (n=3) ± desviación estándar.

La especificidad por sustrato de OtELO2 (SEQ ID NO: 81) pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Tab. 6). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtELO2. Esto significa que el gen OtELO2 pudo expresarse funcionalmente.

Tabla 6:

Sustrato de ácido graso	Conversión (en %)
16:0	-
16:1 Δ^9	-
16:3 $\Delta^{7,10,13}$	-
18:0	-
18:1 Δ^6	-
18:1 Δ^9	-
18:1 Δ^{11}	-
18:2 $\Delta^{9,12}$	-
18:3 $\Delta^{6,9,12}$	15,3$\pm$
18:3 $\Delta^{5,9,12}$	-
18:4 $\Delta^{6,9,12,15}$	21,1$\pm$
20:2 $\Delta^{11,14}$	-
20:3 $\Delta^{8,11,14}$	-
20:4 $\Delta^{5,8,11,14}$	-
20:5 $\Delta^{5,8,11,14,17}$	-
22:4 $\Delta^{7,10,13,16}$	-
22:5 $\Delta^{7,10,13,16,19}$	-
22:6 $\Delta^{4,7,10,13,16,19}$	-

La Tabla 6 muestra la especificidad por sustrato de la elongasa OtElo2 en comparación con distintos ácidos grasos.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pOTE2 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC. Cada valor describe el valor medio (n=3) $\pm$ desviación estándar.

La actividad enzimática que se especifica en la Tabla 6 muestra claramente que OTELO2 es una Δ^6 -elongasa.

Ejemplo 19: Clonación de genes de *Thalassiosira pseudonana*

Mediante búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes elongasa citados en la solicitud con actividad de Δ^5 -elongasa o actividad de Δ^6 -elongasa pudieron identificarse dos secuencias con motivos correspondientes en un banco de datos de secuencias de *Thalassiosira pseudonana* (secuencias genómicas). A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos
TpELO1 (Δ^5 -elongasa)	43	358
TpELO2 (Δ^5 -elongasa)	59	358
TpELO3 (Δ^6 -elongasa)	45	272

Se cultivó un cultivo de 2 l de *T. pseudonana* en medio f/2 (Guillard, R.R.L. 1975. Culture of phytoplankton for feeding marine invertebrates. In Culture of Marine Invertebrate Animals (Eds. Smith, W.L. y Chanley, M.H.), Plenum Press, Nueva York, pp 29-60) durante 14 d (= días) con una intensidad de la luz de 80 E/cm². Después de la centrifugación de las células se aisló ARN con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Quiagen (Valencia, CA, EE.UU.) según indicaciones del fabricante. El ARNm se transcribió de forma inversa con el kit Marathon cDNA Amplification (BD Biosciences) y se ligó con adaptadores correspondientemente a las indicaciones del fabricante. Entonces se usó el banco de ADNc para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión mediante 5'- y 3'-RACE (amplificación rápida de extremos de ADNc).

Ejemplo 20: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

Los pares de cebadores correspondientes se seleccionaron de forma que llevaran la secuencia consenso de

levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292), además del codón de iniciación. La amplificación de ADN de TpElo se realizó respectivamente con 1 µl de ADNc, dNTP 200 µM, 2,5 U de polimerasa *Advantage* y 100 pmol de cada uno de los cebadores en un volumen total de 50 µl. Las condiciones para la PCR fueron del siguiente modo: Primera desnaturalización a 95 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos a 94 °C durante 30 segundos, 55 °C durante 1 minuto y 72 °C durante 2 minutos, así como una última etapa de extensión a 72 °C durante 10 minutos.

Para la clonación de la secuencia para la expresión heteróloga en levaduras se usaron los siguientes oligonucleótidos para la reacción de PCR:

Nombre del gen y SEQ ID NO:	Secuencia de cebador
TpELO1 (Δ5-elongasa), SEQ ID NO: 59	F:5'-accatgtgctcaccaccgccgctc (SEQ ID NO: 158)
	R:5'- ctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 159)
TpELO2 (Δ5-elongasa), SEQ ID NO: 85	F:5'-accatgtgctcatcaccgccgctc (SEQ ID NO: 160)
	R:5'-ctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 161)
TpELO3 (Δ6-elongasa), SEQ ID NO: 45	F:5'-accatggacgcctacaacgctgc (SEQ ID NO: 162)
	R:5'- ctaagcactcttcttctt (SEQ ID NO: 163)
*F=cebador directo, R=cebador inverso	

Los productos de PCR se incubaron durante 30 min a 21 °C con el vector de expresión en levadura - pYES2.1-TOPO (Invitrogen) según indicaciones del fabricante. A este respecto, el producto de PCR se liga en el vector mediante un nucleótido protuberante T y la actividad de una topoisomerasa (Invitrogen). Después de la incubación se realizó entonces la transformación de células DH5α de E. coli. Se identificaron los clones correspondientes mediante PCR, se aisló el ADN de plásmido mediante el kit Qiagen DNAeasy y se verificó mediante secuenciación. La secuencia correcta se transformó entonces mediante electroporación (1500 V) en la cepa de *Saccharomyces* INVSc1 (Invitrogen). Para el control, el vector vacío pYES2.1 se transformó en paralelo. A continuación se sembraron las levaduras en medio mínimo completo sin uracilo con 2 % de glucosa. Las células que fueron capaces de crecer en el medio sin uracilo contienen, por tanto, los plásmidos correspondientes pYES2.1, pYES2.1-TpELO1, pYES2.1-TpELO2 y pYES2.1-TpELO3. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron dos transformantes para la expresión funcional adicional.

Ejemplo 21: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

Para la transformación de plantas se genera un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron en los extremos 5' y 3' de la secuencia codificante con el siguiente par de cebadores:

PSUN-TPELO1

Directo: 5'-GCGGCCGCaccatgtgctcaccaccgccgctc (SEQ ID NO: 152)
Inverso: 3'-GCGGCCGCctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 153)

PSUN-TPELO2

Directo: 5'-GCGGCCGCaccatgtgctcatcaccgccgctc (SEQ ID NO: 154)
Inverso: 3'-GCGGCCGCctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 155)

PSUN-TPELO3

Directo: 5'-GCGGCCGCaccatggacgcctacaacgctgc (SEQ ID NO: 156)
Inverso: 3'-GCGGCCGCctaagcactcttcttctt (SEQ ID NO: 157)

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

5,00 µl de ADNc de molde
5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
5,00 µl de dNTP 2 mM
1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C
 Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
 Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
 Número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubaba de forma similar. A continuación se separan los productos de PCR, así como el vector de 7624 pb de tamaño, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortan los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN se realiza mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos formados pSUN-TPELO1, pSUN-TPELO2 y pSUN-TPELO3 se verifican mediante secuenciación.

pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de octopinsintasa del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1-684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales. (Secuencia de cebador: 5'-GTGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3'; SEQ ID NO: 151).

El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de forma idéntica al Ejemplo 6.

Ejemplo 22: Expresión de TpELO1, TpELO2 y TpELO3 en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 4 con los plásmidos pYES2, pYES2-TpELO1, pYES2-TpELO2 y pYES2-TpELO3 se analizaron de la siguiente manera:

Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanólisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, Lipids. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, Journal of Experimental Botany. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, Arch. Biochem. Biophys. 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, FEBS Letters. 439(3):215-218.

Ejemplo 23: Caracterización funcional de TpELO1 y TpELO3

La especificidad por sustrato de TpELO1 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Fig. 9). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de TpELO1. Esto significa que el gen TpELO1 pudo expresarse funcionalmente.

La Tabla 7 muestra que TpELO1 presenta una estrecha especificidad por sustrato. TpELO1 solo pudo alargar los ácidos grasos C₂₀ ácido eicosapentaenoico y ácido araquidónico, pero preferiblemente el ácido eicosapentaenoico ω3 desaturado.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-TpELO1 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

Tabla 7: Expresión de TpELO1 en levadura. En las columnas 1 y 3 se describen las reacciones de control para las columnas 2 (alimentada con C_{20:4}^{Δ5,8,11,14} 250 μM) y 4 (alimentada C_{20:5}^{Δ5,8,11,14,17} 250 μM).

	Expresión	Expresión	Expresión	Expresión
Ácidos grasos	1	2	3	4
16:0	18,8	17,8	25,4	25,2
16:1 ^{Δ9}	28,0	29,8	36,6	36,6
18:0	5,2	5,0	6,8	6,9
18:1 ^{Δ9}	25,5	23,6	24,6	23,9
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	22,5	23,4	-	-
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	0,4	-	-
22:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	-	-	6,6	6,5
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	-	-	-	0,9
% de conversión	0	1,7	0	12,2

La especificidad por sustrato de TpElo3 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Fig. 10). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de TpElo3. Esto significa que el gen TpElo3 pudo expresarse funcionalmente.

La Tabla 8 muestra que TpElo3 presenta una estrecha especificidad por sustrato. TpElo3 solo pudo alargar los ácidos grasos C₁₈ ácido γ-linolénico y ácido estearidónico, pero preferiblemente el ácido estearidónico ω3 desaturado.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-TpELO3 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

Tabla 8: Expresión de TpELO3 en levadura. La columna 1 muestra el perfil de ácidos grasos de levadura sin alimentación. La columna 2 muestra la reacción de control. En las columnas 3 a 6 se alimentaron ácido γ-linolénico, ácido estearidónico, ácido araquidónico y ácido eicosapentaenoico (250 μM de cada ácido graso).

Ácidos grasos	1	2	3	4	5	6
16:0	17,9	20,6	17,8	16,7	18,8	18,8
16:1 ^{Δ9}	41,7	18,7	27,0	33,2	24,0	31,3
18:0	7,0	7,7	6,4	6,6	5,2	6,0
18:1 ^{Δ9}	33,3	16,8	24,2	31,8	25,5	26,4
18:2 ^{Δ9,12}	-	36,1	-	-	-	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	-	-	6,1	-	-	-
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	-	-	-	1,7	-	-
20:2 ^{Δ11,14}	-	0	-	-	-	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-	-	18,5	-	-	-
20:4 ^{Δ8,11,14,17}	-	-	-	10,0	-	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	-	-	-	-	22,5	-
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	-	-	-	0	-
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	-	-	-	-	-	17,4
22:5 ^{Δ7,13,16,19}	-	-	-	-	-	0
% de conversión	0	0	75	85	0	0

Ejemplo 24: Clonación de un plásmido de expresión para la expresión heteróloga de Pi-omega3Des en levaduras

Se clonó el clon Pi-omega3Des para la expresión heteróloga en levaduras mediante PCR con cebadores específicos de Pi-omega3Des correspondientes en el vector de expresión en levadura pYES3. A este respecto se amplificó exclusivamente el marco de lectura abierto del gen de la proteína codificante de Pi-omega3Des y se proveyó de dos sitios de escisión para la clonación en el vector de expresión pYES3:

Cebador directo: 5'-TAAGCTTACATGGCGACGAAGGAGG (SEQ ID NO: 149)

Cebador inverso: 5'-TGGATCCACTTACGTGGACTTGGT (SEQ ID NO: 150)

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

- 10 5,00 µl de ADNc de molde
- 5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
- 5,00 µl de dNTP 2 mM
- 1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl de 5'-ATG, así como del codón de parada de 3')
- 0,50 µl de polimerasa Advantage

- 15 Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

- Temperatura de adición: 1 min 55 °C
- Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
- Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
- 20 Número de ciclos: 35

- El producto de PCR se incubó durante 2 h a 37 °C con las enzimas de restricción HindIII y BamHI. El vector de expresión en levadura pYES3 (Invitrogen) se incubó de forma similar. A continuación se separó el producto de PCR de 1104 pb de tamaño, así como el vector, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN tuvo lugar mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y ADNc de desaturasa. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. El plásmido formado pYES3-Pi-omega3Des se verificó mediante secuenciación y se transformó mediante electroporación (1500 V) en la cepa de *Saccharomyces INVSc1* (Invitrogen). Para el control se transformó en paralelo pYES3. A continuación se sembraron las levaduras en medio mínimo completo sin triptófano con 2 % de glucosa. Las células que fueron capaces de crecer en el medio sin triptófano contienen, por tanto, los plásmidos correspondientes pYES3, pYES3-Pi-omega3Des. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron dos transformantes para la expresión funcional adicional.
- 25
- 30

Ejemplo 25: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

Para la transformación de plantas se generó un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron en los extremos 5' y 3' de la secuencia codificante con el siguiente par de cebadores:

PSUN-Pi-omega3Des

Inverso: 3'-GCGGCCGCTTACGTGGACTTGGTC (SEQ ID NO: 147)

Directo: 5'-GCGGCCGCGATGGCGACGAAGGAGG (SEQ ID NO: 148)

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

- 40 5,00 µl de ADNc de molde
- 5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
- 5,00 µl de dNTP 2 mM
- 1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
- 0,50 µl de polimerasa Advantage

- 45 Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

- Temperatura de adición: 1 min 55 °C
- Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
- Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
- 50 Número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incubaron durante 4 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubó de forma similar. A continuación se separaron los productos de PCR, así como el

vector de 7624 pb de tamaño, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN tuvo lugar mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. El plásmido formado pSUN-Pi-omega3Des se verificó mediante secuenciación.

5 Ejemplo 26: Expresión de Pi-omega3Des en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 24 con el plásmido pYES3 o pYES3-Pi-omega3Des se analizaron de la siguiente manera:

Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanólisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento). La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Ejemplo 27: Caracterización funcional de Pi-omega3Des

La especificidad por sustrato de Pi-omega3Des pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Figura 12 a 18). Los sustratos alimentados están presentes en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas, por lo que la captación de estos ácidos grasos en las levaduras está demostrada. Las levaduras transgénicas muestran la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de Pi-omega3Des. Esto significa que el gen Pi-omega3Des pudo expresarse funcionalmente.

La Figura 12 describe la desaturación de ácido linoleico (ácido graso ω6 C_{18:2}) a ácido α-linolénico (ácido graso ω3 C_{18:3}) mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (Figura 12 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (Figura 12 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia del ácido graso C_{18:2}^{Δ9,12} (300 µM). A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

En la Figura 13 se describe la desaturación de ácido γ-linolénico (ácido graso ω6 C_{18:3}) a ácido estearidónico (ácido graso ω3 C_{18:4}) mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (Figura 13 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (Figura 13 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia del ácido graso γ-C_{18:3}^{Δ6,9,12} (300 µM). A continuación se analizaron los FAME mediante GLC. La Figura 14 describe la desaturación del ácido graso ω6 C_{20:2} al ácido graso ω3 C_{20:3} mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (Figura 14 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (Figura 14 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia del ácido graso C_{20:2}^{Δ11,14} (300 µM). A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

La Figura 15 describe la desaturación del ácido graso ω6 C_{20:3} al ácido graso ω3 C_{20:4} mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (Figura 15 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (Figura 15 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia de ácido graso C_{20:3}Δ^{8,11,14} (300 µM). A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

En la Figura 16 se muestra la desaturación de ácido araquidónico (ácido graso ω6 C_{20:4}) a ácido eicosapentaenoico (ácido graso ω3 C_{20:5}) mediante Pi-omega3Des.

La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (Figura 16 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (Figura 16 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo en presencia del ácido graso C_{20:4}^{Δ5,8,11,14} (300 µM). A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

La Figura 17 describe la desaturación del ácido docosatetraenoico (ácido graso ω6 C_{22:4}) al ácido docosapentaenoico (ácido graso ω3 C_{22:5}) mediante Pi-omega3Des. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas que se habían transformado con el vector vacío pYES2 (Figura 17 A) o el vector pYes3-Pi-omega3Des (Figura 17 B). Las levaduras se cultivaron en medio mínimo

en presencia de ácido graso $C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$ (300 μ M). A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

La especificidad por sustrato de Pi-omega3Des en comparación con distintos ácidos grasos puede extraerse de la Figura 18. Las levaduras que se habían transformado con el vector pYes3-Pi-omega3Des se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC. Cada valor describe un valor medio de tres mediciones. Las tasas de conversión (% de desaturación) se calcularon con la fórmula:

$$[\text{producto}]/[\text{producto}]+[\text{sustrato}]*100.$$

Como puede describirse en el Ejemplo 9, Pi-omega3Des también puede usarse para la generación de plantas transgénicas. A partir de las semillas de estas plantas puede entonces tener lugar la extracción de lípidos como se describe en el Ejemplo 6.

Ejemplo 28: Clonación de genes de desaturasa de *Ostreococcus tauri*

Mediante búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de motivos conservados (cajas de His, Domergue y col. 2002, Eur. J. Biochem. 269, 4105-4113) pudieron identificarse cinco secuencias con motivos correspondientes en una base de datos de secuencias de *Ostreococcus tauri* (secuencias genómicas). A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos	Homología
OtD4	SEQ ID NO: 95	536	$\Delta 4$ -desaturasa
OtD5.1	SEQ ID NO: 91	201	$\Delta 5$ -desaturasa
OtD5.2	SEQ ID NO: 93	237	$\Delta 5$ -desaturasa
OtD6.1	SEQ ID NO: 89	456	$\Delta 6$ -desaturasa
OtFad2	SEQ ID NO: 107	361	$\Delta 12$ -desaturasa

Los alineamientos para encontrar homologías de los genes individuales se realizaron con el algoritmo tBLASTn (Altschul y col., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403 - 410).

La clonación se realizó del siguiente modo:

Se separaron por centrifugación 40 ml de un cultivo de *Ostreococcus tauri* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 μ l de agua bidest y se guardaron a -20 °C. Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los ADN genómicos correspondientes. Los pares de cebadores correspondientes se seleccionaron de forma que llevaran la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292), además del codón de iniciación. La amplificación de ADN de OtDes se realizó respectivamente con 1 μ l de células descongeladas, dNTP 200 μ M, 2,5 U de *Taq*-polimerasa y 100 pmol de cada uno de los cebadores en un volumen total de 50 μ l. Las condiciones para la PCR fueron del siguiente modo: Primera desnaturalización a 95 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos a 94 °C durante 30 segundos, 55 °C durante 1 minuto y 72 °C durante 2 minutos, así como una última etapa de extensión a 72 °C durante 10 minutos.

Se utilizaron los siguientes cebadores para la PCR:

OtDes6.1 Directo: 5'ggtaccacataatgtgcgtggagacggaaaataacg3' (SEQ ID NO: 145)

OtDes6.1 Inverso: 5'ctcagagttacgccgtcttccggagtggtggcc3' (SEQ ID NO: 146)

Ejemplo 29: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

Para la caracterización de la función de la desaturasa OtDes6.1 (= $\Delta 6$ -desaturasa) de *Ostreococcus tauri* se clonó el marco de lectura abierto del ADN en la dirección 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa de pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose el clon pYES2.1-OtDes6.1 correspondiente. De forma correspondiente pueden clonarse genes de desaturasa adicionales de *Ostreococcus*.

La cepa 334 de *Saccharomyces cerevisiae* se transformó mediante electroporación (1500 V) con el vector pYES2.1-OtDes6.1. Como control se usó una levadura que se transformó con el vector vacío pYES2. La selección de las levaduras transformadas se realizó en placas de agar con medio mínimo completo (CMdum) con 2 % de glucosa, pero sin uracilo. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron tres transformantes para la expresión funcional adicional.

Para la expresión de OtDes6.1 desaturasa se inocularon inicialmente precultivos de respectivamente 5 ml de medio líquido CMdum con 2 % (p/v) de rafinosa pero sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron 2

días a 30 °C, 200 rpm. Entonces se inocularon 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con 2 % de rafinosa y 300 µM de distintos ácidos grasos a una DO₆₀₀ de 0,05. La expresión se indujo mediante la adición de 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante 96 h adicionales a 20 °C.

Ejemplo 30: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

- 5 Para la transformación de plantas se genera un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron mediante PCR en los extremos 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las secuencias de cebadores correspondientes se derivan de las regiones 5' y 3' de desaturasas.

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

- 10 5,00 µl de ADNc de molde
5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
5,00 µl de dNTP 2 mM
1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

- 15 Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C
Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
Número de ciclos: 35

- 20 Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubaba de forma similar. A continuación se separan los productos de PCR, así como el vector, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN se realiza mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los
25 plásmidos formados se verifican mediante secuenciación.

- pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de *Ostreococcus* del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1 a 684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales. (Secuencia de cebador: 5'-
30 GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 144).

- El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.
40

Ejemplo 31: Expresión de OtDes6.1 en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 4 con los plásmidos pYES2 y pYES2-OtDes6.2 se analizaron de la siguiente manera:

- 45 Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanólisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la
50 temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).
55

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos

grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Ejemplo 32: Caracterización funcional de desaturasas de *Ostreococcus*

La especificidad por sustrato de desaturasas puede determinarse después de la expresión en levadura (véanse los ejemplos Clonación de genes de desaturasa, expresión en levadura) por alimentación mediante distintas levaduras. Descripciones de la determinación de actividades individuales se encuentran en los documentos WO 93/11245 para $\Delta 15$ -desaturasas, WO 94/11516 para $\Delta 12$ -desaturasas, WO 93/06712, US 5.614.393, US 5.614.393, WO 96/21022, WO 0021557 y WO 99/27111 para $\Delta 6$ -desaturasas, Qiu y col. 2001, *J. Biol. Chem.* 276, 31561-31566 para $\Delta 4$ -desaturasas, Hong y col. 2002, *Lipids* 37,863-868 para $\Delta 5$ -desaturasas.

La Tabla 9 describe la especificidad por sustrato de la desaturasa OtDes6.1 en comparación con distintos ácidos grasos. La especificidad por sustrato de OtDes6.1 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos. Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtDes6.2 (Fig. 20). Esto significa que el gen OtDes6.1 pudo expresarse funcionalmente.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-OtDes6.1 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC. Cada valor describe el valor medio ($n=3$) $\pm$ desviación estándar. La actividad se corresponde con la tasa de conversión calculada según $[\text{sustrato}/(\text{sustrato}+\text{producto}) \times 100]$.

La Tabla 9 muestra que OtDes6.1 presenta una especificidad por sustrato para ácido linoleico y linolénico ($C_{18:2}$ y $C_{18:3}$), ya que con estos ácidos grasos se alcanzan las mayores actividades. La actividad para ácido oleico ($C_{18:1}$) y ácido palmitoleico ($C_{16:1}$) es, por el contrario, claramente menor. La relación preferida de ácido linoleico y linolénico muestra la adecuación de esta desaturasa para la producción de ácidos grasos poliinsaturados.

Sustratos	Actividad en %
16:1 Δ^9	5,6
18:1 Δ^9	13,1
18:2 $\Delta^9,12$	68,7
18:3 $\Delta^9,12,15$	64,6

La Figura 20 muestra la conversión de ácido linoleico mediante OtDes6.1. El análisis de FAME se realizó mediante cromatografía de gases. El sustrato alimentado ($C_{18:2}$) se convierte en γ - $C_{18:3}$. Tanto el producto de partida como también el producto formado están marcados por flechas.

En la Figura 21 se describe la conversión de ácido linoleico (=LA) y ácido α -linolénico (=ALA) en presencia de OtDes6.1 en ácido γ -linolénico (=GLA) o ácido estearidónico (=STA) (Figura 21 A y C). Además, la Figura 21 muestra la conversión de ácido linoleico (=LA) y ácido α -linolénico (=ALA) en presencia de la $\Delta 6$ -desaturasa OtDes6.1 junto con la $\Delta 6$ -elongasa PSE1 de *Physcomitrella patens* (Zank y col. 2002, *Plant J.* 31:255-268) y la $\Delta 5$ -desaturasa PtD5 de *Phaeodactylum tricornutum* (Domergue y col. 2002, *Eur. J. Biochem.* 269, 4105-4113) en ácido dihomog- γ -linolénico (=DHGLA) y ácido araquidónico (=ARA, Figura 21 B) o en ácido dihomoeostearidónico (=DHSTA) o ácido eicosapentaenoico (=EPA, Figura 21 D). La Figura 21 muestra claramente que los productos de reacción GLA y STA de la $\Delta 6$ -desaturasa OtDes6.1 en presencia de la $\Delta 6$ -elongasa PSE1 se extienden casi cuantitativamente dando DHGLA o DHSTA. La posterior desaturación por la $\Delta 5$ -desaturasa PtD5 se realiza también sin problemas dando ARA o EPA. Se desaturan aproximadamente del 25 al 30 % del producto de extensión (Figura 21 B y D).

La siguiente Tabla 10 describe una visión general de las desaturasas de *Ostreococcus* clonadas:

Desaturasas de <i>Ostreococcus tauri</i>							
Nombre	pb	aa	Homología	Cyt. B5	Caja 1 de His	Caja 2 de His	Caja 3 de His
OtD4	1611	536	$\Delta 4$ -desaturasa	HPGG	HCANH	WRYHHQVSHH	QVEHHLFP
OtD5.1	606	201	$\Delta 5$ -desaturasa	-	-	-	QVVHHLFP
OtD5.2	714	237	$\Delta 5$ -desaturasa	-	-	WRYHHMVSHH	QIEHHLFP

(continuación)

Desaturasas de <i>Ostreococcus tauri</i>							
Nombre	pb	aa	Homología	Cyt. B5	Caja 1 de His	Caja 2 de His	Caja 3 de His
OtD6.1	1443	480	$\Delta 6$ -desaturasa	HPGG	HEGGH	WNSMHNKHH	QVIHHLFP
OtFAD2	1086	361	$\Delta 12$ -desaturasa	-	HECGH	WQRSHAVHH	HVAHH

Ejemplo 33: Clonación de genes de desaturasa de *Thalassiosira pseudonana*

- 5 Mediante búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de motivos conservados (cajas de His, véase Motivos) pudieron identificarse seis secuencias con motivos correspondientes en un banco de datos de secuencias de *Thalassiosira pseudonana* (secuencias genómicas). A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos	Homología
TpD4	SEQ ID NO: 103	503	$\Delta 4$ -desaturasa
TpD5-1	SEQ ID NO: 99	476	$\Delta 5$ -desaturasa
TpD5-2	SEQ ID NO: 101	482	$\Delta 5$ -desaturasa
TpD6	SEQ ID NO: 97	484	$\Delta 6$ -desaturasa
TpFAD2	SEQ ID NO: 109	434	$\Delta 12$ -desaturasa
TpO3	SEQ ID NO: 105	418	$\omega 3$ -desaturasa

La clonación se realizó del siguiente modo:

- 10 Se separaron por centrifugación 40 ml de un cultivo de *Thalassiosira pseudonana* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 μ l de agua bidest y se guardaron a -20°C . Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los ADN genómicos correspondientes. Los pares de cebadores correspondientes se seleccionaron de forma que llevaran la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292), además del codón de iniciación. La amplificación de ADN de TpDes se realizó respectivamente con 1 μ l de células descongeladas, dNTP 200 μ M, 2,5 U de Taq-polimerasa y 100 pmol de cada uno de los cebadores en un volumen total de 50 μ l. Las condiciones para la PCR fueron del siguiente modo: Primera desnaturalización a 95°C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos a 94°C durante 30 segundos, 55°C durante 1 minuto y 72°C durante 2 minutos, así como una última etapa de extensión a 72°C durante 10 minutos.

Ejemplo 34: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

- 20 Para la caracterización de la función de las desaturasas de *Thalassiosira pseudonana* se clona el marco de lectura abierto del ADN respectivo en la dirección 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa de pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose el clon pYES2.1 correspondiente.

- 25 La cepa 334 de *Saccharomyces cerevisiae* se transforma mediante electroporación (1500 V) con los vectores pYES2.1-Tp-desaturasas. Como control se usa una levadura que se transforma con el vector vacío pYES2. La selección de las levaduras transformadas se realiza en placas de agar con medio mínimo completo (CMdum) con 2 % de glucosa, pero sin uracilo. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron tres transformantes para la expresión funcional adicional.

- 30 Para la expresión de desaturasas de Tp se inocularon inicialmente precultivos de respectivamente 5 ml de medio líquido CMdum con 2 % (p/v) de rafinosa pero sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron 2 días a 30°C , 200 rpm. Luego se inoculan 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con 2 % de rafinosa y 300 μ M de distintos ácidos grasos con los precultivos a una DO_{600} de 0,05. La expresión se induce mediante la adición de 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incuban durante 96 h adicional a 20°C .

Ejemplo 35: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

- 35 Para la transformación de plantas se genera un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron mediante PCR en los extremos 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las secuencias de cebadores correspondientes se derivan de las regiones 5' y 3' de desaturasas.

Composición de la mezcla de PCR (50 μ l):

5,00 μ l de ADNc de molde
5,00 μ l de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl_2 25 mM

5,00 µl de dNTP 2 mM
 1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
 0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

5 Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C
 Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
 Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
 Número de ciclos: 35

10 Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubaba de forma similar. A continuación se separan los productos de PCR, así como el vector, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN se realiza mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los
 15 plásmidos formados se verifican mediante secuenciación.

pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen OCS del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1 a 684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales. (Secuencia de cebador: 5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCCGGATCTGCTGGCTATGAA-3'; SEQ ID NO: 143)

El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/SalI y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

Ejemplo 36: Expresión de Tp-desaturasas en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 4 con los plásmidos pYES2 y pYES2-Tp-desaturasas se analizan de la siguiente manera:

Se recolectan las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavan con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se producen ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanolisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incuban con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavan en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secan las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporan bajo argón y se recogen en 100 µl de PE. Las muestras se separan en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC son del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realiza mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, Lipids. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, Journal of Experimental Botany. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, Arch. Biochem. Biophys. 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, FEBS Letters. 439(3):215-218.

Ejemplo 37: Caracterización funcional de desaturasas de *Thalassiosira pseudonana*

La especificidad por sustrato de desaturasas puede determinarse después de la expresión en levadura (véanse los ejemplos Clonación de genes de desaturasa, expresión en levadura) por alimentación mediante distintas levaduras. Descripciones de la determinación de actividades individuales se encuentran en los documentos WO 93/11245 para Δ15-desaturasas, WO 94/11516 para Δ12-desaturasas, WO 93/06712, US 5.614.393, US5614393, WO 96/21022, WO 0021557 y WO 99/27111 para Δ6-desaturasas, Qiu y col. 2001, J. Biol. Chem. 276, 31561-31566 para Δ4-desaturasas, Hong y col. 2002, Lipids 37,863-868 para Δ5-desaturasas.

La actividad de las desaturasas individuales se calcula a partir de la tasa de conversión según la fórmula

[sustrato/(sustrato+producto)*100].

Las siguientes Tablas 11 y 12 describen una visión general de las desaturasas de *Thalassiosira pseudonana* clonadas.

Tabla 11: Longitud y rasgos característicos de las desaturasas de *Thalassiosira* clonadas.

Desaturasa	ADNc (pb)	Proteína (aa)	Cyt. B5	Caja 1 de His	Caja 2 de His	Caja 3 de His
TpD4	1512	503	HPGG	HDGNH	WELQHMLGHH	QIEHHLFP
TpD5-1	1431	476	HPGG	HDANH	WMAQHWTHH	QVEHHLFP
TpD5-2	1443	482	HPGG	HDANH	WLAQHWTHH	QVEHHLFP
TpD6	1449	484	HPGG	HDFLH	WKNKHNGHH	QVDHHLFP
TpFAD2 (d12)	1305	434	-	HECGH	HAKHH	HVAHHLFH
TpO3	1257	419	-	HDAGH	WLFMVTYLQH H	HVVHHLF

5

Tabla 12: Longitud, exones, homología e identidades de las desaturasas clonadas.

Des.	GDN A (pb)	Exón 1	Exón 2	Primer éxito de Blast	Hom./Iden.
TpD4	2633	496-1314	1571-2260	D4-des de <i>Thrautochitrium</i>	56 %/43 %
TpD5-1	2630	490-800	900-2019	D5-des de <i>Phaeodactylum</i>	74 %/62 %
TpD5-2	2643	532-765	854-2068	D5-des de <i>Phaeodactylum</i>	72 %/61 %
TpD6	2371	379-480	630-1982	D6-des de <i>Phaeodactylum</i>	83 %/69 %
TpFAD2	2667	728-2032	-	FAD2 de <i>Phaeodactylum</i>	76 %/ 61 %
TpO3	2402	403-988	1073-1743	Fad2 de <i>Caenorhabditis</i>	49 %/28 %

Los genes $\Delta 12$ -desaturasa de *Ostreococcus* y *Thalassiosira* pueden clonarse análogamente a los ejemplos previamente mencionados.

10 Ejemplo 38: Clonación de genes de elongasa de *Xenopus laevis* y *Ciona intestinalis*

Mediante búsqueda de regiones conservadas (véanse las secuencias consenso, SEQ ID NO: 115 y SEQ ID NO: 116) en las secuencias de proteínas en bancos de datos genéticos (Genbank) con ayuda de los genes elongasa citados en la solicitud con actividad de $\Delta 5$ -elongasa o actividad de $\Delta 6$ -elongasa pudieron identificarse y aislarse secuencias de elongasa adicionales de otros organismos. A partir de *X. laevis* o de *C. intestinalis* pudieron identificarse respectivamente secuencias adicionales con motivos correspondientes. A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

15

Nombre del gen	Organismo	N.º de Genbank	SEQ ID NO:	Aminoácidos
ELO(XI)	<i>Xenopus laevis</i>	BC044967	117	303
ELO(Ci)	<i>Ciona intestinalis</i>	AK112719	119	290

20

Se obtuvo el clon de ADNc de *X. laevis* del NIH (Instituto Nacional de Salud) [Genetic and genomic tools for *Xenopus* research: The NIH *Xenopus* initiative, Dev. Dyn. 225 (4), 384-391 (2002)].

Se obtuvo el clon de ADNc de *C. intestinalis* de la Universidad de Kioto [Satou, Y., Yamada, L., Mochizuki, Y., Takatori, N., Kawashima, T., Sasaki, A., Hamaguchi, M., Awazu, S., Yagi, K., Sasakura, Y., Nakayama, A., Ishikawa, H., Inaba, K. y Satoh, N. "A cDNA resource from the basal chordate *Ciona intestinalis*" JOURNAL Genesis 33 (4), 153-154 (2002)].

25 Ejemplo 39: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

La amplificación de ADN de elongasa se realizó respectivamente con 1 μ l de ADNc, dNTP 200 μ M, 2,5 U de polimerasa Advantage y 100 pmol de cada uno de los cebadores en un volumen total de 50 μ l. Las condiciones para

la PCR fueron del siguiente modo: Primera desnaturalización a 95 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos a 94 °C durante 30 segundos, 55 °C durante 1 minuto y 72 °C durante 2 minutos, así como una última etapa de extensión a 72 °C durante 10 minutos.

- 5 Para la clonación de la secuencia para la expresión heteróloga en levaduras se usaron los siguientes oligonucleótidos para la reacción de PCR:

Nombre del gen y SEQ ID NO:	Secuencia de cebador
ELO(XI) SEQ ID NO: 121	F:5'- AGGATCCATGGCCTTCAAGGAGCTCACATC
SEQ ID NO: 122	R:5'- CCTCGAGTCAATGGTTTTGCTTTTCAAT-GCACCG
ELO(Ci), SEQ ID NO: 123	F:5'- TAAGCTTATGGACGTACTTCATCGT
SEQ ID NO: 124	R:5'- TCAGATCTTTAATCGGTTTTACCATT
*F=cebador directo, R=cebador inverso	

- 10 Los productos de PCR se incubaron durante 30 min a 21 °C con el vector de expresión en levadura - pYES2.1-TOPO (Invitrogen) según indicaciones del fabricante. A este respecto, el producto de PCR se liga en el vector mediante un nucleótido protuberante T y la actividad de una topoisomerasa (Invitrogen) según indicaciones del fabricante. Después de la incubación se realizó entonces la transformación de células DH5α de E. coli. Se identificaron clones correspondientes mediante PCR, se aisló el ADN de plásmido mediante el kit Qiagen DNAeasy y se verificó mediante secuenciación. La secuencia correcta se transformó entonces mediante electroporación (1500 V) en la cepa de Saccharomyces INVSc1 (Invitrogen). Para el control, el vector vacío pYES2.1 se transformó en paralelo. A continuación se sembraron las levaduras en medio mínimo completo sin uracilo con 2 % de glucosa. Las células que fueron capaces de crecer en el medio sin uracilo contienen, por tanto, los plásmidos correspondientes pYES2.1, pYES2.1-ELO(XI) y pYES2.1-ELO(Ci). Después de la selección, en cada caso se seleccionaron dos transformantes para la expresión funcional adicional.

Ejemplo 40: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

- 20 Para la transformación de plantas se genera un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron en los extremos 5' y 3' de la secuencia codificante con el siguiente par de cebadores:

pSUN-ELO(XI)

Directo: 5'-GCGGCCGCACCATGGCCTTCAAGGAGCTCACATC (SEQ ID NO: 125)

Inverso: 3'-GCGGCCGCCTTCAATGGTTTTGCTTTTCAATGCACCG (SEQ ID NO: 126)

25 pSUN-ELO(Ci)

Directo: 5'-GCGGCCGCACCATGGACGTACTTCATCGT (SEQ ID NO: 127)

Inverso: 3'-GCGGCCGCTTTAATCGGTTTTACCATT (SEQ ID NO: 128)

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

- 30 5,00 µl de ADNc de molde
5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
5,00 µl de dNTP 2 mM
1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

- 35 Condiciones de la reacción de PCR:
Temperatura de adición: 1 min 55 °C
Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
Número de ciclos: 35

- 40 Los productos de PCR se incubaron durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubó de forma similar. A continuación se separaron los productos de PCR, así como el vector de 7624 pb de tamaño, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN se realizó mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos formados pSUN-ELO(XI) y pSUN-ELO(Ci) se verificaron mediante secuenciación.
- 45

pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP [Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. *Plant Mol Biol* 25:989-994]. pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de octopinsintasa del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene *J. Mol. Appl. Genet.* 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1-684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales.

Secuencia de cebador: 5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3' (SEQ ID NO: 129).

El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de forma idéntica al Ejemplo 6.

Ejemplo 41: Expresión de ELO(XI) y ELO(Ci) en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 4 con los plásmidos pYES2, pYES2-ELO(XI) y pYES2-ELO(Ci) se analizaron de la siguiente manera:

Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanolisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8): 761-766; Sayanova y col., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Ejemplo 42: Caracterización funcional de ELO(XI) y ELO(Ci)

La especificidad por sustrato de ELO(XI) pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Figura 22). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de ELO(XI). Esto significa que el gen ELO(XI) pudo expresarse funcionalmente.

La Tabla 13 muestra que ELO(XI) presenta una amplia especificidad por sustrato. Se alargan tanto ácidos grasos C₁₈ como también C₂₀, observándose una preferencia de ácidos grasos desaturados en Δ5 y Δ6.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-ELO(XI) se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanolisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

Tabla 13: Expresión de ELO(XI) en levadura. Se describe la tasa de conversión de distintos productos de partida (alimentados respectivamente a 250 µM).

Productos de partida	Conversión de los productos de partida mediante ELO(XI) en %
16:0	3
16:1 ^{Δ9}	0
18:0	2
18:1 ^{Δ9}	0
18:2 ^{Δ9,12}	3

(continuación)

Productos de partida	Conversión de los productos de partida mediante ELO(XI) en %
18:3 Δ 6,9,12	12
18:3 Δ 5,9,12	13
18:3 Δ 9,12,15	3
18:4 Δ 6,9,12,15	20
20:3 Δ 8,11,14	5
20:4 Δ 11,14,17	13
20:4 Δ 5,8,11,14	15
20:5 Δ 5,8,11,14,17	10
22:4 Δ 7,10,13,16	0
22:6 Δ 4,7,10,13,16,19	0

La especificidad por sustrato de ELO(Ci) pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Figura 23). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de ELO(Ci). Esto significa que el gen ELO(Ci) pudo expresarse funcionalmente.

Tabla 14: Expresión de ELO(Ci) en levadura. Se describe la tasa de conversión de distintos productos de partida (alimentados respectivamente a 250 μ M).

Productos de partida	Conversión de los productos de partida por ELO(Ci) en %
16:0	0
16:1 Δ 9	0
18:0	0
18:1 Δ 9	0
18:2 Δ 9,12	23
18:3 Δ 6,9,12	10
18:3 Δ 5,9,12	38
18:3 Δ 9,12,15	25
18:4 Δ 6,9,12,15	3
20:3 Δ 8,11,14	10
20:3 Δ 11,14,17	8
20:4 Δ 5,8,11,14	10
20:5 Δ 5,8,11,14,17	15
22:4 Δ 7,10,13,16	0
22:6 Δ 4,7,10,13,16,19	0

La Tabla 14 muestra que ELO(Ci) presenta una amplia especificidad por sustrato. Se alargan tanto ácidos grasos C₁₈ como también C₂₀, observándose una preferencia de ácidos grasos desaturados en Δ 5 y Δ 6.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-ELO(Ci) se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

Ejemplo 43: Clonación de genes de *Ostreococcus tauri*

Mediante búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes de elongasa descritos en el presente documento con actividad de Δ 5-elongasa o actividad de Δ 6-elongasa pudieron identificarse en cada caso dos secuencias con motivos correspondientes en una base de datos de secuencias de *Ostreococcus tauri* (secuencias genómicas). A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos
OtELO1 ($\Delta 5$ -elongasa)	SEQ ID NO: 67	300
OtELO1.2 ($\Delta 5$ -elongasa)	SEQ ID NO: 113	300
OtELO2 ($\Delta 6$ -elongasa)	SEQ ID NO: 69	292
OtELO2.1 ($\Delta 6$ -elongasa)	SEQ ID NO: 111	292

OtElo1 y OtElo1.2 presentan la mayor similitud con una elongasa de *Danio rerio* (GenBank AAN77156; aproximadamente el 26 % de identidad), mientras que OtElo2 y OtElo2.1 presentan la mayor similitud para Elo de *Physcomitrella* (PSE) [aproximadamente el 36 % de identidad] (Los alineamientos se realizaron con el algoritmo tBLASTn (Altschul y col., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403 - 410).

La clonación de elongasas se realizó del siguiente modo:

Se separaron por centrifugación 40 ml de un cultivo de *Ostreococcus tauri* en la fase estacionaria y se resuspendieron en 100 μ l de agua bidest y se guardaron a -20 °C. Basándose en el procedimiento de PCR se amplificaron los ADN genómicos correspondientes. Los pares de cebadores correspondientes se seleccionaron de forma que llevaran la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292), además del codón de iniciación. La amplificación de ADN de OtElo se realizó respectivamente con 1 μ l de células descongeladas, dNTP 200 μ M, 2,5 U de *Taq*-polimerasa y 100 pmol de cada uno de los cebadores en un volumen total de 50 μ l. Las condiciones para la PCR fueron del siguiente modo: Primera desnaturalización a 95 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos a 94 °C durante 30 segundos, 55 °C durante 1 minuto y 72 °C durante 2 minutos, así como una última etapa de extensión a 72 °C durante 10 minutos.

Ejemplo 44: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

Para la caracterización de la función de las elongasas de *Ostreococcus tauri* se clonaron los marcos de lectura abiertos del ADN respectivo en la dirección 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa de pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose pOTE1, pOTE1.2, pOTE2 y pOTE2.1.

La cepa 334 de *Saccharomyces cerevisiae* se transformó mediante electroporación (1500 V) con el vector pOTE1, pOTE1.2, pOTE2 o pOTE2.1. Como control se usó una levadura que se transformó con el vector vacío pYES2. La selección de las levaduras transformadas se realizó en placas de agar con medio mínimo completo (CMdum) con 2 % de glucosa, pero sin uracilo. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron tres transformantes para la expresión funcional adicional.

Para la expresión de elongasas de Ot se inocularon inicialmente precultivos de respectivamente 5 ml de medio líquido CMdum con 2 % (p/v) de rafinosa pero sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron 2 días a 30 °C, 200 rpm. Entonces se inocularon 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con 2 % de rafinosa y 300 μ M de distintos ácidos grasos a una DO_{600} de 0,05. La expresión se indujo mediante la adición de 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante 96 h adicionales a 20 °C.

Ejemplo 45: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

Para la transformación de plantas se generó un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron mediante PCR en los extremos 5' y 3' de las secuencias codificantes. Las secuencias de cebadores correspondientes se derivaron de las regiones 5' y 3' de OtElo1, OtElo1.2, OtElo2 y OtElo2.1.

Composición de la mezcla de PCR (50 μ l):

- 5,00 μ l de ADNc de molde
- 5,00 μ l de 10x tampón (polimerasa Advantage) + $MgCl_2$ 25 mM
- 5,00 μ l de dNTP 2 mM
- 1,25 μ l de cada cebador (10 pmol/ μ l)
- 0,50 μ l de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

Condiciones de la reacción de PCR:

- Temperatura de adición: 1 min 55 °C
- Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
- Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
- Número de ciclos: 35

Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en

plantas pSUN300-USP se incubó de forma similar. A continuación se separaron los productos de PCR, así como el vector, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN se realizó mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligaron el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. Los plásmidos formados pSUN-OtELO1, pSUN-OtELO1.2, pSUN-OtELO2 y pSUN-OtELO2.2 se verificaron mediante secuenciación.

pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP [Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. *Plant Mol Biol* 25:989-994]. pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de *Ostreococcus* del plásmido Ti de *A. tumefaciens* (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the *Agrobacterium tumefaciens* Ti plasmid-encoded octopine synthase gene *J. Mol. Appl. Genet.* 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1 a 684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales.

Secuencia de cebador:

5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCCGGATCTGCTGGCTATGAA-3'). (SEQ ID NO: 130)

El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, colza, tabaco y semillas de lino.

Ejemplo 46: Expresión de OtELO1, OtELO1.2, OtELO2 y OtELO2.2 en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 15 con los plásmidos pYES3, pYES3-OtELO1, pYES3-OtELO1.2, pYES3-OtELO2 y pYES3-OtELO2.2 se analizaron de la siguiente manera:

Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanólisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Ejemplo 47: Caracterización funcional de OtELO1, OtELO1.2, OtELO2 y OtELO2.1

La especificidad por sustrato de OtELO1 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Tabla 15). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtELO1. Esto significa que el gen OtELO1 pudo expresarse funcionalmente.

La Tabla 15 muestra que OtELO1 u OtELO1.2 presentan una estrecha especificidad por sustrato. OtELO1 u OtELO1.2 solo pudieron alargar los ácidos grasos C₂₀ ácido eicosapentaenoico (Figura 24A, 24B) y ácido araquidónico (Figura 25A, 25B), pero preferiblemente el ácido eicosapentaenoico ω₃ desaturado.

La Tabla 15 muestra la especificidad por sustrato de la elongasa OtELO1 y OtELO1.2 para ácidos grasos C₂₀ poliinsaturados con un doble enlace en la posición Δ₅ en comparación con distintos ácidos grasos.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pOTE1 o pOTE1.2 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

La especificidad por sustrato de OtELO2 (SEQ ID NO: 81), OtELO2.1 (SEQ ID NO: 111) pudo determinarse después

de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Tab. 16). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de OtElo2. Esto significa que los genes OtElo2 y OtElo2.1 pudieron expresarse funcionalmente.

5

Tabla 15:

Sustrato de ácido graso	Conversión (en %) de OtElo1	Conversión (en %) de OtElo1.2
16:0	-	-
16:1 ^{Δ9}	-	-
18:0	-	-
18:1 ^{Δ9}	-	-
18:1 ^{Δ11}	-	-
18:2 ^{Δ9,12}	-	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	-	-
18:3 ^{Δ5,9,12}	-	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	10,8 ± 0,6	38,0
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	46,8 ± 3,6	68,6
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	-
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	-	-

La Tabla 16 muestra la especificidad por sustrato de la elongasa OtElo2 y OtElo2.1 en comparación con distintos ácidos grasos. OtElo2.1 muestra una actividad claramente mayor.

Las levaduras que se habían transformado con el vector pOTE2 o pOTE2.1 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanolisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC.

10

La actividad enzimática, que se describe en la Tabla 16, muestra claramente que OtElo2 u OtElo2.1 es una Δ6-elongasa.

Tabla 16:

Sustrato de ácido graso	Conversión (en %) de OtElo2	Conversión (en %) de OtELO2.2
16:0	-	-
16:1 ^{Δ9}	-	-
16:3 ^{Δ7,10,13}	-	-
18:0	-	-
18:1 ^{Δ6}	-	-
18:1 ^{Δ9}	-	-
18:1 ^{Δ11}	-	-
18:2 ^{Δ9,12}	-	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	15,3	55,7
18:3 ^{Δ5,9,12}	-	-
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	21,1	70,4
20:2 ^{Δ11,14}	-	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	-	-
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	-	-
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	-
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	-	-
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	-	-

La Figura 24 A - D muestra el alargamiento de ácido eicosapentaenoico mediante OtElo1 (B) u OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto de alargamiento (C_{22:5} ω3).

La Figura 25 A - D muestra el alargamiento de ácido araquidónico mediante OtElo1 (B) u OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto de alargamiento (C_{22:4} ω6).

5 Ejemplo 48: Clonación de genes de elongasa de *Euglena gracilis* y *Arabidopsis thaliana*

Mediante búsqueda de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes elongasa citados en la solicitud con actividad de Δ5-elongasa o actividad de Δ6-elongasa pudieron identificarse secuencias de *Arabidopsis thaliana* o *Euglena gracilis* con motivos correspondientes en bandos de datos de secuencias (Genbank, *Euglena* EST Bank). A este respecto se trata de las siguientes secuencias:

Nombre del gen	SEQ ID	Aminoácidos
EGY1019 (<i>E. gracilis</i>)	SEQ ID NO: 131	262
EGY2019 (<i>E. gracilis</i>)	SEQ ID NO: 133	262
At3g06460 (<i>A. thaliana</i>)	SEQ ID NO: 135	298
At3g06470 (<i>A. thaliana</i>)	SEQ ID NO: 137	278

10

La clonación de elongasas de *Euglena gracilis* se realizó del siguiente modo:

Se obtuvo la cepa 1224-5/25 de *Euglena gracilis* de la Sammlung für Algenkulturen Göttingen (SAG). Para el aislamiento, la cepa se cultivó en medio II (Calvayrac R y Douce R, FEBS Letters 7:259-262, 1970) durante 4 días a 23 °C con un intervalo de luz/oscuridad de 8 h/16 h (35 mol s⁻¹ m⁻² de intensidad de la luz).

15 Se aisló ARN total de un cultivo de *Euglena* de cuatro días con ayuda del kit RNAeasy de la empresa Qiagen (Valencia, CA, EE.UU.). A partir del ARN total se aisló poli-A⁺ ARN (ARNm) con ayuda de oligo-dT-celulosa (Sambrook y col., 1989). El ARN se transcribió de forma inversa con el kit Reverse Transcription System de Promega y el ADNc sintetizado se clonó en el vector lambda ZAP (lambda ZAP Gold, Stratagene). Correspondientemente a las instrucciones del fabricante, el ADNc se desempaquetó dando el ADN de plásmido y los clones se secuenciaron para secuenciación aleatoria. A partir del ARN total se aisló ARNm con ayuda del sistema de aislamiento PolyATtract (Promega). El ARNm se transcribió de forma inversa con el kit Marathon cDNA Amplification (BD Biosciences) y se ligó con los adaptadores correspondientemente a las instrucciones del fabricante. Entonces se usó el banco de ADNc para la PCR para la clonación de plásmidos de expresión mediante 5'- y 3'-RACE (amplificación rápida de extremos de ADNc).

25 La clonación de elongasas de *Arabidopsis thaliana* se realizó del siguiente modo:
A partir del ADN genómico, cebadores para los dos genes se derivaron correspondientemente en los extremos 5' y 3' del marco de lectura abierto.

30 Para aislar el ARN total de *A. thaliana* se procedió según Chirgwin y col., (1979). Hojas de plantas de 21 días de edad se trituraron con mortero en nitrógeno líquido, se mezclaron con tampón de rotura y se incubaron durante 15 min a 37 °C. Después de la centrifugación (10 min, 4 °C, 12000 x g), el ARN en el sobrenadante precipitó con 0,02 volúmenes de acetato de sodio 3 M a pH 5,0 y 0,75 volúmenes de etanol a -20 °C durante 5 h. Entonces, el ARN se recogió después de otra etapa de centrifugación en 1 ml de TES por g de material de partida, se extrajo una vez con un volumen de fenol-cloroformo y una vez con un volumen de cloroformo y el ARN precipitó con LiCl 2,5 M. Después de la centrifugación posterior y el lavado con etanol al 80 %, el ARN se resuspendió en agua. El ADNc se sintetizó correspondientemente a Sambrook y col. 1989 y se realizó la RT-PCR con los cebadores derivados. Los productos de PCR se clonaron en el vector pYES2.1-TOPO (Invitrogen) según indicaciones del fabricante.

Ejemplo 49: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

40 Para la caracterización de la función de las elongasas de *A. thaliana* se clonaron los marcos de lectura abiertos del ADN respectivo en la dirección 3' del promotor GAL1 inducible por galactosa de pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen), obteniéndose pAt60 y pAt70.

45 La cepa 334 de *Saccharomyces cerevisiae* se transformó mediante electroporación (1500 V) con el vector pAt60 o pAt70. Como control se usó una levadura que se transformó con el vector vacío pYES2.1. La selección de las levaduras transformadas se realizó en placas de agar con medio mínimo completo (CMdum) con 2 % de glucosa, pero sin uracilo. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron tres transformantes para la expresión funcional adicional.

Para la expresión de elongasas de *At* se inocularon inicialmente precultivos de respectivamente 5 ml de medio líquido CMdum con 2 % (p/v) de rafinosa pero sin uracilo con los transformantes seleccionados y se incubaron 2 días a 30 °C, 200 rpm.

Entonces se inocularon 5 ml de medio líquido CMdum (sin uracilo) con 2 % de rafinosa y 300 μ M de distintos ácidos grasos a una DO₆₀₀ de 0,05. La expresión se indujo mediante la adición de 2 % (p/v) de galactosa. Los cultivos se incubaron durante 96 h adicionales a 20 °C.

Ejemplo 50: Expresión de pAt60 y pAt70 en levaduras

Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 5 con los plásmidos pYES2.1, pAt60 o pAt70 se analizaron de la siguiente manera:

Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanólisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 μ l de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 μ m, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Ejemplo 51: Caracterización funcional de pAt60 y pAt70

La especificidad por sustrato de las elongasas At3g06460 o At3g06470 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Tabla 17, Figura 26). Los sustratos alimentados pueden detectarse en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de genes At3g06460 o At3g06470. Esto significa que estos genes pudieron expresarse funcionalmente.

Tabla 17: Alargamiento de EPA mediante las elongasas At3g06460 o At3g06470. Medición de los extractos de levadura después de la alimentación con EPA 250 μ M.

Gen	Ácido graso alimentado	Contenido de C20:5n-3	Contenido de C22:5n-3
At3g06460	EPA (C20:5n-3)	20,8	0,6
At3g06460	EPA (C20:5n-3)	25,4	1,1
Tasa de conversión de EPA		At3g06460: 3,0 %	At3g06470: 4,1 %

La Figura 26 describe el alargamiento de C_{20:5} n-3 mediante las elongasas At3g06470.

Ejemplo 52: Clonación de una elongasa de *Phaeodactylum tricornutum*

A partir de regiones conservadas en las secuencias de proteínas con ayuda de los genes elongasa citados en la solicitud con actividad de $\Delta 6$ -elongasa se produjeron cebadores degenerados y con estos se cribó un banco de ADNc de *Phaeodactylum*. Se utilizaron las siguientes secuencias de cebadores:

Nombre del cebador	Orientación de secuencia 5'-3'	Aminoácidos correspondientes
Phaelo directo1	AA(C/T)CTUCTUTGGCTUTT(C/T)TA (SEQ ID NO. 185)	NLLWLFY
Phaelo inverso1	GA(C/T)TGUAC(A/G)AA(A/G)AA(C/T)TGUG C(A/G)AA (SEQ ID NO. 186)	FAQFFVQS

Las bases nucleotídicas entre paréntesis significan que está presente una mezcla de oligonucleótidos con respectivamente la una o la otra base nucleotídica.

Preparación del banco de ADNc de *Phaeodactylum*:

Se cultivó un cultivo de 2 l de *P. tricornutum* UTEX 646 en medio f/2 (Guillard, R.R.L. 1975. Culture of phytoplankton for feeding marine invertebrates. En *Culture of Marine Invertebrate Animals* (Eds. Smith, W.L. y Chanley, M.H.), Plenum Press, Nueva York, pp 29-60) durante 14 d (= días) con una intensidad de la luz de 35 E/cm². Células

congeladas se trituraron después de la centrifugación en presencia de nitrógeno líquido dando un polvo fino y se resuspendieron con 2 ml de tampón de homogeneización (sorbitol 0,33 M, NaCl 0,3 M, EDTA 10 mM, EGTA 10 mM, 2 % de SDS, 2 % de mercaptoetanol en Tris-Cl 0,2 M a pH 8,5). Después de la adición de 4 ml de fenol y 2 ml de cloroformo se agitó vigorosamente 15 min a 40-50 °C. A continuación se centrifugó (10 min x 10000 g) y la fase acuosa se extrajo escalonadamente con cloroformo. Entonces los ácidos nucleicos se precipitaron mediante la adición de 1/20 de volumen de disolución 4 M de hidrogenocarbonato de sodio y se centrifugaron. El sedimento se recogió en Tris-borato 80 mM a pH 7,0 y EDTA 1 mM y el ARN se precipitó con cloruro de litio 8 M. Después de la centrifugación y el lavado con etanol al 70 %, el sedimento de ARN se recogió con agua libre de Rnasa. Se aisló poli(A)-ARN con Dynabeads (Dynal, Oslo, Noruega) según indicaciones del fabricante y se realizó la síntesis de ADNc de la primera cadena con MLV-Rtase de Roche (Mannheim). La síntesis de la segunda cadena se realizó entonces mediante ADN polimerasa I y fragmento de Klenow, seguido de una digestión con Rnasa H. El ADNc se trató con ADN polimerasa T4 y a continuación se unieron adaptadores de EcoRI/XhoI (Pharmacia, Friburgo) mediante T4 ligasa. Después de la digestión con XhoI, fosforilación y separación en gel, los fragmentos de más de 300 pb se ligaron en los fagos lambda ZAP Express (Stratagene, Ámsterdam, Los Países Bajos) correspondientemente a las instrucciones del fabricante. Después de la escisión en masa del banco de ADNc y la recuperación de plásmido, el banco de plásmidos se transformó en células DH10B de E. coli y se utilizó para el cribado por PCR.

Mediante los cebadores degenerados anteriormente mencionados pudo regenerarse el fragmento de PCR con el número de secuencia SEQ ID NO: 187.

Este fragmento se marcó con digoxigenina (Roche, Mannheim) y se usó como sonda para el cribado del banco de fagos.

Con ayuda de la secuencia SEQ ID NO: 187 pudo obtenerse la secuencia génica SEQ ID NO: 183, que representa la molécula de ARN de longitud completa de la Δ6-elongasa de *Phaeodactylum*.

Ejemplo 53: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión heteróloga en levaduras

Los pares de cebadores correspondientes se seleccionaron de forma que llevaran la secuencia consenso de levadura para la traducción altamente eficaz (Kozak, Cell 1986, 44:283-292), además del codón de iniciación. La amplificación de ADN de PtELO6 se realizó respectivamente con 1 µl de ADNc, dNTP 200 µM, 2,5 U de polimerasa Advantage y 100 pmol de cada uno de los cebadores en un volumen total de 50 µl. Las condiciones para la PCR fueron del siguiente modo: Primera desnaturalización a 95 °C durante 4 minutos, seguida de 30 ciclos a 94 °C durante 30 segundos, 55 °C durante 1 minuto y 72 °C durante 2 minutos, así como una última etapa de extensión a 72 °C durante 10 minutos.

Para la clonación de la secuencia para la expresión heteróloga en levaduras se usaron los siguientes oligonucleótidos para la reacción de PCR:

Nombre del gen y SEQ ID NO:	Secuencia de cebador
PtELO6 (SEQ ID NO: 183)	F:5'-GCGGCCGCACATAATGATGGTACCTTCAAG (SEQ ID NO: 188)
	R:3'- GAAGACAGCTTAATAGACTAGT (SEQ ID NO: 189)
*F=cebador directo, R=cebador inverso	

Los productos de PCR se incubaron durante 30 min a 21 °C con el vector de expresión en levadura - pYES2.1-TOPO (Invitrogen) según indicaciones del fabricante. A este respecto, el producto de PCR (véase SEQ ID NO: 192) se ligó en el vector mediante un nucleótido protuberante T y la actividad de una topoisomerasa (Invitrogen). Después de la incubación se realizó entonces la transformación de células DH5α de E. coli. Se identificaron clones correspondientes mediante PCR, se aisló el ADN de plásmido mediante el kit Qiagen DNAeasy y se verificó mediante secuenciación. La secuencia correcta se transformó entonces mediante electroporación (1500 V) en la cepa de *Saccharomyces INVSc1* (Invitrogen). Para el control, el vector vacío pYES2.1 se transformó en paralelo. A continuación se sembraron las levaduras en medio mínimo completo sin uracilo con 2 % de glucosa. Las células que fueron capaces de crecer en el medio sin uracilo contienen, por tanto, los plásmidos correspondientes pYES2.1 y pYES2.1-PtELO6. Después de la selección, en cada caso se seleccionaron dos transformantes para la expresión funcional adicional.

Ejemplo 54: Clonación de plásmidos de expresión para la expresión específica de semilla en plantas

Para la transformación de plantas se genera un vector de transformación adicional basado en pSUN-USP. Para esto, los sitios de escisión NotI se introdujeron en los extremos 5' y 3' de la secuencia codificante con el siguiente par de cebadores:

PSUN-PtELO6

Directo: 5'-GCGGCCGCACCATGATGGTACCTTCAAGTTA (SEQ ID NO: 190)
Inverso: 3'-GAAGACAGCTTAATAGGCGGCCGC (SEQ ID NO: 191)

Composición de la mezcla de PCR (50 µl):

- 5 5,00 µl de ADNc de molde
5,00 µl de 10x tampón (polimerasa Advantage) + MgCl₂ 25 mM
5,00 µl de dNTP 2 mM
1,25 µl de cada cebador (10 pmol/µl)
0,50 µl de polimerasa Advantage

Se utilizó la polimerasa Advantage de Clontech.

- 10 Condiciones de la reacción de PCR:

Temperatura de adición: 1 min 55 °C
Temperatura de desnaturalización: 1 min 94 °C
Temperatura de extensión: 2 min 72 °C
Número de ciclos: 35

- 15 Los productos de PCR se incuban durante 16 h a 37 °C con la enzima de restricción NotI. El vector de expresión en plantas pSUN300-USP se incubaba de forma similar. A continuación se separan los productos de PCR, así como el vector de 7624 pb de tamaño, mediante electroforesis en gel de agarosa y se cortaron los fragmentos de ADN correspondientes. La purificación del ADN se realiza mediante el kit Qiagen Gel Purification según instrucciones del fabricante. A continuación se ligan el vector y los productos de PCR. Para esto se usó el kit Rapid Ligation de Roche. El plásmido formado pSUN-PtELO se verificó mediante secuenciación.

- 25 pSUN300 es un derivado del plásmido pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP se formó a partir de pSUN300, insertándose en pSUN300 el promotor USP como fragmento de EcoRI. La señal de poliadenilación es la del gen de octopinsintasa del plásmido Ti de A. tumefaciens (terminador ocs, acceso de Genbank V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. y Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). El promotor USP se corresponde con los nucleótidos 1-684 (acceso de Genbank X56240), estando contenido en el promotor una parte de la región no codificante del gen de USP. El fragmento de promotor de 684 pares de bases de tamaño se amplificó mediante cebadores estándar de T7 comerciales (Stratagene) y con ayuda de un cebador sintetizado mediante una reacción de PCR según procedimientos convencionales. (Secuencia de cebador: 5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3'; SEQ ID NO: 151).

- 35 El fragmento de PCR se cortó de nuevo con EcoRI/Sall y se utilizó en el vector pSUN300 con terminador OCS. Se formó el plásmido con el nombre pSUN-USP. La construcción se usó para la transformación de Arabidopsis thaliana, colza, tabaco y semillas de lino.

La extracción de lípidos de levaduras y semillas se realizó de forma idéntica al Ejemplo 6.

Ejemplo 55: Expresión de PtELO en levaduras

- Levaduras que se transformaron como en el Ejemplo 4 con los plásmidos pYES2 y pYES2-PtELO6 se analizaron de la siguiente manera:
- 40 Se recolectaron las células de levadura de los cultivos principales mediante centrifugación (100 x g, 5 min, 20 °C) y se lavaron con NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, para eliminar el medio residual y los ácidos grasos. A partir de los sedimentos celulares de levadura se produjeron ésteres metílicos de ácidos grasos (FAME) mediante metanólisis ácida. Para esto, los sedimentos celulares se incubaron con 2 ml de ácido sulfúrico metanólico 1 N y 2 % (v/v) de dimetoxipropano durante 1 h a 80 °C. La extracción de los FAME se realizó extrayendo dos veces con éter de petróleo (PE). Para la eliminación de ácidos grasos no derivatizados, las fases orgánicas se lavaron en cada caso una vez con 2 ml de NaHCO₃ 100 mM, pH 8,0, y 2 ml de agua dest. A continuación se secaron las fases de PE con Na₂SO₄, se evaporaron bajo argón y se recogieron en 100 µl de PE. Las muestras se separaron en una columna capilar DB-23 (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) en un cromatógrafo de gases 6850 de Hewlett-Packard con detector de ionización de llama. Las condiciones para el análisis de GLC fueron del siguiente modo: Se programó la
- 50 temperatura del horno de 50 °C a 250 °C con una tasa de 5 °C/min y finalmente 10 min a 250 °C (mantenimiento).

La identificación de las señales se realizó mediante comparación de los tiempos de retención con patrones de ácidos grasos correspondientes (Sigma). La metodología se describe, por ejemplo, en Napier y Michaelson, 2001, Lipids. 36(8):761-766; Sayanova y col., 2001, Journal of Experimental Botany. 52(360):1581-1585, Sperling y col., 2001, Arch. Biochem. Biophys. 388(2):293-298 y Michaelson y col., 1998, FEBS Letters. 439(3):215-218.

- 55 **Ejemplo 56: Caracterización funcional de PtELO6**

En la Figura 29 se describe la conversión de $C_{18:3}^{\Delta 6,9,12}$ y $C_{18:4}^{\Delta 6,9,12,15}$. Los sustratos se alargan en cada caso dos átomos de carbono, se forman respectivamente los ácidos grasos $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$ o $C_{20:4}^{\Delta 8,11,14,17}$. La especificidad por sustrato de PtELO6 pudo determinarse después de la expresión y alimentación de distintos ácidos grasos (Fig. 30). Los sustratos alimentados pueden detectarse en grandes cantidades en todas las levaduras transgénicas. Las levaduras transgénicas mostraron la síntesis de nuevos ácidos grasos, los productos de la reacción de PtELO6. Esto significa que el gen PtELO6 pudo expresarse funcionalmente.

La Tabla 18 muestra que PtELO6 presenta una estrecha especificidad por sustrato. PtELO6 solo pudo alargar los ácidos grasos C_{18} ácido linoleico, ácido linolénico, ácido γ -linolénico y ácido estearidónico, pero preferiblemente el ácido estearidónico $\omega 3$ desaturado (véase también la Figura 30). Experimento de alimentación: Se añadieron ácidos grasos (grasa) respectivamente a 250 μ M. Los ácidos grasos subrayados se formaron nuevos.

Tabla 18: Especificidad por sustrato de PtELO6

Ácidos grasos alimentados:		+ 18:2	+ 18:3	+ 18:3	+ 18:4
16:0	16,2	18,2	15,2	20	04:48
16:1	50,6	20,5	22,8	33,5	34,2
18:0	5,4	6,3	6,2	5,2	12,4
18:1	27,7	14,6	19,6	19,3	16,7
18:2		40			
18:3			32,9		
18:3				12,3	
18:4					4,5
20:2		<u>0,4</u>			
20:3			<u>3,4</u>		
20:3				<u>9,7</u>	
20:4					<u>14,5</u>
% de alargamiento	0,0	0,99	9,37	44,09	76,32

Se alimentaron los siguientes ácidos grasos, pero no se convirtieron:

- $18:1^{\Delta 6}$, $18:1^{\Delta 9}$, $18:1^{\Delta 11}$
- $20:2^{\Delta 11,14}$, $20:3^{\Delta 11,14,17}$, $20:3^{\Delta 8,11,14}$, $20:4^{\Delta 5,8,11,14}$, $20:5^{\Delta 5,8,11,14,17}$
- $22:4^{\Delta 7,10,13,16}$

Las levaduras que se habían transformado con el vector pYES2-PtELO6 se cultivaron en medio mínimo en presencia de los ácidos grasos especificados. La síntesis de los ésteres metílicos de ácidos grasos se realizó mediante metanólisis ácida de células intactas. A continuación se analizaron los FAME mediante GLC. Así se determinaron los resultados que se representan en las Figuras 29 y 30, así como en la Tabla 16.

Tabla 3: tasas de conversión de los ácidos grasos alimentados. Las tasas de conversión se han calculado según la fórmula: $\frac{[\text{producto}]}{[\text{sustrato}] + [\text{producto}]} \times 100$.

Clones BioTaur Área en % del análisis de CG														
Clon	Ácido graso	C16:0	C16:1 (n-7)	C18:0	C18:1 (n-9)	C18:3 (n-6)	C18:4 (n-3)	C20:3 (n-6)	C20:4 (n-6)	C20:4 (n-3)	C20:5 (n-3)	C22:4 (n-6)	C22:4 (n-3)	C22:5 (n-3)
Vector	Ninguno	21,261	41,576	4,670	25,330									
BioTaur	Ninguno	20,831	37,374	4,215	26,475									
Vector	GLA + EPA	22,053	23,632	5,487	17,289	11,574					13,792			
BioTaur	GLA + EPA	20,439	25,554	6,129	19,587	3,521		6,620			10,149			1,127
Vector	EPA	20,669	28,985	6,292	21,712						16,225			
BioTaur	EPA	20,472	26,913	6,570	23,131						11,519			3,251
Vector	ARA	23,169	23,332	6,587	12,735				27,069					
BioTaur	ARA	20,969	31,281	5,367	21,351				9,648			1,632		
Vector	SDA	18,519	12,626	6,642	6,344		47,911							
BioTaur	SDA	19,683	15,878	7,246	8,403		13,569			25,946			0,876	

LISTADO DE SECUENCIAS

	<110> BASF Plant Science GmbH	
5	<120> Procedimiento para la producción de ácidos grasos poliinsaturados en organismos transgénicos	
	<130> PF54756	
	<140> 01-06-2003	
10	<141> 01-08-2003	
	<160> 192	
15	<170> PatentIn versión 3.1	
	<210> 1	
20	<211> 1266	
	<212> ADN	
	<213> <i>Euglena gracilis</i>	
	<220>	
	<221> CDS	
25	<222> (1)..(1266)	
	<223> Delta-8-Desaturasa	
	<400> 1	
	atg aag tca aag cgc caa gcg ctt ccc ctt aca att gat gga aca aca 48	
	Met Lys Ser Lys Arg Gln Ala Leu Pro Leu Thr Ile Asp Gly Thr Thr 15	
	1 5 10	
	tat gat gtg tct gcc tgg gtc aat ttc cac cct ggt ggt gcg gaa att 96	
	Tyr Asp Val Ser Ala Trp Val Asn Phe His Pro Gly Gly Ala Glu Ile 30	
	20 25	
	ata gag aat tac caa gga agg gat gcc act gat gcc ttc atg gtt atg 144	
	Ile Glu Asn Tyr Gln Gly Arg Asp Ala Thr Asp Ala Phe Met Val Met 45	
	35 40	
	cac tct caa gaa gcc ttc gac aag ctc aag cgc atg ccc aaa atc aat 192	
	His Ser Gln Glu Ala Phe Asp Lys Leu Lys Arg Met Pro Lys Ile Asn 60	
	50 55	
	ccc agt tct gag ttg cca ccc cag gct gca gtg aat gaa gct caa gag 240	
	Pro Ser Ser Glu Leu Pro Pro Gln Ala Ala Val Asn Glu Ala Gln Glu 80	
	65 70 75	
	gat ttc cgg aag ctc cga gaa gag ttg atc gca act ggc atg ttt gat 288	
	Asp Phe Arg Lys Leu Arg Glu Glu Leu Ile Ala Thr Gly Met Phe Asp 95	
	85 90	
	gcc tcc ccc ctc tgg tac tca tac aaa atc agc acc aca ctg ggc ctt 336	
	Ala Ser Pro Leu Trp Tyr Ser Tyr Lys Ile Ser Thr Thr Leu Gly Leu 110	
	100 105	
	gga gtg ctg ggt tat ttc ctg atg gtt cag tat cag atg tat ttc att 384	
	Gly Val Leu Gly Tyr Phe Leu Met Val Gln Tyr Gln Met Tyr Phe Ile 125	
	115 120	
	ggg gca gtg ttg ctt ggg atg cac tat caa cag atg ggc tgg ctt tct 432	
	Gly Ala Val Leu Leu Gly Met His Tyr Gln Gln Met Gly Trp Leu Ser 140	
	130 135	
30	cat gac att tgc cac cac cag act ttc aag aac cgg aac tgg aac aac 480	
	His Asp Ile Cys His His Gln Thr Phe Lys Asn Arg Asn Trp Asn Asn 160	
	145 150 155	

ES 2 713 548 T3

ctc gtc gga ctg gta ttt ggc aat ggt ctg caa ggt ttt tcc gtg aca Leu Val Gly Leu Val Phe Gly Asn Gly Leu Gln Gly Phe Ser Val Thr	528
165 170 175	
tgc tgg aag gac aga cac aat gca cat cat tgc gca acc aat gtt caa Cys Trp Lys Asp Arg His Asn Ala His His Ser Ala Thr Asn Val Gln	576
180 185 190	
ggg cac gac cct gat att gac aac ctc ccc ctc tta gcc tgg tct gag Gly His Asp Pro Asp Ile Asp Asn Leu Pro Leu Leu Ala Trp Ser Glu	624
195 200 205	
gat gac gtc aca cgg gcg tca ccg att tcc cgc aag ctc att cag ttc Asp Asp Val Thr Arg Ala Ser Pro Ile Ser Arg Lys Leu Ile Gln Phe	672
210 215 220	
cag cag tat tat ttc ttg gtc atc tgt atc ttg ttg cgg ttc att tgg Gln Gln Tyr Tyr Phe Leu Val Ile Cys Ile Leu Leu Arg Phe Ile Trp	720
225 230 235 240	
tgt ttc cag agc gtg ttg acc gtg cgc agt ctg aag gac aga gat aac Cys Phe Gln Ser Val Leu Thr Val Arg Ser Leu Lys Asp Arg Asp Asn	768
245 250 255	
caa ttc tat cgc tct cag tat aag aag gag gcc att ggc ctc gcc ctg Gln Phe Tyr Arg Ser Gln Tyr Lys Lys Glu Ala Ile Gly Leu Ala Leu	816
260 265 270	
cat tgg aca ttg aag gcc ctg ttc cac tta ttc ttt atg ccc agc atc His Trp Thr Leu Lys Ala Leu Phe His Leu Phe Phe Met Pro Ser Ile	864
275 280 285	
ctc aca tgc ctg ttg gta ttt ttc gtt tgc gag ctg gtt ggc ggc ttc Leu Thr Ser Leu Leu Val Phe Phe Val Ser Glu Leu Val Gly Gly Phe	912
290 295 300	
ggc att gcg atc gtg gtg ttc atg aac cac tac cca ctg gag aag atc Gly Ile Ala Ile Val Val Phe Met Asn His Tyr Pro Leu Glu Lys Ile	960
305 310 315 320	
ggg gac tgc gtc tgg gat ggc cat gga ttc tgc gtt ggc cag atc cat Gly Asp Ser Val Trp Asp Gly His Gly Phe Ser Val Gly Gln Ile His	1008
325 330 335	
gag acc atg aac att cgg cga ggg att atc aca gat tgg ttt ttc gga Glu Thr Met Asn Ile Arg Arg Gly Ile Ile Thr Asp Trp Phe Phe Gly	1056
340 345 350	
ggc ttg aac tac cag atc gag cac cat ttg tgg cgc acc ctc cct cgc Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu Trp Pro Thr Leu Pro Arg	1104
355 360 365	
cac aac ctg aca gcg gtt agc tac cag gtg gaa cag ctg tgc cag aag His Asn Leu Thr Ala Val Ser Tyr Gln Val Glu Gln Leu Cys Gln Lys	1152
370 375 380	
cac aac ctg ccg tat cgg aac ccg ctg ccc cat gaa ggg ttg gtc atc His Asn Leu Pro Tyr Arg Asn Pro Leu Pro His Glu Gly Leu Val Ile	1200
385 390 395 400	
ctg ctg cgc tat ctg gcg gtg ttc gcc cgg atg gcg gag aag caa ccc Leu Leu Arg Tyr Leu Ala Val Phe Ala Arg Met Ala Glu Lys Gln Pro	1248
405 410 415	
gcg ggg aag gct cta taa Ala Gly Lys Ala Leu	1266
420	

ES 2 713 548 T3

<210> 2
 <211> 421
 <212> PRT
 <213> *Euglena gracilis*

5

<400> 2

```

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

Tyr Asp Val Ser Ala Trp Val Asn Phe His Pro Gly Gly Ala Glu Ile
      20          25          30

Ile Glu Asn Tyr Gln Gly Arg Asp Ala Thr Asp Ala Phe Met Val Met
      35          40          45

His Ser Gln Glu Ala Phe Asp Lys Leu Lys Arg Met Pro Lys Ile Asn
      50          55          60

Pro Ser Ser Glu Leu Pro Pro Gln Ala Ala Val Asn Glu Ala Gln Glu
 65          70          75          80

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

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

Gly Val Leu Gly Tyr Phe Leu Met Val Gln Tyr Gln Met Tyr Phe Ile
 115          120          125

Gly Ala Val Leu Leu Gly Met His Tyr Gln Gln Met Gly Trp Leu Ser
 130          135          140

His Asp Ile Cys His His Gln Thr Phe Lys Asn Arg Asn Trp Asn Asn
 145          150          155          160

Leu Val Gly Leu Val Phe Gly Asn Gly Leu Gln Gly Phe Ser Val Thr
      165          170          175

Cys Trp Lys Asp Arg His Asn Ala His His Ser Ala Thr Asn Val Gln
      180          185          190

Gly His Asp Pro Asp Ile Asp Asn Leu Pro Leu Leu Ala Trp Ser Glu
      195          200          205

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

Gln Gln Tyr Tyr Phe Leu Val Ile Cys Ile Leu Leu Arg Phe Ile Trp
 225          230          235          240
  
```

ES 2 713 548 T3

Cys Phe Gln Ser Val Leu Thr Val Arg Ser Leu Lys Asp Arg Asp Asn
245 250 255

Gln Phe Tyr Arg Ser Gln Tyr Lys Lys Glu Ala Ile Gly Leu Ala Leu
260 265 270

His Trp Thr Leu Lys Ala Leu Phe His Leu Phe Phe Met Pro Ser Ile
275 280 285

Leu Thr Ser Leu Leu Val Phe Phe Val Ser Glu Leu Val Gly Gly Phe
290 295 300

Gly Ile Ala Ile Val Val Phe Met Asn His Tyr Pro Leu Glu Lys Ile
305 310 315 320

Gly Asp Ser Val Trp Asp Gly His Gly Phe Ser Val Gly Gln Ile His
325 330 335

Glu Thr Met Asn Ile Arg Arg Gly Ile Ile Thr Asp Trp Phe Phe Gly
340 345 350

Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu Trp Pro Thr Leu Pro Arg
355 360 365

His Asn Leu Thr Ala Val Ser Tyr Gln Val Glu Gln Leu Cys Gln Lys
370 375 380

His Asn Leu Pro Tyr Arg Asn Pro Leu Pro His Glu Gly Leu Val Ile
385 390 395 400

Leu Leu Arg Tyr Leu Ala Val Phe Ala Arg Met Ala Glu Lys Gln Pro
405 410 415

Ala Gly Lys Ala Leu
420

<210> 3
<211> 777
<212> ADN
<213> *Isochrysis galbana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(777)
<223> Delta-9-Elongasa

<400>3

atg gcc ctc gca aac gac gcg gga gag cgc atc tgg gcg gct gtg acc	48
Met Ala Leu Ala Asn Asp Ala Gly Glu Arg Ile Trp Ala Ala Val Thr	
1 5 10 15	
gac ccg gaa atc ctc att ggc acc ttc tcg tac ttg cta ctc aaa ccg	96
Asp Pro Glu Ile Leu Ile Gly Thr Phe Ser Tyr Leu Leu Leu Lys Pro	
20 25 30	

ES 2 713 548 T3

ctg ctc cgc aat tcc ggg ctg gtg gat gag aag aag ggc gca tac agg Leu Leu Arg Asn Ser Gly Leu Val Asp Glu Lys Lys Gly Ala Tyr Arg 35 40 45	144
acg tcc atg atc tgg tac aac gtt ctg ctg gcg ctc ttc tct gcg ctg Thr Ser Met Ile Trp Tyr Asn Val Leu Leu Ala Leu Phe Ser Ala Leu 50 55 60	192
agc ttc tac gtg acg gcg acc gcc ctc ggc tgg gac tat ggt acg ggc Ser Phe Tyr Val Thr Ala Thr Ala Leu Gly Trp Asp Tyr Gly Thr Gly 65 70 75 80	240
gcg tgg ctg cgc agg caa acc ggc gac aca ccg cag ccg ctc ttc cag Ala Trp Leu Arg Arg Gln Thr Gly Asp Thr Pro Gln Pro Leu Phe Gln 85 90 95	288
tgc ccg tcc ccg gtt tgg gac tcg aag ctc ttc aca tgg acc gcc aag Cys Pro Ser Pro Val Trp Asp Ser Lys Leu Phe Thr Trp Thr Ala Lys 100 105 110	336
gca ttc tat tac tcc aag tac gtg gag tac ctc gac acg gcc tgg ctg Ala Phe Tyr Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Tyr Leu Asp Thr Ala Trp Leu 115 120 125	384
agg gtc tcc ttt ctc cag gcc ttc cac cac ttt ggc gcg ccg tgg gat Arg Val Ser Phe Leu Gln Ala Phe His His Phe Gly Ala Pro Trp Asp 130 135 140	432
gtg tac ctc ggc att ccg ctg cac aac gag ggc gta tgg atc ttc atg Val Tyr Leu Gly Ile Arg Leu His Asn Glu Gly Val Trp Ile Phe Met 145 150 155 160	480
ttt ttc aac tcg ttc att cac acc atc atg tac acc tac tac ggc ctc Phe Phe Asn Ser Phe Ile His Thr Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu 165 170 175	528
acc gcc gcc ggg tat aag ttc aag gcc aag ccg ctc atc acc gcg atg Thr Ala Ala Gly Tyr Lys Phe Lys Ala Lys Pro Leu Ile Thr Ala Met 180 185 190	576
cag atc tgc cag ttc gtg ggc ggc ttc ctg ttg gtc tgg gac tac atc Gln Ile Cys Gln Phe Val Gly Gly Phe Leu Leu Val Trp Asp Tyr Ile 195 200 205	624
aac gtc ccc tgc ttc aac tcg gac aaa ggg aag ttg ttc agc tgg gct Asn Val Pro Cys Phe Asn Ser Asp Lys Gly Lys Leu Phe Ser Trp Ala 210 215 220	672
ttc aac tat gca tac gtc ggc tcg gtc ttc ttg ctc ttc tgc cac ttt Phe Asn Tyr Ala Tyr Val Gly Ser Val Phe Leu Leu Phe Cys His Phe 225 230 235 240	720
ttc tac cag gac aac ttg gca acg aag aaa tcg gcc aag gcg ggc aag Phe Tyr Gln Asp Asn Leu Ala Thr Lys Lys Ser Ala Lys Ala Gly Lys 245 250 255	768
cag ctc tag Gln Leu	777

<210> 4
 <211> 258
 <212> PRT
 <213> *Isochrysis galbana*
 <400> 4

ES 2 713 548 T3

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

Asp Pro Glu Ile Leu Ile Gly Thr Phe Ser Tyr Leu Leu Leu Lys Pro
20 25 30

Leu Leu Arg Asn Ser Gly Leu Val Asp Glu Lys Lys Gly Ala Tyr Arg
35 40 45

Thr Ser Met Ile Trp Tyr Asn Val Leu Leu Ala Leu Phe Ser Ala Leu
50 55 60

Ser Phe Tyr Val Thr Ala Thr Ala Leu Gly Trp Asp Tyr Gly Thr Gly
65 70 75 80

Ala Trp Leu Arg Arg Gln Thr Gly Asp Thr Pro Gln Pro Leu Phe Gln
85 90 95

Cys Pro Ser Pro Val Trp Asp Ser Lys Leu Phe Thr Trp Thr Ala Lys
100 105 110

Ala Phe Tyr Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Tyr Leu Asp Thr Ala Trp Leu
115 120 125

Arg Val Ser Phe Leu Gln Ala Phe His His Phe Gly Ala Pro Trp Asp
130 135 140

Val Tyr Leu Gly Ile Arg Leu His Asn Glu Gly Val Trp Ile Phe Met
145 150 155 160

Phe Phe Asn Ser Phe Ile His Thr Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu
165 170 175

Thr Ala Ala Gly Tyr Lys Phe Lys Ala Lys Pro Leu Ile Thr Ala Met
180 185 190

Gln Ile Cys Gln Phe Val Gly Gly Phe Leu Leu Val Trp Asp Tyr Ile
195 200 205

Asn Val Pro Cys Phe Asn Ser Asp Lys Gly Lys Leu Phe Ser Trp Ala
210 215 220

Phe Asn Tyr Ala Tyr Val Gly Ser Val Phe Leu Leu Phe Cys His Phe
225 230 235 240

Phe Tyr Gln Asp Asn Leu Ala Thr Lys Lys Ser Ala Lys Ala Gly Lys
245 250 255

Gln Leu

ES 2 713 548 T3

<210> 5
 <211> 1410
 <212> ADN
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1410)
 <223> Delta-5-Desaturasa

<400> 5

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

ES 2 713 548 T3

agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat	720
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp	
225 230 235 240	
cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg	768
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met	
245 250 255	
ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att	816
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile	
260 265 270	
ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac	864
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp	
275 280 285	
aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct	912
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala	
290 295 300	
gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc	960
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly	
305 310 315 320	
ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg	1008
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val	
325 330 335	
gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc	1056
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe	
340 345 350	
gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa	1104
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu	
355 360 365	
cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt	1152
Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly	
370 375 380	
gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa	1200
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu	
385 390 395 400	
cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc	1248
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala	
405 410 415	
ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac	1296
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr	
420 425 430	
tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac	1344
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His	
435 440 445	
gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc	1392
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro	
450 455 460	
ttg acc gga cgg gcg taa	1410
Leu Thr Gly Arg Ala	
465	

<210> 6

<211> 469

ES 2 713 548 T3

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 6

5

```

Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
 1          5          10          15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
          20          25          30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
          35          40          45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
          50          55          60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
65          70          75          80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
          85          90          95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
          100          105          110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
          115          120          125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
          130          135          140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
145          150          155          160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
          165          170          175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
          180          185          190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
          195          200          205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
          210          215          220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225          230          235          240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
          245          250          255

```

ES 2 713 548 T3

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
325 330 335

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
340 345 350

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
355 360 365

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
370 375 380

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
405 410 415

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
435 440 445

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala
465

<210> 7
<211> 1344
<212> ADN
<213> *Ceratodon purpureus*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1344)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 7

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga	864
Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg	
275 280 285	
aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg	912
Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp	
290 295 300	
tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg	960
Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met	
305 310 315 320	
ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta	1008
Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val	
325 330 335	
gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac	1056
Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn	
340 345 350	
atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg	1104
Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met	
355 360 365	
aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag	1152
Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln	
370 375 380	
att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act	1200
Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr	
385 390 395 400	
gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac	1248
Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr	
405 410 415	
atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc	1296
Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe	
420 425 430	
cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag	1344
Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala	
435 440 445	

<210> 8
 <211> 447
 <212> PRT
 <213> *Ceratodon purpureus*
 <400> 8

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

ES 2 713 548 T3

Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
 65 70 75 80

Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
 85 90 95

Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
 100 105 110

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

Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
 130 135 140

Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
 145 150 155 160

Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
 165 170 175

Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val
 180 185 190

Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His
 195 200 205

Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu
 210 215 220

Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr
 225 230 235 240

Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His
 245 250 255

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
 260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
 275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
 290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
 305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
 325 330 335

ES 2 713 548 T3

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
435 440 445

<210> 9
<211> 1443
<212> ADN
<213> *Physcomitrella patens*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1443)
<223> Delta-5-Desaturase

<400> 9

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

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

```

ggg aag gtg aag gga gga tgg gct gca atg cag gtt gca aca act acg      1200
Gly Lys Val Lys Gly Gly Trp Ala Ala Met Gln Val Ala Thr Thr Thr
385                               390                               395                               400

gat ttc agt cca cgc tca tgg ttc tgg ggt cat gtc tct gga gga tta      1248
Asp Phe Ser Pro Arg Ser Trp Phe Trp Gly His Val Ser Gly Gly Leu
                               405                               410                               415

aac aac caa att gag cat cat ctg ttt cca gga gtg tgc cat gtt cat      1296
Asn Asn Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Val Cys His Val His
                               420                               425                               430

tat cca gcc att cag cct att gtc gag aag acg tgc aag gaa ttc gat      1344
Tyr Pro Ala Ile Gln Pro Ile Val Glu Lys Thr Cys Lys Glu Phe Asp
                               435                               440                               445

gtg cct tat gta gcc tac cca act ttt tgg act gcg ttg aga gcc cac      1392
Val Pro Tyr Val Ala Tyr Pro Thr Phe Trp Thr Ala Leu Arg Ala His
                               450                               455                               460

ttt gcg cat ttg aaa aag gtt gga ttg aca gag ttt cgg ctc gat ggc      1440
Phe Ala His Leu Lys Lys Val Gly Leu Thr Glu Phe Arg Leu Asp Gly
465                               470                               475                               480

tga                                                                    1443

```

<210> 10
 <211> 480
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*

<400> 10

```

Met Ala Pro His Ser Ala Asp Thr Ala Gly Leu Val Pro Ser Asp Glu
1                               5                               10                               15

Leu Arg Leu Arg Thr Ser Asn Ser Lys Gly Pro Glu Gln Glu Gln Thr
                               20                               25                               30

Leu Lys Lys Tyr Thr Leu Glu Asp Val Ser Arg His Asn Thr Pro Ala
                               35                               40                               45

Asp Cys Trp Leu Val Ile Trp Gly Lys Val Tyr Asp Val Thr Ser Trp
50                               55                               60

Ile Pro Asn His Pro Gly Gly Ser Leu Ile His Val Lys Ala Gly Gln
65                               70                               75                               80

Asp Ser Thr Gln Leu Phe Asp Ser Tyr His Pro Leu Tyr Val Arg Lys
                               85                               90                               95

Met Leu Ala Lys Tyr Cys Ile Gly Glu Leu Val Pro Ser Ala Gly Asp
                               100                               105                               110

Asp Lys Phe Lys Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Ala Asp Ala Glu Asn Glu
                               115                               120                               125

Asp Phe Tyr Leu Val Val Lys Gln Arg Val Glu Ser Tyr Phe Lys Ser
130                               135                               140

```

ES 2 713 548 T3

Asn Lys Ile Asn Pro Gln Ile His Pro His Met Ile Leu Lys Ser Leu
 145 150 155 160

Phe Ile Leu Gly Gly Tyr Phe Ala Ser Tyr Tyr Leu Ala Phe Phe Trp
 165 170 175

Ser Ser Ser Val Leu Val Ser Leu Phe Phe Ala Leu Trp Met Gly Phe
 180 185 190

Phe Ala Ala Glu Val Gly Val Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly
 195 200 205

Ser Tyr Thr Lys Trp Arg Gly Phe Gly Tyr Ile Met Gly Ala Ser Leu
 210 215 220

Asp Leu Val Gly Ala Ser Ser Phe Met Trp Arg Gln Gln His Val Val
 225 230 235 240

Gly His His Ser Phe Thr Asn Val Asp Asn Tyr Asp Pro Asp Ile Arg
 245 250 255

Val Lys Asp Pro Asp Val Arg Arg Val Ala Thr Thr Gln Pro Arg Gln
 260 265 270

Trp Tyr His Ala Tyr Gln His Ile Tyr Leu Ala Val Leu Tyr Gly Thr
 275 280 285

Leu Ala Leu Lys Ser Ile Phe Leu Asp Asp Phe Leu Ala Tyr Phe Thr
 290 295 300

Gly Ser Ile Gly Pro Val Lys Val Ala Lys Met Thr Pro Leu Glu Phe
 305 310 315 320

Asn Ile Phe Phe Gln Gly Lys Leu Leu Tyr Ala Phe Tyr Met Phe Val
 325 330 335

Leu Pro Ser Val Tyr Gly Val His Ser Gly Gly Thr Phe Leu Ala Leu
 340 345 350

Tyr Val Ala Ser Gln Leu Ile Thr Gly Trp Met Leu Ala Phe Leu Phe
 355 360 365

Gln Val Ala His Val Val Asp Asp Val Ala Phe Pro Thr Pro Glu Gly
 370 375 380

Gly Lys Val Lys Gly Gly Trp Ala Ala Met Gln Val Ala Thr Thr Thr
 385 390 395 400

Asp Phe Ser Pro Arg Ser Trp Phe Trp Gly His Val Ser Gly Gly Leu
 405 410 415

ES 2 713 548 T3

Asn Asn Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Val Cys His Val His
420 425 430

Tyr Pro Ala Ile Gln Pro Ile Val Glu Lys Thr Cys Lys Glu Phe Asp
435 440 445

Val Pro Tyr Val Ala Tyr Pro Thr Phe Trp Thr Ala Leu Arg Ala His
450 455 460

Phe Ala His Leu Lys Lys Val Gly Leu Thr Glu Phe Arg Leu Asp Gly
465 470 475 480

<210> 11
<211> 1320
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1320)
<223>

<400> 11

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	

ES 2 713 548 T3

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 tgc 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 tgc tgc ctg ctc atc gcc ctt gcc 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 ccg 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 gcc tgg ttc tgc 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 tgc ccg gcc acc tgc gtc ggg atg tac ctg tgc tgc ttc gcc				960
Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly	305	310	315	320
ctc gcc 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 tgc 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 tgc acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc gcc cac tgc gtc gcc				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			

ES 2 713 548 T3

<210> 12
 <211> 439
 <212> PRT
 <213> *Thraustochytrium*

5

<400> 12

```

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
  
```

ES 2 713 548 T3

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

<210> 13
 <211> 1341
 <212> ADN
 <213> *Mortierella alpina*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1341)
 <223> Delta-5-Desaturasa

<400> 13

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

260	265	270	
gtc aag acc aat gac gct att cgt gtc aat ccc atc tcg aca tgg cac			864
Val Lys Thr Asn Asp Ala Ile Arg Val Asn Pro Ile Ser Thr Trp His			
275	280	285	
act gtg atg ttc tgg ggc ggc aag gct ttc ttt gtc tgg tat cgc ctg			912
Thr Val Met Phe Trp Gly Gly Lys Ala Phe Phe Val Trp Tyr Arg Leu			
290	295	300	
att gtt ccc ctg cag tat ctg ccc ctg ggc aag gtg ctg ctc ttg ttc			960
Ile Val Pro Leu Gln Tyr Leu Pro Leu Gly Lys Val Leu Leu Leu Phe			
305	310	315	320
acg gtc gcg gac atg gtg tgc tct tac tgg ctg gcg ctg acc ttc cag			1008
Thr Val Ala Asp Met Val Ser Ser Tyr Trp Leu Ala Leu Thr Phe Gln			
325	330	335	
gcg aac cac gtt gtt gag gaa gtt cag tgg ccg ttg cct gac gag aac			1056
Ala Asn His Val Val Glu Glu Val Gln Trp Pro Leu Pro Asp Glu Asn			
340	345	350	
ggg atc atc caa aag gac tgg gca gct atg cag gtc gag act acg cag			1104
Gly Ile Ile Gln Lys Asp Trp Ala Ala Met Gln Val Glu Thr Thr Gln			
355	360	365	
gat tac gca cac gat tgc cac ctc tgg acc agc atc act ggc agc ttg			1152
Asp Tyr Ala His Asp Ser His Leu Trp Thr Ser Ile Thr Gly Ser Leu			
370	375	380	
aac tac cag gct gtg cac cat ctg ttc ccc aac gtg tgc cag cac cat			1200
Asn Tyr Gln Ala Val His His Leu Phe Pro Asn Val Ser Gln His His			
385	390	395	400
tat ccc gat att ctg gcc atc atc aag aac acc tgc agc gag tac aag			1248
Tyr Pro Asp Ile Leu Ala Ile Ile Lys Asn Thr Cys Ser Glu Tyr Lys			
405	410	415	
gtt cca tac ctt gtc aag gat acg ttt tgg caa gca ttt gct tca cat			1296
Val Pro Tyr Leu Val Lys Asp Thr Phe Trp Gln Ala Phe Ala Ser His			
420	425	430	
ttg gag cac ttg cgt gtt ctt gga ctc cgt ccc aag gaa gag tag			1341
Leu Glu His Leu Arg Val Leu Gly Leu Arg Pro Lys Glu Glu			
435	440	445	

<210> 14

<211> 446

<212> PRT

<213> *Mortierella alpina*

<400> 14

Met Gly Thr Asp Gln Gly Lys Thr Phe Thr Trp Glu Glu Leu Ala Ala
1 5 10 15

His Asn Thr Lys Asp Asp Leu Leu Leu Ala Ile Arg Gly Arg Val Tyr
20 25 30

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

Leu Leu Gly Ala Gly Arg Asp Val Thr Pro Val Phe Glu Met Tyr His
50 55 60

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

Ala Asn His Val Val Glu Glu Val Gln Trp Pro Leu Pro Asp Glu Asn
340 345 350

Gly Ile Ile Gln Lys Asp Trp Ala Ala Met Gln Val Glu Thr Thr Gln
355 360 365

Asp Tyr Ala His Asp Ser His Leu Trp Thr Ser Ile Thr Gly Ser Leu
370 375 380

Asn Tyr Gln Ala Val His His Leu Phe Pro Asn Val Ser Gln His His
385 390 395 400

Tyr Pro Asp Ile Leu Ala Ile Ile Lys Asn Thr Cys Ser Glu Tyr Lys
405 410 415

Val Pro Tyr Leu Val Lys Asp Thr Phe Trp Gln Ala Phe Ala Ser His
420 425 430

Leu Glu His Leu Arg Val Leu Gly Leu Arg Pro Lys Glu Glu
435 440 445

<210> 15
<211> 1344
<212> ADN
<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1344)
<223> Delta-5-Desaturase

<400> 15

atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat	48
Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp	
1 5 10 15	
gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt	96
Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly	
20 25 30	
ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc	144
Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe	
35 40 45	
cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa	192
His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu	
50 55 60	
ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag	240
Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys	
65 70 75 80	
gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat	288
Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn	
85 90 95	
att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta	336
Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu	

ES 2 713 548 T3

				100					105					110					
cgt	atg	cga	gtt	cgt	gca	gaa	gga	ctt	atg	gat	gga	tct	cct	ttg	ttc		384		
Arg	Met	Arg	Val	Arg	Ala	Glu	Gly	Leu	Met	Asp	Gly	Ser	Pro	Leu	Phe				
				115					120					125					
tac	att	aga	aaa	att	ctt	gaa	aca	atc	ttc	aca	att	ctt	ttt	gca	ttc		432		
Tyr	Ile	Arg	Lys	Ile	Leu	Glu	Thr	Ile	Phe	Thr	Ile	Leu	Phe	Ala	Phe				
				130					135					140					
tac	ctt	caa	tac	cac	aca	tat	tat	ctt	cca	tca	gct	att	cta	atg	gga		480		
Tyr	Leu	Gln	Tyr	His	Thr	Tyr	Tyr	Leu	Pro	Ser	Ala	Ile	Leu	Met	Gly				
									150					155					
gtt	gcg	tgg	caa	caa	ttg	gga	tgg	tta	atc	cat	gaa	ttc	gca	cat	cat		528		
Val	Ala	Trp	Gln	Gln	Leu	Gly	Trp	Leu	Ile	His	Glu	Phe	Ala	His	His				
									165					170					
cag	ttg	ttc	aaa	aac	aga	tac	tac	aat	gat	ttg	gcc	agc	tat	ttc	gtt		576		
Gln	Leu	Phe	Lys	Asn	Arg	Tyr	Tyr	Asn	Asp	Leu	Ala	Ser	Tyr	Phe	Val				
									180					185					
gga	aac	ttt	tta	caa	gga	ttc	tca	tct	ggt	ggt	tgg	aaa	gag	cag	cac		624		
Gly	Asn	Phe	Leu	Gln	Gly	Phe	Ser	Ser	Gly	Gly	Trp	Lys	Glu	Gln	His				
									195					200					
aat	gtg	cat	cac	gca	gcc	aca	aat	gtt	gtt	gga	cga	gac	gga	gat	ctt		672		
Asn	Val	His	His	Ala	Ala	Thr	Asn	Val	Val	Gly	Arg	Asp	Gly	Asp	Leu				
									210					215					
gat	tta	gtc	cca	ttc	tat	gct	aca	gtg	gca	gaa	cat	ctc	aac	aat	tat		720		
Asp	Leu	Val	Pro	Phe	Tyr	Ala	Thr	Val	Ala	Glu	His	Leu	Asn	Asn	Tyr				
									225					230					
tct	cag	gat	tca	tgg	gtt	atg	act	cta	ttc	aga	tgg	caa	cat	gtt	cat		768		
Ser	Gln	Asp	Ser	Trp	Val	Met	Thr	Leu	Phe	Arg	Trp	Gln	His	Val	His				
									245					250					
tgg	aca	ttc	atg	tta	cca	ttc	ctc	cgt	ctc	tcg	tgg	ctt	ctt	cag	tca		816		
Trp	Thr	Phe	Met	Leu	Pro	Phe	Leu	Arg	Leu	Ser	Trp	Leu	Leu	Gln	Ser				
									260					265					
atc	att	ttt	gtt	agt	cag	atg	cca	act	cat	tat	tat	gac	tat	tac	aga		864		
Ile	Ile	Phe	Val	Ser	Gln	Met	Pro	Thr	His	Tyr	Tyr	Asp	Tyr	Tyr	Arg				
									275					280					
aat	act	gcg	att	tat	gaa	cag	gtt	ggt	ctc	tct	ttg	cac	tgg	gct	tgg		912		
Asn	Thr	Ala	Ile	Tyr	Glu	Gln	Val	Gly	Leu	Ser	Leu	His	Trp	Ala	Trp				
									290					295					
tca	ttg	ggt	caa	ttg	tat	ttc	cta	ccc	gat	tgg	tca	act	aga	ata	atg		960		
Ser	Leu	Gly	Gln	Leu	Tyr	Phe	Leu	Pro	Asp	Trp	Ser	Thr	Arg	Ile	Met				
									305					310					
ttc	ttc	ctt	gtt	tct	cat	ctt	gtt	gga	ggt	ttc	ctg	ctc	tct	cat	gta		1008		
Phe	Phe	Leu	Val	Ser	His	Leu	Val	Gly	Gly	Phe	Leu	Leu	Ser	His	Val				
									325					330					
gtt	act	ttc	aat	cat	tat	tca	gtg	gag	aag	ttt	gca	ttg	agc	tcg	aac		1056		
Val	Thr	Phe	Asn	His	Tyr	Ser	Val	Glu	Lys	Phe	Ala	Leu	Ser	Ser	Asn				
									340					345					
atc	atg	tca	aat	tac	gct	tgt	ctt	caa	atc	atg	acc	aca	aga	aat	atg		1104		
Ile	Met	Ser	Asn	Tyr	Ala	Cys	Leu	Gln	Ile	Met	Thr	Thr	Arg	Asn	Met				
									355					360					
aga	cct	gga	aga	ttc	att	gac	tgg	ctt	tgg	gga	ggt	ctt	aac	tat	cag		1152		
Arg	Pro	Gly	Arg	Phe	Ile	Asp	Trp	Leu	Trp	Gly	Gly	Leu	Asn	Tyr	Gln				

ES 2 713 548 T3

```

370          375          380
att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act 1200
Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385          390          395          400

gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac 1248
Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
          405          410          415

atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc 1296
Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
          420          425          430

cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag 1344
Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
          435          440          445

```

<210> 16
 <211> 447
 <212> PRT
 <213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 16

```

Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
1          5          10          15

Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
          20          25          30

Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
          35          40          45

His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
          50          55          60

Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
65          70          75          80

Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
          85          90          95

Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
          100          105          110

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

Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
          130          135          140

Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
145          150          155          160

Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
          165          170          175

```

ES 2 713 548 T3

Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val
180 185 190

Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His
195 200 205

Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu
210 215 220

Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr
225 230 235 240

Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His
245 250 255

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
435 440 445

<210> 17
<211> 1683

ES 2 713 548 T3

<212> ADN

<213> *Borago officinalis*

<220>

<221> CDS

<222> (42)..(1388)

<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 17

```

tattctgccta ccttcccaaa gagagtagtc atttttcatc a atg gct gct caa atc      56
                                     Met Ala Ala Gln Ile
                                     1           5

aag aaa tac att acc tca gat gaa ctc aag aac cac gat aaa ccc gga      104
Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn His Asp Lys Pro Gly
                        10           15           20

gat cta tgg atc tcg att caa ggg aaa gcc tat gat gtt tcg gat tgg      152
Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr Asp Val Ser Asp Trp
                        25           30           35

gtg aaa gac cat cca ggt ggc agc ttt ccc ttg aag agt ctt gct ggt      200
Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu Lys Ser Leu Ala Gly
                        40           45           50

caa gag gta act gat gca ttt gtt gca ttc cat cct gcc tct aca tgg      248
Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His Pro Ala Ser Thr Trp
                        55           60           65

aag aat ctt gat aag ttt ttc act ggg tat tat ctt aaa gat tac tct      296
Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr Leu Lys Asp Tyr Ser
                        70           75           80           85

gtt tct gag gtt tct aaa gat tat agg aag ctt gtg ttt gag ttt tct      344
Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu Val Phe Glu Phe Ser
                        90           95           100

aaa atg ggt ttg tat gac aaa aaa ggt cat att atg ttt gca act ttg      392
Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile Met Phe Ala Thr Leu
                        105           110           115

tgc ttt ata gca atg ctg ttt gct atg agt gtt tat ggg gtt ttg ttt      440
Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val Tyr Gly Val Leu Phe
                        120           125           130

tgt gag ggt gtt ttg gta cat ttg ttt tct ggg tgt ttg atg ggg ttt      488
Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly Cys Leu Met Gly Phe
                        135           140           145

ctt tgg att cag agt ggt tgg att gga cat gat gct ggg cat tat atg      536
Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp Ala Gly His Tyr Met
                        150           155           160           165

gta gtg tct gat tca agg ctt aat aag ttt atg ggt att ttt gct gca      584
Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met Gly Ile Phe Ala Ala
                        170           175           180

aat tgt ctt tca gga ata agt att ggt tgg tgg aaa tgg aac cat aat      632
Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn
                        185           190           195

gca cat cac att gcc tgt aat agc ctt gaa tat gac cct gat tta caa      680
Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr Asp Pro Asp Leu Gln

```


ES 2 713 548 T3

200	205	210	
tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc			728
Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr			
215	220	225	
tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc			776
Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe			
230	235	240	245
ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct			824
Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala			
250	255	260	
agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga			872
Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg			
265	270	275	
aat gtg tcc tat cga gct cag gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg			920
Asn Val Ser Tyr Arg Ala Gln Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser			
280	285	290	
att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga			968
Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg			
295	300	305	
att atg ttt gtt att gca agt tta tca gtg act gga atg caa caa gtt			1016
Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val			
310	315	320	325
cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct			1064
Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro			
330	335	340	
aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att			1112
Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile			
345	350	355	
tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa			1160
Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln			
360	365	370	
att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa			1208
Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys			
375	380	385	
atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac			1256
Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr			
390	395	400	405
aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg			1304
Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu			
410	415	420	
agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag			1352
Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys			
425	430	435	
aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattaccctt			1398
Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly			
440	445		
agttcatgta ataatttgag attatgtatc tcctatgttt gtgtcttgtc ttggttctac			1458
ttgttggagt cattgcaact tgtcttttat gggttattag atgtttttta atatatttta			1518
gaggttttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcataattgt caattgttgt			1578

ES 2 713 548 T3

gctcaatatc tgatattttg gaatgtactt tgtaccactg tgttttcagt tgaagctcat 1638

gtgtactttct atagactttg tttaaatggt tatgtcatgt tatttt 1683

<210> 18

<211> 448

<212> PRT

<213> *Borago officinalis*

<400> 18

Met Ala Ala Gln Ile Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn
1 5 10 15

His Asp Lys Pro Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr
20 25 30

Asp Val Ser Asp Trp Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu
35 40 45

Lys Ser Leu Ala Gly Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His
50 55 60

Pro Ala Ser Thr Trp Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr
65 70 75 80

Leu Lys Asp Tyr Ser Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu
85 90 95

Val Phe Glu Phe Ser Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile
100 105 110

Met Phe Ala Thr Leu Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val
115 120 125

Tyr Gly Val Leu Phe Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly
130 135 140

Cys Leu Met Gly Phe Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp
145 150 155 160

Ala Gly His Tyr Met Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met
165 170 175

Gly Ile Phe Ala Ala Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp
180 185 190

Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr
195 200 205

Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe
210 215 220

ES 2 713 548 T3

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

<210> 19
 <211> 1563
 <212> ADN
 <213> *Ceratodon purpureus*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1563)
 <223> Delta-6-Desaturasa

<400> 19

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

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

<210> 20

<211> 520

<212> PRT

<213> *Ceratodon purpureus*

<400> 20

ES 2 713 548 T3

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	

ES 2 713 548 T3

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> 21
 <211> 1434

<212> ADN

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1434)

<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 21

```

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 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

```


ES 2 713 548 T3

gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp 225 230 235 240	720
tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys 245 250 255	768
gat tcg ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr 260 265 270	816
ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tcg tgg ttg aac gag tcc ttc Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe 275 280 285	864
aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tcg gag aac gct gct ctc gaa Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu 290 295 300	912
ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile 305 310 315 320	960
ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tcg tcc ggc ttt gga cgc Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg 325 330 335	1008
ttc tcg ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser 340 345 350	1056
tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met 355 360 365	1104
gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val 370 375 380	1152
acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe 385 390 395 400	1200
gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu 405 410 415	1248
ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val 420 425 430	1296
gaa tcg ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu 435 440 445	1344
gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly 450 455 460	1392
gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met 465 470 475	1434

<210> 22

<211> 477

<212> PRT

<213> *Phaeodactylum tricornutum*

<400> 22

ES 2 713 548 T3

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
85 90 95

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

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr
115 120 125

Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val
130 135 140

Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu
145 150 155 160

Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
165 170 175

His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
180 185 190

Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
195 200 205

His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
210 215 220

Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
225 230 235 240

Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
245 250 255

ES 2 713 548 T3

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

<210> 23
 <211> 1578
 <212> ADN
 <213> *Physcomitrella patens*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1578)
 <223> Delta-6-Desaturasa

<400> 23

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys 275 280 285	864
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr 290 295 300	912
tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp 305 310 315 320	960
agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile 325 330 335	1008
ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg 340 345 350	1056
ggg agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu 355 360 365	1104
tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr 370 375 380	1152
ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro 385 390 395 400	1200
tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly 405 410 415	1248
ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tcg tct Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser 420 425 430	1296
aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly 435 440 445	1344
aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu 450 455 460	1392
cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala 465 470 475 480	1440
cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp 485 490 495	1488
gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu 500 505 510	1536
gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser 515 520 525	1578

<210> 24
 <211> 525
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*

<400> 24

ES 2 713 548 T3

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
35 40 45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
65 70 75 80

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

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
245 250 255

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

<211> 1332
<212> ADN
<213> *Caenorhabditis elegans*

5 <220>
<221> CDS
<222> (1)..(1332)
<223> Delta-6-Desaturasa

10 <400> 25

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

ES 2 713 548 T3

```

cca ctt ttc gca ttt att cca gga gat ttg tgc aag tat aag gcc agc      720
Pro Leu Phe Ala Phe Ile Pro Gly Asp Leu Cys Lys Tyr Lys Ala Ser
225                      230                      235                      240

ttt gaa aaa gca att ctc aag att gta cca tat caa cat ctc tat ttc      768
Phe Glu Lys Ala Ile Leu Lys Ile Val Pro Tyr Gln His Leu Tyr Phe
                245                      250                      255

acc gca atg ctt cca atg ctc cgt ttc tca tgg act ggt cag tca gtt      816
Thr Ala Met Leu Pro Met Leu Arg Phe Ser Trp Thr Gly Gln Ser Val
                260                      265                      270

caa tgg gta ttc aaa gag aat caa atg gag tac aag gtc tat caa aga      864
Gln Trp Val Phe Lys Glu Asn Gln Met Glu Tyr Lys Val Tyr Gln Arg
                275                      280                      285

aat gca ttc tgg gag caa gca aca att gtt gga cat tgg gct tgg gta      912
Asn Ala Phe Trp Glu Gln Ala Thr Ile Val Gly His Trp Ala Trp Val
                290                      295                      300

ttc tat caa ttg ttc tta tta cca aca tgg cca ctt cgg gtt gct tat      960
Phe Tyr Gln Leu Phe Leu Leu Pro Thr Trp Pro Leu Arg Val Ala Tyr
305                      310                      315                      320

ttc att att tca caa atg gga gga ggc ctt ttg att gct cac gta gtc      1008
Phe Ile Ile Ser Gln Met Gly Gly Gly Leu Leu Ile Ala His Val Val
                325                      330                      335

act ttc aac cat aac tct gtt gat aag tat cca gcc aat tct cga att      1056
Thr Phe Asn His Asn Ser Val Asp Lys Tyr Pro Ala Asn Ser Arg Ile
                340                      345                      350

tta aac aac ttc gcc gct ctt caa att ttg acc aca cgc aac atg act      1104
Leu Asn Asn Phe Ala Ala Leu Gln Ile Leu Thr Thr Arg Asn Met Thr
                355                      360                      365

cca tct cca ttc att gat tgg ctt tgg ggt gga ctc aat tat cag atc      1152
Pro Ser Pro Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile
                370                      375                      380

gag cac cac ttg ttc cca aca atg cca cgt tgc aat ctg aat gct tgc      1200
Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg Cys Asn Leu Asn Ala Cys
385                      390                      395                      400

gtg aaa tat gtg aaa gaa tgg tgc aaa gag aat aat ctt cct tac ctc      1248
Val Lys Tyr Val Lys Glu Trp Cys Lys Glu Asn Asn Leu Pro Tyr Leu
                405                      410                      415

gtc gat gac tac ttt gac gga tat gca atg aat ttg caa caa ttg aaa      1296
Val Asp Asp Tyr Phe Asp Gly Tyr Ala Met Asn Leu Gln Gln Leu Lys
                420                      425                      430

aat atg gct gag cac att caa gct aaa gct gcc taa                      1332
Asn Met Ala Glu His Ile Gln Ala Lys Ala Ala
                435                      440

```

<210> 26

<211> 443

<212> PRT

<213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 26

```

Met Val Val Asp Lys Asn Ala Ser Gly Leu Arg Met Lys Val Asp Gly
1                      5                      10                      15

```

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

```

Asn Ala Phe Trp Glu Gln Ala Thr Ile Val Gly His Trp Ala Trp Val
290                               295                      300

Phe Tyr Gln Leu Phe Leu Leu Pro Thr Trp Pro Leu Arg Val Ala Tyr
305                               310                      315                      320

Phe Ile Ile Ser Gln Met Gly Gly Gly Leu Leu Ile Ala His Val Val
                               325                      330                      335

Thr Phe Asn His Asn Ser Val Asp Lys Tyr Pro Ala Asn Ser Arg Ile
                               340                      345                      350

Leu Asn Asn Phe Ala Ala Leu Gln Ile Leu Thr Thr Arg Asn Met Thr
                               355                      360                      365

Pro Ser Pro Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile
370                               375                      380

Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg Cys Asn Leu Asn Ala Cys
385                               390                      395                      400

Val Lys Tyr Val Lys Glu Trp Cys Lys Glu Asn Asn Leu Pro Tyr Leu
                               405                      410                      415

Val Asp Asp Tyr Phe Asp Gly Tyr Ala Met Asn Leu Gln Gln Leu Lys
                               420                      425                      430

Asn Met Ala Glu His Ile Gln Ala Lys Ala Ala
435                               440

```

<210> 27
 <211> 873
 <212> ADN
 <213> *Physcomitrella patens*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(873)
 <223> Delta-6-Elongasa

<400> 27

```

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 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

```

ES 2 713 548 T3

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 tcy 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> 28

<211> 290

<212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

<400> 28

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
275 280 285

Thr Glu
290

<210> 29
<211> 1049
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium*

<220>
<221> CDS
<222> (43)..(858)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 29

```

gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg      54
                                     Met Met Glu Pro
                                     1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc      102
Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser
5                               10                               15                               20

tcg gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gcc aag gac agc ttc      150
Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe
25                               30                               35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc      198
Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser
40                               45                               50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac      246
Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn
55                               60                               65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc      294
Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu
70                               75                               80

tgc ctc ttc tcg ggc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc      342
Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile
85                               90                               95                               100

cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc      390
Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu
105                               110                               115

aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag      438
Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys
120                               125                               130

atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag      486
Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys
135                               140                               145

ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac      534
Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr
150                               155                               160

gcc atc gac cac atc ttt ctc tcg tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc      582
Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val
165                               170                               175                               180

```

ES 2 713 548 T3

```

aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc      630
Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe
          185                      190                      195

ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc      678
Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe
          200                      205                      210

att ttc agc atc ggc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc      726
Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys
          215                      220                      225

gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt      774
Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu
          230                      235                      240

ttc gtc gtg ccc ttc ctc atc ctc ttt ttc aat ttt tac ctg cag cag      822
Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln
          245                      250                      255                      260

tac gtc ctc gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaaca      868
Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
          265                      270

gtagaccagc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat      928

catttgattc aacgaggcta cttgcggcca cgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa      988

aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa      1048

c                                                                 1049

```

<210> 30
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> *Thraustochytrium*
 <400> 30

ES 2 713 548 T3

```

Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala
1          5          10          15

Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala
          20          25          30

Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu
          35          40          45

Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr
          50          55          60

Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His
65          70          75          80

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser
          85          90          95

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr
          100          105          110

Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe
          115          120          125

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val
          130          135          140

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr
145          150          155          160

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr
          165          170          175

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr
          180          185          190

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln
          195          200          205

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp
          210          215          220

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val
225          230          235          240

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe
          245          250          255

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
          260          265          270

```

<210> 31
 <211> 837
 <212> ADN
 <213> *Phytophthora infestans*

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(837)
 <223> Delta-6-Elongasa

10

<400> 31

ES 2 713 548 T3

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

<210> 32
<211> 278
<212> PRT
<213> *Phytophthora infestans*

ES 2 713 548 T3

<400> 32

```

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

```

ES 2 713 548 T3

<210> 33
 <211> 954
 <212> ADN
 <213> *Mortierella alpina*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(954)
 <223> Delta-6-Elongasa

<400> 33

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

ES 2 713 548 T3

```

ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc      720
Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225                      230                      235                      240

gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt      768
Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
                      245                      250                      255

acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc      816
Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
                      260                      265                      270

ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag      864
Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
                      275                      280                      285

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc      912
Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
                      290                      295                      300

ggc gga tcg ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa      954
Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305                      310                      315

```

<210> 34
 <211> 317
 <212> PRT
 <213> *Mortierella alpina*

<400> 34

```

Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
1                      5                      10                      15

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
                      20                      25                      30

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
                      35                      40                      45

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
50                      55                      60

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
65                      70                      75                      80

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
                      85                      90                      95

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

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
115                      120                      125

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
130                      135                      140

```

ES 2 713 548 T3

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

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
165 170 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
180 185 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
195 200 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
210 215 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225 230 235 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
245 250 255

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

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
275 280 285

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

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305 310 315

<210> 35

<211> 957

<212> ADN

<213> *Mortierella alpina*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(957)

<223> Delta-6-Elongasa

<400> 35

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

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

<211> 318
 <212> PRT
 <213> *Mortierella alpina*

5 <400> 36

```

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
  
```

ES 2 713 548 T3

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> 37
<211> 867
<212> ADN
<213> *Caenorhabditis elegans*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(867)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 37

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

ES 2 713 548 T3

```

gtt ctc cgt aaa cgt cca ctc atg ttc ctt cac tgg tat cac cat att      480
Val Leu Arg Lys Arg Pro Leu Met Phe Leu His Trp Tyr His His Ile
145                      150                      155                      160

ctc acc atg atc tac gcc tgg tac tct cat cca ttg acc cca gga ttc      528
Leu Thr Met Ile Tyr Ala Trp Tyr Ser His Pro Leu Thr Pro Gly Phe
                      165                      170                      175

aac aga tac gga att tat ctt aac ttt gtc gtc cac gcc ttc atg tac      576
Asn Arg Tyr Gly Ile Tyr Leu Asn Phe Val Val His Ala Phe Met Tyr
                      180                      185                      190

tct tac tac ttc ctt cgc tcg atg aag att cgc gtg cca gga ttc atc      624
Ser Tyr Tyr Phe Leu Arg Ser Met Lys Ile Arg Val Pro Gly Phe Ile
                      195                      200                      205

gcc caa gct atc aca tct ctt caa atc gtt caa ttc atc atc tct tgc      672
Ala Gln Ala Ile Thr Ser Leu Gln Ile Val Gln Phe Ile Ile Ser Cys
210                      215                      220

gcc gtt ctt gct cat ctt ggt tat ctc atg cac ttc acc aat gcc aac      720
Ala Val Leu Ala His Leu Gly Tyr Leu Met His Phe Thr Asn Ala Asn
225                      230                      235                      240

tgt gat ttc gag cca tca gta ttc aag ctc gca gtt ttc atg gac aca      768
Cys Asp Phe Glu Pro Ser Val Phe Lys Leu Ala Val Phe Met Asp Thr
                      245                      250                      255

aca tac ttg gct ctt ttc gtc aac ttc ttc ctc caa tca tat gtt ctc      816
Thr Tyr Leu Ala Leu Phe Val Asn Phe Phe Leu Gln Ser Tyr Val Leu
260                      265                      270

cgc gga gga aaa gac aag tac aag gca gtg cca aag aag aag aac aac      864
Arg Gly Gly Lys Asp Lys Tyr Lys Ala Val Pro Lys Lys Lys Asn Asn
275                      280                      285

taa                                                                    867

```

<210> 38
 <211> 288
 <212> PRT
 <213> *Caenorhabditis elegans*
 <400> 38

```

Met Ala Gln His Pro Leu Val Gln Arg Leu Leu Asp Val Lys Phe Asp
1                      5                      10                      15

Thr Lys Arg Phe Val Ala Ile Ala Thr His Gly Pro Lys Asn Phe Pro
                      20                      25                      30

Asp Ala Glu Gly Arg Lys Phe Phe Ala Asp His Phe Asp Val Thr Ile
                      35                      40                      45

Gln Ala Ser Ile Leu Tyr Met Val Val Val Phe Gly Thr Lys Trp Phe
50                      55                      60

Met Arg Asn Arg Gln Pro Phe Gln Leu Thr Ile Pro Leu Asn Ile Trp
65                      70                      75                      80

Asn Phe Ile Leu Ala Ala Phe Ser Ile Ala Gly Ala Val Lys Met Thr
                      85                      90                      95

```

ES 2 713 548 T3

Pro Glu Phe Phe Gly Thr Ile Ala Asn Lys Gly Ile Val Ala Ser Tyr
100 105 110

Cys Lys Val Phe Asp Phe Thr Lys Gly Glu Asn Gly Tyr Trp Val Trp
115 120 125

Leu Phe Met Ala Ser Lys Leu Phe Glu Leu Val Asp Thr Ile Phe Leu
130 135 140

Val Leu Arg Lys Arg Pro Leu Met Phe Leu His Trp Tyr His His Ile
145 150 155 160

Leu Thr Met Ile Tyr Ala Trp Tyr Ser His Pro Leu Thr Pro Gly Phe
165 170 175

Asn Arg Tyr Gly Ile Tyr Leu Asn Phe Val Val His Ala Phe Met Tyr
180 185 190

Ser Tyr Tyr Phe Leu Arg Ser Met Lys Ile Arg Val Pro Gly Phe Ile
195 200 205

Ala Gln Ala Ile Thr Ser Leu Gln Ile Val Gln Phe Ile Ile Ser Cys
210 215 220

Ala Val Leu Ala His Leu Gly Tyr Leu Met His Phe Thr Asn Ala Asn
225 230 235 240

Cys Asp Phe Glu Pro Ser Val Phe Lys Leu Ala Val Phe Met Asp Thr
245 250 255

Thr Tyr Leu Ala Leu Phe Val Asn Phe Phe Leu Gln Ser Tyr Val Leu
260 265 270

Arg Gly Gly Lys Asp Lys Tyr Lys Ala Val Pro Lys Lys Lys Asn Asn
275 280 285

<210> 39
<211> 1626
<212> ADN
<213> *Euglena gracilis*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1626)
<223> Delta-4-Desaturasa

<400> 39

atg ttg gtg ctg ttt ggc aat ttc tat gtc aag caa tac tcc caa aag 48
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

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

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 tgc 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	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
ctg ttc ccc agc atc tgc 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
ggg 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> 40
 <211> 541
 <212> PRT
 <213> *Euglena gracilis*

<400> 40

ES 2 713 548 T3

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	

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

<211> 1548
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium*

5 <220>
<221> CDS
<222> (1)..(1548)
<223> Delta-4-Desaturasa

10 <400> 41

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 ggc 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 ggc 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 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	

ES 2 713 548 T3

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	ccg	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	ccg	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															

ES 2 713 548 T3

<210> 42
 <211> 515
 <212> PRT
 <213> *Thraustochytrium*

5

<400> 42

```

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
  
```

ES 2 713 548 T3

```

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 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                      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 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                      480

```

ES 2 713 548 T3

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> 43
<211> 960
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(960)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 43

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

ES 2 713 548 T3

165	170	175	
atg tat tcc tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg			576
Met Tyr Ser Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp			
180	185	190	
aaa cga tac ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg			624
Lys Arg Tyr Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val			
195	200	205	
gtt tat acg ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat			672
Val Tyr Thr Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His			
210	215	220	
gga gcg gat gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt			720
Gly Ala Asp Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys			
225	230	235	240
gga gtg cag gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc			768
Gly Val Gln Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile			
245	250	255	
ttt tat aaa cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat			816
Phe Tyr Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp			
260	265	270	
agc aag aag aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct			864
Ser Lys Lys Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala			
275	280	285	
atg aag gat ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg			912
Met Lys Asp Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala			
290	295	300	
aag gat gct gga aag ttg gtg gct acg aga gta agg tgt aag gtg taa			960
Lys Asp Ala Gly Lys Leu Val Ala Thr Arg Val Arg Cys Lys Val			
305	310	315	

<210> 44
 <211> 319
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*
 <400> 44

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

ES 2 713 548 T3

Ile Leu Leu Ser Phe Gly Val His Arg Ser Ala Gln Gly Thr Gly Lys
100 105 110

Ala Phe Thr Asn Asn Val Thr Asn Pro His Leu Thr Leu Pro Pro His
115 120 125

Ser Thr Lys Thr Lys Lys Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His
130 135 140

Thr Thr Ile Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly
145 150 155 160

Gly Asp Ile Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu
165 170 175

Met Tyr Ser Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp
180 185 190

Lys Arg Tyr Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val
195 200 205

Val Tyr Thr Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His
210 215 220

Gly Ala Asp Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys
225 230 235 240

Gly Val Gln Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile
245 250 255

Phe Tyr Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp
260 265 270

Ser Lys Lys Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala
275 280 285

Met Lys Asp Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala
290 295 300

Lys Asp Ala Gly Lys Leu Val Ala Thr Arg Val Arg Cys Lys Val
305 310 315

<210> 45
<211> 819
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(819)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 45

ES 2 713 548 T3

```

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

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> 46
 <211> 272
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 46

ES 2 713 548 T3

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> 47
 <211> 936
 <212> ADN
 <213> *Crypthecodinium cohnii*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(936)
 <223> Delta-5-Elongasa

<400> 47

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

ES 2 713 548 T3

gag tac act cct ggc ttg tgg ttt gcg gcg acg aac tac ttc gtg cac	576
Glu Tyr Thr Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His	
180 185 190	
tcc atc atg tac atg tac ttc ttc ctc atg acc ttc aag tcg gcc gcg	624
Ser Ile Met Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Ser Ala Ala	
195 200 205	
aag gtg gtg aag ccc atc gcc cct ctc atc aca gtt atc cag att gct	672
Lys Val Val Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Val Ile Gln Ile Ala	
210 215 220	
cag atg gtc tgg ggc ctc atc gtc aac ggc atc gcc atc acc acc ttc	720
Gln Met Val Trp Gly Leu Ile Val Asn Gly Ile Ala Ile Thr Thr Phe	
225 230 235 240	
ttc acg act ggt gcc tgc cag atc cag tct gtg act gtg tat tcg gcc	768
Phe Thr Thr Gly Ala Cys Gln Ile Gln Ser Val Thr Val Tyr Ser Ala	
245 250 255	
atc atc atg tac gct tcg tac ttc tac ctg ttc tcc cag ctc ttc ttc	816
Ile Ile Met Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Ser Gln Leu Phe Phe	
260 265 270	
gag gcc cat ggt gcc gct ggc aag aac aag aag aag ttg acc cgc gag	864
Glu Ala His Gly Ala Ala Gly Lys Asn Lys Lys Lys Leu Thr Arg Glu	
275 280 285	
ctc tct cga aaa atc tcg gag gct ctc ctg aac acc ggt gac gag gtt	912
Leu Ser Arg Lys Ile Ser Glu Ala Leu Leu Asn Thr Gly Asp Glu Val	
290 295 300	
tcc aag cac ctg aag gtg aat tga	936
Ser Lys His Leu Lys Val Asn	
305 310	

<210> 48
 <211> 311
 <212> PRT
 <213> *Cryptocodinium cohnii*
 <400> 48

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

ES 2 713 548 T3

Gly Leu Tyr Asn Met Thr Glu Thr Arg Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys
100 105 110

Gly Ser Thr Gly Glu Leu Val Gln Asn Leu Gln Thr Gly Pro Thr Ala
115 120 125

Leu Ala Leu Cys Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Met Asp
130 135 140

Thr Val Phe Leu Ile Leu Lys Ala Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp
145 150 155 160

Tyr His His Ala Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Leu Ala Leu Ala Thr
165 170 175

Glu Tyr Thr Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His
180 185 190

Ser Ile Met Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Ser Ala Ala
195 200 205

Lys Val Val Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Val Ile Gln Ile Ala
210 215 220

Gln Met Val Trp Gly Leu Ile Val Asn Gly Ile Ala Ile Thr Thr Phe
225 230 235 240

Phe Thr Thr Gly Ala Cys Gln Ile Gln Ser Val Thr Val Tyr Ser Ala
245 250 255

Ile Ile Met Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Ser Gln Leu Phe Phe
260 265 270

Glu Ala His Gly Ala Ala Gly Lys Asn Lys Lys Lys Leu Thr Arg Glu
275 280 285

Leu Ser Arg Lys Ile Ser Glu Ala Leu Leu Asn Thr Gly Asp Glu Val
290 295 300

Ser Lys His Leu Lys Val Asn
305 310

<210> 49
<211> 927
<212> ADN
<213> *Crypthecodinium cohnii*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(927)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 49

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

```

ggt tcg gct gga aag gac aag aag aag ttg gcc cga gag ctg agc cga      864
Gly Ser Ala Gly Lys Asp Lys Lys Lys Leu Ala Arg Glu Leu Ser Arg
      275                      280                      285

aag gtc tcg cgg gct ctc aca gca acg ggc gaa gag gtg tcg aag cac      912
Lys Val Ser Arg Ala Leu Thr Ala Thr Gly Glu Glu Val Ser Lys His
      290                      295                      300

atg aag gtg aat tga      927
Met Lys Val Asn
305

```

<210> 50
 <211> 308
 <212> PRT
 <213> *Crypthecodinium cohnii*
 <400> 50

```

Met Ala Ser Tyr Gln Gln Ala Phe Ser Glu Leu Ala Arg Ala Leu Ser
1                      5                      10                      15

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

Gln Phe Cys Arg Asp Gln Trp Ala Ile Pro Thr Val Phe Cys Ile Gly
      35                      40                      45

Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Thr Arg Arg Pro Ile Ala Lys His Pro
50                      55                      60

Tyr Met Ser Leu Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn Leu Gly Leu
65                      70                      75                      80

Ser Leu Phe Ser Cys Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val Gly Leu Ser
      85                      90                      95

His Thr Thr Trp Asn Phe Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys Gly Ser Thr
      100                      105                      110

Thr Glu Leu Val Asn Gly Phe Gln Lys Gly Pro Ala Ala Leu Ala Leu
      115                      120                      125

Ile Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Gly Asp Thr Val Phe
      130                      135                      140

Leu Ile Leu Lys Gly Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp Tyr His His
145                      150                      155                      160

Thr Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Met Ala Leu Ala Thr Glu Tyr Thr
      165                      170                      175

Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His Ser Ile Met
      180                      185                      190

```

ES 2 713 548 T3

Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Thr Ala Ala Gly Ile Ile
195 200 205

Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Ile Ile Gln Ile Ser Gln Met Val
210 215 220

Trp Gly Leu Val Val Asn Ala Ile Ala Val Gly Thr Phe Phe Thr Thr
225 230 235 240

Gly Asn Cys Gln Ile Gln Ala Val Thr Val Tyr Ser Ala Ile Val Met
245 250 255

Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Gly Gln Leu Phe Phe Glu Ala Gln
260 265 270

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

Lys Val Ser Arg Ala Leu Thr Ala Thr Gly Glu Glu Val Ser Lys His
290 295 300

Met Lys Val Asn
305

<210> 51
<211> 795
<212> ADN
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(795)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 51

atg gct tca aca tgg caa agc gtt cag tcc atg cgc cag tgg att tta 48
Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
1 5 10 15

gag aat gga gat aaa agg aca gac cca tgg cta ctg gtc tac tcc cct 96
Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
20 25 30

atg cca gtg gcc att ata ttc ctc ctc tat ctt ggt gtg gtc tgg gct 144
Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
35 40 45

ggg ccc aag ctg atg aaa cgc agg gaa cca gtt gat ctc aag gct gta 192
Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
50 55 60

ctc att gtc tac aac ttc gcc atg gtc tgc ctg tct gtc tac atg ttc 240
Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
65 70 75 80

cat gag ttc ttg gtc acg tcc ttg ctg tct aac tac agt tac ctg tgt 288
His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
85 90 95

ES 2 713 548 T3

caa cct gtg gat tac agc act agt cca ctg gcg atg agg atg gcc aaa	336
Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys	
100 105 110	
gta tgc tgg tgg ttt ttc ttc tcc aag gtc ata gaa ttg gct gac acg	384
Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr	
115 120 125	
gtg ttc ttc atc ctg agg aag aag aac agt cag ctg act ttc ctg cat	432
Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His	
130 135 140	
gtc tat cac cat ggc acc atg atc ttc aac tgg tgg gca ggg gtc aag	480
Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys	
145 150 155 160	
tat ctg gct gga ggc caa tcg ttc ttc atc ggc ctg ctc aat acc ttt	528
Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe	
165 170 175	
gtg cac atc gtg atg tac tct tac tac gga ctg gct gcc ctg ggg cct	576
Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro	
180 185 190	
cac acg cag aag tac tta tgg tgg aag cgc tat ctg acc tca ctg cag	624
His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln	
195 200 205	
ctg ctc cag ttt gtc ctg ttg acc act cac act ggc tac aac ctc ttc	672
Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe	
210 215 220	
act gag tgt gac ttc ccg gac tcc atg aac gct gtg gtg ttt gcc tac	720
Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr	
225 230 235 240	
tgt gtc agt ctc att gct ctc ttc agc aac ttc tac tat cag agc tac	768
Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr	
245 250 255	
ctc aac agg aag agc aag aag aca taa	795
Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr	
260	

<210> 52

<211> 264

<212> PRT

<213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 52

ES 2 713 548 T3

```

Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
1      5      10      15

Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
20      25      30

Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
35      40      45

Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
50      55      60

Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
65      70      75      80

His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
85      90      95

Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
100     105     110

Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr
115     120     125

Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
130     135     140

Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
145     150     155     160

Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
165     170     175

Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
180     185     190

His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
195     200     205

Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
210     215     220

Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
225     230     235     240

Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
245     250     255

Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
260

```

<210> 53
 <211> 885
 <212> ADN
 <213> *Oncorhynchus mykiss*

5

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(885)
 <223> Delta-5-Elongasa

10

<400> 53

```

atg gag act ttt aat tat aaa cta aac atg tac ata gac tca tgg atg
Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
1      5      10      15

```

48

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

cac agg aaa gtg agg ggg gac
His Arg Lys Val Arg Gly Asp
290 295

885

<210> 54
<211> 295
<212> PRT
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 54

Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
1 5 10 15

Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr
20 25 30

Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met
35 40 45

Gly Pro Lys Tyr Met Arg His Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu
50 55 60

Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe
65 70 75 80

Tyr Glu Met Val Ser Ala Val Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys
85 90 95

Gln Asp Thr His Ser Ala Gly Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val
100 105 110

Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe
115 120 125

Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile
130 135 140

Tyr His His Ala Ser Met Leu Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp
145 150 155 160

Val Pro Cys Gly His Ser Tyr Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile
165 170 175

His Val Leu Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu
180 185 190

Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile
195 200 205

Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro
210 215 220

ES 2 713 548 T3

Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile
225 230 235 240

Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys
245 250 255

His Leu Val Ser Gln Lys Lys Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala
260 265 270

Ser Leu Asn Gly His Val Asn Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr
275 280 285

His Arg Lys Val Arg Gly Asp
290 295

<210> 55
<211> 6753
<212> ADN
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<220>
<221> CDS
<222> (513)..(1397)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 55

acggattaga agccgccgag cgggtgacag ccctccgaag gaagactctc ctccgtgcgt 60
cctcgctcctc accgggtcgcg ttctctgaaac gcagatgtgc ctgcgcgcgc actgctccga 120
acaataaaga ttctacaata cttagctttta tggttatgaa gaggaataat tggcagtaac 180
ctggcccccac aaaccttcaa atgaacgaat caaattaaca accataggat gataatgcga 240
ttagtTTTTT agccttattt ctggggtaat taatcagcga agcgaatgatt tttgatctat 300
taacagatat ataaatgcaa aaactgcatt aaccacttta actaatactt tcaacatttt 360
cggtttgtat tacttcttat tcaaatgtaa taaaagtatc aacaaaaaat tgtaaataata 420
cctctatact ttaacgtcaa ggagaaaaaa ccccgatcg gactactagc agctgtaata 480
cgactcacta tagggaatat taagcttaca ta atg gag act ttt aat tat aaa 533
Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys
1 5
cta aac atg tac ata gac tca tgg atg ggt ccc aga gat gag cgg gta 581
Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val
10 15 20
cag gga tgg ctg ctt ctg gac aac tac .cct cca acc ttt gca cta aca 629
Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr
25 30 35
gtc atg tac ctg ctg atc gta tgg atg ggg ccc aag tac atg aga cac 677
Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met Gly Pro Lys Tyr Met Arg His
40 45 50 55
aga cag ccg gtg tct tgc cgg ggt ctc ctc ttg gtc tac aat ctg ggc 725
Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly
60 65 70

ES 2 713 548 T3

ctc acg atc ttg tcc ttc tat atg ttc tat gag atg gtg tct gct gtg Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe Tyr Glu Met Val Ser Ala Val 75 80 85	773
tgg cac ggg gat tat aac ttc ttt tgc caa gac aca cac agt gca gga Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys Gln Asp Thr His Ser Ala Gly 90 95 100	821
gaa acc gat acc aag atc ata aat gtg ctg tgg tgg tac tac ttc tcc Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser 105 110 115	869
aag ctc ata gag ttt atg gat acc ttc ttc ttc atc ctg cgg aag aac Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn 120 125 130 135	917
aac cat caa atc acg ttt ctg cac atc tac cac cat gct agc atg ctc Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile Tyr His His Ala Ser Met Leu 140 145 150	965
aac atc tgg tgg ttc gtc atg aac tgg gtg ccc tgt ggt cac tcc tac Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp Val Pro Cys Gly His Ser Tyr 155 160 165	1013
ttt ggt gcc tcc ctg aac agc ttc atc cat gtc ctg atg tac tct tac Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile His Val Leu Met Tyr Ser Tyr 170 175 180	1061
tat ggg ctc tct gct gtc ccg gcc ttg cgg ccc tat cta tgg tgg aag Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys 185 190 195	1109
aaa tac atc aca caa gta cag ctg att cag ttc ttt ttg acc atg tcc Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser 200 205 210 215	1157
cag acg ata tgt gca gtc att tgg cca tgt gat ttc ccc aga ggg tgg Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp 220 225 230	1205
ctg tat ttc cag ata ttc tat gtc atc aca ctt att gcc ctt ttc tca Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser 235 240 245	1253
aac ttc tac att cag act tac aag aaa cac ctt gtt tca caa aag aag Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys His Leu Val Ser Gln Lys Lys 250 255 260	1301
gag tat cat cag aat ggc tct gtt gct tca ttg aat ggc cat gtg aat Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala Ser Leu Asn Gly His Val Asn 265 270 275	1349
ggg gtg aca ccc acg gaa acc att aca cac agg aaa gtg agg ggg gac Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr His Arg Lys Val Arg Gly Asp 280 285 290 295	1397
tgaaggatcc actagtaacg gccgccagtg tgctggaatt ctgcagatat ccagcacagt	1457
ggcgcccgct cgagtctaga gggcccttcg aaggtaagcc tatccctaac cctctcctcg	1517
gtctcgattc taogcgtacc ggtcatcatc accatcacca ttgagtttaa acccgctgat	1577
cctagagggc cgcacatgt aattagttat gtcacgctta cattcacgcc ctccccccac	1637
atccgcctcta accgaaaagg aaggagttag acaacctgaa gtctaggtcc ctattttattt	1697
ttttatagtt atgttagtat taagaacggt attttatattt caaattttttc ttttttttct	1757

ES 2 713 548 T3

gtacagacgc gtgtacgcat gtaacattat actgaaaacc ttgcttgaga aggttttggg 1817
 acgctcgaag gctttaattt gcaagctgcg gccctgcatt aatgaatcgg ccaacgcgcg 1877
 gggagaggcg gtttgcgat tgggcgctct tccgcttcct cgctcactga ctgcctgcgc 1937
 tcggtcggtt ggctgcggcg agcgggtatca gctcactcaa aggcggtaat acggttatcc 1997
 acagaatcag gggataacgc aggaaagaac atgtgagcaa aaggccagca aaagcccagg 2057
 aaccgtaaaa aggcgcggtt gctggcggtt tcccataggc tccgcccccc tgacgagcat 2117
 cacaaaaatc gacgctcaag tcagagggtg cgaaccgca caggactata aagataccag 2177
 gcgtttcccc ctggaagctc cctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc gcttaccgga 2237
 tacctgtccg cctttctccc ttcgggaagc gtggcgcttt ctcatagctc acgctgtagg 2297
 tatctcagtt cgggtgtaggt cgctcgtcc aagctgggct gtgtgcacga acccccgtt 2357
 cagccccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc ggtaagacac 2417
 gacttatcgc cactggcagc agccactggt aacaggatta gcagagcgag gtatgtaggc 2477
 ggtgctacag agttcttgaa gtggtggcct aactacggct acactagaag gacagtattt 2537
 ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag ctcttgatcc 2597
 ggcaaaaaaa ccaccgctgg tagcgggtgt ttttttgttt gcaagcagca gattacgcgc 2657
 agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga cgctcagtgg 2717
 aacgaaaact cacgttaagg gattttggtc atgagattat caaaaaggat cttcacctag 2777
 atccttttaa attaaaaatg aagttttaa tcaatctaaa gtatatatga gtaaaacttg 2837
 tctgacagtt accaatgctt aatcagttag gcacctatct cagcgatctg tctatttcgt 2897
 tcatccatag ttgcctgact ccccgctgtg tagataacta cgatacggga gcgcttacca 2957
 tctggcccca gtgctgcaat gataccgga gaccacgct caccggctcc agatttatca 3017
 gcaataaacc agccagccgg aaggcccgag cgcagaagtg gtcctgcaac tttatccgcc 3077
 tccatccagt ctattaattg ttgccgggaa gctagagtaa gtagttcgcc agttaatagt 3137
 ttgcgcaacg ttgttgccat tgctacaggc atcgtggtgt cagctcgtc gtttggtatg 3197
 gcttcattca gctccggtt ccaacgatca aggcgagtta catgatcccc catgttgtgc 3257
 aaaaaagcgg ttagctcctt cggctcctcg atcgttgtca gaagtaagtt ggccgcagtg 3317
 ttatcactca tgggttatggc agcactgcat aattctctta ctgtcatgcc atccgtaaga 3377
 tgcttttctg tgactggtga gtactcaacc aagtcattct gagaatagtg tatgcggcga 3437
 ccgagttgct cttgcccggc gtcaacacgg gataataccg cgccacatag cagaacttta 3497
 aaagtgtc tcatggaaa acgttcttcg gggcgaaaac tctcaaggat cttaccgctg 3557
 ttgagatcca gttcgatgta acccactcgt gcaccaact gatcttcagc atcttttact 3617
 ttcaccagcg tttctgggtg agcaaaaaa ggaaggcaaa atgccgcaaa aaagggaata 3677
 agggcgacac ggaaatgttg aatactcata ctcttccttt ttcaatatta ttgaagcatt 3737
 tatcagggtt attgtctcat gagcggatc atatttgaat gtatttagaa aaataaacia 3797

ES 2 713 548 T3

ataggggttc cgcgcacatt tccccgaaaa gtgccacctg acgtctaaga aaccattatt 3857
 atcatgacat taacctataa aaataggcgt atcacgaggg cctttcgtct tcaagaaatt 3917
 cggtcgaaaa aagaaaagga gagggccaag agggagggca ttggtgacta ttgagcacgt 3977
 gagtatacgt gattaagcac acaaaggcag cttggagtat gtctgttatt aatttcacag 4037
 gtagttcttg tccattggtg aaagtttgcg gcttcgagag cacagaggcc gcagaatgtg 4097
 ctctagattc cgatgctgac ttgctgggta ttatatgtgt gcccaataga aagagaacaa 4157
 ttgacccggt tattgcaagg aaaatttcaa gtcttgtaaa agcatataaa aatagttcag 4217
 gcactccgaa atacttggtt ggcggtgttc gtaatcaacc taaggaggat gttttggctc 4277
 tggccaatga ttacggcatt gatatcgcc aactgcacgg agatgagtcg tggcaagaat 4337
 accaagagtt cctcggtttg ccagttatta aaagactcgt atttccaaaa gactgcaaca 4397
 tactactcag tgcagcttca cagaaacctc attcgtttat tcccttggtt gattcagaag 4457
 caggtgggac aggtgaactt ttggattgga actcgatttc tgactgggtt ggaaggcaag 4517
 agagccccga gagcttacat tttatgttag ctggtggact gacgccagaa aatggttggtg 4577
 atgcgcttag attaaatggc gttattggtg ttgatgtaag cggaggtgtg gagacaaatg 4637
 gtgtaaaaga ctctaacaaa atagcaaatt tcgtcaaaaa tgctaagaaa taggttatta 4697
 ctgagtagta tttatttaag tattgtttgt gcacttgccc tagcttatcg atgataagct 4757
 gtcaaagatg agaattaatt ccacggacta tagactatac tagatactcc gtctactgta 4817
 cgatacactt ccgctcaggt ccttgctcct taacgaggcc ttaccactct tttgttactc 4877
 tattgatcca gctcagcaaa ggcagtgta tctaagattc tatcttcgcg atgtagtaaa 4937
 actagctaga ccgagaaaga gactagaaat gcaaaaggca cttctacaat ggctgccatc 4997
 attattatcc gatgtgacgc tgcagcttct caatgatatt cgaatacgct ttgaggagat 5057
 acagcctaatt atccgacaaa ctgttttaca gatttacgat cgtacttggt acccatcatt 5117
 gaattttgaa catccgaacc tgggagtttt ccctgaaaca gatagtatat ttgaacctgt 5177
 ataataatat atagtctagc gctttacgga agacaatgta tgtatctcgg ttccctggaga 5237
 aactattgca tctattgcat aggtaatctt gcacgtcgca tccccggttc attttctcgcg 5297
 tttccatctt gcacttcaat agcatatctt tgttaacgaa gcatctgtgc ttcatcttgt 5357
 agaacaaaaa tgcaacgcga gagcgctaatt tttcaaaca aagaatctga gctgcatttt 5417
 tacagaacag aaatgcaacg cgaaagcgct attttaccaa cgaagaatct gtgcttcatt 5477
 tttgtaaaac aaaaatgcaa cgcgacgaga gcgctaattt ttcaaacaaa gaatctgagc 5537
 tgcattttta cagaacagaa atgcaacgcg agagcgctat tttaccaaca aagaatctat 5597
 acttcttttt tgttctacaa aaatgcatcc cgagagcgct atttttctaa caaagcatct 5657
 tagattactt tttttctcct ttgtgcgctc tataatgcag tctcttgata actttttgca 5717
 ctgtaggtcc gttaagggtta gaagaaggct actttgggtg ctattttctc ttccataaaa 5777
 aaagcctgac tccacttccc gcgtttactg attactagcg aagctgcggg tgcatttttt 5837

ES 2 713 548 T3

caagataaag gcatccccga ttatatattcta taccgatgtg gattgcgcat acttttgtgaa 5897
cagaaagtga tagcgttgat gattcttcat tggtcagaaa attatgaacg gtttcttcta 5957
ttttgtctct atatactacg tataggaaat gtttacatctt tcgtattgtt ttcgattcac 6017
tctatgaata gttcttacta caatTTTTTT gtctaaagag taatactaga gataaacata 6077
aaaaatgtag aggtcgagtt tagatgcaag ttcaaggagc gaaagggtgga tgggttaggtt 6137
atatagggat atagcacaga gatatatagc aaagagatac ttttgagcaa tgtttgtgga 6197
agcggatattc gcaatgggaa gctccacccc ggttgataat cagaaaagcc caaaaaacag 6257
gaagattgta taagcaaata tttaaattgt aaacgttaat attttggttaa aattcgcgtt 6317
aaatTTTTgt taaatcagct cattTTTTta cgaatagccc gaaatcggca aaatccctta 6377
taaataaaaa gaatagaccg agatagggtt gagtgttggt ccagtttcca acaagagtcc 6437
actattaaag aacgtggact ccaacgtcaa agggcgaaaa aggggtctatc agggcgatgg 6497
cccactacgt gaaccatcac cctaatacaag ttttttgggg tcgagggtgcc gtaaagcagt 6557
aaatcgggaag ggtaaacgga tgccccatt tagagcttga cggggaaagc cggcgaacgt 6617
ggcgagaaag gaagggaaga aagcgaaagg agcgggggct agggcggtgg gaagtgtagg 6677
ggtcacgctg ggcgtaacca ccacaccgc cgcgcttaat gggcgctac agggcgcgctg 6737
gggatgatcc actagt 6753

<210> 56
<211> 295
<212> PRT
<213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 56

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

ES 2 713 548 T3

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

<210> 57
 <211> 6645
 <212> ADN
 <213> *Oncorhynchus mykiss*

<220>
 <221> CDS
 <222> (513)..(1304)
 <223> Delta-5-Elongasa

<400> 57

acggattaga agccgccgag cgggtgacag cctccgaag gaagactctc ctccgtgcgt 60
 cctcgtcctc accggtcgcg ttcctgaaac gcagatgtgc ctcgcgccgc actgctccga 120
 acaataaaga ttctacaata ctacgtttta tggttatgaa gaggaataat tggcagtaac 180
 ctggcccccac aaaccttcaa atgaacgaat caaattaaca accataggat gataatgcga 240

ES 2 713 548 T3

ttagttttttt agccttattt ctggggtaat taatcagcga agcgatgatt tttgatctat	300
taacagatat ataaatgcaa aaactgcatt aaccacttta actaatactt tcaacatttt	360
cggtttggtat tacttcttat tcaaagttaa taaaagtatc aacaaaaaat tgtaatatata	420
cctctataact ttaacgtcaa ggagaaaaaa ccccggtatcg gactactagc agctgtaata	480
cgactcacta tagggaatat taagcttaca ta atg gct tca aca tgg caa agc	533
Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser	
1 5	
gtt cag tcc atg cgc cag tgg att tta gag aat gga gat aaa agg aca	581
Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr	
10 15 20	
gac cca tgg cta ctg gtc tac tcc cct atg cca gtg gcc att ata ttc	629
Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro Met Pro Val Ala Ile Ile Phe	
25 30 35	
ctc ctc tat ctt ggt gtg gtc tgg gct ggg ccc aag ctg atg aaa cgc	677
Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg	
40 45 50 55	
agg gaa cca gtt gat ctc aag gct gta ctc att gtc tac aac ttc gcc	725
Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala	
60 65 70	
atg gtc tgc ctg tct gtc tac atg ttc cat gag ttc ttg gtc acg tcc	773
Met Val Cys Ser Val Tyr Met Phe His Glu Phe Leu Val Thr Ser	
75 80 85	
ttg ctg tct aac tac agt tac ctg tgt caa cct gtg gat tac agc act	821
Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr	
90 95 100	
agt cca ctg gcg atg agg atg gcc aaa gta tgc tgg tgg ttt ttc ttc	869
Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe	
105 110 115	
tcc aag gtc ata gaa ttg gct gac acg gtg ttc ttc atc ctg agg aag	917
Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys	
120 125 130 135	
aag aac agt cag ctg act ttc ctg cat gtc tat cac cat ggc acc atg	965
Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His Val Tyr His His Gly Thr Met	
140 145 150	
atc ttc aac tgg tgg gca ggg gtc aag tat ctg gct gga ggc caa tcg	1013
Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser	
155 160 165	
ttc ttc atc ggc ctg ctc aat acc ttt gtg cac atc gtg atg tac tct	1061
Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe Val His Ile Val Met Tyr Ser	
170 175 180	
tac tac gga ctg gct gcc ctg ggg cct cac acg cag aag tac tta tgg	1109
Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp	
185 190 195	
tgg aag cgc tat ctg acc tca ctg cag ctg ctc cag ttt gtc ctg ttg	1157
Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu	
200 205 210 215	
acc act cac act ggc tac aac ctc ttc act gag tgt gac ttc ccg gac	1205
Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp	
220 225 230	

ES 2 713 548 T3

tcc atg aac gct gtg gtg ttt gcc tac tgt gtc agt ctc att gct ctc	1253
Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu	
235 240 245	
ttc agc aac ttc tac tat cag agc tac ctc aac agg aag agc aag aag	1301
Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys	
250 255 260	
aca taaggatcca ctagtaacgg ccgccagtgt gctggaattc tgcagatatc	1354
Thr	
catcacactg gcggccgctc gagcatgcat ctagagggcc gcatcatgta attagttatg	1414
tcacgcttac attcacgccc tccccccaca tccgctctaa ccgaaaagga aggagttaga	1474
caacctgaag tctaggtccc tatttattttt tttatagtta tggtagtatt aagaacgtta	1534
tttatatttc aaatttttct tttttttctg tacagacgcg tgtacgcatg taacattata	1594
ctgaaaacct tgcttgagaa ggttttggga cgctcgaagg ctttaatttg cggccctgca	1654
ttaatgaatc ggccaacgcg cggggagagg cggtttgctg attgggcgct cttccgcttc	1714
ctcgctcact gactcgctgc gctcggctgt tcggtgcgg cgagcggat cagctcactc	1774
aaaggcggta atacggttat ccacagaatc aggggataac gcaggaaaga acatgtgagc	1834
aaaaggccag caaaagccca ggaaccgtaa aaaggccgcg ttgctggcgt ttttccatag	1894
gctccgcccc cctgacgagc atcacaaaaa tcgacgctca agtcagaggt ggcgaaacct	1954
gacaggacta taaagatacc aggcgtttcc ccttggaagc tccctcgtgc gctctcgtgt	2014
tccgaccctg ccgcttaccg gatacctgtc cgcctttctc ccttcgggaa gcgtggcgct	2074
ttctcatagc tcacgctgta ggtatctcag ttcgggtgtag gtcgttcgct ccaagctggg	2134
ctgtgtgcac gaaccccccg ttcagcccga ccgctgcgcc ttatccggtta actatcgtct	2194
tgagtccaac ccggttaagac acgacttacc gccactggca gcagccactg gtaacaggat	2254
tagcagagcg aggtatgtag gcggtgctac agagttcttg aagtgggtggc ctaactacgg	2314
ctacactaga aggacagtat ttggtatctg cgctctgctg aagccagtta ccttcggaaa	2374
aagagtttgt agctcttgat ccggcaaaaa aaccaccgct ggtagcggtg gtttttttgt	2434
ttgcaagcag cagattacgc gcagaaaaaa aggatctcaa gaagatcctt tgatcttttc	2494
tacggggtct gacgctcagt ggaacgaaaa ctcacgttaa gggatttttg tcatgagatt	2554
atcaaaaagg atcttcacct agatcctttt aaattaaaaa tgaagtttta aatcaatcta	2614
aagtatatat gagtaaaactt ggtctgacag ttaccaatgc ttaatcagtg aggcacctat	2674
ctcagcgatc tgtctatttc gttcatccat agttgcctga ctccccgtcg tgtagataac	2734
tacgatacgg gagcgcttac catctggccc cagtgcctga atgataccgc gagacccacg	2794
ctcaccggct ccagatttat cagcaataaa ccagccagcc ggaagggccg agcgcagaag	2854
tggtcctgca actttatccg cctccattca gtctattaat tgttgccggg aagctagagt	2914
aagtagttcg ccagttaata gtttgcgcaa cgttggtggc attgctacag gcatcgtggg	2974
gtcactctcg tcgtttggta tggcttcatt cagctccggt tcccaacgat caaggcgagt	3034

ES 2 713 548 T3

tacatgatcc cccatgttgt gcaaaaaago ggtagctcc ttccgtccctc cgatcgttgt 3094
cagaagtaag ttggccgcag tgttatcact catgggtatg gcagcactgc ataattctct 3154
tactgtcatg ccatccgtaa gatgcttttc tgtgactggt gagtactcaa ccaagtcatt 3214
ctgagaatag tgtatgccc gaccgagttg ctcttgccc gcgtaatac gggataatag 3274
tgtatcacat agcagaactt taaaagtgt catcattgga aaacgttctt cggggcgaaa 3334
actctcaagg atcttaccgc tgttgagatc cagttcgatg taaccactc gtgcacccaa 3394
ctgatcttca gcatctttta ctttcaccag cgtttctggg tgagcaaaaa caggaaggca 3454
aatgcccga aaaaagggaa taagggcgac acggaaatgt tgaatactca tactcttctt 3514
ttttcaatgg gtaataactg atataattaa attgaagctc taatttgtga gtttagtata 3574
catgcattta cttataatac agtttttttag ttttgctggc cgcattctct caaatatgct 3634
tcccagcctg cttttctgta acgttcaccc tctaccttag catcccttcc ctttgcaaat 3694
agtctcttcc caacaataat aatgtcagat cctgtagaga ccacatcatc caccggttcta 3754
tactgttgac ccaatgcgtc tcccttgta tctaaacca caccgggtgt cataatcaac 3814
caatcgtaac cttcatctct tccaccatg tctctttgag caataaagcc gataacaaaa 3874
tctttgtcgc tcttcgcaat gtcaacagta cccttagtat attctccagt agatagggag 3934
cccttgcatg acaattctgc taacatcaaa aggcctctag gttcctttgt tacttcttct 3994
gccgcctgct tcaaaccgct aacaatacct gggccacca caccgtgtgc attcgtaatg 4054
tctgcccatt ctgctattct gtatacccc gcagagtact gcaatttgac tgtattacca 4114
atgtcagcaa atttctctgc ttogaagagt aaaaaattgt acttggcgga taatgccttt 4174
agcggcctta ctgtgccctc catggaaaaa tcagtcaaga tatccacatg tgttttttagt 4234
aaacaaattt tgggacctaa tgcttcaact aactccagta attccttggt ggtacgaaca 4294
tccaatgaag cacacaagtt tgtttgcttt tcgtgcatga tattaaatag cttggcagca 4354
acaggactag gatgagtagc agcacgttcc ttatatgtag ctttcgacat gatttatctt 4414
cgtttctctc aggtttttgt tctgtgcagt tgggttaaga atactgggca atttcatgtt 4474
tcttcaacac tacatatgcg tatatatacc aatctaagtc tgtgctcctt ccttcgttct 4534
tccttctgtt cggagattac cgaatcaaaa aaatttcaa gaaaccgaaa tcaaaaaaaa 4594
gaataaaaaa aaaatgatga attgaattga aaagctagct tatcgatgat aagctgtcaa 4654
agatgagaat taattccacg gactatagac tatactagat actccgtcta ctgtacgata 4714
cacttccgct caggtccttg tcctttaacy aggccttacc actcttttgt tactctattg 4774
atccagctca gcaaaggcag tgtgatctaa gattctatct tcgcgatgta gtaaaactag 4834
ctagaccgag aaagagacta gaaatgcaaa aggcacttct acaatggctg ccatcattat 4894
tatccgatgt gacgtgcag cttctcaatg atattcgaat acgctttgag gagatacagc 4954
ctaatatccg acaaactgtt ttacagattt acgatcgtae ttgttaccba tcattgaatt 5014
ttgaacatcc gaacctggga gttttccctg aaacagatag tatatttgaa cctgtataat 5074

ES 2 713 548 T3

```

aatatatagt ctagcgcttt acggaagaca atgtatgtat ttcggttcoct ggagaaacta 5134
ttgcatctat tgcataaggta atcttgcacg tcgcatcccc ggttcatttt ctgcgtttcc 5194
atcttgcact tcaatagcat atctttgtta acgaagcatc tgtgcttcat tttgtagaac 5254
aaaaatgcaa cgcgagagcg ctaatttttc aaacaaagaa tctgagctgc atttttacag 5314
aacagaaatg caacgcgaaa gcgctatttt accaacgaag aatctgtgct tcatttttgt 5374
aaaacaaaaa tgcaacgcga cgagagcgct aatttttcaa acaaagaatc tgagctgcat 5434
ttttacagaa cagaaatgca acgcgagagc gctattttac caacaaagaa tctatacttc 5494
ttttttgttc tacaaaaatg catcccgaga gcgctatttt tctaacaag catcttagat 5554
tacttttttt ctcttttgtg cgctctataa tgcagtctct tgataacttt ttgcactgta 5614
ggtccgttaa ggtagaaga aggctacttt ggtgtctatt ttctcttcca taaaaaagc 5674
ctgactccac ttcccgcggt tactgattac tagcgaagct gcgggtgcat tttttcaaga 5734
taaaggcatc cccgattata ttctataccg atgtggattg cgcatacttt gtgaacagaa 5794
agtgatagcg ttgatgatcc ttcatgggtc agaaaattat gaacgggttc ttctattttg 5854
tctctatata ctacgtatag gaaatgttta cattttctga ttgttttcga ttactctat 5914
gaatagttct tactacaatt tttttgtcta aagagtaata ctagagataa acataaaaaa 5974
tgtagaggtc gagtttagat gcaagttcaa ggagcgaaag gtggatgggt aggttatata 6034
gggatatagc acagagatat atagcaaaga gatacttttg agcaatgttt gtggaagcgg 6094
tattcgcaat gggaagctcc accccggttg ataatcagaa aagcccaaaa aacaggaaga 6154
ttgtataagc aaatatttaa attgtaaacg ttaatatattt gttaaaattc gcgttaaatt 6214
tttgttaaat cagctcattt tttaacgaat agcccgaat cggcaaaatc ccttataaat 6274
caaaagaata gaccgagata gggttgagtg ttgttocagt ttccaacaag agtccactat 6334
taaagaacgt ggactccaac gtcaaagggc gaaaaagggc ctatcagggc gatggccac 6394
tacgtgaacc atcacccata tcaagttttt tggggtcgag gtgccgtaaa gcagtaaatt 6454
ggaagggtaa acggatgcc ccatttagag cttgacgggg aaagccggcg aacgtggcga 6514
gaaaggaagg gaagaaagcg aaaggagcgg gggctagggc ggtgggaagt gtaggggtca 6574
cgctgggcgt aaccaccaca cccgccgcgc ttaatggggc gctacagggc gcgtggggat 6634
gatccactag t 6645

```

<210> 58
 <211> 264
 <212> PRT
 <213> *Oncorhynchus mykiss*

<400> 58

ES 2 713 548 T3

Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
1 5 10 15

Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
20 25 30

Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
35 40 45

Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
50 55 60

Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
65 70 75 80

His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
85 90 95

Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
100 105 110

Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr
115 120 125

Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
130 135 140

Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
145 150 155 160

Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
165 170 175

Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
180 185 190

His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
195 200 205

Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
210 215 220

Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
225 230 235 240

Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
245 250 255

Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
260

ES 2 713 548 T3

<210> 59
 <211> 1077
 <212> ADN
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1077)
 <223> Delta-5-Elongasa
 <400> 59

atg tgc tca tca ccg ccg tca caa tcc aaa aca aca tcc ctc cta gca	48
Met Cys Ser Ser 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 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 Phe Pro Ala 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 ggt 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	

ES 2 713 548 T3

	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	
	cgt gtt act ggt gcc atg tag			1077
	Arg Val Thr Gly Ala Met			
	355			

<210> 60

<211> 358

<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 60

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	
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	

ES 2 713 548 T3

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> 61
<211> 933
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(933)
<223> Delta-5-Elongasa

ES 2 713 548 T3

<400> 61

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

ES 2 713 548 T3

	245		250		255	
aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat						816
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp						
	260		265		270	
ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct						864
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala						
	275		280		285	
gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act						912
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr						
	290		295		300	
cgt gtt act ggt gcc atg tag						933
Arg Val Thr Gly Ala Met						
305		310				

<210> 62

<211> 310

<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 62

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

ES 2 713 548 T3

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
180 185 190

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
195 200 205

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
210 215 220

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
225 230 235 240

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
245 250 255

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
260 265 270

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
275 280 285

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
290 295 300

Arg Val Thr Gly Ala Met
305 310

<210> 63
<211> 933
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(933)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 63

atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg 48
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1 5 10 15

agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag 96
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
20 25 30

tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg 144
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
35 40 45

gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg 192
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
50 55 60

gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg 240
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly

ES 2 713 548 T3

65				70				75				80				
gcg	gcg	ttg	cat	agt	ggg	agc	tcg	tat	gcg	gtg	tgg	gtt	cat	tat	tgt	288
Ala	Ala	Leu	His	Ser	Gly	Ser	Ser	Tyr	Ala	Val	Trp	Val	His	Tyr	Cys	
				85					90					95		
gat	aag	tat	ttg	gag	ttc	ttt	gat	acg	tat	ttt	atg	gtg	ttg	agg	ggg	336
Asp	Lys	Tyr	Leu	Glu	Phe	Phe	Asp	Thr	Tyr	Phe	Met	Val	Leu	Arg	Gly	
			100					105					110			
aaa	atg	gac	cag	gtc	tcc	ttc	ctc	cac	atc	tac	cac	cac	acg	acc	ata	384
Lys	Met	Asp	Gln	Val	Ser	Phe	Leu	His	Ile	Tyr	His	His	Thr	Thr	Ile	
			115				120					125				
gcg	tgg	gca	tgg	tgg	atc	gcc	ctc	cgc	ttc	tcc	ccc	ggg	gga	gac	att	432
Ala	Trp	Ala	Trp	Trp	Ile	Ala	Leu	Arg	Phe	Ser	Pro	Gly	Gly	Asp	Ile	
			130			135					140					
tac	ttc	ggg	gca	ctc	ctc	aac	tcc	atc	atc	cac	gtc	ctc	atg	tat	tcc	480
Tyr	Phe	Gly	Ala	Leu	Leu	Asn	Ser	Ile	Ile	His	Val	Leu	Met	Tyr	Ser	
				150						155					160	
tac	tac	gcc	ctt	gcc	cta	ctc	aag	gtc	agt	tgt	cca	tgg	aaa	cga	tac	528
Tyr	Tyr	Ala	Leu	Ala	Leu	Leu	Lys	Val	Ser	Cys	Pro	Trp	Lys	Arg	Tyr	
				165				170						175		
ctg	act	caa	gct	caa	tta	ttg	caa	ttc	aca	agt	gtg	gtg	gtt	tat	acg	576
Leu	Thr	Gln	Ala	Gln	Leu	Leu	Gln	Phe	Thr	Ser	Val	Val	Val	Tyr	Thr	
			180					185					190			
ggg	tgt	acg	ggg	tat	act	cat	tac	tat	cat	acg	aag	cat	gga	gcg	gat	624
Gly	Cys	Thr	Gly	Tyr	Thr	His	Tyr	Tyr	His	Thr	Lys	His	Gly	Ala	Asp	
			195				200					205				
gag	aca	cag	cct	agt	tta	gga	acg	tat	tat	ttc	tgt	tgt	gga	gtg	cag	672
Glu	Thr	Gln	Pro	Ser	Leu	Gly	Thr	Tyr	Tyr	Phe	Cys	Cys	Gly	Val	Gln	
			210			215					220					
gtg	ttt	gag	atg	gtt	agt	ttg	ttt	gta	ctc	ttt	tcc	atc	ttt	tat	aaa	720
Val	Phe	Glu	Met	Val	Ser	Leu	Phe	Val	Leu	Phe	Ser	Ile	Phe	Tyr	Lys	
				230					235						240	
cga	tcc	tat	tcg	aag	aag	aac	aag	tca	gga	gga	aag	gat	agc	aag	aag	768
Arg	Ser	Tyr	Ser	Lys	Lys	Asn	Lys	Ser	Gly	Gly	Lys	Asp	Ser	Lys	Lys	
				245					250					255		
aat	gat	gat	ggg	aat	aat	gag	gat	caa	tgt	cac	aag	gct	atg	aag	gat	816
Asn	Asp	Asp	Gly	Asn	Asn	Glu	Asp	Gln	Cys	His	Lys	Ala	Met	Lys	Asp	
			260					265					270			
ata	tcg	gag	ggg	gcg	aag	gag	gtt	gtg	ggg	cat	gca	gcg	aag	gat	gct	864
Ile	Ser	Glu	Gly	Ala	Lys	Glu	Val	Val	Gly	His	Ala	Ala	Lys	Asp	Ala	
			275				280					285				
gga	aag	ttg	gtg	gct	acg	gcg	agt	aag	gct	gta	aag	agg	aag	gga	act	912
Gly	Lys	Leu	Val	Ala	Thr	Ala	Ser	Lys	Ala	Val	Lys	Arg	Lys	Gly	Thr	
			290			295					300					
cgt	gtt	act	ggg	gcc	atg	tag										933
Arg	Val	Thr	Gly	Ala	Met											
				305	310											

<210> 64
<211> 310
<212> PRT
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 64

ES 2 713 548 T3

Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1 5 10 15

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

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
35 40 45

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
50 55 60

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
65 70 75 80

Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
85 90 95

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
100 105 110

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
115 120 125

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
130 135 140

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
145 150 155 160

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
165 170 175

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
180 185 190

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
195 200 205

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
210 215 220

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
225 230 235 240

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
245 250 255

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
260 265 270

ES 2 713 548 T3

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
275 280 285

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
290 295 300

Arg Val Thr Gly Ala Met
305 310

<210> 65
<211> 825
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium aureum*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(825)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 65

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

ES 2 713 548 T3

	165	170	175	
ttt agc gtc atc ctg aac tcg ttc gtg cac acc gtc atg tac gcg tac				576
Phe Ser Val Ile Leu Asn Ser Phe Val His Thr Val Met Tyr Ala Tyr				
	180	185	190	
tac ttc ttc tcg tcg cag ggc ttc ggg ttc gtc aag ccg atc aag ccg				624
Tyr Phe Phe Ser Ser Gln Gly Phe Gly Phe Val Lys Pro Ile Lys Pro				
	195	200	205	
tac atc acc tcg ctg cag atg acg cag ttc atg gcg atg ctc gtg cag				672
Tyr Ile Thr Ser Leu Gln Met Thr Gln Phe Met Ala Met Leu Val Gln				
	210	215	220	
tcg ctg tac gac tac ctt tac ccg tgc gac tac ccg cag ggg ctc gtc				720
Ser Leu Tyr Asp Tyr Leu Tyr Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Gly Leu Val				
	225	230	235	240
aag ctc ctc ggc gtg tac atg ctc acc ctg ctt gcg ctc ttc ggc aac				768
Lys Leu Leu Gly Val Tyr Met Leu Thr Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn				
	245	250	255	
ttt ttc gtg cag agc tac ctc aag aag tcg aac aag ccc aag gcc aag				816
Phe Phe Val Gln Ser Tyr Leu Lys Lys Ser Asn Lys Pro Lys Ala Lys				
	260	265	270	
tcg gcc taa				825
Ser Ala				

<210> 66
 <211> 274
 <212> PRT
 <213> *Thraustochytrium aureum*
 <400> 66

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

ES 2 713 548 T3

Lys Ala Tyr Glu Phe Val Asp Thr Leu Ile Met Ile Leu Cys Lys Lys
130 135 140

Phe Asn Gln Val Ser Val Leu His Val Tyr His His Ala Thr Ile Phe
145 150 155 160

Ala Ile Trp Phe Met Ile Ala Lys Tyr Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr
165 170 175

Phe Ser Val Ile Leu Asn Ser Phe Val His Thr Val Met Tyr Ala Tyr
180 185 190

Tyr Phe Phe Ser Ser Gln Gly Phe Gly Phe Val Lys Pro Ile Lys Pro
195 200 205

Tyr Ile Thr Ser Leu Gln Met Thr Gln Phe Met Ala Met Leu Val Gln
210 215 220

Ser Leu Tyr Asp Tyr Leu Tyr Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Gly Leu Val
225 230 235 240

Lys Leu Leu Gly Val Tyr Met Leu Thr Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn
245 250 255

Phe Phe Val Gln Ser Tyr Leu Lys Lys Ser Asn Lys Pro Lys Ala Lys
260 265 270

Ser Ala

<210> 67
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 67

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

ES 2 713 548 T3

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

<210> 68
 <211> 300
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

<400> 68

ES 2 713 548 T3

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 Gln 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

ES 2 713 548 T3

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> 69
<211> 879
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 69

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 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	

ES 2 713 548 T3

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 tgc 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> 70
 <211> 292
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 70

Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys	
1	15
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe	
20	30
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala	
35	45
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val	
50	60
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys	
65	80
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala	
85	95
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln	
100	110
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr	
115	125

ES 2 713 548 T3

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> 71
<211> 1362
<212> ADN
<213> *Primula farinosa*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1362)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 71

atg gct aac aaa tct cca cca aac ccc aaa aca ggt tac ata acc agc 48
Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
1 5 10 15

tca gac ctg aaa tcc cac aac aag gca ggt gac cta tgg ata tca atc 96
Ser Asp Leu Lys Ser His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
20 25 30

cac ggc caa gtc tac gac gtg tcc tct tgg gcc gcc ctt cat ccg ggg 144
His Gly Gln Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Ala Leu His Pro Gly

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

```

305              310              315              320
agc tat tcc gtt acg ggg ata caa cac gtg cag ttc agc ttg aac cat      1008
Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His
              325              330              335

ttt tct tcg gac gtc tat gtg ggc ccg cca gta ggt aat gac tgg ttc      1056
Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Gly Asn Asp Trp Phe
              340              345              350

aag aaa cag act gcc ggg aca ctt aac ata tcg tgc ccg gcg tgg atg      1104
Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met
              355              360              365

gat tgg ttc cat ggc ggg tta cag ttt cag gtc gag cac cac ttg ttt      1152
Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
              370              375              380

ccg cgg atg cct agg ggt cag ttt agg aag att tct cct ttt gtg agg      1200
Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
385              390              395              400

gat ttg tgt aag aaa cac aac ttg cct tac aat atc gcg tct ttt act      1248
Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
              405              410              415

aaa gcg aat gtg ttt acg ctt aag acg ctg aga aat acg gcc att gag      1296
Lys Ala Asn Val Phe Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
              420              425              430

gct cgg gac ctc tct aat ccg ctc cca aag aat atg gtg tgg gaa gct      1344
Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Leu Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
              435              440              445

ctt aaa act ctc ggg tga      1362
Leu Lys Thr Leu Gly
              450

```

<210> 72

<211> 453

<212> PRT

<213> *Primula farinosa*

<400> 72

```

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

```

```

Ser Asp Leu Lys Ser His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
              20              25              30

```

```

His Gly Gln Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Ala Leu His Pro Gly
              35              40              45

```

```

Gly Thr Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
              50              55              60

```

```

Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
65              70              75              80

```

```

Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
              85              90              95

```

5

10

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
370 375 380

Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
385 390 395 400

Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
405 410 415

Lys Ala Asn Val Phe Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
420 425 430

Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Leu Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
435 440 445

Leu Lys Thr Leu Gly
450

<210> 73
<211> 1362
<212> ADN
<213> *Primula vialii*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1362)
<223> Delta-6-Desaturasa

<400> 73

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

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

```

385              390              395              400
gat ttg tgt aag aaa cac aac ttg cct tac aat atc gcg tct ttt act      1248
Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr.
              405              410              415

aaa gca aac gtg ttg acg ctt aag acg ctg aga aat acg gcc att gag      1296
Lys Ala Asn Val Leu Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
              420              425              430

gct cgg gac ctc tct aat ccg acc cca aag aat atg gtg tgg gaa gcc      1344
Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Thr Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
              435              440              445

gtc cac aca cac ggc tag      1362
Val His Thr His Gly
              450

```

<210> 74
 <211> 453
 <212> PRT
 <213> *Primula vialii*

<400> 74

```

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

Ser Asp Leu Lys Gly His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
              20              25              30

His Gly Glu Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Gly Leu His Pro Gly
              35              40              45

Gly Ser Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
              50              55              60

Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
65              70              75              80

Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
              85              90              95

Asp Tyr Arg Lys Leu Leu His Asn Phe His Lys Ile Gly Met Phe Arg
              100              105              110

Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Ile Met Ile Val Met
              115              120              125

Phe Leu Thr Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val
              130              135              140

His Leu Ala Ser Gly Ala Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly
145              150              155              160

Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys
              165              170              175

```

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

<210> 75
 <211> 903
 <212> ADN
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(903)
 <223> Delta-5-Elongasa

<400> 75

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 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	

ES 2 713 548 T3

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 gcc gac gcc 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> 76
 <211> 300
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 76

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
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

ES 2 713 548 T3

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> 77
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 77

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

ES 2 713 548 T3

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

<210> 78

<211> 300

<212> PRT

<213> *Ostreococcus tauri*

ES 2 713 548 T3

<400> 78

```

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

```


ES 2 713 548 T3

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> 79
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 79

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 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 caa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc	432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln 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	

ES 2 713 548 T3

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> 80

<211> 300

<212> PRT

<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 80

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	

ES 2 713 548 T3

Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln 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> 81
<211> 879
5 <212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
10 <221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongasa

<400>81

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 tgg agt acg gcg cat tta ccc gcc 144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala

ES 2 713 548 T3

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

<210> 82
 <211> 292
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 82

ES 2 713 548 T3

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	Arg	Phe	Leu	His	Thr	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	

ES 2 713 548 T3

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> 83
<211> 831
<212> ADN
<213> *Thraustochytrium* sp.

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(831)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 83

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 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 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	

ES 2 713 548 T3

```

      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

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> 84
 <211> 276
 <212> PRT
 <213> *Thraustochytrium* sp.

 <400> 84

```

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

```

ES 2 713 548 T3

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> 85
<211> 1077
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1077)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 85

atg tgc tca cca ccg ccg tca caa tcc aaa aca aca tcc ctc cta gca 48
Met Cys Ser Pro 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 acg tgg tgc 96
Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
20 25 30

cac ttc gcc ttc cca gcc gcc acc gcc aca ccc gcc 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

ES 2 713 548 T3

50	55	60	
agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys 65 70 75 80			240
tat gat atg aag tca ctc ctg acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val 85 90 95			288
gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala 100 105 110			336
gtg atg aat aga gac cat cct ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly 115 120 125			384
gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys 130 135 140			432
gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly 145 150 155 160			480
aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile 165 170 175			528
gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggc gga gac att Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile 180 185 190			576
tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser 195 200 205			624
tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr 210 215 220			672
ttg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr 225 230 235 240			720
ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp 245 250 255			768
gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln 260 265 270			816
gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys 275 280 285			864
cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys 290 295 300			912
aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp 305 310 315 320			960
ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala 325 330 335			1008
gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr 340 345 350			1056
cgt gtt act ggt gcc atg tag Arg Val Thr Gly Ala Met 355			1077

<210> 86
<211> 358

ES 2 713 548 T3

<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 86

5

Met	Cys	Ser	Pro	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	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	

ES 2 713 548 T3

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> 87
 <211> 1086
 <212> ADN
 <213> *Phytophthora infestans*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1086)
 <223> Omega-3-Desaturasa
 <400> 87

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

ES 2 713 548 T3

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
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
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
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		

ES 2 713 548 T3

<211> 361
 <212> PRT
 <213> *Phytophthora infestans*

5 <400> 88

```

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

```

ES 2 713 548 T3

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> 89
 <211> 1371
 <212> ADN
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1371)
 <223> Delta-6-Desaturasa

<400> 89

atg tgc gtg gag acg gaa aat aac gat ggg atc ccc acg gtg gag atc 48
 Met Cys Val Glu Thr Glu Asn Asn Asp Gly Ile Pro Thr Val Glu Ile
 1 5 10 15
 gcg ttc gac ggt gag cgc gag cgg gcg gag gca aac gtg aag ctg tcc 96
 Ala Phe Asp Gly Glu Arg Glu Arg Ala Glu Ala Asn Val Lys Leu Ser
 20 25 30
 gcg gag aag atg gag ccg gcg gcg ctg gcg aag acg ttc gcg agg cgg 144
 Ala Glu Lys Met Glu Pro Ala Ala Leu Ala Lys Thr Phe Ala Arg Arg
 35 40 45
 tac gtc gtg atc gag ggg gtg gag tac gat gtg acg gat ttt aag cac 192
 Tyr Val Val Ile Glu Gly Val Glu Tyr Asp Val Thr Asp Phe Lys His

ES 2 713 548 T3

50	55	60	
ccg gga gga acg gtt att ttc tat gcg ttg tca aac acc ggg gcg gac			240
Pro Gly Gly Thr Val Ile Phe Tyr Ala Leu Ser Asn Thr Gly Ala Asp			
65	70	75	80
gcg acg gaa gcg ttc aag gag ttt cat cat cgg tcg aga aag gcg agg			288
Ala Thr Glu Ala Phe Lys Glu Phe His His Arg Ser Arg Lys Ala Arg			
	85	90	95
aaa gcc ttg gcg gcg ctc ccg tct cga ccg gcc aag acg gcc aag gtg			336
Lys Ala Leu Ala Ala Leu Pro Ser Arg Pro Ala Lys Thr Ala Lys Val			
	100	105	110
gac gac gcg gag atg ctc caa gat ttc gcc aag tgg cgg aaa gaa ttg			384
Asp Asp Ala Glu Met Leu Gln Asp Phe Ala Lys Trp Arg Lys Glu Leu			
	115	120	125
gag aga gat gga ttc ttc aag ccc tct ccg gcg cac gtg gcg tat cgc			432
Glu Arg Asp Gly Phe Phe Lys Pro Ser Pro Ala His Val Ala Tyr Arg			
	130	135	140
ttc gcc gag ctc gcg gcg atg tac gct ctc ggg acg tac ctg atg tac			480
Phe Ala Glu Leu Ala Ala Met Tyr Ala Leu Gly Thr Tyr Leu Met Tyr			
	145	150	155
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 ggt 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
ggt ctc gcc ggt 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
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 Leu Phe Trp Met Phe Phe Leu His Pro			
	275	280	285
tcc aag gct ttg aag ggt 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
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			

ES 2 713 548 T3

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 ggt 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	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 ggt 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 ggt 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> 90
 <211> 456
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 90

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	

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

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> 91
<211> 606
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(606)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 91

atg tac ggt ttg cta tcg ctc aag tcg tgc ttc gtc gac gat ttc aac	48
Met Tyr Gly Leu Leu Ser Leu Lys Ser Cys Phe Val Asp Asp Phe Asn	
1 5 10 15	
gcc tac ttc tcc gga cgc atc gcc tgg gtc aag gtg atg aag ttc acc	96
Ala Tyr Phe Ser Gly Arg Ile Gly Trp Val Lys Val Met Lys Phe Thr	
20 25 30	
cgc gcc gag cgc atc gca ttt tgg gcc acc aag ctc ttg tgg gcc cgc	144
Arg Gly Glu Ala Ile Ala Phe Trp Gly Thr Lys Leu Leu Trp Ala Ala	
35 40 45	
tat tac ctc cgc ttg ccg cta aag atg tcg cat cgg ccg ctc gga gaa	192
Tyr Tyr Leu Ala Leu Pro Leu Lys Met Ser His Arg Pro Leu Gly Glu	
50 55 60	
ctc ctc gca ctc tgg gcc gtc acc gag ttc gtc acc gga tgg ctg ttg	240
Leu Leu Ala Leu Trp Ala Val Thr Glu Phe Val Thr Gly Trp Leu Leu	
65 70 75 80	
gcg ttc atg ttc caa gtc gcc cac gtc gtc gcc gag gtt cac ttc ttc	288
Ala Phe Met Phe Gln Val Ala His Val Val Gly Glu Val His Phe Phe	
85 90 95	
acc ctc gac cgc aag aac cgc gtg aac ttg gga tgg gga gag gca cag	336
Thr Leu Asp Ala Lys Asn Arg Val Asn Leu Gly Trp Gly Glu Ala Gln	
100 105 110	
ctc atg tcg agc gcg gat ttc gcc cac gga tcc aag ttt tgg acg cac	384
Leu Met Ser Ser Ala Asp Phe Ala His Gly Ser Lys Phe Trp Thr His	
115 120 125	
ttc tcc gga gcc tta aac tac caa gtc gtc cac cat ctc ttc ccg gcc	432
Phe Ser Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Val Val His His Leu Phe Pro Gly	
130 135 140	
gtc tgc cac gtg cac tat ccc gcg ctc gcg cca att att aag gcg gca	480
Val Cys His Val His Tyr Pro Ala Leu Ala Pro Ile Ile Lys Ala Ala	
145 150 155 160	
gct gag aag cac gcc ctc cac tac cag att tac ccc acg ttt tgg tcc	528
Ala Glu Lys His Gly Leu His Tyr Gln Ile Tyr Pro Thr Phe Trp Ser	
165 170 175	
gcc ctg cgc gcg cac ttc ccg cac ctc gcc aac gtc gcc cgc gcc gcg	576
Ala Leu Arg Ala His Phe Arg His Leu Ala Asn Val Gly Arg Ala Ala	
180 185 190	
tac gta ccg tcc ctc caa acc gtc gga tga	606
Tyr Val Pro Ser Leu Gln Thr Val Gly	
195 200	

ES 2 713 548 T3

<210> 92
 <211> 201
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

5

<400> 92

```

Met Tyr Gly Leu Leu Ser Leu Lys Ser Cys Phe Val Asp Asp Phe Asn
1          5          10          15

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

Arg Gly Glu Ala Ile Ala Phe Trp Gly Thr Lys Leu Leu Trp Ala Ala
35          40          45

Tyr Tyr Leu Ala Leu Pro Leu Lys Met Ser His Arg Pro Leu Gly Glu
50          55          60

Leu Leu Ala Leu Trp Ala Val Thr Glu Phe Val Thr Gly Trp Leu Leu
65          70          75          80

Ala Phe Met Phe Gln Val Ala His Val Val Gly Glu Val His Phe Phe
85          90          95

Thr Leu Asp Ala Lys Asn Arg Val Asn Leu Gly Trp Gly Glu Ala Gln
100         105         110

Leu Met Ser Ser Ala Asp Phe Ala His Gly Ser Lys Phe Trp Thr His
115         120         125

Phe Ser Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Val Val His His Leu Phe Pro Gly
130         135         140

Val Cys His Val His Tyr Pro Ala Leu Ala Pro Ile Ile Lys Ala Ala
145         150         155         160

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

Ala Leu Arg Ala His Phe Arg His Leu Ala Asn Val Gly Arg Ala Ala
180         185         190

Tyr Val Pro Ser Leu Gln Thr Val Gly
195         200
  
```

10 <210> 93
 <211> 714
 <212> ADN
 <213> *Ostreococcus tauri*

15 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(714)
 <223> Delta-5-Desaturasa

20 <400> 93

ES 2 713 548 T3

atg gtg agc cat cac tcg tac tgt aac gac gcg gat ttg gat cag gat	48
Met Val Ser His His Ser Tyr Cys Asn Asp Ala Asp Leu Asp Gln Asp	
1 5 10 15	
gtg tac acc gca ctg ccg ctc ctg cgc ctg gac ccg tct cag gag ttg	96
Val Tyr Thr Ala Leu Pro Leu Leu Arg Leu Asp Pro Ser Gln Glu Leu	
20 25 30	
aag tgg ttt cat cga tac cag gcg ttt tac gcc ccg ctc atg tgg ccg	144
Lys Trp Phe His Arg Tyr Gln Ala Phe Tyr Ala Pro Leu Met Trp Pro	
35 40 45	
ttt ttg tgg ctc gcg gcg cag ttt ggc gac gcg cag aac atc ctg atc	192
Phe Leu Trp Leu Ala Ala Gln Phe Gly Asp Ala Gln Asn Ile Leu Ile	
50 55 60	
gac cga gcg tcg ccg ggc gtc gcg tac aag gga ttg atg gcg aac gag	240
Asp Arg Ala Ser Pro Gly Val Ala Tyr Lys Gly Leu Met Ala Asn Glu	
65 70 75 80	
gtc gcg ctg tac gtt ctc ggt aag gtt tta cac ttt ggt ctt ctc ctc	288
Val Ala Leu Tyr Val Leu Gly Lys Val Leu His Phe Gly Leu Leu Leu	
85 90 95	
ggc gtt cct gcg tac ttg cac gga ttg tcc aac gcg atc gtt cca ttc	336
Gly Val Pro Ala Tyr Leu His Gly Leu Ser Asn Ala Ile Val Pro Phe	
100 105 110	
ttg gcg tac ggc gca ttc ggc tcc ttc gtc ctg tgc tgg ttc ttc atc	384
Leu Ala Tyr Gly Ala Phe Gly Ser Phe Val Leu Cys Trp Phe Phe Ile	
115 120 125	
gtc agc cat aac ctc gaa gcg ctg aca ccc gtt aac ctt aac aag tcc	432
Val Ser His Asn Leu Glu Ala Leu Thr Pro Val Asn Leu Asn Lys Ser	
130 135 140	
acg aag aac gac tgg ggg gcg tgg cag atc gag aca tcg gcg tct tgg	480
Thr Lys Asn Asp Trp Gly Ala Trp Gln Ile Glu Thr Ser Ala Ser Trp	
145 150 155 160	
ggc aac gcg ttc tgg agc ttc ttc tct gga ggt ctg aac ctg caa atc	528
Gly Asn Ala Phe Trp Ser Phe Phe Ser Gly Gly Leu Asn Leu Gln Ile	
165 170 175	
gag cac cac ctc ttc ccg ggc atg gcg cac aac ctg tac ccg aag atg	576
Glu His His Leu Phe Pro Gly Met Ala His Asn Leu Tyr Pro Lys Met	
180 185 190	
gtg ccg atc atc aag gac gag tgt gcg aaa gcg ggc gtt cgc tac acc	624
Val Pro Ile Ile Lys Asp Glu Cys Ala Lys Ala Gly Val Arg Tyr Thr	
195 200 205	
ggt tac ggt ggc tac acc ggc ctg ctc ccg atc acc cgc gac atg ttc	672
Gly Tyr Gly Gly Tyr Thr Gly Leu Leu Pro Ile Thr Arg Asp Met Phe	
210 215 220	
tcc tac ctc cat aag tgt ggc cga acg gcg aaa cta gcc taa	714
Ser Tyr Leu His Lys Cys Gly Arg Thr Ala Lys Leu Ala	
225 230 235	

<210> 94
 <211> 237
 <212> PRT

ES 2 713 548 T3

<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 94

```

Met Val Ser His His Ser Tyr Cys Asn Asp Ala Asp Leu Asp Gln Asp
1          5          10          15

Val Tyr Thr Ala Leu Pro Leu Leu Arg Leu Asp Pro Ser Gln Glu Leu
          20          25          30

Lys Trp Phe His Arg Tyr Gln Ala Phe Tyr Ala Pro Leu Met Trp Pro
          35          40          45

Phe Leu Trp Leu Ala Ala Gln Phe Gly Asp Ala Gln Asn Ile Leu Ile
          50          55          60

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

Val Ala Leu Tyr Val Leu Gly Lys Val Leu His Phe Gly Leu Leu Leu
          85          90          95

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

Leu Ala Tyr Gly Ala Phe Gly Ser Phe Val Leu Cys Trp Phe Phe Ile
          115          120          125

Val Ser His Asn Leu Glu Ala Leu Thr Pro Val Asn Leu Asn Lys Ser
130          135          140

Thr Lys Asn Asp Trp Gly Ala Trp Gln Ile Glu Thr Ser Ala Ser Trp
145          150          155          160

Gly Asn Ala Phe Trp Ser Phe Phe Ser Gly Gly Leu Asn Leu Gln Ile
          165          170          175

Glu His His Leu Phe Pro Gly Met Ala His Asn Leu Tyr Pro Lys Met
          180          185          190

Val Pro Ile Ile Lys Asp Glu Cys Ala Lys Ala Gly Val Arg Tyr Thr
          195          200          205

Gly Tyr Gly Gly Tyr Thr Gly Leu Leu Pro Ile Thr Arg Asp Met Phe
210          215          220

Ser Tyr Leu His Lys Cys Gly Arg Thr Ala Lys Leu Ala
225          230          235

```

<210> 95

<211> 1611

<212> ADN

<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1611)
 <223> Delta-4-Desaturasa

5

<400> 95

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

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

435	440	445	
ata ggt aac ttc ttc acg ggt ggc ctc aac ttg caa gtt gag cac cac			1392
Ile Gly Asn Phe Phe Thr Gly Gly Leu Asn Leu Gln Val Glu His His			
450	455	460	
ttg ttt ccg gcg att tgc ttc gtc cac tac ccg gac atc gcg aag atc			1440
Leu Phe Pro Ala Ile Cys Phe Val His Tyr Pro Asp Ile Ala Lys Ile			
465	470	475	480
gtg aag gaa gaa gcg gcc aag ctc aac atc cct tac gcg tct tac agg			1488
Val Lys Glu Glu Ala Ala Lys Leu Asn Ile Pro Tyr Ala Ser Tyr Arg			
	485	490	495
act ctt cct ggt att ttc gtc caa ttc tgg aga ttt atg aag gac atg			1536
Thr Leu Pro Gly Ile Phe Val Gln Phe Trp Arg Phe Met Lys Asp Met			
	500	505	510
ggc acg gct gag caa att ggt gaa gtt cca ttg ccg aag att ccc aac			1584
Gly Thr Ala Glu Gln Ile Gly Glu Val Pro Leu Pro Lys Ile Pro Asn			
	515	520	525
ccg cag ctc gcg ccg aag ctc gct tag			1611
Pro Gln Leu Ala Pro Lys Leu Ala			
	530	535	

<210> 96
 <211> 536
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

<400> 96

Met Tyr Leu Gly Arg Gly Arg Leu Glu Ser Gly Thr Thr Arg Gly Met	
1	15
Met Arg Thr His Ala Arg Arg Pro Ser Thr Thr Ser Asn Pro Cys Ala	
20	30
Arg Ser Arg Val Arg Lys Thr Thr Glu Arg Ser Leu Ala Arg Val Arg	
35	45
Arg Ser Thr Ser Glu Lys Gly Ser Ala Leu Val Leu Glu Arg Glu Ser	
50	60
Glu Arg Glu Lys Glu Glu Gly Gly Lys Ala Arg Ala Glu Gly Leu Arg	
65	80
Phe Gln Arg Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Gly Ala Asp Pro Trp Asn	
85	95
Asp Glu Lys Trp Thr Lys Thr Lys Trp Thr Val Phe Arg Asp Val Ala	
100	110
Tyr Asp Leu Asp Pro Phe Phe Ala Arg His Pro Gly Gly Asp Trp Leu	
115	125
Leu Asn Leu Ala Val Gly Arg Asp Cys Thr Ala Leu Ile Glu Ser Tyr	
130	140

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

Ala Glu Ala Lys Ile Pro Glu Asp Thr Gly Gly Glu Ala Trp Glu Arg
420 425 430

Asp Trp Gly Val Gln Gln Leu Val Thr Ser Ala Asp Trp Gly Gly Lys
435 440 445

Ile Gly Asn Phe Phe Thr Gly Gly Leu Asn Leu Gln Val Glu His His
450 455 460

Leu Phe Pro Ala Ile Cys Phe Val His Tyr Pro Asp Ile Ala Lys Ile
465 470 475 480

Val Lys Glu Glu Ala Ala Lys Leu Asn Ile Pro Tyr Ala Ser Tyr Arg
485 490 495

Thr Leu Pro Gly Ile Phe Val Gln Phe Trp Arg Phe Met Lys Asp Met
500 505 510

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

Pro Gln Leu Ala Pro Lys Leu Ala
530 535

<210> 97
<211> 1455
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1455)
<223> Delta-6-Desaturase

<400> 97

atg gga aaa gga gga gac gca gcc gca gct acc aag cgt agt gga gca	48
Met Gly Lys Gly Asp 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 His Ala Gly Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala	
65 70 75 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	

ES 2 713 548 T3

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			
						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	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			
							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			
						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			
						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			
										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			
								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			
							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			
							310			315					320			
ctt	ttg	gag	aag	ctt	gga	atc	acc	ctt	cat	tac	act	tgg	atg	ttc	gtc	1008		
Leu	Leu	Glu	Lys	Leu	Gly	Ile	Thr	Leu	His	Tyr	Thr	Trp	Met	Phe	Val			
										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			
										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			

ES 2 713 548 T3

355	360	365	
gga ttg gga cac aac ggt 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 aaa 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 gcc 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> 98

<211> 484

<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 98

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	

ES 2 713 548 T3

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
 245 250 255
 Arg Glu Ile Asn Lys Gly Lys Asp Ser Thr Phe Val Lys Tyr Ala Ile
 260 265 270
 Lys Phe Gln Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Ile
 275 280 285
 Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe Lys Thr Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala
 290 295 300
 Ser Glu Asn Ala Lys Leu Glu Leu Glu Lys Arg Gly Leu Gln Tyr Pro
 305 310 315 320
 Leu Leu Glu Lys Leu Gly Ile Thr Leu His Tyr Thr Trp Met Phe Val
 325 330 335
 Leu Ser Ser Gly Phe Gly Arg Trp Ser Leu Pro Tyr Ser Ile Met Tyr
 340 345 350
 Phe Phe Thr Ala Thr Cys Ser Ser Gly Leu Phe Leu Ala Leu Val Phe
 355 360 365
 Gly Leu Gly His Asn Gly Met Ser Val Tyr Asp Ala Thr Thr Arg Pro
 370 375 380

Asp Phe Trp Gln Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Ile Ile Gly Gly
385 390 395 400

His Gly Ile Pro Gln Phe Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln
405 410 415

Tyr Gln Val Asp His His Leu Phe Pro Met Met Pro Arg Asn Asn Ile
420 425 430

Ala Lys Cys His Lys Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val
435 440 445

Lys Tyr His Glu Ala Asp Met Trp Asp Gly Thr Val Glu Val Leu Gln
450 455 460

His Leu Ser Lys Val Ser Asp Asp Phe Leu Val Glu Met Val Lys Asp
465 470 475 480

Phe Pro Ala Met

<210> 99

<211> 1431

<212> ADN

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1431)

<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 99

atg ccc ccc aac gcc gat atc tcc cgc atc cgc aac cgc atc ccc acc 48
Met Pro Pro Asn Ala Asp Ile Ser Arg Ile Arg Asn Arg Ile Pro Thr
1 5 10 15

aaa aca ggt acc gtt gcc tct gcc gac aac aac gac ccc gcc acc caa 96
Lys Thr Gly Thr Val Ala Ser Ala Asp Asn Asn Asp Pro Ala Thr Gln
20 25 30

tcc gtc cga acc ctc aaa tct ctc aag ggc aac gag gtc gtc atc aac 144
Ser Val Arg Thr Leu Lys Ser Leu Lys Gly Asn Glu Val Val Ile Asn
35 40 45

ggc aca att tat gac att gct gac ttt gtc cat cct gga gga gag gtt 192
Gly Thr Ile Tyr Asp Ile Ala Asp Phe Val His Pro Gly Gly Glu Val
50 55 60

gtc aag ttc ttt ggt ggg aat gat gtt act att cag tat aat atg att 240
Val Lys Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Ile Gln Tyr Asn Met Ile
65 70 75 80

cat ccg tat cat acg ggg aaa cat ctg gag aag atg aag gct gtt gga 288
His Pro Tyr His Thr Gly Lys His Leu Glu Lys Met Lys Ala Val Gly
85 90 95

aag gtt gta gat tgg cag tcg gac tac aag ttc gac acc ccc ttt gaa 336
Lys Val Val Asp Trp Gln Ser Asp Tyr Lys Phe Asp Thr Pro Phe Glu

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

370	375	380	
aag tgc cag gtg gag act tgc tct acc tat ggg ggt ttt att tcc gga	1200		
Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr Gly Gly Phe Ile Ser Gly			
385	390	395	400
tgt ctt acg gga gga ctc aac ttt cag gtg gaa cat cat ctc ttt ccc	1248		
Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro			
	405	410	415
cgt atg agc agt gct tgg tat cct tac att gca cct acg gtt cgt gag	1296		
Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Thr Val Arg Glu			
	420	425	430
gtt tgc aag aag cac ggg gtg aac tac gct tat tat cct tgg att ggg	1344		
Val Cys Lys Lys His Gly Val Asn Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile Gly			
	435	440	445
cag aat ttg gta tca aca ttc aaa tac atg cat cgc gct ggt agt gga	1392		
Gln Asn Leu Val Ser Thr Phe Lys Tyr Met His Arg Ala Gly Ser Gly			
	450	455	460
gcc aac tgg gag ctc aag ccg ttg tct gga agt gcc taa	1431		
Ala Asn Trp Glu Leu Lys Pro Leu Ser Gly Ser Ala			
465	470	475	

<210> 100
 <211> 476
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*
 <400> 100

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

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Thr Val Arg Glu
420 425 430

Val Cys Lys Lys His Gly Val Asn Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile Gly
435 440 445

Gln Asn Leu Val Ser Thr Phe Lys Tyr Met His Arg Ala Gly Ser Gly
450 455 460

Ala Asn Trp Glu Leu Lys Pro Leu Ser Gly Ser Ala
465 470 475

<210> 101
<211> 1449
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1449)
<223> Delta-5-Desaturasa

<400> 101

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

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

420	425	430	
gcg ccg aag gtt aga gag att tgt aag aag cat gga gtt aga tac gct			1344
Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Lys Lys His Gly Val Arg Tyr Ala			
435	440	445	
tac tat ccg tac atc tgg cag aac ttg cat tct acc gtg agt tac atg			1392
Tyr Tyr Pro Tyr Ile Trp Gln Asn Leu His Ser Thr Val Ser Tyr Met			
450	455	460	
cat ggg acg gga acg gga gct aga tgg gag ctt cag ccg ttg tct gga			1440
His Gly Thr Gly Thr Gly Ala Arg Trp Glu Leu Gln Pro Leu Ser Gly			
465	470	475	480
agg gcg tag			1449
Arg Ala			

<210> 102

<211> 482

<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 102

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

ES 2 713 548 T3

Ile Ala Ile Val Phe Gly Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val
180 185 190

Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn
195 200 205

Asp Leu Leu Gly Ser Gly Ala Asp Leu Ile Gly Gly Cys Lys Trp Asn
210 215 220

Trp Leu Ala Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Asp
225 230 235 240

Lys Asp Pro Asp Ser Phe Ser Ser Glu Pro Val Phe Asn Phe Asn Asp
245 250 255

Tyr Pro Ile Gly His Pro Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly
260 265 270

Leu Tyr Phe Leu Ile Met Leu Ser Phe Tyr Trp Val Ser Met Val Phe
275 280 285

Asn Pro Gln Val Ile Asp Leu Arg His Ala Gly Ala Ala Tyr Val Gly
290 295 300

Phe Gln Met Glu Asn Asp Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Met
305 310 315 320

Ala Leu Arg Ala Met Tyr Phe Tyr Phe Asn Ile Tyr Cys Pro Ile Val
325 330 335

Asn Asn Gly Leu Thr Trp Ser Thr Val Gly Ile Ile Leu Leu Met Gly
340 345 350

Val Ser Glu Ser Phe Met Leu Ser Gly Leu Phe Val Leu Ser His Asn
355 360 365

Phe Glu Asn Ser Glu Arg Asp Pro Thr Ser Glu Tyr Arg Lys Thr Gly
370 375 380

Glu Gln Val Cys Trp Phe Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr
385 390 395 400

Gly Gly Ile Val Ala Gly Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val
405 410 415

Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Phe Ile
420 425 430

Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Lys Lys His Gly Val Arg Tyr Ala
435 440 445

ES 2 713 548 T3

Tyr Tyr Pro Tyr Ile Trp Gln Asn Leu His Ser Thr Val Ser Tyr Met
450 455 460

His Gly Thr Gly Thr Gly Ala Arg Trp Glu Leu Gln Pro Leu Ser Gly
465 470 475 480

Arg Ala

<210> 103
<211> 1512
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1512)
<223> Delta-4-Desaturasa

<400> 103

atg tgc aac ggc aac ctc cca gca tcc acc gca cag ctc aag tcc acc	48
Met Cys 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	336
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	384
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	432
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	480
Glu Glu Arg Gly Leu Asp Arg Arg Gly Ser Lys Glu Ile Trp Ile Lys	
145 150 155 160	
gct ttg ttc ttg ttg gtt gga ttt tgg tac tgt ttg tac aag atg tat	528
Ala Leu Phe Leu Leu Val Gly Phe Trp Tyr Cys Leu Tyr Lys Met Tyr	

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

435	440	445	
cac ttg ttc ccc agc att tgt cat aca aac tac tgt cat atc cag gat			1392
His Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp			
450	455	460	
gtt gtg gag agt acg tgt gct gag tac gga gtt ccg tat cag agt gag			1440
Val Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu			
465	470	475	480
agt aat ttg ttt gtt gct tat gga aag atg att agt cat ttg aag ttt			1488
Ser Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe			
485	490	495	
ttg ggt aaa gcc aag tgt gag tag			1512
Leu Gly Lys Ala Lys Cys Glu			
500			

<210> 104

<211> 503

<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 104

Met Cys 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 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	

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

His Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp
450 455 460

Val Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu
465 470 475 480

Ser Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe
485 490 495

Leu Gly Lys Ala Lys Cys Glu
500

<210> 105
<211> 1257
<212> ADN
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1257)
<223> Omega-3-Desaturase

<400> 105

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

ES 2 713 548 T3

145	150	155	160	
atc aac cga gtc gtt ggt gaa gtg gct cat tct gtt gtt tgt ctc acg				528
Ile Asn Arg Val Val Gly Glu Val Ala His Ser Val Val Cys Leu Thr	165	170	175	
cgc ttc gtg cct tgg cag atg tcg cat agg aaa cac cat ttg aat cac				576
Pro Phe Val Pro Trp Gln Met Ser His Arg Lys His His Leu Asn His	180	185	190	
aat cat att gaa aag gac tac tct cat aag tgg tac agt cgc gac gag				624
Asn His Ile Glu Lys Asp Tyr Ser His Lys Trp Tyr Ser Arg Asp Glu	195	200	205	
ttt gat gat atc cca caa ctc tat aag aca ttt ggc tac aac cca aga				672
Phe Asp Asp Ile Pro Gln Leu Tyr Lys Thr Phe Gly Tyr Asn Pro Arg	210	215	220	
atg atg caa ctt cca ttc ctc tac ttc atg tat ctt gca ttg gga att				720
Met Met Gln Leu Pro Phe Leu Tyr Phe Met Tyr Leu Ala Leu Gly Ile	225	230	235	240
cca gat ggt ggg cat gtt gtg ttc tac gga aga atg tgg gaa gga gtg				768
Pro Asp Gly Gly His Val Val Phe Tyr Gly Arg Met Trp Glu Gly Val	245	250	255	
tca ttg cag aag aag ttt gat gct gct att tct gtg gcc gta tca tgt				816
Ser Leu Gln Lys Lys Phe Asp Ala Ala Ile Ser Val Ala Val Ser Cys	260	265	270	
gca act gct gga tcg ctt tgg atg aat atg ggt aca gca gac ttc acg				864
Ala Thr Ala Gly Ser Leu Trp Met Asn Met Gly Thr Ala Asp Phe Thr	275	280	285	
gtg gta tgc atg gtt cct tgg cta gtt cta tcg tgg tgg ctc ttc atg				912
Val Val Cys Met Val Pro Trp Leu Val Leu Ser Trp Trp Leu Phe Met	290	295	300	
gta aca tac ctt cag cat cat tca gaa gac gga aag cta tac act gat				960
Val Thr Tyr Leu Gln His His Ser Glu Asp Gly Lys Leu Tyr Thr Asp	305	310	315	320
gaa acg ttt aca ttt gaa aag gga gcc ttc gag acc gtg gat cgt tcg				1008
Glu Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Ala Phe Glu Thr Val Asp Arg Ser	325	330	335	
tac ggc aag ttg atc aac cga atg tcg cat cac atg atg gac ggt cac				1056
Tyr Gly Lys Leu Ile Asn Arg Met Ser His His Met Met Asp Gly His	340	345	350	
gtg gtg cac cac ttg ttc ttt gaa cgt gta cct cac tac aga tta gag				1104
Val Val His His Leu Phe Phe Glu Arg Val Pro His Tyr Arg Leu Glu	355	360	365	
gca gct acc gaa gct ctt gtg aaa gga atg gat gaa acg gga cag aaa				1152
Ala Ala Thr Glu Ala Leu Val Lys Gly Met Asp Glu Thr Gly Gln Lys	370	375	380	
cat ttg tac aaa tac att gat act cct gat ttc aat gcc gag att gtc				1200
His Leu Tyr Lys Tyr Ile Asp Thr Pro Asp Phe Asn Ala Glu Ile Val	385	390	395	400
aac gga ttt cgc gac aat tgg ttc ctt gtt gaa gag gag aac atc aaa				1248
Asn Gly Phe Arg Asp Asn Trp Phe Leu Val Glu Glu Glu Asn Ile Lys	405	410	415	
agg gag tag				1257
Arg Glu				

ES 2 713 548 T3

<211> 418
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

5 <400> 106

```

Met Tyr Arg Leu Thr Ser Thr Phe Leu Ile Ala Leu Ala Phe Ser Ser
1          5          10          15

Ser Ile Asn Ala Phe Ser Pro Gln Arg Pro Pro Arg Thr Ile Thr Lys
          20          25          30

Ser Lys Val Gln Ser Thr Val Leu Pro Ile Pro Thr Lys Asp Asp Leu
          35          40          45

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

Val Asn Thr Pro Pro Arg Ala Gly Thr Ile Met Lys Met Leu Pro Lys
65          70          75          80

Glu Thr Phe Asn Ile Asp Thr Ala Thr Ser Leu Gly Tyr Phe Gly Met
          85          90          95

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

Thr Ser Asp Gln Tyr His Ala Leu Pro Leu Pro Leu Gln Ala Ala Thr
          115          120          125

Val Ile Pro Phe Gln Leu Leu Ala Gly Phe Ala Met Trp Cys Met Trp
130          135          140

Cys Ile Gly His Asp Ala Gly His Ser Thr Val Ser Lys Thr Lys Trp
145          150          155          160

Ile Asn Arg Val Val Gly Glu Val Ala His Ser Val Val Cys Leu Thr
          165          170          175

Pro Phe Val Pro Trp Gln Met Ser His Arg Lys His His Leu Asn His
          180          185          190

Asn His Ile Glu Lys Asp Tyr Ser His Lys Trp Tyr Ser Arg Asp Glu
          195          200          205

Phe Asp Asp Ile Pro Gln Leu Tyr Lys Thr Phe Gly Tyr Asn Pro Arg
210          215          220

Met Met Gln Leu Pro Phe Leu Tyr Phe Met Tyr Leu Ala Leu Gly Ile
225          230          235          240
  
```

ES 2 713 548 T3

Pro Asp Gly Gly His Val Val Phe Tyr Gly Arg Met Trp Glu Gly Val
245 250 255

Ser Leu Gln Lys Lys Phe Asp Ala Ala Ile Ser Val Ala Val Ser Cys
260 265 270

Ala Thr Ala Gly Ser Leu Trp Met Asn Met Gly Thr Ala Asp Phe Thr
275 280 285

Val Val Cys Met Val Pro Trp Leu Val Leu Ser Trp Trp Leu Phe Met
290 295 300

Val Thr Tyr Leu Gln His His Ser Glu Asp Gly Lys Leu Tyr Thr Asp
305 310 315 320

Glu Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Ala Phe Glu Thr Val Asp Arg Ser
325 330 335

Tyr Gly Lys Leu Ile Asn Arg Met Ser His His Met Met Asp Gly His
340 345 350

Val Val His His Leu Phe Phe Glu Arg Val Pro His Tyr Arg Leu Glu
355 360 365

Ala Ala Thr Glu Ala Leu Val Lys Gly Met Asp Glu Thr Gly Gln Lys
370 375 380

His Leu Tyr Lys Tyr Ile Asp Thr Pro Asp Phe Asn Ala Glu Ile Val
385 390 395 400

Asn Gly Phe Arg Asp Asn Trp Phe Leu Val Glu Glu Glu Asn Ile Lys
405 410 415

Arg Glu

<210> 107

<211> 1086

<212> ADN

<213> *Ostreococcus tauri*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1086)

<223> Delta-12-Desaturase

<400> 107

atg cag gag ggg gtg cga aac att ccg aac gag tgc ttt gag acg gga 48
Met Gln Glu Gly Val Arg Asn Ile Pro Asn Glu Cys Phe Glu Thr Gly
1 5 10 15

cat ctt gaa aga ccc tgg cgt tcc ggc cgg tgt ggg cgc gat ccc ggt 96
His Leu Glu Arg Pro Trp Arg Ser Gly Arg Cys Gly Arg Asp Pro Gly

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

```

290          295          300
tac aag gct caa atg gcg acg gat gcg cta aag gag gcg tat ccc gac      960
Tyr Lys Ala Gln Met Ala Thr Asp Ala Leu Lys Glu Ala Tyr Pro Asp
305          310          315          320

ctc tac ctt tac gat cca act ccg atc gcg acc gct acg tgg cgc gtg      1008
Leu Tyr Leu Tyr Asp Pro Thr Pro Ile Ala Thr Ala Thr Trp Arg Val
          325          330          335

ggg agc aag tgc atc gcc gtc gtg aag aag gga gac gaa tgg gtg ttc      1056
Gly Ser Lys Cys Ile Ala Val Val Lys Lys Gly Asp Glu Trp Val Phe
          340          345          350

acg gat aag caa ctc ccg gtc gcg gcg tga      1086
Thr Asp Lys Gln Leu Pro Val Ala Ala
          355          360

```

<210> 108
 <211> 361
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

<400> 108

```

Met Gln Glu Gly Val Arg Asn Ile Pro Asn Glu Cys Phe Glu Thr Gly
1          5          10          15

His Leu Glu Arg Pro Trp Arg Ser Gly Arg Cys Gly Arg Asp Pro Gly
          20          25          30

Ser Asn Trp Gly Ala Gly Phe Arg Phe Phe Ser Leu Lys Gly Phe Trp
          35          40          45

Trp Pro Ala Trp Trp Ala Tyr Ala Phe Val Thr Gly Thr Ala Ala Thr
          50          55          60

Gly Cys Trp Val Ala Ala His Glu Cys Gly His Gly Ala Phe Ser Asp
65          70          75          80

Asn Lys Thr Leu Gln Asp Ala Val Gly Tyr Val Leu His Ser Leu Leu
          85          90          95

Leu Val Pro Tyr Phe Ser Trp Gln Arg Ser His Ala Val His His Ser
          100          105          110

Arg Thr Asn His Val Leu Glu Gly Glu Thr His Val Pro Ala Arg Leu
          115          120          125

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

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

Trp Pro Ile Tyr Leu Leu Thr Gly Ala Ser Gly Gly Pro Val Arg Gly
          165          170          175

```

ES 2 713 548 T3

Asn Thr Asn His Phe Leu Pro Phe Met Gly Glu Lys Gly Lys His Ala
 180 185 190
 Leu Phe Pro Gly Lys Trp Ala Lys Lys Val Trp Gln Ser Asp Ile Gly
 195 200 205
 Val Val Ala Val Leu Gly Ala Leu Ala Ala Trp Ala Ala His Ser Gly
 210 215 220
 Ile Ala Thr Val Met Ala Leu Tyr Val Gly Pro Tyr Met Val Thr Asn
 225 230 235 240
 Phe Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Thr Asp Val Asp Val
 245 250 255
 Pro His Phe Glu Gly Asp Asp Trp Asn Leu Val Lys Gly Ala Phe Met
 260 265 270
 Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Pro Val Phe Asp Phe Leu His His Arg
 275 280 285
 Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Ile Asn Thr Pro Phe Pro His
 290 295 300
 Tyr Lys Ala Gln Met Ala Thr Asp Ala Leu Lys Glu Ala Tyr Pro Asp
 305 310 315 320
 Leu Tyr Leu Tyr Asp Pro Thr Pro Ile Ala Thr Ala Thr Trp Arg Val
 325 330 335
 Gly Ser Lys Cys Ile Ala Val Val Lys Lys Gly Asp Glu Trp Val Phe
 340 345 350
 Thr Asp Lys Gln Leu Pro Val Ala Ala
 355 360

<210> 109
 <211> 1305
 <212> ADN
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1305)
 <223> Delta-12-Desaturase

<400> 109

atg gga aag gga gga aga tca gta acc cgc gct caa aca gca gaa aag 48
 Met Gly Lys Gly Gly Arg Ser Val Thr Arg Ala Gln Thr Ala Glu Lys
 1 5 10 15
 tca gca cac acc atc caa acc ttc acc gac ggc cga tgg gtc tcc ccc 96
 Ser Ala His Thr Ile Gln Thr Phe Thr Asp Gly Arg Trp Val Ser Pro

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

290	295	300	
cag gcg tgg ctt gtg ctc	tac act tgg ctt cag cac aat gat ccc tcc		960
Gln Ala Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Asn Asp Pro Ser			
305	310	315	320
gtg cct caa tat gga agt gac gaa tgg aca tgg gtc aag gga gct ttg			1008
Val Pro Gln Tyr Gly Ser Asp Glu Trp Thr Trp Val Lys Gly Ala Leu			
	325	330	335
tcg acg att gat cgc ccg tat ggt atc ttt gac ttc ttc cat cac aag			1056
Ser Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Ile Phe Asp Phe Phe His His Lys			
	340	345	350
att gga agc act cac gta gct cat cat ttg ttc cac gag atg cca ttt			1104
Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Leu Phe His Glu Met Pro Phe			
	355	360	365
tac aag gcg gat gtg gct act gcg tcg atc aag ggt ttc ttg gag ccg			1152
Tyr Lys Ala Asp Val Ala Thr Ala Ser Ile Lys Gly Phe Leu Glu Pro			
	370	375	380
aag gga ctt tac aac tat gat cca acg cct tgg tat gtg gcc atg tgg			1200
Lys Gly Leu Tyr Asn Tyr Asp Pro Thr Pro Trp Tyr Val Ala Met Trp			
	385	390	400
agg gtg gcc aag act tgt cat tat att gag gat gtg gat gga gtt cag			1248
Arg Val Ala Lys Thr Cys His Tyr Ile Glu Asp Val Asp Gly Val Gln			
	405	410	415
tat tat aag agt ttg gag gat gtg cct ttg aag aag gat gcc aag aag			1296
Tyr Tyr Lys Ser Leu Glu Asp Val Pro Leu Lys Lys Asp Ala Lys Lys			
	420	425	430
tct gat tag			1305
Ser Asp			

<210> 110

<211> 434

<212> PRT

<213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 110

Met Gly Lys Gly Gly Arg Ser Val Thr Arg Ala Gln Thr Ala Glu Lys
1 5 10 15

Ser Ala His Thr Ile Gln Thr Phe Thr Asp Gly Arg Trp Val Ser Pro
20 25 30

Tyr Asn Pro Leu Ala Lys Asp Ala Pro Glu Leu Pro Ser Lys Gly Glu
35 40 45

Ile Lys Ala Val Ile Pro Lys Glu Cys Phe Glu Arg Ser Tyr Leu His
50 55 60

Ser Met Tyr Phe Val Leu Arg Asp Thr Val Met Ala Val Ala Cys Ala
65 70 75 80

Tyr Ile Ala His Ser Thr Leu Ser Thr Asp Ile Pro Ser Glu Leu Leu
85 90 95

ES 2 713 548 T3

Ser Val Asp Ala Leu Lys Trp Phe Leu Gly Trp Asn Thr Tyr Ala Phe
100 105 110

Trp Met Gly Cys Ile Leu Thr Gly His Trp Val Leu Ala His Glu Cys
115 120 125

Gly His Gly Ala Phe Ser Pro Ser Gln Thr Phe Asn Asp Phe Trp Gly
130 135 140

Phe Ile Met His Gln Ala Val Leu Val Pro Tyr Phe Ala Trp Gln Tyr
145 150 155 160

Ser His Ala Lys His His Arg Arg Thr Asn Asn Ile Met Asp Gly Glu
165 170 175

Ser His Val Pro Asn Ile Ala Lys Glu Met Gly Leu Asn Glu Lys Asn
180 185 190

Glu Arg Ser Gly Gly Tyr Ala Ala Ile His Glu Ala Ile Gly Asp Gly
195 200 205

Pro Phe Ala Met Phe Gln Ile Phe Ala His Leu Val Ile Gly Trp Pro
210 215 220

Ile Tyr Leu Met Gly Phe Ala Ser Thr Gly Arg Leu Gly Gln Asp Gly
225 230 235 240

Lys Glu Leu Gln Ala Gly Glu Ile Ile Asp His Tyr Arg Pro Trp Ser
245 250 255

Lys Met Phe Pro Thr Lys Leu Arg Phe Lys Ile Ala Leu Ser Thr Leu
260 265 270

Gly Val Ile Ala Ala Trp Val Gly Leu Tyr Phe Ala Ala Gln Glu Tyr
275 280 285

Gly Val Leu Pro Val Val Leu Trp Tyr Ile Gly Pro Leu Met Trp Asn
290 295 300

Gln Ala Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Asn Asp Pro Ser
305 310 315 320

Val Pro Gln Tyr Gly Ser Asp Glu Trp Thr Trp Val Lys Gly Ala Leu
325 330 335

Ser Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Ile Phe Asp Phe Phe His His Lys
340 345 350

Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Leu Phe His Glu Met Pro Phe
355 360 365

ES 2 713 548 T3

Tyr Lys Ala Asp Val Ala Thr Ala Ser Ile Lys Gly Phe Leu Glu Pro
370 375 380

Lys Gly Leu Tyr Asn Tyr Asp Pro Thr Pro Trp Tyr Val Ala Met Trp
385 390 395 400

Arg Val Ala Lys Thr Cys His Tyr Ile Glu Asp Val Asp Gly Val Gln
405 410 415

Tyr Tyr Lys Ser Leu Glu Asp Val Pro Leu Lys Lys Asp Ala Lys Lys
420 425 430

Ser Asp

<210> 111
<211> 879
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongasa

<400> 111

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 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	

ES 2 713 548 T3

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
aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tgc 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> 112
 <211> 292
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

<400> 112

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

ES 2 713 548 T3

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> 113
<211> 903
<212> ADN
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongasa

ES 2 713 548 T3

<400> 113

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

ES 2 713 548 T3

```

                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> 114
 <211> 300
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 114

```

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

```


ES 2 713 548 T3

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> 115
<211> 13
<212> PRT
<213> Consenso

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(13)
<223> Xaa en la secuencia en la posición 2, 3, 4, 6, 7, 8 y 9 tiene el significado reproducido en la tabla A.

<400> 115
Asn Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Met Tyr Xaa Tyr Tyr Xaa
1 5 10

<210> 116
<211> 10
<212> PRT
<213> Consenso

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (2)..(10)
<223> Xaa en la posición 3, 4, 5 y 6 en la secuencia tiene el significado reproducido en la tabla le A.

<400> 116
His His Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Ala Trp Trp
1 5 10

<210> 117
<211> 909
<212> ADN
<213> *Xenopus laevis*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(909)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 117

ES 2 713 548 T3

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

ES 2 713 548 T3

	245		250		255	
tggttc	cacgct	tacatc	aaaggga	cagagg	ctgccg	aaagcc
TrpPhe	HisAla	TyrIle	LysGly	GlnArg	LeuPro	LysAla
	260		265		270	
aatggc	cactgc	aagaac	aacaac	caagaa	aacact	tggtgc
AsnGly	HisCys	LysAsn	AsnAsn	GlnGln	AsnThr	TrpCys
	275		280		285	
aacaaa	aacag	aaa	aacggg	gcattg	aaaagc	aaa
AsnLys	AsnGln	LysAsn	GlyAla	LeuLys	SerLys	AsnHis
	290		295		300	

816

864

909

<210> 118
 <211> 302
 <212> PRT
 <213> *Xenopus laevis*
 <400> 118

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

Leu Gly Pro Ala Tyr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Met Thr
195 200 205

Ser Ile Gln Leu Thr Gln Phe Leu Met Val Thr Phe His Ile Gly Gln
210 215 220

Phe Phe Phe Met Glu Asn Cys Pro Tyr Gln Tyr Pro Val Phe Leu Tyr
225 230 235 240

Val Ile Trp Leu Tyr Gly Phe Val Phe Leu Ile Leu Phe Leu Asn Phe
245 250 255

Trp Phe His Ala Tyr Ile Lys Gly Gln Arg Leu Pro Lys Ala Val Gln
260 265 270

Asn Gly His Cys Lys Asn Asn Asn Asn Gln Glu Asn Thr Trp Cys Lys
275 280 285

Asn Lys Asn Gln Lys Asn Gly Ala Leu Lys Ser Lys Asn His
290 295 300

<210> 119
<211> 870
<212> ADN
<213> *Ciona intestinalis*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(870)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 119

atg gac gta ctt cat cgt ttc tta gga ttc tac gaa tgg acg ctg act 48
Met Asp Val Leu His Arg Phe Leu Gly Phe Tyr Glu Trp Thr Leu Thr
1 5 10 15

ttc gcg gac ccc cga gtg gca aaa tgg cct tta ata gaa aac ccc ctt 96
Phe Ala Asp Pro Arg Val Ala Lys Trp Pro Leu Ile Glu Asn Pro Leu
20 25 30

cct aca att gct att gtg ttg ctg tac ctg gcg ttt gtt ctg tat att 144
Pro Thr Ile Ala Ile Val Leu Leu Tyr Leu Ala Phe Val Leu Tyr Ile
35 40 45

ggg cgg cgt ttt atg cga aaa aga gca cca gtt gac ttt ggt tta ttc 192
Gly Pro Arg Phe Met Arg Lys Arg Ala Pro Val Asp Phe Gly Leu Phe
50 55 60

ctc cct gga tat aac ttt gct ttg gtt gca tta aat tat tat atc ctg 240
Leu Pro Gly Tyr Asn Phe Ala Leu Val Ala Leu Asn Tyr Tyr Ile Leu
65 70 75 80

caa gaa gtg gtc act ggg agt tat ggg gct ggg tat gat ttg gtt tgc 288
Gln Glu Val Val Thr Gly Ser Tyr Gly Ala Gly Tyr Asp Leu Val Cys
85 90 95

aca cca ctt cga agt gat tcc tac gat ccc aat gaa atg aag gtt gca 336
Thr Pro Leu Arg Ser Asp Ser Tyr Asp Pro Asn Glu Met Lys Val Ala

ES 2 713 548 T3

100	105	110	
aac gct gta tgg tgg tat tat gta tcc aag ata ata gag ttg ttt gat			384
Asn Ala Val Trp Trp Tyr Tyr Val Ser Lys Ile Ile Glu Leu Phe Asp			
115	120	125	
act gtg ttg ttc act cta cgc aaa cga gac cga caa gta act ttc ctt			432
Thr Val Leu Phe Thr Leu Arg Lys Arg Asp Arg Gln Val Thr Phe Leu			
130	135	140	
cat gtt tat cac cat tct acc atg ccc ctg ttg tgg tgg att ggg gca			480
His Val Tyr His His Ser Thr Met Pro Leu Leu Trp Trp Ile Gly Ala			
145	150	155	160
aag tgg gtg cct ggt ggg caa tca ttt gtt ggc atc ata ctg aac tcc			528
Lys Trp Val Pro Gly Gly Gln Ser Phe Val Gly Ile Ile Leu Asn Ser			
165	170	175	
agt gtt cat gtt atc atg tat acg tac tat gga ttg tca gcc ttg ggg			576
Ser Val His Val Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Leu Gly			
180	185	190	
cct cac atg cag aag ttt cta tgg tgg aag aaa tat atc aca atg ttg			624
Pro His Met Gln Lys Phe Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Met Leu			
195	200	205	
caa ctg gtt caa ttt gtt ctt gcc atc tac cat act gct cga tca ttg			672
Gln Leu Val Gln Phe Val Leu Ala Ile Tyr His Thr Ala Arg Ser Leu			
210	215	220	
tac gtt aaa tgt ccc tcg cct gtt tgg atg cac tgg gca ctt atc ttg			720
Tyr Val Lys Cys Pro Ser Pro Val Trp Met His Trp Ala Leu Ile Leu			
225	230	235	240
tac gct ttc tca ttc att ttg ctt ttc tca aac ttc tac atg cat gcc			768
Tyr Ala Phe Ser Phe Ile Leu Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Met His Ala			
245	250	255	
tat atc aag aaa tca aga aaa ggg aaa gag aat ggc agt cga gga aaa			816
Tyr Ile Lys Lys Ser Arg Lys Gly Lys Glu Asn Gly Ser Arg Gly Lys			
260	265	270	
ggt ggt gta agt aat gga aag gaa aag ctg cac gct aat ggt aaa acc			864
Gly Gly Val Ser Asn Gly Lys Glu Lys Leu His Ala Asn Gly Lys Thr			
275	280	285	
gat taa			870
Asp			

<210> 120
 <211> 289
 <212> PRT
 <213> *Ciona intestinalis*

 <400> 120

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

ES 2 713 548 T3

Gly Pro Arg Phe Met Arg Lys Arg Ala Pro Val Asp Phe Gly Leu Phe
50 55 60

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

Gln Glu Val Val Thr Gly Ser Tyr Gly Ala Gly Tyr Asp Leu Val Cys
85 90 95

Thr Pro Leu Arg Ser Asp Ser Tyr Asp Pro Asn Glu Met Lys Val Ala
100 105 110

Asn Ala Val Trp Trp Tyr Tyr Val Ser Lys Ile Ile Glu Leu Phe Asp
115 120 125

Thr Val Leu Phe Thr Leu Arg Lys Arg Asp Arg Gln Val Thr Phe Leu
130 135 140

His Val Tyr His His Ser Thr Met Pro Leu Leu Trp Trp Ile Gly Ala
145 150 155 160

Lys Trp Val Pro Gly Gly Gln Ser Phe Val Gly Ile Ile Leu Asn Ser
165 170 175

Ser Val His Val Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Leu Gly
180 185 190

Pro His Met Gln Lys Phe Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Met Leu
195 200 205

Gln Leu Val Gln Phe Val Leu Ala Ile Tyr His Thr Ala Arg Ser Leu
210 215 220

Tyr Val Lys Cys Pro Ser Pro Val Trp Met His Trp Ala Leu Ile Leu
225 230 235 240

Tyr Ala Phe Ser Phe Ile Leu Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Met His Ala
245 250 255

Tyr Ile Lys Lys Ser Arg Lys Gly Lys Glu Asn Gly Ser Arg Gly Lys
260 265 270

Gly Gly Val Ser Asn Gly Lys Glu Lys Leu His Ala Asn Gly Lys Thr
275 280 285

Asp

<210> 121
<211> 30
<212> ADN
<213> Cebador

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(30)
 <223>
 5
 <400> 121
 aggatccatg gccttcaagg agctcacatc 30
 <210> 122
 10 <211> 35
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 15 <221> misc_feature
 <222> (1)..(35)
 <223>
 <400> 122
 20 cctcgagtca atggtttttg ctttcaatg caccg 35
 <210> 123
 <211> 25
 <212> ADN
 25 <213> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(25)
 30 <223>
 <400> 123
 taagcttatg gacgtacttc atcgt 25
 35 <210> 124
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Cebador
 40 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(26)
 <223>
 45 <400> 124
 tcagatcttt aatcggtttt accatt 26
 <210> 125
 <211> 34
 50 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 55 <222> (1)..(34)
 <223>
 <400> 125
 60 ggggccgcac catggccttc aaggagctca catc 34
 <210> 126
 <211> 38
 <212> ADN
 <213> Cebador

ES 2 713 548 T3

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(38)
 <223>
 5
 <400> 126
 gcggccgcct tcaatgggtt ttgctttca atgcaccg 38
 10
 <210> 127
 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Cebador
 15
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(29)
 <223>
 20
 <400> 127
 gcggccgcac catggacgta cttcatcgt 29
 25
 <210> 128
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Cebador
 30
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(27)
 <223>
 35
 <400> 128
 gcggccgctt taatcggtt taccatt 27
 40
 <210> 129
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador
 45
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>
 50
 <400> 129
 gtcgaccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60
 55
 <210> 130
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador
 60
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>
 <400> 130
 gtcgaccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60
 <210> 131
 <211> 789
 <212> ADN
 <213> *Euglena gracilis*

ES 2 713 548 T3

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(789)
 <223> Delta-5-Elongasa

5

<400> 131

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

ES 2 713 548 T3

acg gtg atg tac tcg tac tac acc ctg acg gtg gtt ggc atc aac cct 576
 Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
 180 185 190

tgg tgg aag aag tgg atg acc acc atg cag atc atc cag ttc atc acg 624
 Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
 195 200 205

ggc tgc gtg tac gtc atg gcg ttc ttc ggc cta tat tat gcc ggg gcg 672
 Gly Cys Val Tyr Val Met Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
 210 215 220

ggc tgc acc tcc aac gtg tac act gcc tgg ttc tcg atg ggg gtc aac 720
 Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
 225 230 235 240

ctc agc ttt ctg tgg ctc ttc gct ctt ttc ttc cgc cgg tca tac agc 768
 Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
 245 250 255

aaa cct agc cgg aag gag tag 789
 Lys Pro Ser Arg Lys Glu
 260

<210> 132
 <211> 262
 <212> PRT
 <213> *Euglena gracilis*

<400> 132

Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
 1 5 10 15

His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
 20 25 30

Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
 35 40 45

Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
 50 55 60

Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
 65 70 75 80

Ala Phe Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
 85 90 95

Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
 100 105 110

Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Ala Asp Thr
 115 120 125

Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
 130 135 140

ES 2 713 548 T3

His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
145 150 155 160

Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
165 170 175

Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
180 185 190

Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
195 200 205

Gly Cys Val Tyr Val Met Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
210 215 220

Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
225 230 235 240

Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
245 250 255

Lys Pro Ser Arg Lys Glu
260

<210> 133
<211> 789
<212> ADN
<213> *Euglena gracilis*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(789)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 133

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

ES 2 713 548 T3

tgc acc cag cgg cca cca tct cag atc tgg gac ggc ccg gtg ggg tac	336
Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr	
100 105 110	
ttc acg tac ctt ttc tac ctc gcg aag tac tgg gag ctg gtg gac act	384
Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Val Asp Thr	
115 120 125	
gtc atc ctc gcc ctc cgc cag aag ccc acc atc ccc ctc cac gtc tac	432
Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr	
130 135 140	
cat cac gcc gtc atg ctg ttc att gtg tgg tgc tgg ttc gcg cac ccc	480
His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro	
145 150 155 160	
tgg ctc gag ggg agc tgg tgg tgc tcc ctg gtc aac tct ttc atc cac	528
Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His	
165 170 175	
acg gtg atg tac tcg tat tac acc ctg acg gtg gtt ggc atc aac cct	576
Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro	
180 185 190	
tgg tgg aag aag tgg atg acc acc atg cag atc atc cag ttc atc acg	624
Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr	
195 200 205	
ggc tgc gtg tac gtc acg gcg ttc ttc ggc cta tac tat gcc ggg gcg	672
Gly Cys Val Tyr Val Thr Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala	
210 215 220	
ggc tgc acc tcc aac gtg tac act gcc tgg ttc tcg atg ggg gtc aac	720
Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn	
225 230 235 240	
ctc agc ttt ctg tgg ctc ttc gct ctt ttc ttc cgc cgg tcg tac agc	768
Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser	
245 250 255	
aaa cct agc cgg aag gag tag	789
Lys Pro Ser Arg Lys Glu	
260	

<210> 134
 <211> 262
 <212> PRT
 <213> *Euglena gracilis*
 <400> 134

ES 2 713 548 T3

```

Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
1           5           10           15

His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
          20           25           30

Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
          35           40           45

Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
50           55           60

Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
65           70           75           80

Ala Tyr Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
          85           90           95

Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
          100          105          110

Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Val Asp Thr
          115          120          125

Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
          130          135          140

His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
          145          150          155          160

Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
          165          170          175

Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
          180          185          190

Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
          195          200          205

Gly Cys Val Tyr Val Thr Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
          210          215          220

Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
          225          230          235          240

Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
          245          250          255

Lys Pro Ser Arg Lys Glu
          260

```

<210> 135
 <211> 897
 <212> ADN
 <213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(897)
 <223> Delta-5-Elongasa

ES 2 713 548 T3

<400> 135

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

ES 2 713 548 T3

gcg att aca tta ttt tcc aag aaa aac gat taa
Ala Ile Thr Leu Phe Ser Lys Lys Asn Asp
290 295

897

<210> 136
<211> 298
<212> PRT
<213> *Arabidopsis thaliana*
<400> 136

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

ES 2 713 548 T3

Met Leu Pro Glu His Tyr Phe Gly Ser Gly Cys Ala Gly Ile Trp Thr
225 230 235 240

Val Tyr Phe Asn Gly Val Phe Thr Ala Ser Leu Leu Ala Leu Phe Tyr
245 250 255

Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Glu Lys Thr Thr Thr Ser Pro Leu Tyr
260 265 270

Lys Ile Glu Ser Phe Ile Phe Ile His Gly Glu Arg Trp Ala Asn Lys
275 280 285

Ala Ile Thr Leu Phe Ser Lys Lys Asn Asp
290 295

<210> 137
<211> 837
<212> ADN
<213> *Arabidopsis thaliana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(837)
<223> Delta-5-Elongasa

<400> 137

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

ES 2 713 548 T3

```

aaa tca atc caa cgg cta tcc ttc ctc cac gtg tac cac cac gcg acg      480
Lys Ser Ile Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr
145                      150                      155                      160

gtt gtg gtc atg tgt tat ctc tgg ctc cga act cgc caa tcg atg ttt      528
Val Val Val Met Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe
                      165                      170                      175

ccg att gcg ctc gtg acg aat tcg acg gta cac gtc atc atg tac ggt      576
Pro Ile Ala Leu Val Thr Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly
                      180                      185                      190

tac tac ttc ctc tgc gcc gtt gga tcg agg ccc aag tgg aag aga ttg      624
Tyr Tyr Phe Leu Cys Ala Val Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Arg Leu
                      195                      200                      205

gtg acg gat tgt cag att gtt cag ttt gtt ttc agt ttc ggg tta tcc      672
Val Thr Asp Cys Gln Ile Val Gln Phe Val Phe Ser Phe Gly Leu Ser
210                      215                      220

ggg tgg atg ctc cga gag cac tta ttc ggg tcg ggt tgc acc ggg att      720
Gly Trp Met Leu Arg Glu His Leu Phe Gly Ser Gly Cys Thr Gly Ile
225                      230                      235                      240

tgg gga tgg tgt ttc aac gct gca ttt aat gct tct ctt ttg gct ctc      768
Trp Gly Trp Cys Phe Asn Ala Ala Phe Asn Ala Ser Leu Leu Ala Leu
                      245                      250                      255

ttt tcc aac ttc cat tca aag aat tat gtc aag aag cca acg aga gag      816
Phe Ser Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Val Lys Lys Pro Thr Arg Glu
                      260                      265                      270

gat ggc aaa aaa agc gat tag      837
Asp Gly Lys Lys Ser Asp
275

```

<210> 138
 <211> 278
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <400> 138

```

Met Ala Ser Ile Tyr Ser Ser Leu Thr Tyr Trp Leu Val Asn His Pro
1                      5                      10                      15

Tyr Ile Ser Asn Phe Thr Trp Ile Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
20                      25                      30

Val Phe Phe Val Ser Val Val Val Ser Val Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
35                      40                      45

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

Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Cys Leu Leu Ser
65                      70                      75                      80

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

```

ES 2 713 548 T3

Ser Ser Asp Pro Met Ala Arg Phe Leu His Ala Ile Cys Phe Pro Val
100 105 110

Asp Val Lys Pro Asn Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr
115 120 125

Leu Ser Lys Ile Leu Glu Phe Gly Asp Thr Ile Leu Ile Ile Leu Gly
130 135 140

Lys Ser Ile Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr
145 150 155 160

Val Val Val Met Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe
165 170 175

Pro Ile Ala Leu Val Thr Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly
180 185 190

Tyr Tyr Phe Leu Cys Ala Val Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Arg Leu
195 200 205

Val Thr Asp Cys Gln Ile Val Gln Phe Val Phe Ser Phe Gly Leu Ser
210 215 220

Gly Trp Met Leu Arg Glu His Leu Phe Gly Ser Gly Cys Thr Gly Ile
225 230 235 240

Trp Gly Trp Cys Phe Asn Ala Ala Phe Asn Ala Ser Leu Leu Ala Leu
245 250 255

Phe Ser Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Val Lys Lys Pro Thr Arg Glu
260 265 270

Asp Gly Lys Lys Ser Asp
275

<210> 139
<211> 6
<212> PRT
<213> Consenso

<220>
<221> MISC_FEATURE
<222> (1)..(6)
<223> Xaa en la posición 3 y 4 en la secuencia tiene el significado reproducido en la tabla A w.

<400> 139

Leu His Xaa Xaa His His
1 5

<210> 140
<211> 8
<212> PRT
<213> Consenso

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(8)
 <223> Xaa en la posición 2, 3, 5 y 6 en la secuencia tiene el significado reproducido en la tabla le A.
 5
 <400> 140
 Thr Xaa Xaa Gln Xaa Xaa Gln Phe
 1 5
 <210> 141
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Consenso
 10
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(6)
 <223> Xaa en la posición 3 en la secuencia tiene el significado reproducido en la tabla A.
 15
 <400> 141
 Asp Thr Xaa Phe Met Val
 1 5
 20
 <210> 142
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Consenso
 25
 <220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(8)
 <223> Xaa en la posición 5 y 6 en la secuencia tiene el significado reproducido en la tabla A.
 30
 <400> 142
 Thr Gln Ala Gln Xaa Xaa Gln Phe
 1 5
 35
 <210> 143
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador
 40
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>
 45
 <400> 143
 gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60
 <210> 144
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador
 50
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>
 55
 <400> 144
 gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60
 60
 <210> 145

<211> 36
 <212> ADN
 <213> Cebador
 5 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(36)
 <223>
 10 <400> 145
 ggtaccacat aatgtgcgtg gagacggaaa ataacg 36
 <210> 146
 <211> 33
 15 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 20 <222> (1)..(33)
 <223>
 <400> 146
 25 ctcgagttac gccgtcttc cggagtgtg gcc 33
 <210> 147
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Cebador
 30 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1) .. (24)
 <223>
 35 <400> 147
 gcggccgctt acgtggactt ggtc 24
 <210> 148
 40 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 45 <222> (1)..(24)
 <223>
 <400> 148
 50 gcggccgcat gccgacgaag gagg 24
 <210> 149
 <211> 25
 <212> ADN
 55 <213> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(25)
 60 <223>
 <400> 149
 taagcttaca tggcgacgaa ggagg 25

5 <210> 150
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Cebador

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(24)
 <223>
 10
 <400> 150
 tggatccact tacgtggact tgggt 24

 15 <210> 151
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador

 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>

 25 <400> 151
 gtcgaccgcg ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

 30 <210> 152
 <211> 31
 <212> ADN
 <213> Cebador

 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(31)
 <223>

 <400> 152
 gcggccgcac catgtgctca ccaccgccgt c 31
 40
 <210> 153
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Cebador

 45 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(26)
 <223>

 50 <400> 153
 gcggccgcct acatggcacc agtaac 26

 55 <210> 154
 <211> 31
 <212> ADN
 <213> Cebador

 60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(31)
 <223>

 <400> 154
 gcggccgcac catgtgctca tcaccgccgt c 31

5 <210> 155
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Cebador

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(26)
 <223>
 10
 <400> 155
 gcggccgcct acatggcacc agtaac 26

 15 <210> 156
 <211>31
 <212> ADN
 <213> Cebador

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(31)
 <223>
 20
 <400> 156
 gcggccgcac catggacgcc tacaacgctg c 31
 25
 <210> 157
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Cebador
 30
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(27)
 <223>
 35
 <400> 157
 gcggccgcct aagcactctt cttcttt 27
 40
 <210> 158
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Cebador
 45
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(23)
 <223>
 50
 <400> 158
 accatgtgct caccacgcc gtc 23

 55 <210> 159
 <211> 18
 <212> ADN
 <213> Cebador

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(18)
 <223>
 60
 <400> 159
 ctacatggca ccagtaac 18

5 <210> 160
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Cebador

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(23)
 <223>
 10
 <400> 160
 accatgtgct catcaccgcc gtc 23

 15 <210> 161
 <211> 18
 <212> ADN
 <213> Cebador

 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(18)
 <223>

 25 <400> 161
 ctacatggca ccagtaac 18

 30 <210> 162
 <211> 23
 <212> ADN
 <213> Cebador

 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(23)
 <223>

 <400> 162
 accatggacg cctacaacgc tgc 23

 40 <210> 163
 <211> 19
 <212> ADN
 <213> Cebador

 45 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(19)
 <223>

 50 <400> 163
 ctaagcactc ttcttctt 19

 55 <210> 164
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador

 60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>

 <400> 164
 gtcgaccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

5 <210> 165
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>
 10 <400> 165
 gtcgaccgcg ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccgatctgc tggctatgaa 60
 <210> 166
 15 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 20 <221> misc_feature
 <222> (1)..(29)
 <223>
 25 <400> 166
 gcggccgc atgacgagc aacatgagc 29
 <210> 167
 30 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 35 <221> misc_feature <222> (1)..(29)
 <223>
 <400> 167
 gcggccgctt aggccgactt ggccttggg 29
 <210> 168
 40 <211> 34
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 45 <221> misc_feature <222> (1)..(34)
 <223>
 <400> 168
 50 gcggccgcac catggacgac gtcgagcagc aatg 34
 <210> 169
 55 <211> 36
 <212> ADN
 <213> Cebador
 <220>
 60 <221> misc_feature
 <222> (1)..(36)
 <223>
 <400> 169
 gcggccgctt agatggtctt ctgcttcttg ggcgcc 36
 <210> 170

<211> 23
 <212> ADN
 <213> Cebador

5 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1).. (23)
 <223>

10 <400> 170
 gacataatga cgagcaacat gag 23

15 <210> 171
 <211> 25
 <212> ADN
 <213> Cebador

20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(25)
 <223>

25 <400> 171
 cggcttaggc cgactggcc ttggg 25

30 <210> 172
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Cebador

35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(30)
 <223>

40 <400> 172
 agacataatg gacgtcgtcg agcagcaatg 30

45 <210> 173
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Cebador

50 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(28)
 <223>

55 <400> 173
 ttagatggtc ttctgcttct tgggcgcc 28

60 <210> 174
 <211> 60
 <212> ADN
 <213> Cebador

60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>

<400> 174
 gtcgaccgcg ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

5 <210> 175
 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Cebador

 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(29)
 <223>
 10
 <400> 175
 gcggccgcat aatggcttca acatggcaa 29

 15 <210> 176
 <211> 32
 <212> ADN
 <213> Cebador

 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(32)
 <223>

 25 <400> 176
 gcggccgctt atgtcttctt gctcttctg tt 32

 30 <210> 177
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Cebador

 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(26)
 <223>

 <400> 177
 gcggccgcat aatggagact ttaaat 26

 40 <210> 178
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Cebador

 45 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(28)
 <223>

 50 <400> 178
 gcggccgctc agtccccct cactttcc 28

 55 <210> 179
 <211> 29
 <212> ADN
 <213> Cebador

 60 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(29)
 <223>

 <400> 179
 aagcttacat aatggcttca acatggcaa 29

ES 2 713 548 T3

<210> 180
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Cebador
 5
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(30)
 <223>
 10
 <400> 180
 ggatccttat gtctcttgc tcttctgtt 30
 <210> 181
 <211> 26
 <212> ADN
 <213> Cebador
 15
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(26)
 <223>
 20
 <400> 181
 aagcttacat aatggagact tttaat 26
 <210> 182
 <211> 27
 <212> ADN
 <213> Cebador
 30
 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(27)
 <223>
 35
 <400> 182
 ggatccttca gtccccctc actttcc 27
 <210> 183
 <211> 993
 <212> ADN
 <213> Phaeodactylum tricornutum
 40
 <220>
 <221> CDS
 <222> (103)..(939)
 <223> Delta-6-Elongasa
 45
 <400> 183
 ggtcttttgt ggtagctatc gtcacacac gcaggctcgtt gctcactatc gtgatccgta 60
 tattgaccgt gcacttgtgt aaaacagaga tatttcaaga gt atg atg gta cct 114
 Met Met Val Pro
 1
 tca agt tat gac gag tat atc gtc atg gtc aac gac ctt ggc gac tct 162
 Ser Ser Tyr Asp Glu Tyr Ile Val Met Val Asn Asp Leu Gly Asp Ser
 5 10 15 20
 att ctg agc tgg gcc gac cct gat cac tat cgt gga cat acc gag gga 210
 Ile Leu Ser Trp Ala Asp Pro Asp His Tyr Arg Gly His Thr Glu Gly
 25 30 35
 tgg gag ttc act gac ttt tct gct gct ttt agc att gcc gtc gcg tac 258
 Trp Glu Phe Thr Asp Phe Ser Ala Ala Phe Ser Ile Ala Val Ala Tyr

ES 2 713 548 T3

40	45	50	
ctc ctg ttt gtc ttt gtt gga tct ctc att atg agt atg gga gtc ccc Leu Leu Phe Val Phe Val Gly Ser Leu Ile Met Ser Met Gly Val Pro 55 60 65			306
gca att gac cct tat ccg ctc aag ttt gtc tac aat gtt tca cag att Ala Ile Asp Pro Tyr Pro Leu Lys Phe Val Tyr Asn Val Ser Gln Ile 70 75 80			354
atg ctt tgt gct tac atg acc att gaa gcc agt ctt cta gct tat cgt Met Leu Cys Ala Tyr Met Thr Ile Glu Ala Ser Leu Leu Ala Tyr Arg 85 90 95 100			402
aac ggc tac aca ttc tgg cct tgc aac gat tgg gac ttt gaa aag ccg Asn Gly Tyr Thr Phe Trp Pro Cys Asn Asp Trp Asp Phe Glu Lys Pro 105 110 115			450
cct atc gct aag ctc ctc tgg ctc ttt tac gtt tcc aaa att tgg gat Pro Ile Ala Lys Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Val Ser Lys Ile Trp Asp 120 125 130			498
ttt tgg gac acc atc ttt att gtt ctc ggg aag aag tgg cgt caa ctt Phe Trp Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu 135 140 145			546
tcc ttc ctg cac gtc tac cat cac acc acc atc ttt ctc ttc tac tgg Ser Phe Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp 150 155 160			594
ttg aat gca cat gta aac ttt gat ggt gat att ttc ctc acc atc gtc Leu Asn Ala His Val Asn Phe Asp Gly Asp Ile Phe Leu Thr Ile Val 165 170 175 180			642
ttg aac ggt ttc atc cac acc gtc atg tac acg tac tac ttc att tgc Leu Asn Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys 185 190 195			690
atg cac acc aag gtc cca gag acc ggc aaa tcc ttg ccc att tgg tgg Met His Thr Lys Val Pro Glu Thr Gly Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp 200 205 210			738
aaa tct agt ttg aca agc atg cag ctg gtg cag ttc atc acg atg atg Lys Ser Ser Leu Thr Ser Met Gln Leu Val Gln Phe Ile Thr Met Met 215 220 225			786
acg cag gct atc atg atc ttg tac aag ggc tgt gct gct ccc cat agc Thr Gln Ala Ile Met Ile Leu Tyr Lys Gly Cys Ala Ala Pro His Ser 230 235 240			834
cgg gtg gtg aca tcg tac ttg gtt tac att ttg tcg ctc ttt att ttg Arg Val Val Thr Ser Tyr Leu Val Tyr Ile Leu Ser Leu Phe Ile Leu 245 250 255 260			882
ttc gcc cag ttc ttt gtc agc tca tac ctc aag ccg aag aag aag aag Phe Ala Gln Phe Phe Val Ser Ser Tyr Leu Lys Pro Lys Lys Lys Lys 265 270 275			930
aca gct taa gcgaaatttg ggtctacgtt aaaacaatta cggtacaaaa Thr Ala			979
aaaaaaaaaaaa			993

<210> 184
 <211> 278
 <212> PRT
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*
 <400> 184

ES 2 713 548 T3

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	

ES 2 713 548 T3

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

5 <210> 185
<211> 20
<212> ADN
<213> Cebador

10 <220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(20)
<223> N en las posiciones 3 y 18 significa C o T.

15 <400> 185
aanctuctut ggctuttnta 20

20 <210> 186
<211> 23
<212> ADN
<213> Cebador

25 <220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223> N en las posiciones 3 y 15 significa C o T. N en las posiciones 9, 12 y 21 significa A o G.

30 <400> 186
gantguacna anaantgugc naa 23

35 <210> 187
<211> 446
<212> ADN
<213> Fragmento de PCR

40 <220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(446)
<223> Fragmento de PCR

45 <400> 187

aagctcctct	ggctcttttta	cgttttccaaa	atttggggatt	tttggggacac	catcttttatt	60
gttctcggga	agaagtggcg	tcaacttttcc	ttcctgcacg	tctaccatca	caccaccatc	120
tttctcttct	actgggttgaa	tgacacatgta	aacttttgatg	gtgatatttt	cctcaccatc	180
gtcttgaacg	gtttcatcca	caccgtcatg	tacacgtact	acttcatttg	catgcacacc	240
aagggtcccag	agaccggcaa	atccttgccc	atttgggtgga	aatctagttt	gacaagcatg	300
cagctggtgc	agttcatcac	gatgatgacg	caggctatca	tgatcttgta	caagggtgtg	360
gctgctcccc	atagccgggt	ggtgacatcg	tacttggttt	acattttgtc	gctctttatt	420
ttgttcgccc	agttctttgt	cagctc				446

45 <210> 188
<211> 30

<212> ADN
 <213> Cebador

 5 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(30)
 <223>

 10 <400> 188
 gcggccgcac ataatgatgg taccttcaag 30

 15 <210> 189
 <211> 22
 <212> ADN
 <213> Cebador

 20 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(22)
 <223>

 25 <400> 189
 gaagacagct taatagacta gt 22

 30 <210> 190
 <211>31
 <212> ADN
 <213> Cebador

 35 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(31)
 <223>

 40 <400> 190
 gcggccgcac catgatggta ccttcaagtt a 31

 45 <210> 191
 <211> 24
 <212> ADN
 <213> Cebador

 50 <220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(24)
 <223>

 55 <400> 191
 gaagacagct taataggcgg ccgc 24

 <210> 192
 <211> 859
 <212> ADN
 <213> Producto de PCR

 <400> 192

ES 2 713 548 T3

gcgggcgcac ataatgatgg taccttcaag ttatgacgag tatatcgtca tggccaacga 60

...

ccttggcgac tctattctga gctggggccga ccctgatcac tatcgtggac ataccgaggg 120

atgggagttc actgactttt ctgctgcttt tagcattgcc gtcgcgtacc tcctgtttgt 180

ctttgttgga tctctcatta tgagtatggg agtccccgca attgaccctt atccgctcaa 240

gtttgtctac aatgtttcac agattatgct ttgtgcttac atgaccattg aagccagtct 300

tctagcttat cgtaacggct acacattctg gccttgcaac gattgggact ttgaaaagcc 360

gcctatcgct aagctcctct ggctctttta cgtttccaaa atttgggatt tttgggacac 420

catctttatt gttctcgga agaagtggcg tcaactttcc ttcctgcacg tctaccatca 480

caccaccatc tttctcttct actgggtgaa tgcacatgta aactttgatg gtgatatttt 540

cctcaccatc gtcttgaacg gtttcatcca caccgtcatg tacacgtact acttcatttg 600

catgcacacc aagggtccag agaccggcaa atccttgccc atttgggtgga aatctagttt 660

gacaagcatg cagctggtgc agttcatcac gatgatgacg caggctatca tgatcttgta 720

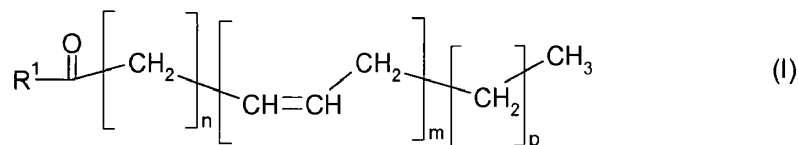
caagggtgt gctgctccc atagccgggt ggtgacatcg tacttggttt acattttgtc 780

gctctttatt ttgttcgccc agttctttgt cagctcatac ctcaagccga agaagaagaa 840

gacagcttaa tagactagt 859

REIVINDICACIONES

1. Procedimiento para la producción de compuestos de fórmula general I



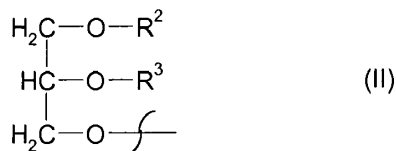
en organismos transgénicos excepto seres humanos y animales con un contenido de al menos el 1 % en peso de estos compuestos referido al contenido de lípidos total del organismo transgénico, **caracterizado porque** comprende las siguientes etapas de procedimiento:

- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo, que codifica una actividad de delta-9-elongasa o de delta-6-desaturasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-8-desaturasa o de delta-6-elongasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-5-desaturasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-5-elongasa, y
- Introducir al menos una secuencia de ácido nucleico en el organismo que codifica una actividad de delta-4-desaturasa, y

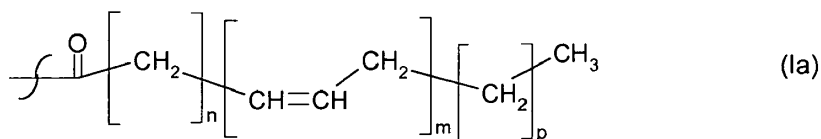
en el que se puede usar como sustrato al menos uno de los ésteres de ácidos grasos de CoA de delta-4-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-6-desaturasa

y en el que las variables y los sustituyentes en la fórmula I tienen el siguiente significado:

R^1 = hidroxilo, coenzima A (tioéster), liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol, esfingobase, o un resto de fórmula general II



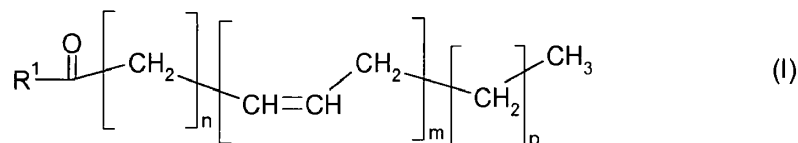
R^2 = hidrógeno, liso-fosfatidilcolina, liso-fosfatidiletanolamina, liso-fosfatidilglicerol, liso-difosfatidilglicerol, liso-fosfatidilserina, liso-fosfatidilinositol o alquil C_2 - C_{24} -carbonilo saturado o insaturado,
 R^3 = hidrógeno, alquil C_2 - C_{24} -carbonilo saturado o insaturado, o R^2 o R^3 , independientemente entre sí, un resto de fórmula general Ia:



$n = 2, 3, 4, 5, 6$ o 9 , $m = 2, 3, 4, 5$ o 6 y $p = 0$ o 3 .

2. Procedimiento según la reivindicación 1, **caracterizado porque** el organismo transgénico es una planta monocotiledónea o dicotiledónea.

3. Procedimiento para la producción de compuestos de fórmula general I



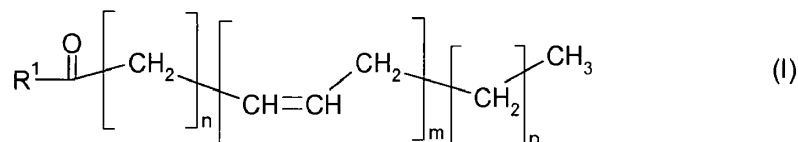
en el que las variables y los sustituyentes en la fórmula I tienen el significado indicado en la reivindicación 1, en semillas de una planta monocotiledónea o dicotiledónea con un contenido de al menos el 1 % en peso de estos compuestos referido al contenido de lípidos total de la semilla, que comprende las etapas

- facilitar una planta que

- i. expresa una actividad de delta-9-elongasa o de delta-6-desaturasa y
- ii. expresa una actividad de delta-8-desaturasa o de delta-6-elongasa y
- iii. expresa una actividad de delta-5-desaturasa y
- iv. expresa una actividad de delta-5-elongasa y
- v. expresa una actividad de delta-4-desaturasa,

en el que se puede usar como sustrato al menos uno de los ésteres de ácidos grasos de CoA de delta-4-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-6-desaturasa y
b) dejar crecer la planta.

4. Procedimiento para la producción de compuestos de fórmula general I



en el que las variables y los sustituyentes en la fórmula I tienen el significado indicado en la reivindicación 1, que comprende la extracción de los compuestos de las semillas de una planta monocotiledónea o dicotiledónea con un contenido de al menos el 1 % en peso de estos compuestos referido al contenido de lípidos total de la semilla, en donde la planta

- i. expresa una actividad de delta-9-elongasa o de delta-6-desaturasa y
- ii. expresa una actividad de delta-8-desaturasa o de delta-6-elongasa y
- iii. expresa una actividad de delta-5-desaturasa y
- iv. expresa una actividad de delta-5-elongasa y
- v. expresa una actividad de delta-4-desaturasa,

en el que se puede usar como sustrato al menos uno de los ésteres de ácidos grasos de CoA de delta-4-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-6-desaturasa.

5. Procedimiento según una de las reivindicaciones anteriores, **caracterizado porque** las secuencias de ácidos nucleicos que codifican polipéptidos con actividad de delta-6-elongasa, delta-5-desaturasa o delta-4-desaturasa están seleccionadas del grupo compuesto por:

- a) una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 97, o
- b) una secuencia de ácido nucleico que codifica una de las secuencias de aminoácidos SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98, o
- c) una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido con una identidad de al menos el 40 % a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98, y presentando el polipéptido una actividad de delta-6-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-4-desaturasa.

6. Procedimiento según una de las reivindicaciones anteriores, **caracterizado porque** los sustituyentes R² o R³ significan, independientemente entre sí, alquil-C₁₈-C₂₂-carbonilo saturado o insaturado.

7. Procedimiento según una de las reivindicaciones anteriores, **caracterizado porque** los sustituyentes R² o R³ significan, independientemente entre sí, alquil-C₁₈, -C₂₀- o -C₂₂-carbonilo insaturado con al menos dos dobles enlaces.

8. Procedimiento según una de las reivindicaciones anteriores, **caracterizado porque** el organismo transgénico es una planta transgénica seleccionada del grupo compuesto por alfalfa, berenjena, aguacate, algodón, borraja, *Calendula*, canola, cardo, guisante, cacahuete, plantas para forraje, cebada, hierbas, avena, cáñamo, avellana, café, cacao, patata, coco, calabaza, lino, laurel, macadamia, maíz, almendra, mandioca, amapola, onagra, oliva, palma oleífera, pimienta, pistacho, *Punica*, colza, arroz, ricino, centeno, cártamo, mostaza, sésamo, soja, girasol, tabaco, clavelón, té, tomate, triticale, nogal y trigo.

9. Procedimiento según una de las reivindicaciones anteriores, **caracterizado porque** los compuestos de fórmula general I se aíslan del organismo en forma de sus aceites, lípidos o ácidos grasos libres.
10. Procedimiento según una de las reivindicaciones anteriores, **caracterizado porque** los compuestos de fórmula general I se aíslan en una concentración de al menos el 5 % en peso con respecto al contenido lipídico total del organismo transgénico.
11. Procedimiento según una de las reivindicaciones anteriores, **caracterizado porque** el compuesto de fórmula general I es ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico y/o ácido docosahexaenoico.
12. Planta monocotiledónea o dicotiledónea, en donde la planta
- expresa una actividad de delta-9-elongasa o de delta-6-desaturasa y
 - expresa una actividad de delta-8-desaturasa o de delta-6-elongasa y
 - expresa una actividad de delta-5-desaturasa y
 - expresa una actividad de delta-5-elongasa y
 - expresa una actividad de delta-4-desaturasa, y
- en donde se puede usar como sustrato al menos uno de los ésteres de ácidos grasos de CoA de delta-4-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-6-desaturasa y la planta produce ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico y/o ácido docosahexaenoico.
13. Planta según la reivindicación 12, estando codificada la actividad de delta-6-elongasa, delta-5-desaturasa o delta-4-desaturasa por una secuencia de ácido nucleico seleccionada del grupo compuesto por:
- una secuencia de ácido nucleico con la secuencia representada en la SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 89 o SEQ ID NO: 97, o
 - una secuencia de ácido nucleico que codifica una de las secuencias de aminoácidos SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98, o
 - una secuencia de ácido nucleico que codifica un polipéptido con una identidad de al menos el 40 % a nivel de aminoácidos con la SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 90 o SEQ ID NO: 98, y presentando el polipéptido una actividad de delta-6-desaturasa, delta-5-desaturasa o delta-4-desaturasa.
14. Planta según las reivindicaciones 12 o 13, siendo la planta una planta oleaginosa.
15. Planta según una de las reivindicaciones 12 a 13, estando seleccionada la planta del grupo compuesto por alfalfa, berenjena, aguacate, algodón, borraja, *Calendula*, canola, cardo, guisante, cacahuete, plantas para forraje, cebada, hierbas, avena, cáñamo, avellana, café, cacao, patata, coco, calabaza, lino, laurel, macadamia, maíz, almendra, mandioca, amapola, onagra, olivo, palma oleífera, pimienta, pistacho, *Punica*, colza, arroz, ricino, centeno, cártamo, mostaza, sésamo, soja, girasol, tabaco, clavelón, té, tomate, triticale, nogal y trigo.
16. Planta según una de las reivindicaciones 12 a 15, produciendo la planta ácido araquidónico, ácido eicosapentaenoico y/o ácido docosahexaenoico.

Figura 1: Distintas vías de síntesis para la biosíntesis de DHA (ácido docosaheptanoico)

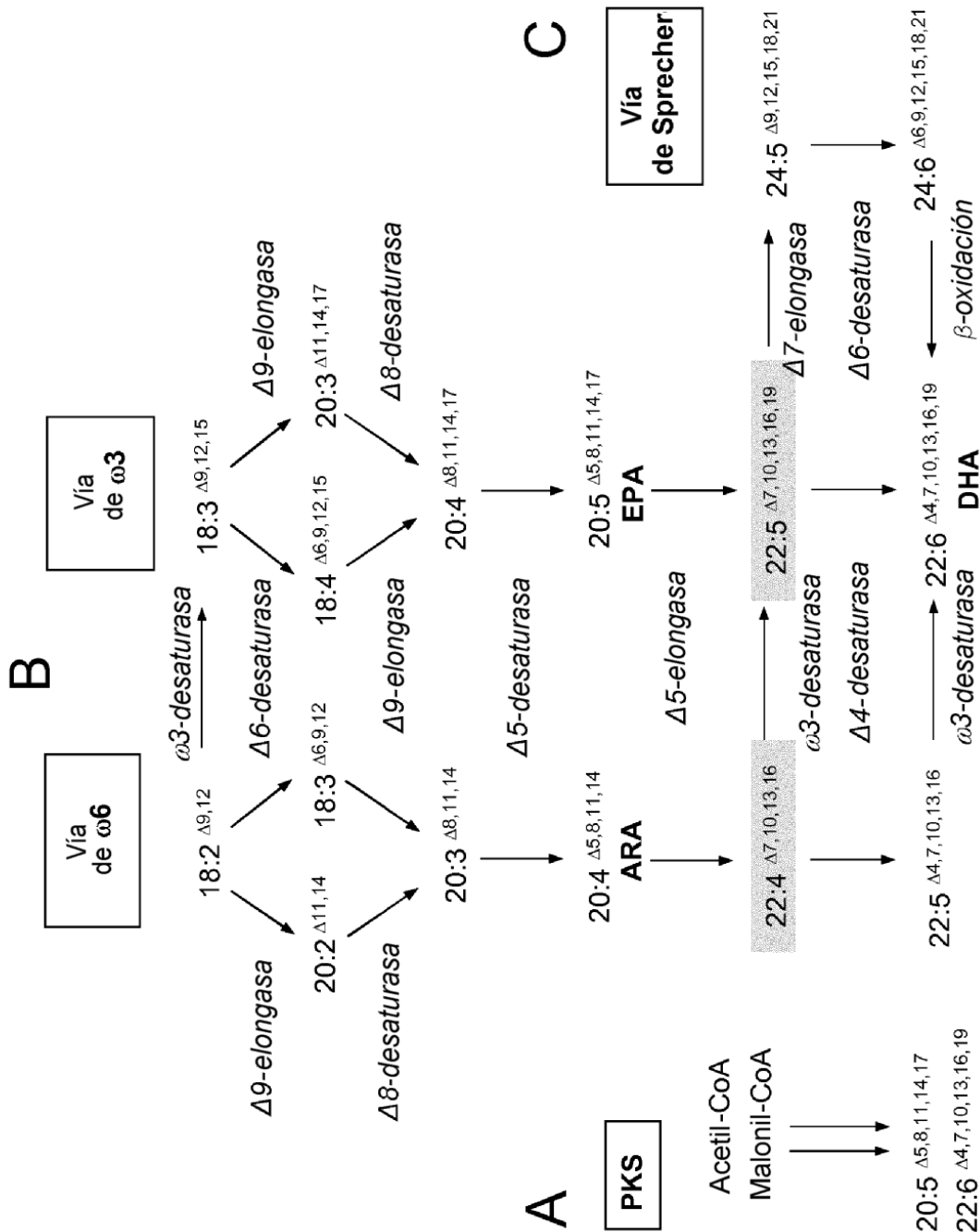


Figura 2: Especificidad por sustrato de la $\Delta 5$ -elongasa (SEQ ID NO: 53) frente a distintos ácidos grasos

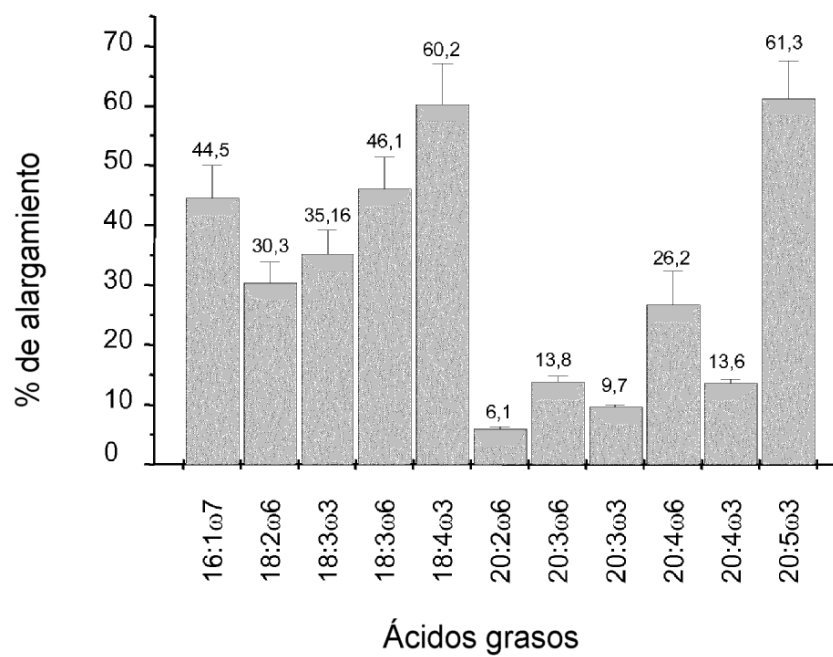


Figura 3: Reconstitución de la biosíntesis de DHA en levadura a partir de 20:5 ω 3.

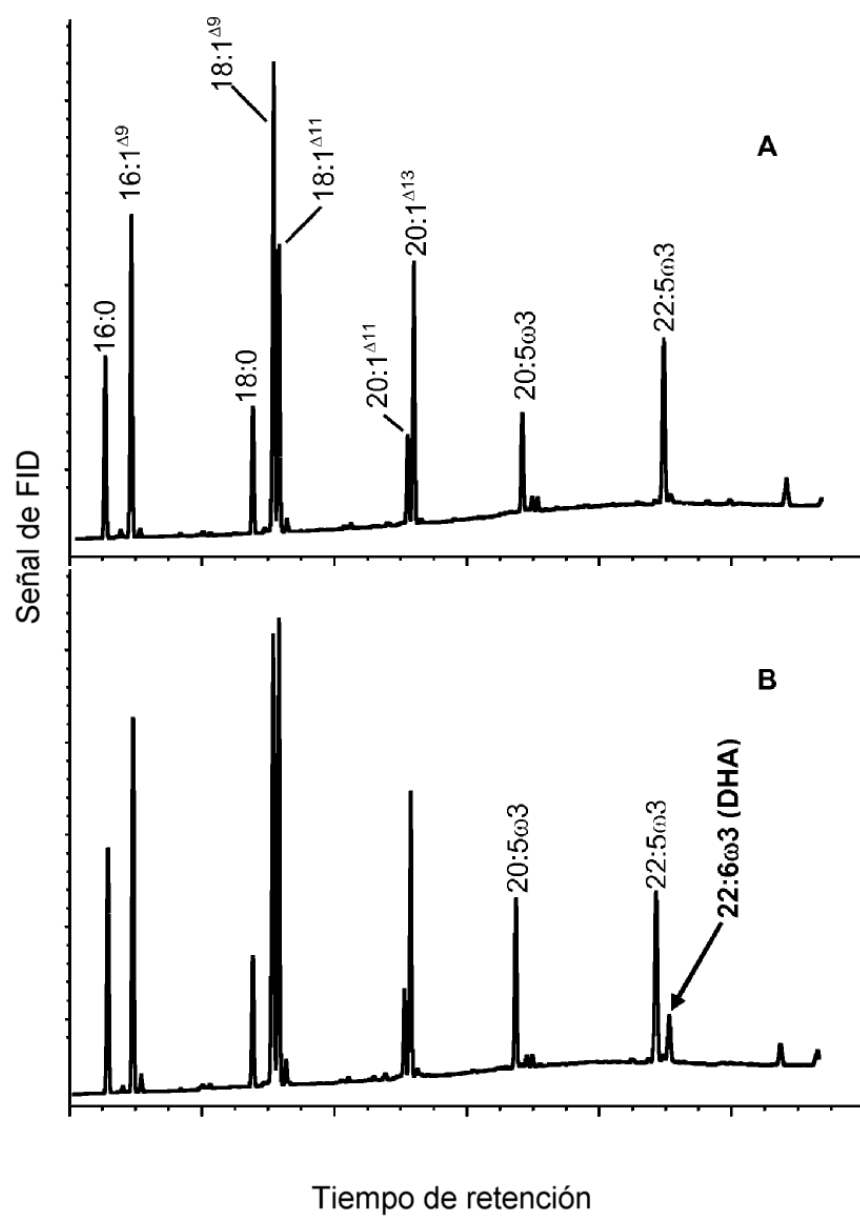


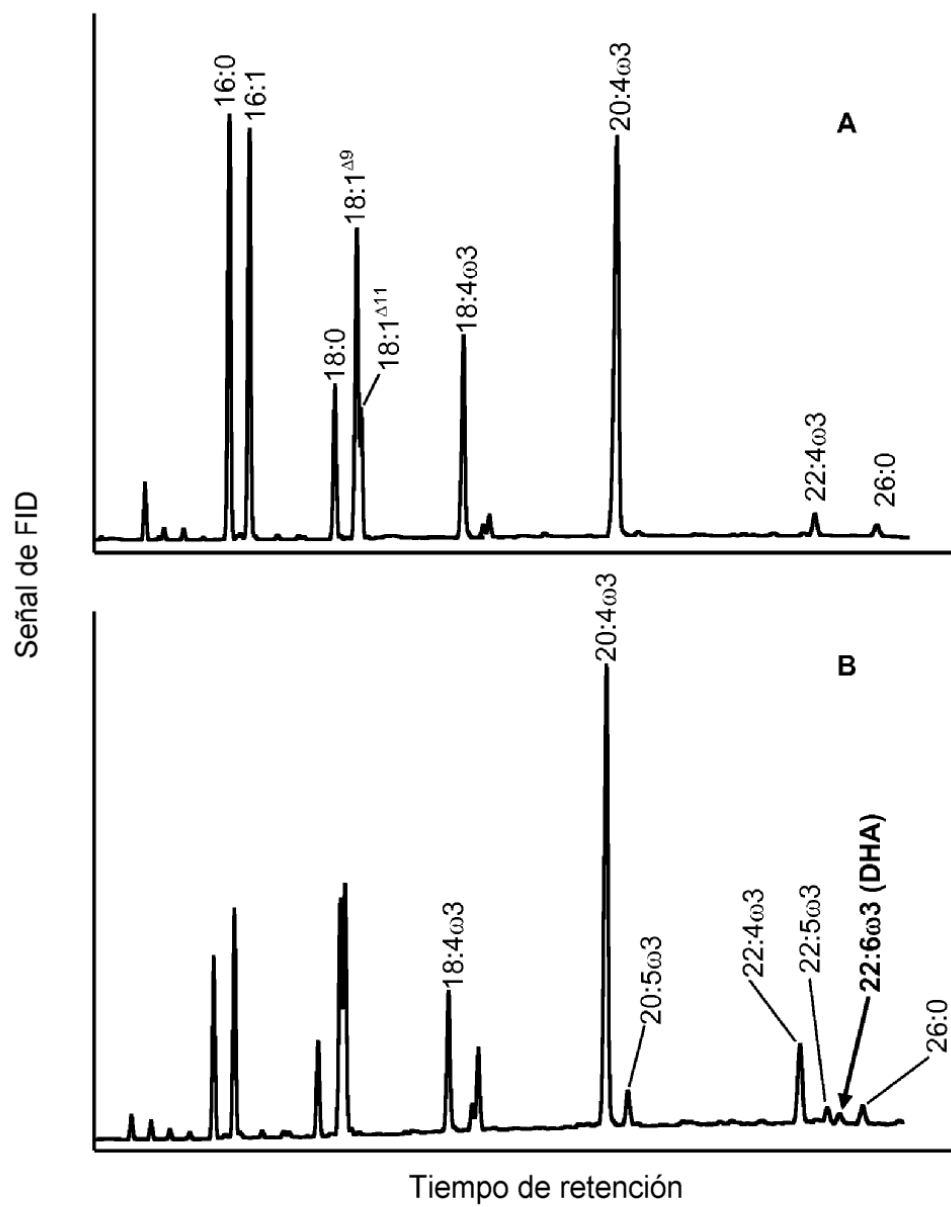
Figura 4: Reconstitución de la biosíntesis de DHA en levadura a partir de 18:4 ω 3

Figura 5: Composición de ácidos grasos (en % en moles) de levaduras transgénicas que se transformaron con los vectores pYes3-OmELO3/pYes2-EgD4 o pYes3-OmELO3/pYes2-EgD4+pESCLeu-PtD5. Las células de levadura se cultivaron en medio mínimo sin triptófano y uracilo / y leucina en presencia de 20:5^{Δ5,8,11,14,17} o 18:4^{Δ6,9,12,15} 250 μM. Los ésteres metílicos de ácidos grasos se obtuvieron a partir de sedimentos celulares mediante metanólisis ácida y se analizaron mediante GLC. Cada valor describe el valor medio (n=4) ± desviación estándar

Ácidos grasos	pYes3-OmELO/pYes2-EgD4	pYes3-OmELO/pYes2-EgD4 + pESCLeu-PtD5
	Alimentación con 20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	Alimentación con 18:4 ^{Δ6,9,12,15}
16:0	9,35 ± 1,61	7,35 ± 1,37
16:1 ^{Δ9}	14,70 ± 2,72	10,02 ± 1,81
18:0	5,11 ± 1,09	4,27 ± 1,21
18:1 ^{Δ9}	19,49 ± 3,01	10,81 ± 1,95
18:1^{Δ11}	18,93 ± 2,71	11,61 ± 1,48
18:4^{Δ6,9,12,15}	-	7,79 ± 1,29
20:1 ^{Δ11}	3,24 ± 0,41	1,56 ± 0,23
20:1 ^{Δ13}	11,13 ± 2,07	4,40 ± 0,78
20:4 ^{Δ8,11,14,17}	-	30,05 ± 3,16
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	6,91 ± 1,10	3,72 ± 0,59
22:4 ^{Δ10,13,16,17}	-	5,71 ± 1,30
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	8,77 ± 1,32	1,10 ± 0,27
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	2,73 ± 0,39	0,58 ± 0,10

Figura 6: Experimento de alimentación para la determinación de la funcionalidad y especificidad por sustrato con cepas de levadura

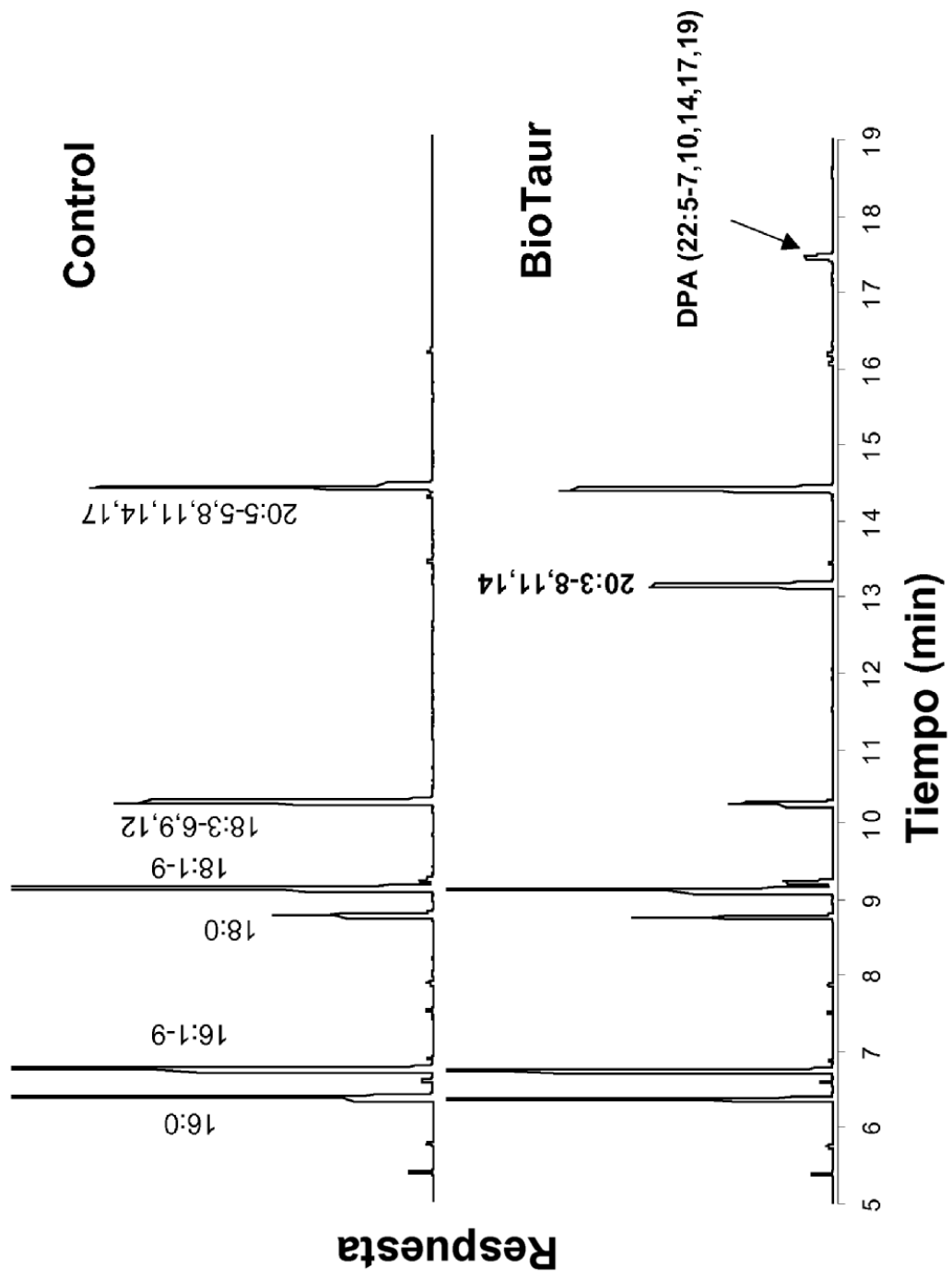


Figura 7: Alargamiento del ácido eicosapentaenoico mediante OtEIo1

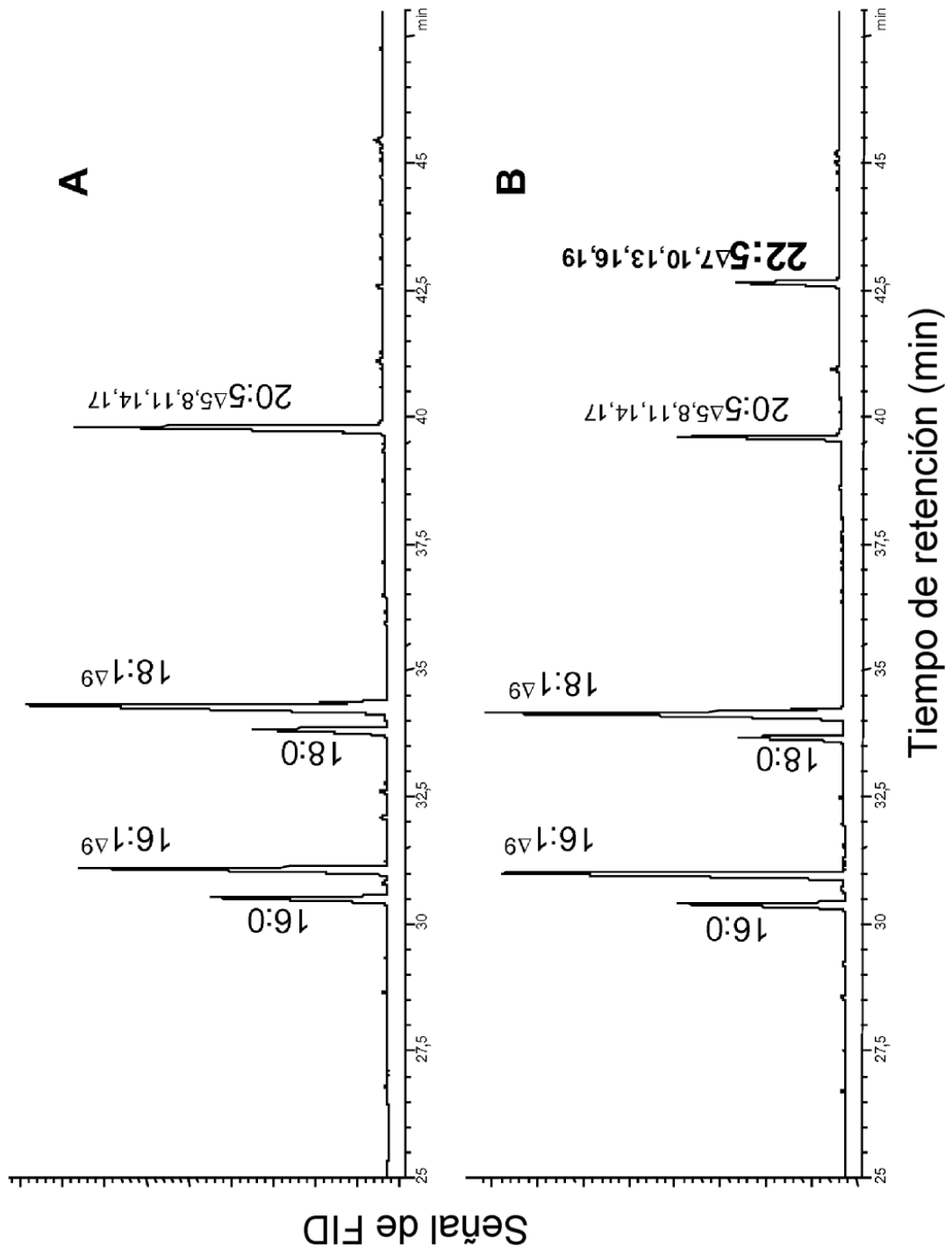


Figura 8: Alargamiento del ácido araquidónico mediante OteIol1

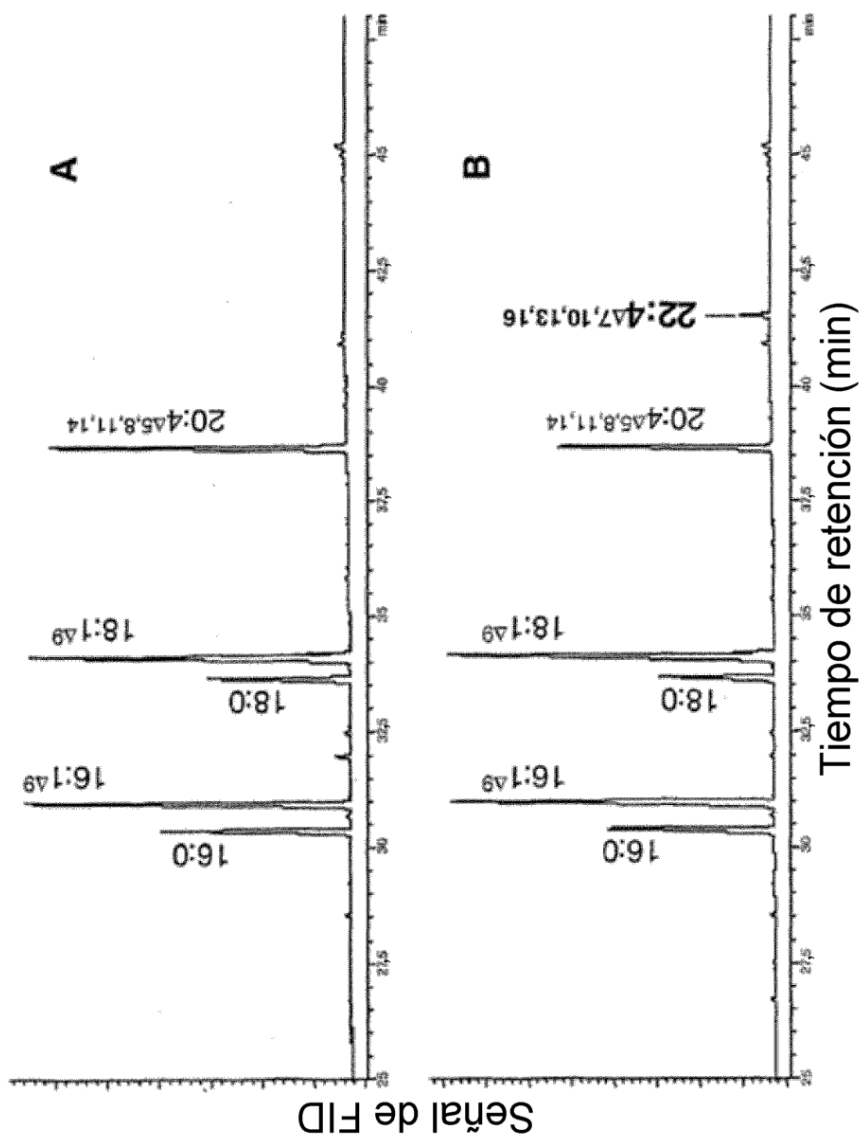


Figura 9: Expresión de TpELO1 en levadura

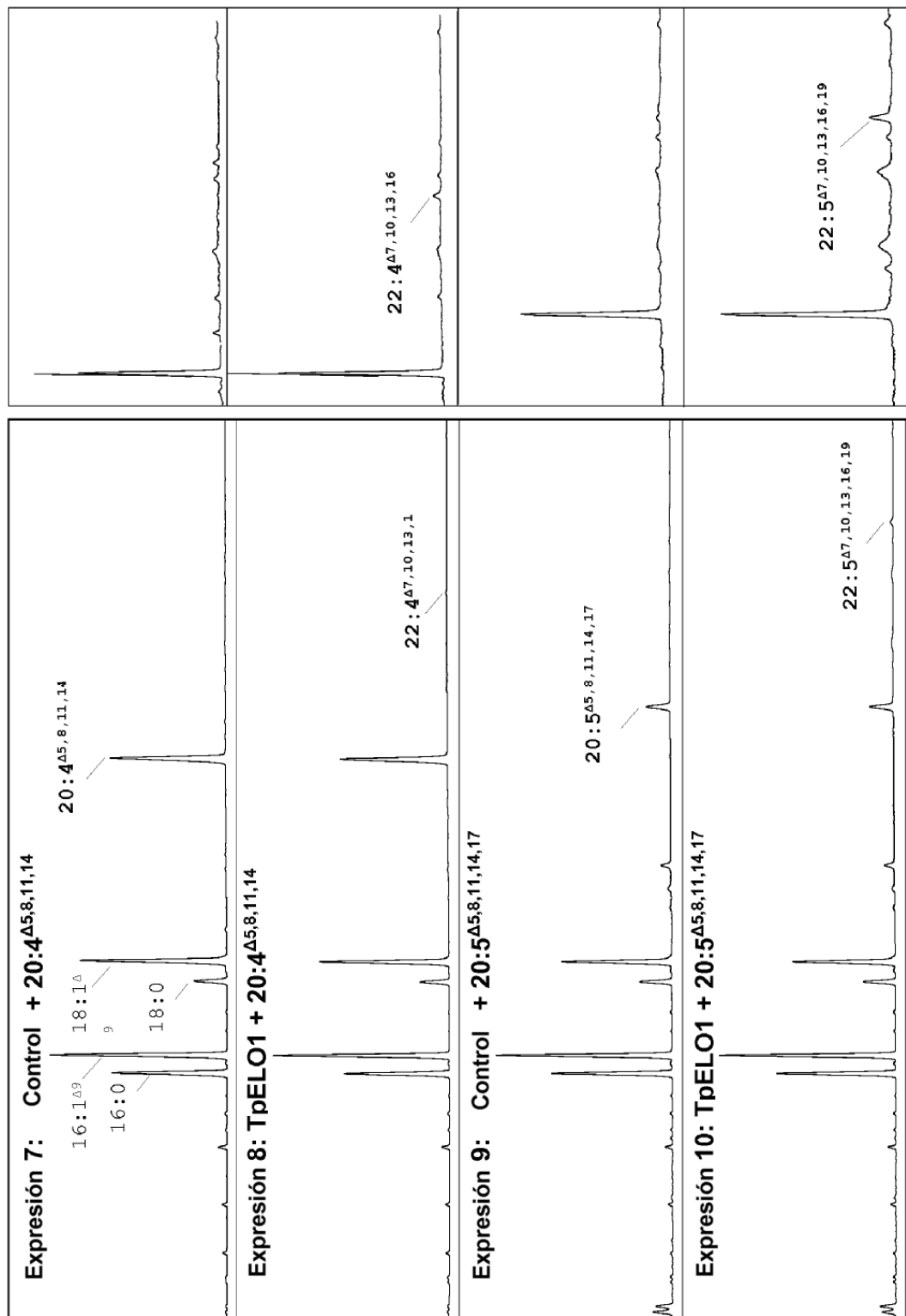


Figura 10: expresión de TpELO3 en levadura

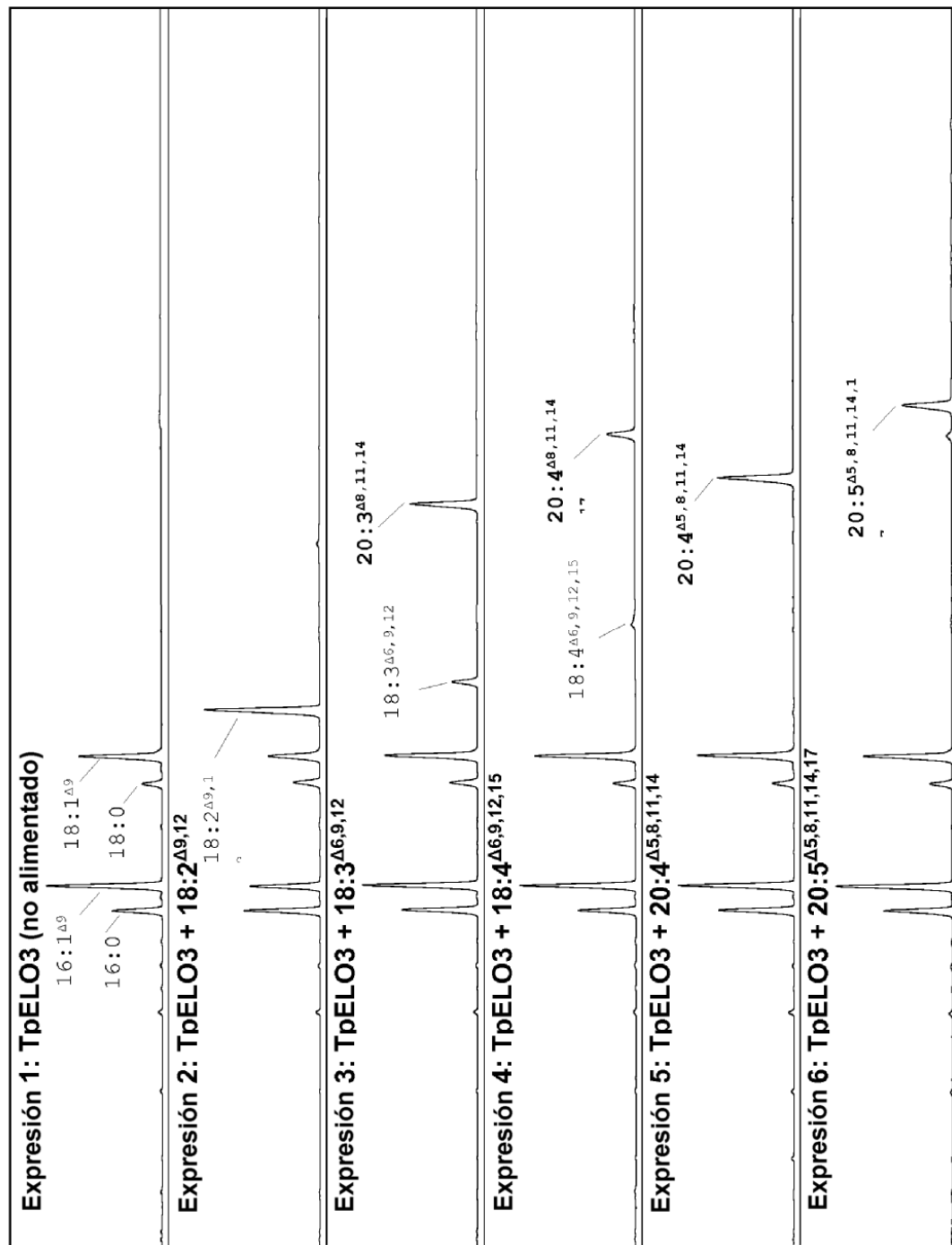


Figura 11: Expresión de $\Delta 5$ -elongasa de *Thraustochytrium* TL16/pYES2.1 en levadura

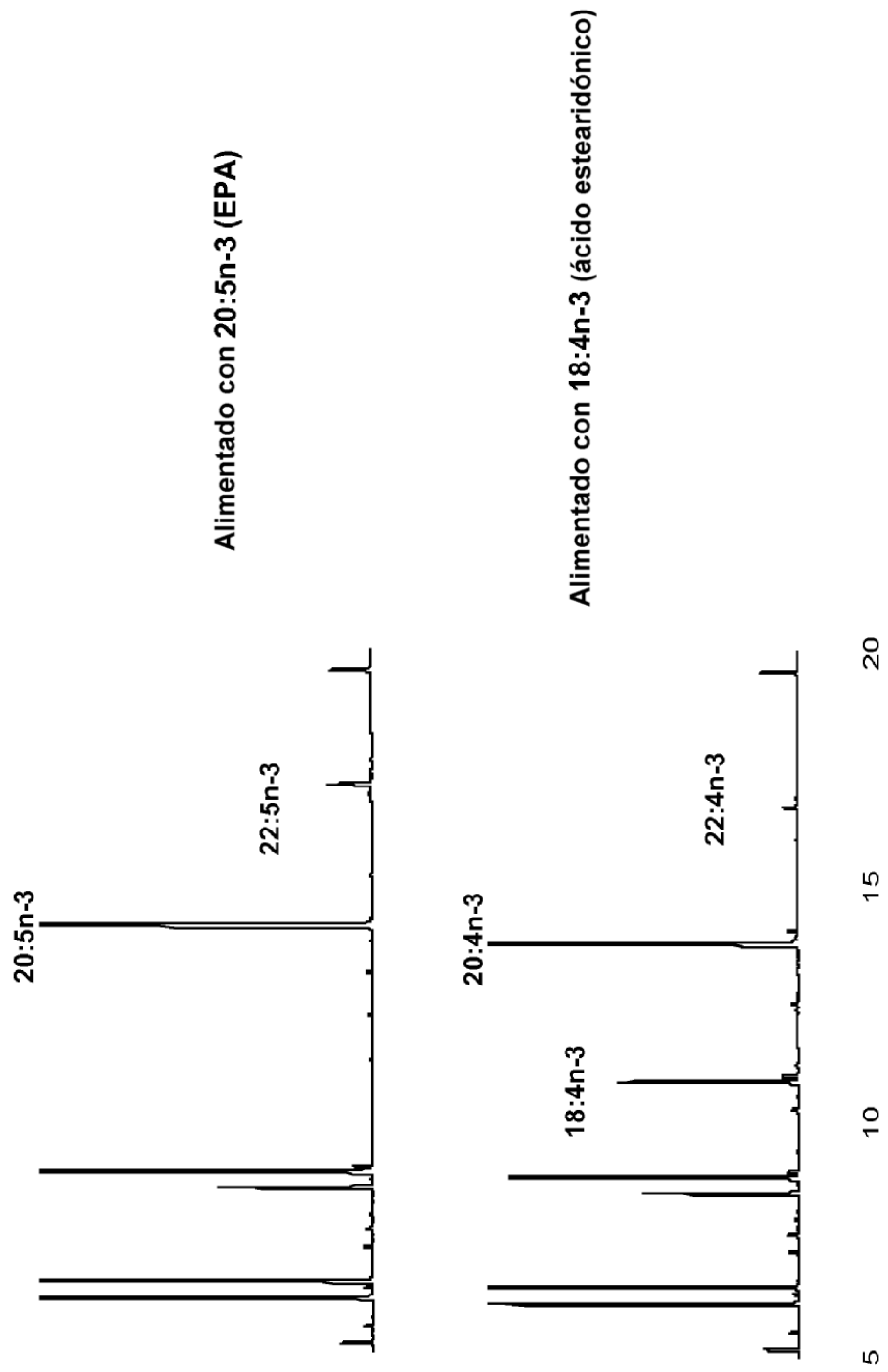


Figura 12: Desaturación de ácido linoleico (ácido graso ω -6 18:2) a ácido α -linolénico (ácido graso ω -3 18:3) mediante Pi-omega3Des

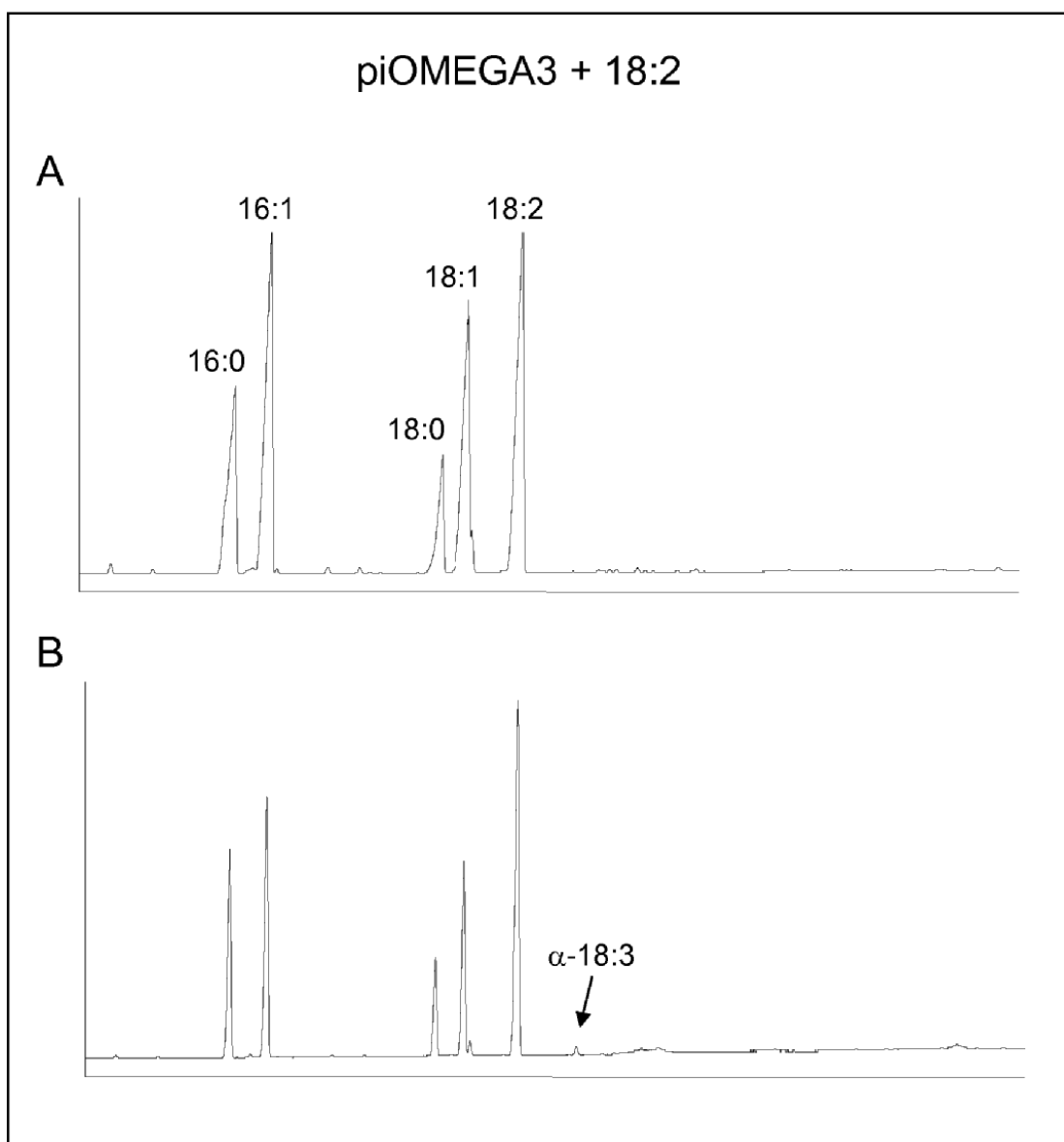


Figura 13: Desaturación de ácido γ -linolénico (ácido graso ω -6 18:3) a ácido estearidónico (ácido graso ω -3 18:4) mediante Pi-omega3Des

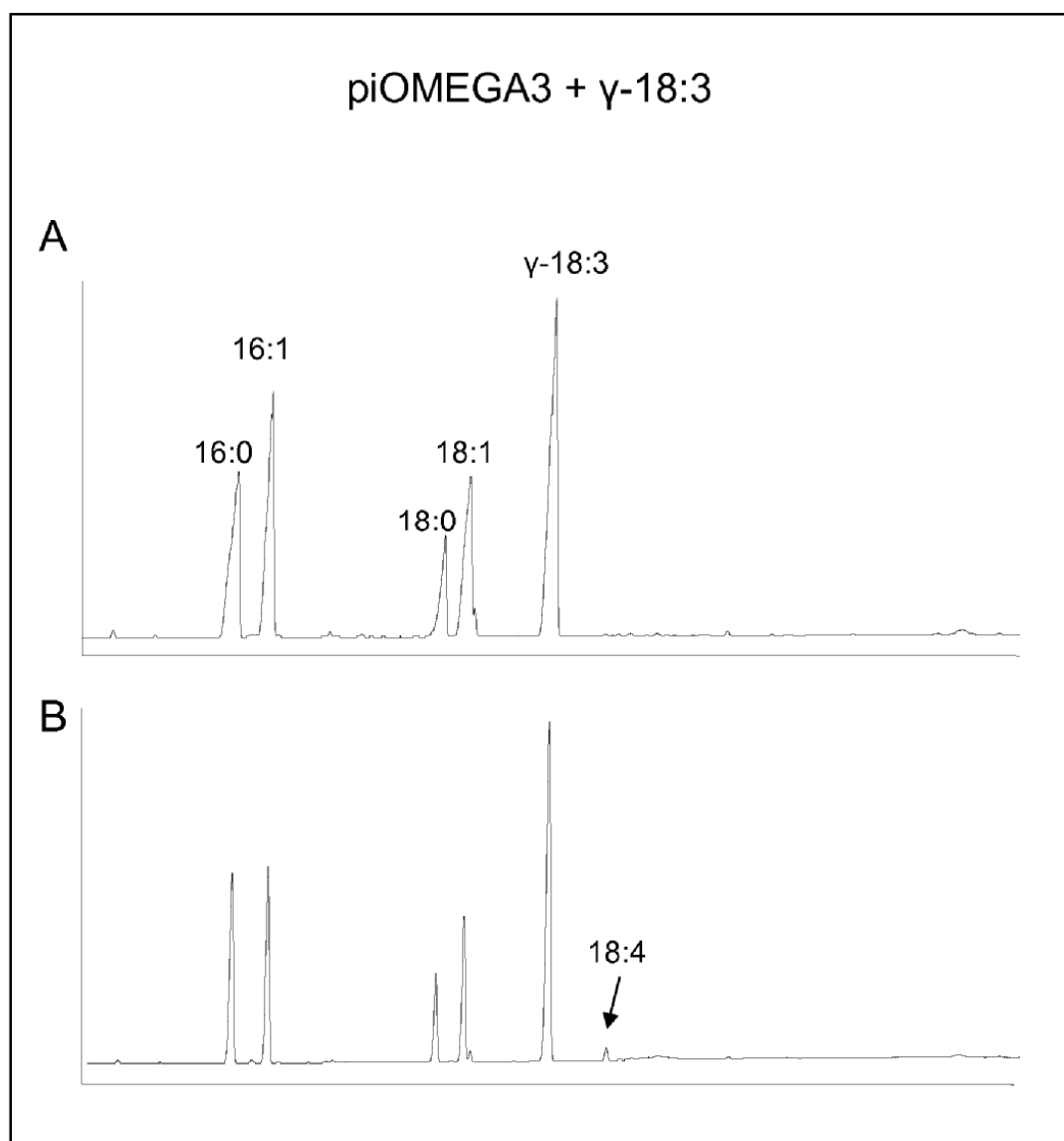


Figura 14: Desaturación de ácido graso ω -6 C20:2 a ácido graso ω -3 C20:3 mediante Pi-omega3Des

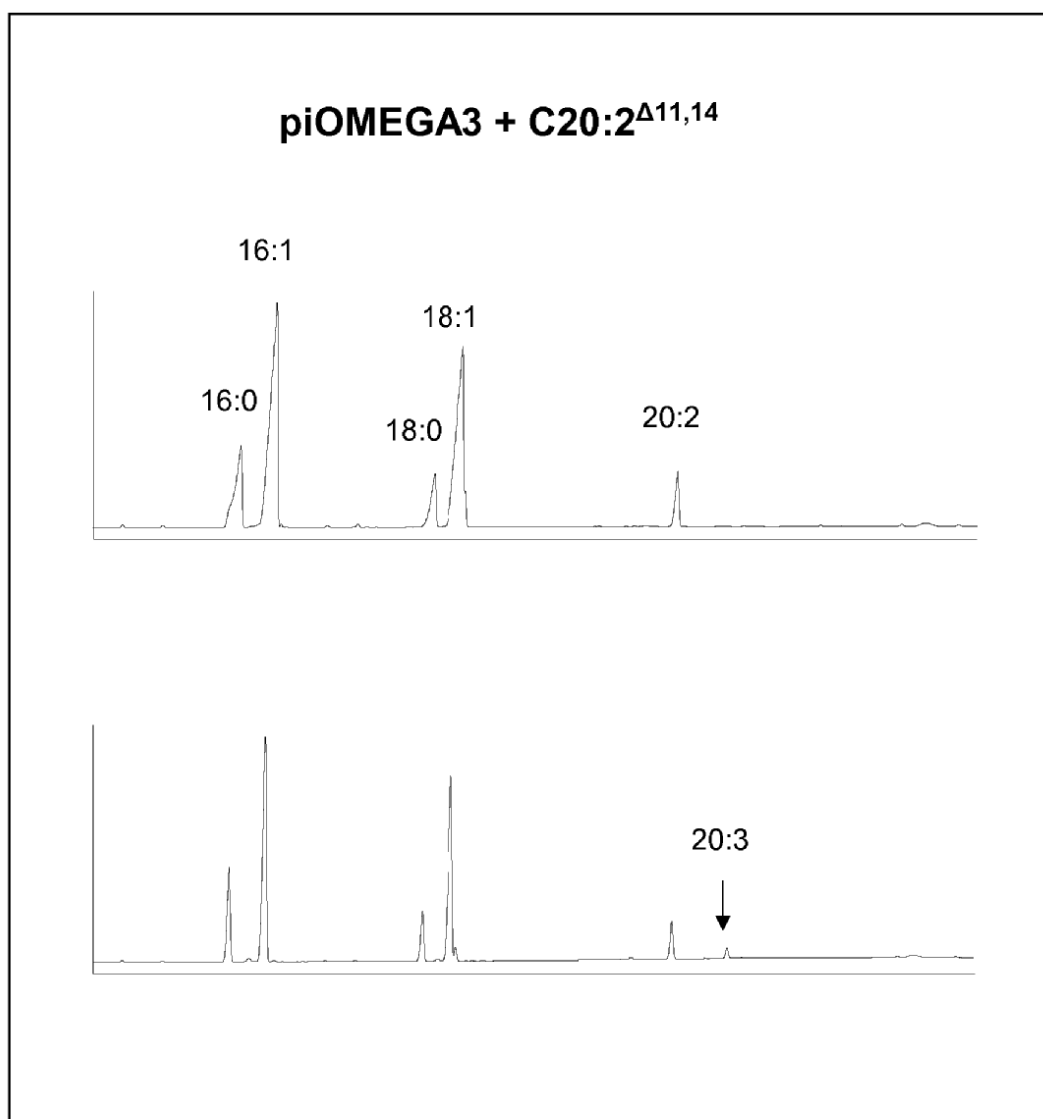


Figura 15: Desaturación de ácido graso ω -6 C20:3 a ácido graso ω -3 C20:4 mediante Pi-omega3Des

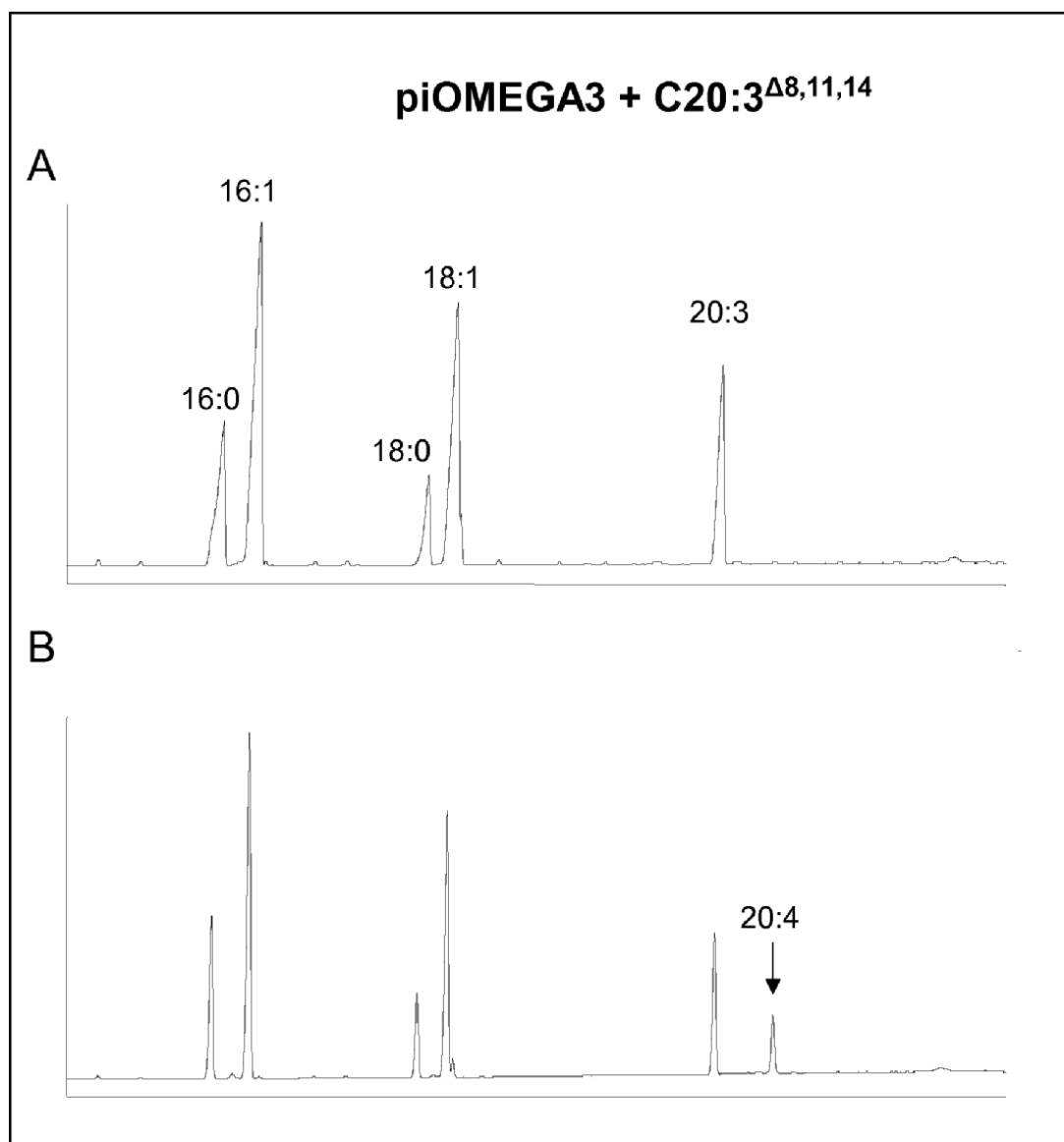


Figura 16: Desaturación de ácido araquidónico (ácido graso ω -6 C20:4) a ácido eicosapentaenoico (ácido graso ω -3 C20:5) mediante Pi-omega3Des

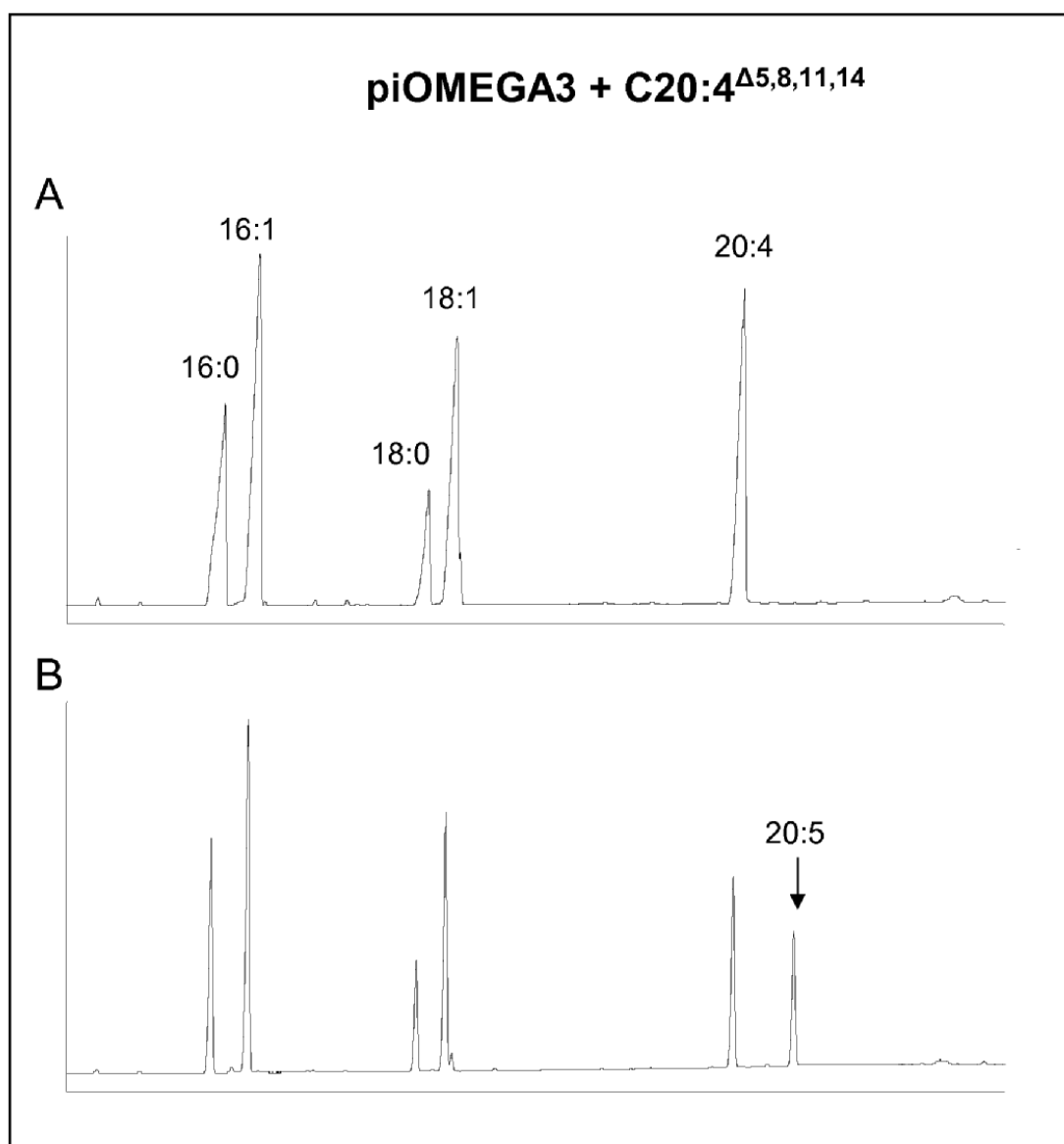


Figura 17: Desaturación de ácido docosatetraenoico (ácido graso ω 6 C22:4) a ácido docosapentaenoico (ácido graso ω 3 C22:5) mediante Pi-omega3Des

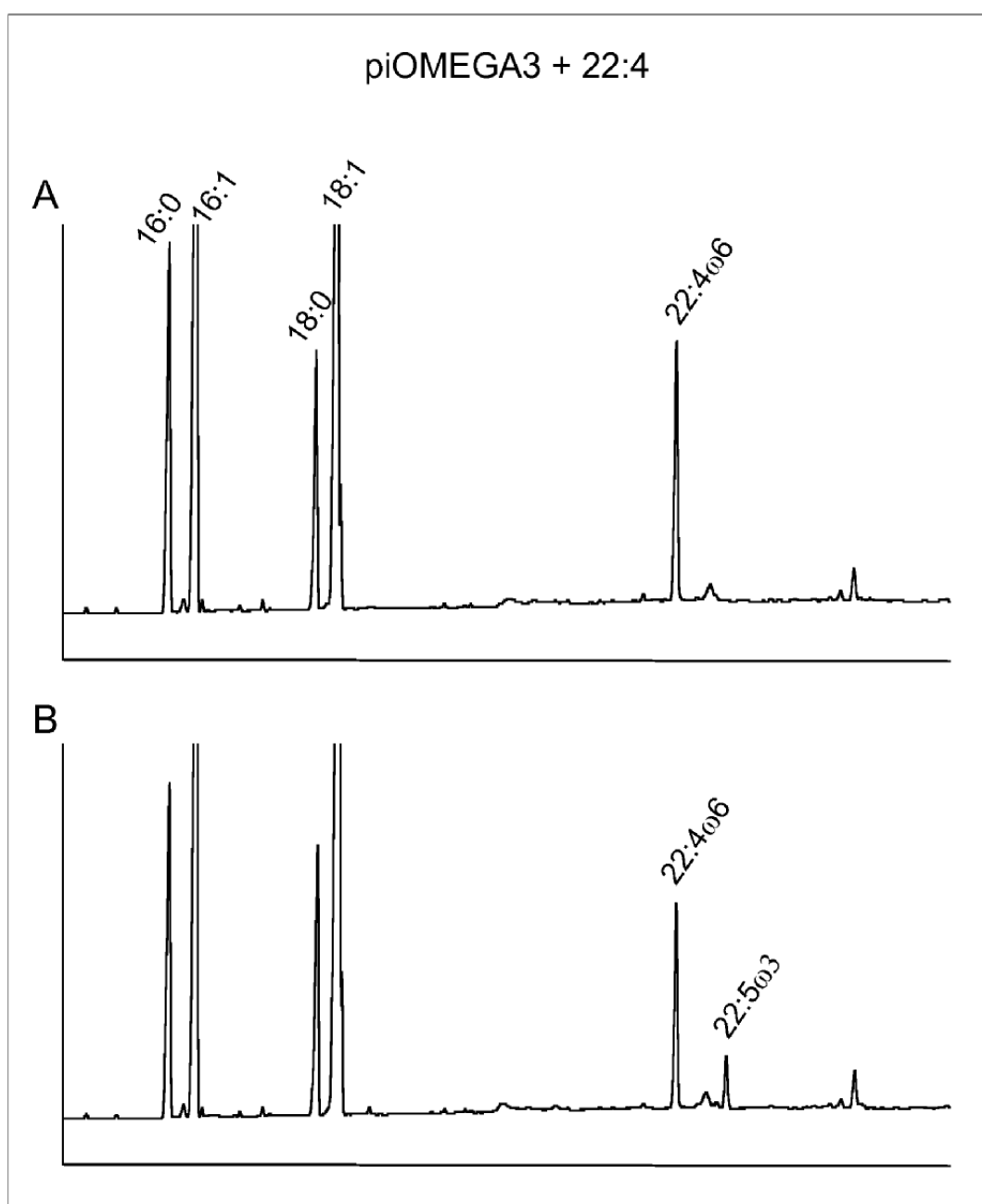


Figura 18: Especificidad por sustrato de Pi-omega3Des frente a distintos ácidos grasos.

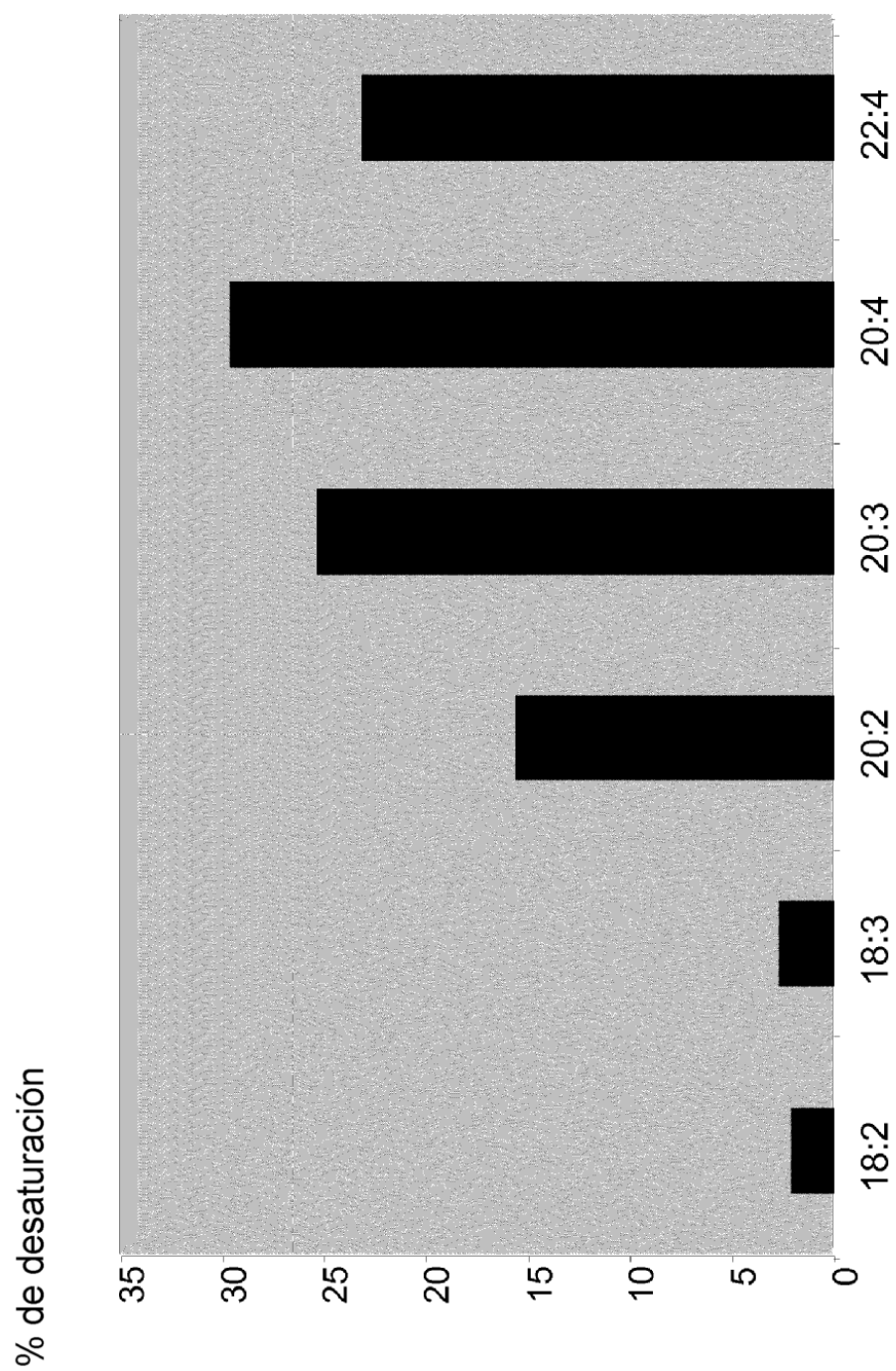


Figura 19: Desaturación de ácido araquidónico unido a fosfolípido a EPA mediante Pi-omega3Des

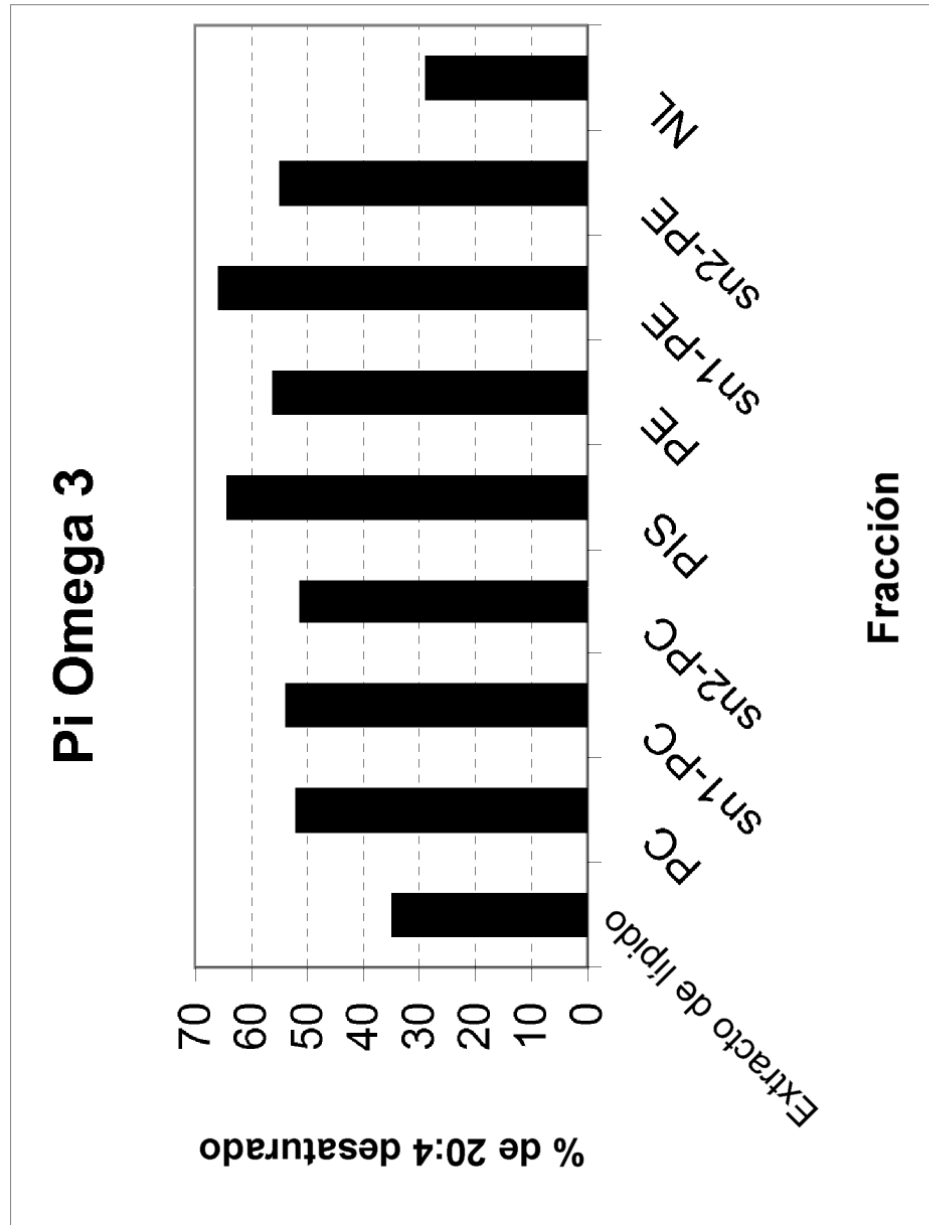


Figura 20: Conversión de ácido linoleico (flecha) a ácido γ -linolénico (γ -18:3) por Ot-Des6.1.

Absorción mUA

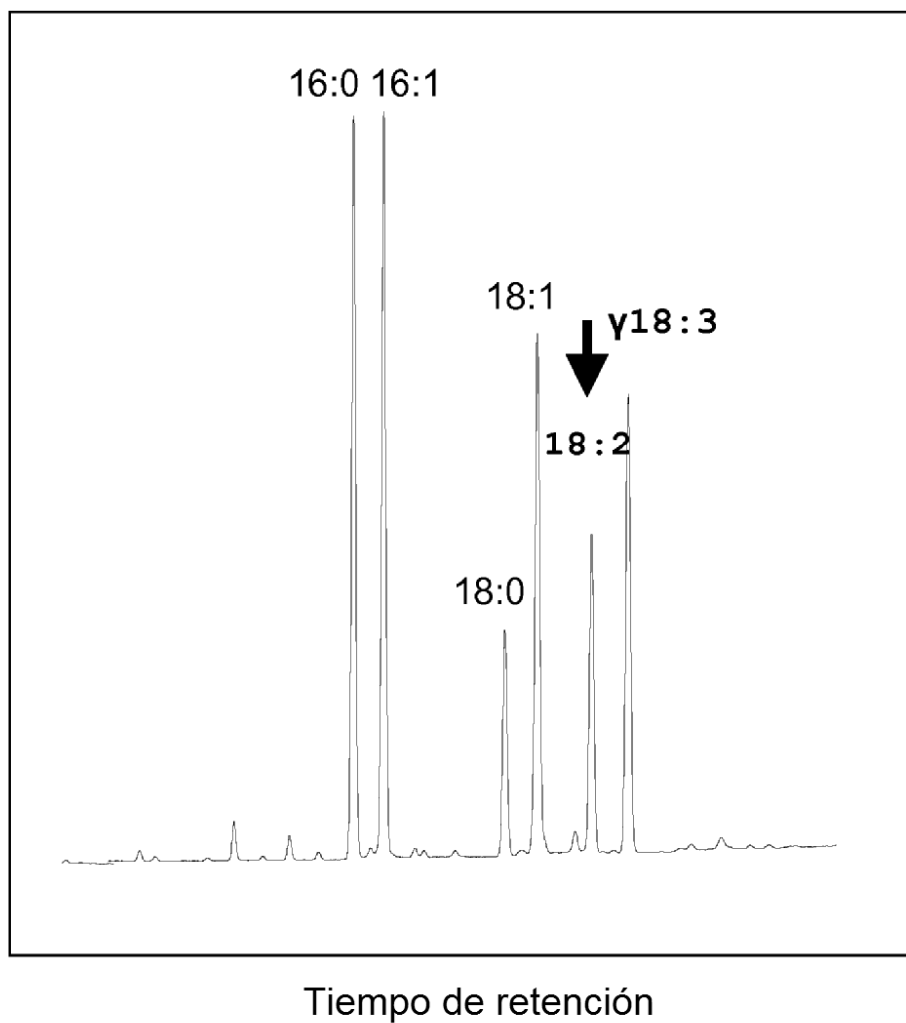


Figura 21: Conversión de ácido linoleico y ácido α -linolénico (A y C), así como reconstitución de la vía de síntesis de ARA y EPA en levadura (B y D) en presencia de OtD6.1.

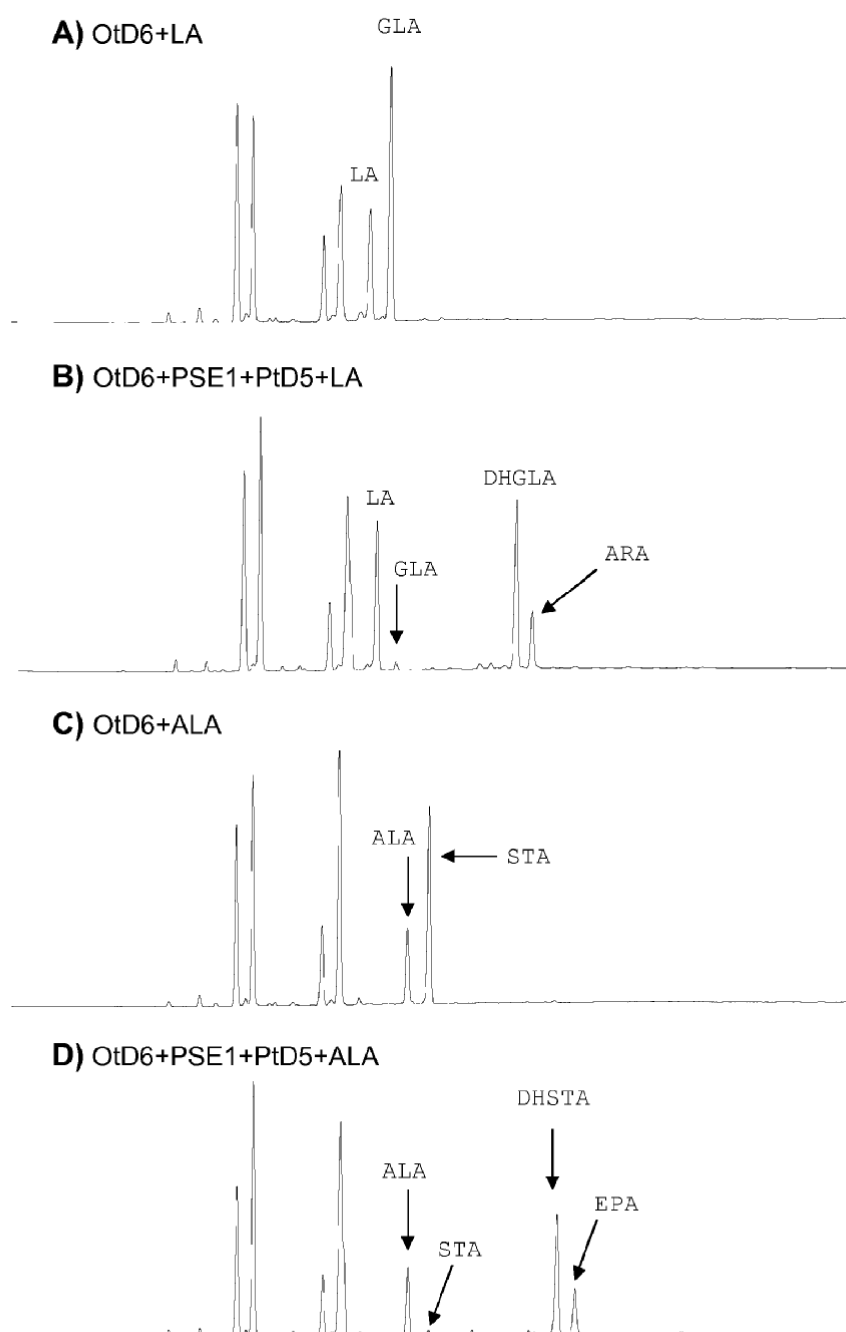


Figura 22: Expresión de ELO(XI) en levadura.

Absorción en mA

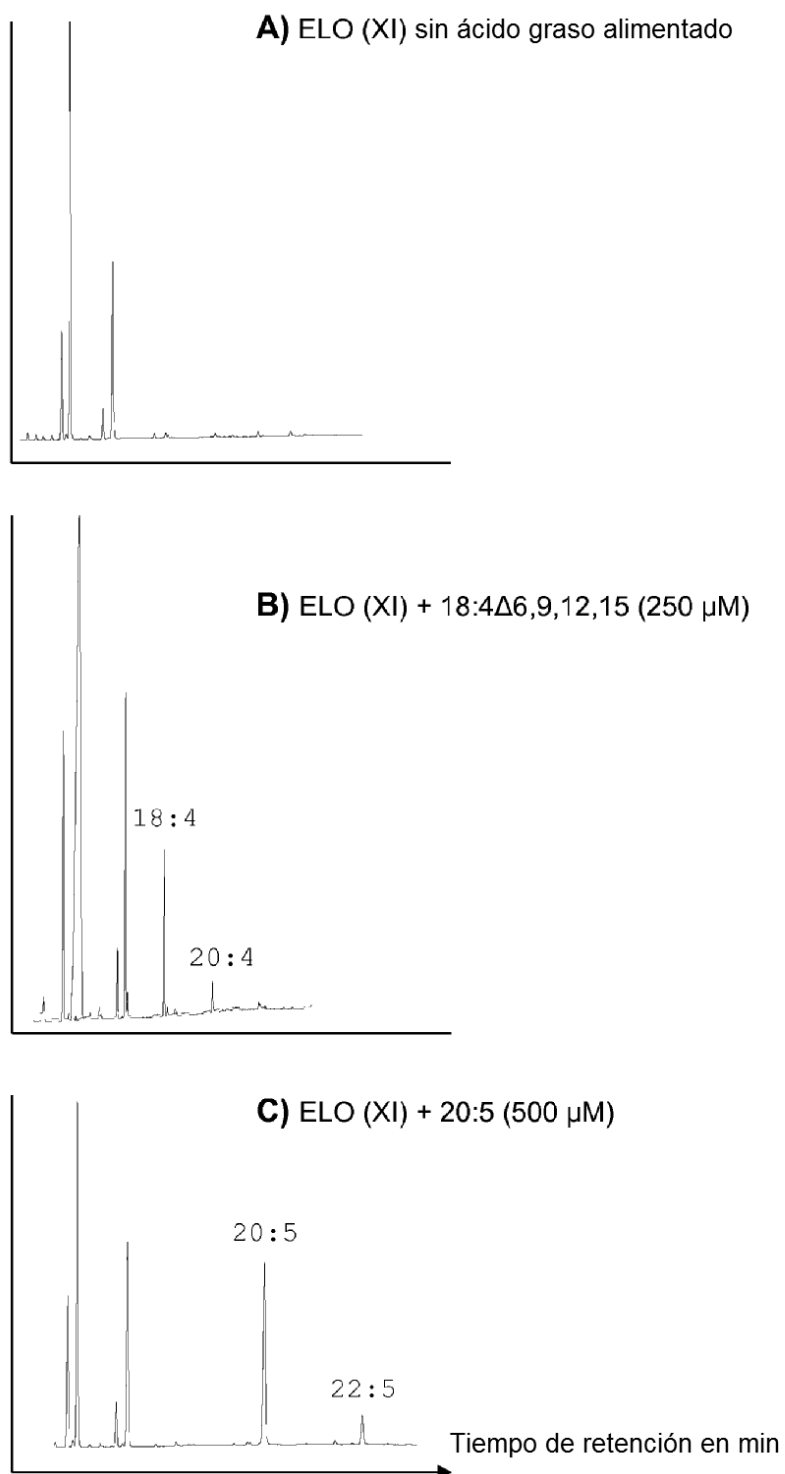


Figura 23:

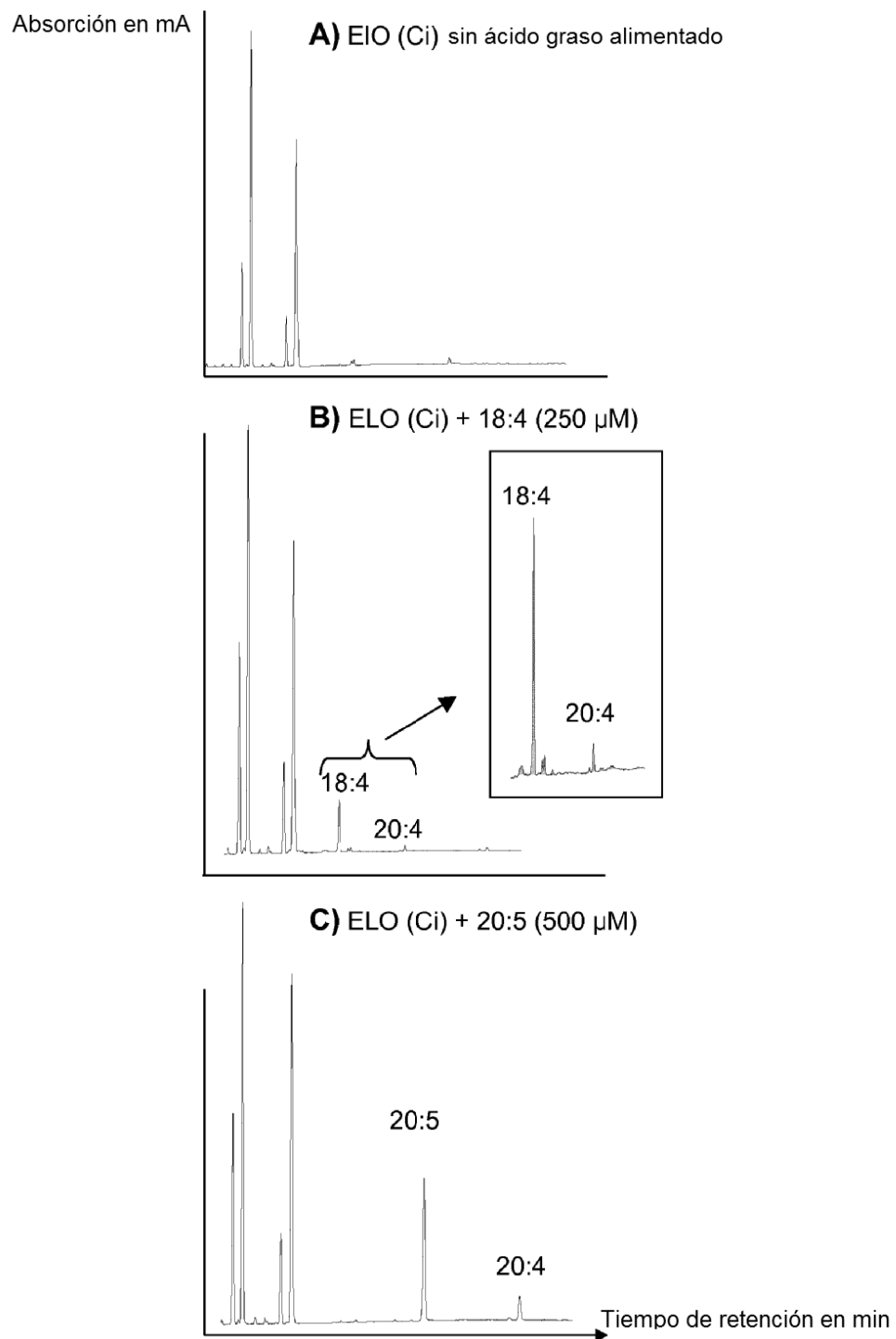


Figura 24: Alargamiento de ácido eicosapentaenoico mediante OtElo1 (B) o OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto del alargamiento (22:5 ω 3)

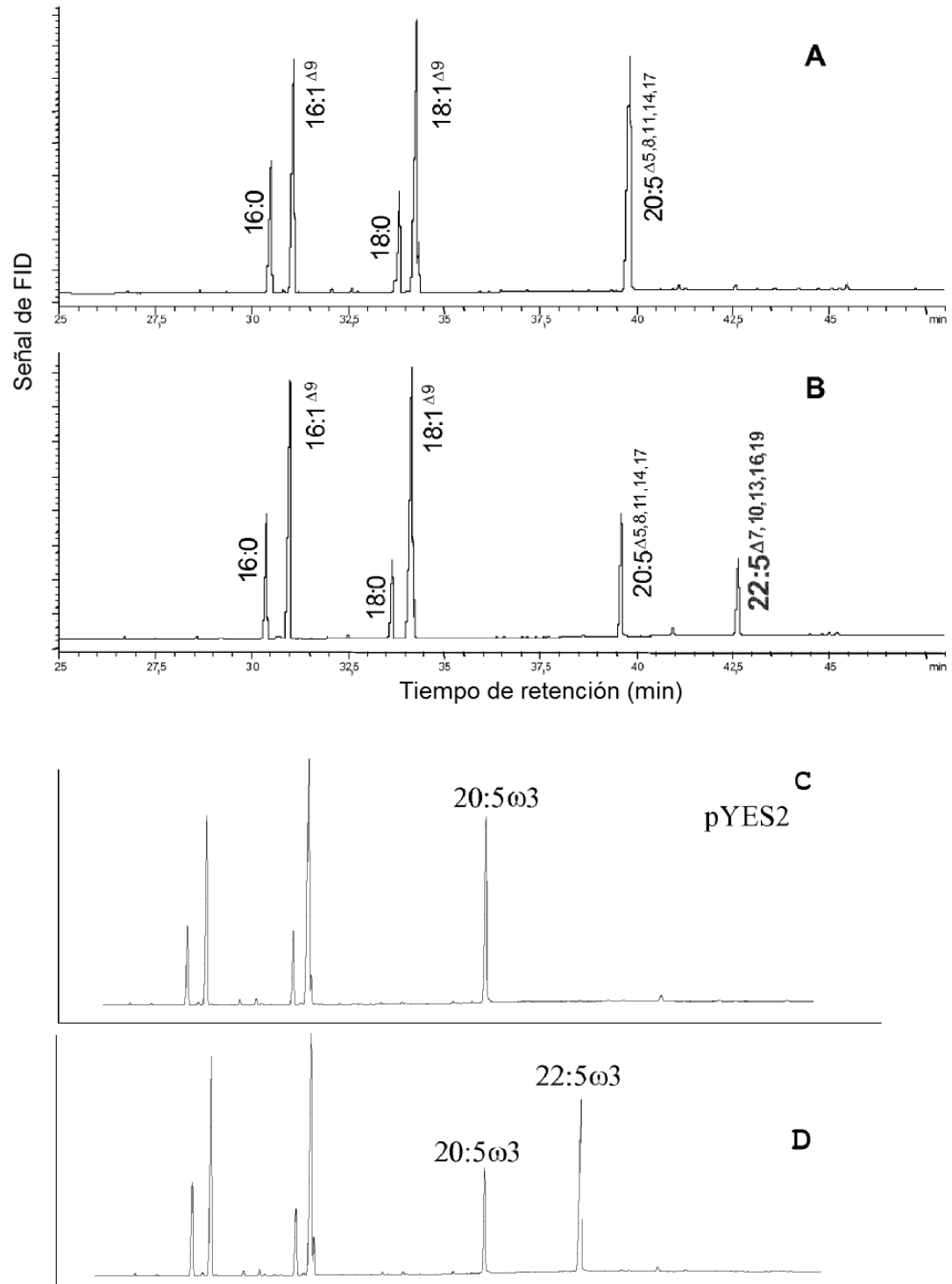


Figura 25: Alargamiento de ácido araquidónico mediante OtElo1 (B) o OtElo1.2 (D). Los controles (A, C) no muestran el producto del alargamiento (22:4 ω 6)

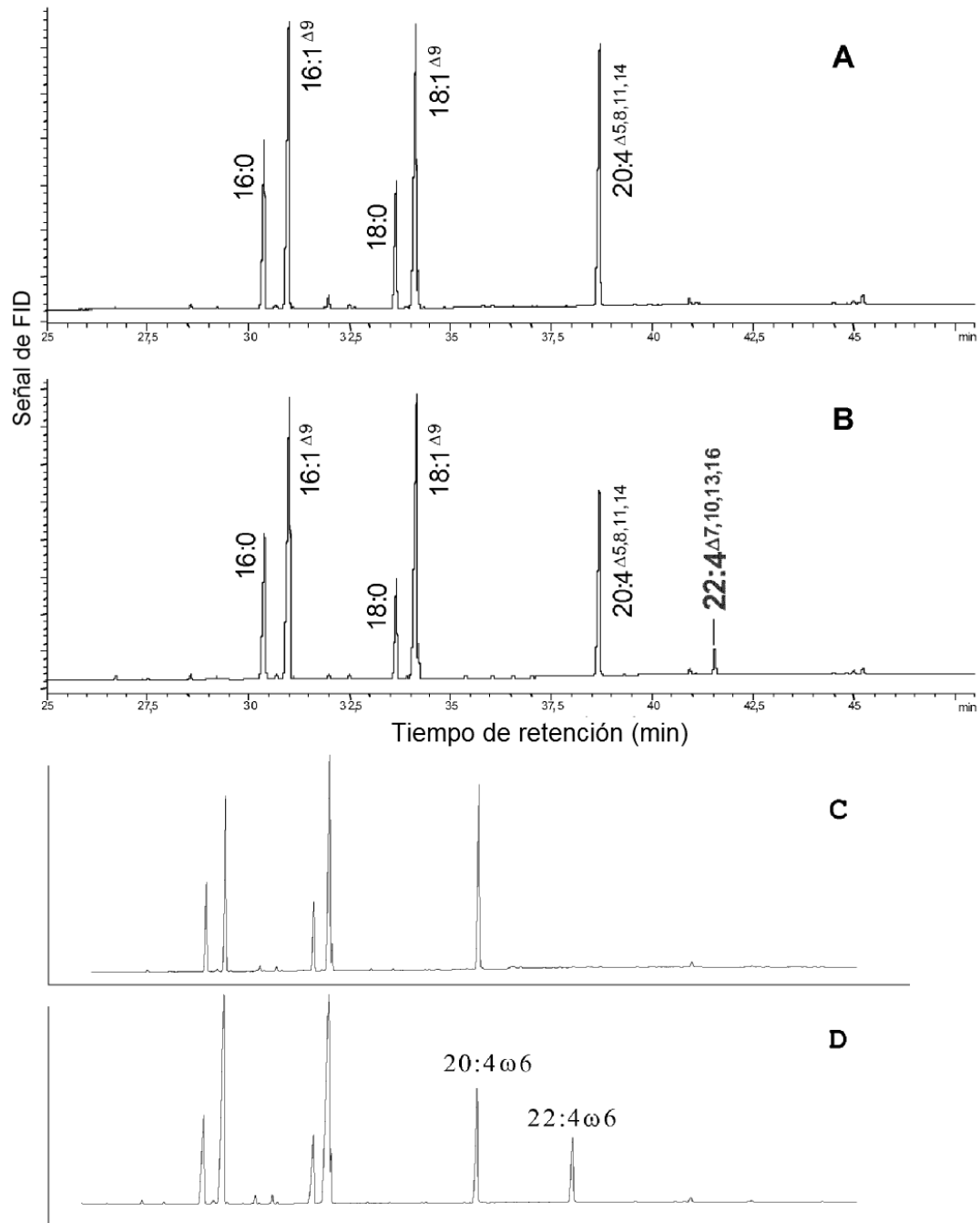


Figura 26: Alargamiento de 20:5n-3 mediante las elongasas At3g06470.

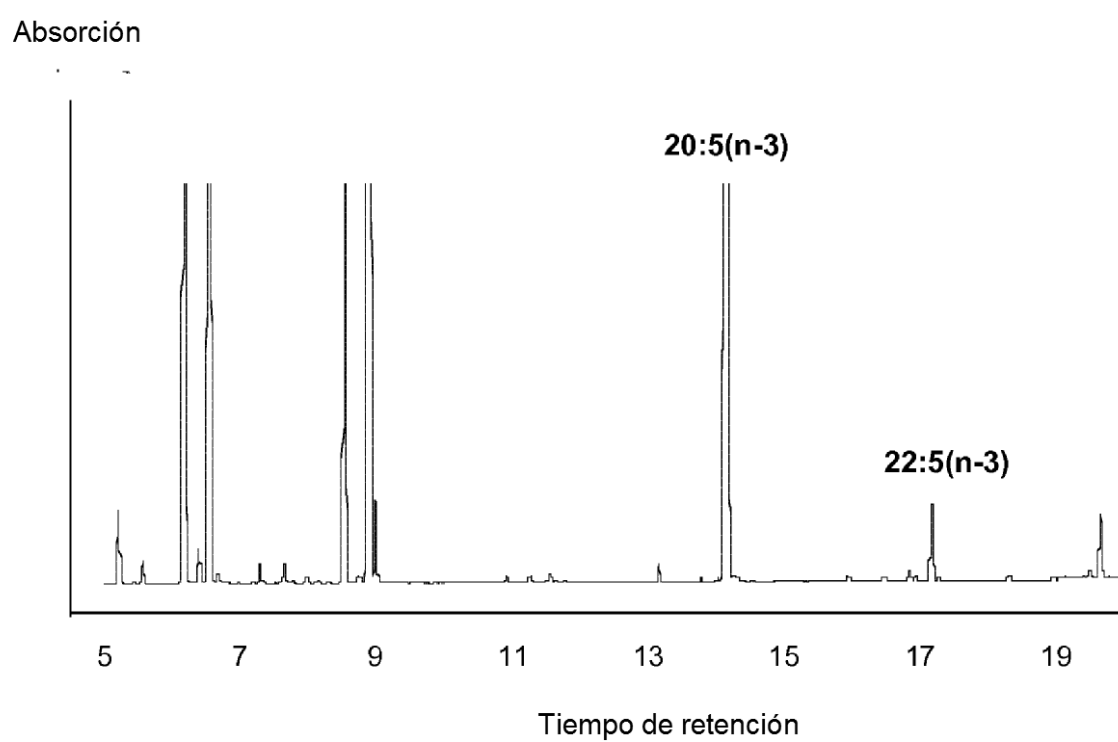


Figura 27: Especificidad por sustrato de elongasa de *Xenopus* (A), elongasa de Ciona (B) y elongasa de *Oncorhynchus* (C).

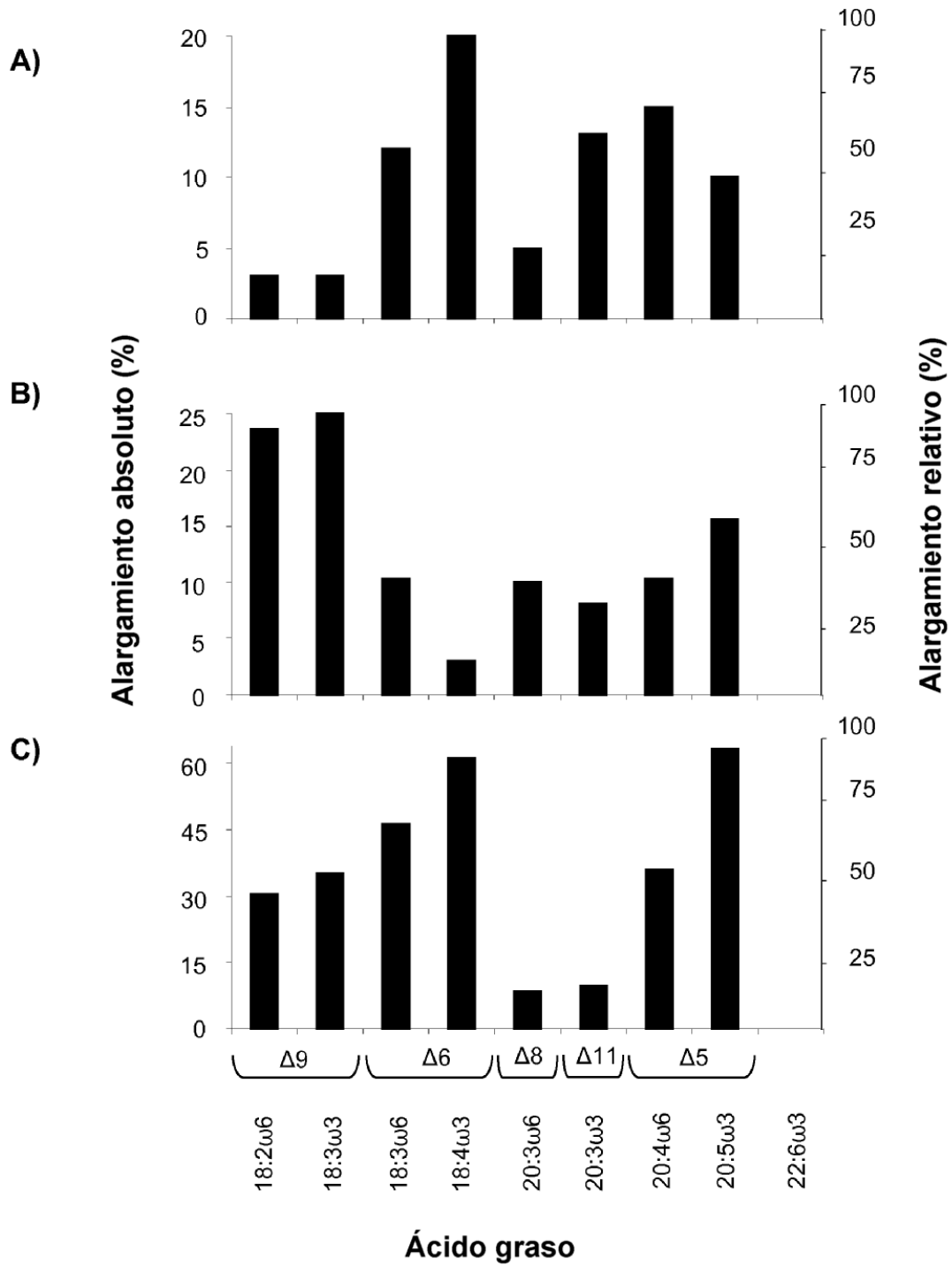


Figura 28: Especificidad por sustrato de $\Delta 5$ -elongasa de *Ostreococcus* (A), $\Delta 6$ -elongasa de *Ostreococcus* (B), $\Delta 5$ -elongasa de *Thalassiosira* (C) y $\Delta 6$ -elongasa de *Thalassiosira* (D)

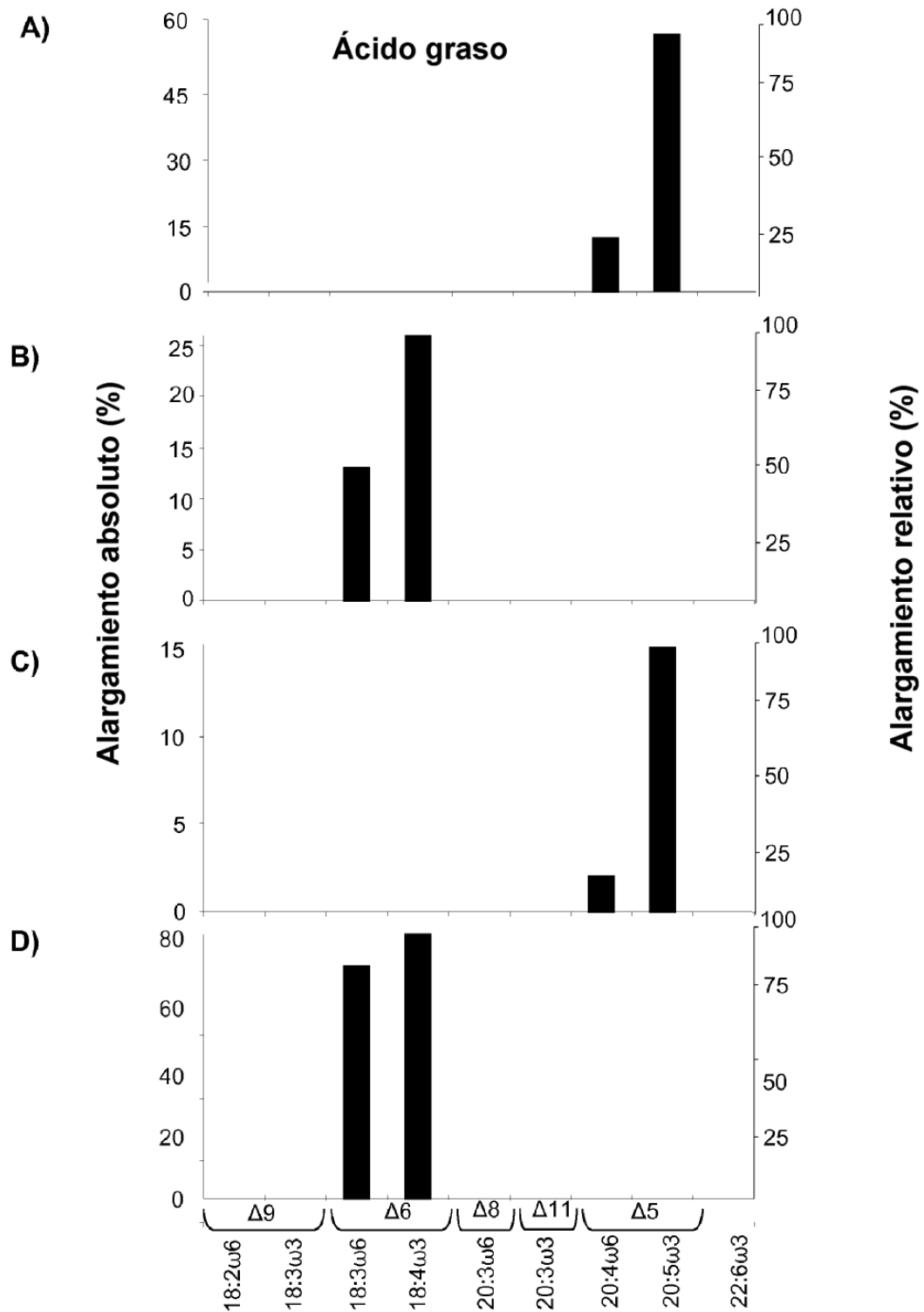


Figura 29: Expresión de $\Delta 6$ -elongasa de *Phaeodactylum tricornutum* (PtELO6) en levadura. A) muestra el alargamiento del ácido graso C18:3 $^{\Delta 6,9,12}$ y B) el alargamiento del ácido graso C18:4 $^{\Delta 6,9,12,15}$

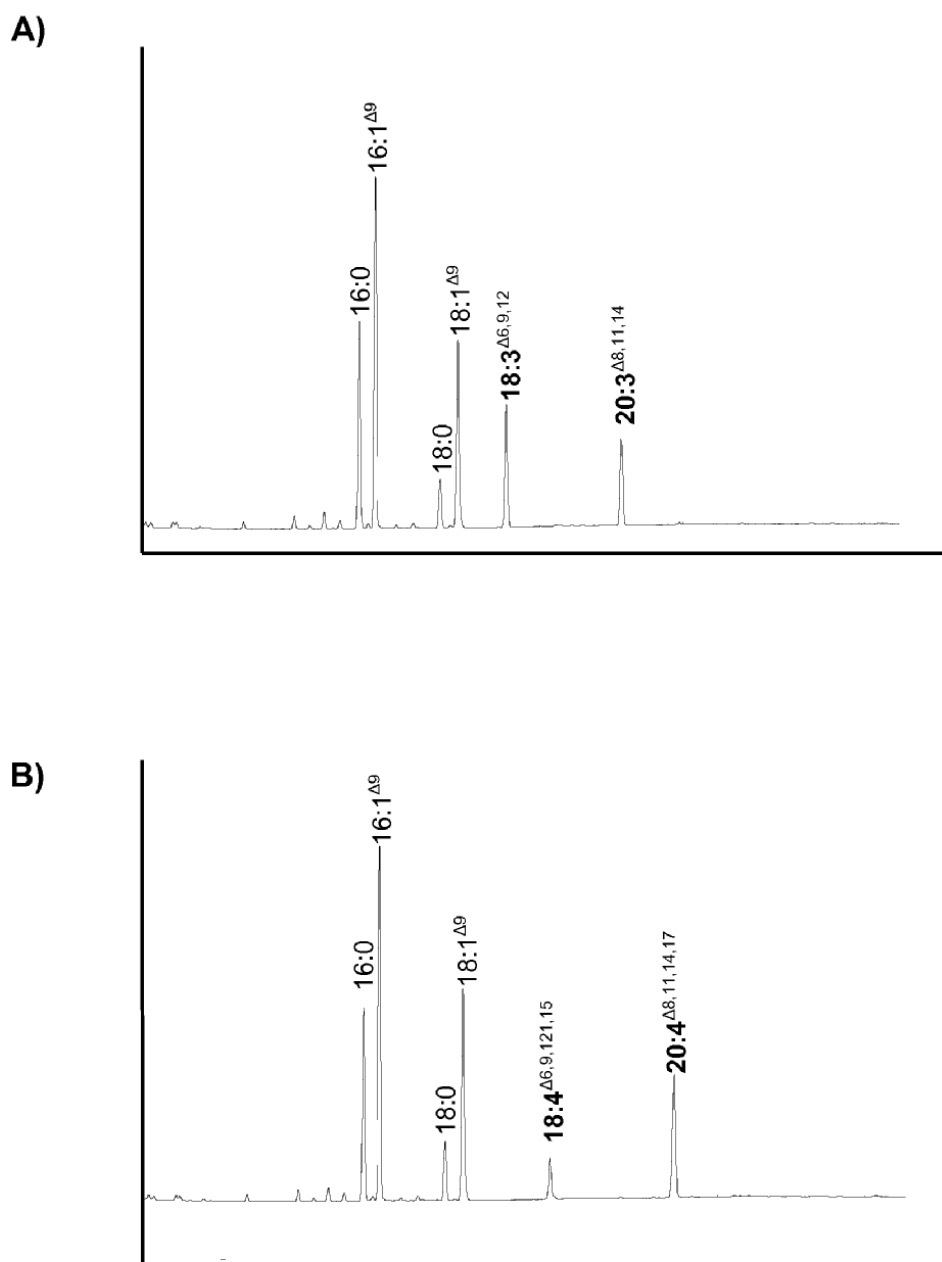


Figura 30: La Figura 30 muestra la especificidad por sustrato de PtELO6 en relación con los sustratos alimentados.

