



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

(21) **PI0708009-3 A2**

(22) Data de Depósito: 30/01/2007
(43) Data da Publicação: 17/05/2011
(RPI 2106)



(51) *Int.Cl.:*
C12N 9/12

(54) Título: **TRANSFERASES DE FOSFOPANTETEÍNILA DAS BACTÉRIAS**

(30) Prioridade Unionista: 29/01/2007 US 11/668,354,
31/01/2006 US 60/763,644

(73) Titular(es): Monsanto Technology LLC

(72) Inventor(es): Henry Valentin, Jiexin Peng, Steven Screen

(74) Procurador(es): Dannemann, Siemsen & Ipanema
Moreira

(86) Pedido Internacional: PCT US2007061314 de 30/01/2007

(87) Publicação Internacional: WO 2007/090121 de 09/08/2007

(57) Resumo: TRANSFERASES DE FOSFOPANTETEÍNILA DAS BACTÉRIAS. A invenção refere-se em geral a transferases de fosfopanteteínila que são necessárias para a ativação de um complexo de sintase de pau-cetídeo para sintetizar ácidos graxos poli-insaturados de cadeia longa (LO-PUFAs) tais como ácido docosaexaenóico e ácido eicosapentaenóico. Em particular, a invenção refere-se a transferases de fosfopanteteínila bacteriana, a constructos de DNA para sua expressão em células hospedeiras, e a sementes, óleo e farinha grossa quando as células hospedeiras compreendem uma planta. Também provido é um método para a produção de um óleo de planta contendo ácido docosaexaenóico e/ou ácido eicosapentaenóico.

Relatório Descritivo da Patente de Invenção para "TRANSFERASES DE FOSFOPANTETEÍNILA DAS BACTÉRIAS".

Antecedentes da Invenção

5 Esse pedido reivindica a prioridade do pedido de patente provisório dos Estados Unidos 60/763,644, depositado em 31 de janeiro de 2006, e pedido de patente dos Estados Unidos nº 11/668.354, depositado em 29 de janeiro de 2007, cujas descrições são incorporadas aqui por referência em sua totalidade.

Campo da Invenção

10 A presente invenção refere-se a transferases de fosfopanteteínila que estão envolvidas na ativação de sintase de policetídeo para sintetizar ácidos graxos poliinsaturados de cadeia longa (tais como ácido docosaenóico e ácido eicosapentaenóico).

Descrição da Técnica Relacionada

15 Os produtos primário de biossíntese de ácido graxo na maioria dos organismos são compostos de 16 e 18 carbonos. A razão relativa de comprimentos de cadeia e grau de insaturação desses ácidos graxos podem amplamente variar entre as espécies. Mamíferos, por exemplo, produzem ácidos graxos principalmente saturados e monoinsaturados, enquanto a
20 maioria das plantas superiores, produzem ácido graxos com uma, duas, ou três ligações duplas, as últimas duas compreendendo ácidos graxos poliinsaturados (PUFA's). PUFAs de cadeia muito longa tais ácido docosaenóico (DHA, 22:6) e ácido eicopentaenóico (EPA, 20:5) foram relatados a partir de várias espécies de bactérias marinhas, incluindo Moritella (Vibrio)
25 marinha e Shewanella sp. (a patente U.S. nº 6.140.486) e a partir de algas marinhas tais como Schizochytrium sp. e Thraustochytrium sp. (a publicação de patente U.S. 20040235127).

30 Duas famílias principais de PUFAs são os ácido graxos omêga-3 (também representados como ácido graxos "n-3"), exemplificadas por ácido docosaenóico e os ácido graxos omêga-6 (também representados como ácido graxos "n-6"), exemplificados por ácido araquidônico (ARA, 20:4). PUFAs são componentes importantes da membrana do plasma da célula e de

tecido adiposo, onde eles podem ser encontrados em fosfolipídios e triglicerídeos, respectivamente. PUFA são necessários para desenvolvimento adequado em mamífero, particularmente no desenvolvimento do cérebro infantil, e para a formação e reparo de tecido.

5 Vários distúrbios respondem ao tratamento com PUFA. Suplementação com PUFA demonstrou reduzir a taxa de restenose depois da angioplastia. Os benefícios saudáveis de certos ácidos graxos ômega-3 de dieta para a doença cardiovascular e artrite reumatóide também foram bem documentados (Simopoulos, 1997; James e outros, 2000). Além disso, PU-
10 FAs foram sugeridos para o uso em tratamentos para asma e psoríase. Evidência indica que PUFA podem ser envolvidos em metabolismo de cálcio, sugerindo que PUFA podem ser úteis no tratamento ou na prevenção de osteoporose e de pedras do trato urinário ou rim.

 A maioria da evidência para benefícios saudáveis aplica às gor-
15 duras de ômega-3 de cadeia longa, EPA e DHA, que estão em peixe e óleo de peixe. Com essa base de evidência, autoridades e nutricionistas saudáveis no Canadá (Scientific Review Committee, 1990, Nutrition Recommendations, Minister of National Health and Welfare, Canadá, Ottawa), Europe (de
20 Decker e outros, 1998), o Reino Unido (The British Nutrition Foundation, 1992, Unsaturated fatty-acids - nutritional and physiological significance: The report of the British Nutrition Foundation's Task Force, Chapman and Hall, London), e nos Estados Unidos (Simopoulos e outros, 1999) foram recomendados consumo de dieta aumentado recomendado desses PUFA.

 PUFA de cadeia longa principal de importância incluem DHA e
25 EPA, que são principalmente encontrados em diferentes tipos de óleo de peixe, e ARA, encontrado em fungos filamentosos tal como *Mortierella*. Para DHA, numerosas fontes existem para produção comercial incluindo uma variedade de organismos marinhos, óleos obtidos a partir de peixe marinho de água fria, frações de gema de ovo. No entanto, há várias desvantagens as-
30 sociadas a produção comercial de PUFA a partir de fontes naturais. Fontes naturais de PUFA, tais como animais e fungos, tendem ter composições oleosas altamente heterogêneas. Os óleos obtidos a partir dessas fontes,

portanto, podem exigir purificação extensiva para separar um ou mais PUFAs desejados ou para produzir um óleo que é enriquecido em um ou mais PUFAs.

Fontes naturais de PUFAs também são submetidos a flutuações
5 incontroláveis na disponibilidade. Estoques de peixe podem sofrer variação natural ou podem ser esgotados por sobrepesca. Além disso, ainda com evidência devastadora de seus benefícios terapêuticos, recomendações de dieta em relação a ácidos graxos ômega-3 não são consideradas. Óleos de peixe têm gostos e odores desagradáveis, que podem ser impossíveis de
10 economicamente separar do produto desejado, e podem tornar tais produtos inaceitáveis como suplementos alimentícios. Óleos de animal, e particularmente óleos de peixe, podem acumular poluentes ambientais. Alimentos podem ser enriquecidos com óleos de peixe, mas novamente, tal enriquecimento é problemático por causa de custo e declínio de estoques de peixe
15 mundialmente. Esse problema é também um impedimento para consumo e ingestão de peixe inteiro. Apesar disso, se as mensagens saudáveis para aumentar ingestão de peixe foram abraçadas pelas comunidades, provavelmente seria um problema na satisfação de demanda para peixe. Além do mais, há problemas com sustentabilidade dessa indústria, que pesadamente
20 contam com estoques de peixe selvagem para alimento de aquacultura (Naylor e outros, 2000).

Outras limitações naturais favorecem uma nova abordagem para a produção de ácidos graxos ômega-3. Tempo e doença podem causar flutuação nos campos de peixe. Fermentação em grande escala de organismos
25 tal como *Mortierella* é oneroso. Tecidos de animal naturais contêm baixas quantidades de ARA e são difíceis de processar. Microorganismos tais como *Porphyridium* e *Mortierella* são difíceis de cultivar em uma escala comercial.

Numerosos microorganismos marinhos produzem PUFAs de cadeia muito longa tais como DHA e EPA por um mecanismo de sintase de
30 policetídeo (PKS). PKSs são complexos de enzima constituídos por polipeptídeos multifuncionais que catalisam a síntese de moléculas complexas a partir de substratos simples em uma forma iterativa. PKSs são bem-

conhecidas na técnica e exemplos numerosos de tais seqüências podem ser encontrados na literatura. Em *Moritella marina*, uma PKS sintetiza DHA a partir de malonil-CoA and acetil-CoA. Para ativar essa PKS, uma transferência de fosfopanteteína é exigida.

5 Transferases de fosfopanteteína (Ppts) catalisam a ativação pós-traducionais de proteínas de veículo, sintase de ácido graxo, sintase de policetídeo, e sintetases de polipeptídeo não ribossomal pela ligação covalente da porção de 4'-fosfopanteteína de coenzima A a um resíduo de serina conservada, uma reação exigida para a biossíntese de produtos naturais
10 incluindo ácidos graxos, policetídeos e peptídeos não ribossomais. Ppts foram classificadas de acordo com sua especificidade de proteína de veículo. Em organismos contendo trajetórias que exigem fosfopanteteína múltipla, foi sugerido que cada trajetória tenha sua própria Ppt. Enquanto o *M. marina* PKS foi clonado (na patente U.S. nº 6.140.486 (Facciotti e outros)), a Ppt
15 não foi encontrada. Allen e Bartlett (2002) afirmaram que eles eram incapazes de clonar um gene de Ppt para formar *Moritella*.

Numerosas abordagens foram tentadas para a produção de DHA e EPA em plantas (WO 05103253A1 (Singh e outros), WO 04071467A2 (Kinney e outros)). Essas abordagens tinham em comum o uso
20 de desaturases/elongases em uma forma por etapas. Essa abordagem tem a desvantagem de uso de 6-8 genes e leva ao acúmulo de intermediários, um resultado potencialmente indesejável. Usando-se uma abordagem de PKS/Ppt, numerosos transgenes exigidos seriam menores (4-5) e o acúmulo de intermediários não é esperado.

25 Portanto, seria vantajoso se obter material genético envolvido em biossíntese de PUFA de cadeia longa e para expressar o material isolado em um sistema de planta, em particular, um sistema de planta de colheita de terreno com base em terra, que pode ser manipulado para prover a produção de quantidades comerciais de um ou mais PUFA's. Há também uma
30 necessidade de aumentar ingestão de ácido graxo ômega-3 em seres humanos e animais. Assim há uma necessidade de prover uma ampla faixa de suplementos alimentícios e alimentos enriquecidos com ômega-3 de modo

que indivíduos podem escolher alimento, ingredientes alimentícios, comida e ingredientes de comida que se ajustam seus hábitos de dieta usuais. Particularmente vantajosos seria óleos de semente com DHA ou EPA aumentados.

5 Atualmente há apenas um ácido graxo omêga-3, ALA, disponível em óleos vegetais. No entanto, há conversão pobre de ingestão de ALA nos ácidos graxos omêga-3 de cadeia mais longa tais como EPA e DHA. Foi demonstrado na publicação co-pendente nº 20040039058 para "Treatment And Prevention Of Inflammatory Disorders," que elevação de ingestão de
10 ALA intake da média da comunidade de 1 g/dia a 14 g/dia por uso de óleo de linhaça apenas modestamente aumentou níveis de EPA de fosfolipídio no plasma. Um aumento de 14 vezes na ingestão de ALA resultou em um aumento 2 vezes no EPA de fosfolipídio no plasma (Manzioris e outros, 1994). Assim, para aquela finalidade, há uma necessidade de produção comercialmente viável e eficiente de PUFAs usando-se um complexo de síntese de policetídeo e a Ppts que ativam o complexo, genes que codificam a Ppt, e métodos recombinantes de produção delas. Uma necessidade também existe para óleos contendo proporções relativas mais altas de DHA ou EPA, e composições alimentícias e suplementos contendo eles. Uma necessidade também existe para métodos confiável e econômico de produção de
20 PUFA's específicos. Óleos derivados de colheitas de semente oleosa tal como canola, soja, girassol ou linhaça, que expressem um complexo de PKS bacteriano são enriquecidos em um EPA, DHA ou PUFA de cadeia longa. Tais óleos podem ser utilizados para produzir alimentos e suplementos alimentares enriquecidos em ácido graxos omêga-3 e o consumo de tais alimentos eficazmente aumenta níveis de EPA e DHA no tecido. Alimentos e gêneros alimentícios, tais como leite, margarina e salsicha, todos produzidos ou preparados com óleos enriquecidos como omêga-3, resultarão em benefício terapêuticos. Assim, existe uma forte necessidade para novos ácidos
25 nucléicos de transferases de fosfopanteteínica capazes de ativar PKS para o uso em plantas de colheita transgênicas com óleos enriquecidos em PUFAs, bem como os óleos aperfeiçoados produzidos desse modo.

Sumário da Invenção

Em um aspecto, a invenção provê ácidos nucleicos isolados que codificam um polipeptídeo com atividade de transferase de fosfopanteteínila. Esses podem ser usados para transformar células ou pedaços da composição de ácido graxo de uma planta ou o óleo produzido por uma planta. Uma concretização da invenção é uma seqüência de polinucleotídeos selecionada do grupo que consiste em (a) um polinucleotídeo que hibridiza para dar SEQ ID NO:6 ou SEQ ID NO:8, ou um seu complemento, sob condições de 5X SSC, 50% de formamida e 42°C; (b) um polinucleotídeo que codifica a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO: 7; e (c) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo com pelo menos 75% de identidade de seqüência com uma seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO:7. Em certas outras concretizações da invenção, os polinucleotídeos codificam um polipeptídeo tendo pelo menos 80%, 85% ou 90% de identidade de seqüência com a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO:5 ou SEQ ID NO: 7, incluindo pelo menos cerca de 82%, 87%, 89%, 92%, 95%, 98% e 99% de identidade com essas seqüências. Aqueles de habilidade na técnica reconhecerão que, uma vez que essas seqüências estão relacionadas, um dado polipeptídeo pode simultaneamente partilhar 90% ou mais de homologia para mais do que uma dessas seqüência de polipeptídeos. Em uma outra concretização, o polipeptídeo codificado tem atividade de transferase de fosfopanteteínila.

Em ainda um outro aspecto, a invenção provê um constructo de DNA compreendendo a promotor heterólogo operavelmente ligado a uma molécula de DNA que codifica um polipeptídeo tendo atividade de transferases de fosfopanteteínila, em que a molécula de DNA é selecionada do grupo que consiste em: (a) um polinucleotídeo que codifica a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO: 7; (b) um polinucleotídeo que hibridiza para dar SEQ ID NO: 6 ou SEQ ID NO: 8, ou um seu complemento, sob condições de 5X SSC, 50% de formamida e 42°C; e (c) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo com pelo menos 75% de identidade de seqüência com uma seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO:

7. Em outras concretizações, o promotor é funcional em uma célula procariótica ou eucariótica. Em certas concretizações, a célula eucariótica em que o promotor é funcional é uma célula de planta funcional. Em uma outra concretização, o promotor é um promotor de aumento de semente.

5 Em ainda um outro aspecto, a invenção provê uma célula hospedeira transformado com um constructo de DNA compreendendo um promotor heterólogo operavelmente ligado a uma molécula de DNA que codifica um polipeptídeo tendo atividade de transferase de fosfopanteteínila provida pela invenção. Em uma outra concretização, a célula hospedeira ulteriormente compreende um promotor heterólogo operavelmente ligado a uma
10 molécula de DNA que codifica um polipeptídeo de sintase de policetídeo compreendendo um sítio de ligação de fosfopanteteína. Em uma outra concretização, a molécula de DNA que codifica um polipeptídeo de sintase de policetídeo compreendendo um sítio de ligação de fosfopanteteína é de *Moritella* marina. Em ainda uma outra concretização, a molécula de DNA codifica um polipeptídeo de sintase de policetídeo com pelo menos 70% de identidade de seqüência com a SEQ ID NO: 19, ou qualquer sintase de policetídeo conhecida como descrito aqui mais abaixo. A célula hospedeira pode
15 ser uma célula de planta, fúngica ou bacteriana.

20 Em ainda um outro aspecto, a invenção provê uma planta e sua progênie constituída das células hospedeiras transformadas com um constructo de DNA compreendendo um promotor heterólogo operavelmente ligado a uma molécula de DNA que codifica polipeptídeo tendo uma atividade de transferase de fosfopanteteínila provida aqui. Tal planta pode ser definida
25 como a comparação alterada de metabolismo de ácido graxo em relação a umam planta do mesmo genótipo que carece do constructo de DNA. Em uma concretização, a planta é selecionada do grupo que consiste em canola, *Brassica campestris*, colza de semente oleosa, semente de colza, soja, crambe, mostarda, grão de rícino, amendoim, gergelim, rama de algodão,
30 linhaça, açafrão, óleo de palma, linho, girassol, milho, arroz, cevada, milho miúdo, centeio, trigo, aveia, alfalfa e sorgo. A invenção também provê semente, óleo e farinha grossa produzidos a partir da planta, que é definido

como compreendendo um polipeptídeo ou uma molécula de DNA detectável provido pela invenção. Adicionalmente, a invenção provê composições alimentícias humanas e ração animal.

- 5 Em ainda um outro aspecto, a invenção provê um método de produção de um óleo de planta contendo ácido docosahexaenóico e/ou eicosapentaenóico compreendendo as etapas de (a) crescimento de uma planta compreendendo a célula hospedeira da invenção ulteriormente compreendendo uma sintase de policetídeo; (b) produção de semente; (c) e processamento da semente para se obter um óleo.

10 Breve Descrição das Figuras

Os seguintes desenhos fazem parte do presente relatório e estão incluídos para ulteriormente demonstrar certos aspectos da presente invenção. A invenção pode ser melhor entendida por referência a um ou mais desses desenhos com a descrição detalhada de concretizações específicas apresentadas aqui.

- 15 Figura 1 mostra um mapa de vetor pMON68081.
Figura 2 mostra um mapa de vetor pMON68080.
Figura 3 mostra um mapa de vetor pMON94547.
Figura 4 mostra um mapa de vetor pMON94544.
20 Figura 5 mostra um mapa de vetor pMON94534.
Figura 6 mostra um mapa de vetor pMON68084.
Figura 7 mostra um mapa de vetor pMON68085.
Figura 8 mostra um mapa de vetor pMON97063.
Figura 9 mostra um mapa de vetor pMON94563.
25 Figura 10 mostra um mapa de vetor pMON97066.
Figura 11 mostra um mapa de vetor pMON96401.
Figura 12 mostra um mapa de vetor pMON78528.

Descrição Detalhada da Invenção

- 30 A invenção supera as limitações da técnica anterior por prover métodos e composições para criação de plantas com teor de DHA e/ou de EPA aperfeiçoado. A modificação de teor de ácido graxo de um organismo tal como uma planta apresenta muitas vantagens, incluindo benefício de sa-

úde e nutrição aperfeiçoados. Modificação de teor de ácido graxo pode ser usado para alcançar níveis benéficos de DHA e/ou de EPA em plantas, partes de planta e produtos de planta, incluindo óleos de semente de planta bem como bactérias e fungos. Por exemplo, quando DHA é produzido no tecido de semente de uma planta, o óleo pode ser isolado das sementes, tipicamente resultando em um óleo contendo DHA, que pode por sua vez ser usado para prover características benéficas em gêneros alimentícios e outros produtos.

Vários aspectos da invenção incluem métodos e composições para a modificação de teor de PUFA de uma célula, por exemplo, modificação do teor de PUFA de célula(s) de planta. Composições relacionadas com a invenção incluem novas seqüências de polinucleotídeos isoladas, contruc- tos de DNA e plantas e/ou partes de planta transformados por polinucleotí- deos da invenção. Células hospedeiras podem ser manipuladas para expres- sar um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo de transferase de fosfo- panteteínica que catalisa a panteteinilação de um sítio de ligação de fosfopanteteína de um outro polipeptídeo.

As seguintes definições são providas como um auxiliar para o entendimento dessa invenção. As frases "seqüência de DNA", "seqüência de ácidos nucléicos", "molécula de ácido nucléico" e "segmento de ácido nucléico" referem-se a estrutura física compreendendo uma disposição ordeira de nucleotídeos. A seqüência de nucleotídeo, seqüência ou segmento de DNA podem estar contidos dentro de uma molécula de nucleotídeo maior, vetor, ou semelhantes. Além disso, a disposição ordeira de ácidos nucléicos nessas seqüências pode ser mostrada na forma de uma listagem de seqüência, tabela, meio eletrônico ou semelhantes.

As frases "seqüência de codificação", "região de codificação", "seqüência estrutural" e "seqüência de ácidos nucléicos estrutural" referem-se a totalidade ou um segmento de uma seqüência de DNA, seqüência de ácidos nucléicos, molécula de ácido nucléico em que os nucleotídeos são dispostos em uma série de tripletos que cada um forma um códon. Cada códon codifica um aminoácido específico. Assim, a seqüência de codifica-

ção, região de codificação, seqüência estrutural e seqüência de ácidos nucleicos estruturais codificam uma série de aminoácidos formando uma seqüência de peptídeos, polipeptídeos ou proteínas. A seqüência de codificação, região de codificação, seqüência estrutural e seqüência de ácidos nucleicos estrutural podem estar contidas dentro de uma molécula de ácido nucleico maior, vetor ou semelhantes. Além disso, a disposição de nucleotídeos nessas seqüências podem ser mostradas na forma de uma listagem de seqüência, figura, tabela, meio eletrônico, ou semelhantes.

5 O termo "cDNA" refere-se a um DNA de filamento duplo que é complementar a e derivado de mRNA.

"Expressão" refere-se ao processo pelo qual uma informação codificada por gene é convertida em estruturas presentes e operando na célula. Genes expressos incluem aqueles que são transcritos em RNA e então traduzidos em proteína e aqueles que são transcritos em RNA mas não traduzidos na proteína (por exemplo, RNA de transferência e RNA ribossomal).

15 Como usado aqui, "gene" refere-se a um fragmento de ácido nucleico que expressa uma proteína específica, incluindo seqüências reguladoras que precedem (seqüência de não codificação 5') e seguindo a seqüência de codificação (seqüências de não codificação 3'). "Gene nativo" refere-se a um gene como encontrado na natureza com suas próprias seqüências reguladoras. "Gene quimérico" refere-se a qualquer gene que não é um gene nativo, compreendendo seqüências reguladoras e de codificação que não são entradas juntas na natureza. Correspondentemente, um gene quimérico pode compreender seqüências reguladoras e seqüências de codificação que são derivadas de diferentes fontes, ou seqüências reguladoras e seqüências de codificação derivadas da mesma fonte, mas dispostas de um modo diferente do que aquela encontrada na natureza. "Gene endógeno" refere-se a um gene nativo em sua localização natural no genoma de um organismo. Um gene "exógeno" ou "transgene" refere-se a um gene que foi introduzido para dentro do genoma por um procedimento de transformação. Um transgene inclui DNA genômico introduzido por um procedimento de

transformação (por exemplo, um DNA genômico ligado a seu promotor ativo).

Heterólogo" refere-se ao relacionamento entre duas ou mais seqüências de proteínas ou de ácidos nucléicos que são derivadas de diferentes fontes. Por exemplo, um promotor é heterólogo com relação a uma seqüência de codificação se tal combinação não for normalmente encontrada na natureza. Além disso, uma seqüência de ácidos nucléicos particular pode ser "heteróloga" com relação a uma célula ou um organismo em que ela é inserida se ela não naturalmente ocorrer naquela célula ou organismo particular.

"Homologia de seqüência" refere-se ao nível de similaridade entre duas ou mais seqüências aminoácidos ou de ácidos nucléicos em termos de percentagem de identidade posicional. O termo homologia é também usado para referir-se ao conceito de propriedades funcionais similares entre ácidos nucléicos ou proteínas.

"Hibridização" refere-se à capacidade de um primeiro filamento de ácido nucléico unir com um segundo filamento por meio de emparelhamento de base de ligação de hidrogênio quando os fios de ácido nucléico têm complementaridade de seqüência suficiente. Como usado aqui, uma molécula de ácido nucléico é dita ser o "complemento" de uma outra molécula de ácido nucléico se elas exibirem complementaridade completa. Como usado aqui, moléculas são ditas exibirem "complementaridade completa" quando cada nucleotídeo de uma das moléculas é complementar a um nucleotídeo da outra. Assim 2 fios de ácido nucléico são ditos terem complementaridade suficiente quando eles hibridizam para dar um do outro com estabilidade suficiente para permiti-los permanecerem anelados entre si sob condições apropriadas.

Como usado aqui, o termo "homologia" refere-se ao nível de similaridade ou por cento de identidade entre seqüências de polinucleotídeos em termos de por cento de indentidade posicional de nucleotídeo, isto é, similaridade ou identidade de seqüência. Como usado aqui, o termo homologia refere-se também ao conceito de propriedades funcionais similares entre

diferentes moléculas de polinucleotídeos. Moléculas de polinucleotídeos são homólogas quando sob certas condições elas especificamente hibridizam para formar uma molécula dúplex. Sob essas condições, chamadas de condições rigorosas, uma molécula de polinucleotídeo pode ser usada como

5 uma sonda ou iniciador para identificar outras moléculas de polinucleotídeo que partilham homologia. A frase "condições rigorosas" é funcionalmente definida com relação à hibridização de uma sonda de ácido nucléico para dar um ácido nucléico-alvo (isto é, para dar uma seqüência de ácidos nucléicos particular de interesse) pelo procedimento de hibridização específico,

10 por exemplo, discutido em *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3rd edition Volumes 1, 2, and 3. J. F. Sambrook, D. W. Russell, and N. Irwin, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 2000 (Sambrook e outros). Correspondentemente seqüências de nucleotídeos providas pela invenção podem ser usadas para sua capacidade de seletivamente formar moléculas dúplex com

15 estiramentos complementares dos fragmentos de molécula de polinucleotídeo. Dependendo da aplicação prevista desejaria-se empregar várias condições de hibridização para alcançar graus variáveis de seletividade da sonda em relação a seqüência alvo. Para aplicações que exigem alta seletividade, tipicamente serão desejadas empregar condições rigorosas relativamente altas para formar os híbridos, por exemplo, serão selecionadas condições de

20 baixa salinidade e/ou de alta temperatura, tais como providos por NaCl a cerca de 0,03 M a cerca de 0,15 M a temperatura de cerca de 50°C a cerca de 70°C. Uma condição altamente rigorosa, por exemplo, é para lavar o filtro de hibridização pelo menos duas vezes com tampão de lavagem altamente

25 rigoroso (0,2 x SSC, 0,1% de SDS, 65°C). Adicionalmente, formamida pode ser usada para aumentar a severidade. Condições altamente rigorosas, portanto, também incluem 5X SSC, 50% de formamida e 42°C. Detecção de moléculas de polinucleotídeos via hibridização é bem-conhecida por aqueles de habilidade na técnica, e os ensinamentos das patentes U.S. nos.

30 4.965.188 e 5.176.995 são exemplares dos métodos de análises de hibridização.

A frase "isolada" significa ter sido removida a partir do ambiente

natural, independentemente de sua disposição final. Por exemplo, uma sequência de ácidos nucleicos "isolada" de arroz, tal como por clonagem de uma célula de arroz, permanece "isolada" quando ela é inserida para dentro do genoma de uma célula de milho.

5 A frase "operavelmente ligada" refere-se à disposição espacial de duas ou mais regiões de ácido nucleico ou seqüências de ácidos nucleicos de modo que elas exercem seus efeitos apropriados com relação entre si. Por exemplo, uma região de promotor pode ser posicionada em relação a uma seqüência de ácidos nucleicos de modo que a transcrição da seqüência
10 de ácido nucleico seja dirigida pela região de promotor. A região de promotor e a seqüência de ácidos nucleicos são "operavelmente ligadas".

O termo "transferase de fosfopanteteínica ou PPT" refere-se a uma enzima que catalisa a ativação pós-traducional de proteínas de veículo, por exemplo, um polipeptídeo de uma sintase de policetídeo, pela ligação
15 covalente da porção de 4'-fosfopanteteína de coenzima A a um resíduo de serina conservado.

O termo "sintase de policetídeo" refere-se a um complexo de enzima constituído de polipeptídeos multifuncionais que catalisam a sintase de moléculas complexas a partir de substratos simples em uma forma intera-
20 tiva. Em *Moritella marina*, um complexo de PKS sintetiza DHA a partir de malonil-CoA e acetil-CoA). Por exemplo, in *M. marina*, o PKS contém 4 polipeptídeos codificado pelos quadros de leitura aberta Orf5, Orf6, Orf7 e Orf8 (Metz e outros, 2001), que são descritos como Orf6, Orf7, Orf8, e Orf9 na patente U.S. nº 6.140.486, respectivamente. Para ativar esse complexo, uma
25 transferase de fosfopanteteínica é exigida para pantetenizar o polipeptídeo codificado por Orf5. O complexo de PKS de *Shewanella* sp. SCRC2738 sintetiza EPA (Metz e outros, 2001).

"A montante" e "a jusante" são termos posicionais usados com referência à localização de uma seqüência de nucleotídeos e a direção da
30 transcrição ou tradução de seqüências de codificação, que normalmente prossegue na direção de 5'a 3'.

Os termos "promotor" ou "região de promotor" referem-se a uma

seqüência de ácidos nucléicos, usualmente encontrada a montante (5') em relação a uma seqüência de codificação, capaz de dirigir transcrição de uma seqüência de ácidos nucléicos em uma molécula de RNA. O promotor ou região de promotor tipicamente provê um sítio de reconhecimento para polimerase de RNA e os outros fatores necessários para a indicação adequada da transcrição. Como contemplado aqui, um promotor ou uma região de promotor inclui variações de promotores derivados por inserção ou deleção de regiões reguladoras, submissão do promotor a mutagênese de sítio-dirigida ou aleatória, e semelhantes. A atividade ou poder de um promotor pode ser medido em termos das quantidades de RNA que ele produz, ou a quantidade de acúmulo de proteína em uma célula ou tecido, em relação a um promotor secundário que é similarmente medido.

A frase "seqüências de não codificação 3'" refere-se a seqüências de nucleotídeos localizadas a jusante de uma seqüência de codificação e incluem seqüências de reconhecimento de poliadenilação e outras seqüências que codificam sinais reguladores capazes de afetar expressão de gene ou processamento de mRNA. Esses são comumente chamados de regiões 3'-não traduzidas ou 3'-UTRs. O sinal de poliadenilação é usualmente caracterizado por afetar a adição de tratos de ácido poliadenílico à extremidade 3' do precursor de mRNA. O uso de diferentes seqüências de não codificação 3' é exemplificado por Ingelbrecht e outros (1989).

"Seqüência líder de tradução" ou "região 5'-não traduzida" ou "5'-UTR" a totalidade refere-se a uma seqüência de nucleotídeos localizada entre a seqüência de promotor de um gene e a seqüência de codificação. A 5'-UTR está presente na mRNA totalmente processado a montante da seqüência de partida de tradução. A 5'-UTR pode afetar o processamento do transcrito primário para dar mRNA, estabilidade de mRNA ou eficácia de tradução. Exemplos de seqüências de líder de tradução foram descritos (Turner and Foster, 1995).

"Transcrito de RNA" refere-se ao produto resultante de transcrição catalisada por polimerase de RNA de uma seqüência de DNA. Quando o transcrito de RNA é uma cópia complementar perfeita da seqüência de DNA,

é chamado do transcrito primário. Uma seqüência de RNA derivada de processamento pós-traducional do transcrito primário é chamado de RNA. "RNA mensageiro" (mRNA) refere-se ao RNA que está sem íntrons e que pode ser traduzido em polipeptídeo pela célula.

5 "Construto de DNA" refere-se aos elementos genéticos heterólogos operavelmente ligados entre si formando uma molécula de DNA recombinante e pode compreender elementos que provêm expressão de uma molécula de polinucleotídeo de DNA em uma célula hospedeira que provêem a manutenção do constructo. Um pacote de expressão de planta compreende uma ligação operável de elementos genéticos que quando transferidos
10 em uma célula de planta provê expressão de um produto de gene desejável.

"Vetor recombinante" refere-se a qualquer agente por em que um ácido nucléico de interesse é ampliado, é expresso ou é armazenado, tal como um plasmídeo, cosmídeo, vírus, seqüência de replicação autônoma, fago, ou seqüência de nucleotídeos de DNA ou de RNA de filamento único
15 linear, de filamento único circular, de filamento duplo linear ou de filamento duplo circular. O vetor recombinante pode ser sintetizado ou derivado de qualquer fonte e é capaz de integração genômica ou replicação autônoma.

"Seqüência reguladora" refere-se a uma seqüência de nucleotídeos localizada a montante (5'), dentro, ou a jusante (3') com relação a uma seqüência de codificação ou um íntron, cuja presença ou ausência afeta a transcrição e expressão da seqüência de codificação.
20

"Substancialmente homóloga" refere-se a duas seqüências que são pelo menos 90% idêntica na seqüência, como medida pelo algoritmo CLUSTAL W em, por exemplo, DNASTar (Madison, WI).
25

"Substancialmente purificada" refere-se a uma molécula separada de substancialmente todas as outras moléculas normalmente associadas a ela em seu estado nativo. Mais de preferência, uma molécula substancialmente preferida é a espécie predominante presente em uma preparação.
30 Uma molécula substancialmente purificada pode ser maior do que cerca de 60% livre de preferência cerca 75% livre, mais preferivelmente, cerca de 90% livre, e mais de preferência cerca de 95% livre das outras moléculas

(exclusive de solvente) presentes na mistura natural. Pretende-se que a frase "substancialmente purificada" não inclua moléculas presentes em seu estado nativo. De preferência, as moléculas de ácido nucléico e polipeptídeos dessa invenção são substancialmente purificadas.

5 O termo "transformação" refere-se à introdução de ácido nucléico para dentro de um hospedeiro receptor. O termo "hospedeiro" refere-se a células bacterianas, fungos, animais ou células de animais, plantas e sementes, ou quaisquer tecidos ou partes de planta incluindo células de planta, protoplastos, calos, raízes, tubérculos, sementes, troncos, folhas, mudas, embriões e pólen.

10 Como usado aqui, uma "planta transgênica" é uma planta tendo estavelmente introduzida para dentro de seu genoma, por exemplo, os genomas nucleares ou de plastídio, um ácido nucléico exógeno.

 O termo "isogênico" como um termo comparativo entre plantas
15 ou linhas de planta tendo ou carecendo de um transgene significa plantas ou linhas tendo as bases genéticas iguais ou similares, com a exceção do transgene em questão. Por exemplo, linhas irmãs assim chamadas que representam seleções fenotipicamente similares ou iguais a partir da mesma população de F2 de origem são consideradas serem "isogênicas". Quando a
20 progênie de uma planta de transformante estável são cruzadas e retrocruzadas com as plantas da linha de origem não transformadas para 3 a 6 gerações (ou mais) usando-se a origem não transformada como a origem recorrente enquanto selecionando-se para o tipo (genótipo por análise de marcador molecular, fenótipo por observação de campo ou ambos) e para o
25 transgene, a linha transgênica resultante é considerada ser altamente "isogênica" a sua linha de origem não transformada.

 Os termos "sementes", "sementes" ("kernel") e "grão" são entendidos como sendo equivalentes no significado. O termo semente é frequentemente usado na descrição de uma semente de uma planta de milho
30 ou arroz. Em todas as plantas a semente é o óvulo maduro que consiste em um revestimento de semente, embrião, aleurona e um endoesperma.

Ácidos nucléicos que codificam transferase de fosfopanteteínila

A invenção provê, em uma concretização, novos ácidos nucléicos que codificam transferases de fosfopanteteínila *Moritella* marina. Em certas concretizações, os ácidos nucléicos compreendem SEQ ID NOS: 2, 4, 6 ou 8. A invenção também provê métodos de uso de tais ácidos nucléicos, incluindo SEQ ID NOS: 2, 4, 6 e 8. Em uma concretização, essas moléculas de ácido nucléico são usadas no contexto dessa invenção para alterar a composição oleosa de uma semente de uma planta.

Tal ácido nucléico pode ser ampliado usando-se cDNA, mRNA ou DNA genômico como um modelo e iniciadores de oligonucleotídeo apropriados de acordo com técnicas de ampliação de PCR[®] padrão. Alternativamente, eles podem ser sintetizados usando-se técnicas sintéticas padrão, tal como um sintetizador de DNA automatizado. Polinucleotídeos que codificam transferases de fosfopanteteínila desejadas podem ser identificados de uma variedade de modos. Como um exemplo, uma fonte da transferase de fosfopanteteínila, por exemplo, uma biblioteca oriunda de *Moritella*, é triada com sondas enzimaticamente ou quimicamente sintetizadas detectáveis, que podem ser produzidas a partir do DNA, RNA ou nucleotídeos de ocorrência natural, ou suas misturas. Sondas podem ser enzimaticamente sintetizadas a partir de polinucleotídeos de transferases de fosfopanteteínila conhecidas para métodos de hibridização normal ou rigorosamente reduzida. Sondas de oligonucleotídeos também podem ser usados para triar e podem ser baseados em seqüências de transferases de fosfopanteteínila conhecidas, incluindo seqüências conservadas entre transferases de fosfopanteteínila conhecidas ou nas seqüências de peptídeos obtidas a partir da proteína purificada desejada. Sondas de oligonucleotídeos com base em seqüências de aminoácidos podem ser degenerados para incluir a degeneração de código genético, ou podem ser desfavoráveis em favor dos códons preferidos do organismo da fonte. Oligonucleotídeos também pode ser usados como iniciadores para PCR[®] a partir de mRNA de transcrito reverso de uma fonte conhecida ou suspeita; o produto de PCR[®] pode ser o cDNA de comprimento total ou pode ser usado para gerar uma sonda para se obter o cDNA de comprimento total desejado. Alternativamente, uma proteína desejada pode ser total-

mente seqüenciada e síntese total de uma DNA que codifica aquele polipeptídeo realizado.

Uma vez que cDNA ou genômico desejado foi isolado, ele pode ser seqüenciado por métodos conhecidos, é reconhecido na técnica que tais métodos são submetidos a erros, tal que seqüenciação múltipla da mesma região é rotineira e é ainda esperado levar a taxas mensuráveis de erros na seqüência deduzida resultante, particularmente em regiões tendo domínios repetidos, estrutura secundária extensiva ou composições de base incomum, tais como regiões com alto teor de base de GC. Quando discrepâncias surgem, seqüenciação pode ser feita e pode empregar métodos especiais. Métodos especiais podem incluir alteração de condições de seqüenciação por uso de: diferentes temperatura; diferentes enzimas; proteínas que alteram a capacidade de oligonucleotídeos de formar estruturas de ordem superiores; nucleotídeos alterados tal como ITP ou dGTP metilado, composições de gel diferentes, por exemplo, adição de formamida; diferentes iniciadores ou iniciadores localizados a diferente distâncias da região do problema; ou diferentes modelos tais como DNAs de filamento único. Seqüenciação de mRNA pode também ser empregada.

Se desejadas, as seqüências de ácidos nucléicos que codificam transferases de fosfopanteteínica podem ser modificadas sem mudar a seqüência de aminoácidos da proteína expressa de modo que as seqüências são mais receptivas a expressão em hospedeiros de planta. Uma seqüência de codificação pode ser um DNA artificial. Um DNA artificial, como usado aqui significa uma molécula de polinucleotídeo de nda que não é de ocorrência natural. Moléculas de DNA artificiais podem ser projetadas por uma variedade de métodos, tais como, métodos conhecidos na técnica que são à base de substituição do(s) códon(s) de um primeiro polinucleotídeo para criar um equivalente, ou ainda um polinucleotídeo artificial de segunda geração, aperfeiçoado, onde esse novo polinucleotídeo artificial é útil para expressão aumentada nas plantas transgênicas. O aspecto do projeto frequentemente emprega seqüências de codificação isoladas de uma planta, tipo de planta, família ou genes. Outros aspectos de projeto incluem redução da o-

corrência de sinais de poliadenilação, sítios de união de íntron, ou poderes de GC e AT longos da sequência (patente U.S. nº 5.500.365). Sequências de codificação de comprimento total ou seus fragmentos podem ser produzidos de DNA artificial usando-se métodos conhecidos por aqueles versados na técnica. Modificações das sequências de nucleotídeos ou elementos reguladores descritos aqui que mantêm as funções contempladas aqui estão dentro do escopo dessa invenção. Tais modificações incluem inserções, substituições e deleções, e especificamente substituições que refletem a degeneração do código genético.

Os inventores têm sequências de DNA isoladas de *Moritella* marina que produzem polipeptídeos com atividade de transferase de fosfopanteteínica. As sequências de codificação da transferases de fosfopanteteínica podem ser expressas em plantas transgênicas, microorganismos ou animais para efetuar ativação de uma sintase de policetídeo. Outros polinucleotídeos que são substancialmente idênticos aos polinucleotídeos de transferase de fosfopanteteínica providos aqui, ou que codificam polipeptídeos que são substancialmente idênticos aos polipeptídeos de transferase de fosfopanteteínica, também podem ser usados. "Substancialmente idêntica" refere-se a uma sequência de aminoácidos ou sequência de ácidos nucleicos que exibe em ordem de preferência crescente 75%, 80%, 85%, 90%, 95%, 98 ou 99% identidade com a sequência de polipeptídeos de transferase na SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7 ou sequências que codificam esses polipeptídeos. Comparações de polipeptídeo ou polinucleotídeo podem ser realizados usando-se programa de análise de sequência, por exemplo, pacote de programa Sequence Analysis da GCG Wisconsin Package (Accelrys, San Diego, CA) e MEGAlign (DNASTar, Inc., 1228 S. Park St., Madison, Wis. 53715). Tal programa satisfaz sequências similares por apontamento de grau de similaridade ou identidade.

Construtos de DNA

A invenção provê constructos de DNA compreendendo um promotor heterólogo operavelmente ligado a um ácido nucleico descrito aqui. A seleção de promotores, por exemplo, promotores que podem ser descritos

como fortemente expressos, fracamente expressos, induzivelmente expressos, expresso por tecido aumentado (isto é, especialmente ou de preferência expresso em um tecido), expresso por órgão aumentado (isto é, especialmente ou de preferência expresso em um órgão) e expresso desenvolvendo-se aumentado (isto é, especificamente ou de preferência expresso durante um estágio(s) particular de desenvolvimento), está dentro da habilidade na técnica. Similarmente, a combinação de uma molécula de ácido nucleico como descrito acima com um promotor está também dentro da habilidade na técnica (ver, por exemplo, Sambrook e outros, 1989).

Promotores para o uso com a invenção incluem, mas não são limitados a, promotores que funcionam em bactérias, bacteriófagos, fungos ou células de planta. Promotores úteis para expressão bacteriana são os promotores lacZ, Sp6, T7, T5 ou glgC de *E. coli*. Promotores úteis para fungos incluem *Saccharomyces cerevisiae* Gal1 (West, e outros (1984)), *Saccharomyces pombe* nmt1 (Maundrell, K. (1990)), *Neurospora crassa* ccg-1 (Freitag M and Selker EU (2005)) e *Pichia methanolica* AUG1 (Invitrogen). Promotores úteis para células de planta incluem o promotor de Z27 de gama zeína (vide, por exemplo, Lopes e outros (1995), promotor de oleosina de L3 (a patente U.S. nº 6.433.252), promotor de PER1 de cevada (Stacey e outros, 1996), promotor de 35S de CaMV (Odell e outros 1985), o CaMV 19S (Lawton e outros, 1987), nos (Ebert e outros, 1987), Adh (Walker e outros, 1987), sintase de sacarose (Yang e outros, 1990), actina (Wang e outros, 1992), cab (Sullivan e outros, 1989), promotor de PEPCase (Hudspeth e outros, 1989), ou aqueles associados ao complexo de gene R (Chandler e outros, 1989). O promotor de vírus de mosaico Figwort (FMV) (Richins e outros, 1987), promotores de arcelina, E8 de tomate, patatina, ubiquitina, sintase de manopina (mas) e tubulina são outros exemplos de promotores úteis.

Há uma ampla variedade de seqüências de promotor de planta que podem ser usados para dirigir expressão específica de tecido de polinucleotídeos que codificam transferases de fosfopanteteínica em plantas transgênicas. Exemplos de tais promotores incluem as regiões reguladoras 5' de tais genes de napin (Kridl e outros, 1991), faseolin (Bustos, e outros, 1989),

inibidor de tripsina de soja (Riggs, e outros, 1989), ACP (Baerson e outros, 1993), stearyl-ACP desaturase (Slocum e outros, 1994), subunidade α' de soja de β -conglucina (P-Gm7S α' , vide, por exemplo, Chen e outros, 1986), Vicia faba USP (P-Vf.Usp, vide, por exemplo, SEQ ID NO: 1, 2, e 3, Pedido de Patente U.S. 10/429,516), the promotor de globulina (vide, por exemplo, Belanger and Kriz, (1991), subunidade alfa de soja de β -conglucina (7S α') (Pedido de Patente U.S. 10/235.618, incorporado por referência) e promotor de Zea mays L3 oleosina (P-Zm.L3, vide por exemplo, Hong e outros, 1997).

Promotore expressos em milho incluem promotores de genes que codificam zeínas, que são um grupo de proteínas de armazenagem em endosperma de milho. Clones genômicos para genes de zeína foram isolados Pedersen e outros, 1982; Russell e outros, 1997) e os promotores oriundos desses clones, incluindo os genes de kD, 16 kD, 19 kD, 22 kD e 27 kD, podem ser usados. Outros promotores de expressão de semente aumentado conhecidos como funcionando no milho e em outras plantas incluem os promotores para os seguintes genes: Waxy (sintase de amido ligado a grânulo), Brittle and Shrunken 2 (pirogosforilase de glicose de ADP), Shrunken 1 (sintase de sacarose), enzimas I e II de ramificação, sintase de amido, enzimas de desramificação, oleosinas, glutelinas, e Bet1 (camada de transferência de endosperma basal). Outros promotores úteis na prática da invenção que são conhecidos por aquele de habilidade na técnica são também contemplados pela invenção.

Além do mais, duplicações e aumentadores de transcrição de aumentados podem ser usados para aumentar expressão de um promotor particular. Exemplos de tais aumentadores incluem, mas não são limitados ao íntron 1 de Adh, mas não são limitados ao íntron 1 de Adh (Callis e outros, 1987), um íntron de actina de arroz (McElroy e outros, 1991; U.S. Patent No. 5,641,876), sucrose synthase intron (Vasil e outros, 1989), um íntron de HSP70 de milho (também chamado de Zm.DnaK) (a patente U.S. nº 5.424.412, Brown e outros) um elemento TMV omega (Gallie e outros, 1999), o aumentado de 35S de CaMV 35S (as patentes U.S. nos

5.359.142 & 5.196.525, McPherson e outros) ou um aumentador de sintase de octopina (a patente U.S. nº 5.290.924, Last e outros). Uma vez que a sequência de DNA entre sítio de iniciação de transcrição e o início da sequência de codificação, isto é, a sequência líder não traduzida, pode influenciar expressão de gene, pode-se também desejar empregar uma sequência líder particular. Qualquer sequência líder disponível por aquele de habilidade na técnica pode ser empregada. Sequências líder preferidas dirigem ótimos níveis de expressão do gene ligado, por exemplo, por aumento ou manutenção de estabilidade de mRNA e/ou por prevenção de iniciação inadequada de tradução (Joshi, 1987). A escolha de tais sequências está na descrição por aqueles de habilidade na técnica.

Contrutos de DNA da invenção podem incluir uma sequência próxima a extremidade 3' do pacote que age como um sinal para terminar transcrição a partir de um ácido nucléico heterólogo e que dirige poliadenilação do mRNA resultante. Esses são comumente chamados de regiões não traduzidas 3' ou 3'UTRs. Alguns elementos 3' que pode agir como sinais de terminação de transcrição incluem aqueles a partir do gene de sintase de nopalina (nos) de *Agrobacterium tumefaciens* (Bevan e outros, 1983), uma região não traduzida 3' de napina (Kridl e outros, 1991), uma região não traduzida 3' de globulina (Belanger and Kriz, 1991), região não traduzida 3' do gene de Atr12 de soja (auxin regulado para baixo) (Wang e outros, Publicação de PCT WO 200250295) ou um de gene de zeína, tal como Z27 (Lopes e outros, 1995). Outros elementos reguladores 3' conhecidos na técnica também podem ser usados nos vetores da invenção.

A molécula de ácido nucléico como descrito aqui pode ser clonado em qualquer vetor adequado e pode ser usada para transformar ou transfectar qualquer hospedeiro adequado. A seleção de vetores e métodos para construí-los são comumente conhecidos pela técnica e são descritos em referências técnicas gerais (vide, em geral "Recombinant DNA Part D" (1987). O vetor de preferência compreenderá sequências reguladoras, tais como transcrição e iniciação de tradução e códon de terminação, que são específicos para o tipo de hospedeiro (por exemplo, bactéria, fungo ou plan-

ta) em que o vetor deve ser introduzido, quando apropriado e levar em conta a consideração se o vetor é DNA ou RNA.

Vetores que são circulares ou lineares podem ser preparados para conter uma seqüência de ácido nucléico inteira como descrita acima ou uma sua porção ligada a um sistema de replicação funcional em uma célula hospedeira procariótica ou eucariótica. Sistemas de replicação podem ser derivados de ColE1, 2 μ de plasmídio, λ fago, fago de filamento f1, espécie de *Agrobacterium* (por exemplo, *A. tumefaciens* e *A. rhizogenes*), e semelhantes.

Além do sistema de replicação e a seqüência de ácidos nucléicos inserida, o vetor pode incluir um ou mais genes marcadores que permitem a seleção de hospedeiros transformados ou trasfectados. Genes marcadores incluem resistência a biocida, tais como resistência a antibióticos, metais pesados, herbicidas, etc., complementação em um hospedeiro auxotrófico para prover prototrofia e semelhantes.

A invenção provê células hospedeiras compreendendo uma molécula de ácido nucléico descrita aqui, opcionalmente na forma de um vetor. Hospedeiros adequados incluem células fúngicas, bacterianas, e de planta, incluindo *Escherichia coli*, *Bacillus subtilis*, *Agrobacterium tumefaciens*, *Saccharomyces cerevisiae* e *Neurospora crassa*. Hospedeiros de *E. coli* incluem TB-1, TG-2, DH5 α , XL-Blue MRF' (Stratagene, Austin, TX), SA2821, Y1090 e TG02. Células de planta incluem, mas não são limitadas a, soja, *Brassica campestris*, canola, colza de semente olheosa, crambe, mostarda, semente de rícino, amendoim, gergelim, rama de algodão, linhaça, alçafrão, óleo de palma, linho, girassol, alfalfa, milho, trigo, cevada, aveia, centeio, milho miúdo, sorgo e arroz.

Expressão em uma célula hospedeira pode ser realizada em uma forma transitória ou estável. Expressão transitória pode ocorrer de constructos induzidos que contêm sinais de expressão funcionais na célula hospedeira, mas que constructos não replicam e protamente se integram na célula hospedeira, ou onde a célula hospedeira não está se proliferando. Expressão transitória também pode ser realizada por indução da atividade de

promotor regulável operavelmente ligado ao gene de interesse, embora tais sistemas induzíveis freqüentemente exibam um baixo nível basal de expressão. Expressão adequada pode ser alcançada por introdução de um constructo que pode integrar no genoma hospedeiro ou que autonomamente se replica na célula hospedeira. Tal expressão do gene de interesse pode ser selecionado para através do uso de um marcador selecionável localizado na ou transfectado com o constructo de expressão, seguido para células que expressão o marcador. Quando expressão estável resulta da integração, integração de constructos pode ocorrer aleatoriamente dentro do genoma hospedeiro ou pode ser direcionada através do uso de regiões contendo constructos de homologia com o genoma hospedeiro suficiente para direcionar recombinação com o local de hospedeiro. Onde constructos são direcionados para um local endógeno, todas ou algumas das regiões reguladoras tradicionais e transcritivas podem ser providas pelo local endógeno.

Expressão em uma célula hospedeira pode envolver técnicas de fermentação conhecidas por aquele versado na técnica. A célula hospedeira fermentada pode ser uma procariote, *Escherichia coli*, ou uma eucariote, tal como a levedura *Saccharomyces cerevisiae*, ou *Neurospora crassa*, um fungo filamentoso. Exemplos de produção de PUFA por fermentação incluem (a patente U.S. 6.319.698) e *Thraustochytriales* (a patente U.S. 6.451.567).

É contemplado que mais do que um gene pode ser introduzido e propagado em uma célula hospedeira através do uso de vetores de expressão integrados ou episomais. Onde dois ou mais genes são expressos a partir de vetores de replicação separados, se é desejável que cada vetor tenha um meio diferente de replicação. Cada constructo introduzido, se integrado ou não, teria um modo diferente de seleção e careceria de homologia para os outros constructos para manter expressão estável e e prevenir reagrupamento de elementos entre constructos. Escolhas judiciosas de regiões reguladoras, meio de seleção e método de propagação do constructo introduzido podem ser experimentalmente determinadas de modo que todos os polinucleotídeos introduzidos são expressos no níveis necessários para prover a síntese dos produtos desejados.

Polipeptídeos

A invenção provê transferases de fosfopanteteínila codificadas por moléculas de ácido nucléico descritas aqui. Sintase de plicetídeo são complexos de enzimas constituídas de polipeptídeos multifuncionais que catalisam a síntese de moléculas complexas a partir de substratos simples em uma forma interativa. Em *Moritella marina*, um complexo de PKS sintetiza DHA a partir de malonil-CoA e acetil-CoA. Para ativar esse complexo, uma transferase de fosfopanteteínila é necessária. O polipeptídeo de preferência compreende uma extremidade de amino e uma extremidade de carboxila. O polipeptídeo pode compreender D-aminoácido, L-aminoácidos ou uma mistura de D- e L-aminoácidos.

Alterações da seqüência de aminoácidos nativa para produzir polipeptídeos variantes podem ser preparadas por uma variedade de meios conhecidos por aqueles normalmente versados na técnica. Por exemplo, substituições de aminoácidos podem ser convenientemente introduzidas para dentro dos polipeptídeos por mudança da seqüência da molécula de ácido nucléico na hora da síntese. Mutações específicas de sítio podem também ser introduzidas por ligação em um vetor de expressão de um oligonucleotídeo sintetizado compreendendo a seqüência modificada. Alternativamente, procedimentos de mutagênese específicos de sítio, dirigidos por oligonucleotídeo podem ser usados, tais como descritos em in Walder e outros (1986); Bauer e outros (1985); e as patentes U.S. nos. 4.518.584 e 4.737.462.

Está dentro da habilidade do técnico comum selecionar aminoácidos de ocorrência natural e sintéticos que efetuam substituições conservadoras e neutras para quaisquer aminoácidos de ocorrência natural. O técnico normalmente versado desejavelmente considerará o contexto em que qualquer substituição de aminoácido é feita, além da consideração da hidrofobicidade ou polaridade da cadeia lateral, o tamanho geral da cadeia lateral e o valor de pK de cadeias laterais com caráter ácido ou básico sob condições fisiológicas. Por exemplo, lisina, arginina, e histidina são freqüentemente adequadas entre si, e mais freqüentemente arginina e histidina. Como é também conhecido na técnica, isso é porque todos os três aminoácidos têm

cadeias laterais básicas, enquanto que o valor de pK para as cadeias laterais de lisina e arginina são muito mais próximas entre si (cerca de 10 e 12) do que histidina (cerca de 6). Similarmente, glicina, alanina, valina, leucina, ácido isoleucina são freqüentemente adequadamente substituídos entre si, com a condição de que a glicina não seja usada freqüentemente como substituta dos outros membros do grupo. Isso é, porque cada um desses aminoácidos é relativamente hidrofóbico quando incorporado em um polipeptídeo, mas glicinas carecem de um alfa-carbono que permite os ângulos phi e psi de rotação (em volta do alfa-carbono) tanto liberada conformacional que resíduos de glicinila podem disparar mudanças em conformação ou em estrutura secundárias que não freqüentemente ocorrem quando os outros aminoácido são substituídos entre si. Outros grupos de aminoácidos freqüentemente adequadamente são usados como substitutos entre si incluem, mas não são limitados ao grupo que consiste em ácidos glutâmico ou aspártico; o grupo que consiste em fenilalanina, tirosina e triptofano; e o grupo que consiste em serina, treonina e, opcionalmente, tirosina. Adicionalmente, o técnico normalmente versado pode prontamente agrupar aminoácidos sintéticos com aminoácidos de ocorrência natural.

Se desejado, os polipeptídeos podem ser modificados, por exemplo, por glicosilação, amidação, carboxilação ou fosforilação ou pela criação de um sais de adição de ácido, amidas, ésteres, em particular ésteres C-terminais, e derivados de N-acila dos polipeptídeos da invenção. Os polipeptídeos podem também ser modificados para criar derivados de proteína por formação de complexos covalentes ou não covalentes com outras porções de acordo com os métodos conhecidos na técnica. Complexos covalentemente ligados podem ser preparados por ligação das porções químicas a grupos funcionais nas cadeias laterais de aminoácidos compreendendo os polipeptídeos, ou no terminal-C ou -N. Desejavelmente, tais modificações e conjugações não adversamente afetam a atividade dos polipeptídeos (e suas variantes). Enquanto tais modificações e conjugações podem ter maior ou menor atividade, a atividade desejavelmente não é negada e é característica do polipeptídeo inalterado.

Os polipeptídeos (e fragmentos, variantes e proteínas de fusão) podem ser preparados por qualquer uma de numerosas técnicas. O polipeptídeo pode ser isolado ou substancialmente purificado de uma fonte de ocorrência natural ou de uma fonte recombinante. Por exemplo, no caso de proteínas recombinantes, um fragmento de DNA que codifica uma proteína desejada pode ser subclonado em um vetor apropriado usando-se técnicas genéticas moleculares bem-conhecidas (vide, por exemplo, Maniatis e outros, 1989) e outras referências citadas aqui sob "EXEMPLOS"). O fragmento pode ser transcrito e a proteína subsequentemente traduzida *in vitro*. Kits comercialmente disponíveis também podem ser empregados (por exemplo, tais como fabricados por Clontech, Mountain View, CA; Amersham Life Sciences, Inc., Arlington Heights, IL; Invitrogen, Carlsbad, CA e semelhantes). A reação de cadeia de polimerase opcionalmente pode ser empregada na manipulação de ácidos nucleicos.

Polipeptídeos podem ser sintetizados usando-se sintetizador de peptídeo automatizado de acordo com os métodos conhecidos na técnica. Alternativamente, o polipeptídeo (e fragmentos, variantes e proteínas de fusão) pode ser sintetizado usando-se técnicas de síntese de peptídeo padrão bem-conhecidas por aqueles de habilidade normal na técnica (vide, por exemplo, Merrifield, 1963; Barany e outros, 1987; e a patente U.S. 5.424.398). Se desejado, isso pode ser feito usando-se um sintetizador de peptídeo automatizado. Remoção dos grupos de bloqueamento de aminoácido de *t*-butiloxicarbonila (*t*-BOC) ou 9-fluorenilmetiloxicarbonila (Fmoc) e separação da proteína da resina pode ser realizada por, por exemplo, tratamento com ácido a temperatura reduzida. A mistura contendo polipeptídeo então pode ser extraída, por exemplo, com éter de dietila, para remover compostos orgânicos de não peptídicos, e a proteína sintetizada pode ser extraída a partir do pó de resina (por exemplo, com cerca de 25% p/v de ácido acético). Após a síntese do polipeptídeo, outra purificação (por exemplo, usando-se HPLC) opcionalmente pode ser feita a fim de eliminar quaisquer proteínas, polipeptídeos, peptídeos ou aminoácidos livres incompletos. Análise de aminoácido e/ou de HPLC podem ser realizadas no polipeptídeo sin-

tetizado para validar sua identidade. Para outras aplicações de acordo com a invenção, pode ser de preferência para produzir o polipeptídeo como parte de uma proteína de fusão maior, ou por conjugação química, ou através de meio genético conhecido na técnica. A esse respeito, essa invenção também

5 provê uma proteína de fusão compreendendo o polipeptídeo (ou seu fragmento) ou sua variante e um ou mais outros polipeptídeos/proteína(s) tendo quaisquer propriedades ou funções efetoras desejadas.

Ensaio para a produção e identificação de proteínas específicas são com base nas variações de propriedades físico-químicas, estruturais,

10 funcionais ou outras propriedades das proteínas. Propriedades unicamente físico-químicas ou estruturais permite que as proteínas sejam separadas e identificadas por procedimentos eletroforéticos, tal como focalização isoeletrica ou eletroforese de gel de densidade ou nativa, ou por técnicas cromatográficas tal como cromatografia de troca de íons ou de exclusão por gel.

15 As únicas estruturas de proteínas individuais oferecem oportunidades para o uso de anticorpos específicos para detectar sua presença em formatos tal como um ensaio de ELISA. Combinações de abordagens podem ser usadas para alcançar especificidade ainda maior tal como western blotting em que anticorpos são usados para localizar produtos de gene individuais que foram

20 separados pelas técnicas de eletroforese. Técnicas adicionais podem também ser usadas para confirmar absolutamente a identidade do produto de interesse tal como avaliação por sequenciação de aminoácido após purificação. Embora esses estão entre os mais comuns, outros procedimentos podem também ser usados.

25 Procedimentos de ensaio podem identificar a expressão de proteínas por sua funcionalidade, particularmente onde a proteína expressa em uma enzima capaz de catalisar reações químicas que envolvem produtos e substratos específicos. Por exemplo, em extratos de planta essas reações podem ser medidas por provisão e quantificação da perda de substratos ou

30 a geração de produtos das reações por procedimentos físicos e/ou químicos.

Em muitos casos, a expressão de um produto de gene é determinada por avaliação dos resultados fenotípicos de sua expressão. Tais ava-

liações podem ser simples como observações visuais, ou podem envolver ensaios. Tais ensaios podem tomar muitas formas, tais como análise de mudanças na composição química, morfologia, ou propriedades fisiológicas da planta. Propriedades de composição química, morfológicas ou fisiológicas da planta. Composição química pode ser alterada por expressão de genes que codificam enzimas ou proteínas de armazenagem que mudam composição de aminoácido e essas mudanças podem ser detectadas por análise de aminoácido, ou por enzimas que mudam quantidade de amido, que pode ser analisada por espectrometria de refletância de infravermelho ou por enzimas que mudam composição oleosa, que pode ser detectada por cromatografia gasosa. Mudanças morfológicas podem incluir estatura maior ou talos mais grossos.

As moléculas de ácido nucléico, constructos de DNA e polipeptídeos dessa invenção podem ser usados em métodos agrícolas e várias ensaios de triagem. Por exemplo, uma molécula de ácido nucléico pode ser usada para expressar transferase de fosfopanteteínica via um vetor em uma célula hospedeira, para detectar transcritos de mRNA que codifica transferase de fosfopanteteínica em uma amostra biológica, para detectar uma alteração genética em um gene que codifica transferase de fosfopanteteínica via Southern blot, para suprimir transferase de fosfopanteteínica ou regular para cima transferase de fosfopanteteínica. Os polipeptídeos podem ser usados para compensar deficiências em transferase de fosfopanteteínica ou para a presença de um transferase de fosfopanteteínica mutada tendo atividade reduzida ou nenhuma atividade em uma planta, ou para tratar níveis excessivos de substratos, se diretos ou indiretos, para transferase de fosfopanteteínica em uma planta. Alternativamente, os polipeptídeos podem ser usados para triar agentes quanto a capacidade de modular sua atividade. Os anticorpos podem ser usados para detectar e isolar os polipeptídeos respectivos bem como diminuir a disponibilidade de tais polipeptídeos in vivo.

30 Transformação de Planta

Em uma concretização preferida da invenção, uma planta transgênica que expressa a proteína ou proteínas desejadas é produzida. Vários

métodos para a introdução de uma seqüência de polinucleotídeos desejado que codifica a proteína desejada em células de planta são conhecidos na técnica, incluindo: (1) métodos físicos tais como microinjeção, eletroporação e fornecimento mediado por micropartículas (tecnologia de pistola de gene ou biolística); (2) fornecimento mediado por vírus; e (3) transformação mediada por *Agrobacterium*.

Os métodos mais comumente usados para a transformação de células de planta são processo de transferência de DNA mediado por *Agrobacterium* e o processo mediado por bombardeamento de partículas ou biolística. Tipicamente, transformação nuclear é desejado mas one é desejável especificamente transformar plastídios, tais como cloroplastos ou amiloplastos, plastídios de planta podem ser transformadas utilizando-se um fornecimento mediado por micropartículas dos polinucleotídeos desejados.

Transformação mediada por *Agrobacterium* é alcançada através do uso de uma bactéria de solo geneticamente modificado que pertence ao gênero *Agrobacterium*. Numerosas cepas de tipo selvagem e desemparilhadas de *Agrobacterium tumefaciens* e *Agrobacterium rhizogenes* que abrigam plasmídios de Ti ou de Ri podem ser usadas para a transferência de gene em plantas. Transferência de gene é feita via a transferência de um DNA específico conhecido como "T-DNA" que pode ser em geral engenheirado para portar qualquer pedaço desejado de DNA em muitas espécies de planta, como anteriormente elaborado, por exemplo, na patente U.S. 6.265.638 por Bidney e outros, cuja revelação é aqui incorporada aqui por referência.

Transformação genética mediada por *Agrobacterium* de plantas envolve várias etapas. A primeira etapa, em que as células de planta e *Agrobacterium virulenta* são primeiramente colocadas em contato entre si, é em geral chamada "inoculação". Inoculação é de preferência realizada por algum método de lesão para alguma das células de planta, que libera constituintes celulares de planta, tais como álcool coumarílico, sinapinato (que é reduzida a acetossirigona), álcool sinapílico, e álcool coniferílico, que ativam fatores de virulência na *Agrobacterium*. Após a inoculação células/tecidos de

planta e *Agrobacterium* são permitidos que se desenvolvam juntos por um período de várias horas até vários dias ou mais sob condições adequadas para o crescimento de transferência de T-DNA. Essa etapa é chamada "co-cultura". Após a co-cultura e fornecimento de T-DNA as células de planta

5 são tratadas com agentes bacteriocidas ou bacterioestáticos para matar a *Agrobacterium* que resta em contato com o explante e/ou no recipiente contendo o explante. Se isso é feito na ausência de quaisquer agentes seletivos para promover crescimento preferencial de células de planta transgênicas versus não transgênicas, então isso é tipicamente chamado da etapa de "a-

10 traso". Se feito na presença de uma pressão seletiva que favorece células de planta transgênicas, então é chamado de uma etapa de "seleção". Quando um "atraso" é usado, ele é tipicamente seguido por uma ou mais séries de "seleção".

Com relação a bombardeamento de micropartículas (a patente

15 U.S. 5.550.318 (Adams e outros); a patente U.S. 5.538.880 (Lundquist e outros), a patente U.S. 5.610.042 (Chang e outros); e PCT WO 95/06128 (Adams e outros); cada um das quais é especificamente incorporada aqui por referência em sua totalidade), partículas microscópicas são revestidas com ácidos nucleicos e são fornecidas em células por uma força de impulsiona-

20 mento. Partículas exemplares incluem aquelas constituídas de tungstênio, platina e de preferência ouro.

Uma concretização ilustrativa de um método para o fornecimento de DNA em células planta pela aceleração é o sistema de fornecimento de partículas biolísticas (BioRad, Hercules, CA), que pode ser usado para im-

25 pulsionar partículas revestidas com DNA ou células através de uma peneira, tal como aço inoxidável ou peneira Nytex, sobre uma superfície de filtragem recoberta com células de planta monocot cultivadas em suspensão.

Técnicas de bombardeamento de partículas são amplamente aplicáveis, e podem ser usadas para transformar virtualmente quaisquer es-

30 pécies de planta. Exemplos de espécies de planta que foram transformados pelo bombardeamento de micropartículas incluem espécie monocot tais como milho (Publicação Internacional nº WO 95/06128 (Adams e outros)), ce-

vada, trigo (a patente U.S. 5.563.055 (Townsend e outros) incorporadas aqui por referência em sua totalidade), arroz, aveia, centeio, cana-de-açúcar, e sorgo; bem como numerosas dicots incluindo tabaco, soja (a patente U.S. 5.322.783 (Tomes e outros), incorporada aqui por referência em sua totali-
 5 dade), girassol, amendoim, algodão, tomate e legume em geral (a patente U.S. 5.563.055 (Townsend e outros) incorporada aqui por referência em sua totalidade).

Para selecionar ou classificar quanto a células de planta trans-
 formadas apesar de metodologia de transformação, o DNA introduzido para
 10 dentro da célula contém um gene que funciona em um tecido de planta re-
 generável para produzir um composto que confere no tecido de planta resis-
 tência a um composto de outra maneira tóxico. Genes de interesse para o
 uso como marcador selecionável, triável, ou classificável incluiria mas são
 limitantes a β -glucuronidase (GUS), proteína fluorescente verde (GFP), luci-
 15 ferasse (LUX), genes de tolerância a antibiótico ou herbicida. Exemplos de
 genes de resistência a antibiótico incluem as penicilinas, canamicina (e ne-
 omicina, G418, bleomicina); metotrexato (e trimetoprim); cloranfenicol; ca-
 namicina e tetraciclina. Moléculas de polinucleotídeo que codificam proteínas
 envolvidas em tolerância a herbicida são conhecidas na técnica, e incluem,
 20 mas não são limitadas a uma molécula de polinucleotídeo que codifica sintase
 de 5-enolpiruvilshicimato-3-fosfato (EPSPS) descrito na patente U.S.
 5.627.061 (Barry, e outros), na patente U.S. 5.633.435 (Barry, e outros), e na
 patente U.S. 6.040.497 (Spencer, e outros) e aroA descrito na patente U.S.
 5.094.945 (Comai) para a tolerância a glifosato; uma molécula de polinucleo-
 25 tídeo que codifica bromoxinil nitrilase (Bxn) descrito na patente U.S.
 4.810.648 (Duerrschnebel, e outros) para a tolerância a Bromoxinila; uma
 molécula de polinucleotídeo que codifica fitoeno desaturase (Ccr1) descrito
 em Misawa e outros, (1993); Misawa e outros, (1994) para a tolerância a
 norflurazon; uma molécula de polinucleotídeo que codifica de sintase de áci-
 30 do acetoidróxi (AHAS, aka ALS) descrito in Sathasivam e outros (1990) para
 tolerância a herbicidas de sulfoniluréia; tanto o gene de pat descrito em Wo-
 hleben, e outros, (1988) quanto gene de bar descrito em DeBlock, e outros

(1987), cada um dos quais provê tolerância a glifosinato e bialafos.

A regeneração, desenvolvimento de cultivo de plantas a partir de vários explantes transformados são bem documentados na técnica. Essa regeneração e processo de crescimento tipicamente incluem as etapas de

5 seleção de células transformadas e cultivo daquelas células individualizadas através dos estágios usuais de desenvolvimento embrionário através do estágio de plantinha enraizada. Sementes e embriões transgênicos são similarmemente regenerados. Os brotos enraizados transgênicos resultantes são aqui em seguida plantados em um meio de crescimento de planta apropriado

10 tal como solo. Células que sobrevivem a exposição ao agente seletivo, ou células que foram classificadas positivas em um ensaio de triagem, podem ser cultivadas em meio que suporta regeneração de plantas. Plantinhas em desenvolvimento são transferidas para mistura de crescimento de planta menos solo, e são endurecidas, antes da transferência para uma estufa ou

15 câmara de crescimento para a maturação.

Essa invenção pode ser usada com qualquer tecido ou célula transformável. Por transformável como usado aqui quer se dizer uma célula ou um tecido que é capaz de outra propagação para dar origem a uma planta. Aqueles de habilidade na técnica reconhecem que numerosas células ou

20 tecidos de planta sejam transformáveis em que depois da inserção de DNA exógeno e condições de cultura apropriadas, os tecidos ou células de planta podem transformar em uma planta diferenciada. Tecido adequado para essas finalidades pode incluir mas não é limitado a embriões imaturos, tecido scutellar, culturas de célula de suspensão, inflorescência imatura, meristema

25 de broto, explantes nodais, tecido de calo, tecido hipocotila, cotiledons, raízes e folhas. Os Tomes e outros patente '783, citada acima, descreve um método de tratamento com uma citocinina seguido por incubação por um período suficiente para permitir células indiferenciadas em tecido de nó de cotiledonário para diferenciar em células meristemáticas e para permitir que

30 as células entrem nas fases entre G1 e as fases de divisão de desenvolvimento, que é afirmado para aperfeiçoar suscetibilidade para a transformação.

Qualquer meio de cultura de planta adequado pode ser usado. Meios adequados incluem mas não são limitados a meio à base de MS (Murashige and Skoog, 1962) ou meio à base de N6 (Chu e outros, 1975) suplementado com reguladores de crescimento de planta adicionais incluindo mas não limitado a auxinas, citocininas, ABA, e giberelinas. Aqueles de habilidade na técnica são familiares com uma variedade de meio de cultura de tecido, que quando suplementado apropriadamente, suportam desenvolvimento e crescimento de planta e são adequados para a transformação e a regeneração de planta. Esses meios de cultura de tecido podem ou ser adquiridos como uma preparação comercial ou preparados ou modificados habituais. Aqueles de habilidade na técnica estão cientes que meios e suplementos de meio tais como nutrientes ou reguladores de crescimento para o uso na transformação e regeneração e outras condições de cultura tais como intensidade de luz durante a incubação, pH, e temperaturas de incubação que podem ser otimizadas para a variedade particular de interesse.

Depois que um constructo de DNA é estavelmente incorporado em plantas transgênicas e é confirmado ser operável, ele pode ser introduzido em outras plantas da mesma ou de uma outra espécie sexualmente compatível por cruzamento sexual. Qualquer numerosas técnicas de reprodução padrão podem ser usadas, dependendo da espécie a ser cruzada. Portanto, a invenção atual não apenas inclui uma planta diretamente transformada ou regenerada a partir de células que foram transformadas de acordo com a invenção atual, mas também a progênie de tais plantas. Como usado aqui o termo "progênie" significa a prole de qualquer geração de uma planta de origem preparada de acordo com a presente invenção, em que a progênie compreende um constructo de DNA selecionado preparado de acordo com a invenção. "Cruzamento" de uma planta para prover uma linha de planta tendo um ou mais transgenes ou alelos adicionados em relação a uma linha de planta de partida, como descrito aqui, é definido como as técnicas que resultam em uma sequência particular sendo introduzida para dentro de uma linha de planta por cruzamento de uma linha de partida com linha de planta doadora que compreende um transgene ou um alelo da invenção.

Para alcançar isso poderia, por exemplo, realizar as seguintes etapas: (a) sementes de planta da primeira (linha de partida) e da segunda (linha de planta de doador que compreende um alelo ou transgene desejado) plantas de origem; (b) desenvolver as sementes da primeira e segunda plantas de
 5 origem em plantas que portam flores; (c) polinizar uma forma a partir da primeira planta de origem com pólen oriundo da segunda planta de origem; e (d) semente coletadas produzidas na planta de origem que portam as flores fertilizadas.

Retro-cruzamento é aqui definido como o processo incluindo as
 10 etapas de: (a) cruzamento de uma planta em um primeiro genótipo contendo um gene desejado, elemento ou sequência de DNA para dar uma planta de um segundo genótipo que carece do dito gene desejado, sequência ou elemento DNA; (b) seleção de uma ou mais planta de progênie contendo o gene desejado; sequência o elemento de DNA; (c) cruzamento da planta de
 15 progênie para dar o segundo genótipo; e (d) etapas de repetição (b) e (c) para a finalidade de transferência de uma sequência de DNA desejada de uma planta de um primeiro genótipo para uma planta de segundo genótipo.

Introgressão de um elemento de DNA para dentro de um genótipo de planta é definida como o resultado do processo de conversão por retro-
 20 cruzamento. Um genótipo de planta em que uma sequência de DNA foi introgressada pode ser chamada de um genótipo convertido por retro-cruzamento, linhagem, congênto ou híbrido. Similarmente um genótipo de planta que carece da sequência de DNA desejada pode ser chamado de um genótipo não convertido, linhagem, congênito ou híbrido.

25 Sementes, farinha grossa, óleo e produtos compreendendo sementes, farinha grossa e óleo

Essa invenção também provê um recipiente de acima de cerca de 1000, mais de preferência cerca de 20.000, e ainda mais de preferência cerca de 40.000 de sementes onde acima de cerca de 10%, mais de preferência cerca de 25%, mais de preferência cerca de 50%, e ainda mais de
 30 preferência cerca de 75% ou mais de preferência cerca de 90% das sementes são sementes derivados de uma planta dessa invenção.

Essa invenção também provê um recipiente de acima de cerca de 10 kg, mais de preferência cerca de 25 kg, e ainda mais de preferência cerca de 50 kg de sementes onde acima de cerca de 10%, mais de preferência cerca de 25%, com mais preferência cerca de 50%, e ainda mais de preferência cerca de 75% ou mais de preferência cerca de 90% das sementes são sementes derivadas de uma planta dessa invenção.

Qualquer uma das plantas ou suas partes dessa invenção pode ser coletadas e, opcionalmente processadas para produzir uma preparação oleosa, farinha grossa ou alimentícia. Uma parte de planta particularmente preferida para essa finalidade é grão colhido, mas outras partes de planta podem ser colhidas e são usadas para forragem ou silagem. Métodos para produzir preparações alimentícias, farinha grossa e oleosas são conhecidas na técnica. Vide, por exemplo, as patentes U.S. 4.957.748; 5.100.679; 5.219.596; 5.936.069; 6.005.076; 6.146.669; e 6.156.227. O grão ou farinha grossa dessa invenção podem ser combinados com outros grãos ou farinhas grossas.

Métodos

A presente invenção provê um método para a provisão de plantas transgênicas com um teor aumentado de DHA ou EPA. Esse método inclui, por exemplo, introdução do DNA que codifica transferase de fosfopanteteínica bem como um complexo de PKS para dentro das células de planta e plantas de regeneração com teor de DHA ou de EPA aumentado a partir das células transgênicas.

Mais especificamente, a invenção provê um método de produção de um óleo de planta contendo DHA ou EPA compreendendo as etapas de (a) desenvolvimento de uma planta compreendendo a célula hospedeira transformada com um constructo de DNA compreendendo um promotor heterólogo operavelmente ligado a uma molécula de DNA que codifica um polipeptídeo tendo atividade de transferase de fosfopanteteínica, em que a molécula de DNA é selecionada do grupo que consiste em: um polinucleotídeo que hibridiza para dar SEQ. ID NO: 6 ou SEQ. ID NO: 8, ou um seu complemento, sob condições de 5X SSC, 50% de formamida e 42°C; um polinu-

cleotídeo que codifica a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO: 7; um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo com pelo menos 75% de identidade de seqüência com uma seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO: 7; um polinucleotídeo que codifica o polipeptídeo de SEQ ID NO: 1; e um polinucleotídeo que codifica o polipeptídeo da SEQ ID NO: 3 em que a célula hospedeira ulteriormente compreende sintase de policetídeo; (b) produção de semente; e (c) processamento da semente para se obter um óleo.

A presente invenção ulteriormente provê um método de provisão de plantas transgênicas que podem conter níveis elevados de DHA ou de EPA, em que os ditos elevados são maiores do que os níveis encontrados em plantas não transformadas.

Para a suplementação de dieta, os PUFAs purificados, plantas ou partes de planta transformadas, ou seus derivados, podem ser incorporados em óleos, gorduras ou margarinas de cozinhar formulados de modo que no uso normal o receptor recebesse a quantidade desejada. Os PUFAs podem também ser incorporados em suplementos nutricionais, outros produtos alimentícios ou fórmulas infantis, e podem encontrar uso como agentes anti-inflamatórios ou de diminuição de colesterol.

Como usado aqui, "composição comestível" é definida como composições que podem ser ingeridas por um mamífero tais como gêneros alimentícios, substâncias nutricionais e composições farmacêuticas. Como usado aqui "gêneros alimentícios" referem-se a substâncias que podem ser usadas ou preparadas para o uso como alimento para um mamífero e incluem substâncias que podem ser usadas na preparação de alimento (tais como óleos de fritura) ou aditivos alimentícios. Por exemplo, gêneros alimentícios incluem animais usados para o consumo humano ou qualquer produto a partir do mesmo, tais como, por exemplo, ovos. Gêneros alimentícios incluem mas não são limitados a bebidas (por exemplo, refrigerantes, bebidas carbonatadas, bebidas prontas para misturar), alimentos introduzidos (por exemplo, frutas e vegetais), molho, condimentos, molhos de salada, sucos de fruta, xaropes, sobremesas (por exemplo, pudim, gelatina, glaces, e re-

cheios, produtos de padaria, sobremesas congeladas, tais como sorvetes e sorvetes cuja base é água), produtos congelados moles (por exemplo, cremes congelados moles, sorvetes congelados moles e iogurtes, coberturas congeladas moles tais como coberturas batidas de laticínios ou de não laticínios), óleos e produtos emulsificados (por exemplo, gordura, margarina, maionese, manteiga, óleo de cozinhar, e molhos de salada) e alimentos de umidade intermediária (por exemplo, arroz e ração de cachorro).

Além do mais, composições comestíveis descritas aqui podem também ser ingeridas como um aditivo ou suplemento contido em alimentos e bebidas. Essas formulações juntamente com uma substância nutricional tais como várias vitaminas e minerais e incorporadas em composições substancialmente líquidas tais como bebidas de nutriente, leites de soja e sopas; composições substancialmente sólidas; e gelatinas ou usadas na forma de um pó para ser incorporado em vários alimentos. O teor do ingrediente em tal alimento funcional ou saudável pode ser similar à dose contida em um agente farmacêutico típico.

Os PUFAs purificados, plantas ou partes de planta transformadas podem também ser incorporados em ração animal, particularmente animais de criação. Desse modo, os próprios animais podem se beneficiar de uma dieta rica em PUFA, enquanto consumidores humanos de produtos alimentícios produzidos a partir de tais animais de criação podem também se beneficiar.

Para o uso farmacêutico (humano ou veterinário), as composições podem em geral ser administradas por qualquer rota pela qual elas podem ser absorvidas com sucesso, por exemplo, parenteral (isto é, subcutaneamente, intramuscularmente ou intravenosamente), retalmente, vaginalmente, topicamente, por exemplo, como loção ou pomada de pele. Os PUFAs, partes de planta ou plantas transformadas da presente invenção podem ser administrados sozinhos ou em combinação com um excipiente ou veículo farmacêuticamente aceitável. Onde disponível, cápsulas de gelatina são a forma preferida da administração oral. Suplementação de dieta como indicada acima pode também prover uma rota de administração oral. Os ácidos

insaturados da presente invenção podem ser administrados em formas conjugadas, ou como sais, ésteres, amidas ou pró-fármacos dos ácidos graxos. Qualquer sal farmacologicamente aceitável está incluído pela presente invenção; especialmente preferido são sais de sódio, de potássio ou de lítio. Também incluídos são os sais de N-alquilpoliidroxamina, tal como N-metil glucamina, encontrados na publicação de PCT WO 96/33155. Os ésteres preferidos são os ésteres de etila. Como sais de sólido, os PUFAs também podem ser administrados em forma de comprimido. Para a administração intravenosa, os PUFAs ou seus derivados podem ser incorporados em formulações comerciais tais como intralipídios.

Exemplos

Os seguintes exemplos estão incluídos para ilustrar as concretizações da invenção. Seria apreciado por aqueles de habilidade na técnica que as técnicas reveladas nos exemplos que se seguem representam técnicas reveladas pelo inventor para funcionar bem na prática da invenção. No entanto, aqueles de habilidade na técnica, à luz da presente revelação, apreciariam que muitas mudanças podem ser feitas nas concretizações específicas que são reveladas e ainda obtêm um resultado semelhante ou similar sem se afastar do conceito, espírito e escopo da invenção. Mais especificamente, estará evidente que certos agentes que são tanto quimicamente quanto fisiologicamente relacionados podem ser usados como substitutos dos agentes descritos aqui embora os mesmos resultados ou resultados similares não fossem alcançados. Todos os tais substituintes e modificações aparentes por aqueles versados na técnica são julgados estarem dentro do espírito, escopo e conceito da invenção como definidos pelas reivindicações anexos.

Exemplo 1

Clonagem de Sequências de transferase de fosfopanteteínica

Três transferases de fosfopanteteínica bacterianas foram clonadas. A sequência de aminoácidos da transferase de fosfopanteteínica (Ppt) oriunda de *Shewanella* SCRC-2738 (SEQ ID NO: 17) foi usada para busca de base de dados públicos para novos ppts que funcionam na biossíntese de

EPA ou de DHA. Essa busca forneceu ppts putativos da *Shewanella oneidensis* MR-1 (SEQ ID NO: 1) (So-ppt) e *Colwellia psychrerythraea* (SEQ ID NO: 3) (Cp-ppt). As seqüências de ácidos nucléicos de ppts oriundas de *Shewanella oneidensis* MR-1 (SEQ ID NO: 2) e *Colwellia psychrerythraea* (SEQ ID NO:4) foram clonadas usando-se o sistema Expand High Fidelity PCR (Roche, Applied Science, Indianapolis, IN) com os seguintes pares iniciadores:

Shew new 5': tcgagctcgcatatgaagattgagcttttttataacc (SEQ ID NO: 9)

Shew 3': tcttaattaattagtcagccaaactagccgc (SEQ ID NO: 10)

10 Colwe new 5': tcgagctcgcatatgacttcttttctcaatctg (SEQ ID NO: 11)

Colwe 3': tcttaattaattagatttctgataaccaagtag (SEQ ID NO: 12).

Os genes foram ampliados para 25 ciclos com a temperatura de fusão ajustada a 55°C e 52°C para os ppts de *Shewanella* e *Colwellia*, respectivamente. Os produtos de PCR foram digeridos com NdeI e PaeI e foram ligados em Novagen pACYC-Duet-1 digeridos por NdeI e PaeI (EMD Biosciences, Darmstadt, Alemanha) resultando na formação de pMON68081 (figura. 1) e pMON68080 (figura. 2) respectivamente.

Para clonar a transferase de fosfopanteteínica de *Moritella marina* (Mm-ppt), as seqüências de nucleotídeos do ppt de *Shewanella* SCRC-2738 (SEQ ID NO:18), o ppt de *C. psychrerythraea*, e o ppt de *S. oneidensis* MR-1 foram alinhados para identificar a região mais conservada dessas seqüências. Uma região de seqüência de nucleotídeos conservada no So-ppt (bps 425 –635 de SEQ ID NO: 2) e Cp-ppt (bps 389 – 596 de SEQ ID NO: 4) foi identificada por esse alinhamento e seqüência nessa região was chosen to generate sondas usando-se DNA genômico a partir de *C. psychrerythraea* e *S. oneidensis* MR-1 como DNAs de modelo e os iniciadores abaixo:

Shewanella F1 taggtgtcgatattgagcggg (SEQ ID NO: 13)

Shewanella R1 tcaaaggcaaaggattttaac (SEQ ID NO: 14)

Colwellia F1 tcggtgtgatgttgaaaatac (SEQ ID NO: 15)

30 *Colwellia* R1 taaaactaaaatcagcgagt (SEQ ID NO: 16).

Sondas marcadas com digoxigenina foram geradas usando-se o kit de PCR DIG Probe Synthesis (Roche) de acordo com o protocolo dos

fabricantes para 30 ciclos de 30 s cada a 94°C, 55 °C, e 65°C seguido por uma incubação de 7 min a 65°C e incubação subsequente a 4°C. As sondas marcadas com digoxigenina foram usadas em uma hibridização de Southern para sondar seqüências homólogas em DNA genômico total de *M. marina* com *S. oneidensis* MR-1 e *C. psychrerythraea* como controles positivos. A hibridização foi realizada a 30°C usando-se DIG Easy Hyb (Roche) de acordo com o protocolo do fabricante. O filtro foi lavado duas vezes usando-se 0,5 x SSC, 0,1% de SDS a temperatura ambiente. Sondas marcadas com Dig foram visualizadas usando-se a Anti-Digoxigenin-AP, fragmentos de Fab e lavagem Dig e conjunto de tampão de bloqueamento (Roche) de acordo com o protocolo dos fabricantes.

Os sinais mais fortes oriundos do DNA de *M. marina* DNA foram obtidos usando-se a sonda de *Colwellia*. Em alguns casos esses sinais coincidiam com sinais fracos obtidos a partir de DNA de *M. marina* usando-se a sonda de *Shewanella*.

Com base na experiência de hibridização Southern, digestos de *Bgl*III e *Pst*I de DNA de *M. marina* foram escolhidos para clonar os fragmentos de hibridização. DNA genômico total foi digerido com *Bgl*III ou *Pst*I, foi fracionado pelo tamanho em um gel de agarose e o fragmento de tamanho apropriado foi extirpado. Os fragmentos de DNA foram purificados usando-se o kit Qiagen Gel Extraction (Qiagen, Valencia, CA). Alíquotas de DNA fracionado foram realizadas em um gel de agarose e foram manchadas sobre uma membrana de náilon (Roche, Mannheim, Alemanha) usando-se um Turboblotter (Schleicher & Schuell, Keene, NH), de acordo com o protocolo dos fabricantes. O fragmento alvo foi identificado por uma hibridização Southern usando-se a sonda de *Colwellia*.

A fração 5 de *Bgl*III e a fração 4 de *Pst*I foram escolhidas para gerar um biblioteca parcial em pSP72 (Promega, Madison, WI). Essas bibliotecas foram transformadas em DH5α de *Escherichia coli* e combinações de clones foram divididos em alíquotas nas cavidades de uma placa de 96 cavidades para o crescimento no período da noite. Alíquotas de cultura foram giradas por rotação, o sobrenadante foi descartado, e os péletes de célula

foram ressuspensas em 10 µl de solução de SDS a 10%. Os péletes de célula foram aquecidos por 1 min a 100°C e foram manchadas sobre membranas de náilon (Roche). DNA foi desnaturado por incubação de 5 min em NaOH a 0,5 M, contendo NaCl a 1,5 M, foi neutralizado por incubação de 5 min em Tris/HCl a 0,5 M, pH 7,6 contendo NaCl a 1,5 M, foi lavado por 5 min em 2 x SSC, e foi fixado por incubação com UV por 1 min em um Stratagene UV-Stratalinker 2400 (Stratagene, La Jolla, CA) de acordo com o protocolo dos fabricantes. O blot foi sondado com a sonda de ppt de *Colwellia*. Sinais positivos foram rastreados para a cavidade de origem e uma alíquota oriunda daquelas cavidades foi laminada a fim de se obter colônias simples. Aquelas colônias simples foram inoculadas em 250 µl de LB contendo 100 mg/l de carbampicilina. Células foram desenvolvidas e o procedimento de hibridização descrito acima foi repetido para identificar cavidades contendo clones positivos simples. Clones positivos foram desenvolvidas e DNA de plasmídeo foi isolado e foi digerido com BglII, PvuII, PstI, ou Sall. Esses digestos foram usados em uma hibridização Southern para confirmar clones positivos. Nesse ponto todos os clones restantes demonstraram ser positivos.

Três dos clones finais (dois clones de BglII e um clone de PstI) foram escolhidos para análise de sequência de DNA. Análise de bioinformática da sequência completa revelou que o clone de PstI continha apenas um Mm-ppt parcial, enquanto os clones de BglII continham um quadro de leitura aberto completo. A sequência de DNA completa de todos os três clones foram montados em um contig. Um clone de BglII foi escolhido para outras experiências de clonagem (pMON96400). A sequência de aminoácidos putativa do Mm-ppt é mostrada na SEQ ID NO: 5 se o códon de partida é TTG (chamado de Mm-ppt longo). Um códon de partida alternativo usando-se Met é encontrado em aminoácido 43 de SEQ ID NO: 5 (fornecendo um polipeptídeo chamado de Mm-ppt curto SEQ ID NO: 7). A sequência de ácidos nucleicos de Mm-ppt longa é SEQ ID NO: 6. A sequência de ácidos nucleicos de Mm-ppt curta é mostrada na SEQ ID NO: 8. Uma comparação do relacionamento de aminoácido das Ppts da invenção é mostrada na Tabela 1.

Tabela 1: Seqüência de aminoácidos identidade de transferases de fosfopanteteínila

	Colwellia psychrerythraea	Shewanella SCRC 2738	Schewanella oneidensis MRI
Moritella marina (long)	60,9%	31,5%	30,0%
Colwellia psychrerythraea		32,4%	33,5%
Shewanella SCRC 2738			46,6%

Exemplo 2

Expressão de Seqüências de transferase de fosfopanteteínila em Escherichia coli

Para demonstrar funcionalidade das ppts descrita no Exemplo 1, os genes de sintase de policetídeo de Moritella marina (PKS) foram clonados nos vetores de Novagen pDUET (EMD, Biosciences, Darmstadt, Alemanha), um conjunto de 4 vetores de expressão de E. coli compatíveis. Esse PKS
10 consiste em 4 polipeptídeos codificados pelos ácidos nucléicos orf5 (SEQ ID NO: 20), orf6 (SEQ ID NO: 22), orf7 (SEQ ID NO: 24) e orf8 (SEQ ID NO: 26), que são descritos como orf6, orf7, orf8, e orf9 na patente U.S. nº 6.140.486, respectivamente. Os vetores de expressão pMON94547 (Orf5 e Orf6) (figura 3), pMON94544 (Orf7) (figura 4) e pMON94534 (Orf8) (figura 5)
15 foram construídos usando-se 3 dos vetores de pDUET. O quarto vetor de pDUET foi usado para a expressão de ppt.

Para se obter um PKS enzimaticamente ativo, o produto de expressão de Orf5 exige pantetenilação, que é catalisado pela Ppt. Cada uma das ppts bacterianas foi clonada em pACYC-DUET-1. A construção de
20 pMON68081 e pMON68080 é descrita no Exemplo 1. Similarmente as duas diferentes ppts de M. marina putativas, Mm-ppt curta ou Mm-ppt longa, foram clonadas na mesma base de vetor como a Colwellia e as ppts de Shewanella ppts para fornecer pMON68084 (figura 6) e pMON68085 (figura 7), respectivamente. O iniciador de Mm-ppt longo PCR® (SEQ ID NO: 27) mudou a partida de TTG putativa em um ATG. Cada ppt é então expressa jun-
25

tamente com genes de PKS de *M. marina* em *E. coli*, é incubada por 24 h, e as células de *E. coli* liofilizadas são metiladas diretamente com ácido sulfúrico/metanol, e os ésteres de metila de ácido gaxo são analisados quanto ao teor de EPA e DHA por cromatografia gasosa. Os resultados são mostrados abaixo na Tabela 2.

Tabela 2

Combinação de gene	DHA produzido
PKS apenas	Não
PKS + Mm-ppt longa	Sim
PKS + Mm-ppt curta	Sim
PKS + So-ppt	Sim
PKS + Cp-ppt	Sim
PKS - Orf8 + Cp-ppt	Não

Co-expressão do PKS de *Moritella marina* completa com qualquer uma das transferases de fosfopanteteínica testadas em *E. coli* resultou no acúmulo de DHA, enquanto expressão do PKS de *M. marina* sem co-expressão de uma Ppt não resultou em acúmulo de DHA. Coexpressão da Cp-ppt com um PKS incompleto (perdendo Orf8) também não resultou em acúmulo de DHA. Esses resultados demonstram que todas as PPTs testadas pantotenilavam o PKS de *M. marina* resultando na formação de um complexo de múltiplas enzimas ativas.

Foi demonstrado que Orf7 (Orf8 na patente U.S. 6.140.486) controla o comprimento de cadeia no produto final de PKSs de produção de PUFA. O PKS de *Shewanella putrefaciens* produz EPA. Nas experiências em *E. coli* contendo o grupo de PKS de *S. putrefaciens*, um mutante de deleção de orf7 produziu DHA quando complementado com orf7 de *Moritella marina*. A Ppt usada para ativar o PKS não muda o produto, portanto, as Ppts dessa invenção são usadas para produzir EPA quando combinadas com um PKS produtor de EPA e DHA quando combinado com um PKS produtor de DHA.

Exemplo 3

Expressão de Sequências de transferase de fosfopanteteínica em Plantas

Para demonstrar a capacidade do PKS de *M. marina*, incluindo a ppt de *M. marina*, para sintetizar DHA em plantas, vários pacotes de expressão de planta foram gerados. Os genes para orf5-8 foram modificados para a expressão em plantas dicotiledôneas. É conhecido que seqüências de co-

5 dificação de proteína endógena não podem expressar bem em plantas (a patente U.S. 5.880.275, aqui incorporada por referência). Portanto, usando-se as seqüências de polipeptídeos de PKS nativas para Orfs5-8 (SEQ ID NOS: 19, 21, 23, e 25), seqüências de polinucleotídeos de codificação de proteína artificial foram projetadas e foram construídas por 1) uso de uma

10 "codon usage bias" similar àquele de proteínas de soja altamente expressas, e por 2) remoção de elementos de desestabilização de RNA anteriormente caracterizados e conhecidos como afetando estabilidade de mRNA na planta (a patente U.S. 5.880.275) e por introdução de uma seqüência de Kozak antes do códon de partida de ATG (Joshi e outros, 1997). As seqüências de

15 polinucleotídeos modificadas resultantes codificam polipeptídeos idênticos na seqüência para dar os polipeptídeos nativos.

O vetor binário pMON97063 (figura 8) contém os pacotes de expressão para orf5 (modificado por códon, SEQ ID NO: 28) (sob o controle do promotor de FMV.35S-enh com o líder de L-Ph.DnaK) e Mm-ppt curta (SEQ

20 ID NO: 8) (sob o controle do promotor de CaMV35S-enh e o líder de L-CaMV35S). Esse vetor porta o gene de Bar como marcador selecionável. O vetor binário pMON94563 (figura 9) foi gerado por clonagem dos pacotes de expressão para orf6 (modificado por códon, SEQ ID NO: 29) (sob o controle do promotor de CaMV35S-enh com o líder de L-CaMV35S) orf7 (modificado

25 por códon, SEQ ID NO: 30) (sob o controle do promotor de FMV35S-enh com o líder de L-Ph.DnaK), e orf8 (modificado por códon, SEQ ID NO: 31) (sob o controle do promotor CaMV35S-enh com o líder de L-CaMV35S). pMON94563 porta o marcador de CP4 que provê resistência a glifosato. O vetor binário pMON97066 (figura 10) contém o mesmo pacote de expressão

30 que pMON94563, mas com o pacote de orf7 precedente do pacote de orf6 ao invés do seguinte dele. Todos os constructos eram seqüência varificada por seqüenciação de DNA.

Os pares de vetor binário pMON97063 e pMON94563 ou pMON97063 e pMON97066 são contranformados em *Arabidopsis thaliana* usando-se transformação mediada por *Agrobacterium*. Plantas são regeneradas e material de folha das plantas de R1 *Arabidopsis* e semente de R2 dessas plantas é analisada quanto à composição e teor de ácido graxo.

Para gerar um vetor binário de múltiplos genes simples que co-lheita todos os 4 genes de PKS e a ppt o vetor binário de baixo número de cópias pMON83934 foi digerido com HindIII e NotI e foi ligado com um polilí-gador que consiste em oligômeros MCS-3 (SEQ ID NO: 32) e MCS-4 de DNA (SEQ ID NO: 33). O vetor resultante foi designado pMON68091. Os pacotes de expressão para orf6, orf7, orf8 e o marcador selecionável de CP4 foram extirpados por digesto de HindIII/BsiWI de pMON94563 e ligado no pMON68091 digerido por HindIII/BsiWI. O vetor binário resultante é digerido com Ascl e BsiWI e é ligado com pacotes de expressão contendo orf5 e Mm-ppt de pMON97063 extirpado por digesto de BsiWI/Ascl. O vetor binário re-sultante, pMON96401 (figura 11), é transformado por meio de transformação mediada por *Agrobacterium* em *Arabidopsis thaliana* e soja. Plantas são re-generadas e material de semente e folha oriundos dessas plantas são análi-sados quanto à composição e teor de ácido graxo.

Eventos 48 R1 contendo pMON96401 foram gerados em *Arabi-dopsis*. Semente R2 maduro oriundo desse estudo foi analisado por croma-tografia gasosa. 9 dos 48 eventos analisados produziram DHA (Tabela 3).

Tabela 3: DHA content of pMON96401-contendo seed

Evento	Construto	Geração	DHA
AT_G3764	pMON96401	R2	0,07
AT_G3756	pMON96401	R2	0,05
AT_G3732	pMON96401	R2	0,04
AT_G3737	pMON96401	R2	0,03
AT_G3730	pMON96401	R2	0,03
AT_G3740	pMON96401	R2	0,03
AT_G3728	pMON96401	R2	0,02
AT_G3750	pMON96401	R2	0,02

Evento	Construto	Geração	DHA
AT_G3748	pMON96401	R2	0,02
Controle		variedade	0

Caracterização molecular de 4 eventos contendo DHA de R2 Arabidopsis transformado com semente de pMON96401 são representados na Tabela 4. Os dados demonstram que eventos que produziam DHA eram positivos para a presença dos 5 transgenes como determinado por ensaio de ponto final TaqMan® (Applied Biosystems, Foster City, CA)

Tabela 4: Presença de gene de pMON96401 de Arabidopsis

Amostra	DHA	PKS5	PKS-Ppt	PKS6	PKS7	PKS8
Controle	0	neg	neg	neg	neg	neg
At_G3748	0,02	POS	POS	POS	POS	POS
At_G3756	0,04	POS	POS	POS	POS	POS
At_G3764	0,04	POS	POS	POS	POS	POS
At_G3764	0,07	POS	POS	POS	POS	POS

Na geração R3 de semente de Arabidopsis pMON96401, o fenótipo persistia com uma faixa de 0,025-0,1% de DHA por cromatografia gasosa. O pico de cromatografia gasosa foi confirmado como DHA por cromatografia gasosa/tempo de espectrometria de massa de vôo com óleo de peixe como um padrão.

Para a expressão específica de semente do PKS de Moritella marina, os genes modificados por códon ou nativos são clonados como pacotes de expressão de gene simples usando-se promotores específicos de semente tais como p7Sa, p7Sa', Arcelin-5, USP88, pNapin, pFAE ou pOleosin. Subseqüente esses pacotes de expressão são montados para combinar todos os cinco genes em um vetor binário simples usando-se um vetor binário de baixo número de cópias tal como pMON83934 como vetor de base. Os vetores de cinco genes resultantes (cada um deles colhendo todos os quatro genes de PKS mais o pacote de expressão de ppt) podem conter os pacotes de expressão em ordem ou orientação variável em relação entre si. Esses vetores são transformados em soja e a semente de soja resultante são analisadas quanto à composição e teor de ácido graxo.

Um exemplo de um vetor de múltiplos gene para a expressão específica de semente do PKS de *M. marina* e ppt de *M. marina* segue. Pacotes de expressão para a expressão específica de semente do PKS aumentado por códon de dicot e genes de ppt são montados como descritos na

- 5 Tabela 5. Os pacotes de expressão são montados na orientação de cabeça para o cauda resultando na formação de pMON78528 (figura 12). Esse vetor binário é transformado em soja e *Arabidopsis* usando-se transformação mediada por *Agrobacterium* e a semente resultante são analisadas quanto à composição e teor de ácido graxo.
- 10 Tabela 5: Pacotes de expressão específicos de semente para PKS de *M. marina*.

Promotor	GOI	3'UTR
napin (SEQ ID NO: 35)	<i>Mm-ppt short</i> (SEQ ID NO:34)	napin 3' (SEQ ID NO:36)
Arcelin 5	Orf1 (SEQ ID NO:30)	Arcelin 5 3'
7Sa'	Orf6 (SEQ ID NO:29)	7Sa' 3'
7Sa	Orf8 (SEQ ID NO:31)	nos 3'
USP88	Orf5 (SEQ ID NO:28)	Adr12

- Para demonstrar a capacidade do PKS de *M. marina*, juntamente com a ppt de *M. marina*, para sintetizar DHA em milho, vários pacotes de expressão de planta são gerados. Os genes para orfs 5-8 e uma ppt são
- 15 modificados para a expressão em planta monocotiledônea. É conhecido que seqüências de codificação de proteína não endógenas não podem expressar bem em plantas (a patente U.S. 5.880.275, aqui incorporada por referência). Portanto, usando-se as seqüências de polipeptídeos de Ppt e de Orf nativas anteriormente descritas, seqüências de polinucleotídeos de codificação de
- 20 proteína artificial são projetadas e são construídas por 1) uso de uma "codon usage bias" similar àquele de proteínas de milho altamente expressas, e por 2) remoção de elementos de desestabilização de RNA anteriormente caracterizados e conhecidos por afetar a estabilidade de mRNA em planta (a patente U.S. 5.880.275). As seqüências de polinucleotídeos modificadas resul-
- 25 tantes codificam polipeptídeos idênticos na seqüência aos polipeptídeos na-

- tivos. Explantes transformados são obtidos através de transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens* para vetores contendo as seqüências de polinucleotídeos modificadas. Plantas são regeneradas a partir de tecido transformado. As plantas desenvolvidas em estufa são então analisadas quanto a gene de níveis de expressão de interesse bem como composição oleosa, incluindo DHA ou EPA.

Exemplo 4

Clonagem de seqüências de sintase de policetídeo

- Oito genes de sintase de policetídeo candidatos foram clonados oriundos de 2 espécies. As seqüências de aminoácidos deduzidas de genes de PKS de *M. marina* (SEQ ID NOS: 19, 21, 23 e 25) foram usados para buscar base de dados disponíveis para novos genes de sintase de policetídeo in *Shewanella oneidensis* (ATCC # 700550) e *Colwellia psychrerythrae* (ATCC # BAA-681). *S. oneidensis* acumula EPA enquanto *C. psychrerythrae* acumula DHA. Com base nisso, acreditava-se que a produção de PUFA production nessas bactérias resultassem de um mecanismo de PKS. A busca forneceu um conjunto de 4 genes de PKS candidatos a partir de cada bactéria. Usando-se técnicas de clonagem por PCR, esses genes foram clonadas em TOPO vetores de clonagem, a seqüência verificada e subclonada em vetores de expressão de Duet (vide Tabela 6). Expressão do orf5 de *S. oneidensis* juntamente com os orf6, orf7, orf8, e ppt de *M. marina* em *E. coli* demonstrou resultar na formação de até 0.2% de DHA como determinado por cromatografia gasosa, confirmando a função prevista do orf5 de *S. oneidensis*. Similarmente, a função de cada gene listado na Tabela 6 é confirmada por expressão com os genes de PKS de *M. marina* em *E. coli* ou por expressão do gene de PKS completo oriundo de *Shewanella* ou *Colwellia* ou uma combinação das duas espécies em *E. coli*. Alternativamente a função é demonstrada em plantas.

Tabela 6: Vetores de expressão de *E. coli* para genes de PKS de *Shewanella* e de *Colwellia*.

Organismo fonte	Designação de gene	Vetor de expressão de <i>E. coli</i>
<i>Shewanella oneidensis</i>	orf5 SEQ ID NO: 37	pMON108255
<i>Shewanella oneidensis</i>	orf6 SEQ ID NO: 38	pMON108256
<i>Shewanella oneidensis</i>	orf7 SEQ ID NO: 39	pMON108258
<i>Shewanella oneidensis</i>	orf 8 SEQ ID NO: 40	pMON108259
<i>Moritella marina</i> <i>Shewanella oneidensis</i>	orf6 SEQ ID NO: 22 orf5 SEQ ID NO: 37	pMON108252
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	orf5 SEQ ID NO: 41	pMON108267
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	orf7 SEQ ID NO: 43	pMON108269
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	orf8 SEQ ID NO: 44	pMON108270
<i>Colwellia psychrerythrae</i>	orf5 SEQ ID NO: 41 orf6 SEQ ID NO: 42	pMON108268

Referências

- As referências listadas abaixo são incorporadas aqui por referência na medida que elas suplementam, explicam, provêem uma base para, ou ensinam metodologia, técnicas e/ou composições empregadas aqui.
- a patente U.S. 4.518.584, a patente U.S. 4.737.462, a patente U.S. 4.810.648, a patente U.S. 4.957.748, a patente U.S. 4.965.188, a patente U.S. 5.094.945, a patente U.S. 5.100.679, a patente U.S. 5.176.995, a patente U.S. 5.196.525, a patente U.S. 5.219.596, a patente U.S. 5.290.924, a patente U.S. 5.322.783, a patente U.S. 5.359.142, a patente U.S. 5.424.398, a patente U.S. 5.424.412, a patente U.S. 5.500.365, a patente U.S. 5.538.880, a patente U.S. 5.550.318, a patente U.S. 5.563.055, a patente U.S. 5.610.042, a patente U.S. 5.627.061, a patente U.S. 5.633.435, a patente U.S. 5.641.876, a patente U.S. 5.880.275, a patente U.S. 5.936.069, a patente U.S. 6.005.076, a patente U.S. 6.040.497, a patente U.S. 6.140.486, a patente U.S. 6.140.486, a patente U.S. 6.140.486, a patente U.S. 6.140.486, a patente U.S. 6.146.669, a patente U.S. 6.156.227, a patente U.S. 6.265.638, a patente U.S. 6.319.698, a patente U.S. 6.433.252, a paten-

- te U.S. 6.451.567. o Pedido U.S. 10/235.618. o Pedido U.S. 10/429.516, a Publicação U.S.. 2004 0039058, a Publicação U.S.. 2004 0235127
- Allen and Bartlett, *Microbiology*, 148(Pt 6):1903-1913, 2002.
- Baerson e outros, *Plant Mol. Biol.*, 22(2):255-267, 1993.
- 5 Barany e outros, *Int. J. Peptide Protein Res.*, 30:705-739, 1987.
- Bauer e outros, *Gene*, 37:73, 1985.
- Belanger and Kriz, *Genet.*, 129:863-872, 1991.
- Bevan e outros, *Nucleic Acids Res.*, 11(2):369-385, 1983.
- Bodanszky, In: *Principles of Peptide Synthesis*, Springer-Verlag, Heidelberg,
- 10 1984.
- Bustos, e outros, *Plant Cell*, 1(9):839-853, 1989.
- Callis e outros, *Genes Dev.*, 1:1183-1200, 1987.
- Chandler e outros, *Plant Cell*, 1:1175-1183, 1989.
- Chen e outros, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 83:8560-8564, 1986.
- 15 Chu e outros, *Scientia Sinica*, 18:659-668, 1975.
- De Deckerer, *Eur. J. Clin. Nutr.*, 52:749, 1998.
- DeBlock e outros, *EMBO J.*, 6:2513-2519, 1987.
- Ebert e outros, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 84:5745-5749, 1987.
- Freitag and Selker, *Curr. Opin. Genet. Dev.*, 15(2):191-199, 2005.
- 20 Gallie e outros, *The Plant Cell*, 1:301, 1999.
- Hong e outros, *Plant Mol. Biol.*, 34(3):549-555, 1997.
- Hudspeth and Grula, *Plant Mol. Biol.*, 12:579-589, 1989.
- Ingelbrecht e outros, *Plant Cell*, 1:671-680, 1989.
- James e outros, *Semin. Arthritis Rheum.*, 28:85, 2000.
- 25 Joshi e outros, *Plant Mol. Biol.*, 35(6):993-1001 1997.
- Joshi, *Nucleic Acids Res.*, 15:6643-6653, 1987.
- Kridl e outros, *Seed Sci. Res.*, 1:209-219, 1991.
- Kridl e outros, *Seed Sci. Res.*, 1:209-219, 1991.
- Lawton e outros, *Plant Mol. Biol.* 9:315-324, 1987.
- 30 Lopes e outros, *Mol. Gen. Genet.*, 247:603-613, 1995.
- Maniatis, e outros, *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Press, Cold Spring Harbor, N.Y., 1989.

- Manzioris e outros, *Am. J. Clin. Nutr.*, 59:1304, 1994.
- Maundrell, *J. Biol. Chem.*, 265(19):10857-10864, 1990.
- McElroy e outros, *Mol. Gen. Genet.*, 231(1):150-160, 1991.
- Merrifield, *J. Am. Chem. Soc.*, 85:2149-2154, 1963.
- 5 Metz e outros, *Science*, 293(5528):290-293, 2001.
- Misawa e outros, *Plant J.*, 4:833-840, 1993.
- Misawa e outros, *Plant J.*, 6:481-489, 1994.
- Murashige and Skoog, *Physiol. Plant*, 15:473-497, 1962.
- Naylor e outros, *Nature*, 405:1017, 2000.
- 10 Pedido PCT WO 04071467A2
 Pedido PCT WO 05103253A1
 Pedido PCT WO 2002/50295
 Pedido PCT WO 95/06128
 Pedido PCT WO 96/33155
- 15 Pedersen e outros, *Cell*, 29:1015-1026, 1982.
- Recombinant DNA Part D, *Methods in Enzymology*, Vol. 153, Wu and Grossman, eds., Academic Press, 1987.
- Richins e outros, *Nucleic Acids Res.*, 20:8451, 1987.
- Riggs, e outros, *Plant Cell*, 1(6):609-621, 1989.
- 20 Russell e outros, *Transgenic Res.*, 6(2):157-168, 1997.
- Sambrook e outros, In: *Molecular cloning: a laboratory manual*, 2nd Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.
- Sathasiivan e outros, *Nucl. Acids Res.*, 18:2188-2193, 1990.
- Simopoulos e outros, *Am. Coll. Nutr.*, 18:487, 1999.
- 25 Simopoulos, *Can. J. Physiol. Pharmacol.* 75:234-239, 1997
- Slocombe e outros, *Plant Physiol.*, 104(4):167-176, 1994.
- Stacey e outros, *Plant Mol. Biol.*, 31:1205-1216, 1996.
- Sullivan e outros, *Mol. Gen. Genet.*, 215(3):431-440, 1989.
- Turner and Foster, *Molecular Biotech.*, 3:225, 1995.
- 30 Vasil e outros, *Plant Physiol.*, 91:1575-1579, 1989.
- Walder e outros, *Gene*, 42:133, 1986.
- Walker e outros, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 84:6624, 1987.

Wang e outros, Molec. Cell. Biol., 12(8):3399-3406, 1992.

Wohlleben e outros, Gene, 70:25-37, 1988.

Yang e outros, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87:9568-9572, 1990.

LISTAGEM DE SEQUÊNCIA

5 <110> APPLICANT: Valentin, Henry
 Peng, Jiexin
 Screen, Steven

<120> TÍTULO DA INVENÇÃO: **TRANSFERASES DE FOSFOPANTETEÍNILA ORIUNDAS DAS BACTÉRIAS**

<130> ARQUIVO DE REFERÊNCIA: MONS:097US

10 <140> NUMERO DO RECORRENTE PEDIDO: US/11/668,354

<141> DATA DO CORRENTE ARQUIVO: 2007-01-29

<150> NÚMERO ANTERIOR DE PEDIDO: 60/763644

<151> NÚMERO ANTERIOR DO PEDIDO: 2006-01-31

<160> NÚMERO DAS SEQUÊNCIAS SEQ ID NOS: 44

15 <170> SOFTWARE: PatentIn version 3.3

<210> SEQ ID NO 1

<211> COMPRIMENTO: 318

<212> TIPO: PRT

<213> ORGANISMO: Shewanella oneidensis

20 <400> SEQUÊNCIA: 1

Met Lys Ile Glu Leu Phe Phe Ile Pro Leu Ala Glu Met Asp Ala Glu
 1 5 10 15

Met Val Ser Arg Cys Met Ala Leu Leu Ser Glu Asp Glu Arg Ala Lys
 20 25 30

25 Val Ala Arg Tyr Leu Ala Pro Lys Ala Gln Met Asn Gly Leu Leu Val
 35 40 45

Arg Ala Ala Leu Arg Cys Val Leu Ser Gln Gly Leu Gln Ser Pro Asn
 50 55 60

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

30 Ala Pro Gln Asp Trp Cys Phe Glu Tyr Gly Ala Lys Gly Lys Pro Ser
 85 90 95

Leu Cys His Glu Gln Phe Leu Lys Thr Gly Ile Glu Phe Asn Leu Ser
 100 105 110
 His Ser Gly Asp Trp Leu Leu Ile Ala Leu Ala Gln Gly Arg Ala His
 115 120 125
 5 Thr Lys Phe Ile Asp Gln Ser Ala Lys Thr Arg Leu Gly Leu Gly Val
 130 135 140
 Asp Ile Glu Arg Ala Arg Ala Ser Thr Asn Ile Tyr Pro Ile Leu Asn
 145 150 155 160
 His Tyr Phe Ser Ala Arg Glu Thr Glu Ala Leu Leu Ala Leu Pro Gly
 10 165 170 175
 Glu Thr Ala His Arg Gln Arg Phe Phe Asp Leu Trp Ala Leu Lys Glu
 180 185 190
 Ser Tyr Ile Lys Ala Thr Gly Leu Gly Leu Ala Gln Ser Leu Lys Ser
 195 200 205
 15 Phe Ala Phe Glu Leu Met Pro Asp Ala Leu Val Glu Val His Pro Asn
 210 215 220
 Gln Val Ala Leu Arg His Glu Trp Val Glu Leu Lys Arg Arg Glu Pro
 225 230 235 240
 Phe Ala Leu Pro Ser Gln Leu Lys Leu Tyr Cys Glu Ile Lys Pro Thr
 20 245 250 255
 Ala Ala Phe Leu Pro Asp Ser Ala His Pro Pro Pro Glu Asn Leu His
 260 265 270
 Val Gln Ser Tyr Phe Gly Arg Leu Asp Glu Glu Tyr Arg Phe Gly Leu
 275 280 285
 25 Ser Leu Ile His Pro Asn Ala Leu Ser Asn Val Gln Ile Ser Met Thr
 290 295 300
 Leu Ala Ser Ile Lys Ser Leu Leu Ala Ala Ser Leu Ala Asp
 305 310 315

<210> SEQ ID NO 2

30 <211> COMPRIMENTO: 957

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Shewanella oneidensis

<400> SEQUÊNCIA: 2

5

10

15

atgaagattg agcttttttt tataaccatta gccgagatgg atgctgaaat ggtgagccgt 60
 tgtatggcgc tgttgagtga ggacgagcgt gcaaaagtgg cgcgttacct tgcgccaag 120
 gcgcaaatga atggcttatt ggtgagcgc gcgctgcgct gtgtcttata tcaagggctg 180
 caatctccaa atgaatcttc acttaacgca ttttcatcta acacaggctc actaccatt 240
 gctccccaag attggtgttt tgagtatggg gcaaagggca aaccagctct ctgccatgag 300
 cagtttctga agacgggtat tgagttaaac ttaagccaca gtggcgactg gttattgata 360
 gccttggcgc aaggcggggc tcatacaaaa ttcacgac aaagtgcata aactcgctta 420
 ggtttagtg tcgatattga gcgggcccgc gcaagcaca atatttacc cattctgaat 480
 cattattttt ctgcgcgaga aaccgaggcg ctactggcat tgccgggga aaccgcccac 540
 cgccaacgat tttttgacct gtgggcgctt aaagagtcct acatcaaggc aacaggttta 600
 ggcttagcgc agtcgttaaa atcctttgcc tttgagtga tgcctgatgc acttgctgag 660
 gtccatcca atcaagtagc gcttcgcat gaatgggttg aacttaaaag gcgagaaccc 720
 tttgcgttac caagccagct taaattgtat tgcgagatta agcctacggc ggcgtttctg 780
 cccgattctg cgcacccgc gccagaaaac ttgcacgtgc aaagctactt tggcggctt 840
 gatgaggaat atcgctttgg cttgagtctc attcatccta acgcgctatc gaatgtgcag 900
 atttcgatga cgcttgccag catcaaatcg ttgtagcgg ctagtttggc tgactaa 957

<210> SEQ ID NO 3

<211> COMPRIMENTO: 282

20

<212> TIPO: PRT

<213> ORGANISMO: Colwellia psychrerythraea

<400> SEQUÊNCIA: 3

25

30

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

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

<210> SEQ ID NO 4

<211> COMPRIMENTO: 849

<212> TIPO: DNA

30 <213> ORGANISMO: Colwellia psychrerythraea

<400> SEQUÊNCIA: 4

atgacttctt ttctcaatc tgaactctcc actcgaacaa aagaaaagct cgaccttgct

	gccaatgaaa ttcatatatg ggtaacaaaa ccggaagagt tactcggcaa tgatgagtta	120
	ttagcaacct actcaacatt attaacgagt acagaaacag ccaaacagca acgatataag	180
	tttgctaaag atagacacga tgccttgatt actcgcgctt tcatacgcga tttattatct	240
	tattatgctg atgtagcacc gcaagattgg cagtttgaaa aaggtaataa agataaacct	300
5	gaagttatta attgcccact gccgctgctc tttaacatca gccatacaaa aaatcttata	360
	atttgcgctg taacgcttga ggatgatatc ggttgatgag ttgaaaatac cggccgcaac	420
	aataatgtat tagcgattgc tgaacgttat ttttcttcta aagaaataga tgaacttttt	480
	gcgctgccag aagcacaaca acgcaatcgg ttttttgatt attggacatt aaaagagtct	540
	tatattaaag cttgggggtt aggttttagcg ataccactcg ctgattttag ttttaaaatt	600
10	aacgataccg aacataatca taacggttta ttactatca agcaggacat taacctaagc	660
	tttgctgagc atagagtaga tgaaccacaa atttggcgta gctgggttagt ttaccaacg	720
	gctgccatag atgaaaaaca agaaccaccg atcgcgtgat cgtaagagc aaccagcgac	780
	aatcaaaaaa ctgactacca attacgttct ttaataccc tgcccctact tggttatcag	840
	gaaatctaa	849
15	<210> SEQ ID NO 5	
	<211> COMPRIMENTO: 329	
	<212> TIPO: PRT	
	<213> ORGANISMO: Moritella marina	
	<400> SEQUÊNCIA: 5	
20	Leu Val Gln Leu Lys Thr Tyr Asp Glu Thr Arg Leu Arg Ser Asp Gly	
	1 5 10 15	
	Val Asn Tyr Leu Gly Gly Asn Leu Ser Tyr Tyr Gln Ala Cys Asn Gly	
	20 25 30	
	Lys Arg Ile Ile Leu Val Ser Ile Leu Ile Met Tyr Ser Gly Val Lys	
25	35 40 45	
	Asp Lys Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu Ile His Leu Trp Ser Val Thr	
	50 55 60	
	Pro Gln Thr Ile Gln Gln Pro Glu Leu Leu Gln Ala Tyr Ser Gln Leu	
	65 70 75 80	
30	Leu Ser Pro Ala Glu Thr Ile Lys Gln Gln Arg Phe Arg Phe Glu Lys	
	85 90 95	
	Asp Arg His Asn Ala Leu Ile Thr Arg Ala Phe Val Arg Asp Leu Leu	

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

30 <210> SEQ ID NO 6

<211> COMPRIMENTO: 990

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 6

5

ttggtacagc	ttaaaaccta	tgacgaaaca	agattacgca	gtgatggggt	taattacctt	60
ggtggttaacc	ttagctatta	tcaagcgtgt	aatggcaagc	gaattattct	ggtatccatt	120
ctaattatgt	acagcggcgt	aaaagataag	ctcacctca	ctacaaatga	aatccattta	180
tggtcggtta	ctccgcaaac	tatccaacag	cctgaattat	tacaggctta	tagccaactg	240
ttatcacctg	cagaaacaat	aaaacaacaa	cgctttcgat	ttgaaaaaga	tcgtcacaat	300
gctctcatca	ctcgtgcttt	cgtcctgat	ttattatctc	actatgcaga	tgttttaccg	360
gctgattggc	agtttgtgaa	gggggaaaag	gataaaccag	agatagcgaa	tccccactc	420
ccactgcgct	ttaatattag	tcataccgat	aacttaatca	tttgtgccgt	catgctcaat	480
gatgatatcg	gttgtgatgt	cgaaaataca	ctgcgtagca	gtaatgtctt	gagtattgct	540
aaacattcat	tctcagatag	tgaattcaat	gatttactta	ctcaaccac	tgcaacaaca	600
accagtcgtt	tttttgatta	ctggacgtta	aaagaatctt	atatcaaagc	atggggccttg	660
ggtttatcga	tcccgttgaa	agatttcagc	ttcacgctac	ccgaaggctt	tcaacagcag	720
tatcaacaag	aagatcagca	agaaaaccag	cattgtattg	ataccattaa	attaagcttt	780
gcacctcacc	gtattgataa	tcccaacatt	tggcgtcatt	ggctgttcta	tccaaataat	840
accacagag	ttgcactggc	tgtgcgcgcg	cgaagtaata	atcagcagac	tgaatataaa	900
atgcgatttt	ttaattcgac	accactgatt	aatatcactg	aaacacttat	ttttaaacct	960
gagactaatt	ttaaacctga	cgctaaatag				990

10

15

<210> SEQ ID NO 7

<211> COMPRIENTO: 287

<212> TIPO: PRT

<213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 7

25

Met Tyr Ser Gly Val Lys Asp Lys Leu Thr Leu Thr Thr Asn Glu Ile

1 5 10 15

His Leu Trp Ser Val Thr Pro Gln Thr Ile Gln Gln Pro Glu Leu Leu

20 25 30

Gln Ala Tyr Ser Gln Leu Leu Ser Pro Ala Glu Thr Ile Lys Gln Gln

30

35 40 45

Arg Phe Arg Phe Glu Lys Asp Arg His Asn Ala Leu Ile Thr Arg Ala

50 55 60

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

<210> SEQ ID NO 8

30 <211> COMPRIMENTO: 864

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 8

5 atgtacagcg gcgtaaaaga taagctcacc ctactacaa atgaaatcca tttatggtcg 60
 gttactccgc aaactatcca acagcctgaa ttattacagg ctatagcca actgttatca 120
 cctgcagaaa caataaaaca acaacgcttt cgatttgaaa aagatcgta caatgctctc 180
 atcactcgtg ctttcgtccg tgatttatta tctactatg cagatgtttt accggctgat 240
 tggcagtttg tgaaggggga aaaggataaa ccagagatag cgaatcccc actcccactg 300
 cgctttaata ttagtcatac cgataactta atcatttggtg ccgtcatgct caatgatgat 360
 atcggttgtg atgtcgaaaa tacactgcgt agcagtaatg tcttgagtat tgctaaacat 420
 tcattctcag atagtgaatt caatgattta cttactcaac cactgcaca acaaaccagt 480
 10 cgtttttttg attactggac gttaaaagaa tcttatatca aagcatgggg cttgggttta 540
 tcgatcccg tgaagattt cagcttcacg ctaccgaag gctttcaaca gcagtatcaa 600
 caagaagatc agcaagaaaa ccagcattgt attgatacca ttaaattaag ctttgcacct 660
 caccgtattg ataatcccaa catttggcgt cattggctgt tctatccaaa taataccac 720
 agagttgcac tggctgtgcg cgcgcgaagt aataatcagc agactgaata taaaatgcga 780
 15 ttttttaatt cgacaccact gattaatatc actgaaacac ttatttttaa acctgagact 840
 aattttaaac ctgacgctaa atag 864

<210> SEQ ID NO 9

<211> COMPRIMENTO: 38

<212> TIPO: DNA

20 <213> ORGANISMO: Artificial

<220> FEATURE:

<223> OTHER INFORMATION: Primer

<400> SEQUÊNCIA: 9

tcgagctcgc atatgaagat tgagcttttt ttataacc 38

25 <210> SEQ ID NO 10

<211> COMPRIMENTO: 31

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Artificial

<220> FEATURE:

30 <223> OTHER INFORMATION: Primer

<400> SEQUÊNCIA: 10

tcttaattaa ttagtcagcc aaactagccg c 31

<210> SEQ ID NO 11
 <211> COMPRIMENTO: 34
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Artificial
 5 <220> FEATURE:
 <223> OTHER INFORMATION: Primer
 <400> SEQUÊNCIA: 11
 tcgagctcgc atatgacttc tttttctcaa tctg 34
 <210> SEQ ID NO 12
 10 <211> COMPRIMENTO: 34
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Artificial
 <220> FEATURE:
 <223> OTHER INFORMATION: Primer
 15 <400> SEQUÊNCIA: 12
 tcttaattaa ttagatttcc tgataaccaa gtag 34
 <210> SEQ ID NO 13
 <211> COMPRIMENTO: 21
 <212> TIPO: DNA
 20 <213> ORGANISMO: Artificial
 <220> FEATURE:
 <223> OTHER INFORMATION: Primer
 <400> SEQUÊNCIA: 13
 taggtgtcga tattgagcgg g 21
 25 <210> SEQ ID NO 14
 <211> COMPRIMENTO: 21
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Artificial
 <220> FEATURE:
 30 <223> OTHER INFORMATION: Primer
 <400> SEQUÊNCIA: 14
 tcaaaggcaa aggattttaa c 21

<210> SEQ ID NO 15
 <211> COMPRIMENTO: 22
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Artificial
 5 <220> FEATURE:
 <223> OTHER INFORMATION: Primer
 <400> SEQUÊNCIA: 15
 tcggttgatga tggtagaaat ac 22
 <210> SEQ ID NO 16
 10 <211> COMPRIMENTO: 21
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Artificial
 <220> FEATURE:
 <223> OTHER INFORMATION: Primer
 15 <400> SEQUÊNCIA: 16
 ttaaaactaa aatcagcgag t 21
 <210> SEQ ID NO 17
 <211> COMPRIMENTO: 329
 <212> TIPO: PRT
 20 <213> ORGANISMO: Shewanella sp. SCRC-2738
 <400> SEQUÊNCIA: 17
 Met Leu Thr Ser Arg Leu Ile Ser Leu Tyr Phe Cys Pro Leu Thr Ile
 1 5 10 15
 Gln Glu Cys Asp Asn Gln Thr Thr Glu Leu Val Lys Ser Trp Leu Pro
 25 20 25 30
 Glu Asp Glu Leu Ile Lys Val Asn Arg Tyr Ile Lys Gln Glu Ala Lys
 35 40 45
 Thr Gln Gly Leu Met Val Arg Gly Tyr Leu Arg Ala Leu Leu Ser Gln
 50 55 60
 30 His Ser Glu Ile Arg Pro Asn Glu Trp Arg Phe Glu Tyr Gly Asp Lys
 65 70 75 80
 Gly Lys Pro Arg Leu Ser Asp Ala Gln Phe Ala Gln Thr Gly Val His

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

<211> COMPRIMENTO: 990

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Shewanella sp. SCRC-2738

<400> SEQUÊNCIA: 18

5	ttgctaactt ctcgattgat ttccttatac ttctgtccgt taacaatata agagtgcgat	60
	aaccagacta cagagttggt taagtcattg ctgcctgaag atgagttaat taaggttaat	120
	cgctacatta aacaagaagc taaaactcaa ggtttaatgg taagaggcta tttgcgcgt	180
	ttattgtcac aacatagtga aatagcccc aatgaatggc gctttgaata tggcgacaaa	240
	ggtaagccta gattgagtga tgcgcaatgt gctcaaaccg gggccactt taatgtgagt	300
10	catagtggag attggctatt agtaggcatt tgcactgctg ataataaagg cgccagtcag	360
	gcaagcaagg aggaaactga ctctgctagt attgagtttg gcgtcgacat tgagcgttgc	420
	cgtaacagca ccaatatcca ctctattctt agtcattatt tctctgaatc agaaaagcga	480
	gccttggttag cgttaccaga ggccttgtag cgagaccgct tttttgattt gtgggcgctc	540
	aaggagtctt acattaaagc gaaaggactt gggctggcat tatcgctaaa atcttttgcg	600
15	tttgacttct ctgcactgag cgaaactttt cttggagtta atgcaccta aagcttgagc	660
	cattgtgttg atatttccga tgctattgag gatcacaagg ttgagcatca acttaatcag	720
	cgacagggtt tgttaaaaca agatattggt cttgctttac tagagtcgag ttctaataag	780
	cctaacgctg agccacaaaa gtctggttta ggtttgattg aggctaaaga acagcaaatg	840
	aacgctgctg ataattggca ttgtttactg ggccatcttg atgatagtta tcgttttgca	900
20	ctgagtattg gtcagtgtca gcaaataagt attgcagcag aagaagtga ttttaaagct	960
	gttggttcgag cttcagctaa gactagctag	990

<210> SEQ ID NO 19

<211> COMPRIMENTO: 2652

<212> TIPO: PRT

25 <213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 19

Met	Ala	Lys	Lys	Asn	Thr	Thr	Ser	Ile	Lys	His	Ala	Lys	Asp	Val	Leu
1				5					10					15	
Ser	Ser	Asp	Asp	Gln	Gln	Leu	Asn	Ser	Arg	Leu	Gln	Glu	Cys	Pro	Ile
				20					25					30	
Ala	Ile	Ile	Gly	Met	Ala	Ser	Val	Phe	Ala	Asp	Ala	Lys	Asn	Leu	Asp

35

40

45

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

Glu Asp Ala Glu Arg Asp Gly Asp Lys Ile Tyr Ser Val Leu Lys Gly
 305 310 315 320
 Ile Gly Thr Ser Ser Asp Gly Arg Phe Lys Ser Ile Tyr Ala Pro Arg
 325 330 335
 5 Pro Asp Gly Gln Ala Lys Ala Leu Lys Arg Ala Tyr Glu Asp Ala Gly
 340 345 350
 Phe Ala Pro Glu Thr Cys Gly Leu Ile Glu Gly His Gly Thr Gly Thr
 355 360 365
 Lys Ala Gly Asp Ala Ala Glu Phe Ala Gly Leu Thr Lys His Phe Gly
 10 370 375 380
 Ala Ala Ser Asp Glu Lys Gln Tyr Ile Ala Leu Gly Ser Val Lys Ser
 385 390 395 400
 Gln Ile Gly His Thr Lys Ser Ala Ala Gly Ser Ala Gly Met Ile Lys
 405 410 415
 15 Ala Ala Leu Ala Leu His His Lys Ile Leu Pro Ala Thr Ile His Ile
 420 425 430
 Asp Lys Pro Ser Glu Ala Leu Asp Ile Lys Asn Ser Pro Leu Tyr Leu
 435 440 445
 Asn Ser Glu Thr Arg Pro Trp Met Pro Arg Glu Asp Gly Ile Pro Arg
 20 450 455 460
 Arg Ala Gly Ile Ser Ser Phe Gly Phe Gly Gly Thr Asn Phe His Ile
 465 470 475 480
 Ile Leu Glu Glu Tyr Arg Pro Gly His Asp Ser Ala Tyr Arg Leu Asn
 485 490 495
 25 Ser Val Ser Gln Thr Val Leu Ile Ser Ala Asn Asp Gln Gln Gly Ile
 500 505 510
 Val Ala Glu Leu Asn Asn Trp Arg Thr Lys Leu Ala Val Asp Ala Asp
 515 520 525
 His Gln Gly Phe Val Phe Asn Glu Leu Val Thr Thr Trp Pro Leu Lys
 30 530 535 540
 Thr Pro Ser Val Asn Gln Ala Arg Leu Gly Phe Val Ala Arg Asn Ala
 545 550 555 560

	Asn	Glu	Ala	Ile	Ala	Met	Ile	Asp	Thr	Ala	Leu	Lys	Gln	Phe	Asn	Ala	
					565					570						575	
	Asn	Ala	Asp	Lys	Met	Thr	Trp	Ser	Val	Pro	Thr	Gly	Val	Tyr	Tyr	Arg	
					580				585						590		
5	Gln	Ala	Gly	Ile	Asp	Ala	Thr	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Leu	Phe	Ser	Gly	
					595				600						605		
	Gln	Gly	Ser	Gln	Tyr	Val	Asn	Met	Gly	Arg	Glu	Leu	Thr	Cys	Asn	Phe	
					610				615					620			
	Pro	Ser	Met	Met	His	Ser	Ala	Ala	Ala	Met	Asp	Lys	Glu	Phe	Ser	Ala	
10	625					630						635				640	
	Ala	Gly	Leu	Gly	Gln	Leu	Ser	Ala	Val	Thr	Phe	Pro	Ile	Pro	Val	Tyr	
					645						650					655	
	Thr	Asp	Ala	Glu	Arg	Lys	Leu	Gln	Glu	Glu	Gln	Leu	Arg	Leu	Thr	Gln	
					660					665					670		
15	His	Ala	Gln	Pro	Ala	Ile	Gly	Ser	Leu	Ser	Val	Gly	Leu	Phe	Lys	Thr	
					675				680						685		
	Phe	Lys	Gln	Ala	Gly	Phe	Lys	Ala	Asp	Phe	Ala	Ala	Gly	His	Ser	Phe	
					690				695					700			
	Gly	Glu	Leu	Thr	Ala	Leu	Trp	Ala	Ala	Asp	Val	Leu	Ser	Glu	Ser	Asp	
20	705					710						715				720	
	Tyr	Met	Met	Leu	Ala	Arg	Ser	Arg	Gly	Gln	Ala	Met	Ala	Ala	Pro	Glu	
					725						730					735	
	Gln	Gln	Asp	Phe	Asp	Ala	Gly	Lys	Met	Ala	Ala	Val	Val	Gly	Asp	Pro	
					740					745					750		
25	Lys	Gln	Val	Ala	Val	Ile	Ile	Asp	Thr	Leu	Asp	Asp	Val	Ser	Ile	Ala	
					755					760					765		
	Asn	Phe	Asn	Ser	Asn	Asn	Gln	Val	Val	Ile	Ala	Gly	Thr	Thr	Glu	Gln	
					770					775					780		
	Val	Ala	Val	Ala	Val	Thr	Thr	Leu	Gly	Asn	Ala	Gly	Phe	Lys	Val	Val	
30	785					790						795				800	
	Pro	Leu	Pro	Val	Ser	Ala	Ala	Phe	His	Thr	Pro	Leu	Val	Arg	His	Ala	
					805						810					815	

Gln Lys Pro Phe Ala Lys Ala Val Asp Ser Ala Lys Phe Lys Ala Pro
 820 825 830
 Ser Ile Pro Val Phe Ala Asn Gly Thr Gly Leu Val His Ser Ser Lys
 835 840 845
 5 Pro Asn Asp Ile Lys Lys Asn Leu Lys Asn His Met Leu Glu Ser Val
 850 855 860
 His Phe Asn Gln Glu Ile Asp Asn Ile Tyr Ala Asp Gly Gly Arg Val
 865 870 875 880
 Phe Ile Glu Phe Gly Pro Lys Asn Val Leu Thr Lys Leu Val Glu Asn
 10 885 890 895
 Ile Leu Thr Glu Lys Ser Asp Val Thr Ala Ile Ala Val Asn Ala Asn
 900 905 910
 Pro Lys Gln Pro Ala Asp Val Gln Met Arg Gln Ala Ala Leu Gln Met
 915 920 925
 15 Ala Val Leu Gly Val Ala Leu Asp Asn Ile Asp Pro Tyr Asp Ala Val
 930 935 940
 Lys Arg Pro Leu Val Ala Pro Lys Ala Ser Pro Met Leu Met Lys Leu
 945 950 955 960
 Ser Ala Ala Ser Tyr Val Ser Pro Lys Thr Lys Lys Ala Phe Ala Asp
 20 965 970 975
 Ala Leu Thr Asp Gly Trp Thr Val Lys Gln Ala Lys Ala Val Pro Ala
 980 985 990
 Val Val Ser Gln Pro Gln Val Ile Glu Lys Ile Val Glu Val Glu Lys
 995 1000 1005
 25 Ile Val Glu Arg Ile Val Glu Val Glu Arg Ile Val Glu Val Glu
 1010 1015 1020
 Lys Ile Val Tyr Val Asn Ala Asp Gly Ser Leu Ile Ser Gln Asn
 1025 1030 1035
 Asn Gln Asp Val Asn Ser Ala Val Val Ser Asn Val Thr Asn Ser
 30 1040 1045 1050
 Ser Val Thr His Ser Ser Asp Ala Asp Leu Val Ala Ser Ile Glu
 1055 1060 1065

	Arg	Ser	Val	Gly	Gln	Phe	Val	Ala	His	Gln	Gln	Gln	Leu	Leu	Asn
	1070							1075					1080		
	Val	His	Glu	Gln	Phe	Met	Gln	Gly	Pro	Gln	Asp	Tyr	Ala	Lys	Thr
	1085							1090					1095		
5	Val	Gln	Asn	Val	Leu	Ala	Ala	Gln	Thr	Ser	Asn	Glu	Leu	Pro	Glu
	1100							1105					1110		
	Ser	Leu	Asp	Arg	Thr	Leu	Ser	Met	Tyr	Asn	Glu	Phe	Gln	Ser	Glu
	1115							1120					1125		
	Thr	Leu	Arg	Val	His	Glu	Thr	Tyr	Leu	Asn	Asn	Gln	Thr	Ser	Asn
10	1130							1135					1140		
	Met	Asn	Thr	Met	Leu	Thr	Gly	Ala	Glu	Ala	Asp	Val	Leu	Ala	Thr
	1145							1150					1155		
	Pro	Ile	Thr	Gln	Val	Val	Asn	Thr	Ala	Val	Ala	Thr	Ser	His	Lys
	1160							1165					1170		
15	Val	Val	Ala	Pro	Val	Ile	Ala	Asn	Thr	Val	Thr	Asn	Val	Val	Ser
	1175							1180					1185		
	Ser	Val	Ser	Asn	Asn	Ala	Ala	Val	Ala	Val	Gln	Thr	Val	Ala	Leu
	1190							1195					1200		
	Ala	Pro	Thr	Gln	Glu	Ile	Ala	Pro	Thr	Val	Ala	Thr	Thr	Pro	Ala
20	1205							1210					1215		
	Pro	Ala	Leu	Val	Ala	Ile	Val	Ala	Glu	Pro	Val	Ile	Val	Ala	His
	1220							1225					1230		
	Val	Ala	Thr	Glu	Val	Ala	Pro	Ile	Thr	Pro	Ser	Val	Thr	Pro	Val
	1235							1240					1245		
25	Val	Ala	Thr	Gln	Ala	Ala	Ile	Asp	Val	Ala	Thr	Ile	Asn	Lys	Val
	1250							1255					1260		
	Met	Leu	Glu	Val	Val	Ala	Asp	Lys	Thr	Gly	Tyr	Pro	Thr	Asp	Met
	1265							1270					1275		
	Leu	Glu	Leu	Ser	Met	Asp	Met	Glu	Ala	Asp	Leu	Gly	Ile	Asp	Ser
30	1280							1285					1290		
	Ile	Lys	Arg	Val	Glu	Ile	Leu	Gly	Ala	Val	Gln	Glu	Leu	Ile	Pro
	1295							1300					1305		

	Asp	Leu	Pro	Glu	Leu	Asn	Pro	Glu	Asp	Leu	Ala	Glu	Leu	Arg	Thr
	1310							1315						1320	
	Leu	Gly	Glu	Ile	Val	Asp	Tyr	Met	Asn	Ser	Lys	Ala	Gln	Ala	Val
	1325							1330						1335	
5	Ala	Pro	Thr	Thr	Val	Pro	Val	Thr	Ser	Ala	Pro	Val	Ser	Pro	Ala
	1340							1345						1350	
	Ser	Ala	Gly	Ile	Asp	Leu	Ala	His	Ile	Gln	Asn	Val	Met	Leu	Glu
	1355							1360						1365	
	Val	Val	Ala	Asp	Lys	Thr	Gly	Tyr	Pro	Thr	Asp	Met	Leu	Glu	Leu
10	1370							1375						1380	
	Ser	Met	Asp	Met	Glu	Ala	Asp	Leu	Gly	Ile	Asp	Ser	Ile	Lys	Arg
	1385							1390						1395	
	Val	Glu	Ile	Leu	Gly	Ala	Val	Gln	Glu	Ile	Ile	Thr	Asp	Leu	Pro
	1400							1405						1410	
15	Glu	Leu	Asn	Pro	Glu	Asp	Leu	Ala	Glu	Leu	Arg	Thr	Leu	Gly	Glu
	1415							1420						1425	
	Ile	Val	Ser	Tyr	Met	Gln	Ser	Lys	Ala	Pro	Val	Ala	Glu	Ser	Ala
	1430							1435						1440	
	Pro	Val	Ala	Thr	Ala	Pro	Val	Ala	Thr	Ser	Ser	Ala	Pro	Ser	Ile
20	1445							1450						1455	
	Asp	Leu	Asn	His	Ile	Gln	Thr	Val	Met	Met	Asp	Val	Val	Ala	Asp
	1460							1465						1470	
	Lys	Thr	Gly	Tyr	Pro	Thr	Asp	Met	Leu	Glu	Leu	Gly	Met	Asp	Met
	1475							1480						1485	
25	Glu	Ala	Asp	Leu	Gly	Ile	Asp	Ser	Ile	Lys	Arg	Val	Glu	Ile	Leu
	1490							1495						1500	
	Gly	Ala	Val	Gln	Glu	Ile	Ile	Thr	Asp	Leu	Pro	Glu	Leu	Asn	Pro
	1505							1510						1515	
	Glu	Asp	Leu	Ala	Glu	Leu	Arg	Thr	Leu	Gly	Glu	Ile	Val	Ser	Tyr
30	1520							1525						1530	
	Met	Gln	Ser	Lys	Ala	Pro	Val	Ala	Glu	Ser	Ala	Pro	Val	Ala	Thr
	1535							1540						1545	

	Ala	Ser	Val	Ala	Thr	Ser	Ser	Ala	Pro	Ser	Ile	Asp	Leu	Asn	His
	1550							1555					1560		
	Ile	Gln	Thr	Val	Met	Met	Glu	Val	Val	Ala	Asp	Lys	Thr	Gly	Tyr
	1565							1570					1575		
5	Pro	Val	Asp	Met	Leu	Glu	Leu	Ala	Met	Asp	Met	Glu	Ala	Asp	Leu
	1580							1585					1590		
	Gly	Ile	Asp	Ser	Ile	Lys	Arg	Val	Glu	Ile	Leu	Gly	Ala	Val	Gln
	1595							1600					1605		
	Glu	Ile	Ile	Thr	Asp	Leu	Pro	Glu	Leu	Asn	Pro	Glu	Asp	Leu	Ala
10	1610							1615					1620		
	Glu	Leu	Arg	Thr	Leu	Gly	Glu	Ile	Val	Ser	Tyr	Met	Gln	Ser	Lys
	1625							1630					1635		
	Ala	Pro	Val	Ala	Glu	Ala	Pro	Ala	Val	Pro	Val	Ala	Val	Glu	Ser
	1640							1645					1650		
15	Ala	Pro	Thr	Ser	Val	Thr	Ser	Ser	Ala	Pro	Ser	Ile	Asp	Leu	Asp
	1655							1660					1665		
	His	Ile	Gln	Asn	Val	Met	Met	Asp	Val	Val	Ala	Asp	Lys	Thr	Gly
	1670							1675					1680		
	Tyr	Pro	Ala	Asn	Met	Leu	Glu	Leu	Ala	Met	Asp	Met	Glu	Ala	Asp
20	1685							1690					1695		
	Leu	Gly	Ile	Asp	Ser	Ile	Lys	Arg	Val	Glu	Ile	Leu	Gly	Ala	Val
	1700							1705					1710		
	Gln	Glu	Ile	Ile	Thr	Asp	Leu	Pro	Glu	Leu	Asn	Pro	Glu	Asp	Leu
	1715							1720					1725		
25	Ala	Glu	Leu	Arg	Thr	Leu	Glu	Glu	Ile	Val	Thr	Tyr	Met	Gln	Ser
	1730							1735					1740		
	Lys	Ala	Ser	Gly	Val	Thr	Val	Asn	Val	Val	Ala	Ser	Pro	Glu	Asn
	1745							1750					1755		
	Asn	Ala	Val	Ser	Asp	Ala	Phe	Met	Gln	Ser	Asn	Val	Ala	Thr	Ile
30	1760							1765					1770		
	Thr	Ala	Ala	Ala	Glu	His	Lys	Ala	Glu	Phe	Lys	Pro	Ala	Pro	Ser
	1775							1780					1785		

	Ala Thr	Val Ala Ile Ser Arg	Leu Ser Ser Ile Ser	Lys Ile Ser
	1790		1795	1800
	Gln Asp	Cys Lys Gly Ala Asn	Ala Leu Ile Val Ala	Asp Gly Thr
	1805		1810	1815
5	Asp Asn	Ala Val Leu Leu Ala	Asp His Leu Leu Gln	Thr Gly Trp
	1820		1825	1830
	Asn Val	Thr Ala Leu Gln Pro	Thr Trp Val Ala Val	Thr Thr Thr
	1835		1840	1845
	Lys Ala	Phe Asn Lys Ser Val	Asn Leu Val Thr Leu	Asn Gly Val
10	1850		1855	1860
	Asp Glu	Thr Glu Ile Asn Asn	Ile Ile Thr Ala Asn	Ala Gln Leu
	1865		1870	1875
	Asp Ala	Val Ile Tyr Leu His	Ala Ser Ser Glu Ile	Asn Ala Ile
	1880		1885	1890
15	Glu Tyr	Pro Gln Ala Ser Lys	Gln Gly Leu Met Leu	Ala Phe Leu
	1895		1900	1905
	Leu Ala	Lys Leu Ser Lys Val	Thr Gln Ala Ala Lys	Val Arg Gly
	1910		1915	1920
	Ala Phe	Met Ile Val Thr Gln	Gln Gly Gly Ser Leu	Gly Phe Asp
20	1925		1930	1935
	Asp Ile	Asp Ser Ala Thr Ser	His Asp Val Lys Thr	Asp Leu Val
	1940		1945	1950
	Gln Ser	Gly Leu Asn Gly Leu	Val Lys Thr Leu Ser	His Glu Trp
	1955		1960	1965
25	Asp Asn	Val Phe Cys Arg Ala	Val Asp Ile Ala Ser	Ser Leu Thr
	1970		1975	1980
	Ala Glu	Gln Val Ala Ser Leu	Val Ser Asp Glu Leu	Leu Asp Ala
	1985		1990	1995
	Asn Thr	Val Leu Thr Glu Val	Gly Tyr Gln Gln Ala	Gly Lys Gly
30	2000		2005	2010
	Leu Glu	Arg Ile Thr Leu Thr	Gly Val Ala Thr Asp	Ser Tyr Ala
	2015		2020	2025

	Leu Thr	Ala Gly	Asn Asn	Ile Asp	Ala Asn	Ser Val	Phe Leu	Val
	2030			2035			2040	
	Ser Gly	Gly Ala	Lys Gly	Val Thr	Ala His	Cys Val	Ala Arg	Ile
	2045			2050			2055	
5	Ala Lys	Glu Tyr	Gln Ser	Lys Phe	Ile Leu	Leu Gly	Arg Ser	Thr
	2060			2065			2070	
	Phe Ser	Ser Asp	Glu Pro	Ser Trp	Ala Ser	Gly Ile	Thr Asp	Glu
	2075			2080			2085	
	Ala Ala	Leu Lys	Lys Ala	Ala Met	Gln Ser	Leu Ile	Thr Ala	Gly
10	2090			2095			2100	
	Asp Lys	Pro Thr	Pro Val	Lys Ile	Val Gln	Leu Ile	Lys Pro	Ile
	2105			2110			2115	
	Gln Ala	Asn Arg	Glu Ile	Ala Gln	Thr Leu	Ser Ala	Ile Thr	Ala
	2120			2125			2130	
15	Ala Gly	Gly Gln	Ala Glu	Tyr Val	Ser Ala	Asp Val	Thr Asn	Ala
	2135			2140			2145	
	Ala Ser	Val Gln	Met Ala	Val Ala	Pro Ala	Ile Ala	Lys Phe	Gly
	2150			2155			2160	
	Ala Ile	Thr Gly	Ile Ile	His Gly	Ala Gly	Val Leu	Ala Asp	Gln
20	2165			2170			2175	
	Phe Ile	Glu Gln	Lys Thr	Leu Ser	Asp Phe	Glu Ser	Val Tyr	Ser
	2180			2185			2190	
	Thr Lys	Ile Asp	Gly Leu	Leu Ser	Leu Leu	Ser Val	Thr Glu	Ala
	2195			2200			2205	
25	Ser Asn	Ile Lys	Gln Leu	Val Leu	Phe Ser	Ser Ala	Ala Gly	Phe
	2210			2215			2220	
	Tyr Gly	Asn Pro	Gly Gln	Ser Asp	Tyr Ser	Ile Ala	Asn Glu	Ile
	2225			2230			2235	
	Leu Asn	Lys Thr	Ala Tyr	Arg Phe	Lys Ser	Leu His	Pro Gln	Ala
30	2240			2245			2250	
	Gln Val	Leu Ser	Phe Asn	Trp Gly	Pro Trp	Asp Gly	Gly Met	Val
	2255			2260			2265	

	Thr	Pro	Glu	Leu	Lys	Arg	Met	Phe	Asp	Gln	Arg	Gly	Val	Tyr	Ile
	2270							2275					2280		
	Ile	Pro	Leu	Asp	Ala	Gly	Ala	Gln	Leu	Leu	Leu	Asn	Glu	Leu	Ala
	2285							2290					2295		
5	Ala	Asn	Asp	Asn	Arg	Cys	Pro	Gln	Ile	Leu	Val	Gly	Asn	Asp	Leu
	2300							2305					2310		
	Ser	Lys	Asp	Ala	Ser	Ser	Asp	Gln	Lys	Ser	Asp	Glu	Lys	Ser	Thr
	2315							2320					2325		
	Ala	Val	Lys	Lys	Pro	Gln	Val	Ser	Arg	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	Val
10	2330							2335					2340		
	Thr	Lys	Ser	Ile	Lys	Ala	Thr	Asn	Ser	Ser	Ser	Leu	Ser	Asn	Lys
	2345							2350					2355		
	Thr	Ser	Ala	Leu	Ser	Asp	Ser	Ser	Ala	Phe	Gln	Val	Asn	Glu	Asn
	2360							2365					2370		
15	His	Phe	Leu	Ala	Asp	His	Met	Ile	Lys	Gly	Asn	Gln	Val	Leu	Pro
	2375							2380					2385		
	Thr	Val	Cys	Ala	Ile	Ala	Trp	Met	Ser	Asp	Ala	Ala	Lys	Ala	Thr
	2390							2395					2400		
	Tyr	Ser	Asn	Arg	Asp	Cys	Ala	Leu	Lys	Tyr	Val	Gly	Phe	Glu	Asp
20	2405							2410					2415		
	Tyr	Lys	Leu	Phe	Lys	Gly	Val	Val	Phe	Asp	Gly	Asn	Glu	Ala	Ala
	2420							2425					2430		
	Asp	Tyr	Gln	Ile	Gln	Leu	Ser	Pro	Val	Thr	Arg	Ala	Ser	Glu	Gln
	2435							2440					2445		
25	Asp	Ser	Glu	Val	Arg	Ile	Ala	Ala	Lys	Ile	Phe	Ser	Leu	Lys	Ser
	2450							2455					2460		
	Asp	Gly	Lys	Pro	Val	Phe	His	Tyr	Ala	Ala	Thr	Ile	Leu	Leu	Ala
	2465							2470					2475		
	Thr	Gln	Pro	Leu	Asn	Ala	Val	Lys	Val	Glu	Leu	Pro	Thr	Leu	Thr
30	2480							2485					2490		
	Glu	Ser	Val	Asp	Ser	Asn	Asn	Lys	Val	Thr	Asp	Glu	Ala	Gln	Ala
	2495							2500					2505		

Leu Tyr Ser Asn Gly Thr Leu Phe His Gly Glu Ser Leu Gln Gly
 2510 2515 2520
 Ile Lys Gln Ile Leu Ser Cys Asp Asp Lys Gly Leu Leu Leu Ala
 2525 2530 2535
 5 Cys Gln Ile Thr Asp Val Ala Thr Ala Lys Gln Gly Ser Phe Pro
 2540 2545 2550
 Leu Ala Asp Asn Asn Ile Phe Ala Asn Asp Leu Val Tyr Gln Ala
 2555 2560 2565
 Met Leu Val Trp Val Arg Lys Gln Phe Gly Leu Gly Ser Leu Pro
 10 2570 2575 2580
 Ser Val Thr Thr Ala Trp Thr Val Tyr Arg Glu Val Val Val Asp
 2585 2590 2595
 Glu Val Phe Tyr Leu Gln Leu Asn Val Val Glu His Asp Leu Leu
 2600 2605 2610
 15 Gly Ser Arg Gly Ser Lys Ala Arg Cys Asp Ile Gln Leu Ile Ala
 2615 2620 2625
 Ala Asp Met Gln Leu Leu Ala Glu Val Lys Ser Ala Gln Val Ser
 2630 2635 2640
 Val Ser Asp Ile Leu Asn Asp Met Ser
 20 2645 2650
 <210> SEQ ID NO 20
 <211> COMPRIMENTO: 7959
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Moritella marina
 25 <400> SEQUÊNCIA: 20
 atggctaaaa agaaccac atcgattaag cagccaagg atgtgttaag tagtgatgat 60
 caacagttaa attctcgctt gcaagaatgt ccgattgcc tcatgtgat ggcacgggt 120
 ttgacagatg ctaaaaactt ggatcaattc tgggataaca tcgttgactc tgtggacgct 180
 attattgatg tgcctagcga tcgctggaac attgacgacc attactcggc tgataaaaaa 240
 30 gcagctgaca agacatactg caaacgcggt ggtttcattc cagagcttga ttttgatccg 300
 atggagtttg gtttaccgcc aaatattctc gagttaactg acatcgctca attgtgtgca 360
 ttaattgttg ctcgatgatg attaagtgat gctggcattg gtagtgatta tgaccatgat 420

	aaaattggta tcacgctggg tgcggtggt ggtcagaaac aaatttcgcc attaacgtcg	480
	cgcttacaag gcccggtatt agaaaaagta ttaaagcct caggcattga tgaagatgat	540
	cgcgctatga tcatcgacaa atttaaaaaa gcctacatcg gctgggaaga gaactcattc	600
	ccaggcatgc taggtaacgt tattgctggt cgtatcgcca atcgttttga ttttggtggt	660
5	actaactgtg tggttgatgc ggcatgcgct ggctcccttg cagctgttaa aatggcgatc	720
	tcagacttac ttgaatatcg ttcagaagtc atgatatcgg gtggtgtatg ttgtgataac	780
	tcgccattca tgtatatgtc attctcgaaa acaccagcat ttaccaccaa tgatgatatc	840
	cgcccgtttg atgacgattc aaaaggcatg ctggttggtg aaggatttgg catgatggcg	900
	tttaaactgc ttgaagatgc tgaacgtgac ggcgacaaaa ttatttctgt actgaaaggt	960
10	atcggtacat cttcagatgg tcgtttcaaa tctatttacg ctccacgccc agatggccaa	1020
	gcaaaagcgc taaaactgac ttatgaagat gccggttttg cccctgaaac atgtggtcta	1080
	attgaaggcc acggtacggg taccaaagcg ggtgatgccg cagaatttgc tggcttgacc	1140
	aaacactttg gcgcccag tgatgaaaag caatatatcg ccttaggctc agttaaatcg	1200
	caaattggtc atactaaatc tcgggctggc tctgcggtga tgattaaggc ggcattagcg	1260
15	ctgcatcata aaatcttacc tgcaacgac catatcgata aaccaagtga agccttggat	1320
	atcaaaaaa gcccggtata cctaaacagc gaaacgcgtc cttggatgcc acgtgaagat	1380
	ggtattccac gtcgtgcagg tatcagctca tttggttttg gcggcaccaa cttccatatt	1440
	attttagaag agtatcgccc aggtcacgat agcgcatatc gcttaaacctc agtgagccaa	1500
	actgtgttga tctcggcaaa cgaccaacaa ggtattgttg ctgagttaa taactggcgt	1560
20	actaaactgg ctgtcgatgc tgatcatcaa gggtttgtat ttaatgagtt agtgacaacg	1620
	tggccattaa aaacccatc cgtaaccaa gctcgtttag gttttgttgc gcgtaatgca	1680
	aatgaagcga tcgcatgat tgatcggca ttgaaacaat tcaatgcgaa cgcagataaa	1740
	atgacatggt cagtacctac cggggtttac tatcgtcaag ccggtattga tgcaacaggt	1800
	aaagtgttg cgctattctc agggcaaggt tcgcaatacg tgaacatggg tcgtgaatta	1860
25	acctgtaact tccaagcat gatgcacagt gctgcggcga tggataaaga gttcagtgcc	1920
	gctggtttag gccagttatc tgcagttact ttccctatcc ctgtttatac ggatgccgag	1980
	cgtaagctac aagaagagca attacgttta acgcaacatg cgcaaccagc gattggtagt	2040
	ttgagtgttg gtctgttcaa aacgtttaag caagcaggtt ttaaagctga ttttgctgcc	2100
	ggtcatagtt tcggtgagtt aaccgcatta tgggctgccg atgtattgag cgaaagcgat	2160
30	tacatgatgt tagcgcgtag tcgtggtcaa gcaatggctg cgccagagca acaagatttt	2220
	gatgcaggta agatggccgc tgtgttggt gatccaaagc aagtcgctgt gatcattgat	2280
	acccttgatg atgtctctat tgctaacttc aactcgaata accaagttgt tattgctggt	2340

	actacggagc aggttgctgt agcgggtaca accttaggta atgctggttt caaagttgtg	2400
	ccactgccgg tatctgctgc gttccataca ccttagttc gtcacgcgca aaaaccattt	2460
	gctaaagcgg ttgatagcgc taaatttaaa gcgccaagca ttccagtgtt tgctaattggc	2520
	acaggcttgg tgcattcaag caaaccgaat gacattaaga aaaacctgaa aaaccacatg	2580
5	ctggaatctg ttcatttcaa tcaagaaatt gacaacatct atgctgatgg tggccgcgta	2640
	tttatcgaat ttggtccaaa gaatgtatta actaaattgg ttgaaaacat tctcactgaa	2700
	aaatctgatg tgactgctat cgcggttaat gctaataccta aacaacctgc ggacgtacaa	2760
	atgcgccaaag ctgcgctgca aatggcagtg cttggtgtcg cattagacaa tattgacccg	2820
	tacgacgccg ttaagcgtcc acttggtgcg ccgaaagcat caccaatgtt gatgaagtta	2880
10	tctgcagcgt cttatgttag tccgaaaacg aagaaagcgt ttgctgatgc attgactgat	2940
	ggctggactg ttaagcaagc gaaagctgta cctgctgttg tgtcacaacc acaagtgatt	3000
	gaaaagatcg ttgaagtga aaagatagtt gaacgcattg tcgaagtaga gcgtattgtc	3060
	gaagtagaaa aaatcgtcta cgттаатgct gacggttcgc ttatatcgca aaataatcaa	3120
	gacgttaaca gcgctgttgt tagcaacgtg actaatagct cagtgactca tagcagtgat	3180
15	gctgaccttg ttgcctctat tgaacgcagt gttggtcaat ttgttgca ccaacagcaa	3240
	ttattaaatg tacatgaaca gtttatgcaa ggtccacaag actacgcgaa aacagtgcag	3300
	aacgtacttg ctgcgcagac gagcaatgaa ttaccggaaa gtttagaccg tacattgtct	3360
	atgtataacg agttccaatc agaaacgcta cgtgtacatg aaacgtacct gaacaatcag	3420
	acgagcaaca tgaacaccat gcttactggg gctgaagctg atgtgctagc aacccaata	3480
20	actcaggtag tgaatacagc cgttgccact agtcacaagg tagttgctcc agttattgct	3540
	aatacagtga cgaatgttgt atctagtgtc agtaataacg cggcggttgc agtgcaaact	3600
	gtggcattag cgcctacgca agaaatcgct ccaacagtcg ctactacgcc agcacccgca	3660
	ttggttgcta tcgtggctga acctgtgatt gttgcgcatg ttgctacaga agttgcacca	3720
	attacaccat cagttacacc agttgtcgca actcaagcgg ctatcgatgt agcaactatt	3780
25	aacaaagtaa tgttagaagt tgttgctgat aaaaccggtt atccaacgga tatgctggaa	3840
	ctgagcatgg acatggaagc tgacttaggt atcgactcaa tcaaactgtg tgagatatta	3900
	ggcgcagtac aggaattgat ccctgactta cctgaactta atcctgaaga tcttctgag	3960
	ctacgcacgc ttggtgagat tgctgattac atgaattcaa aagcccaggc tgtagctcct	4020
	acaacagtac ctgtaacaag tgcacctgtt tcgcctgcat ctgctgggat tgatttagcc	4080
30	cacatccaaa acgtaatgtt agaagtgggt gcagacaaaa ccgggttacc aacagacatg	4140
	ctagaactga gcatggatat ggaagctgac ttaggtattg attcaatcaa gcgtgtggaa	4200
	atcttaggtg cagtacagga gatcataact gatttacctg agctaacc tgaagatcct	4260

	gctgaattac gcaccctagg tgaaatcggt agttacatgc aaagcaaagc gccagtcgct	4320
	gaaagtgcgc cagtggcgac ggctcctgta gcaacaagct cagcaccgtc tatcgatttg	4380
	aaccacattc aaacagtgat gatggatgta gttgcagata agactgggta tccaactgac	4440
	atgctagaac ttggcatgga catggaagct gatttaggta tcgattcaat caaacgtgtg	4500
5	gaaatattag gcgcagtgca ggagatcatc actgatttac ctgagctaaa cccagaagac	4560
	ctcgtgtaac tacgcacgct aggtgaaatc gttagttaca tgcaaagcaa agcgccagtc	4620
	gctgagagtg cgccagtagc gacggcttct gtagcaacaa gctctgcacc gtctatcgat	4680
	ttaaaccata tccaaacagt gatgatggaa gtgggtgcag acaaaaccgg ttatccagta	4740
	gacatgtagg aacttgctat ggacatggaa gctgacctag gtatcgattc aatcaagcgt	4800
10	gtagaaatth taggtgcggt acaggaaatc attactgact tacctgagct taacctgaa	4860
	gatcttgctg aactacgtac attaggtgaa atcgtaggtt acatgcaaag caaagcgccc	4920
	gtagctgaag cgccagcagt acctgttgca gtagaaagtg cacctactag tgtaacaagc	4980
	tcagcaccgt ctatcgattt agaccacatc caaatgtaa tgatggatgt tgttgctgat	5040
	aagactgggt atcctgcca tatgcttgaa ttagcaatgg acatggaagc cgacctgggt	5100
15	attgattcaa tcaagcgtgt tgaaattcta ggcgcggtac aggagatcat tactgattta	5160
	cctgaactaa acccagaaga cttagctgaa ctacgtacgt tagaagaaat tgtaacctac	5220
	atgcaaagca aggcgagtggt tgttactgta aatgtagtgg ctagccctga aaataatgct	5280
	gtatcagatg catthtatgca aagcaatgtg gcgactatca cagccgcgcc agaacataag	5340
	gcggaattta aaccggcgcc gagcgcaacc gttgctatct ctgctctaag ctctatcagt	5400
20	aaaataagcc aagattgtaa aggtgctaac gccttaatcg tagctgatgg cactgataat	5460
	gctgtgttac ttgcagacca cctattgcaa actggctgga atgtaactgc attgcaacca	5520
	acttggttag ctgtaacaac gacgaaagca tttaataagt cagtgaacct ggtgacttta	5580
	aatggcggtg atgaaactga aatcaacaac attattactg ctaacgcaca attggatgca	5640
	gttatctatc tgcacgcaag tagcgaat aatgctatcg aataaccaca agcatctaag	5700
25	caaggcctga tgtagcctt cttattagcg aaattgagta aagtaactca agccgctaaa	5760
	gtgcgtggcg cctttatgat tgttactcag cagggtgggt cattagggtt tgatgatatc	5820
	gattctgcta caagtcatga tgtgaaaaca gacctagtag aaagcggtt aaacgggtta	5880
	gttaagacac tgtctcacga gtgggataac gtattctgtc gtgcggttga tattgcttcg	5940
	tcattaacgg ctgaacaagt tgcaagcctt gttagttagt aactacttga tgctaact	6000
30	gtattaacag aagtgggtta tcaacaagct ggtaaaggcc ttgaacgtat cacgttaact	6060
	ggtgtggcta ctgacagcta tgcattaaca gctggcaata acatcgatgc taactcggtg	6120
	tttttagtga gtgggtggcg aaaaggtgta actgcacatt gtgttgctcg tatagctaaa	6180

	gaatatcagt ctaagttcat cttattggga cgttcaacgt tctcaagtga cgaaccgagc	6240
	tgggcaagtg gtattactga tgaagcggcg ttaaagaaag cagcgatgca gtctttgatt	6300
	acagcaggtg ataaaccaac acccgttaag atcgtacagc taatcaaacc aatccaagct	6360
	aatcgtgaaa ttgcgcaaac cttgtctgca attaccgctg ctggtggcca agctgaatat	6420
5	gtttctgcag atgtaactaa tgcagcaagc gtacaaatgg cagtcgctcc agctatcgtc	6480
	aagttcgtg caatcactgg catcattcat ggcgcggtg tgtagctga ccaattcatt	6540
	gagcaaaaa cactgagtga ttttgagtct gtttacagca ctaaaattga cggtttgtta	6600
	tcgctactat cagtcactga agcaagcaac atcaagcaat tggattgtt ctcgtcagcg	6660
	gctggtttct acggtaaccc cggccagtct gattactcga ttgccaatga gatcttaaat	6720
10	aaaaccgcat accgctttaa atcattgcac ccacaagctc aagtattgag ctttaactgg	6780
	ggtccttggg acggtggcat ggtaacgcct gagcttaaac gtatgtttga ccaacgtggt	6840
	gtttacatta ttccacttga tgcaggtgca cagttattgc tgaatgaact agccgcta	6900
	gataaccgtt gtccacaaat ctcgtgggt aatgacttat ctaaagatgc tagctctgat	6960
	caaaagctg atgaaaagag tactgctgta aaaaagccac aagttagtcg tttatcagat	7020
15	gcttttagtaa ctaaaagtat caaagcgact aacagtagct ctttatcaaa caagactagt	7080
	gctttatcag acagtagtgc ttttcaggtt aacgaaaacc actttttagc tgaccacatg	7140
	atcaaaggca atcaggtatt accaacggta tgcgcgattg cttggatgag tgatgcagca	7200
	aaagcgactt atagtaaccg agactgtgca ttgaagtatg tcggtttcga agactataaa	7260
	ttgtttaaag gtgtggtttt tgatggcaat gaggcggcgg attaccaa	7320
20	cctgtgacaa gggcgctcaga acaggattct gaagtcgta ttgccgcaa gatctttagc	7380
	ctgaaaagtg acggtaaacc tgtgtttcat tatgcagcga caatattgtt agcaactcag	7440
	ccacttaatg ctgtgaaggt agaacttccg acattgacag aaagtgttga tagcaacaat	7500
	aaagtaactg atgaagcaca agcgttatac agcaatggca cttgtttcca cggtgaaagt	7560
	ctgcagggca ttaagcagat attaatgtgt gacgacaagg gcctgctatt ggcttgcag	7620
25	ataaccgatg ttgcaacagc taagcaggga tccttcccgt tagctgacaa caatatcttt	7680
	gccaatgatt tggtttatca ggctatgttg gtctgggtgc gcaaacaatt tggtttaggt	7740
	agcttacctt cggtgacaac ggcttgact gtgtatcgtg aagtggttgt agatgaagta	7800
	ttttatctgc aacttaatgt tgttgagcat gatctattgg gttcacgcgg cagtaaagcc	7860
	cgttgtgata ttcaattgat tgctgctgat atgcaattac ttgccgaagt gaaatcagcg	7920
30	caagtcagtg tcagtgacat tttgaacgat atgtcatga	7959

<210> SEQ ID NO 21

<211> COMPRIMENTO: 883

<212> TIPO: PRT

<213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 21

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

225 230 235 240
 Ser Glu Ser Gln Gly Leu Met Ser Ala Tyr His His Thr Gln Thr Leu
 245 250 255
 His Thr Ala Leu Ser Ser Ala Arg Ser Val Thr Gly Glu Gly Gly Cys
 5 260 265 270
 Phe Ser Gln Val Ala Gly Leu Leu Lys Cys Val Ile Gly Leu His Gln
 275 280 285
 Arg Tyr Ile Pro Ala Ile Lys Asp Trp Gln Gln Pro Ser Asp Asn Gln
 290 295 300
 10 Met Ser Arg Trp Arg Asn Ser Pro Phe Tyr Met Pro Val Asp Ala Arg
 305 310 315 320
 Pro Trp Phe Pro His Ala Asp Gly Ser Ala His Ile Ala Ala Tyr Ser
 325 330 335
 Cys Val Thr Ala Asp Ser Tyr Cys His Ile Leu Leu Gln Glu Asn Val
 15 340 345 350
 Leu Gln Glu Leu Val Leu Lys Glu Thr Val Leu Gln Asp Asn Asp Leu
 355 360 365
 Thr Glu Ser Lys Leu Gln Thr Leu Glu Gln Asn Asn Pro Val Ala Asp
 370 375 380
 20 Leu Arg Thr Asn Gly Tyr Phe Ala Ser Ser Glu Leu Ala Leu Ile Ile
 385 390 395 400
 Val Gln Gly Asn Asp Glu Ala Gln Leu Arg Cys Glu Leu Glu Thr Ile
 405 410 415
 Thr Gly Gln Leu Ser Thr Thr Gly Ile Ser Thr Ile Ser Ile Lys Gln
 25 420 425 430
 Ile Ala Ala Asp Cys Tyr Ala Arg Asn Asp Thr Asn Lys Ala Tyr Ser
 435 440 445
 Ala Val Leu Ile Ala Glu Thr Ala Glu Glu Leu Ser Lys Glu Ile Thr
 450 455 460
 30 Leu Ala Phe Ala Gly Ile Ala Ser Val Phe Asn Glu Asp Ala Lys Glu
 465 470 475 480
 Trp Lys Thr Pro Lys Gly Ser Tyr Phe Thr Ala Gln Pro Ala Asn Lys

	485	490	495
	Gln Ala Ala Asn Ser Thr Gln Asn Gly Val Thr Phe Met Tyr Pro Gly		
	500	505	510
	Ile Gly Ala Thr Tyr Val Gly Leu Gly Arg Asp Leu Phe His Leu Phe		
5	515	520	525
	Pro Gln Ile Tyr Gln Pro Val Ala Ala Leu Ala Asp Asp Ile Gly Glu		
	530	535	540
	Ser Leu Lys Asp Thr Leu Leu Asn Pro Arg Ser Ile Ser Arg His Ser		
	545	550	555
10	560		
	Phe Lys Glu Leu Lys Gln Leu Asp Leu Asp Leu Arg Gly Asn Leu Ala		
	565	570	575
	Asn Ile Ala Glu Ala Gly Val Gly Phe Ala Cys Val Phe Thr Lys Val		
	580	585	590
	Phe Glu Glu Val Phe Ala Val Lys Ala Asp Phe Ala Thr Gly Tyr Ser		
15	595	600	605
	Met Gly Glu Val Ser Met Tyr Ala Ala Leu Gly Cys Trp Gln Gln Pro		
	610	615	620
	Gly Leu Met Ser Ala Arg Leu Ala Gln Ser Asn Thr Phe Asn His Gln		
	625	630	635
20	640		
	Leu Cys Gly Glu Leu Arg Thr Leu Arg Gln His Trp Gly Met Asp Asp		
	645	650	655
	Val Ala Asn Gly Thr Phe Glu Gln Ile Trp Glu Thr Tyr Thr Ile Lys		
	660	665	670
	Ala Thr Ile Glu Gln Val Glu Ile Ala Ser Ala Asp Glu Asp Arg Val		
25	675	680	685
	Tyr Cys Thr Ile Ile Asn Thr Pro Asp Ser Leu Leu Leu Ala Gly Tyr		
	690	695	700
	Pro Glu Ala Cys Gln Arg Val Ile Lys Asn Leu Gly Val Arg Ala Met		
	705	710	715
30	720		
	Ala Leu Asn Met Ala Asn Ala Ile His Ser Ala Pro Ala Tyr Ala Glu		
	725	730	735
	Tyr Asp His Met Val Glu Leu Tyr His Met Asp Val Thr Pro Arg Ile		

740 745 750
 Asn Thr Lys Met Tyr Ser Ser Ser Cys Tyr Leu Pro Ile Pro Gln Arg
 755 760 765
 Ser Lys Ala Ile Ser His Ser Ile Ala Lys Cys Leu Cys Asp Val Val
 5 770 775 780
 Asp Phe Pro Arg Leu Val Asn Thr Leu His Asp Lys Gly Ala Arg Val
 785 790 795 800
 Phe Ile Glu Met Gly Pro Gly Arg Ser Leu Cys Ser Trp Val Asp Lys
 805 810 815
 10 Ile Leu Val Asn Gly Asp Gly Asp Asn Lys Lys Gln Ser Gln His Val
 820 825 830
 Ser Val Pro Val Asn Ala Lys Gly Thr Ser Asp Glu Leu Thr Tyr Ile
 835 840 845
 Arg Ala Ile Ala Lys Leu Ile Ser His Gly Val Asn Leu Asn Leu Asp
 15 850 855 860
 Ser Leu Phe Asn Gly Ser Ile Leu Val Lys Ala Gly His Ile Ala Asn
 865 870 875 880
 Thr Asn Lys
 <210> SEQ ID NO 22
 20 <211> COMPRIMENTO: 2652
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Moritella marina
 <400> SEQUÊNCIA: 22
 25 atgacggaat tagctgttat tggatatggat gctaaattta gcggacaaga caatattgac 60
 cgtgtggaac gcgctttcta tgaaggtgct tatgtaggta atgtagccg cgtagtagacc 120
 gaatctaattg ttattagcaa tggcgaagaa caagttatta ctgccatgac agttcttaac 180
 tctgtcagtc tactagcgca aacgaatcag ttaaatatag ctgatatgcg ggtgttgctg 240
 attgctgatg taaaagtgc tgaatgatcag cttgtagtcc aaattgcac agcaattgaa 300
 aaacagtgtg cgagttgtgt tgttattgct gatttaggcc aagcattaaa tcaagtagct 360
 30 gatttagtta ataaccaaga ctgtcctgtg gctgtaattg gcatgaataa ctcggttaat 420
 ttatctcgtc atgatcttga atctgtaact gcaacaatca gctttgatga aaccttcaat 480
 ggttataaca atgtagctgg gtcgcgaggt ttacttatcg cttcaactgc gtttgccaat 540

	gctaagcaat gttatatata cgccaacatt aagggcttcg ctcaatcggg cgtaaagtct	600
	caattttaacg ttggaaacat tagcgatact gcaaagaccg cattgcagca agctagcata	660
	actgcagagc aggttggttt gttagaagtg tcagcagtcg ctgattcggc aatcgcatgt	720
	tctgaaagcc aaggtttaat gtctgcttat catcatcgc aaactttgca tactgcatta	780
5	agcagtgtccc gtagtgtgac tgggtgaaggc ggggtgtttt cacaggctgc aggtttattg	840
	aaatgtgtaa ttggtttaca tcaacgttat attccggcga ttaaagattg gcaacaaccg	900
	agtgacaatc aaatgtcacg gtggcggaaat tcaccattct atatgcctgt agatgctcga	960
	ccttggttcc cacatgctga tggctctgca cacattgccg cttatagtgt tgtgactgct	1020
	gacagctatt gtcatattct tttaacaaga aacgtcttac aagaacttgt ttgaaagaa	1080
10	acagtcttgc aagataatga cttaactgaa agcaagcttc agactcttga acaaaacaat	1140
	ccagtagctg atctgcgcac taatgggtac ttgcatcga gcgagttagc attaatacata	1200
	gtacaaggta atgacgaagc acaattacgc tgtgaattag aaactattac agggcagtta	1260
	agtactactg gcataagtac tatcagtatt aaacagatcg cagcagactg ttatgcccg	1320
	aatgatacta acaaagccta tagcgcagtg cttattgccg agactgctga agagttaagc	1380
15	aaagaaataa ccttggcgtt tgctgggtac gctagcgtgt ttaatgaaga tgctaaagaa	1440
	tggaaaaccc cgaagggcag ttattttacc gcgcagcctg caaataaaca ggctgctaac	1500
	agcacacaga atggtgtcac ctccatgtac ccaggatttg gtgctacata tgttggttta	1560
	ggcggtgac tatctcatct attccacag atttatcagc ctgtagcggc tttagccgat	1620
	gacattggcg aaagtctaaa agatacttta cttaatccac gcagtattag tcgtcatagc	1680
20	tttaagaac tcaagcagtt ggatctggac ctgcgcggta acttagccaa tatcgtgaa	1740
	gccggtgtgg gttttgcttg tgtgtttacc aaggattttg aagaagtctt tgccgttaaa	1800
	gctgactttg ctacaggtta tagcatgggt gaagtaagca tgtatgcagc actaggctgc	1860
	tggcagcaac cgggattgat gagtgtcgc cttgcacaat cgaatacctt taatcatcaa	1920
	ctttgcggcg agttaagaac actacgtcag cattggggca tggatgatgt agctaacggt	1980
25	acgttcgagc agatctggga aacctatacc attaaggcaa cgattgaaca ggtcgaatt	2040
	gcctctgcag atgaagatcg tgtgtattgc accattatca atacacctga tagcttgttg	2100
	ttagccggtt atccagaagc ctgtcagcga gtcattaaga atttaggtgt gcgtgcaatg	2160
	gcattgaata tggcgaacgc aattcacagc gcgccagctt atgccgaata cgatcatatg	2220
	gttgagctat accatattga tgttactcca cgtattaata ccaagatgta ttcaagctca	2280
30	tgttatttac cgattccaca acgcagcaaa gcgatttccc acagtattgc taaatgtttg	2340
	tgtgatgtgg tggatttccc acgtttggtt aataccttac atgacaaagg tgcgcgggta	2400
	ttcattgaaa tgggtccagg tcgttcgtta tgtagctggg tagataagat cttagttaat	2460

ggcgatggcg ataataaaaa gcaaagccaa catgtatctg ttcctgtgaa tgccaaaggc 2520
 accagtgatg aacttactta tattcgtgcg attgctaagt taattagtca tggcgtgaat 2580
 ttgaatttag atagcttggt taacgggtca atcctgggta aagcaggcca tatagcaaac 2640
 acgaacaaat ag 2652

5 <210> SEQ ID NO 23
 <211> COMPRIMENTO: 2011
 <212> TIPO: PRT
 <213> ORGANISMO: Moritella marina
 <400> SEQUÊNCIA: 23

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

180 185 190
 Asp Ala Ala Cys Ala Ser Ser Cys Tyr Ser Val Lys Leu Ala Cys Asp
 195 200 205
 Tyr Leu His Thr Gly Lys Ala Asn Met Met Leu Ala Gly Ala Val Ser
 5 210 215 220
 Ala Ala Asp Pro Met Phe Val Asn Met Gly Phe Ser Ile Phe Gln Ala
 225 230 235 240
 Tyr Pro Ala Asn Asn Val His Ala Pro Phe Asp Gln Asn Ser Gln Gly
 245 250 255
 10 Leu Phe Ala Gly Glu Gly Ala Gly Met Met Val Leu Lys Arg Gln Ser
 260 265 270
 Asp Ala Val Arg Asp Gly Asp His Ile Tyr Ala Ile Ile Lys Gly Gly
 275 280 285
 Ala Leu Ser Asn Asp Gly Lys Gly Glu Phe Val Leu Ser Pro Asn Thr
 15 290 295 300
 Lys Gly Gln Val Leu Val Tyr Glu Arg Ala Tyr Ala Asp Ala Asp Val
 305 310 315 320
 Asp Pro Ser Thr Val Asp Tyr Ile Glu Cys His Ala Thr Gly Thr Pro
 325 330 335
 20 Lys Gly Asp Asn Val Glu Leu Arg Ser Met Glu Thr Phe Phe Ser Arg
 340 345 350
 Val Asn Asn Lys Pro Leu Leu Gly Ser Val Lys Ser Asn Leu Gly His
 355 360 365
 Leu Leu Thr Ala Ala Gly Met Pro Gly Met Thr Lys Ala Met Leu Ala
 25 370 375 380
 Leu Gly Lys Gly Leu Ile Pro Ala Thr Ile Asn Leu Lys Gln Pro Leu
 385 390 395 400
 Gln Ser Lys Asn Gly Tyr Phe Thr Gly Glu Gln Met Pro Thr Thr Thr
 405 410 415
 30 Val Ser Trp Pro Thr Thr Pro Gly Ala Lys Ala Asp Lys Pro Arg Thr
 420 425 430
 Ala Gly Val Ser Val Phe Gly Phe Gly Gly Ser Asn Ala His Leu Val

	435	440	445	
	Leu	Gln	Gln	Pro
	Thr	Gln	Thr	Leu
	Glu	Thr	Asn	Phe
	Ser	Val	Ala	Lys
	450	455	460	
	Pro	Arg	Glu	Pro
	Leu	Ala	Ile	Ile
	Gly	Met	Asp	Ser
	His	Phe	Gly	Ser
5	465	470	475	480
	Ala	Ser	Asn	Leu
	Ala	Gln	Phe	Lys
	Thr	Leu	Leu	Asn
	Asn	Asn	Asn	Gln
	Asn			
	485	490	495	
	Thr	Phe	Arg	Glu
	Leu	Pro	Glu	Gln
	Arg	Trp	Lys	Gly
	Met	Glu	Ser	Asn
	500	505	510	
10	Ala	Asn	Val	Met
	Gln	Ser	Leu	Gln
	Leu	Arg	Lys	Ala
	Pro	Lys	Gly	Ser
	515	520	525	
	Tyr	Val	Glu	Gln
	Leu	Asp	Ile	Asp
	Phe	Leu	Arg	Phe
	Lys	Val	Pro	Pro
	530	535	540	
	Asn	Glu	Lys	Asp
	Cys	Leu	Ile	Pro
	Gln	Gln	Leu	Met
	Met	Met	Met	Gln
	Val			
15	545	550	555	560
	Ala	Asp	Asn	Ala
	Ala	Lys	Asp	Gly
	Gly	Leu	Val	Glu
	Gly	Arg	Asn	Val
	565	570	575	
	Ala	Val	Leu	Val
	Ala	Met	Gly	Met
	Glu	Leu	Glu	Leu
	His	Gln	Tyr	Arg
	580	585	590	
20	Gly	Arg	Val	Asn
	Leu	Thr	Thr	Gln
	Ile	Glu	Asp	Ser
	Leu	Leu	Gln	Gln
	595	600	605	
	Gly	Ile	Asn	Leu
	Thr	Val	Glu	Gln
	Arg	Glu	Glu	Leu
	Thr	Asn	Ile	Ala
	610	615	620	
	Lys	Asp	Gly	Val
	Ala	Ser	Ala	Ala
	Gln	Leu	Asn	Gln
	Tyr	Thr	Ser	Phe
25	625	630	635	640
	Ile	Gly	Asn	Ile
	Met	Ala	Ser	Arg
	Ile	Ser	Ala	Leu
	Trp	Asp	Phe	Ser
	645	650	655	
	Gly	Pro	Ala	Ile
	Thr	Val	Ser	Ala
	Glu	Glu	Asn	Ser
	Val	Tyr	Arg	Cys
	660	665	670	
30	Val	Glu	Leu	Ala
	Glu	Asn	Leu	Phe
	Gln	Thr	Ser	Asp
	Val	Glu	Ala	Val
	675	680	685	
	Ile	Ile	Ala	Ala
	Val	Asp	Leu	Ser
	Gly	Ser	Ile	Glu
	Asn	Ile	Thr	Leu

	690	695	700
	Arg Gln His Tyr Gly Pro Val Asn Glu Lys Gly Ser Val Ser Glu Cys		
	705	710	715
	Gly Pro Val Asn Glu Ser Ser Ser Val Thr Asn Asn Ile Leu Asp Gln		720
5	725	730	735
	Gln Gln Trp Leu Val Gly Glu Gly Ala Ala Ala Ile Val Val Lys Pro		
	740	745	750
	Ser Ser Gln Val Thr Ala Asp Gln Val Tyr Ala Arg Ile Asp Ala Val		
	755	760	765
10	Ser Phe Ala Pro Gly Ser Asn Ala Lys Ala Ile Thr Ile Ala Ala Asp		
	770	775	780
	Lys Ala Leu Thr Leu Ala Gly Ile Ser Ala Ala Asp Val Ala Ser Val		
	785	790	795
	Glu Ala His Ala Ser Gly Phe Ser Ala Glu Asn Asn Ala Glu Lys Thr		800
15	805	810	815
	Ala Leu Pro Thr Leu Tyr Pro Ser Ala Ser Ile Ser Ser Val Lys Ala		
	820	825	830
	Asn Ile Gly His Thr Phe Asn Ala Ser Gly Met Ala Ser Ile Ile Lys		
	835	840	845
20	Thr Ala Leu Leu Leu Asp Gln Asn Thr Ser Gln Asp Gln Lys Ser Lys		
	850	855	860
	His Ile Ala Ile Asn Gly Leu Gly Arg Asp Asn Ser Cys Ala His Leu		
	865	870	875
	Ile Leu Ser Ser Ser Ala Gln Ala His Gln Val Ala Pro Ala Pro Val		880
25	885	890	895
	Ser Gly Met Ala Lys Gln Arg Pro Gln Leu Val Lys Thr Ile Lys Leu		
	900	905	910
	Gly Gly Gln Leu Ile Ser Asn Ala Ile Val Asn Ser Ala Ser Ser Ser		
	915	920	925
30	Leu His Ala Ile Lys Ala Gln Phe Ala Gly Lys His Leu Asn Lys Val		
	930	935	940
	Asn Gln Pro Val Met Met Asp Asn Leu Lys Pro Gln Gly Ile Ser Ala		

	945	950	955	960
	His Ala Thr Asn Glu Tyr Val Val Thr Gly Ala Ala Asn Thr Gln Ala			
	965	970	975	
	Ser Asn Ile Gln Ala Ser His Val Gln Ala Ser Ser His Ala Gln Glu			
5	980	985	990	
	Ile Ala Pro Asn Gln Val Gln Asn Met Gln Ala Thr Ala Ala Ala Val			
	995	1000	1005	
	Ser Ser Pro Leu Ser Gln His Gln His Thr Ala Gln Pro Val Ala			
	1010	1015	1020	
10	Ala Pro Ser Val Val Gly Val Thr Val Lys His Lys Ala Ser Asn			
	1025	1030	1035	
	Gln Ile His Gln Gln Ala Ser Thr His Lys Ala Phe Leu Glu Ser			
	1040	1045	1050	
	Arg Leu Ala Ala Gln Lys Asn Leu Ser Gln Leu Val Glu Leu Gln			
15	1055	1060	1065	
	Thr Lys Leu Ser Ile Gln Thr Gly Ser Asp Asn Thr Ser Asn Asn			
	1070	1075	1080	
	Thr Ala Ser Thr Ser Asn Thr Val Leu Thr Asn Pro Val Ser Ala			
	1085	1090	1095	
20	Thr Pro Leu Thr Leu Val Ser Asn Ala Pro Val Val Ala Thr Asn			
	1100	1105	1110	
	Leu Thr Ser Thr Glu Ala Lys Ala Gln Ala Ala Ala Thr Gln Ala			
	1115	1120	1125	
	Gly Phe Gln Ile Lys Gly Pro Val Gly Tyr Asn Tyr Pro Pro Leu			
25	1130	1135	1140	
	Gln Leu Ile Glu Arg Tyr Asn Lys Pro Glu Asn Val Ile Tyr Asp			
	1145	1150	1155	
	Gln Ala Asp Leu Val Glu Phe Ala Glu Gly Asp Ile Gly Lys Val			
	1160	1165	1170	
30	Phe Gly Ala Glu Tyr Asn Ile Ile Asp Gly Tyr Ser Arg Arg Val			
	1175	1180	1185	
	Arg Leu Pro Thr Ser Asp Tyr Leu Leu Val Thr Arg Val Thr Glu			

	1190	1195	1200
	Leu Asp	Ala Lys Val His Glu Tyr Lys Lys Ser Tyr	Met Cys Thr
	1205	1210	1215
	Glu Tyr	Asp Val Pro Val Asp Ala Pro Phe Leu Ile	Asp Gly Gln
5	1220	1225	1230
	Ile Pro	Trp Ser Val Ala Val Glu Ser Gly Gln Cys	Asp Leu Met
	1235	1240	1245
	Leu Ile	Ser Tyr Ile Gly Ile Asp Phe Gln Ala Lys	Gly Glu Arg
	1250	1255	1260
10	Val Tyr	Arg Leu Leu Asp Cys Glu Leu Thr Phe Leu	Glu Glu Met
	1265	1270	1275
	Ala Phe	Gly Gly Asp Thr Leu Arg Tyr Glu Ile His	Ile Asp Ser
	1280	1285	1290
	Tyr Ala	Arg Asn Gly Glu Gln Leu Leu Phe Phe Phe	His Tyr Asp
15	1295	1300	1305
	Cys Tyr	Val Gly Asp Lys Lys Val Leu Ile Met Arg	Asn Gly Cys
	1310	1315	1320
	Ala Gly	Phe Phe Thr Asp Glu Glu Leu Ser Asp Gly	Lys Gly Val
	1325	1330	1335
20	Ile His	Asn Asp Lys Asp Lys Ala Glu Phe Ser Asn	Ala Val Lys
	1340	1345	1350
	Ser Ser	Phe Thr Pro Leu Leu Gln His Asn Arg Gly	Gln Tyr Asp
	1355	1360	1365
	Tyr Asn	Asp Met Met Lys Leu Val Asn Gly Asp Val	Ala Ser Cys
25	1370	1375	1380
	Phe Gly	Pro Gln Tyr Asp Gln Gly Gly Arg Asn Pro	Ser Leu Lys
	1385	1390	1395
	Phe Ser	Ser Glu Lys Phe Leu Met Ile Glu Arg Ile	Thr Lys Ile
	1400	1405	1410
30	Asp Pro	Thr Gly Gly His Trp Gly Leu Gly Leu Leu	Glu Gly Gln
	1415	1420	1425
	Lys Asp	Leu Asp Pro Glu His Trp Tyr Phe Pro Cys	His Phe Lys

	1430	1435	1440
	Gly Asp Gln Val Met Ala Gly	Ser Leu Met Ser Glu	Gly Cys Gly
	1445	1450	1455
	Gln Met Ala Met Phe Phe Met	Leu Ser Leu Gly Met	His Thr Asn
5	1460	1465	1470
	Val Asn Asn Ala Arg Phe Gln	Pro Leu Pro Gly Glu	Ser Gln Thr
	1475	1480	1485
	Val Arg Cys Arg Gly Gln Val	Leu Pro Gln Arg Asn	Thr Leu Thr
	1490	1495	1500
10	Tyr Arg Met Glu Val Thr Ala	Met Gly Met His Pro	Gln Pro Phe
	1505	1510	1515
	Met Lys Ala Asn Ile Asp Ile	Leu Leu Asp Gly Lys	Val Val Val
	1520	1525	1530
	Asp Phe Lys Asn Leu Ser Val	Met Ile Ser Glu Gln	Asp Glu His
15	1535	1540	1545
	Ser Asp Tyr Pro Val Thr Leu	Pro Ser Asn Val Ala	Leu Lys Ala
	1550	1555	1560
	Ile Thr Ala Pro Val Ala Ser	Val Ala Pro Ala Ser	Ser Pro Ala
	1565	1570	1575
20	Asn Ser Ala Asp Leu Asp Glu	Arg Gly Val Glu Pro	Phe Lys Phe
	1580	1585	1590
	Pro Glu Arg Pro Leu Met Arg	Val Glu Ser Asp Leu	Ser Ala Pro
	1595	1600	1605
	Lys Ser Lys Gly Val Thr Pro	Ile Lys His Phe Glu	Ala Pro Ala
25	1610	1615	1620
	Val Ala Gly His His Arg Val	Pro Asn Gln Ala Pro	Phe Thr Pro
	1625	1630	1635
	Trp His Met Phe Glu Phe Ala	Thr Gly Asn Ile Ser	Asn Cys Phe
	1640	1645	1650
30	Gly Pro Asp Phe Asp Val Tyr	Glu Gly Arg Ile Pro	Pro Arg Thr
	1655	1660	1665
	Pro Cys Gly Asp Leu Gln Val	Val Thr Gln Val Val	Glu Val Gln

	1670	1675	1680
	Gly Glu Arg Leu Asp Leu Lys	Asn Pro Ser Ser Cys	Val Ala Glu
	1685	1690	1695
	Tyr Tyr Val Pro Glu Asp Ala	Trp Tyr Phe Thr Lys	Asn Ser His
5	1700	1705	1710
	Glu Asn Trp Met Pro Tyr Ser	Leu Ile Met Glu Ile	Ala Leu Gln
	1715	1720	1725
	Pro Asn Gly Phe Ile Ser Gly	Tyr Met Gly Thr Thr	Leu Lys Tyr
	1730	1735	1740
10	Pro Glu Lys Asp Leu Phe Phe	Arg Asn Leu Asp Gly	Ser Gly Thr
	1745	1750	1755
	Leu Leu Lys Gln Ile Asp Leu	Arg Gly Lys Thr Ile	Val Asn Lys
	1760	1765	1770
	Ser Val Leu Val Ser Thr Ala	Ile Ala Gly Gly Ala	Ile Ile Gln
15	1775	1780	1785
	Ser Phe Thr Phe Asp Met Ser	Val Asp Gly Glu Leu	Phe Tyr Thr
	1790	1795	1800
	Gly Lys Ala Val Phe Gly Tyr	Phe Ser Gly Glu Ser	Leu Thr Asn
	1805	1810	1815
20	Gln Leu Gly Ile Asp Asn Gly	Lys Thr Thr Asn Ala	Trp Phe Val
	1820	1825	1830
	Asp Asn Asn Thr Pro Ala Ala	Asn Ile Asp Val Phe	Asp Leu Thr
	1835	1840	1845
	Asn Gln Ser Leu Ala Leu Tyr	Lys Ala Pro Val Asp	Lys Pro His
25	1850	1855	1860
	Tyr Lys Leu Ala Gly Gly Gln	Met Asn Phe Ile Asp	Thr Val Ser
	1865	1870	1875
	Val Val Glu Gly Gly Gly Lys	Ala Gly Val Ala Tyr	Val Tyr Gly
	1880	1885	1890
30	Glu Arg Thr Ile Asp Ala Asp	Asp Trp Phe Phe Arg	Tyr His Phe
	1895	1900	1905
	His Gln Asp Pro Val Met Pro	Gly Ser Leu Gly Val	Glu Ala Ile

	1910	1915	1920
	Ile Glu	Leu Met Gln Thr Tyr	Ala Leu Lys Asn Asp Leu Gly Gly
	1925	1930	1935
	Lys Phe	Ala Asn Pro Arg Phe	Ile Ala Pro Met Thr Gln Val Asp
5	1940	1945	1950
	Trp Lys	Tyr Arg Gly Gln Ile	Thr Pro Leu Asn Lys Gln Met Ser
	1955	1960	1965
	Leu Asp	Val His Ile Thr Glu	Ile Val Asn Asp Ala Gly Glu Val
	1970	1975	1980
10	Arg Ile	Val Gly Asp Ala Asn	Leu Ser Lys Asp Gly Leu Arg Ile
	1985	1990	1995
	Tyr Glu	Val Lys Asn Ile Val	Leu Ser Ile Val Glu Ala
	2000	2005	2010
	<210> SEQ ID NO 24		
15	<211> COMPRIMENTO: 6036		
	<212> TIPO: DNA		
	<213> ORGANISMO: Moritella marina		
	<400> SEQUÊNCIA: 24		
	atggaaaata ttgcagtagt aggtattgct aatttggtcc cgggctcaca agcaccggat	60	
20	caatttttggc agcaattgct tgaacaacaa gattgccgca gtaaggcgac cgctgttcaa	120	
	atgggcgttg atcctgctaa atataccgcc aacaaagggtg acacagataa attttactgt	180	
	gtgcacggcg gttacatcag tgatttcaat ttgatgctt cagggttatca actcgataat	240	
	gattatttag ccggttttaga tgaccttaat caatgggggc tttatgttac gaaacaagcc	300	
	cttaccgatg cgggttattg gggcagtact gcactagaaa actgtggtgt gattttaggt	360	
25	aatttgtcat tcccaactaa atcatctaata cagctgttta tgcctttgta tcatcaagtt	420	
	gttgataatg ccttaaaggc ggtattacat cctgattttc aattaacgca ttacacggca	480	
	ccgaaaaaaaa cacatgctga caatgcatta gtagcagggt atccagctgc attgatcgcg	540	
	caagcggcgg gtcttggtgg ttcacatttt gcactggatg cggcttgtgc ttcatttgt	600	
	tatagcgta agttagcgtg tgattacctg catacgggta aagccaacat gatgcttgct	660	
30	ggtgcggtat ctgcagcaga tcctatgttc gtaaatatgg gtttctcgat attccaagct	720	
	taccagcta acaatgtaca tgccccgttt gacccaaatt cacaaggctc atttgccggt	780	
	gaaggcgcgg gcatgatggt attgaaacgt caaagtgatg cagtacgtga tgggtgatcat	840	

	atttacgcca ttattaaagg cggcgccatta tcgaatgacg gtaaaggcga gtttgtatta	900
	agcccgaaca ccaagggcca agtattagta tatgaacgtg cttatgccga tgcagatgtt	960
	gacccgagta cagttgacta tattgaatgt catgcaacgg gcacaccta gggtgacaat	1020
	gttgaattgc gttcgatgga aacctttttc agtcgcgtaa ataacaaacc attactgggc	1080
5	tcgggttaaat ctaaccttgg tcatttgta actgccgctg gtatgcctgg catgaccaa	1140
	gctatgttag cgctaggtaa aggtcttatt cctgcaacga ttaacttaaa gcaaccactg	1200
	caatctaaaa acggttactt tactggcgag caaatgccaa cgacgactgt gtcttgacca	1260
	acaactccgg gtgccaaggc agataaacgg cgtaccgcag gtgtgagcgt atttggtttt	1320
	gggtggcagca acgcccattt ggtattacaa cagccaacgc aaactactga gactaatttt	1380
10	agtgttgcta aaccacgtga gcctttggct attattggta tggacagcca ttttggtagt	1440
	gccagtaatt tagcgcagtt caaacctta ttaaataata atcaaaatac cttccgtgaa	1500
	ttaccagaac aacgctggaa aggcattgaa agtaacgcta acgtcatgca gtcgttaca	1560
	ttacgcaaag cgcctaaagg cagttacgtt gaacagctag atattgattt cttgcgtttt	1620
	aaagtaccgc ctaatgaaaa agattgcttg atcccgcaac agttaatgat gatgcaagt	1680
15	gcagacaatg ctgcgaaaga cggaggctta gttgaaggtc gtaatgttgc ggtattagta	1740
	gcgatgggca tggaactgga attacatcag tatcgtggtc gcgttaatct aaccacccaa	1800
	attgaagaca gcttattaca gcaaggattt aacctgactg ttgagcaacg tgaagaactg	1860
	accaatattg ctaaagacgg tgttgctcgc gctgcacagc taaatcagta tacgagtttc	1920
	attggtaata ttatggcgtc acgtatttcg gcgttatggg atttttcttg tcctgtattt	1980
20	accgtatcgg ctgaagaaaa ctctgtttat cgttgtgttg aattagctga aaatctattt	2040
	caaaccagtg atgttgaagc cgttattatt gctgctgttg atttgcctgg ttcaattgaa	2100
	aacattactt tacgtcagca ctacggcca gttaatgaaa agggatctgt aagtgaatgt	2160
	ggtcggtta atgaaagcag ttcagtaacc aacaatatc ttgatcagca acaatggctg	2220
	gtgggtgaag gcgcagcggc tattgtcggt aaaccgtcat cgcaagtcac tgctgaccaa	2280
25	gtttatgcgc gtattgatgc ggtgagtttt gccctggta gcaatgcgaa agcaattacg	2340
	attgcagcgg ataaagcatt aacacttgct ggtatcagtg ctgctgatgt agctagtgtt	2400
	gaagcacatg caagtggttt tagtgccgaa aataatgctg aaaaaaccgc gttaccgact	2460
	ttatacccaa gcgcaagtat cagttcggtg aaagccaata ttggtcatac gtttaatgcc	2520
	tcgggtatgg cgagtattat taaaacggcg ctgctgttag atcagaatac gagtcaagat	2580
30	cagaaaagca aacatattgc tattaacggg ctaggtcgtg ataacagctg cgcgcatctt	2640
	atcttatcga gttcagcgca agcgcatcaa gttgaccag cgcctgtatc tgggtatggc	2700
	aagcaacgcc cacagttagt taaaaccatc aaactcggtg gtcagttaat tagcaacgcg	2760

	attgttaaca gtgcgagttc atctttacac gctattaaag cgcagtttgc cggttaagcac	2820
	ttaaacaaag ttaaccagcc agtgatgatg gataacctga agccccaagg tattagcgct	2880
	catgcaacca atgagtatgt ggtgactgga gctgctaaca ctcaagcttc taacattcaa	2940
	gcatctcatg ttcaagcgtc aagtcatgca caagagatag caccaaacca agttcaaaat	3000
5	atgcaagcta cagcagccgc tgtaagttca cccctttctc aacatcaaca cacagcgcag	3060
	cccgtagcgg caccgagcgt tgttgagtg actgtgaaac ataaagcaag taaccaaatt	3120
	catcagcaag cgtctacgca taaagcattt ttagaaagtc gtttagctgc acagaaaaac	3180
	ctatcgcaac ttgttgaatt gcaaaccaag ctgtcaatcc aaactggtag tgacaataca	3240
	tctaacaata ctgctcaac aagcaataca gtgctaaca atcctgtatc agcaacgcca	3300
10	ttaacacttg tgtctaagtc gcctgtagta gcgacaaacc taaccagtac agaagcaaaa	3360
	gcgcaagcag ctgctacaca agctggtttt cagataaaag gacctgttgg ttacaactat	3420
	ccaccgctgc agttaattga acgttataat aaaccagaaa acgtgattta cgatcaagct	3480
	gatttggttg aattcgctga aggtgatatt ggtaaggat ttggtgctga atacaatatt	3540
	attgatggct attcgctcg tgtacgtctg ccaacctcag attacttggt agtaacacgt	3600
15	gttactgaac ttgatgcaa ggtgcatgaa tacaagaaat catacatgtg tactgaatat	3660
	gatgtgcctg ttgatgcacc gttcttaatt gatggtcaga tcccttggtc tgttgccgtc	3720
	gaatcaggcc agtgtgattt gatgttgatt tcatatatcg gtattgattt ccaagcgaaa	3780
	ggcgaacgtg tttaccgttt acttgattgt gaattaactt tccttgaaga gatggctttt	3840
	ggtggcgata ctttacgtta cgagatccac attgattcgt atgcacgtaa cggcgagcaa	3900
20	ttattattct tcttcatta cgattgttac gtaggggata agaaggtact tatcatgcgt	3960
	aatggttgtg ctggtttctt tactgacgaa gaactttctg atggtaaagg cgttattcat	4020
	aacgacaaag acaaagctga gtttagcaat gctgttaaat catcattcac gccgttatta	4080
	caacataacc gtggtcaata cgattataac gacatgatga agttgggtta tggatgatgt	4140
	gccagttggt ttggtccgca atatgatcaa ggtggccgta atccatcatt gaaattctcg	4200
25	tctgagaagt tcttgatgat tgaacgtatt accaagatag acccaaccgg tggtcattgg	4260
	ggactaggcc tgtagaagg tcagaaagat ttagaccctg agcattggta tttcccttgt	4320
	cactttaaag gtgatcaagt aatggctgggt tcggtgatgt cggaagggtg tggccaaatg	4380
	gcgatgttct tcatgctgtc tcttggtatg cataccaatg tgaacaacgc tcgtttccaa	4440
	ccactaccag gtgaatcaca aacggtacgt tgcgtgggc aagtactgcc acagcgcaat	4500
30	accttaactt accgtatgga agttactgcg atgggtatgc atccacagcc attcatgaaa	4560
	gctaataattg atattttgct tgacggtaaa gtggttggtg atttcaaaaa cttgagcgtg	4620
	atgatcagcg aacaagatga gcattcagat taccctgtaa cactgccgag taatgtggcg	4680

5 cttaaagcga ttactgcacc tgttgcgtca gtagcaccag catcttcacc cgctaacagc 4740
 gcggatctag acgaacgtgg tgttgaaccg ttttaagttc ctgaacgtcc gttaatgcgt 4800
 gttgagtcag acttgtctgc accgaaaagc aaagggtgtga caccgattaa gcattttgaa 4860
 gcgcctgctg ttgctggtea tcatagagtg cctaaccaag caccgtttac accttggcat 4920
 atgtttgagt ttgcgacggg taatatttct aactgtttcg gtcttgattt tgatgtttat 4980
 gaaggctgta ttccacctcg tacaccttgt ggcgatttac aagttgttac tcaggttgta 5040
 gaagtgcagg gcgaacgtct tgatcttaaa aatccatcaa gctgtgtagc tgaatactat 5100
 gtaccggaag acgcttggtg ctttactaaa aacagccatg aaaactggat gccttattca 5160
 ttaatcatgg aaattgcatt gcaaccaa atggctttattt ctggttacat gggcacgacg 5220
 10 cttaaatacc ctgaaaaaga tctgttcttc cgtaaccttg atggtagcgg cacgttatta 5280
 aagcagattg atttacgcgg caagaccatt gtgaataaat cagtcttggg tagtacggct 5340
 attgctggtg gcgcgattat tcaaagtttc acgtttgata tgtctgtaga tggcgagcta 5400
 ttttatactg gtaaagctgt atttggttac tttagtgtg aatcactgac taaccaactg 5460
 ggcattgata acggtaaaaac gactaatgcg tggtttgttg ataacaatac ccccgacgcg 5520
 15 aatattgatg tgtttgattt aactaatcag tcattggctc tgtataaagc gcctgtggat 5580
 aaaccgcatt ataaattggc tgggtgtcag atgaacttta tcgatacagt gtcagtgggt 5640
 gaaggcggtg gtaaagcggg cgtggcttat gtttatggcg aacgtacgat tgatgctgat 5700
 gattggttct tccgttatca cttccaccaa gatccggtga tgccagggtc attaggtgtt 5760
 gaagctatta ttgagttgat gcagacctat gcgcttaaaa atgatttggg tggcaagttt 5820
 20 gctaaccacac gtttcattgc gccgatgacg caagttgatt ggaaataccg tgggcaaatt 5880
 acgccgctga ataaacagat gtcactggac gtgcataatca ctgagatcgt gaatgacgct 5940
 ggtgaagtgc gaatcgttgg tgatgcgaat ctgtctaaag atggtctgcg tatttatgaa 6000
 gttaaaaaca tcgttttaag tattgttgaa gcgtaa 6036

<210> SEQ ID NO 25

25 <211> COMPRIMENTO: 538

<212> TIPO: PRT

<213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 25

30 Met Ser Ser Leu Gly Phe Asn Asn Asn Asn Ala Ile Asn Trp Ala Trp
 1 5 10 15
 Lys Val Asp Pro Ala Ser Val His Thr Gln Asp Ala Glu Ile Lys Ala

Ala Leu Met Asp Leu Thr Lys Pro Leu Tyr Val Ala Asn Asn Ser Gly
35 40 45

Val Thr Gly Ile Ala Asn His Thr Ser Val Ala Gly Ala Ile Ser Asn
50 55 60

5 Asn Ile Asp Val Asp Val Leu Ala Phe Ala Gln Lys Leu Asn Pro Glu
65 70 75 80

Asp Leu Gly Asp Asp Ala Tyr Lys Lys Gln His Gly Val Lys Tyr Ala
85 90 95

Tyr His Gly Gly Ala Met Ala Asn Gly Ile Ala Ser Val Glu Leu Val
10 100 105 110

Val Ala Leu Gly Lys Ala Gly Leu Leu Cys Ser Phe Gly Ala Ala Gly
115 120 125

Leu Val Pro Asp Ala Val Glu Asp Ala Ile Arg Arg Ile Gln Ala Glu
130 135 140

15 Leu Pro Asn Gly Pro Tyr Ala Val Asn Leu Ile His Ala Pro Ala Glu
145 150 155 160

Glu Ala Leu Glu Arg Gly Ala Val Glu Arg Phe Leu Lys Leu Gly Val
165 170 175

Lys Thr Val Glu Ala Ser Ala Tyr Leu Gly Leu Thr Glu His Ile Val
20 180 185 190

Trp Tyr Arg Ala Ala Gly Leu Thr Lys Asn Ala Asp Gly Ser Val Asn
195 200 205

Ile Gly Asn Lys Val Ile Ala Lys Val Ser Arg Thr Glu Val Gly Arg
210 215 220

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

Gln Asn Lys Ile Thr Pro Glu Gln Ala Ala Leu Ala Leu Leu Val Pro
245 250 255

Met Ala Asp Asp Ile Thr Gly Glu Ala Asp Ser Gly Gly His Thr Asp
30 260 265 270

Asn Arg Pro Phe Leu Thr Leu Leu Pro Thr Ile Ile Gly Leu Arg Asp
275 280 285

Glu Val Gln Ala Lys Tyr Asn Phe Ser Pro Ala Leu Arg Val Gly Ala
 290 295 300
 Gly Gly Gly Ile Gly Thr Pro Glu Ala Ala Leu Ala Ala Phe Asn Met
 305 310 315 320
 5 Gly Ala Ala Tyr Ile Val Leu Gly Ser Val Asn Gln Ala Cys Val Glu
 325 330 335
 Ala Gly Ala Ser Glu Tyr Thr Arg Lys Leu Leu Ser Thr Val Glu Met
 340 345 350
 Ala Asp Val Thr Met Ala Pro Ala Ala Asp Met Phe Glu Met Gly Val
 10 355 360 365
 Lys Leu Gln Val Leu Lys Arg Gly Ser Met Phe Ala Met Arg Ala Lys
 370 375 380
 Lys Leu Tyr Asp Leu Tyr Val Ala Tyr Asp Ser Ile Glu Asp Ile Pro
 385 390 395 400
 15 Ala Ala Glu Arg Glu Lys Ile Glu Lys Gln Ile Phe Arg Ala Asn Leu
 405 410 415
 Asp Glu Ile Trp Asp Gly Thr Ile Ala Phe Phe Thr Glu Arg Asp Pro
 420 425 430
 Glu Met Leu Ala Arg Ala Thr Ser Ser Pro Lys Arg Lys Met Ala Leu
 20 435 440 445
 Ile Phe Arg Trp Tyr Leu Gly Leu Ser Ser Arg Trp Ser Asn Thr Gly
 450 455 460
 Glu Lys Gly Arg Glu Met Asp Tyr Gln Ile Trp Ala Gly Pro Ser Leu
 465 470 475 480
 25 Gly Ala Phe Asn Ser Trp Val Lys Gly Ser Tyr Leu Glu Asp Tyr Thr
 485 490 495
 Arg Arg Gly Ala Val Asp Val Ala Leu His Met Leu Lys Gly Ala Ala
 500 505 510
 Tyr Leu Gln Arg Val Asn Gln Leu Lys Leu Gln Gly Val Ser Leu Ser
 30 515 520 525
 Thr Glu Leu Ala Ser Tyr Arg Thr Ser Asp
 530 535

<210> SEQ ID NO 26

<211> COMPRIMENTO: 1617

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Moritella marina

5 <400> SEQUÊNCIA: 26

	atgtcgagtt taggttttaa caataacaac gcaattaact gggcttgga agtagatcca	60
	gcgtcagttc atacacaaga tgcagaaatt aaagcagctt taatggatct aactaaacct	120
	ctctatgtgg cgaataattc aggcgtaact ggtatagcta atcatacgtc agtagcaggt	180
	gcgatcagca ataacatcga tgttgatgta ttggcgtttg cgcaaaagtt aaaccagaa	240
10	gatctgggtg atgatgctta caagaaacag cacggcgcta aatatgctta tcatggcggt	300
	gcgatggcaa atgggtattgc ctcggttgaa ttggttggtg cgtaggtaa agcagggctg	360
	ttatgttcat ttggtgctgc aggtctagt cctgatgcgg ttgaagatgc aattcgctgt	420
	attcaagctg aattaccaa tggcccttat gcggttaact tgatccatgc accagcagaa	480
	gaagcattag agcgtggcgc ggttgaacgt ttctaaaaac ttggcgtaac gacggtagag	540
15	gcttcagctt accttggttt aactgaacac attgtttggt atcgtgctgc tggcttaact	600
	aaaaacgcag atggcagtg taatatcggg aacaaggcta tcgctaaagt atcgcgtacc	660
	gaagttggtc gccgctttat ggaacctgca ccgcaaaaat tactggataa gttattagaa	720
	caaaaataaga tcaccttga acaagctgct ttagcggtgc ttgtacctat ggctgatgat	780
	attactgggg aagcggatc tgggtggtcat acagataacc gtccgttttt aacattatta	840
20	ccgacgatta ttggtctgcg tgatgaagt caagcgaagt ataacttctc tcctgcatta	900
	cgtgttggtg ctggtggtgg tatcggaacg cctgaagcag cactcgctgc atttaacatg	960
	ggcgcgggctt atatcgttct ggttctgtg aatcaggcgt gtgttgaaagc gggtgcatct	1020
	gaatatactc gtaaactgtt atcgacagtt gaaatggctg atgtgactat ggcacctgct	1080
	gcagatatgt ttgaaatggg tgtgaagctg caagtattaa aacgcggttc tatgttcgcg	1140
25	atgcgtgcga agaaactgta tgacttgat gtggcttatg actcgattga agatatccca	1200
	gctgctgaac gtgagaagat tgaaaaacaa atcttccgtg caaacctaga cgagatttgg	1260
	gatggcacta tcgctttctt tactgaacgc gatccagaaa tgctagcccg tgcaacgagt	1320
	agtccaaac gtaaaatggc acttatcttc cgttggtatc ttggccttcc ttcacgctgg	1380
	tcaaacacag gcgagaaggg acgtgaaatg gattatcaga ttgggagcagg cccaagttta	1440
30	ggtgcattca acagctgggt gaaaggttct taccttgaag actatacccg ccgtggcgct	1500
	gtagatgttg ctttgcata gcttaaaggt gctgcgtatt tacaacgtgt aaaccagttg	1560
	aaattgcaag gtgttagctt aagtacagaa ttggcaagtt atcgtagcag tgattaa	1617

<210> SEQ ID NO 27

<211> COMPRIMENTO: 35

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Artificial

5 <220> FEATURE:

<223> OTHER INFORMATION: Primer

<400> SEQUÊNCIA: 27

ttcgagctcg catatggtac agcttaaaac ctatg 35

<210> SEQ ID NO 28

10 <211> COMPRIMENTO: 7959

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 28

atggctaaga agaacactac tagtattaag cacgctaagg atgtcctttc aagtgatgac 60

15 caacaactca acagcagatt gcaagagtgc cctattgcta ttatcgggat ggctagtgtg 120

ttcgctgatg ctaagaacct agatcaattc tgggataaca ttgttgattc agtggatgct 180

attatcgacg ttccttcaga taggtggaat atcgacgac actactctgc cgacaagaag 240

gccgctgata agacatactg caaacgtggt ggattcattc cagaattgga tttcgaccca 300

atggaatttg gacttcacc taacattctg gagcttactg atattgctca actactgtcc 360

20 ctcattgttg ctagggatgt tctctccgat gccggaatag gttctgatta cgatcacgac 420

aagattggaa ttacccttgg agttggcggg ggtcagaagc aaatttcacc cttgacttct 480

aggctgcaag gaccggtgct tgagaagggt ttgaaggcat ctggaattga tgaggatgat 540

agagcaatga taatcgacaa attcaagaag gcttacatag ggtgggagga gaatagtctc 600

cctgggatgc taggaaacgt gattgccggg agaattgcc ataggttcga tttcggcgga 660

25 actaactgcg tcgttgatgc tgcgtgcgct ggtagtcttg ctgctgttaa gatggcaatt 720

tcagatttgc tggagtatcg ttcagaagta atgatctccg gtggagtttg ttgcgataat 780

agtccttca tgtacatgag tttctcgaag actcccgcat tcacaactaa cgacgatatt 840

aggccattcg atgatgacag caaaggaatg ctcgtgggag aagggattgg aatgatggct 900

ttcaaacgac tggaggatgc tgaaagggat ggtgataaga tatactccgt gctgaaagga 960

30 attggtacta gctcagatgg cagattcaag tctatatatg cacctaggcc agatggccaa 1020

gctaaggctc ttaagagggc atacgaagac gccggattcg ctctgagac ctgcgggtta 1080

atagagggcc acggaactgg cacgaaggct ggagacgctg ctgaatttgc tggcctaaca 1140

	aagcactttg gcgagcgtc cgatgagaag cagtacatcg cactcgggtc agtcaagtcc	1200
	caaattggcc atacaaagtc tgccgctggg tcagctggaa tgattaaggc tgcactcggc	1260
	cttcatacaca agatcctccc ggcgaccata cacattgata agccttctga ggcgctcgat	1320
	attaagaaca gtcccttata cctgaatagt gaaactagac cgtggatgcc aagggaagac	1380
5	gggattccga gacgtgctgg gattagctct ttcggatttg gcgggacaaa ctttcacata	1440
	atcctcgaag agtaccgtcc tgggcatgat tctgcctacc gtcttaatag tgtttctcag	1500
	actgttctta tttctgctaa cgatcagcaa ggaattgttg ccgagcttaa caattggaga	1560
	actaaactcg ctgttgatgc tgaccaccaa ggattcgtat tcaacgaact tgttaccaca	1620
	tggcctctga agactccttc agtcaatcag gcccgcttag gtttcgttgc tagaaacgcc	1680
10	aacgaggcga ttgctatgat agacactcgc cttaagcagt ttaacgctaa cgctgataag	1740
	atgacctgga gtgtgccaac aggagtctac tatcgtcagg ccggaattga cgcaactggg	1800
	aagggtggtg ctctgttcag tggtaagggt tcacagtatg tcaacatggg tcgtgaactg	1860
	acctgtaact tcccatctat gatgcactca gcagccgcaa tggataagga gtttagtgct	1920
	gccggactgg gtcaactttc tgctgtcacg tttcctatcc cagtatatatac cgacgtgag	1980
15	agaaagctac aagaagagca gtcagactc acccaacatg cacaacctgc cattggatct	2040
	ctgtctgtcg gtttggttaa gacctttaa caggctggtt tcaaagccga tttcgccgct	2100
	ggtcattcct ttggcgagct taccgcccta tgggctgctg atgttctttc tgagtctgat	2160
	tacatgatgt tggctagatc cagagggtcaa gcaatggcag cacctgagca acaggacttt	2220
	gatgccggga agatggctgc ggtgggttga gacccaaagc aagtggcggg tattatcgac	2280
20	acattggacg atgtttccat tgcaaacttt aacagtaaca atcaagtagt aatcgtggc	2340
	actaccgaac aagtggcagt tgctgtcacc actttgggaa acgctgggtt taaagttgtc	2400
	cctctgccag tttcagccgc attccacact ccactgggcc gccacgcaca gaaaccattc	2460
	gccaaagctg tcgattctgc taagttaag gctcctagta tccctgtgtt tgctaacggt	2520
	actgggttgg tgcacagtag caagccaaat gacatcaaga agaacctgaa gaaccacatg	2580
25	ctagagtccg ttcactttaa ccaggagatt gataacatct acgctgatgg agggaggggtg	2640
	ttcattgaat ttggcccgaa gaatgtcctt acaaagctgg tggagaatat cctcactgag	2700
	aaatctgacg tgaccgccat tgctgtgaac gctaaccctaa agcaaccagc cgatgtgcaa	2760
	atgagacagg cagctctgca aatggctgtg ttgggtgtgg ctcttgataa catcgaccct	2820
	tacgatgccg tgaaacggcc ctgggttgc tccaaaggcaa gccctatggt gatgaagctg	2880
30	agtgccgctt ctatgtcag ccctaagact aagaaggcgt tcgccgatgc tctgaccgat	2940
	gggtggactg ttaagcaagc taaagctgtt cctgctgttg taagccaacc acaagtcatt	3000
	gagaagatag ttgaggtcga gaagatcgtg gagcgtatcg tggaagttga acggattgtc	3060

	gaagtcgaga agattgtcta cgtgaacgca gatggtagtc taattagtca gaataaccag	3120
	gatgttaata gtgccgttgt gagtaatgtt acaaatagtt cagttacaca tagttcggat	3180
	gctgacttgg tagcatctat cgagagggtca gtgggccagt ttgttgaca ccagcaacag	3240
	ctcttaaatag tccatgagca gtttatgcaa ggacctcagg actacgctaa gaccgttcag	3300
5	aatgtactcg cagctcaaac aagtaacgag ttgccagagt cgcttgatag aactctgtct	3360
	atgtacaatg aatttcaaag cgaaactctt aggggtgcatg agacatactt gaataaccag	3420
	acatcgaata tgaacactat gcttacggga gcagaagctg atgtgctcgc aacgccaatc	3480
	acacaagtgc tgaacactgc tgttgctacc agtcataagg tcgtggcccc agttatcgca	3540
	aacactgtga ctaacgttgt cagttcagtg agtaataacg ccgctgttgc ggtgcaaacc	3600
10	gttgacttgg ctctactca agagatagcg ccaaccgtgg ccacaactcc ggctcctgca	3660
	ttgggtgcca tagttgctga acccgtgatt gttgccatg ttgcaaccga agtggctcct	3720
	attacacca gcgtcacacc tgcgttgca acccaggctg ctattgatgt ggctactatt	3780
	aacaaggta tgcttgaggt tgtggccgat aagactggct atcctactga catgcttgag	3840
	ttatctatgg acatggaggc tgatctcggt attgatagca taaaagagt ggaaattctc	3900
15	ggtgctgtac aagaactcat ccctgatctg cctgagctta atccagaaga ccttgctgag	3960
	ttgagaaccc taggtgagat cgtggactac atgaactcca aagcacaagc cgttgcacca	4020
	accacagttc ccgtgacttc ggcacccgtg agcccagcgt ctgccggaat cgacctcgcg	4080
	cacatccaga acgtgatgct agagggttg gctgataaga cagggtatcc gacagatatg	4140
	ctggaattgt ctatggatat ggaagctgat ttgggaatcg acagtattaa gcgagtggag	4200
20	atattgggag cagttcagga gattatcacg gatctccctg agttgaatcc agaagacctt	4260
	gctgagttga ggacgttggg agaaatcggt agctatatgc aatctaaggc accagttgct	4320
	gaatcagcac ccgttgccac tgcacccgtt gccacctcat ccgcaccatc tattgatttg	4380
	aatcacattc aaactgtcat gatggatgtt gtggccgaca agacaggata ccctactgac	4440
	atgcttgagc ttggaatgga tatggaagca gaccttgga tagactccat aaaacaggtt	4500
25	gagatattgg gagctgtcca ggaaatcatt actgacctc ccgagttgaa cccagaggat	4560
	ctcgccgaac tcagaaccct tggcgaaata gtttcttata tgcaatcgaa ggctcctgtc	4620
	gctgagtcgg caccagttgc aacagcgtcc gtggcaacct catccgcgcc ctcgatcgat	4680
	ctcaatcaca taaaaactgt gatgatggag gtgggtgctg ataagaccgg ttatcccggtg	4740
	gacatgcttg agttggcaat ggatatggag gccgacctcg gaatcgactc tattaagagg	4800
30	gtggaaatc ttggcgcagt tcaggaaatt ataacagact taccggaact caaccagag	4860
	gacttggccg agttgcccac tcttggtgag atcgtttctt acatgcaatc taaggcacca	4920
	gtcgccgaag ctccagcagt cccagttgcc gtagagtcgg ctccaacctc tgttaccagc	4980

	tctgtctcta gtatcgactt agaccacatt cagaatgta tgatggatgt tgttgctgat	5040
	aagaccgggtt accctgccaa tatgctggaa ttggctatgg atatggaggc agacttgggg	5100
	atcgactcta taaaaagagt ggagatactc ggtgctgtgc aagaaattat aactgacctt	5160
	ccagaactca accctgagga ccttgccgaa ttacgcaccc tcgaagagat cgtcacttac	5220
5	atgcaatcca aagcaagtgg agttactgtt aatgtcgtag catctccaga gaacaatgcc	5280
	gtgtcagatg ctttcatgca atctaattgc gccaccatca ctgccgccgc agaacacaag	5340
	gccgagttca aacctgcgcc tagtgccact gttgccatct cagcactatc tagcataagc	5400
	aagattagcc aagattgcaa aggtgctaac gctctgattg tggcagacgg tactgacaac	5460
	gctgtactcc ttgctgacca cttactgcaa acaggctgga atgttacggc cttcaaccc	5520
10	acatgggtcg ctgtaactac cactaaagcc ttaacaaat ctgtaaacct tgttacctc	5580
	aatgggtgtg atgagactga aattaataac attataactg caaacgcaca actcgacgct	5640
	gtcatatact tacatgcttc ctctgagatt aacgccatcg aatatccga agcctctaaa	5700
	cagggctcta tgcttgcatc ccttctcgcc aaattatcca aagtaactca ggcagctaaa	5760
	gtgagagggt cttcatgat cgtgactcag caagggtgta gcttgggctt cgatgatatt	5820
15	gactcggcca cgtcgcatga tgtaagaca gatttggttc agtctggcct caatggactc	5880
	gtcaagactc taagccatga atgggataac gtattctgtc gcgcagttga cattgcctct	5940
	tcgctaactg ccgagcaagt ggcttcactt gttccgacg agcttcttga tgccaacaca	6000
	gtcttgaccg aagtgggata ccaacaggct gggaaaggat tggagaggat tacactcaca	6060
	ggcgtagcaa ctgattcata cgcacttact gctgggaaca atatagatgc caatagcgta	6120
20	tttctagtgt ctggagggtc taaaggagt acagctcact gcgtagcccg aatcgcaaag	6180
	gagtatcagt caaagtttat ccttctcggt agatcaacct tcagctcaga tgagccctct	6240
	tgggccagcg ggattacgga tgaggccgca ttgaagaaag ccgcgatgca atctttgata	6300
	accgctggag acaagcccac acctgttaag attgttcagc ttatcaagcc cattcaggcc	6360
	aatagggaaa ttgcccacac cctgagcgca attactgctg ctggagggtca ggctgagtat	6420
25	gtgagcgcag acgttaccaa tgctgcgtcc gtgcaaattg cagtggctcc agctatcgcc	6480
	aaattcgggt caatcacggg tattatacac ggtgcgggtg ttcttgccga tcagtttatt	6540
	gagcagaaga cactgtctga ctttgagtcc gtttattcca ccaagattga tggtttactt	6600
	tccttgctgt cagtgactga ggcattctaat atcaaacaac tcgttttggt tagctccgca	6660
	gcgggcttct acgggaaccc tgggcagagc gattactcaa tagcaaatga gatccttaat	6720
30	aagacggcct atcgctttaa atccttacat ccacaggctc aagttctcag cttcaactgg	6780
	ggtccctggg atggaggcat ggtcactccc gaattgaaac gcatgtttga ccagcgtggc	6840
	gtttatatta tccattgga tgctggcgct caattgctct tgaatgagtt agctgcaaat	6900

	gataataggt gtccacagat ccttggtggc aacgacctct caaaggacgc cagttctgac	6960
	cagaagtcag acgagaaatc taccgctgtt aagaagcctc aagtgaacgc cttgtcagac	7020
	gcattagtga ccaaattctat caaagcaaca aatagctcct cattgtccaa caagacctca	7080
	gctctctccg atagctctgc tttccaagtc aatgagaatc acttcttggc agatcacatg	7140
5	attaagggga atcaagttct accaaccgtc tgcgctatcg cctggatgac cgacgccgct	7200
	aaagctacct attccaatag ggactgtgct ctgaaatatg ttgggttcga agactataag	7260
	ttgtttaagg gtgttggtgt tgatggaaat gaagcagcag attatcagat ccagctttca	7320
	ccggttacct gcgcctcaga acaggattcc gaagttcgca tcgctgcaaa gatttttagt	7380
	cttaaactcg acggaaagcc tgtctttcat tatgcggcta ccatccttct tgcaacacag	7440
10	cccttgaatg ccgttaaatg agaattgcc aactttaccg aaagcgttga ttcaacaat	7500
	aagggtaccg atgaagctca agctctttat tcaaaccgaa cactatttca tggcgaatca	7560
	ctacaaggga tcaaacagat tctatcctgt gatgacaaag gtctcttact tgcctgtcag	7620
	ataacagacg ttgccacagc caaacagggc tcctttccct tagctgataa taacatcttt	7680
	gcgaatgatt tgggtgtacca ggccatgctc gtctgggtga ggaaacagtt tgggctgggc	7740
15	tcacttcctt cagtcaccac agcttgacc gtatatcggg aagtagttgt cgatgaagtc	7800
	ttctatttgc agttgaacgt tgtggaacat gatttgtag ggtcacgtgg ttcaaaggct	7860
	cgttgtagca ttcagttgat tgctgcggac atgcaactct tggcagaagt taaatctgca	7920
	caagtttccg tgtccgacat cctcaatgac atgagttga	7959
	<210> SEQ ID NO 29	
20	<211> COMPRIMENTO: 2652	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Moritella marina	
	<400> SEQUÊNCIA: 29	
	atgacagagt tggcagtgat tggatggat gctaaattca gtggtcaaga taacattgat	60
25	agagttgaga gagctttcta cgagggtgct tacgttgga acgtgagtag agtgagtacc	120
	gagtctaacg tgatttctaa cggtagggag caagtaatca ctgctatgac cgttctaaat	180
	agtgttagtc tcctagctca gaccaatcag ttgaacatcg cagacatgc agtccttctc	240
	atagctgacg tcaagtccgc cgatgaccaa ctgtgtgtcc agatcgctag tgcaattgag	300
	aaacagtgtg ctagtgtgtg tgttatcgcg gaccttggc aagccctcaa tcaagttgcc	360
30	gaccttgtga acaatcagga ttgccagta gctgttattg gtatgaacaa tagtgtaaat	420
	ttgtccaggc acgacctgga gtcagttact gctactattt cattcgacga aactttcaac	480
	ggatacaata acgtcgcccg gtctgctagt ttgcttattg cctccaccgc ctttgccaac	540

	gcaaagcaat gctacatcta tgctaacatt aagggtattcg cacaatcggg agtgaacgca	600
	cagtttaacg tggggaacat tagtgatact gcaaagactg cactgcaaca ggcgtcaatt	660
	accgctgaac aagtgggctt gctcgaagtc tctgccgtgg cggatagtg c tattgccctc	720
	tcagagagcc aagggttat gagtgcttac catcacacc agactctcca cactgcacta	780
5	tcactcgcac gcagcgtgac aggagaagg ggggtgcttca gccaaagtagc tgggctcttg	840
	aagtgcgtta tcgggttgca tcagcgttac attctcgcca ttaaggattg gcaacagcct	900
	agcgataatc agatgagcag atggcgaaat agccctttct acatgccagt tgacgctagg	960
	ccctggttcc cgcacgcaga tggtagcgcc cacatcgctg cctattcatg tgtgactgcc	1020
	gactcctact gccacatcct tcttcaagag aatgtgttgc aagagtgggt gcttaaggag	1080
10	acagttctgc aagacaatga ttgaccgag agcaagttac aaactttgga acagaacaat	1140
	cctgttgccg atttgagaac aaatggatac ttgcttctct ctgagtggc tctcattatc	1200
	gttcagggca acgatgaagc acaacttagg tgcgagttag aaacaatcac cggccaattg	1260
	tctacaactg gcattagcac aatttctatc aaacagatcg ccgcagactg ttatgcacgg	1320
	aatgatacca acaaagcata tagtgagtc ttgattgctg aaacagcaga ggaactttct	1380
15	aaggagatta ccttagcgtt tgcgggtatt gcatctgtct ttaacgagga cgctaaagaa	1440
	tggaagacac caaagggaag ctatttcaact gctcagccag cgaacaagca agctgcaaac	1500
	tcaacacaga atgggtgcac gttcatgtac cctggaatcg gtgccactta cgttggcctg	1560
	ggctgtgatc tctttcatct gtttccgcag atatatcaac ccgtagctgc ccttgctgat	1620
	gacatagggtg aatctctcaa ggatacccta cttaatccac gctctatctc gcgtcattca	1680
20	ttcaaggaac ttaaacagct tgacctgat ctacgcggca atctggccaa catcgctgag	1740
	gctggagtgg gatttgcattg tgtgttcaact aaagtgttg aggaagtatt tgcggttaaa	1800
	gccgacttcg ctactggata ctctatggga gaggtttcca tgtacgctgc actgggatgt	1860
	tggcagcaac cgggttaat gtcagctaga ctggctcaat ccaatacgtt taatcaccaa	1920
	ttgtgtgggtg agcttcgcac cttaaggcag cactggggta tggatgatgt tgccaatggc	1980
25	accttcgaac aaatctggga aacatacacc attaaggcta ctattgaaca agttgaaata	2040
	gcttctgccg atgaggacag ggtttattgc acgatcatta acacaccaga ctgcctctta	2100
	cttgctgggtt atcctgaggc gtgccagagg gtcattaaga atcttggagt gcgtgctatg	2160
	gccttgaaca tggctaacgc cattcattct gctcctgctt atgccgaata cgaccacatg	2220
	gttgaactat atcacatgga tgtgacacca cgtattaaca cgaagatgta ctcttcatcc	2280
30	tgctatctcc ctatccctca gagatccaag gctatctccc attctattgc aaagtgcttg	2340
	tgtgatgtcg ttgatttccc tcggcttggt aataccctgc atgataaggg agcacgagtg	2400
	tttattgaaa tgggaccggg aaggctcgctg tgttcttggg ttgataagat actcgttaat	2460

	ggtgatggtg ataacaagaa acagtcacag catgtctccg tccctgtgaa cgcaaagggt	2520
	acatcagacg aactgacctata cataagagcc atagcaaagc tcataagtca tgggtgtaaat	2580
	ttgaaccttg attctctctt caatggatct attcttgtca aagccgggca tatcgcaaat	2640
	accaacaaat ga	2652
5	<210> SEQ ID NO 30	
	<211> COMPRIMENTO: 6036	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Moritella marina	
	<400> SEQUÊNCIA: 30	
10	atggagaaca ttgctgttgt gggaattgct aacttggtcc ctggtagtca agtccttgac	60
	cagttctggc aacagtttgt ggagcaacaa gattgccgta gtaaggctac tgctgttcaa	120
	atgggtgtgg atcctgctaa gtacactgct aacaaagggt atactgataa gttctactgc	180
	gttcacggag gttacattag tgactttaac ttcgatgcaa gtggttacca gttggataac	240
	gattacctcg ctggtcttga tgatcttaat cagtggggat tgtacgttac aaagcaagct	300
15	cttaccgacg cgggttactg gggtagtacg gcattagaga actgtgggtg catacttggc	360
	aatctctcat tcccaactaa atcctcaaac cagctattca tgcccttgta ccaccaagta	420
	gttgacaatg ctctcaaggc tgttctccat ccagactttc agcttaccba ttacaccgcg	480
	cctaagaaga ctcacgccga taacgctttg gtggctggat accctgctgc cttgattgca	540
	caggccgctg gtctcggagg ttctcacttt gcccttgatg ctgcatgtgc tagtagctgc	600
20	tattctgtaa agttggcctg tgattacttg catactggga aagctaacat gatgcttgct	660
	ggagctgttt cagccgcaga ccctatgttt gtgaatatgg gtttctccat ctttcaagcc	720
	tatccagcta acaatgttca tgctcccttc gaccagaact ctcaaggctc gtttgccgga	780
	gaaggagctg gcatgatggt tcttaaacgc cagagcgatg ctgtcagaga tggcgatcac	840
	atctacgcta ttatcaaggg aggcgcactg tcaaacgatg gaaagggtga gtttgctctg	900
25	agtcctaaca caaagggtca agtccttgtc tacgaaagag cgtatgctga tgctgatgtc	960
	gatccctcta ctgttgacta cattgaatgt cacgccacag ggacacctaa gggagataac	1020
	gttgagttac gttctatgga gaccttcttt agccgtgtta ataacaagcc acttctagga	1080
	agcggttaaat ctaacctcgg acatctcttg acagccgccg gtatgcctgg catgacaaa	1140
	gcaatgttgg cgtaggggaa gggcctaata ccagccacta ttaaccttaa gcagccactt	1200
30	cagtcaaaga acggttactt tactggagag caaatgccaa ctactactgt ctcttggccg	1260
	accacaccgg gtgcaaaggc tgacaagcca aggacggcgg gagtcagtgt gtttggtctc	1320
	ggtggatcaa acgctcactt ggtcttgcaa cagccgactc agactctgga aacaaatttc	1380

	agcgtggcca aaccagga gcctttggct attattggca tggactccca ctttgatct	1440
	gcattcaacc tggcgagtt taagacgctc ctttaataaca atcagaatac tttcagagag	1500
	cttcccagac agaggtggaa gggaatggaa agcaatgcta acgtgatgca atccttacia	1560
	ttgaggaagg ctccaaagg tagttatgtt gaacagtgg acatcgactt cttgaggttc	1620
5	aaggtgcctc caaatgagaa ggactgtctg atccctcaac agttgatgat gatgcaagtt	1680
	gccgacaatg ccgccaaga cgaggggctc gtcgaggga gaaacgtggc tgtacttgtc	1740
	gcaatgggca tgggaattgga acttcatcag taccgtggac gcgtaaacct tacaactcag	1800
	atagaggata gtcttctaca acaggggac aatttgactg tggagcagag agaagagttg	1860
	accaacatcg ctaaggatgg agttgcctca gccgctcaac tcaaccagta cacctctttc	1920
10	ataggcaaca ttatggctag tcgcattagt gccctctggg atttcagtgg ccctgccatt	1980
	accgtctccg ctgaggagaa ctccgtttat cgttgctcg agcttgctga gaatctcttt	2040
	caaacaagcg atgttgaggc agttatcata gcagccgtgg accttagtgg ctccatcgag	2100
	aacattacc tccgacagca ctacgggct gtgaacgaga agggatctgt ttcagagtgt	2160
	ggacctgtta atgaatcgtc ttcagttacc aataacattc tcgatcaaca gcaatggctt	2220
15	gttgagagg gagccgagc tatcgtcgtg aagcctagtt cacaagtgc agcagaacaa	2280
	gtgtacgga gaatcgagc agtgagttc gctcccgtg gcaacgctaa ggcaataact	2340
	atcgccgag ataaggcttt gaccttagcc gggatctcag cagcagatgt cgccagcgtc	2400
	gaggcacatg ctagtgttt cagtgcgag aacaatgctg agaagacagc tctcccagc	2460
	ctttaccctt cggctagtat ttctcagtt aaagccaaca tagggcacac cttcaacgcc	2520
20	tcagggatg ctagtatcat taagaccgt cttctccttg accagaatac ttctcaggac	2580
	cagaaatcca agcagatgc tatcaacgga cttggtaggg ataatagctg tgcccacctc	2640
	atactttctt cgtctgctca agcacaccaa gtggctcctg ctccagtgc cgggatggcc	2700
	aaacaaagc cacagctagt gaagactatt aagctgggag gtcaactaat ctccaatgcc	2760
	atcgttaatt ccgccagctc cagtctgcac gctattaagg ccagttcgc tgggaaacat	2820
25	ctgaataagg tgaaccagc tgttatgatg gacaacctga aacctcaagg gatctctgca	2880
	catgcaacta acgagtatgt ggtcactgga gctgctaaca ctcaagctag taacatacaa	2940
	gcctcacag tccaggctag ttctcacgca caggagattg caccaaatca agtcagaa	3000
	atgcaagcta ccgctgctgc agtaagctcg ccattgtcac agcaccaaca cacagctcaa	3060
	cctgtggccg caccatcagt tgtcgggtg actgtcaagc acaaggcaag caatcagatt	3120
30	catcaacagg catcaaccca caaggcattc ctggaatcac gtcttgccgc ccagaagaat	3180
	ctgtctcagt tgggtgagtt acaactaag ttgtccattc aaaccggctc tgataatacg	3240
	tccaataaca ctgcttctac ctctaaccac gttcttacta atcctgtttc ggccactccc	3300

	ttgaccttgg tttctaacgc tcctgttgtg gcgaccaacc ttactagcac cgaagctaag	3360
	gcacaggccg cagccacaca agcgggttcc cagatcaaag gccctgtcgg gtacaactat	3420
	ccacctctgc aattgattga aagatacaat aagccccgaga atgtgatata cgatcaagcg	3480
	gatttggtgg agttcgcgga aggtgacatt ggggaaggctt ttggtgctga gtacaacatt	3540
5	attgatggat actctcgag agttagactg ccaacctctg attatctgct tgttaccagg	3600
	gttaccgagt tggatgcaaa ggtgcatgag tacaagaaat cttatatgtg taccgaatac	3660
	gacgtaccgg tggacgcacc attcttgata gacggacaga tcccttggtc agtagccgtg	3720
	gaatctggtc aatgcgatct tatgttaatc tcctacattg gaatcgactt tcaagccaag	3780
	ggtgaacgcg tttatcgtct tctcgattgc gagctaacct ttctcgaaga gatggcattc	3840
10	ggcggtgata cacttagata cgagatccac attgatagct atgcaaggaa tggcgaacag	3900
	ttgttattct tctttcatta cgattgttat gtggcgaca agaagggtt gattatgagg	3960
	aacgggtcgg ctggtttctt tactgatgag gaactctctg acgggaaagg cgttatccat	4020
	aatgacaaag ataaggctga gtttagcaac gctgtgaaat ctagctttac acccttgctt	4080
	cagcataaca gaggacagta cgattacaat gacatgatga agttagttaa tggcgatggt	4140
15	gcaagttgct ttgggccgca gtatgaccaa ggaggcgca atcctagctt gaagttcagc	4200
	tctgagaaat tccttatgat agaaagaatc accaagattg atccaacggg aggccattgg	4260
	ggtctgggtc ttctggaggg acagaaagac ctcgatccgg aacattggta tttcccttgt	4320
	cactttaaag gagaccaagt catggctggg tccttgatga gcgaaggctg cggtcagatg	4380
	gcaatgttct tcatgctctc tctcggtatg cacaccaatg tgaacaatgc tagatttcaa	4440
20	ccactgcccg gcgaatccca aacagtccgg tgccgtggtc aagtgtccc tcagcgaaat	4500
	actctgacgt atcgtatgga ggttactgca atggggatgc accctcaacc attcatgaag	4560
	gcaaacatag acatcctctt ggatggcaaa gtggtagtag atttcaagaa tctttcagtt	4620
	atgatttcag aacaagatga acactctgat tatccggtca ctctccatc taatgtggca	4680
	ttgaaagcca tcaccgcgcc agttgcctcc gtggcaccag cctcaagtcc ggccaatagc	4740
25	gcggatcttg atgagagagg agtgaaccc tttaaattcc cagagcgccc tctgatgagg	4800
	gttgaatcag acctatctgc tcccaaattc aaggcggtta ctcccatcaa gcacttcgag	4860
	gctcctgccg ttgccgggca tcataggggt ccaaaccagg cacccttcac tccttggcat	4920
	atgtttgagt tcgctactgg gaacattagt aattgctttg gtccagattt cgacgtttat	4980
	gaaggtcgca tacctccacg aacaccatgc ggcgacttac aagttgtgac tcaagtgggt	5040
30	gaagttcagg gagaaaggct tgatcttaag aatccatcct catgtgttgc tgaatactat	5100
	gtacccgagg atgcttggtg tttcacaag aatagtcacg agaattggat gccctattcg	5160
	ctaattatgg aaatagcact gcaaccaat ggctttattt ctggttacat gggcactact	5220

	ctcaaatacc ctgagaagga tctattcttt aggaatcttg atggctccgg aactttactt	5280
	aaacagatcg acctcagagg gaagacaata gttaataagt ctgtactcgt ttctaccgca	5340
	atcgctggtg gagctattat ccaatccttt acattcgaca tgagtgttga tggagaattg	5400
	ttctacaccg ggaaagcagt gtttggtat ttctccggag aatctttgac taaccagcta	5460
5	gggattgaca atggcaagac gacaaacgct tggttcgtcg ataataacac acccgagct	5520
	aacattgacg tgtttgacct cacaatcag tccctagcac tctacaaagc gccagttgat	5580
	aagccacatt acaaattggc tggagggcag atgaacttta ttgatacggc ttctgttgtt	5640
	gaaggaggcg gaaaggcccg tgttgcatat gtgtacggcg aaaggacaat tgatgctgac	5700
	gattggttct ttcggtatca ctttcatcag gaccctgtca tgcccgatc gctgggtgtg	5760
10	gaagcaatta tcgagcttat gcaaacctat gctctgaaga acgatctcgg aggcaaattt	5820
	gcaaattcac ggtttattgc accaatgacc caagttgatt ggaaataccg aggtcagatt	5880
	acacccttga acaaacagat gtcactcgat gttcacatta ctgaaatagt caatgatcg	5940
	ggtgaagtca ggattgtggg agacgcaaat ctctcaaagg acggacttag gatctatgaa	6000
	gtaaagaaca tcgtgctctc catagttgag gcatga	6036
15	<210> SEQ ID NO 31	
	<211> COMPRIMENTO: 1617	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Moritella marina	
	<400> SEQUÊNCIA: 31	
20	atgagttctt tgggtttcaa caacaacaac gctattaact gggcttgaa gttgaccc	60
	gctagtgttc aactcaaga tgctgagatt aaggcagctt tgatggattt gactaagcct	120
	ttgtacgttg ctaacaactc tggagtgaact gggatcgcca atcataccag cgttgccgga	180
	gccatctcaa ataacataga cgtggatgtt cttgctttcg cccagaaact gaatcctgag	240
	gaccttggtg atgatgctta caagaaaca catggcgcta aatacgcta tcatggaggc	300
25	gcaatggcaa acggtattgc aagtgttgaa ctggctcgtg ccttaggaaa ggccgggttg	360
	ctttgttctt tcggagcggc cggactcgtg cctgatgccg tcgaagacgc gatcagacgt	420
	atccaagctg agcttcaaaa tgggccatc gcagtaaacc ttattcacgc accagccgag	480
	gaagctcttg agagaggcgc tgcgagagg tttcttaagt tgggtgtcaa gaccgtagag	540
	gctagtgcct acctcgtct caccgaacac attgtttggt atcgagccgc tggactcacc	600
30	aagaacgccg acggtagtgt taacattggc aataaggta ttgctaaagt ttcgaggacg	660
	gaagtggga ggcgcttcac ggaaccagct ccacagaagt tgctcgataa gttgcttgag	720
	cagaataaga tcacaccga acaagccgca ttggctctct tagtgcctat ggcagatgac	780

	attactgggtg aggetgattc aggaggccat actgataatc gccctttcct cacacttctt	840
	ccaacaatca tagggctccg cgacgaagtt caagctaagt acaacttttag ccctgcccta	900
	agagtgggtg ctggaggtgg aatagggacg ccagaagcag ccctggccgc attcaacatg	960
	ggagctgcct acattgtgct cggcagcgtg aatcaggctt gcgtcgaggc tggagcctct	1020
5	gagtacacaa gaaagctgtt gtccaccgta gaaatggctg atgtcacaat ggctcccgt	1080
	gccgatatgt ttgagatggg agttaaatca caagtgttta aacgcggggtc tatgtttgct	1140
	atgaggggcta agaaactata tgacttgtac gttgcatacg atagcatcga agacataccg	1200
	gcagcgggaga gggagaagat agagaaacag attttcaggg caaacctgga tgagatttgg	1260
	gatggcacta tcgctttctt tactgagcgt gatcccgaat tgttggcacg tgccacctcg	1320
10	tctccgaagc gtaagatggc gcttatcttt agatggtatc taggtctctc atccagatgg	1380
	tctaataccg gagagaaggg acgggaaatg gactatcaga ttggggccgg gccttcattg	1440
	ggagcattca atagctgggt taaagggcca tacttagaag actacactag acgaggcgca	1500
	gtggacgtgg cacttcacat gctgaaaggt gctgcttatt tgcaacgggt taatcagttg	1560
	aaactgcaag gcgtgtcact ttccacagaa ctgcatacct atcgtacctc cgactga	1617
15	<210> SEQ ID NO 32	
	<211> COMPRIMENTO: 48	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Artificial	
	<220> FEATURE:	
20	<223> OTHER INFORMATION: Primer	
	<400> SEQUÊNCIA: 32	
	agctgcggcc gcatttaaat ggcgcgcccg tacgggcccgg ccaagctt	48
	<210> SEQ ID NO 33	
	<211> COMPRIMENTO: 48	
25	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Artificial	
	<220> FEATURE:	
	<223> OTHER INFORMATION: Primer	
	<400> SEQUÊNCIA: 33	
30	ggccaagctt ggccggcccg tacgggcccgg ccatttaaat gcggccgc	48
	<210> SEQ ID NO 34	
	<211> COMPRIMENTO: 864	

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Moritella marina

<400> SEQUÊNCIA: 34

	atgtacagcg gcgtaagga caagctcacc ctcaccacaa acgagatcca cctctggagc	60
5	gtgacacctc agaccatcca gcagcccagag ctgctccagg cctactccca gctcctgtct	120
	ccagccgaga ccatcaagca gcagagggtc cgcttcgaga aggaccgcca caacgccctc	180
	atcacccgcg ccttcgtgcg cgacctcctg tcccactacg ccgacgtcct ccagccgac	240
	tggcagttcg tcaagggaga gaaggacaag cctgagatcg ccaaccctcc actccctctg	300
	aggttcaaca tctcccacac cgacaacctg attatttgcg ctgtcatgct gaacgacgac	360
10	atcggggtgcg atgtcgagaa cacactgagg tctctaaacg ttctttccat cgctaagcac	420
	tctttctcag attcagagtt caacgatctt cttacacagc ctacagctca gcagacttca	480
	agattcttcg attactggac tcttaaggaa agctatatca aggcattggg attgggtttg	540
	tcaataccat tgaagattt cagtttcacc cttcccgaag gtttccaaca gcagtatcaa	600
	caagaggatc aacaagagaa tcaacattgc atagatacta taaagttgtc ctttgctcct	660
15	catagaattg ataatccaaa tatttggcgt cattgggtgt tttatccaaa caatactcat	720
	cgtgtggcac tcgctgtag agcaaggctc aacaatcaac aaaccgaata taaaatgctc	780
	ttctttaata gtactcctct catcaatata accgaaacct ttatcttcaa gcccgaaaca	840
	aattttaaac ccgatgctaa atga	864

<210> SEQ ID NO 35

20 <211> COMPRIMENTO: 748

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: Brassica napus

<400> SEQUÊNCIA: 35

	ctgatacaca cttaagcatc atgtggaaag ccaaagacaa ttggagcgag actcagggtc	60
25	gtcataatac caatcaaaga cgtaaaacca gacgcaacct ctttggttga atgtaatgaa	120
	agggatgtgt cttggtatgt atgtacgaat aacaaaagag aagatggaat tagtagtaga	180
	aatatttggg agctttttaa gcccttcaag tgtgcttttt atcttattga tatcatccat	240
	ttgcgttggt taatgcgtct ctagatatgt tctatatct ttctcagtgt ctgataagtg	300
	aaatgtgaga aaaccatacc aaacaaaaat attcaaactt tatttttaaat aatgttgaat	360
30	cactcggagt tgccacctc tgtgccatt gtgctgaatc tatcacacta gaaaaaaca	420
	tttcttcaag gtaatgactt gtggactatg ttctgaattc tcattaagtt tttattttct	480
	gaagtttaag tttttacctt ctgttttgaa atatatcggt cataagatgt caccgccagga	540

	catgagctac acatcgacac tagcatgcag atcaggacga ttgtgctactc acttcaaaca	600
	cctaagagct tctctctcac agcgacacac catatgcatg caatatttac acgtgatcgc	660
	catgcaaatc tccattctca cctataaatt agagcctcgg cttcactctt tactcaaacc	720
	aaaactcatc actacagaac atacacaa	748
5	<210> SEQ ID NO 36	
	<211> COMPRIMENTO: 313	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Brassica napus	
	<400> SEQUÊNCIA: 36	
10	gagtgtgtat accacggtga tatgagtgtg gttgttgatg tatgttaaca ctacatagtc	60
	atgggtgtgtg ttccataaat aatgtactaa tgtaataaga actactccgt agacggtaat	120
	aaaagagaag tttttttttt tactcttgct actttcctat aaagtgatga ttaacaacag	180
	atacaccaaa aagaaaacaa ttaatctata ttcacaatga agcagtacta gtctattgaa	240
	catgtcagat tttctttttc taaatgtcta attaagcctt caaggctagt gatgataaaa	300
15	gatcatccaa tgg	313
	<210> SEQ ID NO 37	
	<211> COMPRIMENTO: 7596	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Shewanella oneidensis	
20	<400> SEQUÊNCIA: 37	
	atgagccata ccccttcaca gcctcaacct tcaaccgata aaaaagccga taaaaggcta	60
	aataaacgct tgaaagatat gccattgcc atcgttggta tggcgagtat ctttgcaaac	120
	tcacgctatt taaataagtt ttgggattta atttgcgaca agattgatgc cattaccgac	180
	gtgccagcca gccattgggc gattgatgac tattacgacg tggataaatc caaggccgat	240
25	aaaagttact gcaagcgcg tggctttatg ccagaggtcg acttcaatcc tatggagtgt	300
	ggtctgccgc ccaatatttt ggaactcacc gacagctcac aattgctttc cctcgctgta	360
	gccaaagaag tgctgcagga tgccaatctg ccagacgatt acgaccgtga ccgcatcggt	420
	atcacccttg ggattggcgg cgggcaaaag ctaagccata gcctcaacgc gcgcctgcaa	480
	tatcctgtgc ttaaaaaagt atttaaaagc agtggcctga gcgatgaaga tagcgagctg	540
30	ctgatcaaaa aattccaaga ccaatatgtc cactgggaag aaaactcctt ccccggtcc	600
	cttggcaacg tgattgccgg acgcatcgcc aaccgtttcg atttaggtgg aatgaactgc	660
	gtcgctgatg ccgcctgcgc aggatcgctt gccgccatgc gtatggcgct caccgaactg	720

	accgaaggtc gcagcgacat gatgatcacc ggcgggtgtct gtaccgacaa ctgcgcttac	780
	atgtatatga gtttctcaaa gacacccgcc ttaccacca acgagcaaat ccaacccttc	840
	gatatcgact ctaagggcat gatgattggc gaaggcatcg gcatggctcg cttaaaacgc	900
	ctcgacgatg ccgagcgga tggcgaccgt atttatgcgg taatcaaagg cgtaggcgcc	960
5	tcacggaagc gtaaatttaa gagcatttat gcgccgcgc ccgaaggcca agccaaggca	1020
	ctagagcgcg cctatgatga cgcgggcttt gcgccgcaca ctgttggtt gattgaggcc	1080
	cacggcacag gcacagccgc aggcgatgta gcggaattta ctgggttaag ctgagtgttt	1140
	tctcaggata acgcgcagtt acagcatatc gccttaggct cagtcaaata tcagggtggc	1200
	cacactaaat ccaccgcggg cacggcggtt gtgattaagg ccgcgctggc actgcaccat	1260
10	aaagtattgc caccacgat taacgtcagc aagcccaatc ctaagcttga gattgatcg	1320
	tcgccctttt atctcaatac cgaggcgcg ccttgatcc aacgcagtga tgatacgccg	1380
	cgccgcgctg ggataagctc cttcggtttt ggtggcaca acttccattt agtactcgaa	1440
	gaataccgcc cagatcacac gcgcgatgac gcctatcgtc aacgcagcgt ggcacaaatc	1500
	ctactgtttg cggctaacga taaaacctt ctactgaacg agttaaaagc tgttttacia	1560
15	caagcaagct cagctaaggc ggagctttct gaggcgcatt ttattcagtt tgctaaacc	1620
	tacgccctgc gagaaattac gccgcaatcg gcccgctctg gctttatcg caaagactat	1680
	gcccgattac agactctgtt aaccgaagcg atagcgagc ttgaagccaa taacgtgag	1740
	agctggcaat taccttctgg gatcagctac cgcgccaagg ccttagtcaa tgagcaaacc	1800
	aagatcgccg cgctatttgc tggtaaggc gcgcagtagc tgaatatggg actggagctt	1860
20	gccaataact tccccgagct tcgccgcat atccacgcca gcgataaagt gtttagtacc	1920
	catggtaagc ctgcgctttc aagcgtgctc taccctattc cagcctttga tgatgagtcg	1980
	ataaaagcgc aggaacggc attaaccaac actctgtatg cccaaagcgc catcgcgcg	2040
	ctctcaatgg cgcagtagc cctgtttact caggcaggtt tcgccccaga tatgtggct	2100
	ggtcatagct tcggtgagct ttggccctg tgcgcgcag gggttatctc aatggatgac	2160
25	tacatcaaac ttgcctttga gcgtggacag gcgatggcg agtcatcca agataccgat	2220
	gcgggtgtta tgtatgcagt gatccttaag caaaaacaag atattgaggt aatcaacggt	2280
	tgcttgcgc agtttgaagg cgtcaaagtt gccaaactaca actcaccac tcagctgggtg	2340
	attgcaggcg ctagtgccgc caccacacag gcggctaagg ccattagcga gttaggcttt	2400
	aaggcgattg ccctgcccg ttctggcgcc ttacacgc cattggttgc ccatgcacaa	2460
30	aagcccttta gtgcagccat cgataaggct cagttcaaca cgccaaagat tgccttatat	2520
	gccaatggca caggccagct gcacccatc gatgccaacg ccatcaaagc tgccttgaaa	2580
	gatcatatgt tgcaatcggc gcactttagc gagcagctag aagccatgta tgccgcaggc	2640

	gcacgggtgt ttgtcgagtt cggcccaaaa aacattctgc aaaagttaac tgaataacc	2700
	ctcggggcgc agttaaacga gctgtgtatt atcagcatta accctaacc caagggcgat	2760
	agtgacagcc aactgcgag cgccgcagtg caactggcgg tggcgggggt aaaactccgc	2820
	gagattgac cgtatcaagc agagttaatt gcccagcag caacatcggc catgaatata	2880
5	aaactcaatg ccaccaacta catcagccca gcgacccgca gcaaatgggt cgattcgctg	2940
	caatcgggca aaattaccag ccaagtgcag tatgtggatc gcatcgttga aaaagtgggt	3000
	gagaaagttg ttgaaaaacc agtgattgtc gaaaaattc tagaaaaggt tgtcgaagtg	3060
	gaaaagcccg tggcacaaaa tagcaataat attcaacagc aaacgcctgc acagccagcc	3120
	agctttaccg ctggacagac gaatcaagat gccctgagcg ccttttttgc cgcccaaacc	3180
10	caggcagcgc aattacatca acaatttttg gccattccgc agcaatacgg cgatacagtc	3240
	agcgactga tggcagagca agccaaaatg gcaagccttg ggatcgctat tccagagagc	3300
	ctacaacgct caatggaact gttccatcag caccaagcgc aaaccctaaa aagtcatagt	3360
	gactttatgc aattgcaaac cagcagtagc caagcagtagc tggcattatt aggtcaaatg	3420
	ccagcgtctc aggttcaagc cccattcaa gccgctgcac cagtggcagt agcagtgaca	3480
15	aaacctgtcg ttccagcaca ggccccctg gttcaagggt tggccgcaga gcctaaagtg	3540
	actgctgtgc ctgtgagcga gccacagtt cagcaacctc aagtagcact ggcacaagta	3600
	gcacagacaa aagtaactca gccaccatta gcgcaaccac aagtacaaac tgtggccgca	3660
	caaaccagtg cgcttcaagt aaagcctgcc ttgcagcaaa tcgagcacgc tatgctctca	3720
	gtgggtggcag acaagaccgg ctatccggtt gaaatgttag aacttagcat ggatatggaa	3780
20	gcggacttag ggatcgactc cattaagcgc gtagaaattc taggcacagt gcaggatgaa	3840
	ttaccgaacc tgccagaact cagcccagaa gatttagccg agtgccgcac ctagggggaa	3900
	attgtggcgc tatntagcca agcagctcct gtaacatctg cgaccactgt tagccatgct	3960
	acacaaagtg ccgtagccgc aagcgggcgc gtttccaatg atgagattga gcgcactatg	4020
	atggcggtcg tggccgacaa gactggctat cccgttgaaa tgctggaact cagcatggat	4080
25	atggaagccg acctggcat tgactccatt aagcgcggtg aaattctagg cacagtgcag	4140
	gacgaattac ccaacctgcc agaactgagc ccagaagatt tagccgagtg ccgtacccta	4200
	ggggaaattg tggcgctatt tagccaagcc gtcccagtgg cagcacaaac ctttgacgac	4260
	atggcagcaa cgaatcctca ggtgtgcgcc tctgccgtca cgccaattgc ggccgtatcc	4320
	gatggcgaga ttgagcacac tatgatggcg gttgtggccg ataaaaccgg ttatcccggt	4380
30	gaaatgctgg aactcagcat ggacatggaa gccgaccttg gaattgactc cattaaacgg	4440
	gtggagattt taggcacggt gcaagataag ctgccaaatc tgccggaact cagcccagaa	4500
	gatttagccg agtgccgaac cttaggggaa attgcggcgc tctttagcca agcggctcct	4560

	gtaacagctg cggccacagt tagccatgcg acacaaagtg caatagctgc aagggcggcg	4620
	gtttctaata atgaaattga gcgcactatg atggcggttg tggccgataa aaccggttat	4680
	cccgttgaaa tgcttgagct aagcatggac atggaagccg accttggtat cgattccatt	4740
	aagcgctgg aaattctagg cacagtacaa gaccaactgc caaacttgcc agaactcagc	4800
5	ccagaagatt tagccgagtg tcgtaccttg ggtgaaattg tcgccctcta tgctggttcg	4860
	caatcatcaa gtgaggcgct acaacaaaac catgctgcga caattcaaga gactcaagag	4920
	gctattgcaa aaaccgtcga ggaaccatc gacctgccgc cccatagtga ggtgatgcta	4980
	aaaaagttgc cagcggcggc tgagttagcg cgcacatcg caactagcga tgttcaactg	5040
	acggcaaaca gttacgtcgt tctcggcgac gatggccaca acgcgggggt gattgccgaa	5100
10	aagcttcacg cccaaggtgt taaggctcgc gttgtacgct cacctaaaac gggtgtgacc	5160
	agcgcatcgc cactcgatag ccatattgcc agcttcacgc tggaggctat tgatgatgaa	5220
	agcatttggt aggtcatcaa tcagattgaa gcgcttgccc aaatcgccgg ttttattcat	5280
	ctgcagccac agcataaatc cgttgccgat aaagggtgctg gcttagtgct ggtagatgaa	5340
	gccaaagctt cggtcgagca agccttcttg ttgcctaaat tcttacaacc gcttttaact	5400
15	gaacgtgact attgccgctt tgtcacgctc agctgtatag acgggtggctt tggctatata	5460
	ggcatggacg agtcggtagg tgccctcatc agccagagtg aactcaacca agcggcgctc	5520
	tttggtacta ctaaacctt aaatcacgag tggccgggag tggctctgcc cgcgctggat	5580
	atcgcgccaa acttggacgc taaaacggtc gccaatgcgg tgggtgcagga atactacctt	5640
	caagatgcgc cggtcgaagt cggtattgat agcaactttg atcgcgtagc attagttgca	5700
20	ggcaccgctg cacttcgcca tccaccgcc gtccttagca atgcagataa aatactggtc	5760
	acgggcggtg ctaaaggtgt cacttttgaa tgcgccttaa gcttagcaaa acgctgtcag	5820
	gcacattttt tctcgtctgg ccgtagcgcc caccaagtga tccctgcatg ggcagagggg	5880
	aaaaagagca acgaactcaa agccgcagcc attgcgacc tgcaaagcct tgggtgataaa	5940
	cccacaccaa aacaagtgga cgccttagta tggcccgtgc agagcagcct tgagatcagc	6000
25	catgctttag ccgcctttga tgccattggc gccagcgctg agtacttaag tgtggatgtc	6060
	aacgaccctg cggccattgc cagcaccatt gcgcccatta acgcactatc gcctatcact	6120
	gggattatc acggtgcggg agttctagcc gataaacata ttcaagacaa gaccttaaat	6180
	gaatttgaac gtgtctatgg tactaaggtc accgggctta ataactctgt gtcaacgctg	6240
	gatcttagcc aagtaaaact gattgcactg ttctcttcgg cggcggtttt ttacggcaat	6300
30	accggccaga gcgactacgc catgtctaac gacattctca ataaagccgc gctgcaactt	6360
	gcgcagcaat taccacaagc caaggtgatg agcttcgact ggggtccttg ggatggcgcc	6420
	atggtcaatc cagcgctgaa aaaaatgttt attgaccgcg gggtttatgt cattccactc	6480

	aaagcgggtg ccgagttatt tgccagccaa ttattgagtg atacaggcgc acagctgttg	6540
	gtcggaaaccg atatgcaggg caataccgcc aatgccgttg aagttgcatc agcaaaaaag	6600
	cctgaagcgg atctagccac agcgtagat ccgcagccta tggcccaaac ggtgccgcag	6660
	agcattcgcg tcatgcgcag cctcgaccct aaacgcatga gctttattga ggatcattgc	6720
5	atcaatggtc atgcggtgtt gccaacggta tgcgccatcg attggatgcg tgaggccgcc	6780
	aaggcccat taggtacggc ggtgagtgtc agcgattatc gactgctcaa gggagtaatc	6840
	ttcgatgagg cgctgcttgc acgcaatgcg cctattgagc tcgaattgat gctcacgccg	6900
	cttctgacg ctgcacaaca atcgactgag gcgttagccg cgctgataag ctttgaaggt	6960
	cgcccgcatg atcaggcggg gttagtggcg cagacggatg atatgccaga cgcgcagcgt	7020
10	ttcgaggttg gcgagttgca ttctctgata caggagatgg cacagcaacc cgctatcgcg	7080
	aaccgcgagt cgctctacag cgatggcacc ttgttccatg gcccgagact gcaaggcata	7140
	agcgaagtgc tcacctttga tgaccaacat cttatggcca aagtagaact gccacaggtg	7200
	gccttagacg actgcggcaa gtttgcgcca aagcttgagg ataagggtac acaacccttt	7260
	gccgaagatc tgttattgca ggccatgctc gtgtgggctc gccttaaata tcaagcgcca	7320
15	agcttaccga gcacgattgg cgagtttgtt tcctatgcgc ccttgagctt tggtgaaaag	7380
	gcagtattag tgctggatgt gcttaagcac tcgtcccgct cgcttgaggc gaatattgcc	7440
	ctctaccatc aggatggccg ttttaagctgc gagatgaaac gagcaaaagt cacgatcagt	7500
	aagacgctta accaagcatt tttggctaata aaacctcaac aactggcgca agtgcaggca	7560
	tcaatccaaa acatggccga ggtaagtgtt aagtga	7596
20	<210> SEQ ID NO 38	
	<211> COMPRIMENTO: 2205	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Shewanella oneidensis	
	<400> SEQUÊNCIA: 38	
25	atggcttgct gcattcagct caatgttgaa gataagctac tgattgatga gccatctgat	60
	gagccatctg atgagtcaac cttagtcgcc ttactcagcg agcagctcgc ccatattgcg	120
	caaaaacaac tcgttgaaat ccgctttgaa tatcaacagc aagttcgtag tctgtttctg	180
	ctcgatggac tacttgccgc gcaattacac ctgcatgccg aggcttatat ttcagccttg	240
	gcacagactc aagccgaagc gaatgaagca ctctgcgata tagaaatcga aaactgtaca	300
30	aatcgcgctt ttgccctcgc caaacgcgat tgtgctcagg cggttaattg ctactcggat	360
	gcaggcaatc ttgccagtca gctaaagctt ttatatcaag ctattgaggc gttaagtcat	420
	cgaacgctag cagggtattac gccaatgctt gccacactca atacagaaaa aacagagcga	480

5 tgttattggt tctccaagcc ccatcaagca aggggtgttaa gcctaaatct cttcgataaa 540
 gcccttcaag ctgagacagc ccaaagcctt atcttgactc aaggtagagg gcttatcgct 600
 caaccgttgc tcaatgcaa caggctgttt attcccatca gcggcaatga gtttgagtcg 660
 ttaacgctta agttgttgca actgattgat tcattgacct tatcggttaa ccaacctgat 720
 acggattggc tcagcagcca aggcagtgat tggtttaagc gctatcaagc aaaggatgaa 780
 ttgaccttag tgctgatggc aggcctccct gaagagttaa tgcaagaagc caaagcgatg 840
 cagactttta ttgaaaaggc acgactgact attgagtcca gcgcatccaa gcacagtgca 900
 tccaagccta gtgcatcgac aagtttggtt ttaaaaacc cagcgggcag ttattttgcg 960
 gcctcgcccc ttggtgataa gggcttaacc ttcgtctatc ccggcgtagg cactgtttac 1020
 10 ccgaatatgt tcagcgactt acatagctat ttccctgagc ttatcgcg gcttgaacgc 1080
 gaaggggatt tagccgccat gttgcaggcc gagacgattt accaagacgc ggcttatgcg 1140
 aaaaccgcag ttaatgtaag cgtaaaagac accgcagaaa tgagcttaag ccagctcgcc 1200
 attagcggcg ttggtgcgag ttaccttttt agcaagttaa tgactggcgt ctttactatc 1260
 caaccacggc tcgcactggg ctattccatg ggtgaagcag ccatgtgggc aagtttagct 1320
 15 atctggcaaa caccacacag cctgattgat gccaccaag gcagcgcaat tttcaaccac 1380
 gaaatctccg gtaaaactca agccgttcgc cgcgactggc aattgaatga agatgctccg 1440
 ctggcggtga atagcttttt agtgcgcgca accagtaccg aaattaatcc actgctggct 1500
 gattttccgc gggtttatct ggccatcgaa cagggcgata cctgtattct cgcgggctgc 1560
 gaagcaagct gcttacagct ccttgcaagg ctgaataagc gtggcattgc cagcaataaa 1620
 20 gtgacggcca tgcatactgc gccttcgag tcacagcgca atgcaatcca agggttttat 1680
 acctaggt taaaggccac agcctgcgag actcaggttc gttttattag cgcggcgag 1740
 catagccccg tcaatattga tagcatgagt attgccaaa gcattgccga taccttttgc 1800
 gcgccgtga attttaccgc gctgattaac accgcgtata accaagggtc gcgcttattt 1860
 gttgaggtgg gcgccgatcg tcaaaccagc acccttatcg ataaaatcag ccgccaactt 1920
 25 gagttggg cgatggtgt tcaagaaccg atattagcca tggcatgcaa tgccaagggc 1980
 agcgatacga tcgtcagttt gctcaaatgc ttagctcaac ttatcagcca tagagtgcga 2040
 ctctccctgg cggcacttat gcctcaatcg gcagctcaat cagcaacgca ctgagcaact 2100
 atccatgcgg ataagactgc ggctaaaacg atagcgtcac actctgcaa cgcctgcgca 2160
 ttaggccatt attcaaactg attccaagaa ggagaacccc ttgga 2205

30 <210> SEQ ID NO 39

<211> COMPRIMENTO: 5892

<212> TIPO: DNA

<213> ORGANISMO: *Shewanella oneidensis*

<400> SEQUÊNCIA: 39

	atgagttctc aaatgcatac tcacccgact ctgcaagaca gcgccgctgt gccaaacgac	60
	cagcgccaaa cgttaaaggc gatgccaaag attgccattg tcggccttgc tgtccagtat	120
5	cccgatgccg acacaccgga gcagtttttg caaaatctgc tggataaaaa agattcccgc	180
	agccaaatcg acgcgcccaa actcaatgcc aatcctgctg attaccaagg gattcaaggc	240
	caagccgacc gtttttactg cgacaagggc ggctatatcc gcaactttcg ttttgatcca	300
	cagggttatc agttactgcc agccactttt gcagggctgg atgaaagctt tttatgggca	360
	ttagattgca gtaaaaaggc cctactgaat gcgggcgtgg atttaacggc gccattactt	420
10	gagcgcacag ggattgtgat gggcacgctc tccttcccga cggtcgcctc caatgaatta	480
	tttttaccga ttaccatca agcgggtgaa aaggcattaa aaaccaagct taatcaacca	540
	caatttgctt tagcgccctt cgccaatgct tcaattgctg gctcgcaact ggcagccaat	600
	ggtgtcattg ctcatagcgc gtctaagttg ttaagcgatg ccctcggcct tggcggcgca	660
	cagctcagtc tcgacgcgcg ctgcgccagc tcagtcctat ccctcaaatt ggctcgcgat	720
15	tatttaacca cgggcaaggc cgatatgatg ctgcggggcg ctgtatcggg cgccgatccc	780
	ttctttatca atatgggatt ctcgattttc cagcctatc cagaccatgg gatttcggcg	840
	cctttcgata gcaatagcaa aggccttattc gcgggcgaag gcgctggcgt attagtgcct	900
	aagcgtttag aggatgccga gcgcgatggc gataatatct atgctgtggt cagtggcatt	960
	ggtttatcga acgatggcaa aggcgaattt gtcttaagcc ccaacagtaa gggccaagtg	1020
20	caagccttcg agcgcgccta tgccgccgct aacacgcacc cgagcaatat cgaagtgatt	1080
	gaatgccatg ccaccggcac gccgctgggg gataaagttg agctcacttc gatggagcgt	1140
	tttttcgagg ataaactcga cggcactaaa gcgccgctga taggttcggc caaatccaat	1200
	cttgggcatt tgctcaccgc agccggcatg cctgggataa tgaagatgat ttttgccatg	1260
	cgctcaggcc atctaccgcc aagtatcaat ttaacggcgc cgatttcatc acctaaaggg	1320
25	ttgttttagc tcaataatct tcccacacag cgtcaggctt ggcccataa agcgggcaac	1380
	gatcgtcgcc atgcaggggt gtctgtatct ggttttggcg gctgtaacgc ccatctgttg	1440
	ttggaatcct atcaaccgac agcgcacagc gccgagaagc aagccaacaa acctgtttat	1500
	cagcagcaag cattaaccgt tataggcatg gcgtcgcat tttggccttt ggctccatc	1560
	aatgcgctgg ataaggcgct aatagcccaa acggatgcct ttatcccgtt gcccctaaa	1620
30	cgatggaaag gcttagataa acaccccgat atcttcagc aatttggcct aaatcgcgcg	1680
	cccaaaggcg cctatatcga gcagtttgac ttcgactttt tgcgctttaa agtgccgccc	1740
	aatgaggatg acaggcttat ctcccagcaa ttgttgctga tcaaagtcgc cgacgaagcg	1800

	attcgcgatg ccaagttaac cgcaggcagc aaggctcgcg tgtagtggtc gatggaaacc	1860
	gagcttgagc tgcaccaatt ccgtggcccg gtgaatttgc acaccaact ggcgatagc	1920
	ttaaagaaac aagggtgtca cctctccaat gatgaatacc tcgccctcga agccatcgcc	1980
	atggacagcg tgctcgatgc cgccaagctc aatcaatata ccagctttat tggcaatatt	2040
5	atggcgctgc gcatcgctc gctgtgggac ttaacggcc cagcgtttac catttcagcc	2100
	gccgagcaat cggttgcccc ttgtatcgat gtggcgcaaa acttactgtc caaagaggcc	2160
	ctagatggcg tagtgattgc cgccgtggat ttaagcggca gtgttgaaca ggtcatattg	2220
	aaaaacgctc aagtcgccgt tgatctcgat gccaacagcg caaatccaca gtggaagggtg	2280
	ggtgaaggcg cggcgctat cgtgcttaca aaccagcaag cgagcaacag tcaacaagcg	2340
10	ggttacggcc aaattcgtgg tcaagcattt ggcacaaacc atcagctgcc taagtgcctt	2400
	gattcgctga taaccgaaac ggctatcgcc aatccttcaa tgccaacggc catccatag	2460
	attgagcaat gtattgcccc agaagaacaa ctgccagcag agcatttatt agcgcagctt	2520
	aatcttttgg ggacgtcatg caatcgagtc gccaatcccc ttggacataa ctttgccgct	2580
	gcaggtatgg ccagtcctct gagtgccttg ttaagcctaa agaacaggtc agcaaattcg	2640
15	gataaaaacg ccgaaaaaca ggcattagtg tctacccaaa gccaaaggggt gagctcgctg	2700
	ctgctgttaa gccaaacggc aacgcaggcg gcacaactag aactgcgcct tgcgcaggac	2760
	ttaaccttaa gtgagcaaaa acatttaatc aaaccagtga cgctcgggtg tcgcatatc	2820
	tatcaacata ttgtagatac gccgctgcct gcacttgccg ccatccaagg caaaatgcgc	2880
	cagttgcagc ctttagcctc acaggcgaca caaactaagc ccgagtggtg cgcagcactt	2940
20	gatatcacgg ctgaaaacgc cacaccatta gcagcagaga gcggtatgtc atctaacgca	3000
	ccacttcaat ttgagacaac agcatcgcg caggatagcg cggcattgtt gcaaaaccag	3060
	caactcgccc gcgaggcgca cttagccttt ttacagagcc gtgagcaagg gctcaaaactg	3120
	gcagatgcgt tgtaaaggc acaattatcc cagacgacac aaatgggtgc tgttgagcc	3180
	catgttgcca ccagcgcaaa tgctcgctga acgaaggcgc agcaagcgggt gtcaatccca	3240
25	gaactcatgc ctaatcatgc gcctaatacat gcaagagtc cgccctatac gccccatt	3300
	cctgccgcta agccctgcat ttggaactat caggatctgg tggaatacgc cgaaggcgac	3360
	attgccaagg tctttggcgc cgattatgcc attatcgaca gctacgcagc gcgctgcgc	3420
	ctgccgacct cggattatct gctggctctc cgggtaacga agctcaacgc gcaaatgaac	3480
	cgctatcaac cgagcagtat gaccacagaa tacgatattc ccgtggatgc gcccttcttg	3540
30	gtcgatggcc aaattccttg ggcagtggtg gtcgaatcgg gccagtgcga ttaaatgctg	3600
	atcagctact taggtatcga ttttgaaaac aagggcgagc gcgtctatcg tttgctcgac	3660
	tgcaccctca ccttccttgg ggatctgccc cgcggcggtg ataccctgcg ctacgatatc	3720

	tccatcaacc actttgcccg caatggcgat accctgctat ttttcttctc ctacgaatgc	3780
	tttgtgggcg ataagctgat cctcaagatg gacggcggtt gcgcgggatt ctttaccgat	3840
	aaagaactgg ccgatggcaa aggggtgatt cgcaccgagg tcgaaattaa ggtgcgcgag	3900
	caagcacaaa ttgactggc caatgaatat acccgaaacg gcaataagcc acgcttcacg	3960
5	ccgctactta actgcgcgca aactgccttt agctacggcc aaatccatcg tctactgagc	4020
	gccgacattg gtggctgttt cggcggtgaa catgcggccc atcaagcaaa gtttggtctc	4080
	cagccttcac tctgcttcgc ctcggaaaaa ttcttgatga tcgagcaagt cagtaagctc	4140
	gaagtgcattg gcggcgctg gggcttaggc ttgattgaag gtcacaagca attagcccc	4200
	gaccattggt atttcccctg ccatttcaag ggcgaccaag tgatggcagg ctcccctatg	4260
10	gccgaagggt gtggccagtt actgcaatth tttatgtctc atattggtat gcatgcta	4320
	acacaagcag gtggcgctta taacggccgt ttccaacccc ttgaaaacgc atcgcaaaaa	4380
	gtgcgctgcc gcggtcaggt attgccacaa tctggcacc tcacctatcg catggaagtc	4440
	accgaaatcg gcatgagccc tcgcccctat gccaaaggcg atattgatat tctgctcaat	4500
	ggcaaagtgg tgggtgattt ccaaaatctc ggggtgatga ttaaagaaga agcggattgc	4560
15	accgctatt cgcaaagcca ttcttcacag ggtaatacata cgcaagcagc aaatatcgaa	4620
	agtctcgcgg aacaagcgcc gctaattggc caaatcccag atgttgagc tccggtaaat	4680
	aaaggcgttg tgccgcttaa gcatgtgagc gcgccgattg cgccagcagg ctctaagtac	4740
	gccaaaccg tgcccgacac cctgccgttt actccttacc atttatttga gtttgccacc	4800
	ggcgatattg aaaactgctt cggccccgat tttagtattt accgtggctt aatcccgcg	4860
20	cgtagccct gtggcgatct gcaactcact acccgagtgg tggctattga aggcaaacgt	4920
	ggcgagctga aaaagccatc cacctgtatt gccgagtatg aagtgccag caacgcgtgg	4980
	tattaccgta aaaccagcca ccgagtgta atgccctact ctgtgctgat ggaaatatca	5040
	ttgcagccaa atggctttat ctggggttat atgggcacga ccttaggctt tccagggcag	5100
	gagttattct tccgcaatct cgacggcagt ggcaagttac tgcgcggaagt ggatttacgc	5160
25	ggtaagacca tagtcaatga ttgcgcctg ctgtctaccg tgattgctgg cagcaatata	5220
	attcaaaaact ttagctttga gctgagctgc gatggcgagc ccttctaccg tggtaatgcg	5280
	gttttcggtt actttaaggc cgatgcgctt aaaaaccagt tgggtatcga caatggtaaa	5340
	attaccaag cgtggcacct tgagcgcggt atcaaagccg actgccaaat caatctgtta	5400
	gataaaaatg gccgcagttt cgtggcgccg ctgggcaagc cacactaccg cctagcgggt	5460
30	ggcgagctga actttatcga caaggccgaa attgtaaaaa ctggcggtta gaaggggctc	5520
	ggatacttat acgcccagcg caccattgac ccgagcgatt ggttcttcca gttccatttc	5580
	catcaggacc ctgtaatgcc aggtccctc ggtgtcgagg cgattatcga attactgcaa	5640

acctatgcca tagaccaaga cctagggcgca ggtttcaata atccgaaatt tggccaaatt 5700
 ctgtcagaaa ttaaatggaa gtatcgcggt caaattaatc cattaacaa acagatgtcg 5760
 ctggatgtgc atatcaccag cattgaagat aaagacggt aacgcatcat caagggcgat 5820
 gccaacctga gtaaggatgg cctgcgcatt tatgaggtga ccgatattgc catctgcatc 5880
 5 gaagaggcat ag 5892
 <210> SEQ ID NO 40
 <211> COMPRIMENTO: 1644
 <212> TIPO: DNA
 <213> ORGANISMO: Shewanella oneidensis
 10 <400> SEQUÊNCIA: 40
 atgacgaata ccacactcga taataacgct ctcgataata acaagctcag tccttgcccg 60
 tggcagggtg atgaagccgc catcagtttc gatatcgaat cccttgcaa aaaactcaaa 120
 gatctcaatc aagcctgtta cttaatcaac catgctgaga aaggcttagg catagcccaa 180
 agcgccgaag tggtcggtct tgcagaaccc aataatgggt tgcacacctg aagcgcttc 240
 15 gccccgccc ttggcaccca gagcttgggt gacagtaatt ttcgcccgt gcatggggtg 300
 aaatacgctt actacgctgg cgccatggcc aacgggtatc cctcggaaga gttagttatc 360
 gccttaggtc aggcgggcat tttgtgctcc tttggcgcg caggggtaat tccgtcgcg 420
 gtggaagccg cgattaaacg cattcaagcg gcattgccca atgggtcccta cgccttaac 480
 ttgatccata gcccagcgga gcaagcgctg gacggtggca gtgtcgaact cttccttaaa 540
 20 catcaagtgc gtacgggtga ggccctcggt ttcttgggt taacgccgca aatcgtctat 600
 taccgcgccg caggcctgag tcgcgacgcc agcggcgaga ttgtgattgg caataaagtg 660
 attgctaaaa tcagccgtac tgaggtgggt accaagttaa tggagccgc ccccgtaag 720
 atactgcaac aattagtga cgaagggctt atcagcgaag atcaaatgct gatggcgcaa 780
 tctgtgccca tggccgatga cattaccgcc gaagcagact caggcgcca caccgacaat 840
 25 cgccctctgg tcacgtatt gcccaaccatt ttggcgctca aagataccat tcaagccaag 900
 taccagtata aaacgccgat ccgagtgggc gcaggtgggg ggatcggcac ccccgatgcg 960
 gcgctggcga cttcaatat gggcgggcc tatattgtca ccggtcaat caaccaagcc 1020
 tgcgtggaag cgggtgccag cgaacatacc cgtaagttac tcgccaccac tgaatggcc 1080
 gatgtgacta tggcgccgc cgccgatatg ttgaaatgg gcgttaagtt acaagtgggt 1140
 30 aagcgcgga ccctattccc gatgcgcgcc aataagctct acgagattta ccccgtac 1200
 gactcgatag aggcgattcc agcagaggaa aggcaaaagc tggaagagca agtatttcgc 1260
 gcctcattag atgagatttg ggcaggtact gtggcgact ttaatgagcg cgatcctaag 1320

caaattgagc gcgcgctgga taaccctaaa cgcaaatgg cactgatttt ccgctgggtat 1380
 ttaggtttat cgagccgctg gtcaaacact ggtgaagtcg gccgcgaaat ggattaccag 1440
 atttgggcag gccccgcctt cggcgccttt aatgcttggg ctaaaggcag ttatttagat 1500
 gattaccgag agcgcaatgc ggtcgacttg gcgaaacatt taatgcaagg cgccgcctac 1560
 5 caagcacgga ttaacctgtt gttatcccaa ggggtaagta ttccagtcag cctgcaacgt 1620
 tggaaacctc tgcaacgctg ctaa 1644
 <210> SEQ ID NO 41
 <211> COMPRIMENTO: 8316
 <212> TIPO: DNA
 10 <213> ORGANISMO: Colwellia psychrerythraea
 <400> SEQUÊNCIA: 41
 atggctaaaa agcaaagcac atctaataac cctgtaacga atgaagcaga cgaaaaagcg 60
 ttttaattctc gtcttcaaga atgtcctatt gccattgttg gcatggcgtc tatctttgct 120
 gatgcaaaga acttagaaaa ctactgggac aacatttttg aatcagtcga tgcaattaaa 180
 15 gatgtaccca gtgatcgttg ggcaaaggat gattattact cgagcgatcc aaaagaggct 240
 gataaaacct attgtaaagc tgggtggttc ttaccagaaa tagacttcga cccaatggaa 300
 tttggtttgc caccaaacad tttagagtta actgatatcg ctcagttatt gtcttttagta 360
 gttgcacgtg aagtattaaa cgatgcaggt attgggtgatg ggtctgggta cgatcgtgac 420
 aaagttagta ttacgttagg tgtaggtggt ggacagaaac aaatttcgcc attaacgtct 480
 20 cgcttgcaag gccagctatt agagaaagta ttaaaagcgt cagggtgtga agaagctgat 540
 cgcgccatga tcattgaaaa gttcaaaaag gcctatatcg gttgggaaga aaactcattc 600
 ccaggcatgt taggcaatgt ttttctggt cgtattgcta accgttttga ttttgggtgt 660
 actaactgtg ttgttgatgc ggcttggtgca ggttctttag cggcgattaa gctagctatc 720
 tcagacttac ttgagcacag atctgaagta atgatctctg gtgggtgtttg ttgtgacaat 780
 25 tcaccattta tgtatatgtc attttcaaaa actcctgctt ttacaacagg tgaagacatc 840
 cgcccatctg ataatgatcc aaaaggatg atgattggtg aaggcatcgg tatgatggct 900
 ttcaagcgtt tggaagatgc tgaacgtgat ggtgataaag tttacgccgt acttaaagg 960
 attggtactt caagcgatgg tcgctttaag tcgatttacg caccacgccc agatgggtcaa 1020
 gctaaagcgt taaaacgtgc ttatgaagat gcagggtttg atccaaaaag ctgtggcatg 1080
 30 attgaagcgc atggtacggg cacgaaagcg ggtgacgcag cagaatttgg cggttagtt 1140
 aaacacttct cacaagataa tgatcaaaaa caacatatcg ccttaggctc tgtaagtct 1200
 caaattggtc acgctaaagc ggccgctggc gcagcaggtg tgataaaagc ggtattagcg 1260

	cttcatcata aagtgtacc agcaacta catatcgacc aacctaatac ctctgtagac	1320
	attgaaaaca gtccaatgta tttaaacagc gaaacacgtc cttggatggc acgtgaagat	1380
	ggttttaccac gccgcgcagg tatcagttcg tttggttttg gtggtactaa ctaccacatg	1440
	gtattagaag aatactcgcc aaaagcacia ggccagtatc gcttaaatgc agtgccacaa	1500
5	acactgttag ttacagcggc taacgaaaaa gcattagtga gttcattaac agattggaaa	1560
	aataaattaa gtgtaaaagc agatgatcaa ccatacgctt ttaacgcctt agttgttgaa	1620
	aacacgttaa caacaccagc ggttgctcta gcccgctgtg gttttgttgc aaaaaatgct	1680
	gatgaagcaa tcaaatgat tgaagggtct ttgacgcaat tccaagcaa atcaggtggt	1740
	gacattcctt gtgaagagtg gtcagtacca acgggtatct attaccgtaa gtctggcttg	1800
10	tcagtgaagc gaaaggttgt cgctctcttt tcagggtcaag gtcacaata cgtaaatatg	1860
	ggccgcgagc ttgcttgtaa ctcccaagc gtaatgcaag ctgctgcaga tatggacagt	1920
	gagtttacac aagcagggtt aggtcaatta accccgacaa cgtatccaat tcctgtatct	1980
	aatgatgatg cacgtaaagc acaagatgaa gctttacgtt taactcaaca cgcacaacct	2040
	gcaattggta ccttaagtgt tggctctatat aaagcgttta ctaatgctgg tttcaaagcc	2100
15	gactttactg cgggacatag ctttgggtgaa ttaaccgcgc tttgggctgc aggcgtagta	2160
	agtgatagtg actatatgat gttagcacgt agtcgtggtc aagcaatggc agcacctaca	2220
	ggtgaggctg cgataggatt tgatgcgggc actatgattg ccgttgttgg aagtccaact	2280
	gatattgcta atgatattaa agacatcaaa gatattctta ttgcaaaact caactcta	2340
	aaccaagtag ttgttgcggg tgtaagcact caaatagcaa tcgctatcga tgagttaaaa	2400
20	ggcaaagggt ataaagttgt accattaccc gtttctgccg cgttcatac gccacttgtg	2460
	ggccacgctc aaaaaccatt tagcgatgct attgataatg ctaaatttaa taagccgctt	2520
	gtacctgttt attcaaatgg cacagccaaa gcgcattcaa ataaagcggc tgatattaaa	2580
	aagtcactga aaaatcatat tttagaatca gtacacttta acgaagaaat tgacaacatt	2640
	tacgctgatg gcggacgagt atttgttgaa tttggcccta aaaatgtatt aaccaaactt	2700
25	gttgaaaata tcttaaaaga taaagaagac gttgtagcta tagcggttaa tgctaatacca	2760
	aagaaatcgg ccgatatgca aatgcgtcaa gcggcagtgc aaatggcggg acttgggtta	2820
	gagttaacag aaattgacct gtattcagcg gttaaacgct cattatctgc acctaaaatg	2880
	tcaccactag cgatgaagct aactggcgca tcttatgtga gtccctaaaac taaaaaggca	2940
	tttgatgatg cactaaatga cggttgagca attaaacaag caacgtcagt tcctgttgct	3000
30	gtgcctgagc cacaagtggg tgaaaaaatt gttgagaaga tcgttgaagt agagcgcatt	3060
	gtagaagttg agagaattgt ttacctgact gcagacggga aagtcttcga tggtagtgc	3120
	gcagatggaa ctgttgctaa tgggtcaagca gctaacagtg ttgcagtaaa cgtaaacact	3180

	gcggatatag caaatagtat tgaacgtagc gttagtcagt ttgttgatca ccaacaacag	3240
	ttattaaacg tacatgagca atatatgcaa ggtccaaaag actatgcaaa aacgtttgat	3300
	acggctctat ctaaccaaga agcaggcgag ttacctgaaa gcctagaccg tacgttaggt	3360
	atgtatcatg acttccaatc agaaacattg cgtgttcatg agcaatattt gaataaccaa	3420
5	actgataata tggcaacgat gttgtctgct tctgaaagta atacagaggt gagttctaac	3480
	atagttaaaa catcaccaat cgcgactcaa gcacctgtta ttaaaagtgt agtgacacaa	3540
	gcgcctgttg ttaaaccaac aatttcagtg gcacctgcaa cacaacggt acctgccgcc	3600
	gtatctcctc cagtagtata tgctccagta gtaaattgcgc ccgcacaatc agtagcaaca	3660
	gccgttgcca tggcgccggt agctgaagtt tctattgctg ttctgttca ggaatcatca	3720
10	cttgaccttg aacgcattca aacagtgatg atggaagtag ttgctgagaa gaccggttat	3780
	ccaacagaaa tgttagaact tgaaatggat atggaagctg atttaggtat tgattcaatc	3840
	aagcgagttg agattttagg ctacagtaca gaaattattg ctgatttacc agagcttaac	3900
	cctgaagact tagctgaatt acgtacctta ggcgaaatcg ttgactacat gaagtcgaaa	3960
	gcacaagctg cggtcctag tgcgtcagcg aatgacagtg caccagcact acatttagtc	4020
15	gatagctcag ttgtgccaa gcatcgattta caacacatcc agaattgtgat gatggaagtg	4080
	gttgcctgaga agaccggta cccaaccgaa atgcttgagc ttgaaatgga catggaagct	4140
	gacttaggta ttgattcaat aaaacgtgtt gaaatcttag gttcagtaca agaaatcatt	4200
	aacgatttac cagagcttaa ccctgaagat ttagctgaac tgcgcacctt aggtgaaatc	4260
	gttaactaca tgcaatctaa agtatcagcg gctcctgtag cgagtgcgcc agttaatacg	4320
20	actgtaagca gcacgcctgc aatcgattta attcacatcc aaaatgtgat gatggaagtg	4380
	gttgcagaaa aaactggcta cccaactgaa atgcttgagc ttgaaatgga catggaagct	4440
	gacttgggaa ttgactcaat caaacgtgtt gaaatactgg gtgctgttca ggaaactatc	4500
	cctgatttac cagagcttaa ccagaagat ttagctgagt tacgtacatt aggtgaaatc	4560
	gtaagttaca tgcaaagtaa agtatcagta gcgcctgcag cagttgcagc aattgtgcca	4620
25	aatgcgacag ctaatgcaag tgctcctgca attgacttag attacattca gacgttatg	4680
	atgacagtag tagcgagaaa aactggctac ccgactgaaa tgcttgaact tgaaatggac	4740
	atggaagctg atcttggtat cgactcaatc aaacgtgttg aaatacttgg tgctgttcag	4800
	gaaactatcc ctgacttacc agagcttaac ccagaagatt tagctgagtt acgtacctta	4860
	ggcgaaatcg taagttacat gcaaagtaaa gtatctgtag cgccaatagc agttgttgat	4920
30	aatgctcaag ctgcgtcagc cattgtgcca actaaggtaa gcagcgtcc tgcaatagat	4980
	ttagattaca ttcaatccgt aatgatgaca gtagtggcgg agaaaactgg ctaccaact	5040
	gaaatgcttg agttagccat ggatatggaa gcagacttag gtattgactc aatcaaacgc	5100

	gttgaaattt taggtgctgt tcaggaaacc atccctgact taccagagct taaccagaa	5160
	gatttagctg agttacgtac cttaggtgaa atcgtaagtt atatgcaatc taaggtaaca	5220
	cccgttgcag atgttactgc tgaacaagt acgctagcga atgaaagcgc tccagcaatt	5280
	gacttagatt acatccaatc tgtaatgatg acagtagtgg cagagaaaac tggctaccca	5340
5	actgaaatgc ttgagcttgc catggatatg gaagcagact taggtatcga ctcaatcaaa	5400
	cgtgttgaaa ttctcgggtgc tgttcaggaa actattctcg acttaccaga gcttaatcca	5460
	gaagatttag ctgagttacg taccttaggt gaaatcgtaa gttacatgca aagtaaagta	5520
	tcgccaacgg atccgactga ccctaaagga acaggtgtta aaaccactgt ccctgctgct	5580
	gttcttgcaa atggttagtc agtagaaaca gcggttaact ttcaaggcgc acctagtgc	5640
10	actgttgaac taacagcatt atcttcagtg aacaaaattg ttcaagatgt tactggtgaa	5700
	ggcaacaat caggcgctaa cgcgttagtt gttgatgatg gcagtggcgc agccgtggcg	5760
	ttaagtgtc aactgatcaa agcaggttgg caagttacgg cattaaaacc taattgggtg	5820
	gtcagccatt cgaaaaaagc gtttgctaca gcagtaaatg ttgttgaaat tgggtactcat	5880
	gataaaacac ttgatgaagc tcaagtaaaa gacatcattg agaaaacagc acaattagac	5940
15	gcagttatctt acttacaagc agcaaatact gttgatgcta tcgaataccc agaagcggca	6000
	aaacaaggct taatgttagc cttcgtatta gctaagttgt cgaatgtaa gtttagcagt	6060
	aatgcacgtg cttcttttgt tgtggtaact cgccaagggtg gcgctttagg cttttcta	6120
	ggtgatgctg atagtgttac gcaacaagtt aaagccaatg tgaaagccga cttagtgc	6180
	gcaggttttag cgggcttagt taaaaccatc aacctgaat ggaacgctgg cgaaggcagt	6240
20	gttttctgtc gaattatcga tttatcaagt aaattagcag cagataaagc agcaactatc	6300
	atcaatgatg agttacttga tattgacggc agtattgttg aagtagcaca tgataccgat	6360
	aacctgagta ataacattgg ctacgtcta acgctatctg gtgtggttac cgatagtat	6420
	gcactaacac caattgctaa agggctcaaac acagcaatta acagtgactc ggtattttt	6480
	gtaagcgggtg gcgcaaaggg ggttacagca cattgcgtta tcgaaattgc caaacagtac	6540
25	caagctaagt ttattttatt aggtcgttca tcctttgatg acaacgagcc aagctgggca	6600
	caaggcatta gtgatgaagt tgctttgaaa aaagcagcga tgcaagcatt gattgcaagc	6660
	ggcgaaaaac caacaccagt taaagtgact cagtttgtac gtccggtatt agctaactgt	6720
	gaaattgcgc aaaccttagc ggcaattaaa gcggcaggcg ggcaagcaca ttacgtgct	6780
	gccgacgtga cgaatagtgt aagtgttagc gctgcgggtc agcctttact aaaaacctta	6840
30	ggtcaagggt ccttacaagt tacgggcac atcatgggtg cgggtgtctt agcggacaag	6900
	tttattgagc aaaaaacgct tgaagaattt aacgcggtat acacaacgaa aatagatggt	6960
	ttattgtctt tattagcagc aaccaatgcc gaaaatatta aacacttagt gttattttca	7020

	tcagcggctg gtttttatgg taaccaggg caatctgatt actccatcgc taatgatatt	7080
	ttaaataaaa cggcttaccg ttttaaagca ttaaatacaa gtgctcaagt actaagcttc	7140
	aactggggac cttgggatgg tggcatggta acaccagagc ttaaactgat gttaacgac	7200
	cgtggtgttt atattattcc acttgatgca ggcgctaaat tattggtaag tgaactcgt	7260
5	gcagatacta accgttgtgc acaaatcctt gttggtaatg atttgctgaa ggatacagct	7320
	aaggatgcat ctgtaaaaaa gccacaagtt agtcgcttaa ctagccgtgt taataaaaca	7380
	cttttagcga ctaacaatac ctttttagct gaccacacca ttggtgatga caaagtatta	7440
	ccaaccgtgt gcgccatagc atggatgagt gaagccgcaa tggttgctta cccagcattt	7500
	cattatcaag gactagcaaa ctataagttg tttaaaggca tcatctttga tggcagtga	7560
10	gcaacagaat attcaatcga tatgattgct caagttgagg gtgaaagctt agtagtagac	7620
	actaaaattt caagtactaa tgagcagggt aaaccagtat ttcattatgg cgctcagctg	7680
	acattagtcg ctaaagcggg aagaaaagaa gcgccaacgg ttgaacttat attacctgaa	7740
	gctttaccag aattacttcc ggaaacagta ctttcgagca ctgaagaagc aggcgcttta	7800
	tatactaata gttactttatt ccacggtgaa agcctgcaag gaattaaggc aatacttgcg	7860
15	tgtaatagagc aaggctctatt attgaaatgc caagtaccag cagtggcaag tcttaagcaa	7920
	ggcgagttcc cgattagccc gttgaatagt gcaagcgaac actcgaacat ttttgccaat	7980
	gatatcgctt atcaagccat gttagtttgg gctaaaaagc aattaggttt aggtagctta	8040
	ccgtcaagta cgcaaagttg gacgggtatac cgtgacgtca gtcttggtga aaacttctac	8100
	cttaaattaa cggtagtgaa aagctcaggc aaaggaaagc aacgtgggtc tttagtggt	8160
20	gacattgaaa tgattgatga aaacaatcga ttactcagtg agataaaatc tgccaaagtg	8220
	acggctagtg ctaacttaaa tgacttattc ctacctaaaa aggcaccgaa aactacaccg	8280
	aaagctaagc aaagtgaag tgaggcaagt gcgtaa	8316
	<210> SEQ ID NO 42	
	<211> COMPRIMENTO: 2703	
25	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Colwellia psychrerythraea	
	<400> SEQUÊNCIA: 42	
	atggttaaca atcattataa aacggccatt attggttag atgctcagtt tgaaaatgaa	60
	cagagcggtc aaaccgatat tgatcgggtt gaacgtgctc tatacctcgg caaactttca	120
30	gggaatatct caggtaagag cctagatcaa gctgaaatat cagacaagga aaatacaaca	180
	ctcaagctaa gctgttcagc aacggttgag cgtatggcac ttgctaatac agtcagtagc	240
	gctgatatca aagttgttgt gctaatgcac gacagtgaat atatagtcac tgatattgaa	300

	aatgttattg ttgttacttc gttagctagc gcactacaac aaatagatac gttgattgag	360
	caaaaatttct tggtagcctt gcttgggtatt aatttactta gtttaagcga taagcaaaat	420
	ggcagtgatg tttgccaaga gctggcgacc atctcatatg atcaaaactt tagcgcttat	480
	caagcgtgtc gcggtattgc tgcattatta tttgcacctg caacgtttgc acaaactcat	540
5	cactgttatg tctattcgcg gataaaaggt tttgccacgg ggagcgatat aactagtgtt	600
	actgctgcag cgtagataa agcgcaagtc aatgcaacag atattggttt gcttgaagtt	660
	tctgcgttat caaataaaga tgcttcgctt gctgaaacaa aagggtttatt gagccattat	720
	ttaatagatg gtgccaataa agcagtaatg agtgaagatg ccaatgaagc attaaatacg	780
	gctatctctt gtgcacgtag tgttaccgga gaaggggctg gcttttctga agtgttaggt	840
10	ttgttacgta ccgttattgc actgcaacaa cgttatatcc ctgccattac tgattggcaa	900
	caaccacaag ccagtgaact tgaaaaatgg caaagctcaa gctgttactt tccaacagag	960
	gctcgtccat ggtatccaca gcctaattgt aatgcccact ttggcgcgta cagttgttta	1020
	accgtttcag acaataatca tgattattgt catattatcc tgcaagaaga gcaggttgg	1080
	cttattgatg gtaaaccatgc tgcaagcgat attcgcgta atgggtttat tgcctgtagt	1140
15	gatttacagc tagtattaat tggcgagag gatttaccta atttattaac tcagttaatt	1200
	gatcttgaag atgagcttga agctactttt aaaggtaacc ttgaagagaa ggctgaacag	1260
	agtagaacat cacttaaaga tattgcttta acgcgttttg aacagtctaa aggcaatagc	1320
	agtcgttata cgattgcctt attgtctgaa tcgatagaag aactaagcaa agaaataaaa	1380
	ctcgttaaag ccggtgttcc tgcagcattt tctgatgta attctgataa gaataatcag	1440
20	caagaatggc gaacgccaaa aggcagctat tttagtgcta gccctgttaa taatagtga	1500
	tcagcgacta ataatgtttc atttttatat ccgggcattg gtgcaacgta tgtcggttta	1560
	ggacgtgatt tattccacct ttttctgaa atacaccaag atgttgctaa cttagccgac	1620
	gatattggcg caagtttaaa agataaatta ttaaatcccc ggtccataat tcgtcctgat	1680
	tttaaagcat taaaacagct tgattttaac ctccgtggta agttggctga tattgcagaa	1740
25	gcaggcgctg gttttgcgtg tgtattcact aaagtatttg aaaacgtctt taaggtaaag	1800
	gcagactttg ctacaggtta cagcatgggt gaagtcagta tgtacgctgc attgggtgca	1860
	tggcaacaac caggattgat gagcgcacgt ttagctaatt cagatacctt caatcaacgt	1920
	ttatgtggtg acttgctaac tttacgtgag cattgggggc ttcctagttc gacaagtagt	1980
	cctactaata gccctagcaa tgaccaagct gaaagtctag atgagttgat ttgggaaacc	2040
30	tacaccatta aagcaacgtt agatgaagtt atcgctgcca gtgaagatga agaacgtgtt	2100
	tattgcacca tagttaatac gccagacagt ttattattag gtggttatcc agccgattgt	2160
	ctacgcgtta ttaaaaaact tgggtgtacgt gctatgccac ttaacatggc aatgcaatt	2220

	cacagtgcac cagcaaaaat tgaatatgac gacatgggtg aactttatac catggacgtt	2280
	actgcgcgct taaaaactaa aatgtattca agctcttggt acttaccgt accacaaatg	2340
	agcaaagcga ttgctcacag tgttgctaag tgtttatgcg accgagtaga tttccccgt	2400
	ttaattaaca ccatgcacga taaaggtgcg cgggtattta ttgaaatggg accagggcgc	2460
5	tcgttgtgca gctgggtaga taaaatttta gatattgacg atagcagtaa aaatggcctc	2520
	tctaataaag aacctaatca agttgctcat aaagcacgag tatcagtgcc agtgaatgca	2580
	aagggcacia gtgacgagtt aacgtatgtg agagccgttg caaaattggg tagtcacggg	2640
	gtgaaactag atcttcaccg cttatttaat ggctcaatta ttgtgaaaaa gccacaagct	2700
	taa	2703
10	<210> SEQ ID NO 43	
	<211> COMPRIMENTO: 6051	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Colwellia psychrerythraea	
	<400> SEQUÊNCIA: 43	
15	atggaaaata ttgccgtagt aggtattgct aatttattcc caggatcttc tgcaccagaa	60
	gaattttggc agcaattgct gaagaaacag gattgtcgca gtaaagcaac caaagaacaa	120
	atgggtgttg accctgaaaa atacaccgga aaaaaaggcg acacagataa attttactgt	180
	gtgcacggtg gttatattcg agatttcaat ttgatgcaa catcatttat tcagaacact	240
	gctgggttaa ccgcaccgt gagtgaagag tacctaaatc aactagatga tctaaataag	300
20	tgggctttgt atgttaccca acaagcatta accgacgcag gttattgggg cagtataag	360
	cttgagcaat gtggcggtat tttaggaaac ttatcgtttc caaccaagtc gtctaatac	420
	ttatttatgc cgttgatca ccaagttgtc gataacgcat taaaagccgg tatcgataaa	480
	gattttcagt taagtcattt ttctgatact gatatttcga ccaataatat tcatgcagat	540
	aatgcgctgg ttgcggtta cctgacggcg cttttagcga aagctgcggg tcttggtggt	600
25	acacactttg cgcttgacgc agcctgtgca tcaagctgtt attcggtaaa attggcttgc	660
	gattacttgc atactggtaa agctgacatg atgctagcag gtgcggtatc aggctctgat	720
	cctatgtttg ttaatatggg gttctcaatc tttcaagcct acccagctaa caatattcat	780
	gccccgtttg ataaaaactc tcaaggctta ttgcccgtg aagggtgcagg catgatggta	840
	ttaaaacgcc atagtgatgc ggtacgtgac ggtgataaaa ttcacgcat tatcaaaggt	900
30	ggtgctttat caaatgacgg taaaggtgaa ttgttctta gcccaaatac taaagggcaa	960
	gtgcttgttt atgaacgtgc ctatgaagat gcagcggttg acccacgtga tgtagattac	1020
	attgaatgac atgctactgg cacacaaaaa ggcgataacg tagaacttgg ctctatggat	1080

	accttcttca gccgtttccc aagagaaaat ggcaataagc ctttgcttgg ctcagtcaaa	1140
	tctaacttag gtcacttact taccgcggca ggtatgccgg gtatgactaa agcgatttgg	1200
	gcacttaatg aagcaaaaaat ccccgcaacc attaacttaa acgagccatt aagctctaaa	1260
	aaaggttatt taggcggcgc acaaatgcc aacagatacta tcgattggcc agttcctgct	1320
5	aacagtgcaa acaagccaag aaccgctggt gtcagtgtat ttggttttgg tggctctaata	1380
	gctcatttag ttttacaaca acccacacag caacttgagc ctattacggt aaaagccaaa	1440
	ccacgtgagc cgctcgccat tattggtatg gatgctcatt ttggtggtgc tgaagatctt	1500
	gctagtttta aaacacttat cgaaactaat gataatactt tcagagaatt accgacgaat	1560
	cgttggaag gcattgataa cgatactgat gtgatgaatg ccttgagct tagtaaagca	1620
10	cctcagggcg gctatgttga aaactttgat attgattttt tacgtttcaa agtgccacct	1680
	aacgagcaag actgtttaat tccccagcaa ctgatgatga tgaaagtgc tgataatgca	1740
	gcgaaagatg caggacttaa agaaggtagc aacgttgccg tacttgtagc tatgggtatc	1800
	gaactcgagc tgcataata ccgaggtcgc gttaacttaa gcacacaaat tgaagaaagt	1860
	ttattacagc aaggcggtac gcttaactca gagcaacgtg aaacattaac caatatcgct	1920
15	aaaaatggcg ttgctcacgc ggcgcagctt aatcaatata cctcgtttat tggtaatatt	1980
	atggcgctcac gtatttcagc attatgggat ttaccggtc ctgcgataac gctttctgcg	2040
	gaagaaaact cagtttatcg ttgcgtagaa ttggctgaga acttattcca aacatcagac	2100
	attgatgccg tgattatagc ctcggttgat ttagctggct cagtagaaaa tattacctta	2160
	agacaacact tcggtccggt agaaaagggg caggtagaaa caggctcagt ctcaacaaat	2220
20	tctgcaacct cagcaaatgt ccttgaacaa aatacatggc gagtaggtga aggggcaggt	2280
	gcgtttgtcg ttaaaccctt gtctaaagtc atccaagttg cagagcaaag tatttacgcc	2340
	accatagacg gtattagttt tgccaatggt aaagatgctg cggccatcac taaggccgca	2400
	agcgcttcac tgaacattgc agggcttaac agcgcagata ttacgagtgt tgaagcacat	2460
	gccagtgggt ttagtgctga aaatatagca gaagctcaag cactaccagc attgtatgca	2520
25	ggcaaagtga ttagcagtgt taaaagcaat attggtcata cgtttaatgc cagtgggtgt	2580
	gccagtatta taaaacagc actcttgta gatgataaag tgttgaatga agagcgctta	2640
	acctctcatg tcgcgtctca tatagccgtg aatggcttag gtaaagatga aagctgtgcg	2700
	caccttattt tgcatcgag caagctagcc catcaagcag cgcctcctcc aacaggcaaa	2760
	caacgtccta aactaattaa aaatattagt ttaggtggca aggccatttt tgcagacatc	2820
30	attgctaacg ttaaagcacc ggcaatgacg gcgattaagc aagcttttac taagcaacct	2880
	ttacgtcagg ttaaacaggc ggttaatgtc atgaacatta aacctaagct aactgaagca	2940
	aaagtagctg aagttaagtt atcccaagct gctcagccaa ctaatttatc tagtcaagct	3000

	cacacacgat caacggctcgt taccggagta aaagtgaaga aagttactaa tactgctatt	3060
	gcaaataacc aaagcaagag gcaagtacct gcagatgtta aacatcaagc aagtaaagaa	3120
	atthttccaag aatcagctac acatcaagcc thtttaataa ctgcctaaat ggcaggctcag	3180
	cagatttcga aattgattga aatgcaagct aatgtcagtg cagggttgcc gacttatgtt	3240
5	tcaacaacaa gcgcagctga gccggtaaat gaacgtcagc atgcacctga gctttcgggt	3300
	gtttcttcaa atgtacaagc ggaaaaccag cagtgggcaa atgaatctgg ttttaaaatc	3360
	aaaggcccag caggatacag ctaccaccca ttacaacttg aagagcgctt taataaacc	3420
	gaagaaatta tttgggatac tgccgattta gttgaatttg ctgaagggtga tatcgcgaaa	3480
	gtttttggtg atgagtttaa aatcatcgac agttattcac gtcgtgtacg tttaccgacc	3540
10	acagattatt tattagtttc acgtgttacc gagcttgaag ctacggtaaa tgaatataaa	3600
	aaatcataca tgtgcactga gtatgatatt cccgttgatg cgccgttctt tatcgatggt	3660
	caaattcctt ggtcagtatc ggttgaatca ggacaatgtg atttattatt aatttcttat	3720
	attggtattg attttcaagc caaaggcgaa cgtgtttatc gtttacttga ttgtgaatta	3780
	accttcttag aagaaatggc ctttgggtgtt gaaacactgc gttatgaaat tcatatcgac	3840
15	tcatatgcac gaaacggcga gcaattatta ttcttcttcc actacgattg ttatgttggt	3900
	gataaaaaag tattaatcat gcgtaatggt tgtgctggtt tcttacttga tgaagaactt	3960
	gctgatggca aaggcggtat cttaaagat aaagataaag cagaattagc taatgccgtt	4020
	aaaagtgatt ttgcaccatt aataactaat attgatgcag cgaaacaagc caaacagcat	4080
	ttcgattacg ttgacatgat gaaattggtt gatggatgat ttgcagggtt ttttggtgaa	4140
20	gaatataacc aacaaggtcg taatccgtca ttaaagttct cgtctaagaa attcttaatg	4200
	atagagcgca ttactaagat tgatgcaaaa ggccggtcatt ggggcttagg ctactagaa	4260
	ggtcaaaaag acttagacc acagcattgg tatthtccat gtcactttaa aggtgaccaa	4320
	gtgatggccg gctcattaat gagtgaaggt tgtgggtcaa tggcgatgtt cttaatgctt	4380
	aaattaggca tgcacgctaa tgtaaataac gcacgcttcc agcctatgcc aggtgagtcg	4440
25	caaaccgtac gttgtcgtgg ccaagtactt ccgcagcaca atacgttaac gtatcgcatg	4500
	gaagtaaccg caatgggcat gactccttac ccattcttaa aagcgaatat cgaaattatt	4560
	cttgatggta aagcggttgt tgattttaaa aacttatcag tgatgatcac tgaacaagat	4620
	gataactcgc catatccggt aactttacct gacaatgttc agcttcaaca aagcaagggtg	4680
	caaccagtaa caaatgccga agttaaaggt gcagacacca atcttgaact agatgaacgt	4740
30	ggtgtagcgc catttaaaca ccctgaacgt gctttaatga aagttgtgtc tgatttgatc	4800
	gcgcaaaaag agaagggcgt aacaccaatt caacattttg aagcgccaat ggtagctggt	4860
	caaaaccgcg tacctaacca agcaccgttt acaccttggc atatgtttga atttgctacc	4920

	ggtaatatct ctaaagtgtt tggctctgat ttgacgtgt ataaaggtcg tttcctcca	4980
	cgtacaccct gtggtgattt acaagtcgta acacaagttg tcgaagtgca aggtgagcgt	5040
	ttagatctta aaaagacttc tagctgtatc gcagaatact atgtgccgag tgatgcatgg	5100
	tatttcacta aaaacagcgt taataactgg atgccttatt cattaatcat ggaaattgcc	5160
5	ttacaaccga atggctttat ttcaggttac atgggcacca cacttaaata cccagaaaaa	5220
	gatttattct tccgcaacct tgatggcagc ggtgacttaa tcaaacaggt agatttacgt	5280
	gataaaacca ttgttaataa atcgggtatta ttaagcacta ccatggctgg cggatgata	5340
	gtacaaagct tcacttttga gctgtatgtg aaaaatgaaa gtgctgctgc tcagtcatta	5400
	gaaagtcag acttggttcta caaaggtagc gccgtttttg gttactttgg tgcagatgcg	5460
10	ttaacgaacc aattaggtat tgataacggt aaagtaacgc acccttggtt tgttgataac	5520
	aatactccta aatcagacat taaggtagc gatcttagta attctaactc gcctttatac	5580
	caagcgccat cgaacaaacc gcattacaaa ttagcgggtg gtcaaatgaa ctttattgat	5640
	accgtttcaa tcgttgaagg cggcggtaaa gcgagtattg cttatgtaca cggcgaacga	5700
	actattgatg caacagactg gttcttccgt tatcacttcc accaagatcc ggtaatgcct	5760
15	ggctcattgg gtgttgaagc ggttatcgaa ttaatgcaa cctacgcatt agaaaatgat	5820
	ttaggtaagc aatttactaa cccaagattt attgcaccgg caaccctagt taaatggaaa	5880
	tatcgtggtc aaattacgcc attaaacaaa cagatgtctc ttgatgtgca tattacagac	5940
	atcattaaag aagacggtga agtgagatta gtcggcgatg ctaacttacc gaaagatggc	6000
	ttacgtatat acgaagtaaa agatattgtc ctgtcgcttg ttgaagcata a	6051
20	<210> SEQ ID NO 44	
	<211> COMPRIMENTO: 1599	
	<212> TIPO: DNA	
	<213> ORGANISMO: Colwellia psychrerythraea	
	<400> SEQUÊNCIA: 44	
25	atgtcaaatt taagttatag caatgccaat ccaattgatt gggcatggaa agttgatagc	60
	agcgctgtta aagccaatga tgtagaaata aagtcagcgt taatggattt aacaaagccg	120
	gtttatgtcg caaaatctgc taatagtttt ggtgtagtaa acgctactgc agctaccggt	180
	gatacggatg ttgtcgcttt tgctcaaaag ctaactccgc aagatttagg tgatgatgct	240
	tataaaaaagc agcatggcgt taaatacgcgt tatcatggcg gcgctatggc taatggcatt	300
30	gcctcagttg agctcgttgt cgctttaggc aaagccggtt ttttatgttc attcggcgct	360
	gctggattag taccagatgc tggtgaagat gcgattaaac gtatccaagc agaattacct	420
	aatggtcctt atgcggtaaa ttttaatacat gcaccagcgg aagaagcatt agagcgtggc	480

	gctgttgaac gctttttaaa gcttggcggtt aaaacagtag aagcttcagc ttatttaggg	540
	ttaaccgaac atatacgtttg gtatcggtta gcgggtttat ctaaaaatag cgatggcagc	600
	gtaaagatcg gcaataaagt tattgcaaag gtatcgcgaa ctgaagttgg tcgtcgcttt	660
	atggagcctg cgccacaaaa actaattgat aagctactgg ctcaaggtaa agtcacccaa	720
5	gagcaagctg agctttcaaa gcttgtagct atggctgatg atataaccgc tgaagcagac	780
	tctgggtggc ataccgataa tcgaccttct ttaaccttat tgccgacgat tatagcgctt	840
	cgtgatgaag ttcaagcaca gtacaacttc tctccagcgc tacgtgttgg tgctggtggt	900
	ggtattggta cccctgaagc tgcattagct gcctttaata tgggctcagc ttatattggt	960
	ttaggctcgg taaaccaagc atgtgttgaa gctggcgctt ctgaatacac tcgtaagtta	1020
10	ctggctcagg ttgaaatggc cgatgttact atggcaccag cggcagatat gtttgaaatg	1080
	ggcgtgaagt tgcaagttgt taagcgtggt tcaatgttcg ctatgcgcgc gaagaaactt	1140
	tacgagctgt acattaacta tgactcaatt gaagctatct cagccgacga acgtcttaag	1200
	attgaaaagc agatatttcg ctctaattct gatgatgttt gggcaggtac tgaagccttt	1260
	ttcactgaac gtgatcctga aatgttggcg cgagcacaat ctagccctaa acgtaaaatg	1320
15	gcgctaattt tccgttggtta tttaggatta agctctcgct ggtcaaatac cggcgagaaa	1380
	ggccgtgaaa tggattatca aatttgggca ggcccaagtc ttggcgcatc taacagctgg	1440
	gtaaaaggca cttacttaga agattatact cgccgtggcg ccgtagacgt tgctttgcat	1500
	atgttaaaag gtgcagccta cttacaacga gttaatcagc taaaactaca aggtgttagc	1560
	ttaagcactg aactggctgg ctatcgtagc gaagattag	1599

REIVINDICAÇÕES

1. Polinucleotídeo isolado compreendendo uma seqüência selecionada do grupo que consiste em:

- 5 (a) um polinucleotídeo que hibridiza para dar SEQ ID NO: 6 ou SEQ ID NO: 8, ou um seu complemento, sob condições de 5X SSC, 50% de formamida e 42°C, em que o polinucleotídeo codifica polipeptídeo com atividade de transferase de fosfopanteteínila ;
- (b) um polinucleotídeo que codifica a seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO: 7; e
- 10 (c) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo com atividade de transferase de fosfopanteteínila e tendo pelo menos 75% de identidade de seqüência a uma seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 5 ou SEQ ID NO: 7.

15 2. Polinucleotídeo isolado de acordo com a reivindicação 1, ulteriormente definia como operavelmente ligado a um promotor heterólogo.

3. Constructo de DNA compreendendo um promotor heterólogo operavelmente ligado ao polinucleotídeo isolado como definido na reivindicação 1.

20 4. Constructo de DNA de acordo com a reivindicação 3, em que o promotor é funcional em uma célula procariótica.

5. Constructo de DNA de acordo com a reivindicação 3, em que o promotor é funcional em uma célula eucariótica.

6. Constructo de DNA de acordo com a reivindicação 5, em que o promotor é funcional em uma célula de planta.

25 7. Constructo de DNA de acordo com a reivindicação 6, em que o promotor é um promotor de semente aumentada.

8. Célula hospedeira transformada com uma molécula de DNA que codifica um polipeptídeo tendo atividade de transferase de fosfopanteteínila operavelmente ligada a um promotor funcional na dita célula hospedeira, em que a molécula de DNA compreende uma seqüência selecionada do grupo que consiste em:

30

- (a) a seqüência de polinucleotídeos isolada como definida na reivindicação

1;

(b) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo pelo menos 75% de identidade de seqüência à seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 1; e

5 (c) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo pelo menos 75% de identidade de seqüência à seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 3.

9. Célula hospedeira de acordo com a reivindicação 8, em que a célula hospedeira ulteriormente compreende uma molécula de DNA que co-
10 difica um polipeptídeo de sintase de policetídeo compreendendo um sítio de ligação de fosfopanteteína, em que a molécula de DNA que codifica um polipeptídeo de sintase de policetídeo está operavelmente ligada a um promotor heterólogo.

10. Célula hospedeira de acordo com a reivindicação 9, em que
15 o polipeptídeo de sintase de policetídeo compreende um sítio de ligação de fosfopanteteína da Moritella marina.

11. Célula hospedeira de acordo com a reivindicação 9, em que a célula hospedeira ulteriormente compreende uma molécula de DNA que codifica um polipeptídeo de sintase de policetídeo tendo pelo menos 75% de
20 identidade de seqüência à seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 19.

12. Célula hospedeira de acordo com a reivindicação 8, em que a célula hospedeira é uma célula de planta.

13. Célula hospedeira de acordo com a reivindicação 8, em que a célula hospedeira é uma célula fúngica ou bacteriana.

25 14. Célula hospedeira de acordo com a reivindicação 8, definida como exibindo biossíntese de ácido graxo alterada em relação a uma célula do mesmo genótipo como a dita célula hospedeira mas carecendo da molécula de DNA.

30 15. Planta transgênica compreendendo uma molécula de DNA que codifica um polipeptídeo tendo atividade de transferase de fosfopanteteínica operavelmente ligada a um promotor funcional na dita planta, em que a molécula de DNA compreende uma seqüência selecionada do grupo que

consiste em:

- (a) a sequência de polinucleotídeos isolada como definido na reivindicação 1;
- (b) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo pelo menos 75% de identidade de sequência à sequência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 1; e
- (c) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo pelo menos 75% de identidade de sequência à sequência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 3.

10 16. Planta de acordo com a reivindicação 15, em que a planta é selecionada do grupo que consiste em canola, *Brassica campestris*, colza de semente oleosa, semente de colza, soja, crambe, mostarda, grão de rícino, amendoim, gergelim, rama de algodão, linhaça, açafrão, óleo de palma, linho, girassol, milho, arroz, cevada, milho miúdo, centeio, trigo, aveia, alfalfa e sorgo.

15 17. Planta de acordo com a reivindicação 15, ulteriormente definida como compreendendo uma molécula de DNA que codifica sintase de policetídeo.

20 18. Semente da planta transgênica de acordo com a reivindicação 15, em que a dita semente compreende compreendendo uma molécula de DNA.

19. Método de produção de comida ou alimento, compreendendo as etapas de:

- (a) obtenção da planta transgênica como definido na reivindicação 15 ou uma sua parte; e
- (b) produção da dita comida ou alimento a partir da mesma.

20. Método de acordo com a reivindicação 19, em que a comida ou alimento é óleo, silagem, farinha grossa, grão, amido, farinha de trigo, ou proteína.

30 21. Composição de comida ou alimento produzida pelo método como definido na reivindicação 19, e compreendendo uma molécula de ácido nucléico detectável compreendendo o polinucleotídeo isolado da reivindi-

cação 1.

22. Composição de comida ou alimento produzida pelo método de acordo com a reivindicação 21, em que a planta da reivindicação 15 compreende uma molécula de DNA que codifica sintase de policetídeo e em
5 que a composição de comida ou alimento compreende ácido docosaexaenóico ou ácido eicosapentaenóico.

23. Composição de comida ou alimento de acordo com a reivindicação 21, em que a planta é de uma espécie que não produz ácido docosaexaenóico ou ácido eicosapentaenóico quando a planta carece da dita
10 molécula de DNA molecule que codifica sintase de policetídeo e molécula de DNA que codifica um polipeptídeo tendo atividade de transferase de fosfopanteteínica.

24. Método de produção de ácido docosaexaenóico ou ácido eicosapentaenóico compreendendo as etapas de:

- 15 (a) expressão nas sementes de uma planta que compreende uma molécula de DNA que codifica sintase de policetídeo um polinucleotídeo selecionada do grupo que consiste em: (i) uma seqüência de polinucleotídeos isolada da reivindicação 1, (ii) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo pelo menos 75% de identidade de seqüência à se-
20 qüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 1, e (iii) um polinucleotídeo que codifica um polipeptídeo tendo pelo menos 75% de identidade de seqüência à seqüência de polipeptídeos de SEQ ID NO: 3 para produzir ácido docosaexaenóico ou ácido eicosapentaenóico e; e
- (b) obtenção do ácido docosaexaenóico ou ácido eicosapentaenóico a partir da dita semente.
25

25. Composição de comida ou alimento produzida a partir de uma planta preparada de acordo com a reivindicação 24, compreendendo ácido docosaexaenóico ou ácido eicosapentaenóico.

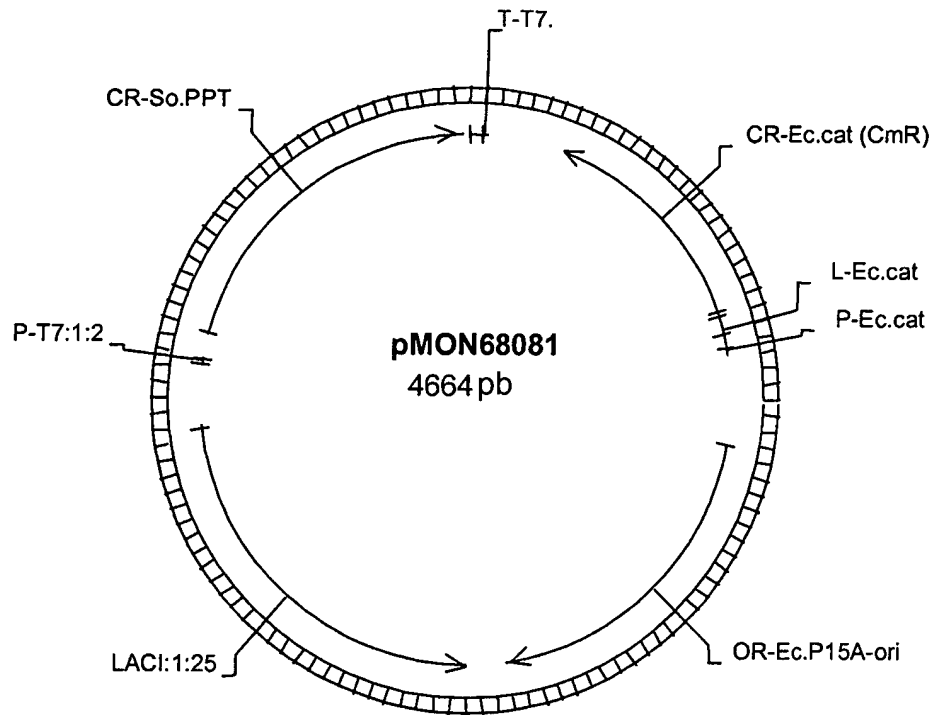
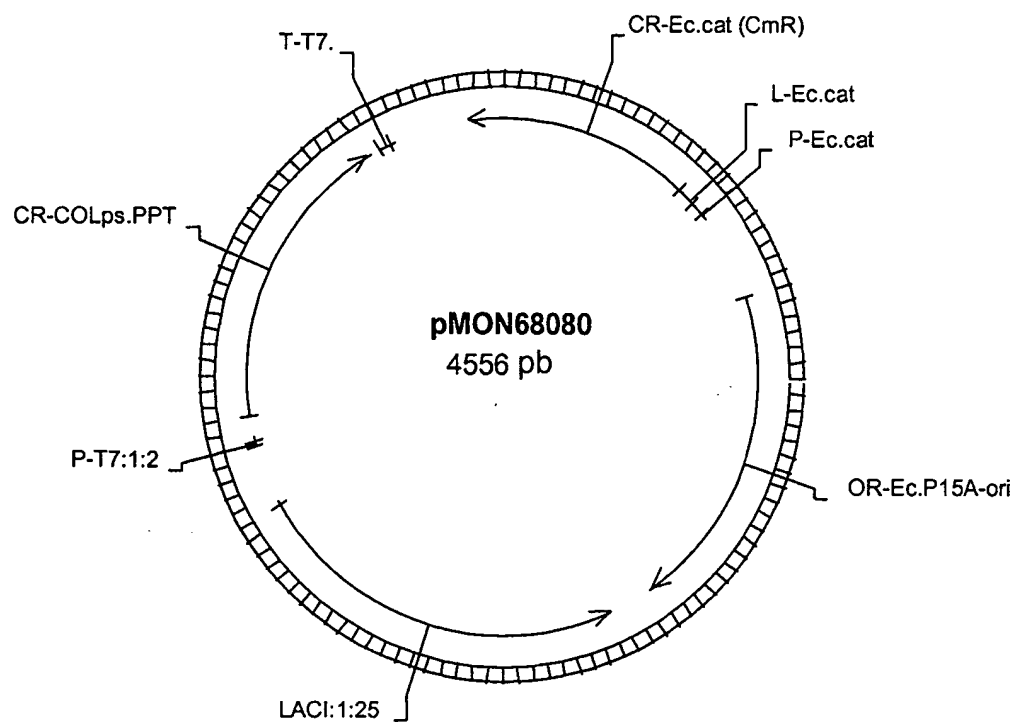
FIG. 1.**FIG. 2**

FIG. 3

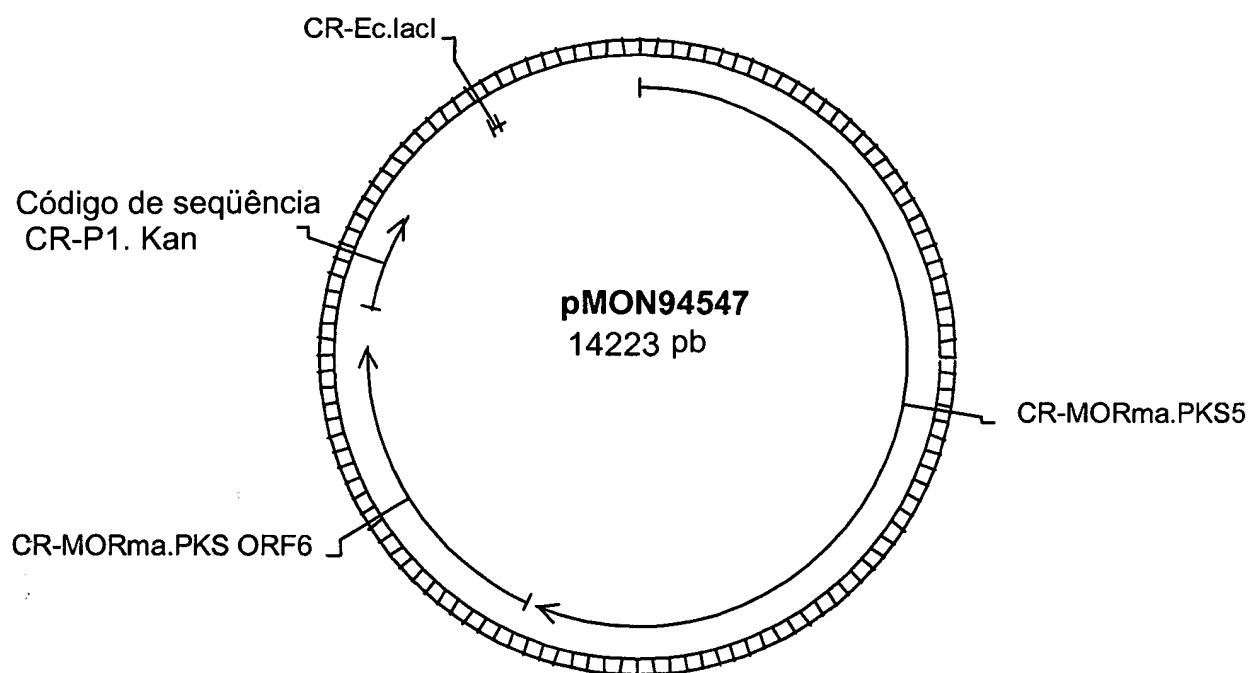


FIG. 4

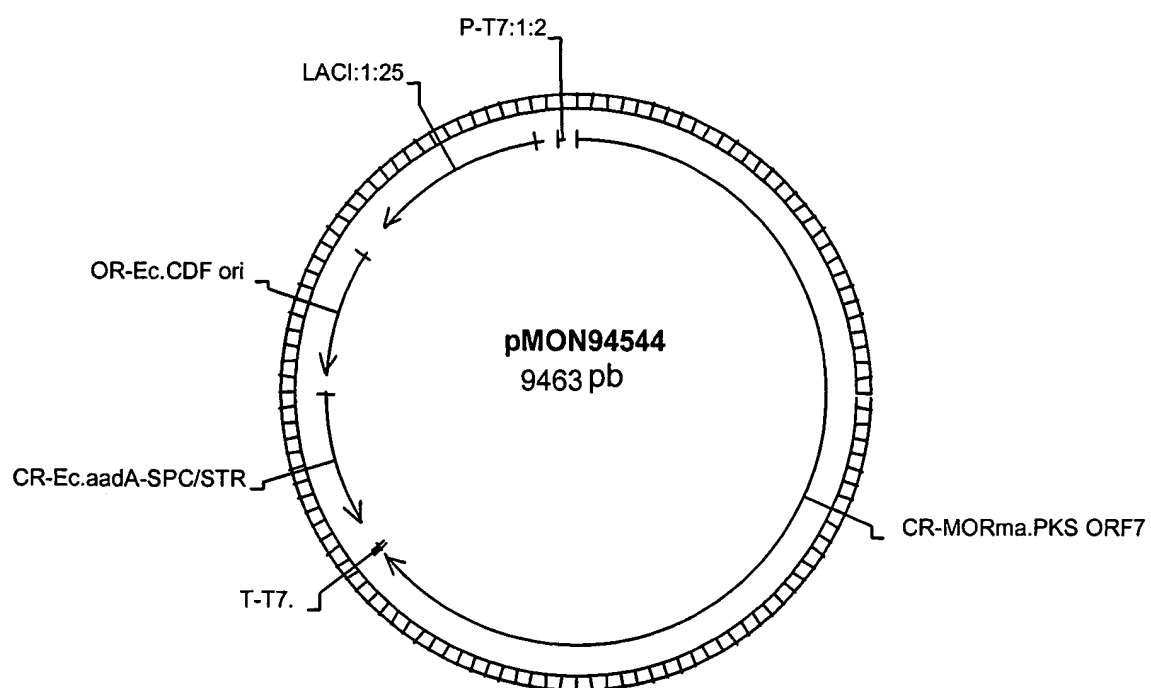


FIG. 5

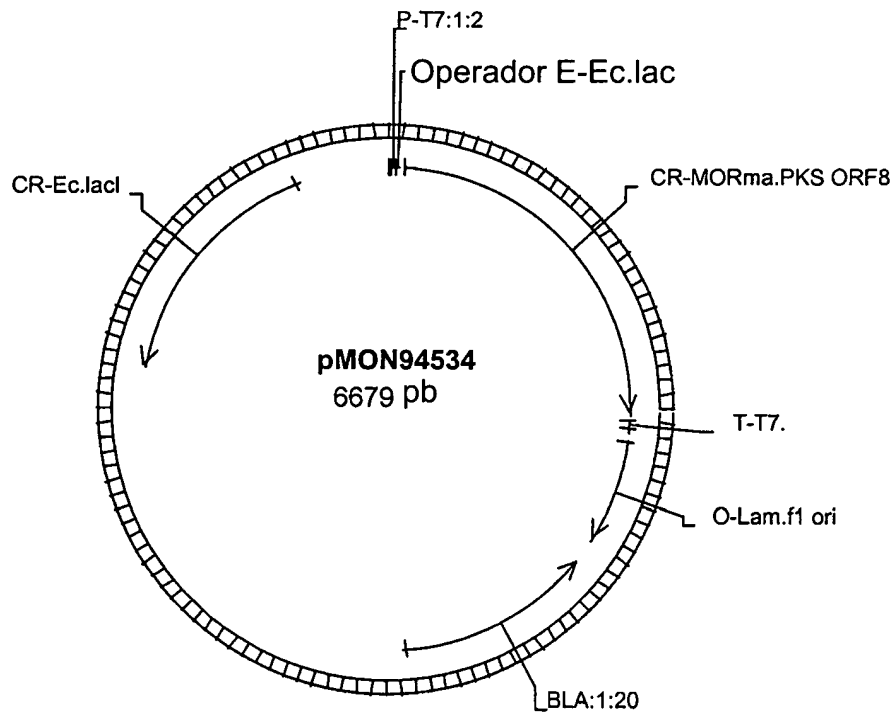


FIG. 6

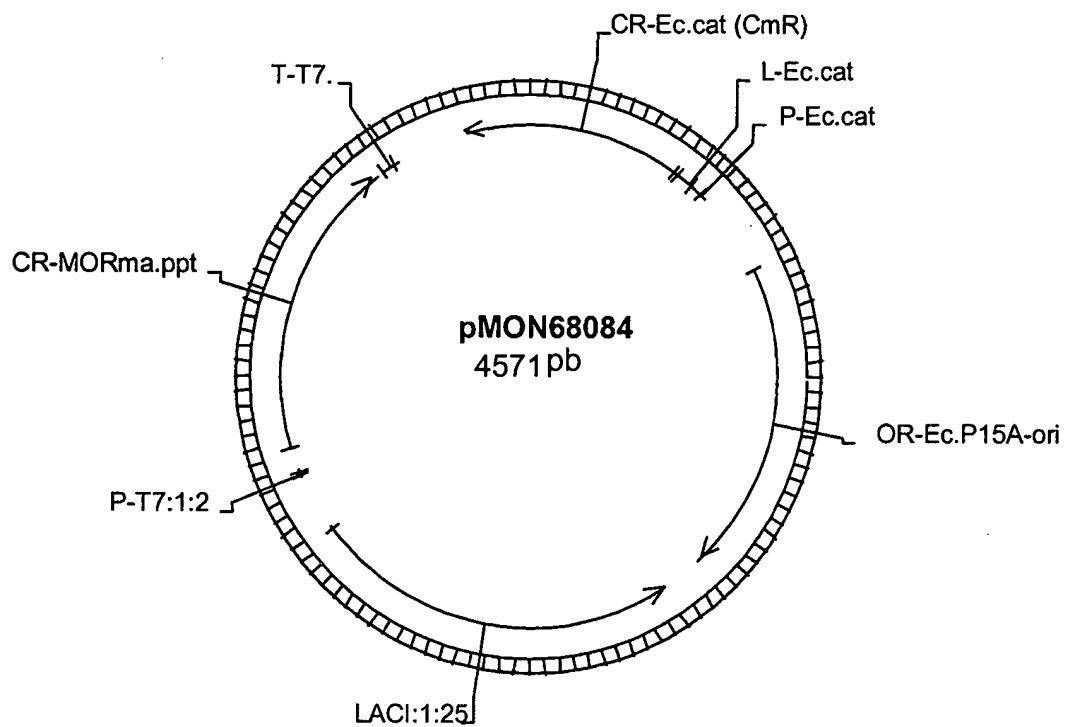


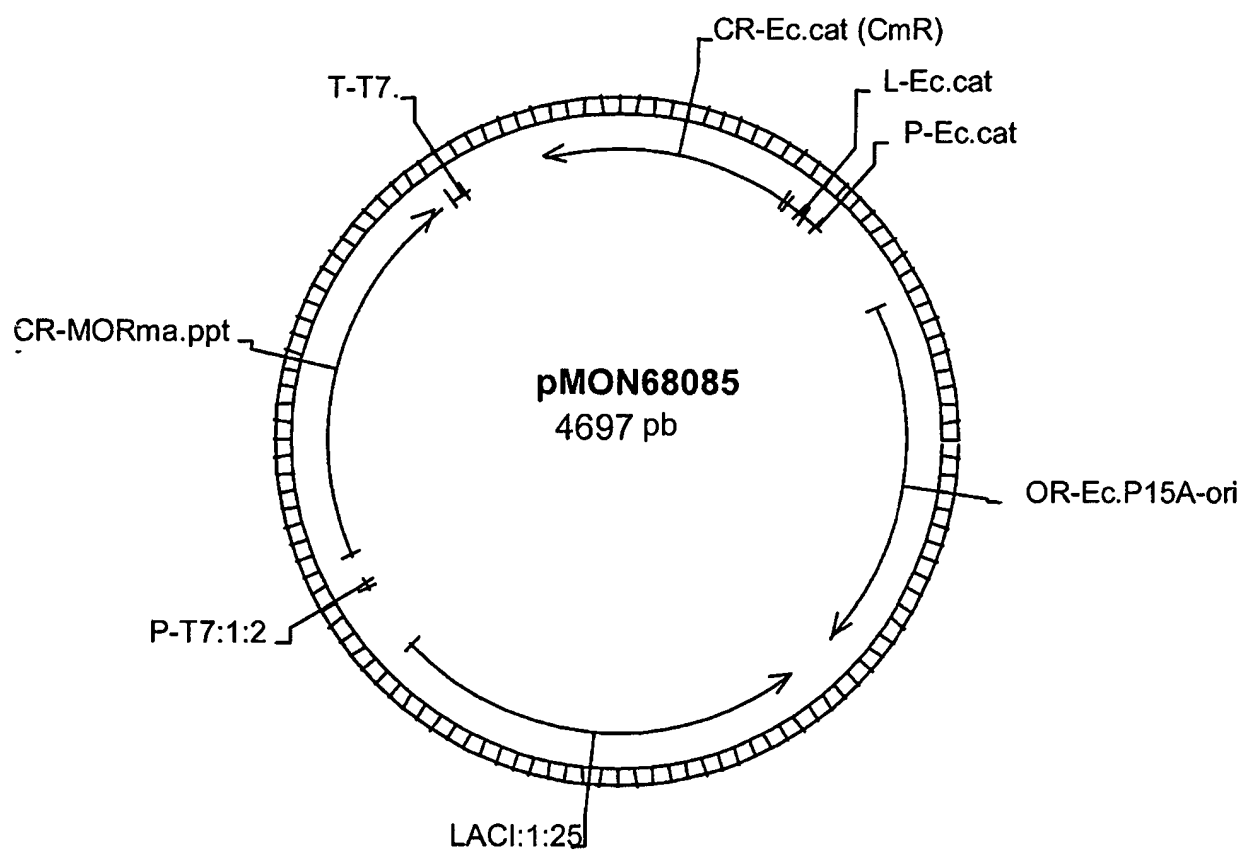
FIG. 7

FIG. 8

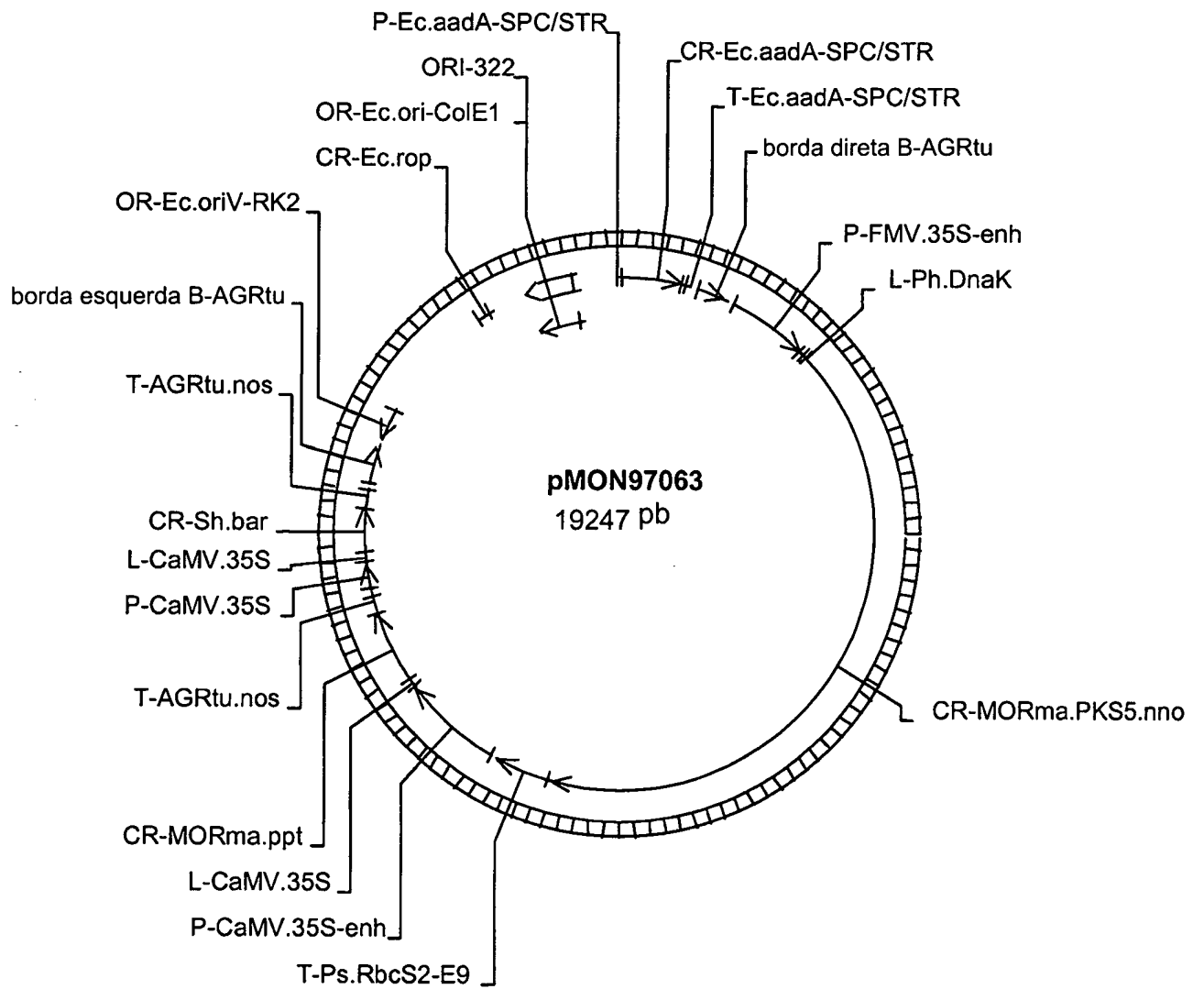


FIG. 9

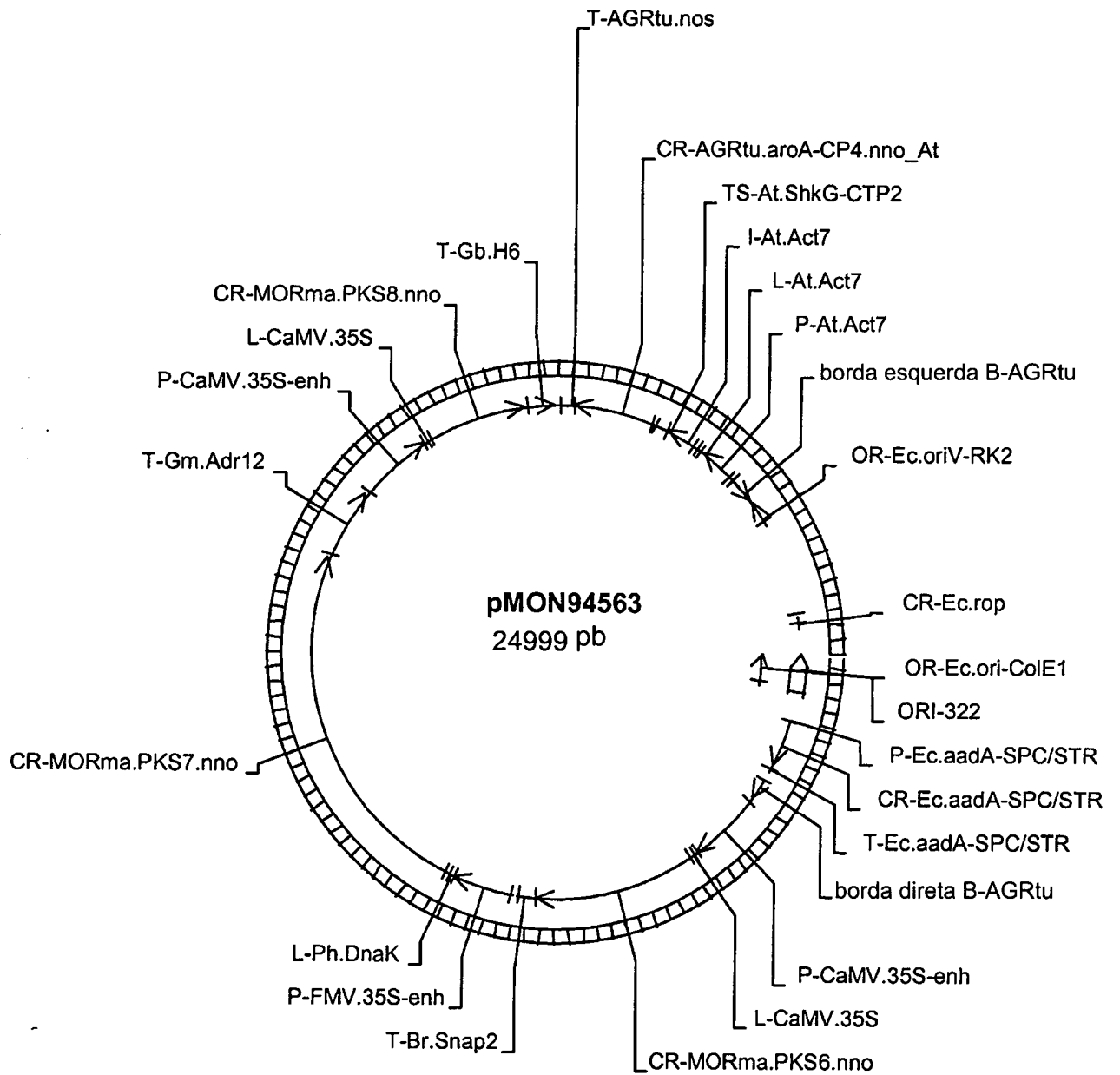


FIG. 10

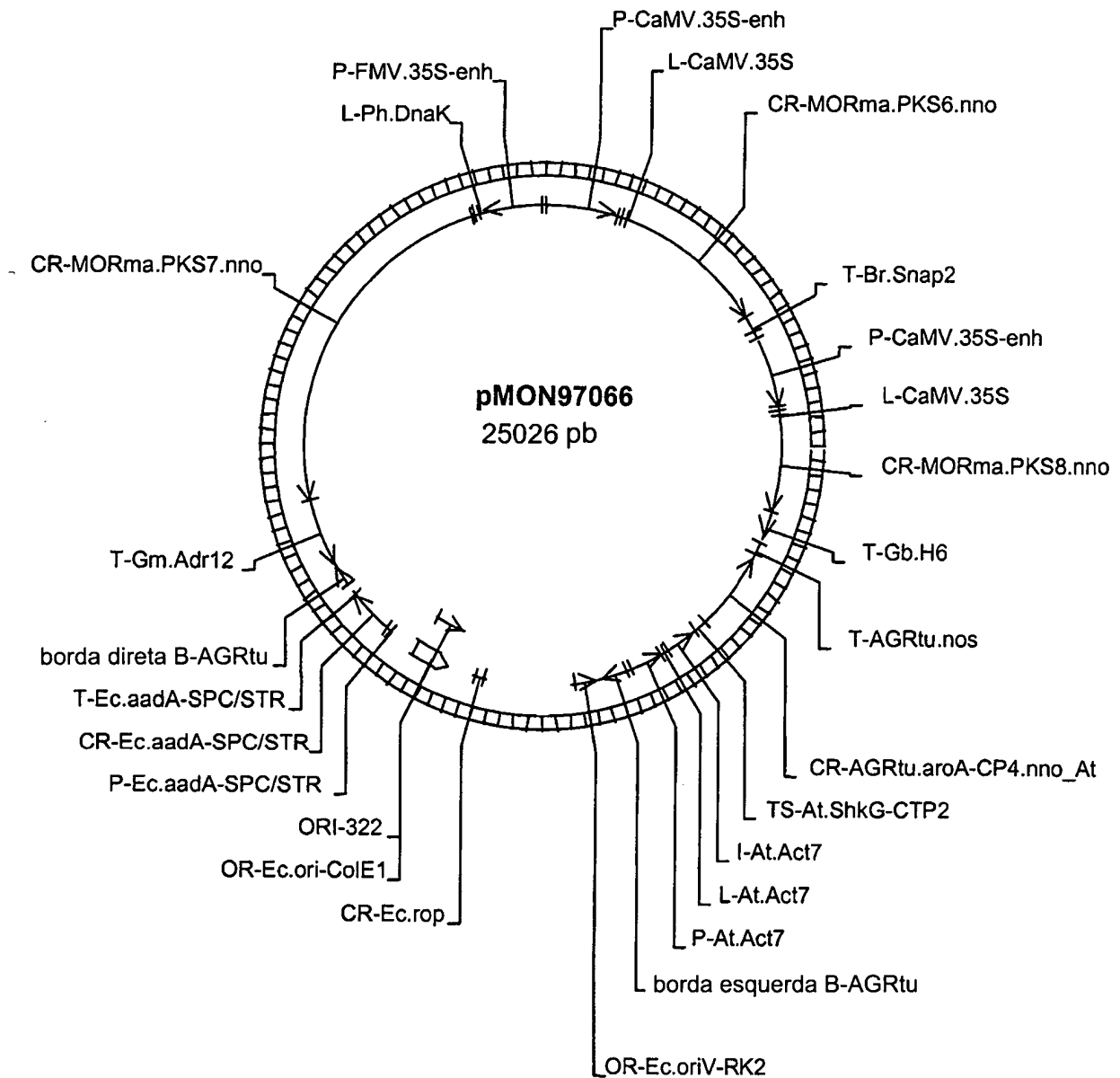


FIG. 11

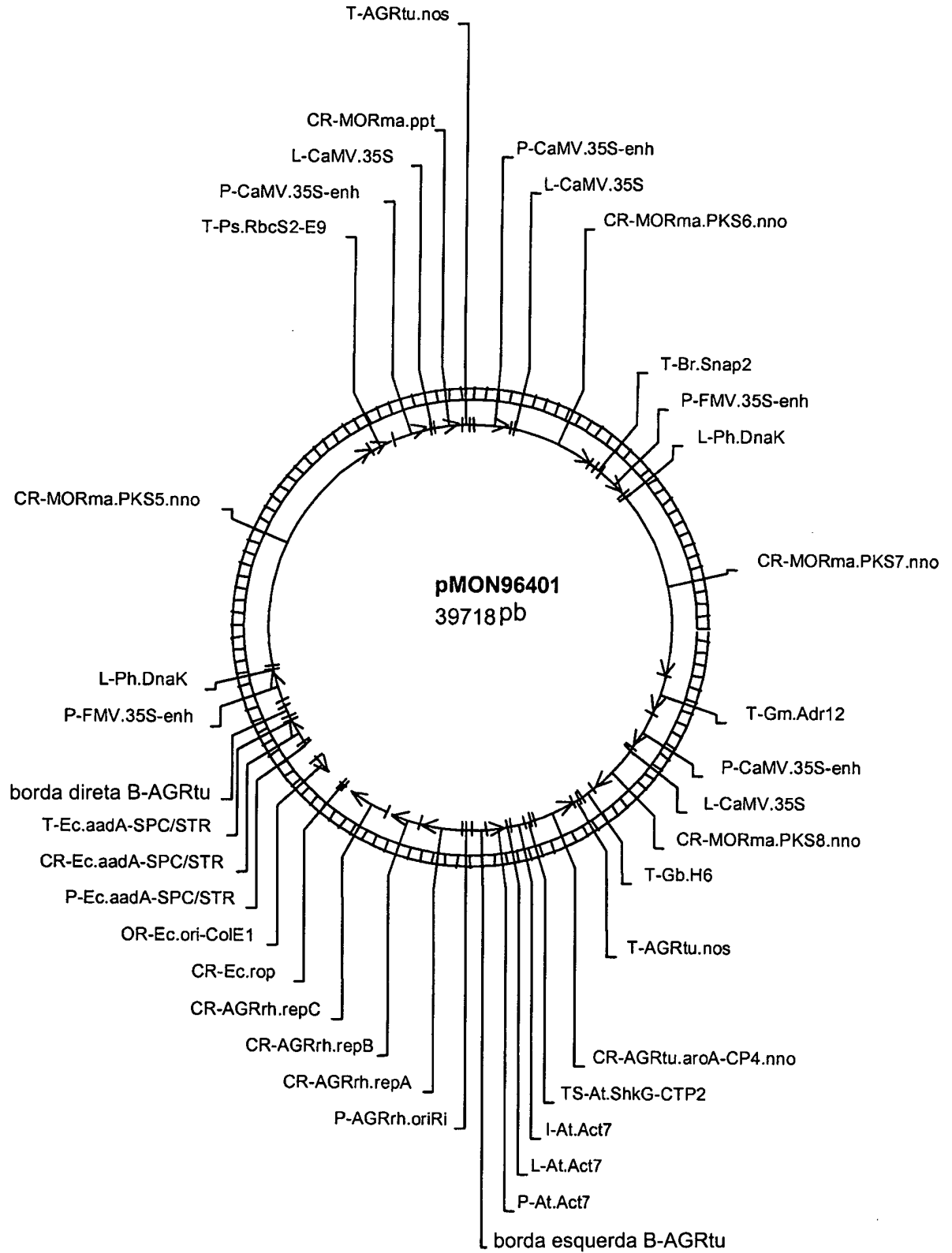
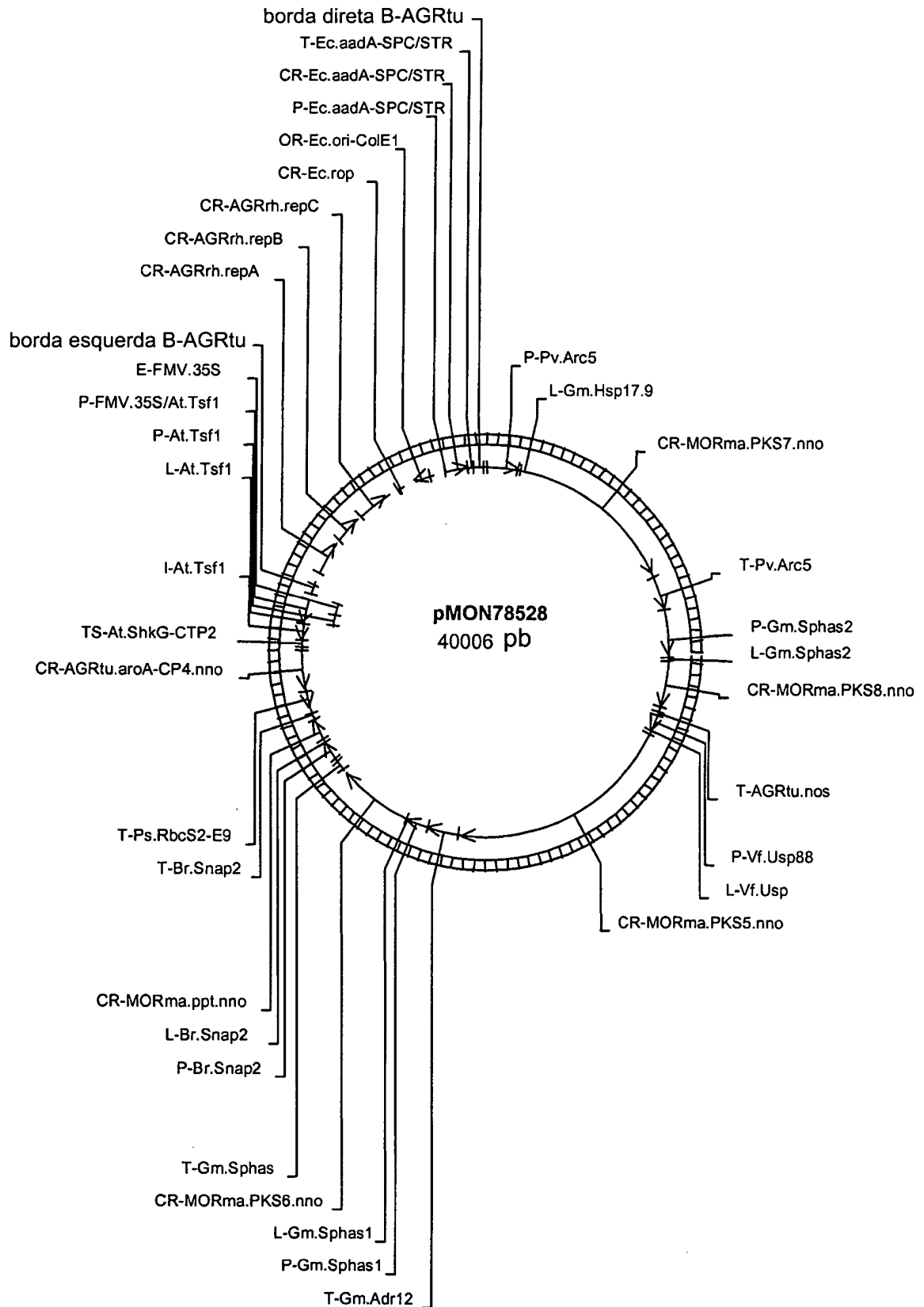


FIG. 12



RESUMO

Patente de Invenção: **"TRANSFERASES DE FOSFOPANTETEÍNILA DAS BACTÉRIAS"**.

- A invenção refere-se em geral a transferases de fosfopanteteínila que são necessárias para a ativação de um complexo de sintase de polipetídeo para sintetizar ácidos graxos poli-insaturados de cadeia longa (LC-PUFA's) tais como ácido docosaexaenóico e ácido eicosapentaenóico. Em particular, a invenção refere-se a transferases de fosfopanteteínila bacteriana, a constructos de DNA para sua expressão em células hospedeiras, e a sementes, óleo e farinha grossa quando as células hospedeiras compreendem uma planta. Também provido é um método para a produção de um óleo de planta contendo ácido docosaexaenóico e/ou ácido eicosapentaenóico.